



T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BAZI PAMUK (*Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium
barbadense* L.) GENOTİPLERİNİN YARIM DİALLEL
MELEZLERİNDE TARIMSAL VE LİF
ÖZELLİKLERİNİN KALITIMI**

HÜSEYİN GÜNGÖR

**DOKTORA TEZİ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

KAHRAMANMARAŞ 2014

T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BAZI PAMUK (*Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium
barbadense* L.) GENOTİPLERİNİN YARIM DİALLEL
MELEZLERİNDE TARIMSAL VE LİF
ÖZELLİKLERİNİN KALITIMI**

HÜSEYİN GÜNGÖR

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

KAHRAMANMARAŞ 2014

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Hüseyin GÜNGÖR tarafından hazırlanan “Bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadense* L.) Genotiplerinin Yarım Diallel Melezlerinde Tarımsal ve Lif Özelliklerinin Kalıtımı” adlı bu tez, jürimiz tarafından 06/ 02/ 2014 tarihinde oy birliği ile Tarla Bitkileri Anabilim Dalında Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Lale EFE (DANIŞMAN)

.....

Tarla Bitkileri, K. S. Ü.

Prof. Dr. Mehmet MERT (ÜYE)

.....

Tarla Bitkileri, Mustafa Kemal Üniversitesi

Prof. Dr. Fatih KILLI (ÜYE)

.....

Tarla Bitkileri, K. S. Ü.

Prof. Dr. Süleyman SOYLU (ÜYE)

.....

Tarla Bitkileri, Selçuk Üniversitesi

Prof. Dr. Aydın AKKAYA (ÜYE)

.....

Tarla Bitkileri, K.S.Ü.

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

Prof. Dr. M. Hakkı ALMA

.....

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

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

Hüseyin GÜNGÖR

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

BAZI PAMUK (*Gossypium hirsutum L. ve Gossypium barbadense L.*)
GENOTİPLERİNİN YARIM DİALLEL MELEZLERİNDE TARIMSAL VE LİF
ÖZELLİKLERİNİN KALITIMI

(DOKTORA TEZİ)

HÜSEYİN GÜNGÖR

ÖZET

Bu çalışma, 10 pamuk genotipi ile bunların 45 F₁ melezini içeren yarım diallel melez pamuk populasyonunda, tarımsal ve lif özellikleri açısından; genetik yapıyı, genotiplerin genel ve özel uyum yeteneklerini, melezlerin heterosis ve heterobeltiosis oranlarını belirlemek amacıyla yapılmıştır. Melezlerin ve ebeveynlerin yer aldığı deneme, 2013 yılında Antakya koşullarında 3 tekerrürlü olarak tesadüf blokları deneme deseninde kurulmuştur.

Ön varyans analizi sonuçlarına göre, incelenen tüm özellikler yönünden oluşturulan melez populasyonlarda varyasyonun yeterli olduğu saptanmıştır.

Araştırma sonucunda incelenen özelliklerden, kütlü pamuk verimi, koza kütlü ağırlığı, 100 tohum ağırlığı, bitkideki odun dalı sayısı, lif kopma uzaması, sarılık değeri için eklemeli ve dominant; erkencilik, lif kopma dayanıklılığı, lif inceliği ve grilik (yansıtma) değeri için eklemeli; bitki boyu, bitkideki meyve dalı sayısı, bitkideki koza sayısı, çırcır randımanı, lif uzunluğu, kısa lif oranı ve lif uzunluk uyum indeksi için ise dominant gen etkilerinin önemli olduğu saptanmıştır.

İncelenen özelliklerden kütlü pamuk verimi, bitkideki koza sayısı, bitki boyu, bitkideki odun dalı sayısı, bitkideki meyve dalı sayısı, çırcır randımanı, lif uzunluğu, kısa lif oranı, lif uzunluk uyum indeksi ve lif kopma uzamasında üstün dominantlık, koza kütlü ağırlığı, 100 tohum ağırlığı, erkencilik, lif kopma dayanıklılığı, lif inceliği, sarılık değeri ve grilik (yansıtma) değeri özelliklerinde ise eksik dominantlık belirlenmiştir.

Çalışmada genel uyum yeteneği etkileri incelenen bütün özelliklerde, özel uyum yeteneği etkileri ise bitkideki odun dalı sayısı hariç bütün özelliklerde önemli bulunmuştur. 100 tohum ağırlığı, bitki boyu, bitkideki meyve dalı sayısı ve lif uzunluğu özelliklerinde sadece olumlu yönde heterosis ve heterobeltiosis etkilerinin olduğu belirlenmiştir. Kütlü pamuk verimi özelliğinde en yüksek heterosis ve heterobeltiosis değerleri sırasıyla %50.18 ve %21.86 olarak BA 707 x Pima S7 kombinasyonundan belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Pamuk, Diallel analiz, Uyuşma yetenekleri, Heterotik etkiler

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Şubat / 2014

Danışman: Prof. Dr. Lale EFE

Sayfa sayısı: 211

**INHERITANCE OF AGRONOMICAL AND FIBER PROPERTIES AT HALF
DIALLEL CROSSES OF SOME COTTON (*Gossypium hirsutum* L. and *Gossypium
barbadense* L.) GENOTYPES**

(Ph.D. THESIS)

HÜSEYİN GÜNGÖR

SUMMARY

This study was conducted to investigate the genetic parameters, general and specific combining abilities and hybrid vigors in terms of agronomical and fiber properties in half diallel hybrid cotton populations obtained from 45 F₁ hybrids and their 10 parental lines. The experiment was conducted in randomized complete blocks design with three replications at Antakya conditions in 2013.

According to variance analysis, all characteristics among the genotypes were found significant.

According to the results of the genetic parameters, seed cotton yield, seed cotton weight per boll, 100 seed weight, sympodial branches per plant, fiber elongation, yellowness and were controlled by additive and dominance gene effects; earliness ratio, fiber strength, fiber fineness and reflectance degree exhibited additive gene effects and significant dominance variance were detected for plant height, monopodial branches per plant, boll number per plant, ginning turnout, fiber length, short fiber ratio and uniformity index.

Overdominance effects were found in seed cotton yield, boll number per plant, plant height, sympodial branches per plant, monopodial branches per plant, ginning turnout, fiber length, short fiber ratio, uniformity index and fiber elongation, while partial dominance was occurred for seed cotton weight per boll, 100 seed weight, earliness ratio, fiber strength, fiber fineness, yellowness and reflectance degree.

While general combining ability was found significant for all characters, specific combining ability was found significant for all characters, except sympodial branches per plant. Among examined characters only 100 seed weight, plant height, sympodial branches per plant and fiber length generally showed positive heterosis and heterobelthiosis values. The highest heterosis as %50.18 and the highest heterobelthiosis as %21.86 have been estimated in combination BA 707 x Pima S7 for seed cotton yield.

Key words: Cotton, Diallel analysis, Combining abilities, Heterotic effects

UNIVERSITY OF KAHRAMANMARAS SUTCU IMAM
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Field Crops, February/2014

Supervisor: Prof. Dr. Lale EFE

Page number: 211

TEŞEKKÜR

Doktora eğitimim boyunca, araştırmamın düzenlenmesi, gerçekleştirilmesi ve değerlendirilmesi sırasında bana yol gösteren ve destekleyen, Danışman Hocam Sayın Prof. Dr. Lale EFE'ye teşekkürlerimi sunarım.

Doktora tez çalışmam boyunca her türlü desteği esirgemedi sunan tez izleme komitesi ve doktora tez jürimde yer alan hocalarım; Sayın Prof. Dr. Mehmet MERT'e; Sayın Prof. Dr. Fatih KILLI'ya; Sayın Prof. Dr. Süleyman SOYLU'ya ve Sayın Prof. Dr. Aydın AKKAYA'ya yaptığı değerli katkılarından dolayı teşekkür ederim.

Doktora çalışmamla ilgili istatistiki analiz konularında her türlü yardımını ve desteğini esirgemeyen Sayın Prof. Dr. Ercan EFE'ye teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmamın başından sonuna kadar bana desteklerini esirgemeyen ProGen Tohum A.Ş. yönetim kurulu başkanı Ali ÖZBUĞDAY'a; Genel müdür Aykut ÖZBUĞDAY'a; Ar&Ge müdürü Dr. Batuhan AKGÖL'e; tezimin arazi çalışmalarında bana tam destek olan ProGen Tohum A.Ş. Ar&Ge bölümü çalışanlarından Ziraat Mühendisi Deniz CAN ve teknisyenler Orhan DOĞAN, Abdullatif DAĞLI, İlhami VURUCU ve Erhan ARACI'ya sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmam süresince manevi desteğini benden esirgemeyen eşim Özlem GÜNGÖR'e ve biricik kızım Nurcan'a teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖZET	i
SUMMARY	ii
TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER	iv
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	4
3. MATERYAL ve YÖNTEM	21
3.1. Materyal	21
3.1.1. Deneme yeri ve yılı	21
3.1.2. İklim koşulları	21
3.1.3. Araştırmada kullanılan genotipler ve özellikleri	22
3.2. Yöntem	24
3.2.1. Denemelerin kuruluşu	24
3.2.1.1. Birinci yıl çalışmaları	24
3.2.1.2. İkinci yıl çalışmaları	26
3.2.2. İncelenen bitkisel özellikler ve belirleme yöntemleri	26
3.2.3. Verilerin değerlendirilmesi	28
3.2.3.1. Tesadüf blokları ön varyans analizi	28
3.2.3.2. Melez azmanlığı	29
3.2.3.2.1. Heterosis	29
3.2.3.2.2. Heterobelthiosis	30
3.2.3.3. Yarım diallel tabloların varyans analizi	30
3.2.3.4. Diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi	31
3.2.3.5. W_r/V_r grafiği ve yorumlanması	36
3.2.3.6. Uyuşma yetenekleri analizi	37
4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA	39
4.1. Ön Varyans Analiz Sonuçları	39
4.2. Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)	40
4.3. Koza Kütlü Ağırlığı (g)	49
4.4. 100 Tohum Ağırlığı (g)	58
4.5. Bitki Boyu (cm)	67

4.6. Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki).....	76
4.7. Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki).....	85
4.8. Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki)	94
4.9. Çırçır Randımanı (%)	103
4.10. Erkencilik Oranı (%)	112
4.11. Lif Uzunluğu (mm)	121
4.12. Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex).....	130
4.13. Lif İnceliği (mic.)	139
4.14. Kısa Lif Oranı (%).....	148
4.15. Lif Uzunluk Uyum İndeksi (Uniformity Index) (%).....	157
4.16. Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)	166
4.17. Sarılık Değeri (Yellowness) (+b)	175
4.18. Grilik Değeri (Yansıtma Değeri) (Reflectance Degree) (Rd)	184
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	193
KAYNAKLAR.....	202
ÖZGEÇMİŞ.....	210

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

a	: Eklemeli Gen Etkisi ve Genel Kombinasyon Yeteneğinin Tahminleyicisi
AO	: Anaç Ortalaması
b	: Dominant Gen Etkisi
b₁	: Ortalama Dominantlık Varyansı
b₂	: Bir Ebeveyndeki Dominant Allellerin Toplanması
b₃	: Özel Uyum Yeteneği
cm	: Santimetre
D	: Eklemeli Gen Etkileri
da	: Dekar
D-H₁	: Eklemeli ile Dominant Gen Etkileri Farkı
E	: Çevre Varyansı
F	: Genlerin Dağılışı Yönü
gr	: Gram
gr/tex	: Gram Teks
GUY	: Genel Uyuşma Yeteneği
ha	: Hektar
H₁	: Dominant Gen Etkileri
H₁/D^{1/2}	: Ortalama Dominantlık Derecesi
H₂	: Gen Dağılışına Göre Düzeltilmiş Dominantlık
H₂/4H₁	: Dominant ve Resesif Allellerin Frekansı
h²	: Heterozigot Lokusun Dominantlık Etkisi
Hb	: Heterobelthiosis
Hg	: Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi
Hd	: Dar Anlamda Kalıtım Derecesi

Ht	: Heterosis
HVI	: High Volume Instrument
K	: Etkili Gen Sayısı
K₂O	: Potasyum
KD/KR	: Dominant Allellerin Resesif Allellere Oranı
kg	: Kilogram
m	: Metre
Mic.	: Micronaire
mm	: Milimetre
N	: Azot
ÖUY	: Özel Uyuşma Yeteneği
P₂O₅	: Fosfor
r	: Korelasyon Katsayısı
ÜA	: Üstün Anaç
Wr	: Kovaryans
r(Yr,(Wr+Vr))	: Kuramsal Dominantlık Sıra Katsayısı
Vr	: Varyans

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 4. 1. Kütlü Pamuk Verimi için W_r/V_r Grafiği	45
Şekil 4. 2. Koza Kütlü Ağırlığı için W_r/V_r Grafiği	54
Şekil 4. 3. 100 Tohum Ağırlığı için W_r/V_r Grafiği	63
Şekil 4. 4. Bitki Boyu için W_r/V_r Grafiği	72
Şekil 4. 5. Bitkideki Odun Dalı Sayısı için W_r/V_r Grafiği	81
Şekil 4. 6. Bitkideki Meyve Dalı Sayısı için W_r/V_r Grafiği	90
Şekil 4. 7. Bitkideki koza sayısı için W_r/V_r Grafiği	99
Şekil 4. 8. Çırcır Randımanı için W_r/V_r Grafiği	108
Şekil 4. 9. Erkencilik Oranı için W_r/V_r Grafiği	117
Şekil 4. 10. Lif Uzunluğu için W_r/V_r Grafiği	126
Şekil 4. 11. Lif Kopma Dayanıklılığı için W_r/V_r Grafiği	135
Şekil 4. 12. Lif İnceliği için W_r/V_r Grafiği	144
Şekil 4. 13. Kısa Lif Oranı için W_r/V_r Grafiği	153
Şekil 4. 14. Lif Uzunluk Uyum İndeksi için W_r/V_r Grafiği	162
Şekil 4. 15. Lif Kopma Uzaması için W_r/V_r Grafiği	171
Şekil 4. 16. Sarılık Değeri için W_r/V_r Grafiği	180
Şekil 4. 17. Grilik (Yansıtm) Değeri için W_r/V_r Grafiği	189

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 3. 1. 2013 Yılı Nisan-Ekim Ayları Arasında Ortalama Sıcaklık, Toplam Yağış, Oransal Nem Değerleri ve Normalden Farkları.....	21
Çizelge 3. 2. Denemede Kullanılan Pamuk Genotiplerinin Adı, Türü, Genotip Sahibi Kuruluş ve Pedigrileri.....	22
Çizelge 3. 3. 10x10 Yarım Diallel Melezleme Çizelgesi.....	25
Çizelge 3. 4. Tesadüf Blokları Ön Varyans Analizinde, Varyasyon Kaynakları (V.K.), Serbestlik Dereceleri (S.D.) ile Kareler Ortalamaları ve Beklenen Değerleri.....	29
Çizelge 3. 5. Yarım Diallel Tablonun Varyans Analizinde, Varyasyon Kaynakları (V.K.), Kareler Toplamlarını ve Serbestlik Derecelerini Veren Eşitlikler.....	30
Çizelge 3. 6. Genel ve Özel Uyuşma Yetenekleri Varyans Analiz Tablosu	38
Çizelge 4. 1. 10X10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında İncelenen Özelliklere İlişkin Ön Varyans Analiz Sonuçları.....	39
Çizelge 4. 2. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (V _r) ve Kovaryans (W _r) Değerleri.....	41
Çizelge 4. 3. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).	42
Çizelge 4. 4. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.....	43
Çizelge 4. 5. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.....	44
Çizelge 4. 6. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.....	46
Çizelge 4. 7. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	47
Çizelge 4. 8. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (V _r) ve Kovaryans (W _r) Değerleri.....	50

Çizelge 4. 9. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).....	51
Çizelge 4. 10. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.....	52
Çizelge 4. 11. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	53
Çizelge 4. 12. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	55
Çizelge 4. 13. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	56
Çizelge 4. 14. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	59
Çizelge 4. 15. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).....	60
Çizelge 4. 16. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.....	61
Çizelge 4. 17. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	62
Çizelge 4. 18. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	64
Çizelge 4. 19. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	65
Çizelge 4. 20. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	68
Çizelge 4. 21. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).....	69

Çizelge 4. 22. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.	70
Çizelge 4. 23. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	71
Çizelge 4. 24. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	73
Çizelge 4. 25. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.	74
Çizelge 4. 26. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkide Odun Dalı Sayısına (adet/bitki) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.	77
Çizelge 4. 27. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	78
Çizelge 4. 28. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.	79
Çizelge 4. 29. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	80
Çizelge 4. 30. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	82
Çizelge 4. 31. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.	83
Çizelge 4. 32. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkide Meyve Dalı Sayısına (adet/bitki) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.	86
Çizelge 4. 33. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkide Meyve Dalı Sayısına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	87

Çizelge 4. 34. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkide Meyve Dalı Sayısına İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.	88
Çizelge 4. 35. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Meyve Dalı Sayısına İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	89
Çizelge 4. 36. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Meyve Dalı Sayısına İlişkin 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. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Meyve Dalı Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.	92
Çizelge 4. 38. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkide Koza Sayısına (adet/bitki) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	95
Çizelge 4. 39. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	96
Çizelge 4. 40. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.....	97
Çizelge 4. 41. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	98
Çizelge 4. 42. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Koza Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	100
Çizelge 4. 43. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	101
Çizelge 4. 44. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	104
Çizelge 4. 45. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	105

Çizelge 4. 46. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.....	106
Çizelge 4. 47. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	107
Çizelge 4. 48. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	109
Çizelge 4. 49. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	110
Çizelge 4. 50. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	113
Çizelge 4. 51. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	114
Çizelge 4. 52. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.....	115
Çizelge 4. 53. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	116
Çizelge 4. 54. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	118
Çizelge 4. 55. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	119
Çizelge 4. 56. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	122
Çizelge 4. 57. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%)	123

Çizelge 4. 58. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalamaları (KO) ve F Değerleri.	124
Çizelge 4. 59. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	125
Çizelge 4. 60. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	127
Çizelge 4. 61. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonunda Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	128
Çizelge 4. 62. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.	131
Çizelge 4. 63. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	132
Çizelge 4. 64. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalamaları (KO) ve F Değerleri.	133
Çizelge 4. 65. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.....	134
Çizelge 4. 66. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.....	136
Çizelge 4. 67. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	137
Çizelge 4. 68. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	140
Çizelge 4. 69. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	141

Çizelge 4. 70. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalamaları (KO) ve F Değerleri.	142
Çizelge 4. 71. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	143
Çizelge 4. 72. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	145
Çizelge 4. 73. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	146
Çizelge 4. 74. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	149
Çizelge 4. 75. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	150
Çizelge 4. 76. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.....	151
Çizelge 4. 77. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	152
Çizelge 4. 78. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyolarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	154
Çizelge 4. 79. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.....	155
Çizelge 4. 80. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ve Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.	158
Çizelge 4. 81. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	159

Çizelge 4. 82. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.	160
Çizelge 4. 83. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	161
Çizelge 4. 84. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.....	163
Çizelge 4. 85. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.	164
Çizelge 4. 86. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ve Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.	167
Çizelge 4. 87. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	168
Çizelge 4. 88. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.	169
Çizelge 4. 89. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	170
Çizelge 4. 90. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	172
Çizelge 4. 91. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.	173
Çizelge 4. 92. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ve Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.....	176
Çizelge 4. 93. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	177

Çizelge 4. 94. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.	178
Çizelge 4. 95. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	179
Çizelge 4. 96. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	181
Çizelge 4. 97. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.	182
Çizelge 4. 98. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.	185
Çizelge 4. 99. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).	186
Çizelge 4. 100. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.	187
Çizelge 4. 101. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.	188
Çizelge 4. 102. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yetenekleri Varyans Analizinden Elde Edilen Serbestlik Dereceleri, Kareler Toplamı ve Ortalamaları, F Değerleri ve GUY/ÖUY Oranı.	190
Çizelge 4. 103. 10x10 Yarım Diallel F ₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.	191
Çizelge 5. 1. İncelenen Özelliklerde Fenotipik Değer ve Heterosis Durumlarına Göre Seçilen Melez Kombinasyonları.	193
Çizelge 5. 2. Diallel Tabloların Varyans Analizinden Genetik Komponentlerin F ₁ Generasyonunda Önemlilik Durumları.	199
Çizelge 5. 3. Diallel Melez Analizi ile F ₁ Generasyonlarından Tahmin Edilen Genetik Parametrelerin Önemlilik Durumları.	200

Çizelge 5. 4. Diallel Melez Analizi ile F_1 Generasyonlarından Tahmin Edilen Genetik Parametrele İlişkin Çeşitli Oransal Değerler.	200
Çizelge 5. 5. Kombinasyon Yetenekleri Analizi ile F_1 Generasyonlarından Tahmin Edilen GUY ve ÖUY Önemlilik Durumları ve GUY/ÖUY Oranları.	201

1. GİRİŞ

Artan dünya nüfusunun en önemli sorunu beslenmedir. Ancak, başta tekstil olmak üzere çeşitli amaçlar için kullanılan liflere olan gereksinim, beslenme gereksiniminden az değildir. Pamuk bitkisi, yaygın ve zorunlu kullanım alanıyla insanlık açısından, yarattığı katma değer ve istihdam olanaklarıyla büyük öneme sahiptir. Pamuğun tekstilde kullanılan hammaddeler içinde en fazla pay almış olması, dünyada pamuk üretimini ön plana çıkarmıştır (Kaya ve ark., 2011).

Pamuk gerek lifinden tekstil endüstrisinde, gerekse tohumundan yağ endüstrisinde yararlanılan, tarım ve sanayi alanlarında çalışanlara büyük bir iş sahası oluşturan önemli bir kültür bitkisi. % 94-96 selüloz içeren lifleri, % 17-24 oranında yağ içeren tohumu ile birçok endüstri iş kolunun hammaddesini sağlamaktadır (Akçar, 1986). Bu nedenle, dünyanın en stratejik tarım ürünlerinden birisidir.

Herhangi bir karakterin geliştirilmesi amaçlandığında, ıslahçıya en fazla yardımcı olacak olan bilgilerin başında ele alınan genotiplerin ıslah amacına uygun ebeveyn ve bunlardan oluşturulan melez populasyonun sahip olabileceği genetik varyansın erken kuşaklarda saptanabilmesi gelmektedir (Çiçek, 2007).

Diallel analiz yöntemi, ıslahçılara melezleme ıslahında anaçların seçimine ve ıslahın erken dönemlerinde anaçların kombinasyon yeteneklerinin belirlenmesinde sistematik bir yaklaşım imkanı verir, istenilen özellikler yönünden üstün olan anaçların arasında melezleme yapma olanağı sağlar. Aynı zamanda, farklı genetik parametrelerin tahminlerine olanak sağladığı için ıslahçıların en etkili ıslah yöntemini seçmesine yardımcı olmaktadır (Verhalen ve Murray, 1967; Jinks and Hayman, 1953; Hayman, 1954b; Jinks, 1956; Griffing, 1956; Hayman, 1960).

Bir genotipin bir melezleme dizisindeki performansının üstünlüğü genel kombinasyon kabiliyeti ve belirli iki genotip arasındaki melez performansının üstün olması da özel kombinasyon kabiliyeti olarak tanımlanmıştır (Yıldırım ve Çakır, 1986). Genel Kombinasyon Kabiliyeti yüksek olan özellikler eklemeli gen etkisi altındadır. Özel Kombinasyon Kabiliyetinde ise bu durum eklemeli olmayan gen etkisi ya da dominant ve epistatik gen etkisini yansıtmaktadır (Falconer, 1980). İslahta başarı, melez populasyonlarında geniş bir eklemeli genetik varyansın bulunmasına bağlıdır.

Diallel analiz, F_1 generasyonunda elde edilen bilgilerle, melezlemede kullanılan ebeveynlerin uyum yeteneklerini belirlemede, geliştirilecek karaktere uygun ebeveynin seçiminde, melez populasyonun genetik yapısını ortaya koymada birçok avantajlar sağlamaktadır. Diallel melez analizi yapmadan ebeveynin gerçek değerlerine göre seçim yapıldığında, çok az istisnalarla isabet sağlanabileceği ileri sürülmektedir (Demir ve ark., 1980).

Bitki ıslahında diallel analiz metodu; melez döl populasyonlarının genetik yapılarını araştırmak, ümitvar melez kombinasyonu ve ebeveynlerin genel ve özel kombinasyon yeteneklerini saptamak için yapılmakta (Yıldırım ve ark., 1979) ve kendine ve yabancı döllen bir çok bitkide geniş bir uygulama alanı olan Diallel Analiz Yöntemi Schmidt (1919), Yates (1947), Jinks ve Hayman (1953), Hayman (1954 a,b), Jinks (1954, 1956), Griffing (1956), ve Hayman (1958, 1960) gibi araştırmacılar tarafından geliştirilmiştir. Ülkemizde Gençer (1978), Turan (1979), Yelin (1985), Kaynak (1990), Efe ve Gençer (1995a, b), Başal (2001), Efe (1994), Akışcan (2011) ve Akgöl (2012) tarafından pamuk bitkisinde uygulanmıştır.

Genel kombinasyon yeteneği etkisinde olan özellikler eklemeli, özel kombinasyon yeteneği etkisinde olan özellikler ise eklemeli olmayan gen etkisi ya da dominant ve/veya epistatik gen etkisi altındadır (Sprague ve Tatum, 1942; Henderson, 1952; Falconer, 1981). Gen etkileri seleksiyonda önem taşımaktadır. Eklemeli gen etkisi altında bulunan özelliklerde erken generasyonlarda yapılacak seleksiyonlar önem taşımaktadır. Eklemeli olmayan gen etkisi altında bulunan özelliklerde ise, erken generasyonlarda yapılacak seleksiyon bu gen etkilerinin ileri generasyonlara aktarılmaması nedeniyle yanıltıcı olmaktadır.

Pamuk bitkisinde heterosisi belirlemeye yönelik yapılan çalışmalarda en yüksek heterosis'in, günlük verim indeksi, kütlü pamuk verimi ve ilk taraklanma gün sayısında bulunduğu (Kaynak ve ark., 2000); koza sayısı ve kütlü pamuk verimi yönünden yüksek, lif uzunluğu yönünden orta ve lif kopma dayanıklılığı yönünden düşük düzeyde pozitif, koza kütlü ağırlığı, erkencilik indeksi ve çırçır randımanı özelliklerinde negatif heterosis saptandığı (Kandhro, 1982); en yüksek melez azmanlığının, kütlü pamuk veriminde, en düşük melez azmanlığının ise ilk meyve dalı boğum sayısında saptandığı (Turan, 1979); ilk hasatta toplam kütlü miktarı, çırçır randımanı, koza ağırlığı ve lif uzunluğu özelliklerinde

önemli heterosis saptandığı; pamukta kalite ve yüksek verim için heterosis ıslahından faydalanılması gerektiği (Meredith ve Brown, 1998) bildirilmektedir.

Bu çalışma, farklı özellikleri yönüyle öne çıkan on pamuk genotipinin, yarım diallel melezleme yöntemi uyarınca oluşturulan melez populasyonlarında, bazı tarımsal ve lif kalite özelliklerinin kalıtımının incelenmesi; incelenecek özellikler yönünden uygun anaç ve melezleri belirleyerek daha sonra yapılacak çeşit ıslahı çalışmalarına yardımcı olabilmek amacıyla yapılmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Konu ile ilgili saptanabilen, daha önce yapılan çalışmalar, tarih sırasına göre aşağıda verilmiştir.

Hayman (1954a), bir "diallel melez"'in n tane genotipin, homozigot hattın ya da klonun, resiprokları da içerecek biçimde, tüm olası kombinasyonlarından $n(n-1)$ olduğunu bildirmiştir. Anaçların kendilenmişlerinin de dahil edilmesi durumunda kombinasyon sayısı n^2 ye ulaştığını n^2 sayıdaki kombinasyon kare matris biçiminde düzenlenirse dizi ve sütünlarda ilgili anaçların melezlerinin, köşegendeyse anaçların kendilenmişlerinin yer aldığını ve bu dizi ve sütünlardan oluşan kare matrisin diallel tablo olarak tanımlandığını bildirmiştir.

Hayman (1954b), diallel melez analizi ile tahminlenen parametrelere güvenilirliğin ileri sürülen altı varsayımın (anaçlar homozigottur, diploid açılma vardır, genlerin anaçlar arasındaki dağılışı bağımsızdır, çoklu allelizm yoktur, resiprokal farklılık yoktur, epistasi yoktur) geçerliliğine bağlı olduğunu ve bu varsayımlardan birisinin geçersizliğinin değerlendirme sonuçlarına olan güveni azaltacağını bildirmiştir.

Griffing (1956), diallel melezleme kombinasyonlarının yeteneklerinin detaylı olarak incelenmesi sonucunda sekiz ayrı analiz yöntemi açıklamıştır. Örneklemenin şekline göre iki alternatif yaklaşım ve dört farklı diallel şeması ortaya koymuştur. Resiproklu veya resiproksuz melezlenmelerine veya ebeveynlerin de populasyon içinde bulunma durumlarına bağlı olarak aşağıdaki dört analiz şeklini geliştirmiştir;

- 1-Ebeveynler, F_1 'ler ve resiprokları = n^2 sayıda kombinasyon
- 2-Ebeveynler ve resiproksuz F_1 'ler = $n(n-1)/2$ sayıda kombinasyon
- 3-Sadece F_1 'ler ve resiprokları = $n(n-1)$ sayıda kombinasyon
- 4-Yalnızca resiproksuz F_1 'ler = $n(n-1)/2$ sayıda kombinasyon

Griffing, ebeveynleri de içeren ilk iki grubu "diallel" olarak tanımlamış ve ebeveynleri kapsamayan 3 ve 4 nolu metodları "değiştirilmiş diallel olarak" adlandırmıştır.

Miller ve Marani (1963), *Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadense* L. türlerinin tür içi ve türler arası melezlemeleri ile oluşturdukları F_1 , F_2 ve geri melez döl kuşaklarında inceledikleri, bitki boyu, tohum indeksi, kütlü verimi, lif verimi, koza sayısı, çiçek sayısı, koza bağlama oranı ve lif oranı özelliklerinin yönetiminde dominant; koza

ağırlığı ve koza olgunlaşma süresi özelliklerinin yönetiminde eklemeli x eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu açıklamışlardır.

White ve Kohel (1964), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 5 pamuk çeşidi ile yaptıkları diallel melezleme çalışmalarında, inceledikleri özelliklerin hemen hemen tümünde eklemeli gen etkilerinin hakim olduğunu; bitki boyu, lif verimi, koza ağırlığı ve bitkideki koza sayısı üzerinde ise dominant gen etkilerinin etkili olduğunu; ancak, bu dominant gen etkisinin, kısmi dominant veya tam dominant olarak değişebileceğini bildirmişlerdir.

Lee ve ark. (1967), 10 adet farklı kökenli Upland (*Gossypium hirsutum* L.) pamuk çeşidi arasında yaptıkları yarım diallel melezleme çalışmasında, lif verimi için % 26 dolayında heterosis saptamışlardır. Koza ağırlığı, çırcır randımanı ve bazı lif özellikleri yönünden daha küçük değerlerde bulunan heterosis değerlerinin dikkate alınması gerektiğini bildiren araştırmacılar, koza ağırlığı, çırcır randımanı ve incelenen tüm lif özellikleri için genel uyuma yeteneği etkilerinin önemli, çevresel etkinin ise önemsiz olduğunu açıklamışlardır.

Marani (1968), türler arası melezlerde, lif verimine ait heterosis değerinin % 32-73 arasında değiştiğini ve bu durumun koza sayısına bağlı olduğunu bildirmiştir. Araştırmacı ayrıca, tohum ağırlığının dominant genler, lif veriminin, kütlü veriminin, koza sayısının, çiçek sayısının, koza oluşum oranının, lif indeksinin, çiçeklenmedeki bitki boyunun epistatik dominant genler; koza ağırlığının ve lif olgunluğunun ise eklemeli genler tarafından yönetildiğini belirtmiştir. Çalışmada, lif oranı ve kozadaki tohum sayısı yönünden görülen olumsuz heterotik etkinin ise eklemeli-epistatik gen etkilerinin, dominant etkilerden daha fazla olmasından kaynaklandığını belirtmiştir.

Al-Rawi ve Kohel (1969), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 9 pamuk çeşidi ile yaptıkları diallel melez çalışmalarında, lif uzunluğu ve lif kopma dayanıklılığı yönünden kısmi dominant, lif inceliği yönünden ise üstün dominant gen etkilerinin önemli olduğunu; dar anlamda kalıtım derecesinin, lif uzunluğu için 0.56, lif inceliği için 0.08 ve lif kopma dayanıklılığı için 0.86 olarak saptandığını; heterosis değerlerinin ise sırası ile % 2.8, % 1.4, % 5.6 olarak saptandığını bildirmişlerdir.

Meredith ve Bridge (1971), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 7 pamuk çeşidi ile yürüttükleri çalışmalarında, lif kopma dayanıklılığı, lif kopma uzaması ve lif inceliği dışında incelenen diğer özellikler için olumlu heterosis saptadıklarını; koza ağırlığındaki heterosisin verime de yansıdığını; çırcır randımanı, 100 tohum ağırlığı, lif uzunluğu, lif yeknesaklığı, lif olgunluğu özellikleri için eklemeli, koza ağırlığı için dominant, lif verimi için ise hem eklemeli ve hem de dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir. Aynı çalışmada, lif verimi için %7.1-47, çırcır randımanı için %0.2-1.6, koza sayısı için %8.4-21.1, 100 tohum ağırlığı için ise %1.1-5.4 arasında heterosis saptamışlardır.

Verhalen ve ark. (1971), *Gossypium hirsutum* L. türünden 10 çeşitle yaptıkları yarım diallel melezleme çalışmalarında inceledikleri, kütlü verimi, lif verimi ve erkencilik özelliklerinin üstün dominantlık; çırcır randımanının ise eksik dominantlık etkisi ile yönetildiğini bildirmişlerdir.

Gençer (1978), *Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadense* L. türlerine ait 8 pamuk çeşidi arasında yaptığı tam diallel melezleme çalışmasında, bitki kütlü pamuk verimi, lif uzunluğu ve lif inceliği yönünden çokluk olumlu yönde heterosis olduğunu; popülasyonda hem eklemeli hem de dominant genlerin önemli olmasına karşın, eklemeli genlerin daha etkili olduğunu; bitki kütlü pamuk verimi ve lif uzunluğu yönünden daha çok resesif genlerin söz konusu olduğunu; lif uzunluğu yönünden üstün, lif inceliği ve lif kopma dayanıklılığı yönünden ise eksik dominantlığın bulunduğunu belirtmiştir. Bitki kütlü pamuk verimi dışında incelenen diğer özellikler yönünden dominant genlerin *Gossypium barbadense* L. türüne ait anaçlarda toplandığını; dar anlamda kalıtım derecesinin incelenen bütün özelliklerde oldukça yüksek düzeyde olduğunu bildirmiştir. Özellikle lif inceliği, lif olgunluğu ve lif kopma dayanıklılığı yönünden erken kuşaklarda başarılı bir seleksiyon yapılabileceğini bildirmiştir.

Khan ve ark. (1981), *Gossypium hirsutum* L. türü içinden 6 çeşidin yer aldığı, tam diallel melezleme çalışmasında oluşturdukları popülasyonda inceledikleri; koza sayısı ve bitki kütlü verimi özelliklerinin bazı interaksiyonlarıyla birlikte eklemeli; çırcır randımanı ve lif uzunluğunun ise üstün dominant genlerle yönetildiğini bildirmişlerdir.

Patil ve Sheriff (1982), 10 adet Upland (*Gossypium hirsutum* L.) seleksiyon hattı arasındaki tam diallel melez F₁ döl kuşağında, en yüksek heterobeltiosis değerlerinin; kütlü verimi için %12.6, koza ağırlığı için % 28.6, tohum indeksi için % 13.1, çırcır randımanı

için % 48, koza tohum sayısı için %18, çiçeklenme günü için %7: incelenen özelliklerin çoğunluğunun yönetiminde eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu açıklamışlardır.

Kandhro (1982), *Gossypium hirsutum* L. x *Gossypium barbadense* L. türleri ile yaptığı melezlemeler sonucunda oluşturduğu, F₁, F₂, BC₁ ve BC₂ döl kuşaklarında, koza sayısı ve kütlü verimi yönünden yüksek; lif uzunluğu ve tohum indeksi yönünden orta; lif kopma dayanıklılığı yönünden ise düşük düzeyde olumlu pozitif heterosis; koza kütlü ağırlığı, erkencilik indeksi ve çırçır randımanı özellikleri yönünden olumsuz negatif heterosis saptamıştır. Araştırmacı, ayrıca, koza kütlü ağırlığı, kütlü verimi, erkencilik indeksi, çırçır randımanı, lif inceliği ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinin yönetiminde eklemeli; koza sayısı ve lif uzunluğu özelliklerinin yönetiminde dominant gen etkilerinin önemli olduğunu; ayrıca, tohum indeksi özelliği dışındaki incelenen tüm özelliklerde epistatik gen etkisi saptadığını bildirmiştir.

Boyacı (1983), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 8 pamuk çeşidinin yarım diallel melezlerinden oluşturduğu populasyonda, bitki kütlü pamuk verimi, birinci el yüzdesi, bitkide koza sayısı ve koza kütlü pamuk ağırlığı için çokluk olumlu yönde heterosis olduğunu; lif olgunluğu ve lif kopma dayanıklılığı için önemsiz, diğer özellikler için ise önemli düzeyde genel uyuşma yeteneği etkisinin olduğunu; bitki kütlü pamuk verimi, koza kütlü pamuk ağırlığı, çırçır randımanı, 100 tohum ağırlığı, lif uzunluğu ve lif inceliği için eklemeli; koza sayısı için ise hem eklemeli hem de dominant gen varyanslarının önemli olduğunu bildirmiştir. Ayrıca, çırçır randımanı, 100 tohum ağırlığı, lif uzunluğu ve lif inceliği yönünden yüksek değerde bulunan dar anlamda kalıtım derecesinin sırasıyla 0.86, 0.76, 0.92 ve 0.68 olduğunu belirtmiştir.

Waldia ve Gupta (1984), çoklu dizi kantitatif analiz yöntemi ile yaptıkları çalışmalarda oluşturdukları populasyonda bitki boyu, koza sayısı, koza ağırlığı, çırçır randımanı ve kütlü pamuk veriminin yönetiminde eklemeli olmayan gen etkilerinin etken olduğunu; araştırmacılar ayrıca, kütlü pamuk verimi yönünden genel uyuşma yeteneği yüksek olan anaçların oluşturduğu melez kombinasyonların, özel uyuşma yeteneklerinin de yüksek olduğunu belirtmişlerdir.

Akdemir ve Emiroğlu (1985), kütlü pamuk verimi, çırcır randımanı, koza kütlü ağırlığı ve lif kalite özellikleri üzerinde yaptıkları çalışmalarda, oluşturdukları populasyonda; kütlü pamuk verimi ve lif kopma dayanıklılığının yönetiminde olumlu; lif uzunluğunun yönetiminde ise olumsuz yönde heterosis oluştuğunu belirtmişlerdir.

Sinde ve Deshmukh (1985), *G.arboreum* L. türündeki 5 anacın yarım diallel melezlerinde, verim ve kalite özelliklerinin kalıtımını inceleyerek koza sayısı, çırcır randımanı, çiçeklenmeye kadar geçen gün sayısı ve verim için yüksek kalıtım derecesi tahminleri yapmışlardır.

Mirza (1986), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 7 pamuk çeşidinin melezlenmesinden oluşturduğu populasyonda, verim için % 6.20-235.22, bitki boyu için % 1.17-67.33, bitki koza sayısı için % 3.57-249.04, koza ağırlığı için % 0.37-18.86, tohum indeksi için % 0.11-15.68, lif indeksi için % 0.42-19.01 oranlarında heterosis bulmuştur.

Gülyaşar (1987), 7 hat ve 3 test edici pamuk çeşidi ile yaptığı çoklu dizi analizi sonucu oluşturulan populasyonda, incelenen özellikler yönünden, eklemeli gen etkilerinin, dominant gen etkilerinden yüksek olduğunu saptamıştır. Araştırmacı, ayrıca, koza kütlü pamuk ağırlığı , kütlü pamuk verimi ve koza sayısı için olumlu ve önemli düzeyde heterosis; bitki boyu, bitkide koza sayısı, koza kütlü pamuk ağırlığı, bitki kütlü pamuk verimi, 100 tohum ağırlığı , lif uzunluğu, lif inceliği ve lif kopma dayanıklılığının yönetiminde eklemeli; ekim-çiçeklenme tarihi gün sayısı ve meyve dalı sayısı yönetiminde ise dominant gen etkilerinin önemli olduğunu saptamıştır.

Kanoktip (1987), Pamukta türler arası melezlerde bazı özelliklerin kalıtımını araştırmış ve bitkide tohum verimi, bitkide koza sayısı ve bitki boyu özellikleri yönünden heterosis ve heterobeltiosis saptadığını öte yandan tek koza kütlü ağırlığı, çırcır randımanı, lif uzunluğu, lif inceliği ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinin eklemeli; bitkide tohum verimi, bitkide koza sayısı ve bitki boyu özelliklerinin eklemeli olmayan gen etkileriyle idare edildiklerini; bu özelliklerin oluşumunda özellikle dominant ve interallelik etkilerin etkin olduğunu belirtmiştir.

Luckett (1989), Upland pamuklarında, 10 pamuk çeşidi ile yarım diallel (10x10) melez yöntemine göre oluşturdukları populasyonda, lif inceliği özelliğinin yönetiminde sadece eklemeli; çırcır randımanı, lif uzunluğu ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinin yönetiminde ise hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin etkin olduğunu bildirmiştir.

Alam ve ark. (1991), Upland pamuk çeşitlerinde heterosis ve kombinasyon yeteneklerinin belirlenmesi amacı ile, 14 farklı kökenli çeşit ve 3 adet lokal tester hattını melezleyerek elde ettikleri 42 melez kombinasyonda, bitki başına tohum verimi, bitkide koza sayısı, bitki boyu ve çırçır randımanı özelliklerinin tümünün kalıtımında eklemeli olmayan gen etkilerinin gözlemlendiğini; incelenen tüm bitkisel özellikler yönünden oluşturulan yedi melez kombinasyonda, yüksek heterosis ve özel kombinasyon yeteneği saptandığını; bitki başına tohum verimi, meyve dalı, koza sayısı ve çırçır randımanı yönünden, sırasıyla, %2.63-51.99, % 0-42.86, % 2.2-54.86, % 0-10.73 oranlarında olumlu yönde heterosis; bitki boyu yönünden % -2.86-31.42 arasında değişen olumsuz yönde heterosis gözlemlendiğini belirtmişlerdir.

Tariq ve ark. (1992), *G. hirsutum* L. türüne ait 6 çeşit ile yaptığı diallel melezlemeler sonucunda oluşturduğu F₁ döl kuşağında, kütlü pamuk verimi, koza ağırlığı ve çırçır randımanı yönünden üstün dominantlığın, bitkideki koza sayısı yönünden dominantlığın, 100 tohum ağırlığı, lif indeksi ve lif uzunluğu yönünden ise eklemeli gen etkisinin önemli olduğunu bildirmişlerdir. Aynı araştırmacılar, kütlü pamuk verimi, koza ağırlığı yönünden düşük, çırçır randımanı ve lif özellikleri yönünden yüksek düzeyde kalıtım derecesi saptadıklarını bildirmişlerdir.

Rahman ve ark. (1993), *G. hirsutum* L. türüne ait 6 çeşit ile yaptıkları diallel melez çalışmalarında, bitki koza sayısı özelliği için genel uyuşma yeteneği etkilerinin önemli olduğunu ve eklemeli genler tarafından yönetildiğini; bitki kütlü verimi, koza sayısı ve çırçır randımanı özellikleri için özel uyuşma yeteneği etkilerinin önemli olduğunu ve eklemeli olmayan genler tarafından yönetildiğini belirtmişlerdir.

Ünay (1993), 7 dizi ve 5 test edici pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) çeşitleri ile yaptığı çoklu dizi analizi sonucu oluşturulan populasyonda, genel uyuşma yeteneği varyansının, özel uyuşma yeteneği varyansına oranı sonucu elde edilen değerlerden populasyonda; yatay çiçeklenme aralığı, günlük verim indeksi, bitkide koza sayısı, bitki verimi ve lif uzunluğu özelliklerinin yönetiminde eklemeli olmayan; diğer özelliklerin yönetiminde ise eklemeli gen etkilerinin daha yüksek olduğunu saptamıştır. Araştırmacı ayrıca, bitki boyu, lif uzunluğu ve lif inceliği dışındaki diğer özellikler için çokluk olumlu yönde heterosis; dikey çiçeklenme aralığı, ortalama olgunluk süresi, birinci el kütlü oranı, bitki boyu ve lif inceliği için çokluk olumlu yönde heterobeltiosis olduğunu belirtmiştir.

Efe (1994), Çukurova ve GAP bölgesi koşullarında 10 gossypolsüz pamuk çeşidi ile yürütmüş olduğu yarım diallel (10x10) melez yöntemine göre oluşturduğu populasyonda, Çukurova bölgesinde, koza kütlü pamuk ağırlığı, 100 tohum ağırlığı, bitki boyu, odun dalı sayısı, meyve dalı sayısı, çırcır randımanı ve erkencilik oranı özelliklerinin, GAP bölgesinde ise kütlü pamuk verimi, 100 tohum ağırlığı, bitki boyu, koza sayısı, çırcır randımanı, erkencilik oranı, lif kopma dayanıklılığı ve lif inceliği özelliklerinin yönetiminde eklemeli; hem Çukurova hem de GAP bölgesinde, kütlü pamuk verimi, bitki boyu, odun dalı sayısı, meyve dalı sayısı, koza sayısı, çırcır randımanı ve erkencilik oranı özelliklerinin yönetiminde dominant genlerin; 100 tohum ağırlığı ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinin yönetiminde ise resesif genlerin etkilerinin etkin olduğunu bildirmiştir.

Baloch ve ark. (1995), *G. hirsutum* L. türüne ait çeşitlerde tür içi melezlerde heterosis inceledikleri araştırmada, genel olarak incelenen özellikler yönünden heterosis değerinin düşük olduğunu; beş melez kombinasyonda bitki boyu yönünden % 6.20 ve 2.87 arasında heterosis oluştuğunu; odun dalı sayısı yönünden 3 melez kombinasyonda heterosis, iki melez kombinasyonda ise % 25.82 ve % 10 oranında heterobeltiosis gözlemlendiğini; bunlara ek olarak, meyve dalı, koza sayısı, çırcır randımanı ve lif uzunluğu yönünden, sırasıyla. % 22.48, 20.38, 24.57. 5.7 ve 3.65 oranlarında heterosis oluştuğunu belirtmişlerdir.

Efe ve Gençler (1995a), *G. hirsutum* L. türüne ait gossypolsüz 10 çeşitle yaptıkları yarım diallel melez çalışmasında bütün lif özellikleri için dominant gen varyansının önemli olduğunu, lif kopma dayanıklılığı ve lif inceliği için genel uyuşma yeteneğinin önemli olduğunu, incelenen özellikler için bulunan dar anlamdaki kalıtım derecelerinin düşük olmasından dolayı bu özellikler için toptan seçme yönteminin uygun olabileceğini belirtmişlerdir.

Efe ve Gençler (1995b), *G. hirsutum* L. türüne ait gossypolsüz 10 çeşitle yaptıkları yarım diallel melez çalışmasında, kütlü pamuk verimi, koza kütlü ağırlığı, 100 tohum ağırlığı, bitki boyu ve çırcır randımanı için önemli eklemeli gen etkilerinin olduğunu, söz konusu özellikler için dar anlamdaki kalıtım derecesinin sırasıyla 0.19, 0.38, 0.45, 0.23 ve 0.39 olduğunu bildirmişlerdir.

Paulo de Carvalho ve ark. (1995), *G. hirsutum* L. türüne ait 6 çeşit ile yaptıkları tam diallel melez çalışmasında, kütlü pamuk verimi, koza ağırlığı ve erkencilik için üstün

dominantlığın; lif olgunluğu, bitki boyu ve bitki koza sayısı için eklemeli genlerin etkili olduğunu; kütlü pamuk veriminin ise büyük oranda dominant genler tarafından kontrol edildiğini ve düşük kalıtım derecesine (0.19) sahip olduğunu belirlemişlerdir.

Ünay ve ark. (1995), lif inceliği, lif uzunluğu ve lif kopma dayanıklılığı için sırasıyla %14.04, %-3.25 ve %1.60 oranında heterosis; %10.09, %0.33 ve %13.32 oranında ise heterobeltiosis olduğunu ve aynı özellikler için sırasıyla 0.90, 0.68 ve 0.98 dar anlamda kalıtım dereceleri saptandığını bildirmişlerdir.

Zhu (1995), Upland türü pamukların, tür içi melezlerinde heterosisin araştırıldığı çalışmada, lif verimi ve lif kalitesi özellikleri yönünden heterosisin oranlarının yüksek olmasının, elde edilen melezlerin yüksek uyum yeteneği, lif kopma dayanıklılığı, stres koşullarına dayanıklılık özellikleri ve daha iyi bir ürün stabilitesi özelliğinden kaynaklandığını; buna bağlı olarak, F₁ döl kuşağında heterosisten kaynaklanan artışın %15, F₂ generasyonunda ise % 10 olduğunu; bu artışların bitkide koza sayısındaki artıştan kaynaklandığını, bundan dolayı, pamuk üretiminde tür içi melezlemelerden elde edilen melez genotiplerin, yaygın olarak kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Kaynak (1996), farklı morfolojik ve fizyolojik özelliklere sahip bazı pamuk çeşitlerinde tarımsal ve teknolojik özelliklerin genetik analizinde, erkencilikleri ile bilinen, zararlılara dayanıklı bazı pamuk çeşitlerinin, genetik yapısını incelemiş; F₁ melezlerinde, kütlü pamuk verimi, erkencilik oranı, odun dalı sayısı, koza ağırlığı ve koza kütlü ağırlığı özellikleri yönünden olumlu ve önemli düzeyde; bitki boyu, çenet sayısı, 100 tohum ağırlığı, lif uzunluğu ve lif kopma dayanıklılığı yönünden ise olumlu ve önemsiz düzeyde; lif inceliği ve lif yeknesaklığı yönünden ise olumsuz ve önemsiz düzeyde heterosis saptadığını bildirmiştir.

Yılmaz (1997), Kahramanmaraş'ta 1992-1995 yılları arasında *G. barbadense* L. türünden 1; *G.hirsutum* L. türünden 8 anaçla yaptığı melezleme çalışmasında; bitki boyunda %-6.8-4.9, odun dalı sayısında %-17.5-4.6, meyve dalı sayısında %-4.9-1.2, birinci el hasat oranında %-1-11.7, bitki koza sayısında %-2.2-34.3 ve kütlü pamuk veriminde %21.1-94.4 oranında heterosis saptadığını bildirmiştir.

Meredith ve Brown (1998), *G. hirsutum* L. türüne ait 15 çeşit ve 1 hattın yarım diallel melezlemesinde, birinci el kütlü oranı, lif oranı, koza ağırlığı ve lif uzunluğu için sırasıyla %10.3, %1.4, %5.7 ve %1.7 oranında heterosis olduğunu, genetik yapısı farklı

ebeveynlerin melezlenmesi sonucu yüksek heterosis oranlarının beklenebileceğini, fakat bunun için farklı genetik yapının her zaman yeterli olamayacağını bildirmişlerdir.

Babar ve Khan (1999), *G. hirsutum* L. türüne ait 4 çeşit ile yaptıkları tam diallel melez çalışmasında, meyve dalı sayısı ve çırçır randımanı için üstün dominantlığın, lif uzunluğu ve lif inceliği için ise kısmi dominantlık ile birlikte eklemeli genlerin etkili olduğunu saptamışlardır.

Godoy ve Palomo (1999), lif ve kütlü verimi özellikleri arasındaki ilişkilerin incelendiği farklı orijinlere sahip 7 erkenci anacı içeren diallel melez çalışmalarında, incelenen lif verimi özelliği için düşük seviyede eklemeli gen varyansı ve kalıtım derecesi saptamalarına karşın, çırçır randımanı için bu değerlerin tersini belirlemişlerdir.

Toklu (1999), *Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadense* L. türlerine ait iki pamuk çeşidinin melezlenmesi ile oluşturulan F₁ döl kuşağında incelenen özelliklerden, koza kütlü pamuk ağırlığı ve lif mukavemeti özelliklerinin oluşumunda dominant; bitki boyu, 100 tohum ağırlığı, meyve dalı sayısı, lif kopma dayanıklılığı, lif uzunluğu, lif yeknesaklığı ve kısa lif oranı yönünden üstün dominant; koza sayısı, çenet ağırlığı ve tohum sayısı özelliği yönünden eksik dominant; çırçır randımanı, ortalama çenet sayısı, koza ağırlığı, odun dalı sayısı, lif inceliği ve bitki kütlü verimi özellikleri yönünden ise eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu belirtmiştir.

Ashraf ve Ahmad (2000), 6 pamuk çeşidinin tam diallel melezlenmesi ile oluşturdukları popülasyonda, odun dalı sayısı hariç, incelenen tüm özelliklerde genel uyuşma yeteneği etkilerinin önemli olduğunu; özelliklerin kalıtımında, hem eklemeli, hem de dominant gen etkilerinin etkin olduğunu; özelliklerin çoğunda heterosis ve anaçların etkisinin bulunduğunu bildirmişlerdir.

Kapoor (2000), MU-2 ve RS-453 pamuk çeşitlerinin kullanıldığı melezleme programında incelenen koza sayısı, çırçır randımanı ve lif verimi özelliklerinin kalıtımında eklemeli olmayan; kütlü verimi ve koza ağırlığı özelliklerinin kalıtımında eklemeli gen etkilerinin etken olduğunu belirtmişlerdir.

Khorgade ve ark. (2000), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 7 pamuk çeşidi ile yaptıkları yarım diallel melez çalışmalarında, lif indeksi ve bitki meyve dalı sayısı hariç incelenen bütün özelliklerde üstün dominantlığın önemli olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca,

kütlü verimi ve bazı önemli lif özellikleri için DHY 286, PH 93 ve PKV Rajat çeşitlerinin; mikroner için ise LRA 5166 çeşidinin en iyi genel uyuşma yeteneğine sahip olduğunu saptamışlardır.

Mukhtar ve ark. (2000), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 4 çeşidin tam diallel melez analizinde, lif uzunluğu, çırcır randımanı, tohum indeksi ve lif indeksi özelliklerinin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu bildirmişlerdir.

Başal (2001), *G. hirsutum* L. türüne ait 6 pamuk çeşidi ile yarım diallel (6x6) melez yöntemine göre oluşturdukları populasyonda, koza kütlü ağırlığı ve kütlü verimi için çoğunlukla olumlu, diğer özellikler (koza sayısı, erkencilik oranı, çırcır randımanı, 100 tohum ağırlığı, lif kopma dayanıklılığı, lif uzunluğu ve lif inceliği) için ise çoğunlukla olumsuz yönde heterosis ve heterobeltiosis olduğunu; koza sayısı, çırcır randımanı ve lif inceliği için hem eklemeli hem dominant; koza kütlü pamuk ağırlığı, 100 tohum ağırlığı, lif kopma dayanıklılığı ve lif uzunluğu için eklemeli; kütlü verimi ve erkencilik oranı için ise dominant gen etkilerinin etkin olduğunu bildirmiştir.

Bertini ve ark. (2001), melez Upland (*Gossypium hirsutum* L) pamuklarında, kalıtım parametrelerinin araştırıldığı çalışmada; incelenen ilk çiçeklenme zamanı, koza sayısı, koza ağırlığı ve lif verimi özelliklerinin yönetiminde dominant; 100 tohum ağırlığı ve çırcır randımanı özelliklerinin yönetiminde eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu; lif veriminde % 96.41 ve ilk çiçeklenme zamanında %0.77 oranında heterotik etki gözlemlendiğini bildirmişlerdir.

Barden ve ark. (2002), *G. hirsutum* L. türüne ait 5 çeşit ile (TAM94L-25, TTU-202, ACALA 1517-99, FİBER MAX 832, TAMCOT CAMD-E) ile yaptıkları diallel çalışmada lif uzunluğu üzerine kombinasyon yeteneklerini incelemişlerdir. Araştırmacıların tüm F₁ hibritleri arasından özellikle Fiber max 832 x TAM 94L-25 kombinasyonunda en uzun lif uzunluğu değerlerini saptamıştır. Bunun yanı sıra Acala 1517-99 ve TTU202 ebeveynlerinin TAM 94 L-25 ve Fiber max 832 ebeveynleri arasında yapılan melezlerde lif uzunluğu bakımından önemli genel uyuşma yeteneği etkisi saptamışlardır. Araştırmacılar lif uzunluğu üzerine eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Ahmad ve ark. (2003), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 6 çeşit ile yaptıkları tam diallel melez çalışmada, bitki meyve dalı sayısı, bitki boyu, bitki koza sayısı ve kütlü pamuk verimi özelliklerinin kontrolünde eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu; bitki

boyu, bitki koza sayısı ve kütllü pamuk verimi için bulunan dar anlamda kalıtım derecesinin ise erken dönem seleksiyon kriteri olarak kullanılabileceğini saptamışlardır.

Ashwathama ve ark. (2003), pamuk bitkisinde, 4 türler arası ve 4 tür içi melezlemeden elde ettikleri populasyonları materyal olarak kullandıkları çalışmada; türler arası melezlerde heterosis oranlarını, kütllü veriminde %79.3, toplam kuru madde oranında %10.2, koza sayısında %60, koza ağırlığında 12.8; tür içi melezlerde heterosis oranlarını, kütllü veriminde %32.9, toplam kuru madde oranında %3.6, koza sayısında %13.6, koza ağırlığında %3.8 olarak saptamışlardır.

Başal ve Turgut (2003), 6 farklı pamuk çeşidinin yarım diallel melezlenmesiyle oluşturulan populasyonda saptadıkları uyuşma yetenekleri ve heterosis değerlerine göre, bitkide koza sayısı için DPL 5690; koza kütllü pamuk ağırlığı ve lif uzunluğu için Acala SJ-5; bitki kütllü pamuk verimi ve çırcır randımanı için Nazilli 84 ve Carmen; erkencilik oranı ve lif inceliği için Tamcot CAMD-E ve lif kopma dayanıklılığı için PD 6168 çeşitlerinin uygun olabileceğini, tüm özellikler birlikte incelendiğinde Tamcot CAMD-E x Carmen, Nazilli 84 x PD 6168, DPL 5690 x Tamcot CAMD-E ve Tamcot CAMD-E x PD 6168 melezlerinin gelecekteki ıslah çalışmaları için ümit verici olduğunu saptamış, değiştirilmiş geri melezleme veya tekrarlamalı seleksiyon yöntemi uygulanarak verim ve lif kalite özelliklerinin birlikte geliştirilebileceğini bildirmişlerdir.

Cheatham ve ark. (2003), Avustralya çeşitleri ve yabani pamuk türlerinde verim ve lif kalitesinin artırılması için mevcut genlerin bulunduğunu, ancak bunların Amerika çeşitleri ile uyum yeteneklerini belirlemeye çalıştıkları araştırmalarında, yarım diallel melezleme ile elde ettikleri F₂ hibritlerini, ebeveynlerle kıyaslamalı olarak denediklerini, F₂ hibritlerinin lif verimi, lif uzunluğu ve koza ağırlığı yönünden ebeveynlerden daha iyi değer gösterdiklerini, verim için Stoneville 474, verim ve lif uzunluğu için Fibermax 832, lif kopma dayanıklılığı için B 1388 çeşitlerinin en iyi genel uyuşma yeteneği sergilediklerini, kısa lif oranı ve lif kopma dayanıklılığının eklemeli gen etkileri ile yönetildiğini, lif verimi, koza büyüklüğü ve lif kopma uzamasının hem eklemeli hem de dominant gen etkileri ile yönetildiğini, bu çeşitlerin A.B.D ıslah programlarında kullanılması ile verim ve lif kalitesinde artış sağlanabileceğini bildirmişlerdir.

Gençer ve Güvercin (2003), Harran ovası koşullarında, *G. hirsutum* L. türüne ait 3 çeşit ve bunlardan elde ettikleri 2 melez ile yaptıkları çalışmada, kütllü verimi ve bitki boyu

özellikleri için pozitif, ilk el (erkencilik) oranı için negatif heterosis; kütlü verimi özelliği için pozitif; ilk el oranı için ise negatif heterobeltiosis olduğunu ve ilk el oranı ile kütlü verimi arasında istatistiksel olarak önemli, negatif bir ilişkinin bulunduğunu bildirmişlerdir.

Kiani (2003), 6x6 diallel analizi ile kombinasyon yeteneklerinin incelendiği çalışmada, incelenen odun dalı sayısının yönetiminde, eklemeli genlerin; bitki boyu, koza sayısı, koza ağırlığı ve kütlü verimi özelliklerinin yönetiminde, hem eklemeli, hem de eklemeli olmayan genlerin; erkencilik oranı ve meyve dalı sayısına eklemeli olmayan genlerin etkili olduğunu; Çukurova 1518 x Siokra 324 melezi kombinasyonunun, koza sayısı ve erkencilik özellikleri üzerine, en iyi özel uyuşma yeteneği etkileri gösterdiğini belirtmiştir.

Murtaza ve ark. (2004), 8x8 diallel melezleme sonucu oluşturdukları populasyonda, lif uzunluğunun epistatik genler tarafından kontrol edilirken lif kopma dayanıklılığının ise eklemeli dominant genler tarafından kontrol edildiğini bildirmişlerdir. Ayrıca, ebeveynlerde dominant ve resesif genlerin asimetric bir dağılım sergilediklerini saptamışlardır.

Güvercin ve Genç (2005), Harran ovası koşullarında, *G. hirsutum* L. türüne ait 3 çeşit (Nazilli 84, Sayar 314 ve Stoneville 453) ve bunlardan elde ettikleri 2 melez (Sayar 314 x Nazilli 84 ve Stoneville 453 x Nazilli 84) ile yaptıkları çalışmada, her iki kombinasyonda da kütlü pamuk verimi ve lif verimi yönünden yüksek düzeyde heterosis olduğunu saptamışlardır.

Karademir (2005), Diyarbakır koşullarında, *G. hirsutum* L. türüne ait 7 pamuk çeşidi ile yarım diallel (7x7) melez yöntemine göre oluşturduğu populasyonda, bitki boyu, odun dalı, meyve dalı, koza sayısı, koza kütlü pamuk ağırlığı, ilk el kütlü oranı, çırcır randımanı, 100 tohum ağırlığı, lif uzunluğu ve lif inceliği özelliklerinin yönetiminde eklemeli; kütlü pamuk verimi ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinin yönetiminde eklemeli olmayan gen etkilerinin etkin olduğunu; bitki boyu, ilk meyve dalı boğum sayısı, odun dalı sayısı, meyve dalı sayısı, koza sayısı, koza kütlü pamuk ağırlığı, kütlü pamuk verimi, ilk el kütlü oranı, lif uzunluğu, lif inceliği ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinde pozitif yönde; çırcır randımanı ve 100 tohum ağırlığı özelliklerinde ise negatif yönde heterosis olduğunu saptamıştır.

Murtaza (2005), 8 pamuk eşidi (Laokra 5.5, DPL-7340-424, Fregobract, Glandless 4195-220, SA100, Stoneville-857, S-14 ve B-557) ile yaptığı tam diallel alışmasında 64 adet kombinasyon üzerinde alışmış ve F₁ generasyonunda koza ağırlığı ve koza sayısının kalıtımında eklemeli olmayan (üstün dominant) gen etkilerinin önemli olduğunu; tohum indeksi, koza ağırlığı ve koza sayısı için kalıtım derecelerinin yüksek olmasından dolayı tek bitki seleksiyonu ile genetik kazancın sağlanabileceğini önermiştir.

Rauf ve ark. (2006), *G. hirsutum* L. türüne ait 5 pamuk eşidi ile yarım diallel (5x5) melez yöntemine göre oluşturdıkları populasyonda, lif kopma dayanıklılığı ve lif uzunluğu özellikleri için eklemeli; kütlü verimi, odun dalı sayısı, meyve dalı sayısı, koza sayısı, ırır randımanı ve lif inceliğı özellikleri için ise hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etlilerinin etkin olduğunu bildirmiştir.

Antonio de Aguiar ve ark. (2007), *G. hirsutum* L. türüne ait 5 ticari pamuk eşidi ile yarım diallel melez yöntemine göre oluşturdıkları populasyonda inceledikleri, kütlü pamuk verimi, lif verimi, tohum indeksi, mikroner indeksi, lif kopma dayanıklılığı, lif uzunluğu, kısa lif indeksi, lif kopma uzaması ve sarılık özelliklerinin çoğı için eklemeli gen etkilerinin hakim olduğunu bildirmişlerdir.

Duymaz (2007), *G. hirsutum* L. türüne ait 2 ve *G. barbadense* L. türüne ait 1 pamuk eşidinin melezlenmesi ile oluşturduğu populasyonlar ile yaptığı alışmada bitki boyu, meyve dalı sayısı, koza sayısı, koza kütlü ağırlığı, koza kütlü pamuk verimi ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinde olumlu yönde heterosis oluştuğunu saptamıştır.

Karademir ve ark. (2007), Maraş 92 ve Chirpan 603 eşitlerinin melezlenmesi sonucunda elde ettikleri F₁, F₂, BcP1 ve BcP2 döl kuşaklarında erkencilik, verim ve lif teknolojik özelliklerinin kalıtımını inceledikleri araştırmada; koza sayısı, ilk el kütlü oranı, kütlü pamuk verimi, ilk meyve dalı boğum sayısı özelliklerinden en yüksek heterosis değeri; koza sayısı, ilk el kütlü oranı ve ırır randımanı özelliklerinden en yüksek heterobeltiosis değeri elde ettiklerini bildirmişlerdir.

Kiani ve ark. (2007), *G. hirsutum* L. türüne ait 6 pamuk eşidi ile yarım diallel (6x6) melez yöntemine göre oluşturdıkları populasyonda, odun dalı sayısı özelliğinin yönetiminde eklemeli; bitki boyu, koza sayısı, ve kütlü verimi özelliklerinin yönetiminde, hem eklemeli, hem de eklemeli olmayan; erkencilik oranı ve meyve dalı sayısı

özelliklerinin yönetiminde ise eklemeli olmayan gen etkilerinin etkin olduğunu bildirmiştir.

Ilyas ve ark. (2007), *G. hirsutum* L. türüne ait 4 pamuk çeşidi ile diallel (4x4) melez yöntemine göre oluşturdukları popülasyonda, inceledikleri bitki boyu, koza sayısı, kütlü verimi, çırcır randımanı, lif uzunluğu, lif kopma dayanıklılığı ve lif inceliği özelliklerinin kalıtımında sadece eklemeli olmayan gen etkilerinin etkin olduğunu belirlemişlerdir.

Çiçek ve Kaynak (2008), yürüttükleri çalışmada, genel uyuşma yeteneğinin tüm özelliklerde, özel uyuşma yeteneğinin ise bitki kütlü pamuk verimi, koza kütlü pamuk ağırlığı ve çırcır randımanında önemli olduğunu; bitki kütlü pamuk verimi ve koza kütlü pamuk ağırlığında olumlu, koza sayısında olumsuz heterosis ve heterobeltiosis, diğer özelliklerde ise olumlu heterosis fakat olumsuz heterobeltiosis değerlerinin oluştuğunu; bitki kütlü pamuk verimi ve koza kütlü pamuk ağırlığı için dominant, çırcır randımanı, erkencilik oranı, 100 tohum ağırlığı, lif uzunluğu ve lif kopma dayanıklılığı için eklemeli, bitkide koza sayısı ve lif inceliği için ise hem dominant hem de eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu saptamışlardır.

Minhas ve ark. (2008), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait beş pamuk çeşidi (Coker-4601, MNH-552, S-14, Stoneville ve Allepo-41) ile yaptıkları tam diallel melezleme çalışmalarında, lif inceliği, lif uzunluğu ve lif kopma dayanıklılığı özellikleri için kısmi dominantlık ile birlikte eklemeli gen etkilerinin etken olduğunu; lif üniformite oranının yönetiminde ise üstün dominantlığın olduğunu; Coker-4601xAllepo-41 ve Coker-4601xS-14 melezlerinin lif inceliği ve lif üniformite oranı değerleri bakımından en yüksek özel uyuşma yeteneği değerine sahip olduğunu; Coker-4601xStoneville melezinin lif uzunluğu ve lif kopma dayanıklılığı değerleri bakımından en yüksek özel uyuşma yeteneği değerine sahip olduğunu; Coker-4601 çeşidinin lif inceliği ve lif uzunluğu değerleri bakımından en iyi genel uyuşma yeteneğine sahip olduğunu; S-14 ve Stoneville çeşitlerinin lif kopma dayanıklılığı ve lif üniformitesi oranı değerleri bakımından en iyi genel uyuşma yeteneğine sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Shah ve Shah (2008), *G. hirsutum* L. türüne ait oluşturulan diallel melez popülasyonu üzerine yaptıkları çalışmada, incelenen özellikler yönünden heterosis oranlarını, sırasıyla, verim için % 28.92, bitkideki koza sayısı için % 17.27, koza ağırlığı için % 3-3.81 düzeylerinde bulmuşlar, ayrıca bu melez kombinasyonlarda lif uzunluğu ve

çırçır randımanı özellikleri yönünden de pozitif heterosis değerleri gözlemlendiğini belirtmişlerdir.

Soomro ve ark. (2008), *G. hirsutum* L. türüne ait 5 çeşit (TH-3/83, NIAB-78, CIM-109, Mc-Nair-3150 ve Reshmi) ile yaptıkları tam diallel çalışmada, bitki boyu, bitki koza sayısı ve koza ağırlığı özelliklerinin kontrolünde dominantlık varyansları (H1 ve H2) ve eklemeli varyans'ın (D) oldukça önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Abro ve ark. (2009), *G. hirsutum* L. türüne ait 4 çeşit ile (Sadori, CRIS-134, Sohni ve CIM-448) yaptıkları diallel çalışmada; Sadori çeşidinin bitki boyu, bitkide koza sayısı ve kütlü verimi değerleri bakımından en iyi genel uyuşma yeteneği'ne sahip olduğunu; Sadori x CIM-448 ve Sadori x CRIS-134 melezlerinin ise bitkide koza sayısı için en yüksek özel uyuşma yeteneği değerine sahip olduklarını bildirmişlerdir. Ayrıca, yapılan tüm melezleme kombinasyonlarında bitki boyu için pozitif ve yüksek heterosis değerleri elde etmişlerdir. Sadori x CIM-448 ve CIM-448 x Sohni kombinasyonlarının kütlü verimi ve bitkide koza sayısı özellikleri bakımından pozitif, yüksek heterosis ve heterobeltiosis değerleri gösterdiklerini saptamışlardır.

Mohamed ve ark. (2009), *G. barbadanse* L. türüne ait 6 pamuk çeşidi ile yarım diallel (6x6) melez yöntemine göre oluşturdukları populasyonla, iki farklı çevre (killi-verimli ve kumlu-kireçli verimsiz toprak) koşulunda yürüttükleri çalışmada, her iki çevre koşulunda da, F₁ ve F₂ döl kuşağında, kütlü verimi ve çırçır randımanı özelliklerinin yönetiminde hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin etkin olduğunu bildirmişlerdir.

Smith ve ark. (2009), *G. hirsutum* L. türüne ait 4 uzun elyafa yakın (TAM 94L-25, Fibermax 832, TTU 202, ve Acala 1517-99) ve 1 kısa elyaf (Tancot CAMD-E) özelliklerine sahip genotipin yarım diallel melezlenmesi ile oluşturulan populasyonlarda yapılan incelemeler sonucuna göre; TAM 94L-25 genotipinin en yüksek genel uyuşma yeteneği etkisini gösterdiğini ve bu çeşidin A.B.D. ıslah programlarında kullanılması ile lif uzunluğunda artış sağlanabileceğini bildirmişlerdir.

Güvercin ve Sunulu (2010), Kahramanmaraş koşullarında, *G. hirsutum* L. türüne ait 7 pamuk çeşidini ana ve *G. barbadense* L. türüne ait 1 pamuk çeşidini baba olarak kullanarak oluşturduğu populasyonda, F₁ melezlerinde, lif verimi ve lif mukavemeti yönünden 2, lif inceliği yönünden 1, lif uzunluğu yönünden 3 ve lif üniformitesi yönünden

1 kombinasyonda pozitif ve istatistiksel olarak önemli düzeyde heterosis; lif verimi yönünden 5, lif mukavemeti yönünden 3, lif uzunluğu ve lif üniformitesi yönünden 1 kombinasyonda negatif ve istatistiksel olarak önemli düzeyde heterobeltiosis; lif uzunluğu yönünden ise 1 melez kombinasyonda pozitif ve istatistiksel olarak önemli düzeyde heterobeltiosis olduğunu ve ayrıca lif verimi ile lif inceliği arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde olumlu bir ilişkinin olduğunu bildirmişlerdir.

Hussaini ve ark. (2010), 5 adet Upland (*Gossypium hirsutum* L.) pamuk çeşidi arasında yaptıkları tam diallel melezleme çalışmasında, lif uzunluğu, lif kopma dayanıklılığı, lif inceliği ve lif üniformitesi özelliklerinin kontrolünde eklemeli olmayan gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Karademir ve Gençler (2010), *G. hirsutum* L. türüne ait 7 pamuk çeşidi ile yarım diallel (7x7) melez yöntemine göre oluşturdukları popülasyonda, çırçır randımanı ve lif inceliği özelliklerinin yönetiminde eklemeli; kütlü verimi ve lif kopma dayanıklılığı özelliklerinin yönetiminde ise eklemeli olmayan gen etkilerinin etkin olduğunu bildirmişlerdir.

Akışcan (2011), 6 pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) genotipi ile (VD-4, PAUM-15, Çukurova 1518, VD-18, Stoneville 468 ve Nazilli 84S) yarım diallel melez yöntemi uyarınca oluşturulan popülasyonda genetik yapıyı irdelemek; F₁ melez gücünü saptamak; uygun anaçları ve melez kombinasyonlarını belirlemek amacı ile yaptığı çalışmada; lif inceliği özelliği için olumsuz; bitki boyu, meyve dalı sayısı, odun dalı sayısı, koza sayısı, koza kütlü ağırlığı, kütlü verim, çırçır randımanı, 100 tohum ağırlığı, lif uzunluğu, lif kopma dayanıklılığı özellikleri için olumlu yönde heterosis; meyve dalı sayısı, kütlü verimi, lif uzunluğu, lif kopma dayanıklılığı özellikleri için çoğunlukla olumlu; bitki boyu, odun dalı sayısı, koza sayısı, koza kütlü ağırlığı, çırçır randımanı, 100 tohum ağırlığı, lif inceliği özellikleri yönünden olumsuz yönde heterobeltiosis saptamıştır.

Ali ve ark. (2011), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 6 çeşit ile yaptıkları tam diallel çalışmada, koza ağırlığı, bitki koza sayısı, bitki boyu, odun dalı sayısı ve meyve dalı sayısının kalıtımının kontrolünde üstün dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Boyacı (2011), 4 ana (Paum-100, Paum-101, Paum-102, Paum-103) ve 3 baba (Bahar-14, Aşkabat-91, Paum-B) olarak kullanılan pamuk (*Gossypium ssp.*) genotipleri ile

çoklu dizi kantitatif analiz yöntemi uyarınca oluşturulan populasyonda, genetik yapıyı irdelemek, F1 melez gücünü saptamak, uygun anaç, melez kombinasyonlarını belirlemek amacı ile yaptığı çalışmada; incelenen tüm özelliklerin yönetiminde eklemeli olmayan gen etkilerinin önemli olduğu; koza kütlü ağırlığı, çırcır randımanı, lif inceliği, kısa lif içeriği ve lif kopma uzaması özellikleri için negatif; incelenen diğer özellikler için pozitif yönde heterosis bulunduğunu saptamıştır.

Iqbal ve ark. (2011), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 6 çeşit ile yaptıkları tam diallel çalışmada, genotiplerin ortalama değerlerinin dominantlık varyanslarından (H_1 ve H_2) daha büyük ve bütün özellikler için önemli olduğunu; dominantlık varyansları H_1 ve H_2 'nin lif uzunluğu ve bitki koza sayısı için önemli olmadığını; $H_2/4H_1$ değerini 0.24; dar anlamda kalıtım derecesinin ise bütün özellikler için çok yüksek olduğunu saptamışlardır.

Khan ve ark. (2011), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 6 çeşidin (CIM-446, CIM-496, CIM-499, CIM-506, CIM-554 ve CIM-707) diallel melez populasyonunda yaptıkları çalışmada; ilk çiçeklenme gün sayısı, koza çenet sayısı, çenet tohum sayısı, çırcır randımanı ve bitki kütlü pamuk verimi özelliklerini inceledikleri araştırmada bütün özellikler için genel ve özel uyuşma yeteneği etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Zeng ve ark. (2011), *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 16 çeşit ile yaptıkları diallel çalışma sonucunda lif verimi ve lif özellikleri üzerine kombinasyon yeteneklerini incelemişlerdir. Araştırmacılar, inceledikleri 48 F_2 hibrit kombinasyonu arasında genel uyuşma yeteneği etkilerini tüm lif özellikleri ve lif verimi için önemli bulmuşlardır. SP156 ve SP224 çeşitleri lif verimi ve lif kopma dayanıklılığı; SP192, SP205 ve JC65 çeşitleri lif verimi, lif inceliği ve lif uzaması; SP192 ve SP224 çeşitleri lif verimi ve kısa lif oranı özellikleri bakımından pozitif genel uyuşma yeteneği etkileri saptamışlardır. Ayrıca, FM832 x SP205 kombinasyonunda %14, MD15 x SP205 kombinasyonunda ise % 26 heterosis değeri bulduklarını bildirmişlerdir.

Méndez-Natera ve ark. (2012), Venezuela koşullarında *Gossypium hirsutum* L. türüne ait 6 çeşit ile yarım diallel analiz yöntemi uyarınca yaptıkları çalışma sonucunda, çiçeklenme başlangıcı, 100 tohum ağırlığı, kütlü pamuk verimi, lif mukavemeti ve lif inceliği özelliklerinin yönetiminde hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin önemli olduğunu; buna karşılık bitki boyu, meyve dalı sayısı, koza periyodu, çiçeklenme periyodu ve koza ağırlığı özelliklerinin yönetiminde ise eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Deneme yeri ve yılı

Araştırma, ProGen Tohum A.Ş.'ye ait Hatay merkez ilçeye bağlı Karaali mevkinde bulunan araştırma ve uygulama alanlarında, 2012 ve 2013 yıllarında yürütülmüştür.

3.1.2. İklim koşulları

Akdeniz iklim kuşağı içerisinde bulunan Hatay ilinde, kışlar ılık ve yağışlı; yazlar sıcak ve kurak geçmektedir. Yağışın büyük kısmı pamuğun büyüme mevsimi dışındadır. Deneme alanının, pamuk melezlerinin yetiştirildiği 2013 yılı ve uzun yıllara ait bazı iklim değerleri Çizelge 3.1'de verilmiştir (Anonim, 2013).

Çizelge 3. 1. 2013 Yılı Nisan-Ekim Ayları Arasında Ortalama Sıcaklık, Toplam Yağış, Oransal Nem Değerleri ve Normalden Farkları.

AYLAR	Sıcaklık (°C)		Yağış (mm)		Oransal Nem (%)	
	Ort.	Normalden Fark*	Toplam	Normalden Fark*	Ort.	Normalden Fark*
Nisan	18	0.7	383.4	258	65.3	5.3
Mayıs	22.8	0.6	95.1	38	63.2	-1.9
Haziran	25.5	0.1	0	-18.8	60.1	-5.5
Temmuz	26.4	-1.4	0	-4.5	57.7	-11.2
Ağustos	27	-1.5	0	-40	59.3	-10.2
Eylül	26.1	0.1	158.9	75.8	61.4	-4.3
Ekim	18.7	-2.9	47.8	-4.9	48.3	-13.8
			658.2	280.7		

*=Uzun Yıllar Ortalamasından Fark

Çizelge 3.1'den sıcaklıkla ilgili veriler incelendiğinde, Temmuz, Ağustos ve Ekim aylarındaki sıcaklık ortalamalarının uzun yıllar sıcaklık ortalamalarına göre 1.4, 1.5 ve 2.9 °C daha düşük olmasına karşın, diğer aylarda sıcaklık ortalamasının normalden daha yüksek olduğu görülmektedir. Yağışla ilgili veriler incelendiğinde, deneme yılında düşen toplam yağış miktarının, normalin 280.7 mm üzerinde olduğu, denemenin yürütüldüğü yıla

ait Haziran, Temmuz ve Ağustos aylarında yağışın düşmediği, Ekim ayında da normalden daha az yağışın düştüğü görülmektedir. Nisbi nemle ilgili veriler incelendiğinde, sadece Nisan ayında normalin üzerinde, diğer bütün aylarda ise normalin altında olduğu görülmektedir.

3.1.3. Araştırmada kullanılan genotipler ve özellikleri

Çalışmada, Çizelge 3.2’de belirtilen, verim ve lif kalite özellikleri birbirinden farklı çeşit ve hatlardan oluşan bazı pamuk genotipleri ve bunların yarım diallel melezlerinden elde edilen F₁ melez dölleri araştırmanın genetik materyalini oluşturmuştur.

Çizelge 3. 2. Denemede Kullanılan Pamuk Genotiplerinin Adı, Türü, Genotip Sahibi Kuruluş ve Pedigrileri.

Çeşit Adı	Türü	Genotip Sahibi Kuruluş	Pedigree
PG 300	<i>G. hirsutum</i> L.	ProGen Tohum A.Ş.	PG Hat İH-7 x PG Hat İH-12
Pima S7	<i>G. barbadense</i> L.	USDA-ARS Cotton Research Center	6614-91-93 x 6907-513-509-51
LİDER (Mig 119)	<i>G. hirsutum</i> L.	Özbuğday Tohumculuk A.Ş.	
BA707	<i>G. hirsutum</i> L.	ProGen Tohum A.Ş.	BA 151 X BA 320
PG 318ACP	<i>G. hirsutum</i> L.	ProGen Tohum A.Ş.	PG Hat AC501 x PG Hat AC901
PG 820	<i>G. hirsutum</i> L.	ProGen Tohum A.Ş.	PG Hat YKL-12 x PG Hat YKL-501
PG 53	<i>G. hirsutum</i> L.	ProGen Tohum A.Ş.	PG Hat A98 x PG Hat A1001
PG 910	<i>G. hirsutum</i> L.	ProGen Tohum A.Ş.	PG Hat İH-19 x PG Hat İH-121
BA 525	<i>G. hirsutum</i> L.	ProGen Tohum A.Ş..	SG 96 x SG 747
GLORIA	<i>G. hirsutum</i> L.	Bayer CropScience	

Denemede kullanılan genotiplerin belirgin özellikleri aşağıda verilmiştir.

BA 707 : Orta-Uzun boylu, bitki şekli konik yapıda ve erkenci bir çeşittir. Yaprakları küçük, bol ve palmiye şeklinde olup, gövde ve yapraklar tüysüzdür. Koza şekli ovaldir. Solgunluk hastalığına karşı toleranttır. Lif uzunluğu 28-30 mm , lif inceliği 4.4-4.8 mic., lif kopma dayanıklılığı 32-34 g/tex, çırçır randıman %43-44 arasındadır (Anonim, 2011 c). Pamuk tarımı yapılan bütün bölgelerde ekilmektedir.

Lider (Mig 119) : Orta boylu ve konik bitki formuna sahiptir. Yaprakları orta büyüklükte, orta yoğunlukta, palmiye şeklinde ve az tüylüdür. Kozaları küçük ve oval şeklindedir. Orta-Erkenci olup solgunluk hastalığına toleranttır. Lif uzunluğu 28.5-29.8 mm , lif inceliği 4.4 mic., lif kopma dayanıklılığı 30.5-32.08 g/tex, çırçır randımanı %42-43'dür (Harem, 2007). Pamuk tarımı yapılan bütün bölgelerde ekilmektedir.

BA 525: Uzun boylu ve yayvan bitki formuna sahiptir. Yaprakları orta büyüklükte, orta yoğunlukta, palmiye şeklinde ve orta tüylüdür. Kozaları iri ve oval şeklindedir. Orta-Erkenci olup solgunluk hastalığına toleranttır. Lif uzunluğu 30 mm , lif inceliği 4.8 mic., lif kopma dayanıklılığı 30.3 g/tex, çırçır randımanı %41 dir (Harem, 2007). Çukurova, Ege, Hatay ve Antalya bölgelerinde tarımı yapılmaktadır.

PG 318ACP: Orta erkenci Acala tipi bir çeşit olup solgunluk hastalığına çok dayanıklıdır. Bitkiler orta boyda ve yarı kloster formdadır. Yapraklar orta büyüklükte ve az tüylüdür. Elyaf kalitesi de iyi olan çeşidin çırçır randıman %40-41'dir. Lif uzunluğu 30-31 mm , lif inceliği 3.8-4.2 mic., lif kopma dayanıklılığı 37-39 g/tex'dir (Anonim, 2012b).

Gloria: Erkenci bir çeşit olup solgunluk hastalığına toleranttır. Bitkiler orta boyda ve konik formdadır. Elyaf kalitesi de iyi olan çeşidin çırçır randıman %41-43'tür. (Anonim., 2011a). Çukurova, Ege, Hatay ve Antalya bölgelerinde tarımı yapılmaktadır.

PG 300: Orta-Uzun boylu ve yarı kloster bitki formuna sahiptir. Orta geçi grupta yer almaktadır. Elyaf kalitesi iyi olan çeşidin çırçır randımanı %42-44'dür. Lif uzunluğu 33-34 mm, lif inceliği 4-4,4 mic., lif kopma dayanıklılığı 38-40 g/tex dir. Yaprakları tüysüzdür. Solgunluk hastalığına toleranttır (Anonim., 2011c).

PG 820: Uzun boylu ve yayvan bitki formuna sahiptir. Tüylü yapraklara sahiptir. Lif uzunluğu 28-30 mm, lif kopma dayanıklılığı 30-32 g/tex, çırçır randıman % 50'dir. Solgunluk hastalığına toleranttır (Anonim., 2011c).

PG 53: Orta-Uzun ve kloster bitki formuna sahiptir. Kozaları küçük, konik şekilli olup ancak sayıca fazla miktarda olmaktadır. Bitki ve yaprakları tüylüdür. Lif uzunluğu 29-30 mm, lif kopma dayanıklılığı 30-32 g/tex, çırçır randıman %41-43'dır. Solgunluk hastalığına hassastır (Anonim., 2011c).

PG 910: Bitkiler uzun ve bitki şekli koniktir. Yaprakları tüylüdür. Erkenci olan çeşidin çırçır randımanı %43-44'dür. Lif uzunluğu 28-30 mm, lif inceliği 4.4-4.7 mic., lif kopma dayanıklılığı 31-33 g/tex dir. Solgunluk hastalığına toleranttır (Anonim., 2011c).

Pima S7: USDA-ARS Cotton Research Center (Arizona/USA) tarafından geliştirilen çeşit 1992 yılında tescil edilmiştir. Erkenci bir çeşittir. Sıcağa toleranttır. Bitki boyu ortalama 109 cm ve yayvan bitki formuna sahiptir. Tek koza ağırlığı ortalama 3.15 g dır. Çırçır randımanı %38.6. Elyaf uzunluğu 34.5 mm, elyaf kopma dayanıklılığı 330 mN/tex ve lif inceliği 3.94 mikronerdir (Anonim, 2012a).

3.2. Yöntem

3.2.1. Denemelerin kuruluşu

3.2.1.1. Birinci yıl çalışmaları

Yüksek verimli ve kalite nitelikleri üstün olan 10 genotip (Lider (Mig 119), BA 707, BA 525, PG 910, Gloria, PG 300, PG 318ACP, PG 820, PG 53 ve Pima S7) arasında istenilen sayıda melez kombinasyonu oluşturmak için 2 adet melezleme bahçesi kurulmuştur. Birinci melezleme bahçesi; 18.05.2012; ikinci melezleme bahçesi, 28.05.2012 tarihinde kurulmuştur. Her bir melezleme bahçesi, her çeşit tek sıra, 7.5 m sıra uzunluğunda, sıra arası uzaklığı 70cm; sıra üzeri uzaklığı 30 cm olacak şekilde oluşturulmuştur. Her ocağa 3 adet tohum, el ile atılmıştır. Çıkışlar 10 gün içinde tamamlanmıştır. Seyreltme işlemi, yaklaşık bitkiler 10-15cm olduğunda 07.06.2012 ve 15.06.2012 tarihlerinde, her ocak'ta 1 adet fide kalacak şekilde her iki melezleme bahçesinde de yapılmıştır. Melezlemelere ve anaçların kendileme işlemine çiçeklenmenin

başladığı 20.07.2012 tarihinde başlanmıştır. Aktif çiçeklenme döneminin sonu olan 15.08.2012 tarihine kadar her iki melezleme bahçesinde de melezlemelere devam edilmiştir. Her melezlemeden önce ana olarak kullanılacak çiçeklerde emaskülasyon yapılarak etiketleme yapılmıştır. Emaskülasyonu takip eden günde baba çiçeklerden polen tozları getirilerek tozlamalar yapılmıştır. Her bitkide melezleme yapılmayan çiçekler, tutum oranını yükseltebilmek için koparılmıştır.

Lider (Mig 119), BA 707, BA 525, PG 910, Gloria, PG 300, PG 318ACP, PG 820, PG 53 ve Pima S7 genotipleri arasında yarım diallel analiz yöntemi uyarınca, $P_x(P-1)/2$ adet melez kombinasyon, Çizelge 3.3’de ayrıntısı verildiği şekilde yapılmıştır. Ayrıca, gerekli olan anaç tohumlar için her çeşitte kendileme yapılmıştır. Böylece, gerekli olan F_1 tohumları ve anaçlara ilişkin kendilenmiş tohumlar elde edilmiştir.

Çizelge 3. 3. 10x10 Yarım Diallel Melezleme Çizelgesi.

♀/♂	Lider (Mig 119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318 ACP	PG 820	PG 53	Pima S7
Lider (Mig 119)	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
BA 707		X	X	X	X	X	X	X	X	X
BA 525			X	X	X	X	X	X	X	X
PG 910				X	X	X	X	X	X	X
Gloria					X	X	X	X	X	X
PG 300						X	X	X	X	X
PG 318ACP							X	X	X	X
PG 820								X	X	X
PG 53									X	X
Pima S7										X

Hasat edilen melez kozalar, laboratuvarda kombinasyonlarına göre tasnif edilerek laboratuvar çırçır makinesinde çırçırılmıştır. Aralık ayından mart ayına kadar çırçırlamaları devam etmiştir. Kese kağıtlarına alınan melez ve kendilenmiş kozalar çırçırlandıktan sonra tohumlar % 20’lik sülfürik asit ile delinte edilmiş; iyice yıkandıktan sonra kalsiyum karbonat ile nötralize edilerek 40 °C kurutma fırınlarında 2 saat süre ile kurutulmuştur. Böylece, delinte edilen tohumlar 2. yıl denemelerinde kullanılmak üzere, 10 °C’deki soğuk hava deposunda muhafazaya alınmıştır.

3.2.1.2. İkinci yıl çalışmaları

İkinci yıl denemeleri, ProGen Tohum A.Ş.'ye ait Antakya'da bulunan araştırma alanında, Çizelge 3.3'de gösterilen, melezler ve ebeveynleri ile birlikte, 23.05.2013 tarihinde, Tesadüf Blokları Deneme Deseni uyarınca 3 tekrarlamalı olarak kurulmuştur. Her parsel, 70 cm sıra arası genişliğinde, 25 cm sıra üzeri mesafede, 7.5 m uzunluğundaki 1 sıradan oluşmuştur. Parsellere ekim, her ocağa 3 adet tohum gelecek şekilde, ocak usulü yapılmıştır. Çıkıştan sonra bitkiler, 10-15 cm olduğunda her ocakta tek bitki kalacak şekilde seyreltilmiştir.

Deneme normal bakım koşulları altında yürütülmüştür. Deneme alanı, 7.5 kg/da saf Azot (N), 7.5 kg/da saf Fosfor (P_2O_5) ve 7.5 kg/da saf Potasyum (K_2O) olacak şekilde 50 kg/da 15-15-15 kompoze gübre ile gübrenlenmiştir. 1.sulamadan önce, 4.5 kg/da saf Azot (N) gelecek şekilde 14 kg/da Amonyum Nitrat (NH_4NO_3) (% 33) gübresi, 2. sulamadan öncede 2 kg/da saf Azot (N) gelecek şekilde 5 kg/da Amonyum Nitrat (% 33) gübresi ile üst gübreleme yapılmıştır. Parsellerin ot mücadelesi, el çapası ile 2 kere yapılmış ve 16.06.2013 ve 28.06.2013 tarihlerinde traktörle 2 kez ara çapası çekilmiştir.

Yeşil kurt ve emici (aphid) böcekler için, 11.07.2013, 21.07.2013 ve 16.08.2013 tarihlerinde ilaçlama yapılmıştır. İlaçlamalarda, Flambo (300 cc/da) ve Hunter 50 cc/da uygulanmıştır.

Denemelerin hasadı elle 2 defada yapılmıştır. İlk el 15.09.2013 tarihinde, ikinci el 12.10.2013 tarihinde yapılmıştır.

3.2.2. İncelenen bitkisel özellikler ve belirleme yöntemleri

Anaçlar ve bunların F_1 melezlerinde incelenen özellikler ve yöntemleri aşağıda verilmiştir.

Kütlü Pamuk Verimi (kg/da): 1. ve 2. el hasatta elde edilen kütlü miktarları tartılarak toplam parsel verimi elde edilmiş ve parsel verimleri, parsel alanı kullanılarak dekara verime çevrilerek bulunmuştur.

Parsel Alanı (m^2)= Parsel boyu (m) x Sıra arası mesafe (m)

$$\text{Kütlü pamuk verimi (kg/da)} = \frac{\text{1.ve 2. el toplam kütlü miktarı (kg)}}{\text{Parsel alanı (m}^2\text{)}} \times 1000$$

Erkencilik Oranı (%): Birinci el kütlü oranı esasına göre bulunmuştur.

$$\text{Erkencilik Oranı (\%)} = \frac{\text{Birinci Elde Toplanan Kütlü Pamuk (kg)}}{\text{Toplam Kütlü Pamuk (kg)}} \times 100$$

Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki): Hasat olgunluğuna gelen bitkilerde, her parselde rastgele seçilen 10 adet bitkide, açmış ve hasat edilebilecek kozaların sayılması ile elde edilmiştir.

Bitki Boyu (cm): Her parselden rastgele seçilen 10 bitkinin, kotiledon yapraklarından üst büyüme konisine kadar olan uzaklık cm olarak ölçülmüş, daha sonra bu değerlerin ortalaması alınarak bulunmuştur.

Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki): Hasat sonrasında, her parselden rastgele seçilen 10 adet bitkide, bitkilerin kotiledon boğumunu sıfır kabul ederek ilk meyve dalına kadar olan dalları sayılarak bulunmuştur.

Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki): Hasat sonrasında, her parselden rastgele seçilen 10 adet bitkide, bitkilerin odun dalından sonraki tepe noktasına kadarki dalları sayılarak bulunmuştur.

Koza Kütlü ağırlığı (g): Hasat döneminde, her parselde rastgele seçilen 20 adet bitkiden alınan aynı pozisyondaki kozaların şiflenmesiyle elde edilen kütlülerin tartılıp ortalamasının alınmasıyla bulunmuştur.

100 Tohum Ağırlığı (gr) : Kütlü pamuğun çırçırlanması ile elde edilen tohumlardan rastgele 100 adetlik 4 örnek ayrılmış; 0.01 gr duyarlı terazide tartılıp, ortalaması alınarak bulunmuştur.

Çırçır randımanı (%): Hasattan sonra her parselden alınan kütlü pamuklar, roller-gin çırçır makinesinde çırçırılarak, lif ve çiğit olmak üzere ikiye ayrılarak tartılmış; aşağıdaki eşitlik yardımıyla çırçır randımanı hesaplanmıştır.

$$\text{Çırçır Randımanı (\%)} = \frac{\text{Lif Ağırlığı (g)}}{\text{Lif Ağırlığı (g)} + \text{Tohum Ağırlığı (g)}} \times 100$$

Liflerin Teknolojik Özellikleri: Lif uzunluğu (mm), Lif kopma dayanıklılığı (g/tex), lif inceliği (mic), kısa lif oranı (SFI) (%), lif uzunluk uyum indeksi (UI) (%), lif kopma uzaması (Elongation) (%), sarılık değeri (yellowness) (+b) ve Grilik (yansıma) değeri (Rd) değerleri örnek kozalardan elde edilen liflerin USTER HVI 1000 aygıtında analiz edilmesi ile bulunmuştur.

3.2.3. Verilerin değerlendirilmesi

İncelenen özelliklerden elde edilen verilerin istatistiksel hesaplamalarında PRODIANc 1.0 (Efe, 1994), TARPOGEN (Özcan, 1999) ve Jump (Kalaycı, 2005) istatistik paket programları kullanılarak yapılmıştır. Bu değerlendirmeler sırasıyla aşağıdaki gibi açıklanmıştır.

3.2.3.1. 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 ebevyn 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. 4'deki varyasyon kaynaklarından oluşmaktadır (Steel ve Torrie, 1960).

Çizelge 3. 4. 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).

3.2.3.2. Melez azmanlığı

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

3.2.3.2.1.Heterosis

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

$$Ht = \frac{\bar{F}_1 - \bar{AO}}{AO} \times 100, \quad AO = \frac{A_1 + A_2}{2}$$

Eşitlikte;

Ht : Heterosis değerini,

F_1 : F_1 döl kuşağı ortalama değerini,

AO: Anaçların ortalama değerlerini,

A_1 : 1. Anacın ortalama değerini,

A_2 : 2. Anacın ortalama değerini belirtmektedir.

3.2.3.2.2.Heterobelthiosis

Araştırmada incelenen her bir özellik yönünden, F₁ döl kuşağı ortalamasının, üstün anaca % artışı olarak, aşağıdaki formül uyarınca hesaplanmıştır (Fonseca ve Patterson, 1968).

$$Hb = \frac{\bar{F}_1 - \bar{ÜO}}{\bar{ÜO}} \times 100$$

Eşitlikte;

Hb : Heterobelthiosis değerini,

F₁: F₁ döl kuşağı ortalama değerini,

ÜO: Üstün anacın ortalama değerlerini belirtmektedir.

3.2.3.3. 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 yararlanılarak yapılmıştır.

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

Yarım diallel tablonun varyans analizinde, kareler toplamlarına ve serbestlik derecelerine ilişkin eşitlikler ve elde edilecek istatistikler Çizelge 3.5'de verilmiştir.

Çizelge 3. 5. Yarım Diallel Tablonun Varyans Analizinde, Varyasyon Kaynakları (V.K.), Kareler Toplamlarını ve Serbestlik Derecelerini Veren Eşitlikler.

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	$\sum Y r s^2 - (\sum Y r s)^2/(n(n+1)/2)$	$(n(n-1)/2) + (n-1)$

Çizelge 3.5’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 (b_1), (b_2) ve (b_3) olarak 3 komponente ayrılır.

b_1 : Ortalama dominantlık varyansını gösterir. Melezlerin kendi ebeveynlerinin ortalama değerlerinden olan ortalama sapmalarının önemli olup olmadığını belirler ve h^2 ’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

T_r : $2Y_r - nY_{rr}$

GKT : Genel kareler toplamı

3.2.3.4. Diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi

Bir diallel melezin biyometrikse genetik analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilebileceği, Hayman (1954b) tarafından önerilmiştir. Bir çok 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 geçerliliği açısından kontrol edilmiştir (Hayman, 1954b).

1-Ebevyenler homozigottur

2-Diploid açılma vardır

3-Resiproklar arasında fark yoktur

4-Multiple (çoklu) allelizm yoktur

5-Genler, ebevyenler arasında birbirinden bağımsız olarak dağılmıştır.

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

Açıklanacak biyometriksele genetik yöntemlerle yapılacak değeriendirmelerden elde edilen sonuçların güvenilirliği bu varsayımların geçerliliğine 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 değeriinin o diziye ait V_r değeri üzerine olan regresyon katsayısı (bW_r/V_r)'nın 1 değeriine eşit olup olmamasına;

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

Her blok ve bloklar ortalaması için ayrı ayrı hesaplanan regresyon katsayısının l'den önemli sapma göstermesi veya (W_r-V_r) değeriilerinin istatistiki olarak tekdüze olmaması durumunda; varsayımların geçerliliği sağlanıncaya kadar en büyük (W_r-V_r) değeriilerine sahip diziler önce birer birer, gerektiğinde ikişer ikişer değeriendirme dışı bırakılmalıdır. Ancak varsayımların geçerli olmadığı durumda dahi genetik parametrelerin saptanarak populasyon üzerinde tartışılabilceği önerilmiştir (Hayman, 1954 b). Hayman'a (1954 b) göre; bu çalışmada uygun görülen (regresyon hattına ters düşen ebeveynler) ebeveynler değeriendirme dışı bırakılmıştır (uygun görülen ebeveynler ile birlikte F_1 'leri). Bu çalışmada varsayımların kontrolü 't' testi ile yapılmıştır (Singh ve Chaudhary, 1985). Kontrol için 't' testinde kullanılan formül şöyledir;

$$H_0 : b = 1 \text{ için, } t = (1-b)/SH_b$$

Bulunan 't' değeri, n-2 serbestlik derecesi (n=ebeveyn sayısı) yardımıyla tablodaki 't' değeri ile kıyaslanmıştır. Değer önemli bulunduğunda Hayman (1954 b)'ın

önerdiği şekilde ebeveynlerin çıkarılması yoluna gidilmiş ve varsayımların kontrolü sağlanıncaya kadar bu işleme devam edilmiştir. ‘t’ testinde kullanılan standart hata (SH_b) ve regresyon katsayısı (b) değerleri;

$$SH_b = [\sum V_r^2 - (\sum V_r)^2 / n] / n - 1 \text{ ve } b = C_{ov} (W_r, V_r) / V_{ar} / V_r$$

formülleri ile hesap edilmiştir.

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) = $VOLO - E$

H_1 (Genlerin dominant etkilerinin varyansı) = $VOLO - 4WOLOI + 4VILI - (5n-4)/n E$

H_2 (Gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı) = $4VILI - VOLI - 4(n-1)E/n^2 = H_1(1-(u-v)^2)$

u: anaçta olumlu genlerin payı

v: anaçta olumsuz genlerin payı

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

h^2 (Heterozigot lokusun dominantlık etkisi) = $4(MLI-MLO)^2 - 4(n-1)E/n^2$

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

Genetik varyans komponentlerinin önem kontrolleri 't' testi ile irdelenmiştir. Standart hataları ise hata varyansı ve kovaryans katsayısı aracılığı ile saptanmıştır (Hayman 1954 a ; Demir ve Forkman, 1975; Aksel ve ark. 1982).

Standart hata aşağıdaki formül ile bulunmuştur.

$$\text{Standart hata} = [(\text{Hata varyansı}) \times (\text{Kovaryans katsayısı})]^{1/2}$$

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 saptanmıştır.

$$W_r = (WOLOI - VILI + W_r + V_r)/2$$

$$V_r = (VILI - WOLOI + W_r + V_r)/2$$

$$VOLO = D+E$$

$$VOLI = \frac{1}{4}D - \frac{1}{4}F + \frac{1}{4}H1 + E/2n$$

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).

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

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

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

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

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

$$E \text{ için, } C_E = n^4/n^5$$

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

Burada n, diallel melez analizine giren anaç sayısıdır.

Saptanan genetik komponentlerden yararlanılarak 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 yararlanır.

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 kıyaslanarak önemlilik kontrolü yapılmıştır.

$(H_1/D)^{0.5}$ = 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.

$(H_2/4H_1) = (u_i v_i)$ = 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.

$KD/KR = [(4DH_1)^{0.5} + F] / [(4DH_1)^{0.5} - F]$ = 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.

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

$D-H_1$ = 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.

3.2.3.5. W_r/V_r grafiđi ve yorumlanması

Dizi varyans ve kovaryansları arasındaki ilişkidenden 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 değeri arasındaki kovaryans (W_r) ile dizilerin varyanslarından (V_r) elde edilen regresyondan yararlanılarak genetik yorumlar yapılabilir. W_r-V_r grafiđi 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. Grafiđin çiziminde W_r değerlerinin V_r değerleri üzerinde regresyon katsayısı, grafikteki eğimi belirlemek için kullanılır.

W_r-V_r grafiđinden populasyon 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 kararına varılır.

Regresyon hattı Y eksenini orjinden yukarıda keserse, bu kesim noktası " $a=1/4 (D-H_1)$ " 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.

W_r-V_r 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.

3.2.3.6. Uyuşma yetenekleri analizi

Griffing tipi diallel analiz yöntemi ile diallel melezlemelerde kullanılan ebeveynlerin kombinasyon uyuşmaları belirlemektedir. Griffing (1956) tarafından önerilen bu yöntemde, ebeveynlerin rastgele ya da bilinçli 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 “Yöntem 2”, “Model 1” kullanılmıştır. Yani bilinçli olarak seçilen n sayıda ebeveyn ve bunların melez döllerini içeren $n(n-1)/2$ kombinasyonu ifade eder. Bu yöntemle 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 uyuma yeteneği etkilerini,

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

i, j : 1.....p (anaç sayısı)

k : 1.....b (blok sayısı)

l : 1..... c (parseldeki gözlem sayısı)

e_{ijkl} : Çevre koşulları etkisini tanımlamaktadır.

$(\sum X_{ij}) = X_{..}$ = Genel toplam

$(\sum X_{ij})^2 = X_{..}^2$ = Genel toplamın karesi

$\sum x_i^2$ = Mezlemlere ait dizilerdeki değerlerin kareleri toplamı

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

$(\sum x_i)^2$ = Mezlemlere ait dizilerdeki değerlerin toplamlarının kareleri

$\Sigma(x_{i.}+x_{.j})^2 =$ Bir dizinin kareleri toplamı eşitliklerinden yararlanılmıştır.

Bu yönteme ilişkin varyans analizi ve beklenen kareler ortalaması, Çizelge 3.6'da verilmiştir.

Çizelge 3. 6. 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	$S^2+(p+2)(1/p-1)\Sigma g_i^2$
Özel Uyuşma Yeteneği	p(p-1)/2	Ss	Ms	$S^2+(1/p(p-1)\Sigma_i \Sigma_j S_{ij})$
Hata	m	Se	Me	S^2

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

$$GUYKT = 1/(p+2)([\Sigma_i(x_{i.}+x_{.j})^2-(4X^2_{..}/p)]$$

$$\text{ÖUYKT} = [\Sigma x^2_{ij} - 1/(p+2)] [\Sigma_i(x_{i.}+x_{.j})^2 + (2 x^2_{..}/(p-1)(p-2))]$$

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

$$g_i = 1/(p+2)(X_{i.}+X_{.j})-(2X_{..}/p)$$

$$S_{ij} = X_{ij}-1/(p+2)(X_{i.}+X_{.j}+X_{.j}+X_{ii})+2X_{..}/(p+1)(p+2)$$

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. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1. Ön Varyans Analiz Sonuçları

Bu çalışmada ebeveyn olarak kullanılan 10 pamuk genotipi ve bunların diallel melezlenmesinden elde edilen F₁ populasyonlarının incelenen özelliklerinde yeterli genotipik varyasyonu belirlemek için yapılan ön varyans analizine ilişkin hata kareler ortalaması ve F değerleri toplu olarak Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1’de görüldüğü gibi, incelenen bütün özellikler arasında istatistiki olarak fark bulunması melez populasyonda yeterli genetik varyasyonun varlığına işaret etmekte ve diallel analiz metodunun uygulanabileceğini göstermektedir.

Çizelge 4. 1. 10X10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında İncelenen Özelliklere İlişkin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

İncelenen Özellikler	HKO	F
Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)	18073.23	49.02**
Koza Kütlü Ağırlığı (g)	2.737970	26.67**
Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki)	15.25443	26.57**
100 Tohum Ağırlığı (g)	4.016414	47.26**
Bitki Boyu (cm)	575.9625	57.89**
Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki)	0.6450438	2.2968**
Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki)	5.86855	4.93**
Çırçır Randımanı (%)	0.2523	89.97**
Erkencilik Oranı (%)	695.9090	66.03**
Lif Uzunluğu (mm)	18.18569	42.72**
Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)	61.59577	106.43**
Lif İnceliği (mic.)	0.6742231	58.52**
Kısa Lif Oranı (SFI) (%)	2.160446	8.24**
Lif Uzunluk Uyum İndeksi (UI) (%)	2.193922	2.74**
Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)	1.554537	10.94**
Sarılık Değeri (Yellowness) (+b)	2.002328	29.91**
Grilik Değeri (Yansıtma Değeri) (Rd)	42.34961	56.39**

4.2. Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin kütlü pamuk verimine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama kütlü pamuk verimi 415.9 kg/da olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait kütlü pamuk verimi ortalaması 409.4 kg/da olur iken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 417.4 kg/da olarak gerçekleşmiştir. Kütlü pamuk verimi yönünden F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; BA 525 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (449.1 kg/da) sahip olup, Pima S7 ve PG 318ACP genotiplerinin dahil olduğu diziler ise en düşük ortalama değere (359.1 ve 360.7 kg/da) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek kütlü pamuk verimi PG 53 (568.5 kg/da) genotipinden, en düşük kütlü pamuk verimi PG 318ACP (256.5 kg/da) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise kütlü pamuk verimi en yüksek 537.5 kg/da ile BA 707 x Pima S7 melezinden, en düşük kütlü pamuk verimi ise 199.5 kg/da ile PG 820 x Pima S7 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında kütlü pamuk verimine ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Çizelge 4.3’de, F_1 melez populasyonlarındaki kütlü pamuk verimine ait heterosis değerleri % -36.49 (BA 707 x PG 53) ile % 50.18 (BA 707 x Pima S7); heterobeltiosis ilişkili değerler ise % -43.57 (BA707 x PG 53) ile % 29.66 (BA 525 x PG 820) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, BA 525 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 16.07, Hb: % 4.48), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise PG 53 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -15.40, Hb: % -28.93) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.3’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda kütlü pamuk verimi özelliği yönünden ortalama % 3.47 oranında heterosis, % -9.25 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4. 2. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (V_r) ve Kovaryans (W_r) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	V _r	W _r
P(1)	469.3	406.3	518.5	351.2	430.1	379.6	429.4	394	470.7	335.8	418.5	3538.660	1798.78
P(2)		442	459.6	472.2	490.9	460.4	398.3	452.5	320.1	<u>537.5</u>	444.0	3679.403	-2834.42
P(3)			383.5	429.6	500.6	458.3	418	510.3	436.3	376.1	449.1	2677.126	2030.34
P(4)				416.5	367.4	506.3	356.6	487.5	403.9	472.4	426.2	3345.397	-225.67
P(5)					441.6	486.2	502.6	426.1	406.6	390.2	444.2	2582.096	-447.76
P(6)						489.3	324.6	517	369.3	352.6	434.4	5234.356	1814.77
P(7)							<u>256.5</u>	265.3	368.8	287.1	360.7	6502.889	4336.42
P(8)								351.2	491.5	<u>199.5</u>	409.5	12002.76	8357.97
P(9)									<u>568.5</u>	365	420.1	5619.497	3285.60
P(10)										275.2	359.1	9564.238	4281.71
F ₁ 'ler Genel Ort.											417.4		
Ebeveynler Ort.											409.4		
Genel Ort.											415.9		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 3. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-10.32	22.38	-20.51	-5.53	-20.72	18.35	-3.91	-9.12	-9.70
	Hb		-12.76	11.08	-24.73	-10.84	-23.64	-8.15	-15.76	-16.98	-28.44
P(2)	Ht			11.68	10.00	11.07	-1.18	14.03	14.08	-36.49	50.18
	Hb			4.18	6.91	6.40	-5.92	-9.76	2.63	-43.57	21.86
P(3)	Ht				7.63	21.55	5.15	30.69	39.15	-8.25	14.63
	Hb				3.00	13.75	-6.34	9.63	29.66	-23.20	-1.45
P(4)	Ht					-14.35	11.76	6.12	27.14	-17.99	37.01
	Hb					-16.62	3.47	-14.42	17.02	-28.89	13.47
P(5)	Ht						4.57	44.61	7.67	-19.48	9.13
	Hb						-0.64	14.22	-3.39	-28.42	-11.35
P(6)	Ht							-12.93	23.24	-30.18	-7.82
	Hb							-33.66	5.66	-35.02	-27.94
P(7)	Ht								-12.53	-10.38	8.35
	Hb								-24.32	-35.01	4.06
P(8)	Ht									6.87	-35.73
	Hb									-13.50	-42.75
P(9)	Ht										-13.59
	Hb										-35.79
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	-4.34	7.01	16.07	5.20	6.58	-3.12	9.59	7.33	-15.40	5.83
	Hb	-14.47	-3.34	4.48	-4.53	-4.10	-13.78	-10.82	-4.97	-28.93	-12.04
Ort. Ht: % 3.47		Ort. Hb: % -9.25									

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında kütlü pamuk verimine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.4’de verilmiştir.

Çizelge 4.4’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 “ b_2 ”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “ b_3 ” %1 düzeyinde önemli bulunmuş, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “ b_1 ” istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4. 4. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	13195.03	35.79**
b	45	4588.99	12.45**
b_1	1	528.30	1.43
b_2	9	4826.71	13.09**
b_3	35	4643.88	12.59**
Hata	108	368.71	

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

Çizelge 4.4’de b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda kütlü pamuk verimi için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.5’de kütlü pamuk verimi açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (0.859) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, kütlü pamuk verimi karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Kütlü pamuk verimi için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4. 5. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10x10)	SH
E	143.073	±1144.292
D	9589.68*	±3795.186
F	10277.49	±8756.634
H ₁	22271.62*	±8078.407
H ₂	20307.21*	±6865.749
D-H ₁	-12681.94	±6789.999
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.524	
(H ₂ /4H ₁)	0.228	
(KD/KR)	2.085	
h ²	157.609	±4595.666
K= (h ² /H ₂)	0.008	
Hg	0.817	
Hd	0.433	
ryr, (Wr+Vr)	-0.464	
t=1-b/SH _b	0.859	

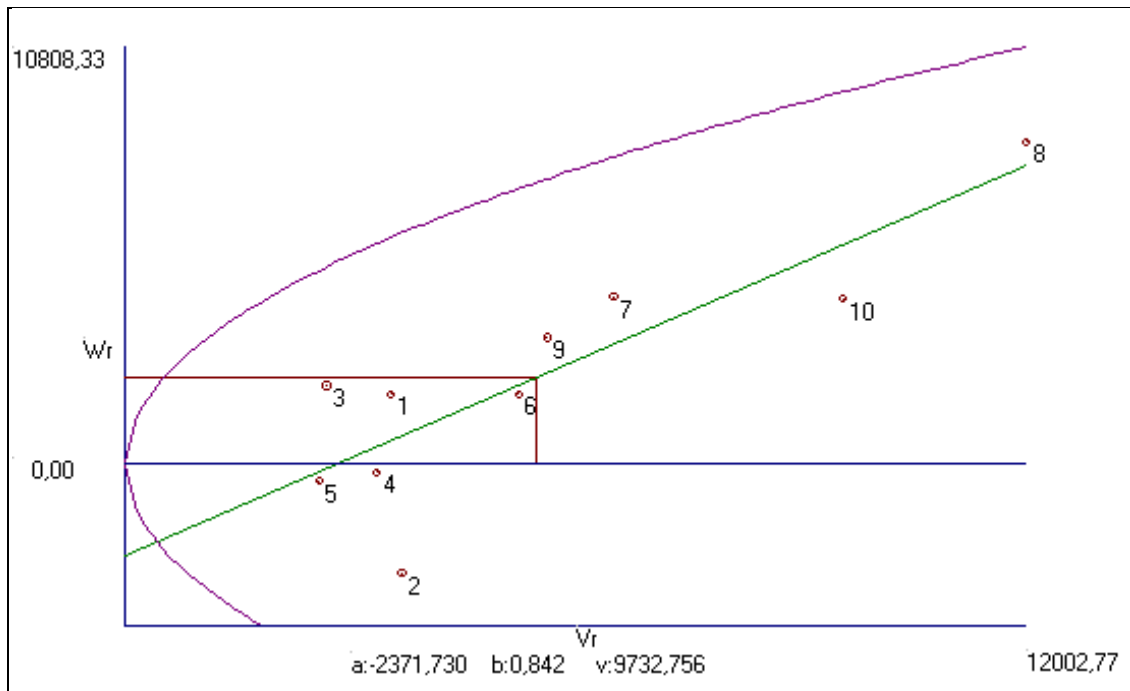
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D) ile dominantlık varyanslarının (H₁ ve H₂) önemli bulunmaları ve D-H₁ değerinin negatif çıkması kütlü pamuk verimi özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.5).

Çizelge 4.5’de, ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den büyük (1.524) 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 (0.228) 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 pozitif (10277.49) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve F₁’lerin ebeveynlerinin ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, gerek b₂’nin önemli bulunması, gerekse H₁’in H₂’den büyük olması genlerin dağılışında bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den büyük (2.085) olması dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.008$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.817 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.433 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr, (Wr+Vr)}$) negatif (-0.464) çıkması verimi yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda kütlü pamuk verimi bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.1'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 1. Kütlü Pamuk Verimi için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.1'de kütlü pamuk verimi açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a: -2371.730$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (1.524) olması (Çizelge 4.5) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Şekil 4.1 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1, 2, 3, 4, 5 ve 6 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 7, 8, 9 ve 10 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları görülmektedir.

taşıdıkları anlaşılmaktadır. Ayrıca, 2 numaralı genotipe ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Kütlü pamuk verimine ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.6'da, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.7'de verilmiştir.

Çizelge 4. 6. 10x10 Yarımlı Diallel F₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin 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	9	118755.3	13195.03	107.36	**	2.87
ÖUY	45	206504.6	4588.991	37.33	**	
Hata	108	13273.55	122.903			

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

Çizelge 4.6'da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1'den büyük olmuştur. Bu oranın 1'den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.7 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin sırasıyla Gloria (25.72), BA 707 (25.55) ve BA 525 (24.93) ebeveynlerinden, en düşük GUY etkisinin sırasıyla Pima S7 (-59.29) ve PG 318ACP (-59.10) ebeveynlerinden elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip ebeveynler fenotipik olarak da en yüksek değere sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip Pima S7 ve PG 318ACP ebeveynleri de fenotipik olarak en düşük değer göstermiştir (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.7'de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 155.11 ile BA 707 x Pima S7 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer en yüksek (537.5 kg/da) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -146.54 ile PG 820 x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama kütlü pamuk verimi ise düşük (199.5 kg/da) bulunmuştur (Çizelge 4.2).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, BA 525 (18.27) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve PG 53 (-26.74) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.7).

Çizelge 4. 7. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Kütlü Pamuk Verimine (kg/da) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-41.72**	71.07**	-80.08**	-18.14*	-64.38**	66.18**	-17.73	32.05**	-27.61**	6.57*
BA 707			-6.81	22.02*	23.66**	-2.60	16.12	21.79*	-137.46**	155.11**	25.55**
BA 525				-20.01*	34.03**	-4.03	36.40**	80.23**	-20.72*	-5.69	24.93**
PG 910					-82.97**	60.17**	-8.78	73.56**	-36.92**	106.81**	8.75**
Gloria						23.06**	120.23**	-4.76	-51.17**	7.66	25.72**
PG 300							-53.48**	90.35**	-84.23**	-25.71**	21.48**
PG 318ACP								-80.57**	-3.91	-10.45	-59.29**
PG 820									70.19**	-146.54**	-10.75**
PG 53										-8.46	16.13**
Pima S7											-59.10**
ÖUY Diziler Ort.	-8.93	5.57	18.27	3.76	5.73	-6.76	9.08	9.61	-26.74	5.01	
ÖUY Genel Ort.	1.46										

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

Oluşturulan F_1 melez populasyonlarında kütlü pamuk verimi yönünden, ortalama % 3.47 oranında heterosis ile % -9.25 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.3), bu özellik yönünden melez azmanlığının olumlu fakat düşük düzeyde olduğunu göstermektedir. Kütlü pamuk verimi için yapılan çalışmalarda, Patil ve Sheriff (1982) % 12.6 oranında heterobeltiosis, Mirza (1986) % 6.20-235.22 oranında heterosis, Yılmaz (1997) % 21.1-94.4 oranında heterosis, Ashwathama ve ark. (2003) türler arası melezlerde % 79.3 ve tür içi melezlerde % 32.9 oranında heterosis, Shah ve Shah (2008) ise % 28.92 oranında heterosis bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosu, diallel melez analizi ve uyum yetenekleri varyans analizi yöntemlerine göre değerlendirmede eklemeli ve dominant gen varyansları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.4, 4.5, 4.6). Üç değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, D, GUY) ve dominant (b, H_1 , ÖUY) gen etkisi komponentlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik vardır. Dolayısıyla, populasyonda, kütlü pamuk verimi yönünden hem eklemeli varyansın hem de dominantlık varyansının hakim olduğunu, incelenen özelliğin kalıtımının eklemeli-dominant modele uyduğunu söyleyebiliriz. Benzer sonuçlar, Efe (1994) ve Ashraf ve Ahmad (2000) tarafından da bulunmuştur.

Kütlü pamuk verimi için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (1.524) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altından negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Benzer sonuçlar, Verhalen ve ark. (1971), Tariq ve ark. (1992), Paulo de Carvalho ve ark. (1995) ve Khorgade ve ark. (2000) tarafından da bulunmuştur.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması (-0.464), yüksek kütlü pamuk verimine sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.433 olarak düşük bulunmuştur. Bu özellik için, Efe ve Genç (1995b) dar anlamda kalıtım derecesini 0.19 olarak bulmuşlardır.

Kütlü pamuk verimi özelliği için bu çalışmada hem eklemeli hem de dominant gen varyanslarının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.3. Koza Kütlü Ağırlığı (g)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin koza kütlü ağırlığına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4.8’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama koza kütlü ağırlığı 6.328 g olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynler ortalaması 5.935 g olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması 6.415 g olarak gerçekleşmiştir. Koza kütlü ağırlığı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden düşük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; PG 318ACP, Gloria, PG 300 ve BA 525 genotiplerinin dahil olduğu diziler en yüksek ortalama değerleri (6.799 g, 6.736 g, 6.709 g, 6.708 g) verirken, Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (4.647 g) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek koza kütlü ağırlığı Gloria (6.990 g) genotipinden, en düşük koza kütlü ağırlığı Pima S7 (3.780 g) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek koza kütlü ağırlığı 7.772 g ile Gloria x PG 318ACP melezinden, en düşük koza kütlü ağırlığı ise 3.743 g ile PG 820 x Pima S7 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında koza kütlü ağırlığına ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.9’da verilmiştir.

Çizelge 4.9’da F_1 melez populasyonundaki koza kütlü ağırlığına ait heterosis değerleri % -18.72 (PG 820 x Pima S7) ile % 27.30 (PG 318ACP x PG 820); heterobeltiosise ilişkin değerler ise % -33.65 (PG 318ACP x Pima S7) ile % 19.35 (PG 318ACP x PG 820) arasında değişim göstermiştir. En yüksek heterosis ve heterobeltiosis değeri, PG 318ACP genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 12.34, Hb: % 6.11), en düşük heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Pima S7 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -4.50, Hb: % -22.75) elde edilmiştir.

Çizelge 4.9’da görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarında koza kütlü ağırlığı özelliği yönünden ortalama % 7.82 oranında heterosis, % -0.36 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4. 8. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	5.464	5.965	7.088	6.438	6.187	6.536	6.76	6.345	6.667	5.547	6.300	0.327	0.327
P(2)		5.85	7.139	6.363	6.725	7.187	6.581	6.681	7.139	4.579	6.421	0.700	0.643
P(3)			6.766	6.794	6.881	6.972	7.338	6.659	6.623	4.82	6.708	0.577	0.505
P(4)				6.201	7.449	6.981	7.395	6.521	6.653	4.894	6.569	0.576	0.559
P(5)					<u>6.99</u>	7.23	<u>7.772</u>	6.373	7.07	4.678	6.736	0.842	0.707
P(6)						6.571	6.962	7.029	6.293	5.333	6.709	0.406	0.415
P(7)							6.258	7.459	7.314	4.146	6.799	1.153	0.779
P(8)								5.46	6.416	<u>3.743</u>	6.269	1.134	0.776
P(9)									6.009	4.953	6.514	0.526	0.467
P(10)										<u>3.78</u>	4.647	0.417	0.280
F ₁ 'ler Genel Ort.											6.415		
Ebeveynler Ort.											5.935		
Genel Ort.											6.328		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 9. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		5.56	15.97	10.59	-0.62	8.85	15.46	16.53	16.42	20.02
	Hb		2.03	4.76	3.96	-11.14	-0.15	8.11	13.67	11.02	1.56
P(2)	Ht			13.18	5.52	4.73	15.83	8.74	18.09	20.38	-4.88
	Hb			5.62	2.41	-3.72	9.85	5.24	13.40	18.79	-21.65
P(3)	Ht				4.79	0.01	4.78	12.8	8.87	3.68	-8.59
	Hb				0.36	-1.63	2.62	8.56	-1.58	-1.98	-29.26
P(4)	Ht					13.07	9.58	18.7	12.14	9	-1.94
	Hb					6.91	6.6	14.92	5.37	6.5	-21.1
P(5)	Ht						6.57	17.41	2.65	8.8	-13.27
	Hb						3.38	11.38	-8.56	1.33	-33.13
P(6)	Ht							8.61	17.13	-0.05	3.08
	Hb							4.15	7.29	-4.27	-18.77
P(7)	Ht								27.30	19.4	-17.36
	Hb								19.35	16.95	-33.65
P(8)	Ht									11.8	-18.72
	Hb									6.86	-31.18
P(9)	Ht										1.15
	Hb										-17.6
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	12.09	9.68	6.17	9.05	4.37	8.26	12.34	10.64	10.06	-4.50
	Hb	3.76	3.55	-1.39	2.88	-3.91	1.19	6.11	2.74	4.18	-22.75
Ort. Ht: % 7.82		Ort. Hb: % -0.36									

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında koza kütlü ağırlığına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.10’da verilmiştir.

Çizelge 4.10’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” istatistiki olarak %1 düzeyinde, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂” ve dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” ise istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 10. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	4.29803	41.86**
b	45	0.2357165	2.29**
b ₁	1	1.8864002	18.37**
b ₂	9	0.2733619	2.66*
b ₃	35	0.1789	1.74*
Hata	108	0.102667	

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

Çizelge 4.10’da biyometrik olarak önemli 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.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda koza kütlü ağırlığı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.11’de verilmiştir.

Çizelge 4.11’de koza kütlü ağırlığı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli ($t=1-b/SH_b=5.77$) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için koza kütlü ağırlığı karakterini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük W_r-V_r değerine sahip dizileri oluşturan ebeveynler (PG 318ACP ve PG 820) ve melezleri önce teker teker çıkartılmış, “t” değeri yine önemli

çıkması için her ikisi birden analiz dışı bırakılarak değerlendirme 8x8 diallel şeması üzerinden yeniden yapıldığında “t” değeri önemsiz ($t=1-b/SHb=1.484$) çıkmış ve koza kütlü ağırlığı açısından varsayımın 8x8 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur. Koza kütlü ağırlığı (8x8) için hesaplanan genetik parametrelerden, eklemeli gen varyansı (D) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) 0.01 düzeyinde, dominant gen varyansı (H_1) ve heterozigot lokusun dominantlık etkisi (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. 11. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10x10)	SH	Tahminler (8x8)	SH
E	0.044	± 0.093	0.044	± 0.042
D	0.848*	± 0.309	1.034**	± 0.126
F	-0,469	± 0.712	-0,307	± 0.299
H_1	1.248	± 0.657	0.921*	± 0.291
H_2	2.098**	± 0.558	1.829**	± 0.253
D- H_1	-0,400	± 0.552	0.113	± 0.249
$(H_1/D)^{1/2}$	1.253		0.944	
$(H_2/4H_1)$	0.420		0.497	
(KD/KR)	0.628		0.728	
h^2	0.731	± 0.374	0.409*	± 0.170
K	0.348		0.224	
Hg	0.840		0.832	
Hd	0.309		0.424	
ryr, (W_r+V_r)	0.321		0.678	
$t=1-b/SHb$	5.77**		1.484	

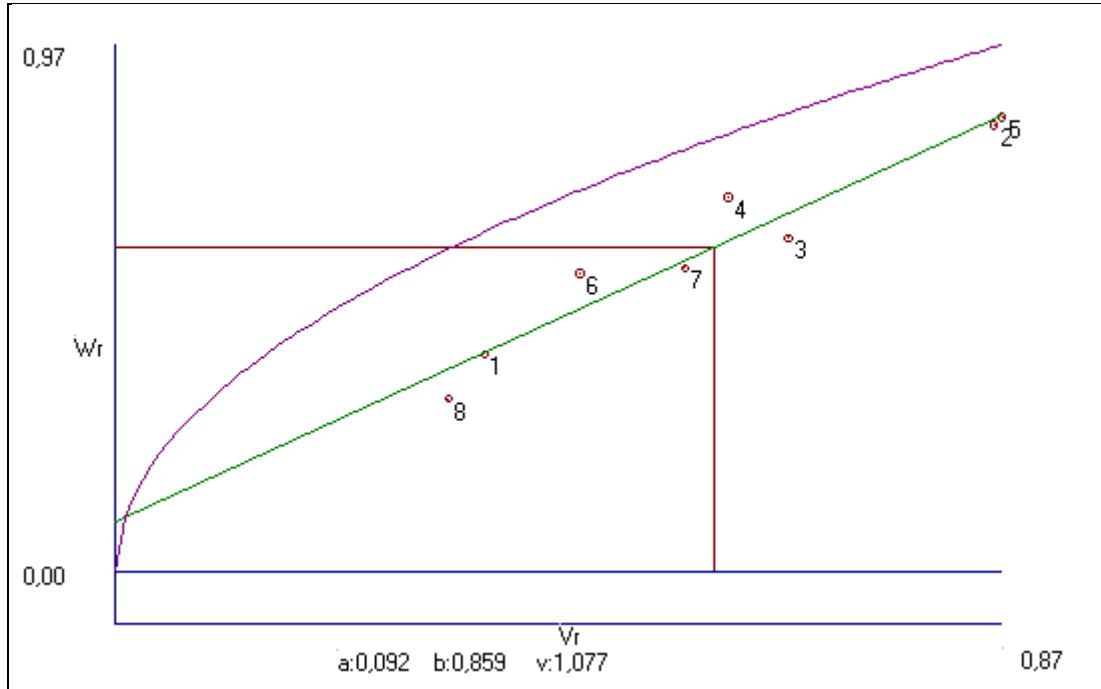
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) ile heterozigot lokusun dominantlık etkisinin (h^2) önemli bulunmaları ve D- H_1 değerinin pozitif çıkması koza kütlü ağırlığı özelliğinin ortaya çıkışında eklemeli gen etkisinin daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.11).

Çizelge 4.11’de ortalama dominantlık derecesinin (H_1/D)^{1/2} 1’den küçük (0.944) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D- H_1) pozitif olması eklemeli gen varyansının dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir.

b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması (Çizelge 4.10), anaçlarda daha çok dominant allellerin toplandığına işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının ($H_2/4H_1$) 0.25'den farklı (0.497) 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 (-0.307) bulunmuş olması, resesif allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den küçük olması da resesif allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.224$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.832 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.424 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (r_{yr} , (W_r+V_r)) pozitif (0.678) çıkması koza kütlü ağırlığı yüksek olan ebeveynlerin resesif genlere sahip olduğunu göstermektedir.

8 genotipe ait yarım diallel F_1 melezlerinin oluşturduğu populasyonda koza kütlü ağırlığı bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.2'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 53, 8-Pima S7

Şekil 4. 2. Koza Kütlü Ağırlığı için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.2’de koza kütlü ağırlığı açısından Wr-Vr grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:0.092$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1’den küçük (0.944) olması (Çizelge 4.11) kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1, 6, 7 ve 8 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 2, 3, 4 ve 5 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır.

Koza kütlü ağırlığına ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.12’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.13’de verilmiştir.

Çizelge 4. 12. 10x10 Yarımlı F₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin 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	9	38.68231	4.298034	125.59	**	18.23
ÖUY	45	10.60724	0.235716	6.88	**	
Hata	108	3.696	0.034			

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

Çizelge 4.12’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den yüksek olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen D-H₁’in pozitif olması bulgusunu desteklemektedir.

Çizelge 4.13 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Gloria (0.395) ebeveyninden, en düşük GUY etkisinin Pima S7 (-1.613) ebeveyninden elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Gloria anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (6.99 g) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip Pima S7 anacı da fenotipik olarak en düşük değer (3.78 g) göstermiştir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4. 13. 10x10 Yarımlı F₁ Generasyonlarında Koza Kütlü Ağırlığına (g) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-0.305*	0.502**	0.015	-0.440**	-0.035	0.141	0.234	0.306*	0.927**	-0.095
BA 707			0.420**	-0.194	-0.035	0.483**	-0.171	0.437**	0.645**	-0.174	0.038
BA 525				-0.077	-0.195	-0.047	0.270	0.099	-0.187	-0.249	0.353**
PG 910					0.536**	0.125	0.490**	0.124	0.007	-0.011	0.190**
Gloria						0.169	0.663**	-0.228	0.219	-0.432**	0.395**
PG 300							-0.090	0.484**	-0.502**	0.280	0.338**
PG 318ACP								0.866**	0.471**	-0.956**	0.386**
PG 820									0.082	-0.851**	-0.122
PG 53										0.109	0.128*
Pima S7											-1.613**
ÖUY Diziler Ort.	0.149	0.123	0.059	0.112	0.028	0.096	0.187	0.138	0.127	-0.151	
ÖUY Genel Ort.	0.087										

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

Çizelge 4.13’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 0.927 ile Lider (Mig119) x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerde yüksek (5.547 g) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -0.956 ile PG 318ACP x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama koza kütlü ağırlığı da düşük (4.146 g) bulunmuştur (Çizelge 4.8). Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, PG 318ACP (0.187) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve Pima S7 (-0.151) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Üzerinde çalışılan populasyonda koza kütlü ağırlığı yönünden, ortalama % 7.82 oranında heterosis, % -0.36 oranında heterobeltiosis elde edilmesi (Çizelge 4.9), bu özellik yönünden melez azmanlığının olumlu fakat düşük düzeyde olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Kandhro (1982) ve Başal (2001) olumsuz yönde, Boyacı (1983), Gülyaşar (1987), Karademir (2005), Çiçek ve Kaynak (2008) ve Akışcan (2001) olumlu yönde heterosis saptamışlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, diallel melez analizi ve uyum yetenekleri varyans analizi yöntemlerine göre değerlendirmede eklemeli ve dominant gen varyansları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.10, 4.11, 4.12). Üç değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, D, GUY) ve dominant (b, H_1 , ÖUY) gen etkisi komponentlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik vardır. Bu özellik için, Kandhro (1982), Boyacı (1983), Gülyaşar (1987), Kanoktip (1987), Efe (1994), Efe ve Gençler (1995b), Başal (2001) ve Karademir (2005) eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu bildirirken, Çiçek ve Kaynak (2008) dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir. Koza kütlü ağırlığı için, ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den küçük (0.944) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Bu özellik için, Toklu (1999) dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bulmuştur. Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, yüksek koza kütlü ağırlığına sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda kalıtım derecesi 0.424 olarak düşük bulunmuştur. Bu özellik için, Efe ve Gençler (1995b) dar anlamda kalıtım derecesini 0.38 olarak bulmuşlardır.

Koza kütlü ağırlığı için bu çalışmada hem eklemeli hem de dominant gen varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.4. 100 Tohum Ağırlığı (g)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin 100 tohum ağırlığına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.14'de verilmiştir.

Çizelge 4.14'de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 'lere ait ortalama 100 tohum ağırlığı 11.29 g olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait 100 tohum ağırlığı ortalama değeri 10.68 g olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalama değeri 11.42 g olarak gerçekleşmiştir. 100 tohum ağırlığı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden küçük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (13.07 g) verirken, PG 53 ve PG 820 genotiplerinin dahil olduğu diziler ise en düşük ortalama değeri (10.41 g, 10.83 g) vermişlerdir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek 100 tohum ağırlığı PG 318ACP (12.23g) genotipinden, en düşük 100 tohum ağırlığı ise PG 820 (9.77 g) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek 100 tohum ağırlığı 14.18 g ile Gloria x Pima S7 melezinden, en düşük 100 tohum ağırlığı ise 9.53 g ile PG 300 x PG 53 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında 100 tohum ağırlığına ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.15'de verilmiştir.

Çizelge 4.15'de F_1 melez populasyonlarındaki 100 tohum ağırlığına ait heterosis değerleri % -7.77 (PG 300 x PG 53) ile % 28.91 (PG 300 x Pima S7) arasında; heterobeltiosis ilişkili değerler ise % -11.09 (PG 300 x PG 53) ile % 26 (PG 300 x Pima S7) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Pima S7 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 21.53, Hb: % 19.99), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise PG 53 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 1.05, Hb: % -2.89) elde edilmiştir.

Çizelge 4.15'de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlar da 100 tohum ağırlığı özelliği yönünden ortalama % 6.84 oranında heterosis, % 2.80 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4. 14. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	10.54	10.79	11.21	10.55	11.17	11.16	12.17	10.77	10.32	11.74	11.04	0.378	0.385
P(2)		10.41	11.04	10.31	11.61	11.22	12.12	10.75	10.3	13.2	11.18	0.911	0.535
P(3)			10.53	10.75	10.83	11.5	11.63	10.44	9.97	13.72	11.16	1.117	0.434
P(4)				10.18	10.67	10.86	11.53	10.47	9.92	13.49	10.87	1.108	0.441
P(5)					11.29	11.67	12.83	10.37	11	<u>14.18</u>	11.56	1.359	0.594
P(6)						10.72	11.51	10.33	<u>9.53</u>	14.14	11.26	1.487	0.500
P(7)							<u>12.23</u>	11.75	11.33	13.82	12.09	0.638	0.344
P(8)								<u>9.77</u>	10.15	13.51	10.83	1.217	0.472
P(9)									9.94	11.65	10.41	0.522	0.375
P(10)										11.22	13.07	1.249	0.151
F ₁ 'ler Genel Ort.											11.42		
Ebeveynler Ort.											10.68		
Genel Ort.											11.29		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 15. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		3.05	6.46	1.86	2.34	5.00	6.92	6.04	0.82	7.88
	Hb		1.82	5.02	-0.31	-1.07	4.14	-0.37	2.16	-2.05	4.60
P(2)	Ht			5.58	0.35	7.06	6.26	7.22	6.61	1.27	22.11
	Hb			3.76	-0.74	2.81	4.34	-0.77	3.36	-0.95	17.61
P(3)	Ht				3.85	-0.63	8.32	2.26	2.9	-2.57	26.15
	Hb				2.11	-4.03	6.22	-4.76	-0.78	-5.26	22.27
P(4)	Ht					-0.54	3.99	2.98	5.08	-1.28	26.1
	Hb					-5.48	1.21	-5.52	2.65	-2.46	20.18
P(5)	Ht						6.06	9.14	-1.55	3.66	25.95
	Hb						3.38	5.05	-8.18	-2.55	24.94
P(6)	Ht							0.33	0.84	-7.77	28.91
	Hb							-5.81	-3.62	-11.09	26
P(7)	Ht								6.82	2.24	17.89
	Hb								-3.85	-7.23	13.15
P(8)	Ht									3.03	28.71
	Hb									1.84	20.35
P(9)	Ht										10.08
	Hb										3.78
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	4.49	6.61	5.81	4.71	5.72	5.77	6.20	6.50	1.05	21.53
	Hb	1.55	3.47	2.73	1.29	1.65	2.75	-1.12	1.55	-2.89	16.99
Ort. Ht: % 6.84		Ort. Hb: % 2.80									

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında 100 tohum ağırlığına 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 “ b_1 ”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “ b_2 ” ve dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “ b_3 ” istatistiki açıdan %1 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 16. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	5.44812	64.11**
b	45	0.5162488	6.07**
b_1	1	4.4655759	52.54**
b_2	9	1.1875243	13.97**
b_3	35	0.2308	2.71**
Hata	108	0.084981	

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

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.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda 100 tohum ağırlığı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.17’de verilmiştir.

Çizelge 4.17’de 100 tohum ağırlığı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki açıdan %1 düzeyinde önemli ($t=1-b/SH_b=8.22$) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için 100 tohum ağırlığı karakterini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük W_r-V_r değerine sahip dizileri oluşturan ebeveynler

(Pima S7, PG 300 ve Gloria) ve melezleri önce teker teker çıkarılmış, “t” değeri yine önemli çıktığı için her üçü birden analiz dışı bırakılarak değerlendirme 7x7 diallel şeması üzerinden yeniden yapıldığında “t” değeri önemsiz ($t=1-b/SHb=0.680$) çıkmış ve 100 tohum ağırlığı açısından varsayımın 7x7 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur. 100 tohum ağırlığı (7x7) 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) 0.01 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.17).

Çizelge 4. 17. 10x10 Yarıml Diallel F_1 Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10x10)	SH	Tahminler (7x7)	SH
E	0.029	± 0.242	0.035	± 0.022
D	0.577	± 0.801	0.714**	± 0.061
F	-0.527	± 1.849	-0.159	± 0.147
H_1	2.827	± 1.706	0.524**	± 0.147
H_2	3.319	± 1.450	1.108**	± 0.130
D- H_1	-2.250	± 1.434	0.190	± 0.128
$(H_1/D)^{1/2}$	2.213		0.857	
$(H_2/4H_1)$	0.294		0.528	
(KD/KR)	0.658		0.770	
h^2	1.745	± 0.971	0.348**	± 0.087
K	0.526		0.314	
Hg	0.914		0.804	
Hd	0.143		0.464	
ryr, (Wr+Vr)	-0.076		-0.718	
$t=1-b/SHb$	8.22**		0.680	

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

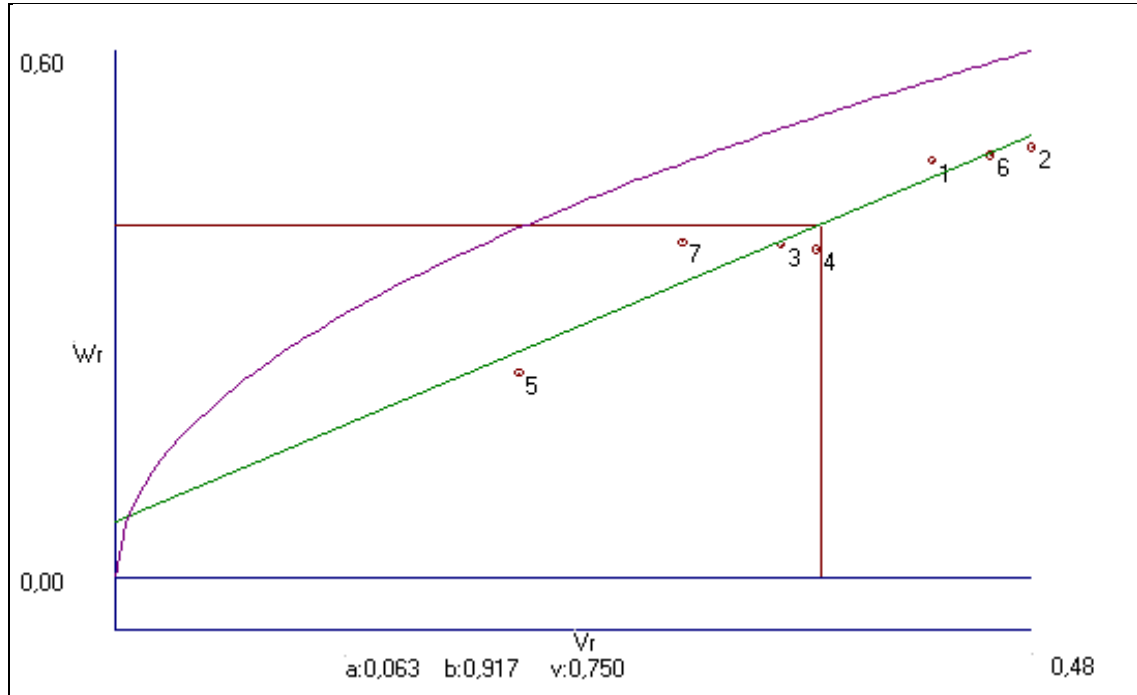
Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) ile heterozigot lokusun dominantlık etkisinin (h^2) önemli bulunmaları ve D- H_1 değerinin pozitif çıkması 100 tohum ağırlığı özelliğinin ortaya çıkışında eklemeli gen etkisinin daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.17).

Çizelge 4.17’de ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den küçük (0.857) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık

varyansı arasındaki farkın ($D-H_1$) pozitif olması eklemeli gen varyansının dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir.

Dominant ve resesif allellerin frekansının ($H_2/4H_1$) 0.25'den farklı (0.528) 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 (-0.159) bulunmuş olması, resesif allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den küçük (0.770) olması da resesif allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K=(h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.314$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.804 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.464 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-0.718) çıkması 100 tohum ağırlığı yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

7 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda 100 tohum ağırlığı bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.3'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-PG 318ACP, 6-PG 820, 7-PG 53

Şekil 4. 3. 100 Tohum Ağırlığı için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.3’de görüldüğü gibi 100 tohum ağırlığı açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:0.063$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1’den küçük (0.857) olması (Çizelge 4.17) kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 3, 4, 5 ve 7 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 1, 2 ve 6 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır. PG 318ACP ebeveyni orijine daha yakın bölgede yer almış olması, bu genotipin yapısında dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olabileceğine işaret etmektedir.

100 tohum ağırlığına 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. 10x10 Yarımlı Diallel F_1 Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin 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	9	49.03305	5.448116	192.85	**	10.55
ÖUY	45	23.2312	0.516249	18.27	**	
Hata	108	3.051	0.028			

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

Çizelge 4.18’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den yüksek olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen $D-H_1$ ’in pozitif olması bulgusunu desteklemektedir.

Çizelge 4.19 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Pima S7 (1.447) ebeveyninden, en düşük GUY etkisinin PG 53 (-0.844) ebeveyninden elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Pima S7 anacı fenotipik olarakta yüksek değere (11.22 g) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip PG 53 anacı da düşük fenotipik değer (9.94 g) göstermiştir (Çizelge 4.14).

Çizelge 4. 19. 10x10 Yarımlı Diallel F₁ Generasyonlarında 100 Tohum Ağırlığına (g) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-0.060	0.359**	-0.034	-0.080	0.207	0.391**	0.255	0.146	-0.758**	-0.267**
BA 707			0.086	-0.370**	0.257	0.165	0.249	0.139	0.024	0.603**	-0.168**
BA 525				0.066	-0.514**	0.447**	-0.243	-0.169	-0.311*	1.125**	-0.167**
PG 910					-0.407**	0.081	-0.072	0.131	-0.087	1.159**	-0.437**
Gloria						0.221	0.561**	-0.642**	0.326*	1.186**	0.229**
PG 300							-0.461**	-0.384**	-0.849**	1.443**	-0.068
PG 318ACP								0.213	0.131	0.304*	0.754**
PG 820									0.215	1.251**	-0.509**
PG 53										-0.274*	-0.844**
Pima S7											1.447**
ÖUY Diziler Ort.	0.0473	0.1214	0.094	0.0518	0.1008	0.0966	0.1192	0.1121	-0.0754	0.671	
ÖUY Genel Ort.	0.1339										

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

Çizelge 4.19’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 1.443 ile PG 300 x Pima S7 melezinden ve bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerde yüksek (14.14 g) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -0.849 ile PG 300 x PG 53 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama 100 tohum ağırlığı ise düşük (9.53 g) bulunmuştur (Çizelge 4.14). Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, BA 707 (0.1214) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve PG 53 (-0.0754) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Üzerinde çalışılan populasyonda 100 tohum ağırlığı yönünden, ortalama % 6.84 oranında heterosis ile % 2.80 oranında heterobeltiosis elde edilmesi (Çizelge 4.15), bu özellik yönünden melez azmanlığının olumlu fakat düşük düzeyde olduğunu belirtmektedir. Bu özellik için, Meredith ve Bridge (1971) % 1.1-5.4 oranında, Kaynak (1996), Başal (2001) ve Akışcan (2011) ise olumlu yönde heterosis saptamışlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosu, diallel melez analizi ve uyum yetenekleri varyans analizi yöntemlerine göre değerlendirmede eklemeli ve dominant gen varyansları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.16, 4.17, 4.18). Üç değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, D, GUY) ve dominant (b, H_1 , ÖUY) gen etkisi komponentlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik vardır. Bu özellik için, Meredith ve Bridge (1971), Boyacı (1983), Gülyaşar (1987), Tarık ve ark. (1992), Efe (1994), Efe ve Genç (1995b), Başal (2001), Bertini ve da Silva (2001), Karademir (2005), Çiçek ve Kaynak (2008) eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu, Mendez-Natera ve ark. (2012) hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin önemli olduğunu, Toklu (1999) üstün dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir. 100 tohum ağırlığı için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den küçük (0.944) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, yüksek 100 tohum ağırlığına sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.464 olarak düşük bulunmuştur. Bu özellik için, Efe ve Genç (1995b) dar anlamda kalıtım derecesini 0.45 olarak bulmuşlardır.

Bu çalışmada, 100 tohum ağırlığı özelliği için eklemeli ve dominant gen varyanslarının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.5. Bitki Boyu (cm)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bitki boyuna ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.20’de verilmiştir.

Çizelge 4.20’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama bitki boyu değeri 124.4 cm olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait bitki boyu ortalaması 109.8 cm olurken, F_1 melez kombinasyonlarının bitki boyu ortalaması 127.7 cm olarak gerçekleşmiştir. Bitki boyu yönünden, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (134.6 cm) verirken, Lider (Mig119) genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük ortalama değeri (116.1 cm) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek bitki boyu PG 820 (129.4 cm) genotipinden, en düşük bitki boyu PG 318ACP (79.6 cm) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek bitki boyu 163.3 cm ile PG 318ACP x Pima S7 melezinden, en düşük bitki boyu ise 105.9 cm ile Lider (Mig119) x PG 53 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında bitki boyuna ilişkin Heterosis (H_t) ve Heterobeltiosis (H_b) değerleri Çizelge 4.21’de verilmiştir.

Çizelge 4.21’de F_1 melez populasyonlarındaki bitki boyuna ait heterosis değerleri % -8.13 (Lider (mig119) x PG 53) ile % 85.81 (PG 318ACP x Pima S7) arasında değişmiştir. Heterobeltiosise ilişkin değerler ise % -10.63 (Gloria x PG 820) ile % 69.65 (PG 318ACP x Pima S7) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değerleri, Pima S7 ve PG 318ACP genotiplerinin anaç olarak bulunduğu melez serilerinden (H_t : % 34.86-35.09, H_b : % 23.77-15.74, en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Lider (Mig119) genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : % 5.05, H_b : % 0.09) elde edilmiştir.

Çizelge 4.21’e göre, ele alınan melez populasyonlarında bitki boyu özelliği yönünden ortalama % 17.21 oranında heterosis, % 8.92 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4. 20. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	113.1	117.3	113	120	114.1	123.1	113.7	120.8	<u>105.9</u>	119.9	116.1	30.904	3.954
P(2)		111.1	126.2	126.1	126.1	131	126.6	132.6	129.8	126.9	125.4	47.140	8.420
P(3)			114.6	142.6	135.9	129.2	126.7	124.8	139.3	137.3	129.0	103.802	-3.640
P(4)				122.8	132.4	128.6	131.7	124.3	123.9	139.1	129.2	57.389	-45.976
P(5)					105.8	111.2	110.9	115.6	122.2	143.9	121.8	163.764	22.271
P(6)						108.2	121.3	137.4	105.2	127	122.2	122.063	34.855
P(7)							<u>79.6</u>	131.7	141.7	<u>163.3</u>	124.7	476.047	136.204
P(8)								<u>129.4</u>	131.8	150.6	129.9	102.032	-43.052
P(9)									117.4	142.1	125.9	192.288	-68.534
P(10)										96.2	134.6	352.681	5.155
F ₁ 'ler Genel Ort.											127.7		
Ebeveynler Ort.											109.8		
Genel Ort.											124.4		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 21. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		4.65	-0.72	1.74	4.35	11.30	17.96	-0.32	-8.13	14.65
	Hb		3.72	-0.63	-2.27	0.93	8.92	0.53	-6.56	-9.83	6.03
P(2)	Ht			11.84	7.91	16.35	19.47	32.76	10.25	13.58	22.57
	Hb			10.10	2.76	13.06	17.78	13.99	2.45	10.50	14.29
P(3)	Ht				20.18	23.31	16.04	30.43	2.3	20.02	30.32
	Hb				16.19	18.55	12.77	10.53	-3.51	18.59	19.78
P(4)	Ht					15.92	11.38	30.13	-1.37	3.14	27.09
	Hb					7.87	4.77	7.28	-3.88	0.91	13.31
P(5)	Ht						3.97	19.74	-1.68	9.45	42.45
	Hb						1.07	5.13	-10.63	4.03	36.15
P(6)	Ht							29.21	15.75	-6.71	24.43
	Hb							12.2	6.29	-10.43	17.49
P(7)	Ht								25.95	43.8	85.81
	Hb								1.74	20.65	69.65
P(8)	Ht									6.77	33.38
	Hb									1.85	16.26
P(9)	Ht										33.02
	Hb										20.99
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	5.05	15.49	17.08	12.90	14.87	13.87	35.09	10.11	12.77	34.86
	Hb	0.09	9.85	11.37	5.22	8.46	7.87	15.74	0.45	6.36	23.77
Ort. Ht: % 17.21 Ort. Hb: % 8.92											
P(1): Lider (Mig 119) P(2): BA 707 P(3): BA 525 P(4): PG 910 P(5): Gloria											
P(6): PG 300 P(7): PG 318ACP P(8): PG 820 P(9): PG 53 P(10): Pima S7											

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında bitki boyuna 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 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 ” istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 22. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	246.54519	24.78**
b	45	181.14345	18.20**
b_1	1	2604.64	261.82**
b_2	9	295.91415	29.74**
b_3	35	82.3882	8.28**
Hata	108	9.9481	

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

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.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda bitki boyu için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.23’de verilmiştir.

Çizelge 4.23’de bitki boyu açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli ($t=1-b/SH_b=6.954$) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için bitki boyu karakterini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük W_r-V_r değerine sahip diziyi oluşturan ebeveyn (Pima S7) ve melezleri çıkartılmış ve analiz 9x9 diallel şeması üzerinden yeniden yapıldığında “t” değeri

önemsiz ($t=1-b/SHb=1.56$) çıkmış ve bitki boyu açısından varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur. Bitki boyu (9x9) için hesaplanan genetik parametrelerden, heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h^2) istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur. Diallel melez analizinde h^2 komponentinin biyometrik olarak önemli olması ise heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisinin bulunduğunu vurgulamaktadır. Çevre varyansının (E) önemsiz olmasından dolayı da bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.23).

Çizelge 4. 23. 10x10 Yarıml Diallel F_1 Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH	Tahminler (9X9)	SH
E	3.379	± 78.077	2.750	± 42.099
D	197.811	± 258.951	196.361	± 133.130
F	377.111	± 597.477	265.909	± 310.567
H_1	831.111	± 551.201	528.890	± 293.841
H_2	619.524	± 468.460	435.986	± 252.597
D- H_1	-633.300	± 463.291	-332.529	± 249.503
$(H_1/D)^{1/2}$	2.050		1.641	
$(H_2/4H_1)$	0.186		0.206	
(KD/KR)	2.739		2.405	
h^2	1029.964*	± 313.569	576.100**	± 169.217
K	1.663		1.321	
Hg	0.827		0.809	
Hd	0.297		0.417	
ryr, (W_r+V_r)	-0.922		-0.930	
$t=1-b/SHb$	6.954**		1.56	

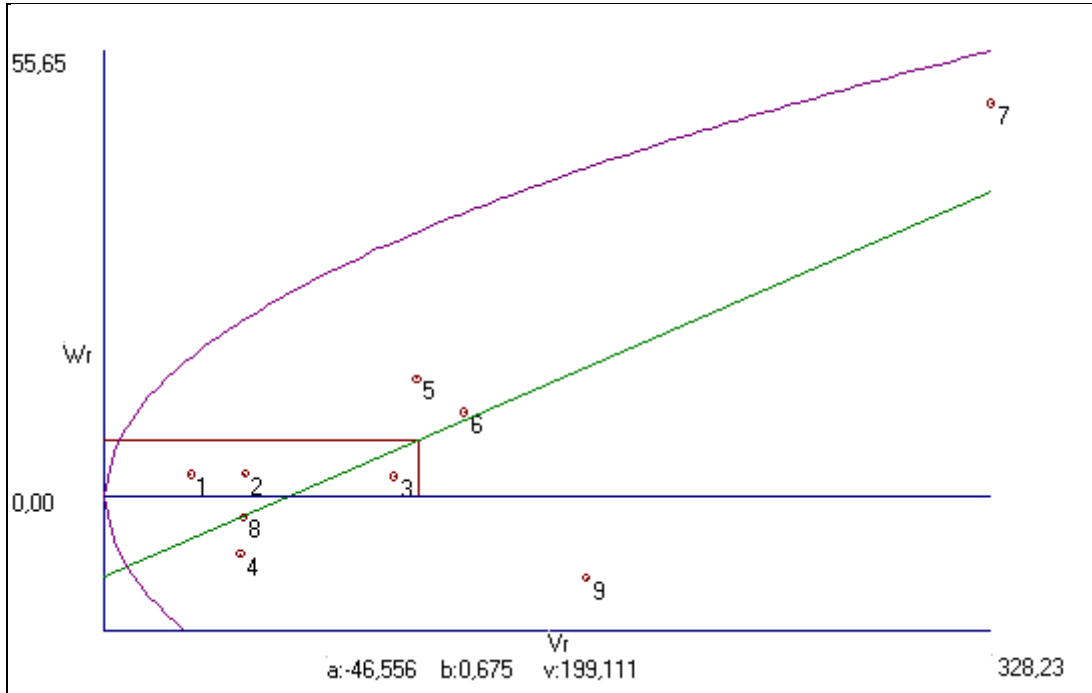
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, heterozigot lokusun dominantlık etkisinin (h^2) önemli bulunmaları ve D- H_1 değerinin negatif çıkması bitki boyu özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.17).

Çizelge 4.23'de ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (1.641) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.206) 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 değerin pozitif (265.909) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve F_1 'lerin ebeveynlerinin ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, gerek b_2 'nin önemli bulunması gerekse H_1 'in H_2 'den büyük olması genlerin dağılışında bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (2.405) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değerin 1.321 bulunması bitki boyunu kontrol eden gen çifti sayısının bir olabileceğini göstermektedir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.809 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.417 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-0.930) çıkması bitki boyu yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

9 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda bitki boyu bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.4'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53

Şekil 4. 4. Bitki Boyu için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.4’de bitki boyu açısından Wr-Vr grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a: -46.556$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1’den büyük (1.641) olması (Çizelge 4.23) da üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1, 2, 3, 4, 5, 6, 8 ve 9 numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu karakter açısından daha çok dominant genleri taşıdığı, 7 numaralı genotipin ise orijinden en uzakta olması nedeniyle en fazla resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 9 numaralı anaca ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Bitki boyuna 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. 10x10 Yarımlı Diallel F₁ Generasyolarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin 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	9	2218.907	246.545	74.34	**	1.36
ÖUY	45	8151.455	181.143	54.62	**	
Hata	108	358.166	3.316			

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

Çizelge 4.24’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.25 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Pima S7 (6.165) anacından, en düşük GUY etkisinin Lider (Mig119) (-7.896) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Pima S7 anacı fenotipik olarak 96.2 cm ve en düşük GUY etkisine sahip Lider (Mig119) anacı da fenotipik olarak 113.1 cm bitki boyuna sahip olmuşlardır (Çizelge 4.20).

Çizelge 4. 25. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Bitki Boyuna (cm) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		1.072	-6.461**	-0.378	1.286	9.78**	0.622	-0.681	-11.32**	-2.792	-7.896**
BA 707			-0.859	-1.775	5.755**	10.05**	5.991**	3.489*	5.016**	-3.356*	-0.332
BA 525				11.425**	12.222**	5.016**	2.758	-7.611**	11.216**	3.744*	2.968**
PG 910					7.905**	3.566*	6.941**	-8.895**	-5.034**	4.828**	3.818**
Gloria						-6.303**	-6.295**	-10.064**	0.797	17.025**	-3.713**
PG 300							3.533*	11.197**	-16.709**	-0.381	-3.174**
PG 318ACP								5.772**	20.1**	36.228**	-3.482**
PG 820									1.73	14.991**	4.987**
PG 53										10.819**	0.659
Pima S7											6.165**
ÖUY Diziler Ort.	-0.986	2.820	3.494	2.065	2.481	2.194	8.406	1.103	1.846	9.012	
ÖUY Genel Ort.	3.244										

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

Çizelge 4.25’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 36.228 ile PG 318ACP x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de en yüksek (163.3 cm) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -16.709 ile PG 300 x PG 53 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait bitki boyu 105.2 cm bulunmuştur (Çizelge 4.20). Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Pima S7 (9.012) ve PG 318ACP (8.406) genotiplerinin dahil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek, Lider (Mig119) (-0.986) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Oluşturulan F₁ melez populasyonlarında bitki boyu yönünden, ortalama % 17.21 oranında heterosis ile % 8.92 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.21), bu özellik yönünden F₁ melez gücünün pozitif ve düşük olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Mirza (1986) % 1.17-67.33, Alam ve ark. (1991) % -2.86-31.41 ve Yılmaz (1997) % -6.8-4.9 oranında heterosis saptamışlardır.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları ile yarım diallel melez analizi sonucunda sadece dominantlık etkisi (h^2) önemli bulunmuştur. D-H₁’in negatif olduğunun saptanması dominant gen varyansının daha hakim olduğu anlamına gelmektedir. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de eklemeli varyansa karşılık gelen GUY ve dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur. İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir (Çizelge 4.22, 23, 24). Ancak, Hayman (1954)’a göre yapılan analiz esas alındığında bitki boyu değeri yönünden dominant gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için, Efe (1994) dominant, Soomro ve ark. (2008) hem eklemeli hem de dominant, Ali ve ark. (2011) üstün dominant, Karademir (2005) ve Mendez-Natera ve ark. (2012) eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir. Ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (1.641) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, bitki boyu uzun olan genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.417 olarak düşük bulunmuştur. Bu özellik için, Efe ve Gençler (1995b) dar anlamda kalıtım derecesini 0.23 olarak bulmuşlardır.

Bu çalışmada bitki boyu özelliği için dominant gen varyansın önemli ve dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik üzerine yapılacak ıslah çalışması için bulk yönteminin kullanılmasının daha uygun olabileceğini göstermektedir.

4.6. Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bitkideki odun dalı sayısına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.26'da verilmiştir.

Çizelge 4.26'da görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 'lere ait ortalama odun dalı sayısı 2.5 adet/bitki olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynler ortalaması 2.3 adet/bitki olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması 2.5 adet/bitki olarak gerçekleşmiştir. Bitkideki odun dalı sayısı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden küçük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Gloria genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (2.8 adet/bitki) verirken, PG 53 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (2 adet/bitki) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek odun dalı sayısı Lider (Mig119) (3.2 adet/bitki) genotipinden, en düşük odun dalı sayısı PG 53 (1.3 adet/bitki) genotipinden elde edilmiş olup, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek odun dalı sayısı (3.3 adet/bitki) Gloria x PG 318ACP melezinden, en düşük odun dalı sayısı ise PG 318ACP x PG 53 (1.5 adet/bitki) melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında bitkideki odun dalı sayısına ilişkin Heterosis (H_t) ve Heterobeltiosis (H_b) değerleri (%) Çizelge 4.27'de verilmiştir.

Çizelge 4.27'de F_1 melez populasyonlarındaki bitkideki odun dalı sayısına ait heterosis değerleri %-25 (PG 300 x PG 820) ile %53.61 (PG 820 x PG 53); heterobelthiosis ilişkili değerler ise %-42.50 (Lider (Mig199) x PG 53) ile %42.59 (PG 820 x PG 53) arasında değişim göstermiştir. En yüksek heterosis değerleri PG 910, Pima S7, PG 820 ve Gloria'nın anaç olarak bulunduğu melez serilerinden (H_t : %20.01, 19.83, 19.62, 11.95), heterobelthiosis değerleri ise Pima S7 ve Gloria genotiplerinin anaç olarak bulunduğu melez serilerinden (H_b : %6 ve 3.53), en düşük heterosis ve heterobelthiosis değeri ise Lider (Mig119) genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : %-7.87, H_b : %-17.04) saptanmıştır.

Ele alınan melez populasyonlarda bitkideki odun dalı sayısı özelliği yönünden ortalama %8.87 oranında heterosis, %-4.56 oranında heterobelthiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.27).

Çizelge 4. 26. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkide Odun Dalı Sayısına (adet/bitki) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (V_r) ve Kovaryans (W_r) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	V _r	W _r
P(1)	<u>3.2</u>	2.6	2.9	2.3	2.8	2.8	2.4	2	1.8	2.7	2.6	0.376	0.254
P(2)		2.3	2.2	2.2	2.8	2.2	1.9	2.5	1.6	2.7	2.3	0.312	0.144
P(3)			2.3	2.2	2.7	2.8	2.5	2.3	1.7	2.8	2.4	0.323	0.189
P(4)				2.1	3.1	2.8	2.9	2.3	2.6	2.9	2.5	0.372	0.141
P(5)					2.8	2.9	<u>3.3</u>	2.3	2.2	3.2	2.8	0.373	0.075
P(6)						2.8	2.4	1.7	2	2.8	2.5	0.350	0.224
P(7)							2.3	2.5	<u>1.5</u>	3.1	2.5	0.366	0.180
P(8)								1.6	2.3	2.8	2.2	0.291	-0.009
P(9)									<u>1.3</u>	2.7	2.0	0.322	0.114
P(10)										2.6	2.8	0.239	0.013
F ₁ 'ler Genel Ort.											2.5		
Ebeveynler Ort.											2.3		
Genel Ort.											2.5		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 27. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-2.96	9.14	-12.99	-6.26	-8.45	-11.89	-10.66	-19.70	-7.09
	Hb		-15.44	-3.33	-29.80	27.26	-17.50	-22.94	-33.06	-42.50	-16.04
P(2)	Ht			-1.97	-3.24	16.81	-12.96	-14.75	27.19	-10.95	12.99
	Hb			-6.52	-17.46	5.71	-22.22	-19.44	11.11	-25.56	7.71
P(3)	Ht				0.07	4.63	9.79	10.15	17.16	-7.77	19
	Hb				-11.62	-4.76	-1.11	3.48	1.67	-24.35	8.66
P(4)	Ht					26.71	15.33	33.23	42.32	52.34	26.35
	Hb					5.48	0	13.81	23.81	26.59	5.3
P(5)	Ht						5.69	26.68	5.56	7.96	19.8
	Hb						1.11	15.43	-14.29	-18.29	14.1
P(6)	Ht							-5.14	-25	-3.7	2.92
	Hb							-13.33	-41.11	-28.89	-3.19
P(7)	Ht								31.26	-16.74	30.48
	Hb								11.94	-35.56	25.42
P(8)	Ht									53.61	35.14
	Hb									42.59	12.92
P(9)	Ht										38.89
	Hb										-0.87
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	-7.87	1.13	6.69	20.01	11.95	-2.39	9.25	19.62	10.44	19.83
	Hb	-17.04	-9.12	-4.21	1.79	3.53	-14.03	-2.35	1.73	-11.87	6.00
Ort. Ht: % 8.87		Ort. Hb: % -4.56									

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında bitkideki odun dalı sayısına 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” istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunurken, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂” ve dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4. 28. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	0.77000	2.741**
b	45	0.103697	0.369
b ₁	1	0.1895859	0.675
b ₂	9	0.1373889	0.489
b ₃	35	0.0926	0.329
Hata	108	0.280845	

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

10 pamuk genotipinin yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda odun dalı sayısı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.29’da verilmiştir.

Çizelge 4.29’da bitkideki odun dalı sayısı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (-0.603) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, bitkideki odun dalı sayısı karakterini etkileyen genler arasında allelik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır.

Bitkideki odun dalı sayısı (10x10) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D) ve eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki fark (D-H₁) istatistiki olarak %5 düzeyinde, dominant gen varyansı (H₁) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂) ise istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.29).

Çizelge 4. 29. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10x10)	SH
E	0.092	±0.044
D	0.413*	±0.145
F	0.333	±0.335
H ₁	1.047**	±0.309
H ₂	0.897**	±0.263
D-H ₁	-0.634*	±0.260
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.592	
(H ₂ /4H ₁)	0.214	
(KD/KR)	1.678	
h ²	0.034	±0.176
K= (h ² /H ₂)	0.038	
Hg	0.556	
Hd	0.276	
ryr, (Wr+Vr)	0.460	
t=1-b/SH _b	-0.603	

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

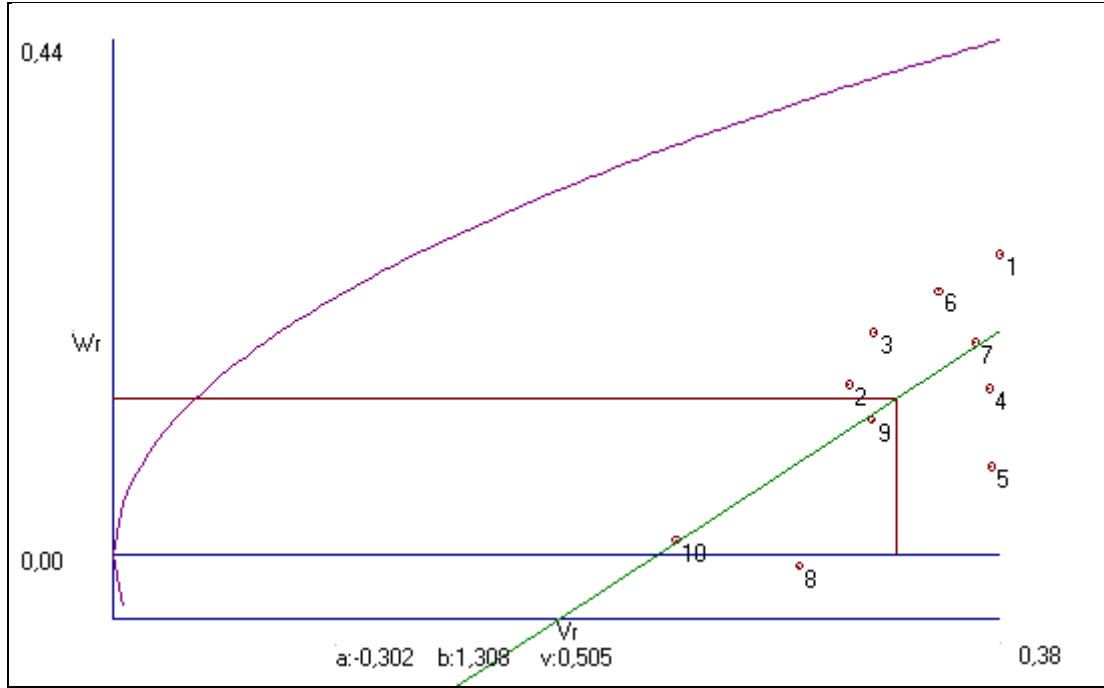
Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), dominantlık varyansları (H₁ ve H₂) ile D-H₁'in negatif ve istatistiki olarak önemli çıkmaları odun dalı özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.59).

Çizelge 4.29'da ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1'den büyük (1.592) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.214) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (0.333) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve F₁'lerin ebeveynlerinin ortalamalarını aştığını göstermektedir. Aynı zamanda, H₁'in H₂'den büyük olması genlerin dağılışıda bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (1.678) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına K= (h²/H₂) ait değer 1'in altında (K=0.038) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen

karacterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.556 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.276 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (r_{yr} , (W_r+V_r)) pozitif (0.460) çıkması odun dalı sayısı yüksek olan ebeveynlerin resesif genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda bitkideki odun dalı sayısı bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.5’de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 5. Bitkideki Odun Dalı Sayısı için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.5’de bitkideki odun dalı sayısı açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a:-0.302$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ($(H_1/D)^{1/2}$) 1’den büyük (1.592) olması (Çizelge 4.29) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Şekil 4.5’de anaçlara ait noktaların dağılımında, 10 ve 8 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 ve 9 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır. 8 ve 10 numaralı ebeveynlerin orijine daha yakın bölgede yer almış olmaları, bu anaçların genotipik yapısında dominant allellerin resesif allellere oranla

daha fazla olabileceğine işaret etmektedir. Ayrıca, 8 numaralı anaca ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Bitkideki odun dalı sayısına 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. 10x10 Yarımlal F₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin 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	9	6.93	0.77	8.19	**	7.42
ÖUY	45	4.666364	0.103697	1.10		
Hata	108	10.11	0.094			

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

Çizelge 4.30'da görüldüğü gibi genel uyuşma yeteneği istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunurken özel uyuşma yeteneği istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur. Genel kombinasyon uyuşmasının özel kombinasyon uyuşmasına oranı 1'den büyük olmuştur. Bu oranın yüksek olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.31 incelendiğinde, en yüksek GUY etkileri Gloria (0.339) ve Pima S7 (0.317) genotiplerinden, en düşük GUY etkileri ise PG 53 (-0.494) ve PG 820 (-0.258) genotiplerinden elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Gloria ve Pima S7 genotipleri fenotipik olarak 2.8-2.6 adet/bitki ve en düşük GUY etkisine sahip PG 53 ve PG 820 genotipleri de fenotipik olarak 1.3-1.6 adet/bitki odun dalına sahip olmuşlardır (Çizelge 4.26).

Çizelge 4.31'de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 0.573 ile PG 910 x PG 53 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerde yüksek (2.6 adet/bitki) olmuştu. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -0.613 ile PG 300 x PG 820 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama odun dalı sayısına ait fenotipik değer de düşük (1.7 adet/bitki) bulunmuştur (Çizelge 4.26).

Çizelge 4. 31. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Odun Dalı Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		0.156	0.390	-0.352	-0.155	0.098	-0.233	-0.324	-0.255	-0.233	0.131
BA 707			-0.108	-0.183	0.181	-0.233	-0.396	0.445	-0.219	0.037	-0.138
BA 525				-0.283	-0.085	0.334	0.070	0.112	-0.252	0.037	-0.038
PG 910					0.273	0.192	0.395	0.104	0.573*	0.129	0.037
Gloria						0.056	0.459	-0.199	-0.063	0.126	0.339**
PG 300							-0.121	-0.613*	-0.044	-0.088	0.087
PG 318ACP								0.323	-0.474	0.348	0.017
PG 820									0.567*	0.256	-0.258**
PG 53										0.426	-0.494**
Pima S7											0.317**
ÖUY Diziler Ort.	-0.1008	-0.0356	0.0239	0.0942	0.0659	-0.0466	0.0412	0.0745	0.0288	0.1153	
ÖUY Genel Ort.	0.0261										

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

Çizelge 4.31’de her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Pima S7 (0.1153) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve Lider (Mig119) (-0.1008) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Üzerinde çalışılan populasyonda odun dalı sayısı yönünden, ortalama %8.87 oranında heterosis ile %-4.56 oranında heterobeltiosis elde edilmesi (Çizelge 4.27), bu özellik yönünden melez azmanlığının olumlu fakat düşük düzeyde olduğunu belirtmektedir. Bu özellik için, Baloch ve ark. (1995) %10-25.8 oranında, Yılmaz (1997) %-17.5-4.6 oranında, Kaynak (1996), Karademir (2005) ve Akışcan (2011) ise olumlu yönde heterosis bildirmişlerdir.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda eklemeli varyans (D), dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) ile $D-H_1$ parametresinin negatif ve önemli oldukları saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.28, 29 ve 30). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların birbirlerinden farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954)’a göre yapılan analiz esas alınacak olursa bitkideki odun dalı sayısı yönünden hem eklemeli hem de dominant gen varyanslarının hakim olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için, Efe (1994), Ashraf ve Ahmad (2000) eklemeli-dominant, Rauf ve ark. (2006) hem eklemeli hem de eklemeli olmayan, Toklu (1999), Kiani (2003), Karademir (2005), Kiani (2007) eklemeli, Ali ve ark. (2011) üstün dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (1.592) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, yüksek odun dalı sayısına sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda kalıtım derecesi 0.276 olarak düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada bitkideki odun dalı sayısı özelliği için hem eklemeli hem de dominant gen varyanslarının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.7. Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bitkideki meyve dalı sayısına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.26'de verilmiştir.

Çizelge 4.32'de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 'lere ait ortalama meyve dalı sayısı 11.8 adet/bitki olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynler ortalaması 10.8 adet/bitki olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması 12 adet/bitki olarak gerçekleşmiştir. Bitkideki meyve dalı sayısı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden küçük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (13.3 adet/bitki) verirken, PG 318ACP genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (11 adet/bitki) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek meyve dalı sayısı Pima S7 (12.1 adet/bitki) genotipinden, en düşük meyve dalı sayısı PG 318ACP (9.1 adet/bitki) genotipinden elde edilmiş, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek meyve dalı sayısı (15.3 adet/bitki) PG 820 x Pima S7 melezinden, en düşük meyve dalı sayısı (9.5 adet/bitki) PG 910 x PG 820 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında bitkideki meyve dalı sayısına ilişkin Heterosis (H_t) ve Heterobeltiosis (H_b) değerleri (%) Çizelge 4.33'de verilmiştir.

Çizelge 4.33'de F_1 melez populasyonlarındaki bitkideki meyve dalı sayısına ait heterosis değerleri %-16.77 (PG 910 x PG 820) ile %37.80 (PG 300 x Pima S7) arasında değişmiştir. Heterobeltiosis ilişkili değerler ise %-20.77 (PG 910 x PG 820) ile %26.18 (PG 820 x Pima S7) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Pima S7'nin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : %18.07, H_b : %10.35), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise, PG 910 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : %5.19, H_b : %-0.65) saptanmıştır.

Ele alınan melez populasyonlarda bitkideki meyve dalı sayısı özelliği yönünden ortalama %11.01 oranında heterosis, %4.99 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.33).

Çizelge 4. 32. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkide Meyve Dalı Sayısına (adet/bitki) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	10.7	11.1	12	11.8	11.4	12.9	11.6	12.2	9.9	12.3	11.6	1.698	0.079
P(2)		10	12.6	13.2	10.6	11.5	10.7	11.2	11.2	13.5	11.6	2.010	0.521
P(3)			10.7	10	11.7	11.5	10.3	11.5	10.9	14.2	11.5	2.641	0.217
P(4)				11.5	11.7	11.7	12.1	<u>9.5</u>	12.3	12.7	11.7	2.134	-0.049
P(5)					11.6	12.1	10.8	13.4	14.3	13.5	12.1	2.067	0.821
P(6)						9.8	10	10.5	12.9	15	11.8	3.261	0.724
P(7)							<u>9.1</u>	12.4	13.4	10	<u>11.0</u>	2.395	0.867
P(8)								11.3	11.2	<u>15.3</u>	11.9	2.987	0.543
P(9)									11.2	14.4	12.2	2.992	0.542
P(10)										<u>12.1</u>	<u>13.3</u>	3.623	0.566
F ₁ 'ler Genel Ort.											12		
Ebeveynler Ort.											10.8		
Genel Ort.											11.8		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 33. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkide Meyve Dalı Sayısına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		7.12	13.27	7.61	2.25	26.03	16.84	10.83	-9.44	7.50
	Hb		3.77	11.73	2.72	-1.62	21.06	8.99	7.88	-12.10	1.05
P(2)	Ht			22.46	23.43	-2.27	16.40	12.20	5.31	5.05	22.01
	Hb			18.89	16.64	-8.76	15.33	5.32	-0.56	-0.60	11.63
P(3)	Ht				-10.16	4.5	12.65	3.92	5.67	-0.46	25.14
	Hb				-13.04	0.57	8.06	-3.61	2.99	-5.32	18.39
P(4)	Ht					0.66	10	17.31	-16.77	7.62	7.01
	Hb					-3.25	2.93	5.31	-20.77	2.02	1.61
P(5)	Ht						12.85	4.6	17.77	25.64	14.06
	Hb						4.72	-6.77	13.89	22.04	10.29
P(6)	Ht							5.46	0.08	21.9	37.80
	Hb							1.43	-6.22	14.8	25.18
P(7)	Ht								21.23	31.59	-5.97
	Hb								9.88	18.99	-17.35
P(8)	Ht									-0.38	31.34
	Hb									-6.14	26.18
P(9)	Ht										23.7
	Hb										16.21
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	9.11	12.41	8.55	5.19	8.90	15.91	11.91	8.34	11.69	18.07
	Hb	4.83	6.85	4.30	-0.65	3.46	9.70	2.47	3.01	5.54	10.35
Ort. Ht: % 11.01		Ort. Hb: % 4.99									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonunda bitkideki meyve dalı sayısına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri Çizelge 4.34’de verilmiştir.

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

Çizelge 4. 34. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Bitkide Meyve Dalı Sayısına İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	3.75759	3.16**
b	45	1.6046431	1.34
b_1	1	11.349495	9.54**
b_2	9	0.6282407	0.52
b_3	35	1.5773	1.32
Hata	108	1.188862	

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

Çizelge 4.34’de b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda bitkideki meyve dalı sayısı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.35’de verilmiştir.

Çizelge 4.35’de bitkideki meyve dalı sayısı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli ($t=1-b/SH_b=5.061$) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için bitkideki meyve dalı sayısı karakterini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük W_r-V_r değerine sahip diziyi oluşturan ebeveyn (Pima S7) ve melezleri çıkarılarak değerlendirme 9x9 diallel şeması üzerinden yeniden yapıldığında “t” değeri önemsiz ($t=1-b/SH_b=1.01$) çıkmış ve bitkideki meyve dalı

sayısı açısından varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur. Bitkideki meyve dalı sayısı (9x9) için hesaplanan genetik parametrelerden, çevre varyansı (E), dominant gen varyansı (H_1), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2), dominantlık etkisi (h^2) istatistiki olarak %05 düzeyinde ve eklemeli gen varyansı ile dominant gen varyansı arasındaki fark ($D-H_1$) istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 35. 10x10 Yarıml Diallel F_1 Generasyonlarında Bitkideki Meyve Dalı Sayısına İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10x10)	SH	Tahminler (9x9)	SH
E	0.647	± 0.395	0.652*	± 0.282
D	0.685	± 1.310	0.508	± 0.893
F	-0.304	± 3.022	0.468	± 2.082
H_1	7.910*	± 2.788	6.597*	± 1.970
H_2	7.503*	± 2.369	5.565*	± 1.693
$D-H_1$	-7.225*	± 2.343	-6.088**	± 1.673
$(H_1/D)^{1/2}$	3.398		3.602	
$(H_2/4H_1)$	0.237		0.211	
(KD/KR)	0.878		1.293	
h^2	4.242*	± 1.586	2.645*	± 1.134
K	0.565		0.475	
Hg	0.519		0.451	
Hd	0.060		0.055	
ryr, (W_r+V_r)	0.073		-0.394	
$t=1-b/SH_b$	5.061**		1.01	

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

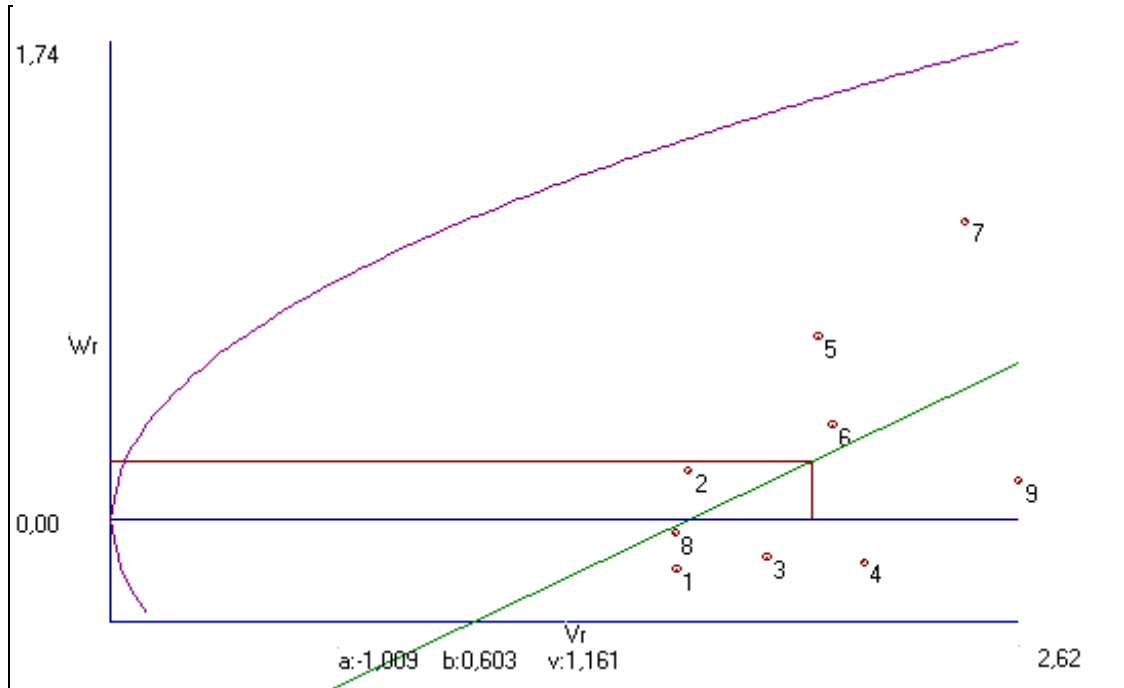
Çizelge 4.35’de meyve dalı sayısı özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığı diallel melez analizinde H_1 ve H_2 komponentinin önemli bulunmasından ve $D-H_1$ değerinin eksi ve önemli çıkmasından anlaşılmaktadır.

Ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (3.602) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.211) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı

anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerin pozitif (0.468) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve F₁'lerin ebeveynlerinin ortalamalarını aştığını göstermektedir. Aynı zamanda, H₁'in H₂'den büyük olması genlerin dağılışıda bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (1.293) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına K= (h²/H₂) ait değer 1'in altında (K=0.475) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (Hg) 0.451 ve dar anlamda kalıtım derecesi (Hd) ise 0.055 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (r_{yr}, (W_r+V_r)) negatif (-0.394) çıkması meyve dalı sayısı yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

9 genotipe ait yarım diallel F₁ melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda meyve dalı sayısı bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.6'da verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG820, 9-PG 53

Şekil 4. 6. Bitkideki Meyve Dalı Sayısı için W_r/V_r Grafiği

Bitkideki meyve dalı sayısı açısından W_r-V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir (a:-1.009). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu

göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (3.602) olması (Çizelge 4.35) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1, 2, 3, 4 ve 8 numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle daha çok dominant gen taşıdığı 5, 6, 7 ve 9 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır. 1, 2, 3, 4 ve 8 numaralı ebeveynlerin orijine daha yakın bölgede yer almış olması, bu ebeveynlerin genotipik yapısında dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olabileceğine işaret etmektedir. Dolayısıyla, bu ebeveynlerin döllerine daha çok dominant allel aktardığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 3, 4, 5, 7 ve 9 numaralı anaçlara ait noktaların regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Bitkideki meyve dalı sayısına 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. 10x10 Yarımlı Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Meyve Dalı Sayısına İlişkin 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	9	33.81833	3.757593	9.48	**	2.34
ÖUY	45	72.20894	1.604643	4.04	**	
Hata	108	42.799	0.396287			

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

Çizelge 4.36'da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1'den büyük olmuştur. Bu oranın 1'den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.37 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Pima S7 (1.302) ebeveyninden, en düşük GUY etkisinin ise PG 318ACP (-0.828) ebeveyninden elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4. 37. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Meyve Dalı Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-0.104	0.735	0.437	-0.388	1.515**	0.879	0.610	-1.918**	-0.552	-0.242
BA 707			1.437**	1.840**	-1.152*	0.218	0.115	-0.254	-0.582	0.751	-0.312
BA 525				-1.388**	-0.079	0.157	-0.379	0.018	-0.843	1.390**	-0.284
PG 910					-0.243	0.193	1.290*	-2.179**	0.360	-0.274	-0.120
Gloria						0.201	-0.368	1.362**	1.968**	0.168	0.272
PG 300							-0.799	-1.168*	0.937	2.071**	-0.131
PG 318ACP								1.396**	2.135**	-2.265**	-0.828**
PG 820									-0.868	2.165**	0.041
PG 53										1.071*	0.302
Pima S7											1.302**
ÖUY Diziler Ort.	0.135	0.252	0.116	0.004	0.163	0.369	0.222	0.120	0.251	0.502	
ÖUY Genel Ort.	0.213										

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

Çizelge 4.37’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 2.165 ile PG 820 x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerde en yüksek (15.3 adet/bitki) olmuştur (Çizelge 4.26). En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -2.265 ile PG 318ACP x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama meyve dalı sayısına ait fenotipik değer de düşük (10 adet/bitki) bulunmuştur.

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Pima S7 (0.502) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve PG 910 (0.004) genotipinin dahil olduğu dizi ise pozitif yönde en düşük değeri almıştır.

Üzerinde çalışılan populasyonda bitkideki meyve dalı sayısı yönünden, ortalama %11.01 oranında heterosis, %4.99 oranında heterobeltiosis elde edilmesi (Çizelge 4.33), bu özellik yönünden melez azmanlığının olumlu ve düşük düzeyde olduğunu belirtmektedir. Bu özellik için, Alam ve ark. (1991) %0-42.86, Baloch ve ark. (1995) %22.48, Yılmaz (1997) %-4.9-1.2 oranında ayrıca, Karademir (2005) ve Akışcan (2001) olumlu yönde heterosis bildirmişlerdir.

İncelenen populasyonda yarım diallel tablo varyans analizinde, eklemeli varyans (a) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) ve $D-H_1$ ’in negatif ve önemli olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de eklemeli varyansa karşılık gelen GUY ve dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY önemli bulunmuştur (Çizelge 34, 35, 36). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954)’a göre yapılan analiz esas alındığında bitkideki meyve dalı sayısı yönünden dominantlık varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için benzer şekilde, Khorgade ve ark. (2000), Kiani (2003) Kiani ve ark. (2007) ve Ali ve ark. (2011) üstün dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Ortalama dominantlık derecesinin (H_1/D)^{1/2} 1’den büyük (3.602) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, yüksek meyve dalı sayısına sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyon da dar anlamda kalıtım derecesi 0.055 olarak çok düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada bitkideki meyve dalı sayısı özelliği için, dominantlık varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.8. Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki)

10 pamuk genotipin ve bunlardan elde edilen melezlerin bitkideki koza sayısına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.38’de verilmiştir.

Çizelge 4.38’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama koza sayısı değeri 15.5 adet/bitki olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait koza sayısı ortalaması 16.1 adet/bitki olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması 15.4 adet/bitki olarak gerçekleşmiştir. Bitkideki koza sayısı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (17.2 adet/bitki) verirken, PG 318ACP genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değere (13.4 adet/bitki) sahip olmuştur. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek koza sayısı Pima S7 (19.2 adet/bitki) genotipinden, en düşük koza sayısı PG 318ACP (13.3 adet/bitki) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek koza sayısı (19.4 adet/bitki) PG 910 x PG 300 melezinden, en düşük koza sayısı (10.9 adet/bitki) PG 300 x PG 318ACP melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında koza sayısına ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.39’da verilmiştir.

Çizelge 4.39’da, F_1 melez populasyonlarındaki bitkideki koza sayısına ait heterosis değerleri %-31.05 (PG 820 x Pima S7) ile %26.06 (Gloria x PG 318ACP); heterobeltiosis ilişkili değerler ise %-39.29 (PG 318ACP x PG 53) ile %17.08 (Gloria x PG 318ACP) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Gloria’nın anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: %3.95, Hb: %-1.58), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise PG 53 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: %-14.98, Hb: %-21.46) elde edildiği görülmektedir.

Ele alınan melez populasyonlarda bitkideki koza sayısı özelliği yönünden ortalama %-4.54 oranında heterosis, %-10.63 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.39).

Çizelge 4. 38. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkide Koza Sayısına (adet/bitki) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	18.3	14.5	18.4	13.2	16.7	14.9	13.5	12.8	14.7	18.2	15.5	5.104	2.020
P(2)		14.9	14.8	15.4	16.8	15.9	12.7	14.9	12.5	19.3	15.2	4.120	1.367
P(3)			14.4	12.9	15.4	14.1	11.4	15.7	13.6	17.7	14.8	4.829	2.663
P(4)				15.2	14.7	19.4	14.8	17.3	14.6	18.7	15.6	5.099	1.189
P(5)					15.6	16.4	18.2	17	15.1	17.6	16.4	1.694	-0.063
P(6)						16.6	10.9	18.7	13.8	15.9	15.7	6.404	0.331
P(7)							<u>13.3</u>	13.2	11.3	15	13.4	5.089	-0.055
P(8)								15.1	17.9	11.8	15.4	5.819	-0.585
P(9)									18.6	18.5	15.1	6.775	3.410
P(10)										<u>19.2</u>	17.2	6.076	1.951
F ₁ 'ler Genel Ort.											15.4		
Ebeveynler Ort.											16.1		
Genel Ort.											15.5		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 39. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-12.37	12.24	-20.90	-1.46	-14.51	-14.77	-23.29	-20.50	-2.96
	Hb		-20.55	0.47	-27.68	-8.69	-18.38	-26.29	-30.08	-21.21	-5.19
P(2)	Ht			-3.82	2.88	10.40	1.38	-9.83	-0.25	-25.24	13.50
	Hb			-5.19	1.27	6.87	-3.99	-14.49	-0.77	-32.67	0.84
P(3)	Ht				-12.66	2.48	-9.13	-17.72	6.49	-17.4	5.41
	Hb				-15.16	-1.27	-15.08	-20.89	4.55	-26.63	-7.62
P(4)	Ht					-4.31	22.06	3.95	14.92	-13.62	9
	Hb					-7.05	16.66	-2.24	13.7	-21.68	-2.44
P(5)	Ht						1.82	26.06	11.28	-11.79	1.06
	Hb						-1.41	17.08	7.7	-18.99	-8.48
P(6)	Ht							-27.41	18.09	-21.74	-11.38
	Hb							-34.55	12.63	-25.89	-17.3
P(7)	Ht								-6.92	-29.34	-7.53
	Hb								-12.17	-39.29	-21.55
P(8)	Ht									6.57	-31.05
	Hb									-3.6	-38.56
P(9)	Ht										-1.77
	Hb										-3.19
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamalar	Ht	-10.95	-2.59	-3.79	0.15	3.95	-4.54	-9.28	-0.46	-14.98	-2.86
	Hb	-17.51	-7.63	-9.65	-4.96	-1.58	-9.70	-17.15	-5.18	-21.46	-11.50
Ort. Ht: % -4.54		Ort. Hb: % -10.63									

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F₁ generasyonlarında bitkideki koza sayısına 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 analizi 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” ve dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃”, istatistiki açıdan %1 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 40. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	10.34185	18.01**
b	45	4.0290842	7.02**
b ₁	1	4.8370101	8.42**
b ₂	9	2.9024815	5.06**
b ₃	35	4.2957	7.48**
Hata	108	0.574149	

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

Çizelge 4.40’da biyometrik olarak önemli 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.

10 pamuk genotipinin yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonlarda bitkideki koza sayısı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.41’de verilmiştir.

Çizelge 4.41’de bitkideki koza sayısı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (2.28) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, bitkideki koza sayısı karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Bitkideki koza sayısı (10x10) için hesaplanan genetik parametrelerden, eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki

fark ($D-H_1$), dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 41. 10x10 Yarıml Diallel F_1 Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH
E	0.211	± 1.060
D	3.955	± 3.514
F	3.103	± 8.108
H_1	19.088*	± 7.480
H_2	18.656*	± 6.357
$D-H_1$	-15.133*	± 6.287
$(H_1/D)^{1/2}$	2.197	
$(H_2/4H_1)$	0.244	
(KD/KR)	1.435	
h^2	1.864	± 4.255
$K = (h^2/H_2)$	0.100	
Hg	0.753	
Hd	0.190	
ryr, (W_r+V_r)	0.580	
$t=1-b/SH_b$	2.28	

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

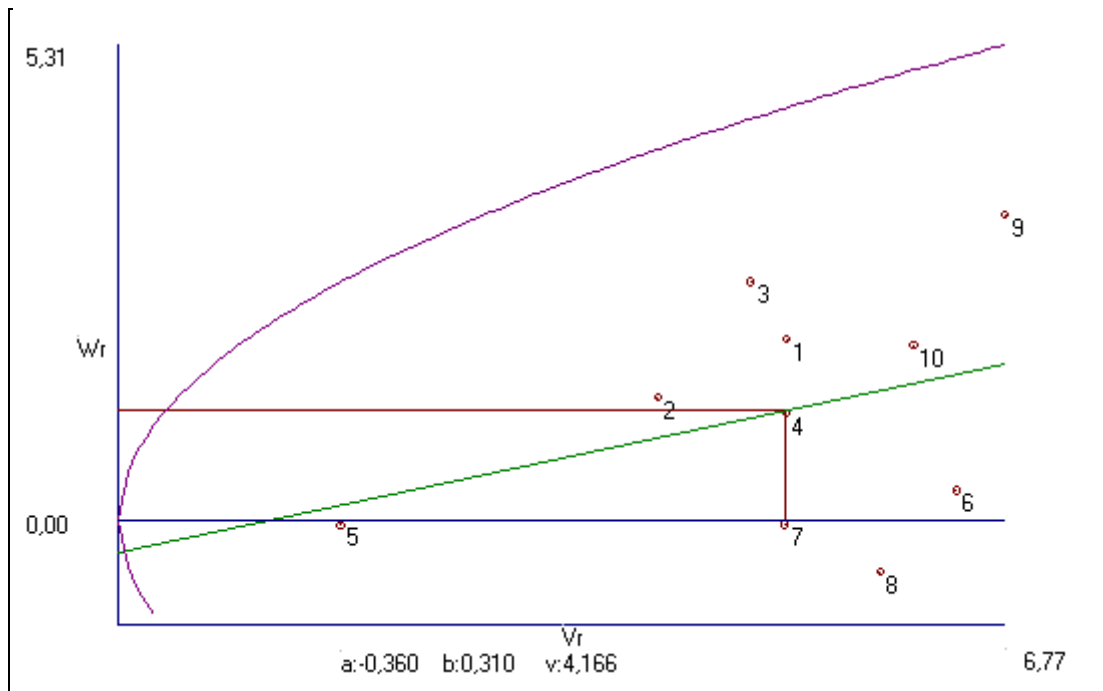
Diallel melez analizine göre koza sayısı özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığı diallel melez analizinde H_1 ve H_2 ile $D-H_1$ değerinin eksi ve önemli çıkmasından anlaşılmaktadır (Çizelge 4.41).

Çizelge 4.41’de ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (2.197) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.244) 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 (3.103) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den büyük (1.435) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen

sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.100$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.753 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.190 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) pozitif (0.580) çıkması koza sayısı yüksek olan ebeveynlerin resesif genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda koza sayısı bakımından hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.7'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 7. Bitkideki koza sayısı için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.7'de bitkideki koza sayısı açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a: -0.360$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (2.197) olması (Çizelge 4.41) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Şekil üzerinde anaçlara ait noktaların dağılımında, 5 numaralı genotipin orijine yakın olması nedeniyle daha çok dominant gen taşıdığı, 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9 ve 10 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları

anlaşılmaktadır. Ayrıca, 1, 2, 3, 6, 7, 8 ve 9 numaralı anaçlara ait noktaların regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Bitkideki koza sayısına 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. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Koza Sayısına İlişkin 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	9	93.07667	10.34185	54.03	**	2.56
ÖUY	45	181.3088	4.029084	21.05	**	
Hata	108	20.669	0.191			

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

Çizelge 4.42’de görüldüğü gibi genel ve özel uyuşma yeteneği 0.01 düzeyinde önemli bulunurken bulunmuştur. Genel kombinasyon uyuşmasının özel kombinasyon uyuşmasına oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın yüksek olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.43 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin (1.737) Pima S7 ebeveyninden, en düşük GUY etkisinin (-1.891) PG 318ACP ebeveyninden elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Pima S7 anacı fenotipik olarak en yüksek değere (19.2) sahip olurken, en düşük GUY değerine sahip PG 318ACP anacı da fenotipik olarak en düşük değere (13.3) sahip olmuştur (Çizelge 4.38).

Çizelge 4.43’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 3.895 ile Gloria x PG 318ACP melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerde yüksek (18.2) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -5.344 ile PG 820 x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama koza sayısına ait fenotipik değer de düşük (11.8) bulunmuştur (Çizelge 4.38).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Gloria (0.298) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve PG 53 (-0.7378) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Çizelge 4. 43. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Bitkideki Koza Sayısına İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-0.919**	3.267**	-2.608**	0.228	-1.055**	-0.369	-2.883**	-0.958**	0.703	0.243*
BA 707			0.217	0.175	0.878*	0.528	-0.553	-0.200	-2.575**	2.386**	-0.307**
BA 525				-2.039**	-0.203	-0.986**	-1.566**	0.886*	-1.122**	1.139**	-0.627**
PG 910					-1.578**	3.752**	1.125**	1.811**	-0.897*	1.397**	0.082
Gloria						-0.058	3.895**	0.914**	-1.028**	-0.366	0.712**
PG 300							-2.955**	3.064**	-1.844**	-1.583**	0.229
PG 318ACP								-0.316	-2.225**	-0.297	-1.891**
PG 820									2.595**	-5.344**	-0.077
PG 53										1.414**	-0.102
Pima S7											1.737**
ÖUY Diziler Ort.	-0.5104	-0.007	-0.0452	0.1264	0.298	-0.1263	-0.3623	0.0586	-0.7378	-0.0612	
ÖUY Genel Ort.	-0.13672										

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

Üzerinde çalışılan populasyonda bitkideki koza sayısı yönünden, ortalama %-4.54 oranında heterosis ile %-10.63 oranında heterobeltiosis elde edilmesi (Çizelge 4.39), bu özellik yönünden melez azmanlığının olumsuz ve düşük düzeyde olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Meredith ve Bridge (1971) %8.4-21.1, Mirza (1986) %3.57-249.04, Alam ve ark. (1991) %2.2-54.86, Baloch ve ark. (1995) %20.38, Yılmaz (1997) %-2.2-34.3, Ashwathama ve ark. (2003) %60, Shah ve Shah (2008) %17.27 oranında heterosis bildirmişlerdir.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.40). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) ile $D-H_1$ 'in negatif ve önemli olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.41). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY önemli bulunmuştur (Çizelge 4.42). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954)'a göre yapılan analiz esas alındığında bitkideki koza sayısı yönünden dominantlık varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için benzer şekilde, Soomro ve ark. (2008) dominantlık varyanslarının (H_1 ve H_2) önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Bitkideki koza sayısı için, ortalama dominantlık derecesinin (H_1/D)^{1/2} 1'den büyük (2.197) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlılığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, yüksek koza sayısına sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.190 olarak düşük bulunmuştur. Ancak, Sinde ve Deshmukh (1985), koza sayısı için yüksek kalıtım derecesi tahmin ettiklerini bildirmişlerdir.

Bu çalışmada bitkideki koza sayısı özelliği için dominantlık varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.9. Çırçır Randımanı (%)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin çırçır randımanına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.44'de verilmiştir.

Çizelge 4.44'de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 'lere ait ortalama çırçır randımanı % 41.27 olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait çırçır randımanı ortalaması % 42.51 olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması da % 41.12 olarak gerçekleşmiştir. Çırçır randımanı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; PG 820 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (% 42.50) sahip olurken, Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (% 36.58) sahip olmuştur. Ebeveynler arasında en yüksek çırçır randımanı PG 820 (% 45.32) genotipinden, en düşük çırçır randımanı ise Pima S7 (% 38.8) genotipinden elde edilmiş, melezler arasında ise en yüksek çırçır randımanı % 44.22 ile Gloria x PG 820 melezinden, en düşük çırçır randımanı ise % 34.62 ile PG 300 x Pima S7 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında çırçır randımanına ilişkin Heterosis (H_t) ve Heterobeltiosis (H_b) değerleri (%) Çizelge 4.45'de verilmiştir.

F_1 melez populasyonlarındaki heterosis değerleri % -16 (PG 300 x Pima S7) ile % 1.65 (Gloria x PG 318ACP) arasında değişmiştir. Heterobeltiosise ilişkin değerler ise % -21.33 (BA707 x Pima S7) ile % 0.93 (PG 300 x PG 53) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri Lider (Mig119) genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : % -0.16, H_b : % -2.51), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Pima S7 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : % -11.05, H_b : % -15.24) elde edilmiştir (Çizelge 4.45).

Çizelge 4.45'e göre, ele alınan melez populasyonlarda çırçır randımanı özelliği yönünden ortalama % -3.31 oranında heterosis, % -6.21 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4. 44. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (V_r) ve Kovaryans (W_r) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	V _r	W _r
P(1)	42.2	43.34	42.38	43.5	42.31	43.51	40.11	44.15	42	39.5	42.30	2.322	3.120
P(2)		44.82	41.61	43.82	41.85	42.11	41.77	42.27	43.55	35.24	42.04	6.951	4.321
P(3)			41.32	43.36	42.35	42.02	40.32	44.02	41.8	35.75	41.49	5.273	4.107
P(4)				44.4	42.06	41.85	41.78	43.76	43.45	35.38	42.34	6.932	4.233
P(5)					42.1	42.29	41.31	<u>44.22</u>	42.06	36.37	41.69	4.198	3.225
P(6)						43.62	41.58	44	44.05	<u>34.62</u>	41.97	7.661	4.224
P(7)							39.18	38.65	38.64	35.1	39.84	4.509	2.745
P(8)								<u>45.32</u>	41.95	36.68	42.50	7.810	4.678
P(9)									43.38	38.33	41.92	4.064	3.861
P(10)										<u>38.8</u>	36.58	3.201	-0.948
F ₁ 'ler Genel Ort.											41.12		
Ebeveynler Ort.											42.51		
Genel Ort.											41.27		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 45. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-0.39	1.50	0.45	0.38	1.40	-1.41	0.90	-1.85	-2.45
	Hb		-3.28	0.44	-2.03	-0.37	-0.25	-4.96	-2.58	-3.19	-6.38
P(2)	Ht			-3.37	-1.76	-3.70	-4.77	-0.54	-6.21	-1.24	-15.70
	Hb			-7.13	-2.76	-6.62	-6.03	-6.77	-7.00	-2.80	-21.33
P(3)	Ht				1.17	1.54	-1.06	0.17	1.62	-1.29	-10.76
	Hb				-2.34	0.61	-3.68	-2.41	-2.88	-3.64	-13.48
P(4)	Ht					-2.76	-4.92	-0.03	-2.45	-1.01	-14.94
	Hb					-5.27	-5.75	-5.90	-3.44	-2.13	-20.3
P(5)	Ht						-1.34	1.65	1.18	-1.59	-10.09
	Hb						-3.06	-1.87	-2.42	-3.05	-13.62
P(6)	Ht							0.42	-1.06	1.25	-16.00
	Hb							-4.7	-2.92	0.93	-20.65
P(7)	Ht								-8.50	-6.39	-9.97
	Hb								-14.71	-10.92	-10.65
P(8)	Ht									-5.42	-12.78
	Hb									-7.44	-19.06
P(9)	Ht										-6.73
	Hb										-11.65
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamalar	Ht	-0.16	-4.19	-1.16	-2.92	-1.64	-2.90	-2.73	-3.64	-2.70	-11.05
	Hb	-2.51	-7.08	-3.83	-5.55	-3.96	-5.12	-6.99	-6.94	-4.88	-15.24
Ort. Ht: % -3.31 Ort. Hb: % -6.21											

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında çırçır randımına 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 yarım diallel tablo varyans analizinde, 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” ve dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃”, istatistiki açıdan %1 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 46. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Çırçır Randımına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	33.29	131.93**
b	45	2.42	9.60**
b ₁	1	15.71	62.28**
b ₂	9	5.02	19.89**
b ₃	35	1.38	5.45**
Hata	108	0.25	

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

Çizelge 4.46’da biyometrik olarak önemli 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.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda çırçır randımanı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.47’de verilmiştir.

Çizelge 4.47’de çırçır randımanı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (2.026) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, çırçır randımanı karakterini etkileyen genler arasında allelik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Çırçır randımanı için hesaplanan genetik parametrelerden, gen dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂) istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunurken, çırçır randımına ilişkin hesaplanan diğer parametreler ise istatistiki yönden önemsiz bulunmuştur. Çevre varyansının (E) önemsiz

olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.47)

Çizelge 4. 47. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Çırcır Randımanına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10.10)	SH
E	0.108	±1.041
D	5.128	±3.452
F	-3.128	±7.966
H ₁	12.675	±7.349
H ₂	17.478*	±6.245
D-H ₁	-7.547	±6.177
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.572	
(H ₂ /4H ₁)	0.345	
(KD/KR)	0.675	
h ²	6.209	±4.180
K= (h ² /H ₂)	0.355	
Hg	0.941	
Hd	0.240	
ryr, (W _r +V _r)	0.820	
t=1-b/SH _b	2.026	

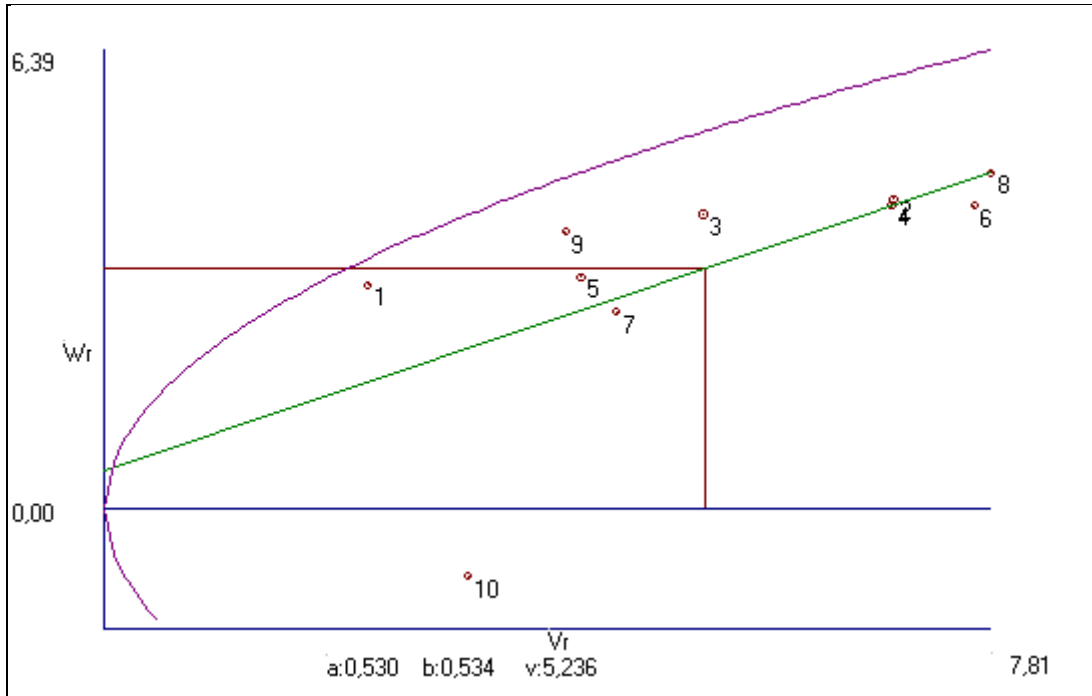
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, çırcır randımanı özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığı dominant gen etkilerinden H₂ komponentinin önemli bulunmasından ve eklemeli varyans ile dominantlık varyansı (D-H₁) değerinin eksi çıkmasından anlaşılmaktadır (Çizelge 4.47).

Çizelge 4.47’de ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den büyük (1.572) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.345) 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 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 deęer 1'in altında ($K=0.355$) bulunduęu iin etkili gen sayısı tespit edilememiřtir. İncelenen karakterin geniř anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.941 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.240 olarak bulunmuřtur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerek deęerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) pozitif (0.820) ıkması ıřır randımanı yksek olan ebeveynlerin resesif genlere sahip olduęunu gstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluřturduęu populusyonda ıřır randımanı bakımından hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) deęerlerine ait W_r - V_r grafięi řekil 4.8'de verilmiřtir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG820, 9-PG 53, 10-Pima S7

řekil 4. 8. ıřır Randımanı iin W_r/V_r Grafięi

řekil 4.8'de ıřır randımanı zellięi iin izilen W_r - V_r grafięi incelendięinde, regresyon hattı Y eksenini pozitif tarafta kestięinden ($a:0.530$) incelenen zellięin kalıtımında kısmi dominantlıęın olduęu anlařılmaktadır. Bunun aksine ortalama dominantlık derecesinde ($(H_1/D)^{1/2}=1.572$) ise stn dominantlıęın var olabileceęi grlmřtir. Grafik zerinde, analara ait noktaların daęılımından 1, 5, 7 ve 10 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha ok dominant genleri tařıdıkları, 2, 3, 4, 6, 8 ve 9 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha ok resesif genleri tařıdıkları anlařılmaktadır. 1, 9 ve 10 numaralı genotiplere ait noktaların regresyon doęrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceęini gstermektedir.

Çırçır randımanına 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. 10x10 Yarımlı F₁ Generasyonlarında Çırçır Randımanına (%) İlişkin 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	9	299.5713	33.2857	396.25	**	13.74
ÖUY	45	109.0084	2.42241	28.83	**	
Hata	108	9.073	0.084			

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

Çizelge 4.48’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.49 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin PG 820 (1.267) anacından, en düşük GUY etkisinin Pima S7 (-4.216) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip PG 820 anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (% 45.32) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip Pima S7 anacı da fenotipik olarak en düşük değer (% 38.8) göstermiştir (Çizelge 4.44).

Çizelge 4.49’da görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkileri 1.376 ile PG 300 x PG 53, 1.287 ile BA 525 x PG 820 ve 1.257 ile Gloria x PG 820 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyonlarda fenotipik değerler de yine en yüksek (% 44.05, 44.05 ve 44.22) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -3.222 ile PG 300 X Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama çırçır randımanı ise düşük (% 34.62) bulunmuştur (Çizelge 4.44).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, BA 525 (0.053) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve Pima S7 (-1.637) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Çizelge 4. 49. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Çırçır Randımanına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		0.295	0.086	0.150	-0.220	0.631**	-0.637**	0.677**	-0.826**	-1.513**	0.828**
BA 707			-0.695**	0.565*	-0.688**	-0.780**	1.018**	-1.214**	0.717**	-2.755**	0.835**
BA 525				0.850**	0.560**	-0.125	0.310	<u>1.287</u> **	-0.286	-1.507**	0.091
PG 910					-0.683**	-1.248**	0.820**	0.077	0.411	-2.820**	1.041**
Gloria						-0.085	1.073**	<u>1.257</u> **	-0.259	-1.114**	0.321**
PG 300							0.985**	0.682**	<u>1.376</u> **	<u>-3.222</u> **	0.676**
PG 318ACP								-2.530**	-1.893**	-0.597*	-1.462**
PG 820									-1.315**	-1.746**	<u>1.267</u> **
PG 53										0.544*	0.620**
Pima S7											<u>-4.216</u> **
ÖUY Diziler											
Ort.	-0.151	-0.393	0.053	-0.209	-0.018	-0.198	-0.161	-0.314	-0.170	-1.637	
ÖUY Genel											
Ort.	-0.320										

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

Oluşturulan F_1 melez populasyonlarında çırçır randımanı yönünden, ortalama % -3.31 oranında heterosis, % -6.21 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.45), çırçır randımanı yönünden melez azmanlığının düşük ve olumsuz düzeyde olduğunu göstermektedir. Benzer şekilde çırçır randımanı için negatif heterosis Başal (2001), Karademir (2005) ve Boyacı (2011) tarafından da bulunmuştur.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.46). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyanslarından (H_2)'nin önemli ve $D-H_1$ 'in negatif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.47). 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 4.48). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954)'a göre yapılan analiz esas alındığında çırçır randımanı yönünden dominantlık varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için benzer şekilde, Efe (1994) dominant genlerin etkin olduğunu bildirmiştir.

Ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (1.572) olması üstün dominantlığın var olabileceğine işaret ederken bunun aksine W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Bu durum, grafikte görülen epistatik gen etkisinden kaynaklanmıştır.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, yüksek çırçır randımanına sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.240 olarak düşük bulunmuştur. Bu özellik için dar anlamda kalıtım derecesini, Boyacı (1983) 0.86, Efe ve Genç (1995b) 0.39 olarak tespit etmişlerdir.

Bu çalışmada çırçır randımanı özelliği için dominantlık varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.10. Erkencilik Oranı (%)

10 pamuk genotipinin ve bunlardan elde edilen melezlerin erkencilik oranına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.50’de verilmiştir.

Çizelge 4.50’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama erkencilik oranı % 62.80 olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynler ortalaması % 64.97 olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması % 62.32 olarak gerçekleşmiştir. Erkencilik oranı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Lider (Mig119), PG 53 ve BA 707 genotiplerinin dahil olduğu diziler en yüksek ortalama değeri (% 72, 71.27, 70.73) verirken, Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (% 36.90) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek erkencilik oranı PG 53 (% 79.78) genotipinden, en düşük erkencilik oranı Pima S7 (% 23.66) genotipinden elde edilmiş olup, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek erkencilik oranı % 82.69 ile Lider (Mig199) x PG 53 melezinden, en düşük erkencilik oranı ise %23.65 ise Gloria x Pima S7 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonunda erkencilik oranına ilişkin Heterosis (H_t) ve Heterobeltiosis (H_b) değerleri (%) Çizelge 4.51’de verilmiştir.

F_1 melez populasyonlarındaki heterosis değerleri % -42.75 (Gloria x Pima S7) ile % 15.09 (PG 318ACP x PG 820) arasında değişmiştir. Heterobeltiosise ilişkin değerler ise % -62.49 (PG 318ACP x Pima S7) ile % 6.55 (Gloria x PG 300) arasında değişim göstermiştir. En fazla heterosis ve heterobeltiosis Lider (Mig119)’in anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : % 2.37, H_b : % -8.12), en düşük heterosis ve heterobeltiosis Pima S7 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : % -18.08, H_b : % -45.01) saptanmıştır (Çizelge 4.51).

Ele alınan melez populasyonlarında bu özellik yönünden ortalama % -4.81 oranında heterosis, % -16.25 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.51).

Çizelge 4. 50. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	76.69	81.25	59.67	75.67	75.44	76.33	62.06	75.63	<u>82.69</u>	54.53	72.00	93.830	85.737
P(2)		78.71	76.51	74.56	61.47	64.56	79.47	70.18	75.78	44.81	70.73	135.866	186.601
P(3)			70.81	73.65	67.37	64.37	59.58	63.14	70.97	33.98	64.01	150.728	162.066
P(4)				67.44	60.34	54.15	58.99	58.12	63.1	47.94	63.40	93.912	116.384
P(5)					59.02	62.96	70.98	63.29	73.71	<u>23.65</u>	61.82	216.631	226.149
P(6)						58.71	55.13	53.66	66.22	31.53	58.76	148.944	168.142
P(7)							78.81	77.42	82.69	29.48	65.46	263.578	216.233
P(8)								56.09	68.02	29.71	61.53	198.144	225.427
P(9)									<u>79.78</u>	49.69	71.27	105.716	154.918
P(10)										<u>23.66</u>	36.90	134.961	124.302
F ₁ 'ler Genel Ort.											62.32		
Ebeveynler Ort.											64.97		
Genel Ort.											62.80		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 51. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		4.74	-19.08	5.10	11.13	12.79	-20.06	14.10	4.05	8.57
	Hb		1.81	-22.21	-1.26	-1.68	-0.39	-21.09	-1.39	2.10	-28.95
P(2)	Ht			2.69	2.61	-10.38	-5.72	1.16	4.46	-4.24	-11.52
	Hb			-2.19	-4.46	-21.20	-17.28	-1.19	-10.51	-5.48	-42.44
P(3)	Ht				6.89	3.82	-0.52	-20.18	-0.25	-5.46	-28.03
	Hb				4.37	-4.74	-8.91	-24.27	-10.67	-10.75	-52.01
P(4)	Ht					-4.45	-14.08	-19.17	-5.71	-14.11	5.26
	Hb					-10.28	-19.53	-25.04	-13.8	-20.76	-28.95
P(5)	Ht						6.95	3	10.4	6.42	-42.75
	Hb						6.55	-9.9	5.39	-7.28	-59.94
P(6)	Ht							-19.84	-6.51	-4.3	-23.48
	Hb							-30.06	-10.92	-16.84	-46.31
P(7)	Ht								15.09	4.46	-42.22
	Hb								-1.67	3.76	-62.49
P(8)	Ht									0.58	-24.73
	Hb									-14.52	-46.36
P(9)	Ht										-3.82
	Hb										-37.62
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	2.37	-1.80	-6.68	-4.18	-1.76	-6.08	-10.86	0.83	-1.82	-18.08
	Hb	-8.12	-11.44	-14.60	-13.30	-11.45	-15.97	-19.11	-11.61	-11.93	-45.01
Ort. Ht: % -4.81		Ort. Hb: % -16.25									

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında erkencilik oranına 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”, 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 ve ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “ b_1 ” istatistiki açıdan %5 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 52. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	1151.55474	19.27**
b	45	49.230257	4.67**
b_1	1	57.49537	5.45*
b_2	9	35.543688	3.37**
b_3	35	52.5135	4.98**
Hata	108	10.538417	

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

Çizelge 4.52’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.

10 pamuk genotipinin yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda erkencilik oranı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.53’de verilmiştir.

Çizelge 4.53’de erkencilik oranı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (1.672) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, erkencilik oranı karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Erkencilik oranı için hesaplanan genetik parametrelerden, eklemeli gen varyansı (D) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre

varyansının (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4. 53. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH
E	3.644	±19.652
D	294.643**	±65.177
F	-75.640	±150.383
H ₁	238.624	±138.735
H ₂	501.962**	±117.910
D-H ₁	56.019	±116.609
(H ₁ /D) ^{1/2}	0.900	
(H ₂ /4H ₁)	0.526	
(KD/KR)	0.750	
h ²	21.961	±78.924
K= (h ² /H ₂)	0.044	
Hg	0.936	
Hd	0.473	
ryr, (Wr+Vr)	0.018	
t=1-b/SH _b	1.672	

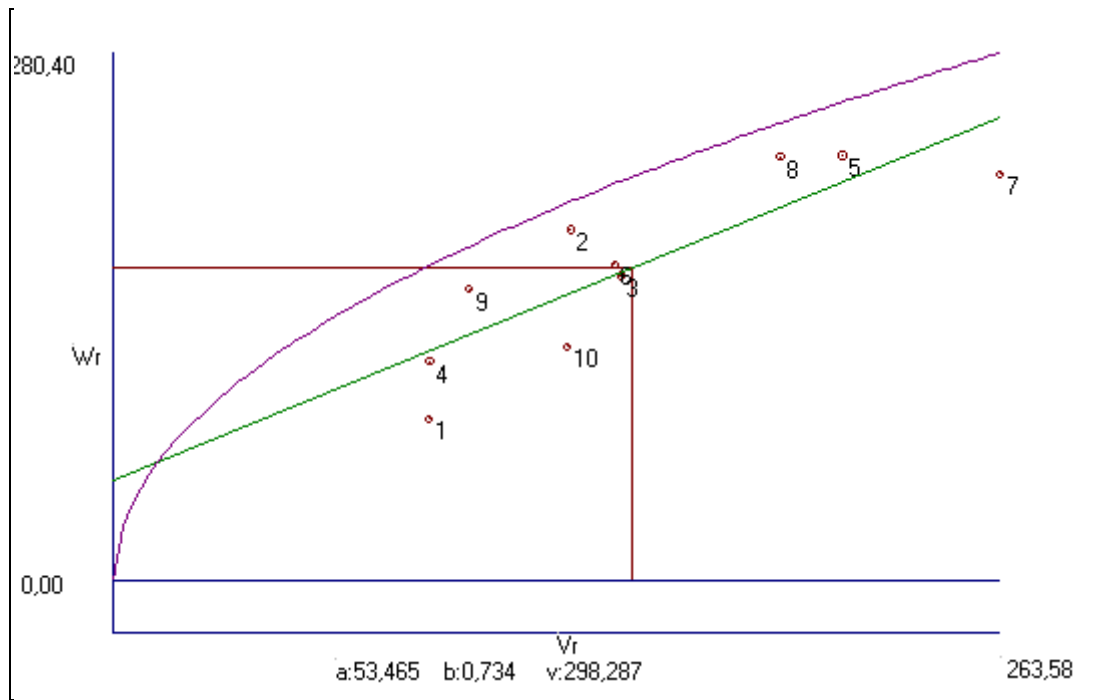
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂) önemli bulunmaları ve D-H₁ değerinin pozitif çıkması erkencilik oranı özelliğinin ortaya çıkışında eklemeli gen etkisinin daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.53).

Çizelge 4.53’de ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den küçük (0.900) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) pozitif olması eklemeli gen varyansının dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının (H₂/4H₁) 0.25’den farklı (0.526) bulunması b₂ alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığını anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin negatif (-75.640) bulunmuş olması, resesif allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den küçük (0.750) olması da resesif allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen

karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.044$) 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 0.473 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) pozitif (0.018) çıkması erkencilik oranı yüksek olan ebeveynlerin resesif genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda erkencilik oranı bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.9'da verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 9. Erkencilik Oranı için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.9'da erkencilik oranı açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:53.465$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den küçük (0.900) olması (Çizelge 4.53) kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir. Anaçlara ait noktaların dağılımında 1, 2, 3, 4, 6, 9 ve 10 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 5, 7 ve 8 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır.

Erkencilik oranına ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.54’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.55’de verilmiştir.

Çizelge 4. 54. 10x10 Yarımlı F₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin 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	9	10363.99	1151.554736	327.81	**	23.39
ÖUY	45	2215.362	49.23025677	14.01	**	
Hata	108	379.383	3.513			

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

Çizelge 4.54’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den yüksek olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen D-H₁’in pozitif olması bulgusunu desteklemektedir.

Çizelge 4.55 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Lider (Mig119) (8.727), PG 53 (8.378) ve BA 707 (7.953) ebeveynlerinden, en düşük GUY etkisinin Pima S7 (-24.824) ebeveyninden elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip ebeveynler fenotipik olarak da yüksek değere (% 76.69, 79.78 ve 78.71) sahip olmuşlar ve en düşük GUY etkisine sahip ebeveyn de fenotipik olarak en düşük değer (% 23.66) göstermiştir (Çizelge 4.50).

Çizelge 4.55’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 12.669 ile PG 318ACP x PG 820 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerde yüksek (% 77.42) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -13.527 ile Lider (Mig119) x BA 525 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait ortalama erkencilik oranı da düşük fenotipik değer (% 59.67) göstermiştir (Çizelge 4.50). Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Lider (Mig119) (0.787) ve PG 820 (0.774) genotiplerinin dahil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek, Pima S7 (-2.339) ve PG 318ACP (-1.975) genotiplerinin dahil olduğu diziler ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Çizelge 4. 55. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Erkencilik Oranına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		1.788	-13.527**	3.257*	5.042**	8.508**	-13.017**	5.722**	1.469	7.844**	8.727**
BA 707			4.087**	2.924	-8.154**	-2.488	5.167**	1.047	-3.333*	-1.095	7.953**
BA 525				8.273**	4.008**	3.584*	-8.458**	0.275	-1.875	-5.663**	1.691**
PG 910					-2.235	-5.849**	-8.270**	-3.964**	-8.961**	9.124**	0.907
Gloria						4.980**	5.742**	3.228*	3.665*	-13.197**	-1.112*
PG 300							-7.529**	-3.827*	-1.246	-2.738	-3.688**
PG 318ACP								12.669**	7.966**	-12.049**	3.570**
PG 820									-1.538	-6.640**	-1.602**
PG 53										3.357*	8.378**
Pima S7											-24.824**
ÖUY Diziler Ort.	0.787	-0.006	-1.032	-0.633	0.342	-0.734	-1.975	0.774	-0.055	-2.339	
ÖUY Genel Ort.	-0.487										

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

Üzerinde çalışılan populasyonda erkencilik oranı yönünden, ortalama % -4.81 oranında heterosis, % -16.25 oranında heterobeltiosis elde edilmesi (Çizelge 4.51), bu özellik yönünden melez azmanlığının olumsuz ve düşük düzeyde olduğunu belirtmektedir. Bu özellik için benzer şekilde, Kandhro (1982), Başal (2001) ve Gençler ve Güvercin (2003) olumsuz yönde heterosis bildirmişlerdir.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.52). Yarım diallel melez analizi sonucunda, eklemeli varyans (D), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2)'nin önemli ve D- H_1 'in pozitif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.53). 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 4.54). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında eklemeli varyans (D) açısından sonuçların benzer olduğu görülmektedir. Bu durumda erkencilik oranı yönünden eklemeli gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için, Efe (1994) ve Başal (2001) dominant, Kiani (2003) ve Kiani ve ark. (2007) eklemeli olmayan, Karademir (2005) ve Çiçek ve Kaynak (2008) eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Ortalama dominantlık derecesinin (H_1/D)^{1/2} 1'den küçük (0.900) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, yüksek erkencilik oranına sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.473 olarak düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada erkencilik oranı özelliği için eklemeli gen varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özelliğin ıslahında bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.11. Lif Uzunluğu (mm)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin lif uzunluğuna ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.56'da verilmiştir.

Çizelge 4.56'da görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 'lere ait ortalama lif uzunluğu değeri 31.44 mm olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait lif uzunluğu ortalaması 30.36 mm olurken, F_1 melez kombinasyonlarının lif uzunluğu ortalaması 31.68 mm olarak gerçekleşmiştir. Lif uzunluğu yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden küçük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (36.08 mm) verirken, PG 53 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (30.42 mm) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek lif uzunluğu değeri Pima S7 (34.51 mm) genotipinden, en düşük lif uzunluğu değeri BA 707 (30.42 mm) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek lif uzunluğu 37.42 mm ile BA 707 x Pima S7 melezinden, en düşük lif uzunluğu 28.84 mm ile BA 707 x PG 53 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif uzunluğuna ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.57'de verilmiştir.

Çizelge 4.57'de, F_1 melez populasyonlarındaki lif uzunluğuna ait heterosis değerleri % -2.62 (BA 525 x PG 910) ile % 18.26 (BA 707 x Pima S7) arasında değişmiştir. Heterobeltiosis ilişkili değerler ise % -5.4 (Gloria x PG 53) ile % 9.57 (Lider (Mig119) x BA 525) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Pima S7'nin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 12.58, Hb: % 5.05), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Gloria genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 1.96, Hb: % -1.19) elde edildiği görülmektedir.

Ele alınan melez populasyonlarında lif uzunluğu özelliği yönünden ortalama % 4.26 oranında heterosis, % 1.39 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.57).

Çizelge 4. 56. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	29.33	30.44	32.23	29.7	30.03	32.24	30.48	29.84	28.96	33.23	30.65	2.222	1.623
P(2)		<u>28.78</u>	29.97	30.08	30.34	30.62	30.43	30.02	<u>28.84</u>	<u>37.42</u>	30.69	6.293	3.811
P(3)			29.7	28.98	30.95	30.97	30.85	30.42	31.44	37.12	31.26	5.344	3.053
P(4)				29.84	30.94	30.91	30.81	29.64	30.09	36.84	30.78	5.387	3.499
P(5)					31.55	31.67	33.39	30.01	29.84	36.47	31.52	4.349	3.155
P(6)						30.52	30.19	29.9	30.17	37.41	31.46	5.135	3.156
P(7)							30.62	32.11	30.84	37.05	31.68	4.753	3.203
P(8)								29.54	31.2	37.1	30.98	5.492	3.220
P(9)									29.24	33.6	30.42	2.490	1.699
P(10)										<u>34.51</u>	36.08	2.912	-0.440
F ₁ 'ler Genel Ort.											31.68		
Ebeveynler Ort.											30.36		
Genel Ort.											31.44		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 57. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		4.79	9.19	0.37	-1.36	7.74	1.67	1.37	-1.08	4.11
	Hb		3.40	9.57	-0.92	-4.81	5.67	-0.45	0.52	-1.66	-3.70
P(2)	Ht			2.51	2.64	0.61	3.36	2.45	3.00	-0.50	18.26
	Hb			0.86	0.81	-3.83	0.40	-0.61	1.65	-0.48	8.43
P(3)	Ht				-2.62	1.09	2.93	2.32	2.71	6.71	15.61
	Hb				-3.16	-1.88	1.6	0.78	1.88	5.88	7.56
P(4)	Ht					0.84	2.49	1.94	-0.16	1.9	14.57
	Hb					-1.92	1.36	0.64	-0.78	0.9	6.8
P(5)	Ht						2.08	7.43	-1.73	-1.8	10.45
	Hb						0.4	5.84	-4.87	-5.4	5.72
P(6)	Ht							-1.19	-0.39	1.01	15.11
	Hb							-2.22	-1.96	-1.07	8.42
P(7)	Ht								6.76	3.03	13.79
	Hb								4.73	0.75	7.38
P(8)	Ht									6.22	15.86
	Hb									5.66	7.51
P(9)	Ht										5.42
	Hb										-2.63
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	2.98	4.12	4.49	2.44	1.96	3.68	4.24	3.74	2.32	12.58
	Hb	0.85	1.18	2.57	0.41	-1.19	1.40	1.87	1.59	0.22	5.05
Ort. Ht: % 4.26		Ort. Hb: % 1.39									

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif uzunluğuna ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.58’de verilmiştir.

Çizelge 4.58’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 “ b_2 ”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “ b_3 ” istatistiki olarak %1 düzeyinde ve ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “ b_1 ” istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 58. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalamaları (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	27.07323	63.60**
b	45	1.8606586	4.37**
b_1	1	14.277608	33.54**
b_2	9	3.3264696	7.81**
b_3	35	1.1290	2.65**
Hata	108	0.425658	

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

Çizelge 4.58’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.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda lif uzunluğu için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.59’de verilmiştir.

Çizelge 4.59’da lif uzunluğu açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (1.382) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, lif uzunluğu karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Lif uzunluğu (10x10) için hesaplanan genetik parametrelerden dominant gen varyansı (H_1), genlerin dağılımına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) ve heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h^2) istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuş, diğer genetik parametreler ise istatistiki açıdan önemsiz bulunmuşlardır.

Çizelge 4. 59. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10x10)	SH
E	0.158	±0.559
D	2.748	±1.855
F	-4.832	±4.279
H ₁	9.824*	±3.947
H ₂	14.442**	±3.355
D-H ₁	-7.076	±3.318
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.891	
(H ₂ /4H ₁)	0.368	
(KD/KR)	0.365	
h ²	5.607*	±2.246
K= (h ² /H ₂)	0.388	
Hg	0.904	
Hd	0.152	
ryr, (Wr+Vr)	-0.509	
t=1-b/SH _b	1.382	

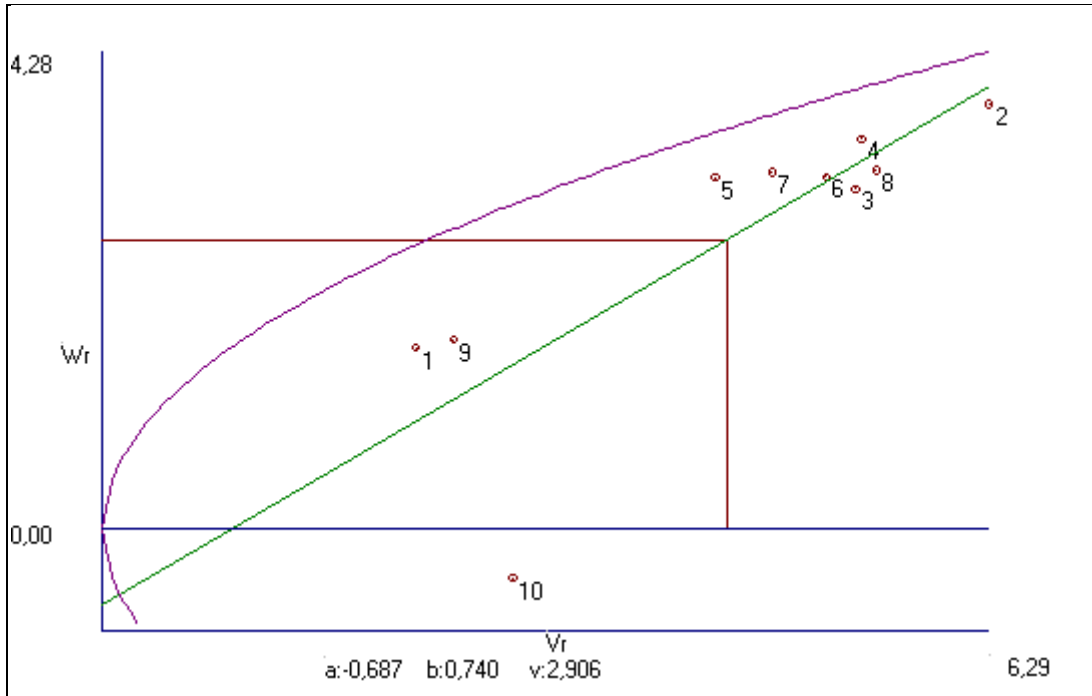
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, dominantlık varyanslarının (H₁ ve H₂) önemli bulunmaları ve D-H₁ değerinin negatif çıkması lif uzunluğu özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.59).

Çizelge 4.59'da ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1'den büyük (1.891) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.368) 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 (-4.832) bulunmuş olması, resesif allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den küçük (0.365) olması da resesif allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına K= (h²/H₂) ait değer 1'in altında (K=0.388) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (Hg) 0.904 ve dar anlamda kalıtım derecesi (Hd) ise 0.152 olarak bulunmuştur.

Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (r_{yr} , (W_r+V_r)) negatif (-0.509) çıkması ele alınan özellik bakımından yüksek değerlere sahip anacın (Pima S7) dominant genleri taşıdığını ortaya koymaktadır. Ancak, Şekil 4.10'da görüldüğü üzere lif uzunluğu düşük 1 ve 9 numaralı genotiplerinde dominant gen taşıdığı görülmektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda lif uzunluğu bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.10'da verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 10. Lif Uzunluğu için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.10'da lif uzunluğu açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a:-0.687$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (1.891) olması (Çizelge 4.59) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1, 9 ve 10 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 2, 3, 4, 5, 6, 7 ve 8 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır. Ayrıca, 10 numaralı anaca ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Lif uzunluğuna 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. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin 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	9	248.9918	27.66575333	208.88	**	24.39
ÖUY	45	51.04306	1.134290303	8.56	**	
Hata	108	14.304	0.132			

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

Çizelge 4.60'da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1'den büyük olmuştur. Bu oranın 1'den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.61 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Pima S7 (4.114) anacından, en düşük GUY etkisinin PG 53 (-1.035) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Pima S7 anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (34.51 mm) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip PG 53 anacı da fenotipik olarak düşük değer (29.24 mm) göstermiştir (Çizelge 4.56).

Çizelge 4.61'de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkileri 2.708 ile BA 707 x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de yine en yüksek (37.42 mm) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -1.492 ile Lider (Mig119) x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait lif uzunluğu değeride düşük (33.23 mm) bulunmuştur (Çizelge 4.56).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Pima S7 (1.147) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek, Gloria (0.008) genotiplerinin dahil olduğu dizi ise pozitif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.61).

Çizelge 4. 61. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonunda Lif Uzunluğuna (mm) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		0.684*	1.918**	-0.220	-0.646*	1.698**	-0.253	-0.218	-0.607	-1.492**	-0.839**
BA 707			-0.332	0.166	-0.330	0.090	-0.290	-0.032	-0.724*	2.708**	-0.848**
BA 525				-1.483**	-0.269	-0.112	-0.419	-0.184	1.327**	1.853**	-0.296**
PG 910					0.106	0.213	-0.078	-0.570	0.365	1.970**	-0.684**
Gloria						0.220	1.750**	-0.959**	-0.637*	0.844**	0.072
PG 300							-1.313**	-0.932**	-0.174	1.915**	-0.062
PG 318ACP								1.088**	0.303	1.367**	0.125
PG 820									1.341**	2.089**	-0.546**
PG 53										-0.926**	-1.035**
Pima S7											4.114**
ÖUY Diziler Ort. ÖUY Genel Ort.	0.096	0.215	0.255	0.052	0.008	0.178	0.239	0.180	0.029	1.147	

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

Oluşturulan F₁ melez populasyonlarında lif uzunluğu yönünden ortalama % 4.26 oranında heterosis, % 1.39 oranında heterobeltiosis saptanmıştır (Çizelge 4.56). Lif uzunluğu yönünden F₁ melez gücünün olumlu ve düşük olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Al-Rawi ve Kohel (1969) % 2.8, Baloch ve ark. (1995) % 3.65 ve Ünay ve ark. (1995) % -3.25 oranında heterosis bulmuşlardır.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b₁, b₂, b₃) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.58). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları (H₁ ve H₂) önemli ve eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) negatif olduğu bulunmuştur (Çizelge 4.59). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı ve dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.60). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954)'a göre yapılan analiz esas alındığında lif uzunluğu yönünden dominant gen varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için, Meredith ve Bridge (1971) dominant, Kanoktip (1987), Tarıq ve ark. (1992), Başal (2001), Karademir (2005), Antonio de Aguiar ve ark. (2007), Minhas ve ark. (2008) eklemeli, Ünay (1993), Mukhtar ve ark. (2000), Ilyas ve ark. (2007), Hussain ve ark. (2010) üstün dominant, Luckett (1989), Çiçek ve Kaynak (2008) hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1'den büyük (1.891) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, yüksek lif uzunluğuna sahip genotipin (Pima S7) dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.152 olarak düşük bulunmuştur. Bu özellik için dar anlamda kalıtım derecesini, Al-Rawi ve Kohel (1969) 0.56, Boyacı (1983) 0.92, Ünay ve ark. (1995) 0.68 olarak tespit etmişlerdir.

Bu çalışmada lif uzunluğu özelliği için dominantlık varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik üzerine yapılacak ıslahı çalışması için bulk yönteminin kullanılmasının daha elverişli olabileceğini göstermektedir.

4.12. Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)

10 pamuk genotipin ve bunlardan elde edilen melezlerin lif kopma dayanıklılığına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.62’de verilmiştir.

Çizelge 4.62’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama lif kopma dayanıklılığı 35.35 g/tex olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynler ortalaması 34.86 g/tex olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması 35.46 g/tex olarak gerçekleşmiştir. Lif kopma dayanıklılığı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden düşük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (42.86 g/tex) verirken, PG 53 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (33.30 g/tex) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek lif kopma dayanıklılığı değeri Pima S7 (47.56 g/tex) genotipinden, en düşük lif kopma dayanıklılığı değeri PG 53 (29.46 g/tex) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek lif kopma dayanıklılığı 45.88 g/tex ile BA 707 x Pima S7 melezinden, en düşük lif kopma dayanıklılığı ise 30.25 g/tex ile BA 707 x PG 53 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif kopma dayanıklılığına ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.63’de verilmiştir.

Çizelge 4.63’de F_1 melez populasyonlarındaki lif kopma dayanıklılığına ait heterosis değerleri % -11.68 (PG 910 x PG 300) ile % 17.21 (BA 707 x PG 318ACP) arasında değişmiştir. Heterobeltiosise ilişkin değerler ise % -17.61 (PG 910 x PG 300) ile % 6.78 (PG 820 x PG 53) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, BA 707’nin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 4.36, Hb: % -2.45), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise PG 300 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -3.27, Hb: % -10.44) elde edilmiştir.

Ele alınan melez populasyonlarında lif kopma dayanıklılığı özelliği yönünden ortalama % 1.77 oranında heterosis, % -6.16 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.63).

Çizelge 4. 62. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	32.2	33.84	31.25	33.05	36.25	34.82	33.43	30.9	31.61	40.56	33.79	8.693	15.633
P(2)		30.83	31.74	30.97	32.7	33.08	40.42	32.41	<u>30.25</u>	<u>45.88</u>	34.21	25.302	24.679
P(3)			30.56	32.38	38	31.68	38.48	31.3	32.62	40.63	33.86	13.840	18.474
P(4)				32.43	33.78	30.87	33.79	31.32	33.01	41.63	33.32	10.090	14.433
P(5)					39.56	34.76	35.41	34.38	34.69	45.09	36.46	13.509	16.747
P(6)						37.5	38.67	34.07	31.83	44.35	35.16	17.252	21.356
P(7)							38.17	37.4	36.95	43.76	37.65	10.030	9.265
P(8)								30.36	32.38	39	33.35	8.624	15.125
P(9)									<u>29.46</u>	40.17	33.30	10.581	16.288
P(10)										<u>47.56</u>	42.86	8.579	13.184
F ₁ 'ler Genel Ort.											35.46		
Ebeveynler Ort.											34.86		
Genel Ort.											35.35		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 63. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobelthiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		7.49	-0.39	2.29	1.07	-0.07	-4.90	-1.22	2.59	1.72
	Hb		5.22	-2.87	1.71	-8.37	-7.08	-12.32	-4.16	-1.71	-14.64
P(2)	Ht			3.41	-2.03	-7.08	-3.11	17.21	5.92	0.37	17.04
	Hb			2.40	-4.48	-17.31	-11.73	5.97	3.22	-1.82	-3.50
P(3)	Ht				2.78	8.37	-6.84	12.06	2.75	8.68	4.01
	Hb				-0.17	-3.95	-15.44	0.99	1.09	6.74	-14.52
P(4)	Ht					-6.14	-11.68	-4.21	-0.24	6.65	4.12
	Hb					-14.61	-17.61	-11.36	-3.41	1.77	-12.38
P(5)	Ht						-9.79	-8.88	-1.64	0.52	3.55
	Hb						-12.13	-10.48	-13.09	-12.31	-5.11
P(6)	Ht							2.2	0.46	-4.9	4.29
	Hb							0.84	-9.07	-15.08	-6.69
P(7)	Ht								9.16	9.34	2.11
	Hb								-1.92	-3.06	-7.91
P(8)	Ht									8.29	0.12
	Hb									6.78	-17.98
P(9)	Ht										4.33
	Hb										-15.48
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	0.95	4.36	3.87	-0.94	-2.22	-3.27	3.79	2.62	3.99	4.59
	Hb	-4.91	-2.45	-2.86	-6.73	-10.82	-10.44	-4.36	-4.28	-3.80	-10.91
Ort. Ht: % 1.77		Ort. Hb: % -6.16									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif kopma dayanıklılığına 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”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “ b_2 ”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “ b_3 ” istatistiki olarak %1 düzeyinde ve ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “(b_1)” ise istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 64. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalamaları (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	105.35569	182.05**
b	45	3.5733442	6.17**
b_1	1	2.8857601	4.98*
b_2	9	3.6817009	6.36**
b_3	35	3.5651	6.16**
Hata	108	0.578706	

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

Çizelge 4.64’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.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonlarda lif kopma dayanıklılığı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.65’de verilmiştir.

Çizelge 4.65’de lif kopma dayanıklılığı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (2.063) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, lif kopma dayanıklılığı karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Lif kopma dayanıklılığı için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli

bulunmuştur. Çevre varyansının (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4. 65. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH
E	0.190	±1.778
D	33.631**	±5.896
F	1.264	±13.603
H ₁	17.815	±12.549
H ₂	40.844**	±10.665
D-H ₁	15.816	±10.548
(H ₁ /D) ^{1/2}	0.728	
(H ₂ /4H ₁)	0.573	
(KD/KR)	1.053	
h ²	1.031	±7.139
K= (h ² /H ₂)	0.025	
Hg	0.961	
Hd	0.660	
ryr, (Wr+Vr)	-0.279	
t=1-b/SH _b	2.063	

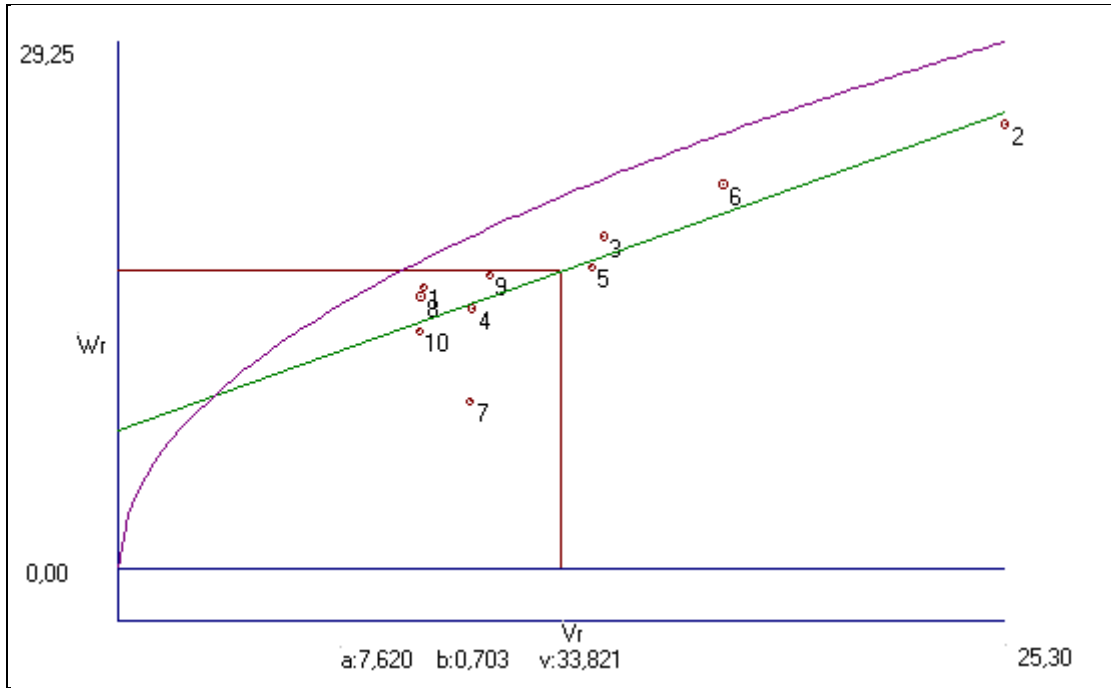
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂) önemli bulunmaları ve D-H₁ değerinin pozitif çıkması lif kopma dayanıklılığı özelliğinin ortaya çıkışında eklemeli gen etkisinin dominant gen etkisinden daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.65).

Çizelge 4.65’de ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den küçük (0.728) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) pozitif olması eklemeli gen varyansının dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının (H₂/4H₁) 0.25’den farklı (0.573) 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 pozitif (1.264) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den büyük

(1.053) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.025$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.961 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.660 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-0.279) çıkması lif kopma dayanıklılığı yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda lif kopma dayanıklılığı bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.11'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 11. Lif Kopma Dayanıklılığı için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.11'de lif kopma dayanıklılığı açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:7.620$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den küçük (0.728) olması (Çizelge 4.65) kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1, 4, 7, 8, 9 ve 10 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları 5, 3, 6 ve 2 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri

taşıdıkları anlaşılmaktadır. Ayrıca, 7 numaralı genotipe ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Lif kopma dayanıklılığına 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. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin 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	9	948.2012	105.3557	557.87	**	29.48
ÖUY	45	160.8005	3.573344	18.92	**	
Hata	108	20.396	0.189			

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

Çizelge 4.66'da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1'den büyük olmuştur. Bu oranın 1'den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen D-H₁'in pozitif olması bulgusunu desteklemektedir (Çizelge 4.65).

Çizelge 4.67 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Pima S7 (7.287) anacından, en düşük GUY etkisinin PG 53 (-2.191) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Pima S7 anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (47.56 g/tex) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip PG 53 anacı da fenotipik olarak en düşük değer (29.46) göstermiştir (Çizelge 4.62).

Çizelge 4.67'de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 4.606 ile BA 707 x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de yine en yüksek (45.88 g/tex) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -3.359 ile Gloria x PG 318ACP kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait lif kopma dayanıklılığı değeri de düşük (35.41 g/tex) bulunmuştur (Çizelge 4.62).

Çizelge 4.67'de her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Pima S7 (0.525) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek, Gloria (-0.366) genotiplerinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Çizelge 4. 67. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Dayanıklılığına (g/tex) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		1.413**	-0.908**	1.212**	1.179**	0.998**	-2.502**	-0.819*	0.017	-0.514	-1.553**
BA 707			-0.618	-1.398**	-2.567**	-0.935**	4.135**	0.494	-1.539**	4.606**	-1.357**
BA 525				0.617	3.001**	-2.060**	2.623**	-0.337	1.096**	-0.376	-1,629**
PG 910					-0.896*	-2.547**	-1.740**	-0.001	1.813**	0.951**	-1.952**
Gloria						-1.903**	-3.359**	-0.177	0.254	1.172**	1.287**
PG 300							1.146**	0.772*	-1.348**	1.694**	0.032
PG 318ACP								1.986**	1.656**	-1.009**	2.145**
PG 820									1.305**	-1.533**	-2.071**
PG 53									-2.191**	-0.266	-2.191**
Pima S7											7.287**
ÖUY Diziler Ort.	0.008	0.399	0.337	-0.221	-0.366	-0.181	0.326	0.187	0.088	0.525	
ÖUY Genel Ort.	0.122										

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

Oluşturulan F_1 melez populasyonlarında lif kopma dayanıklılığı yönünden, ortalama % 1.77 oranında heterosis, % -6.16 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.63), lif kopma dayanıklılığı yönünden F_1 melez gücünün bu özellik açısından olumlu ve düşük olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Al-Rawi ve Kohel (1969), Meredith ve Bridge (1971), Ünay ve ark. (1995), Karademir (2005), Akışcan (2011) olumlu yönde, Boyacı (1983) ve Başal (2001) ise olumsuz yönde heterosis değerleri elde etmişlerdir.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.64). Yarım diallel melez analizi sonucunda eklemeli gen varyansı (D), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) önemli ve $D-H_1$ 'in pozitif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.65). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de eklemeli gen varyansına karşılık gelen GUY varyansı ve dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.66). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında eklemeli varyans açısından sonuçların benzer olduğu görülmektedir. Bu durumda lif kopma dayanıklılığı yönünden eklemeli gen varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz. İncelenen özelliğin yönetiminde eklemeli gen etkisinin olduğu sonucu, Kandhro (1982), Gülyaşar (1987), Efe (1994), Başal (2001), Rauf ve ark. (2006) tarafından bulunan sonuçlarla aynı doğrultudadır.

Ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den küçük (0.728) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, yüksek lif kopma dayanıklılığına sahip genotiplerin (Gloria, PG 318ACP ve Pima S7) dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.660 olarak yüksek bulunmuştur. Bu özellik için dar anlamda kalıtım derecesini, Al-Rawi ve Kohel (1969) 0.86 olarak tespit etmiştir.

Lif kopma dayanıklılığı özelliği için bu çalışmada eklemeli gen varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin yüksek bulunması, bu özelliğin ıslahında erken generasyonlarda yapılacak seleksiyonla başarı şansının yüksek olacağı fikrini vermektedir. Ayrıca bu özellik için pedigree ıslah yöntemiyle çalışılabileceği görülmektedir.

4.13. Lif İnceliği (mic.)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin lif inceliğine ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.68’de verilmiştir.

Çizelge 4.68’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama lif inceliği değeri 4.79 mic. olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait lif inceliği ortalaması 4.91 mic. olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması 4.76 mic. olarak gerçekleşmiştir. Lif inceliği yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden büyük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; PG 910 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (5.14 mic.) verirken, Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (4.12 mic.) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek lif inceliği değeri 5.58 mic. ile PG 910 genotipinden, en düşük lif inceliği değeri 3.79 mic. ile Pima S7 genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek lif inceliği 5.59 mic. ile Lider (Mig119) x PG 910 melezinden, en düşük lif inceliği değerleri ise 3.74 mic. ile PG 318ACP x Pima S7 ve 3.85 mic. ile BA 707 x Pima S7 melezlerinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif inceliğine ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.69’da verilmiştir.

Çizelge 4.69’da F_1 melez popülasyonlarındaki lif inceliğine ait heterosis değerleri % -15.78 (BA 707 x Gloria) ile % 7.70 (Lider (Mig119) x Pima S7); heterobeltiosis ilişkili değerler ise % -24.65 (BA 525 x Pima S7) ile % 2.21 (BA 707 x PG 53) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri Lider (Mig119)’in anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 1.61, Hb: %- 2.83), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Pima S7 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -5.58, Hb: % -16.95) elde edilmiştir.

Ele alınan melez popülasyonlarında lif inceliği özelliği yönünden ortalama % -2.97 oranında heterosis, % -8.69 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.69).

Çizelge 4. 68. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	5.09	5.02	5.07	<u>5.59</u>	4.92	4.99	4.68	5.24	5.28	4.78	5.07	0.076	0.126
P(2)		4.86	4.28	4.94	4.39	4.41	4.48	5.06	5.36	<u>3.85</u>	4.67	0.213	0.173
P(3)			5.31	4.99	5.03	5	4.32	4.86	4.59	4	4.75	0.185	0.184
P(4)				<u>5.58</u>	5.07	5.38	4.68	5.32	5.52	4.35	<u>5.14</u>	0.179	0.196
P(5)					4.91	4.87	4.48	5.25	5.15	4.14	4.82	0.138	0.174
P(6)						4.84	4.59	5.13	5.11	4.26	4.86	0.126	0.169
P(7)							4.15	4.45	4.7	<u>3.74</u>	4.43	0.097	0.142
P(8)								5.28	4.56	3.99	4.91	0.201	0.189
P(9)									5.24	4.33	4.98	0.173	0.129
P(10)										<u>3.79</u>	<u>4.12</u>	0.108	0.105
F ₁ 'ler Genel Ort.											4.76		
Ebeveynler Ort.											4.91		
Genel Ort.											4.79		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 69. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		0.95	-2.55	4.83	-1.66	0.53	1.34	1.08	2.31	7.70
	Hb		-0.20	-5.21	0.25	-3.35	-1.86	-8.01	-1.81	0.80	-6.07
P(2)	Ht			-15.78	-5.36	-10.18	-9.07	-0.64	-0.22	6.01	-10.96
	Hb			-19.31	-11.39	-10.62	-9.32	-7.96	-4.10	2.21	-20.78
P(3)	Ht				-8.32	-1.58	-1.4	-8.69	-8.04	-12.95	-12.11
	Hb				-10.55	-5.23	-5.69	-18.69	-8.61	-12.55	-24.65
P(4)	Ht					-3.24	3.26	-3.72	-1.9	2.11	-7.08
	Hb					-9	-3.5	-16.07	-4.52	-0.95	-21.99
P(5)	Ht						-0.06	-1.11	3.07	1.39	-4.71
	Hb						-0.75	-8.82	-0.46	-1.76	-15.57
P(6)	Ht							2.12	1.34	1.33	-1.17
	Hb							-5.24	-2.8	-2.5	-11.91
P(7)	Ht								-5.37	0.14	-5.8
	Hb								-15.5	-10.26	-9.83
P(8)	Ht									-13.21	-11.93
	Hb									-15	-24.31
P(9)	Ht										-4.16
	Hb										-17.44
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	1.61	-5.03	-7.94	-2.16	-2.01	-0.35	-2.41	-3.91	-1.89	-5.58
	Hb	-2.83	-9.05	-12.28	-8.64	-6.17	-4.84	-11.15	-8.57	-6.38	-16.95
Ort. Ht: % -2.97		Ort. Hb: % -8.69									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif inceliğine 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 “ 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 ” istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 70. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalamaları (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	1.07227	93.06**
b	45	0.054849	4.76**
b_1	1	0.1720227	14.93**
b_2	9	0.0606898	5.26**
b_3	35	0.0500	4.33**
Hata	108	0.011521	

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

Çizelge 4.70’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.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonlarda lif inceliği için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.71’de verilmiştir.

Çizelge 4.71’de lif inceliği açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli ($t=1-b/SH_b=3.278$) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için lif inceliği karakterini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük W_r-V_r değerine sahip diziyi oluşturan ebeveyn (PG 53) ve

melezleri çıkartılmış ve analiz 9x9 diallel şeması üzerinden yeniden yapıldığında “t” değeri önemsiz ($t=1-b/SHb=1.8$) çıkmıştır. Böylece lif inceliği açısından varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur. Lif inceliği için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 71. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

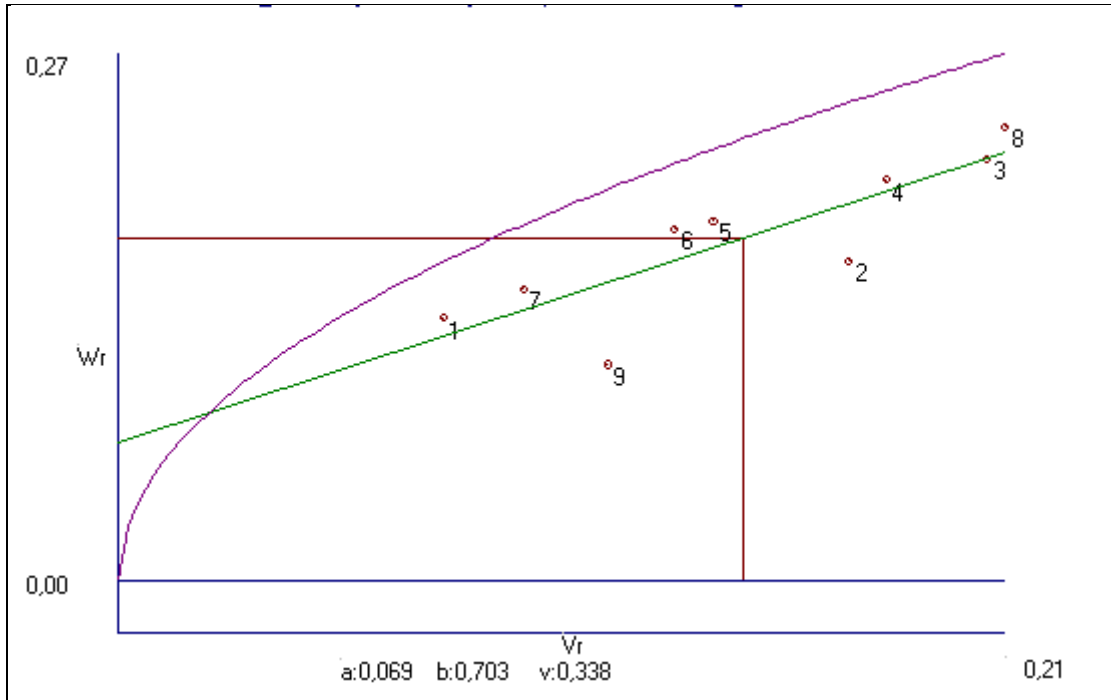
Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH	Tahminler (9X9)	SH
E	0.005	± 0.023	0.005	± 0.018
D	0.312**	± 0.078	0.334**	± 0.056
F	-0.009	± 0.179	-0.021	± 0.130
H_1	0.267	± 0.166	0.224	± 0.123
H_2	0.485**	± 0.141	0.468**	± 0.106
$D-H_1$	0.045	± 0.139	0.109	± 0.105
$(H_1/D)^{1/2}$	0.925		0.820	
$(H_2/4H_1)$	0.454		0.522	
(KD/KR)	0.971		0.925	
h^2	0.066	± 0.094	0.075	± 0.071
K	0.136		0.161	
Hg	0.916		0.925	
Hd	0.515		0.559	
ryr, (W_r+V_r)	0.661		0.716	
$t=1-b/SHb$	3.278*		1.8	

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) önemli bulunmaları ve $D-H_1$ değerinin pozitif çıkması lif kopma dayanıklılığı özelliğinin ortaya çıkışında eklemeli gen etkisinin dominant gen etkisinden daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.71).

Çizelge 4.71’de ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den küçük (0.820) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın ($D-H_1$) pozitif olması eklemeli gen varyansının dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının $(H_2/4H_1)$ 0.25’den farklı (0.522) 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 (-0.021) bulunmuş olması, resesif allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den küçük (0.925) olması da resesif allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.161$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.925 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.559 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) pozitif (0.716) çıkması lif inceliği yüksek olan ebeveynlerin resesif genlere sahip olduğunu göstermektedir (Şekil 4.12).

9 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonlar da lif inceliği bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.12'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-Pima S7

Şekil 4. 12. Lif İnceliği için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.12'de lif inceliği açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:0.069$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ($(H_1/D)^{1/2}$) 1'den küçük (0.820) olması (Çizelge 4.71) kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1, 7, ve 9 numaralı genotiplerin orijine

yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları 2, 3, 4, 5, 6 ve 8 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır.

Lif inceliğine 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. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin 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	9	9.650467	1.072274074	277.71	**	19.54
ÖUY	45	2.468206	0.054849024	14.20	**	
Hata	108	0.417	0.004			

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

Çizelge 4.72’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.73 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin PG 910 (0.363) anacından, en düşük GUY etkisinin Pima S7 (-0.637) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip PG 910 anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (5.58 mic.) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip Pima S7 anacı da fenotipik olarak en düşük değere (3.79) sahip olmuştur (Çizelge 4.68). Çizelge 4.73’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 0.461 ile BA 707 x PG 53 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de yüksek (5.36 mic.) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -0.575 ile PG 820 x PG 53 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait lif inceliği değeri de düşük (4.56 mic.) bulunmuştur (Çizelge 4.68). Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Lider (Mig119) (0.047) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek, BA 525 (-0.112) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Çizelge 4. 73. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Lif İnceliğine (mic.) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		0.073	0.012	0.182**	-0.167**	-0.117*	-0.011	0.048	0.034	0.372**	0.258**
BA 707			-0.418**	-0.114*	-0.343**	-0.347**	0.139**	0.218**	0.461**	-0.205**	-0.095**
BA 525				-0.169**	0.192**	0.142**	-0.126*	-0.08	-0.397**	-0.163**	0.01
PG 910					-0.114*	0.166**	-0.115*	0.027	0.17**	-0.162**	0.363**
Gloria						-0.017	0.006	0.275**	0.118*	-0.045	0.038*
PG 300							0.089	0.128**	0.054	0.048	0.065**
PG 318ACP								-0.126*	0.067	-0.059	-0.354**
PG 820									-0.575**	-0.307**	0.147**
PG 53										-0.027	0.204**
Pima S7											-0.637**
ÖUY Diziler Ort.	0.047	-0.060	-0.112	-0.014	-0.011	0.016	-0.015	-0.044	-0.011	-0.061	
ÖUY Genel Ort.	-0.026										

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

Üzerinde çalışılan F_1 melez populasyonlarında ortalama % -2.97 oranında heterosis ile % -8.69 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.69), lif inceliği yönünden F_1 melez gücünün negatif ve düşük olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Ünay (1993), Kaynak (1996), Başal (2001) ve Akışcan (2011) benze şekilde olumsuz yönde heterosis değerleri bildirmişlerdir.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b_1, b_2, b_3) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.70). Yarım diallel melez analizi sonucunda Eklemeli gen varyans (D), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) önemli ve $D-H_1$ 'in pozitif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.71). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de eklemeli varyansa karşılık gelen GUY ve dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.72). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında eklemeli varyans açısından sonuçların benzer olduğu görülmektedir. Bu durumda, lif inceliği yönünden eklemeli varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz. İncelenen özelliğin yönetiminde eklemeli gen etkisinin olduğu sonucu, Boyacı (1983), Gülyaşar (1987), Kanoktip (1987), Luckett (1989), Efe (1994), Toklu (1999) ve Karademir (2005) tarafından bulunan sonuçlarla aynı doğrultudadır.

Lif inceliği için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den küçük (0.820) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, yüksek lif inceliği değerine sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.559 olarak yüksek bulunmuştur. Bu özellik için dar anlamda kalıtım derecesini, Al-Rawi ve Kohel (1969) 0.08, Boyacı (1983) 0.68, Ünay ve ark. (1995) 0.90 olarak tespit etmiştir.

Bu çalışmada lif inceliği özelliği için eklemeli gen varyansının önemli, dar anlamda kalıtım derecesinin orta-yüksek bulunması, bu özelliğin ıslahında erken generasyonlarda yapılacak seleksiyonla başarı şansının yüksek olacağı fikrini vermektedir. Ayrıca bu özellik için pedigree ıslah yöntemiyle çalışılabileceği görülmektedir.

4.14. Kısa Lif Oranı (%)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin kısa lif oranına ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.74’de verilmiştir.

Çizelge 4.74’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama kısa lif oranı % 6.41 olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait kısa lif oranı ortalaması % 6.63 olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise % 3.36 olarak gerçekleşmiştir. Kısa lif oranı yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden büyük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Lider (Mig119) ve PG 300 genotiplerinin dahil olduğu diziler en yüksek ortalama değeri (% 6.73) verirken, Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (% 4.98) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek kısa lif oranı değeri PG 820 (% 8.16) genotipinden, en düşük kısa lif oranı değeri Pima S7 (% 4.69) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek kısa lif oranı % 7.88 ile BA 707 x PG 910 melezinden, en düşük kısa lif oranı ise % 4.82 ile PG 318ACP x Pima S7 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında kısa lif oranına ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.75’de verilmiştir.

Çizelge 4.75’de F_1 melez populasyonlarındaki kısa lif oranına ait heterosis değerleri % -124.07 (PG 820 x Pima S 7) ile % 19.14 (Gloria x PG 53) arasında değişmiştir. Heterobeltiosis ile ilişkin kısa lif oranına ait değerler ise % -40.20 (PG 820 x Pima S7) ile % 14 (Gloria x PG 53) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri Lider (Mig119)’in anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 4.68, Hb: % -1.29), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Pima S7 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -12.51, Hb: % -25.84) elde edilmiştir.

Ele alınan melez populasyonlarında kısırlı oranı özelliği yönünden ortalama % -3.77 oranında heterosis, % -10.38 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.75).

Çizelge 4. 74. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	6.31	6.38	6.96	6.63	6.69	6.8	7.08	7.76	6.78	5.91	6.73	0.406	0.372
P(2)		6.89	6.65	<u>7.88</u>	6.47	6.7	6.3	6.38	6.92	4.88	6.55	0.834	0.380
P(3)			7.26	7.2	6.5	7.04	6.17	6.93	6.72	5.01	6.64	0.743	0.559
P(4)				6.83	6.82	7.53	5.99	6.58	6.25	4.88	6.66	0.956	0.529
P(5)					5.98	6.35	5.67	5.99	7.45	4.84	6.28	0.648	0.286
P(6)						7.05	6.59	6.84	7.6	4.84	6.73	0.771	0.546
P(7)							6.56	6.04	6.66	<u>4.82</u>	6.19	0.481	0.297
P(8)								<u>8.16</u>	5.91	4.87	6.55	1.058	0.753
P(9)									6.53	5.07	6.59	0.727	0.171
P(10)										<u>4.69</u>	4.98	0.160	0.026
F ₁ 'ler Genel Ort.											6.36		
Ebeveynler Ort.											6.63		
Genel Ort.											6.41		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 75. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-3.44	2.85	0.87	9.16	2.11	10.12	7.30	5.51	7.68
	Hb		-7.33	-3.55	-2.85	5.46	-2.79	7.73	-4.68	2.66	-6.23
P(2)	Ht			-5.36	14.83	0.41	-3.53	-5.89	-14.90	3.56	-15.46
	Hb			-8.10	10.34	-6.05	-4.96	-8.01	-21.50	0.87	-28.95
P(3)	Ht				2.2	-1.46	-1.81	-10.31	-9.94	-2.43	-15.95
	Hb				-3.27	-9.69	-3.22	-14.27	-14.68	-6.68	-30.69
P(4)	Ht					6.2	8.57	-10.64	-12.02	-6.43	-15.14
	Hb					-0.9	4.3	-13.90	-18.67	-10.26	-28.36
P(5)	Ht						-2.01	-9.46	-14.9	19.14	-8.8
	Hb						-9.45	-13.56	-26.37	14	-18.47
P(6)	Ht							-2.76	-9.88	12.35	-17.35
	Hb							-5.92	-16.03	8.31	-31.08
P(7)	Ht								-17.76	1.92	-14.11
	Hb								-25.76	1.41	-26.39
P(8)	Ht									-19.06	-24.07
	Hb									-27.02	-40.2
P(9)	Ht										-9.36
	Hb										-22.16
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	4.68	-3.31	-4.69	-1.28	-0.19	-1.59	-6.54	-12.80	0.58	-12.51
	Hb	-1.29	-8.19	-10.46	-7.06	-7.23	-6.76	-10.96	-21.66	-4.32	-25.84
Ort. Ht: % -3.77		Ort. Hb: % -10.38									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında kısa lif oranına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.76’da verilmiştir.

Çizelge 4.76’da görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a” istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunurken, 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” istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4. 76. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	2.99736	11.43**
b	45	0.2644605	1.00
b ₁	1	0.5664065	2.16
b ₂	9	0.4624359	1.76
b ₃	35	0.2049	0.78
Hata	108	0.262047	

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

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonlarda kısa lif oranı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.77’de verilmiştir.

Çizelge 4.77’de kısa lif oranı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (2.17) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, kısa lif oranı karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Kısa lif oranı için hesaplanan genetik parametrelerden, dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4. 77. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH
E	0.086	±0.109
D	0.816	±0.362
F	0.098	±0.835
H ₁	1.807*	±0.770
H ₂	2.107*	±0.654
D-H ₁	-0.992	±0.647
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.489	
(H ₂ /4H ₁)	0.292	
(KD/KR)	1.084	
h ²	0.191	±0.438
K= (h ² /H ₂)	0.090	
Hg	0.708	
Hd	0.284	
ryr, (Wr+Vr)	0.933	
t=1-b/SH _b	2.17	

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

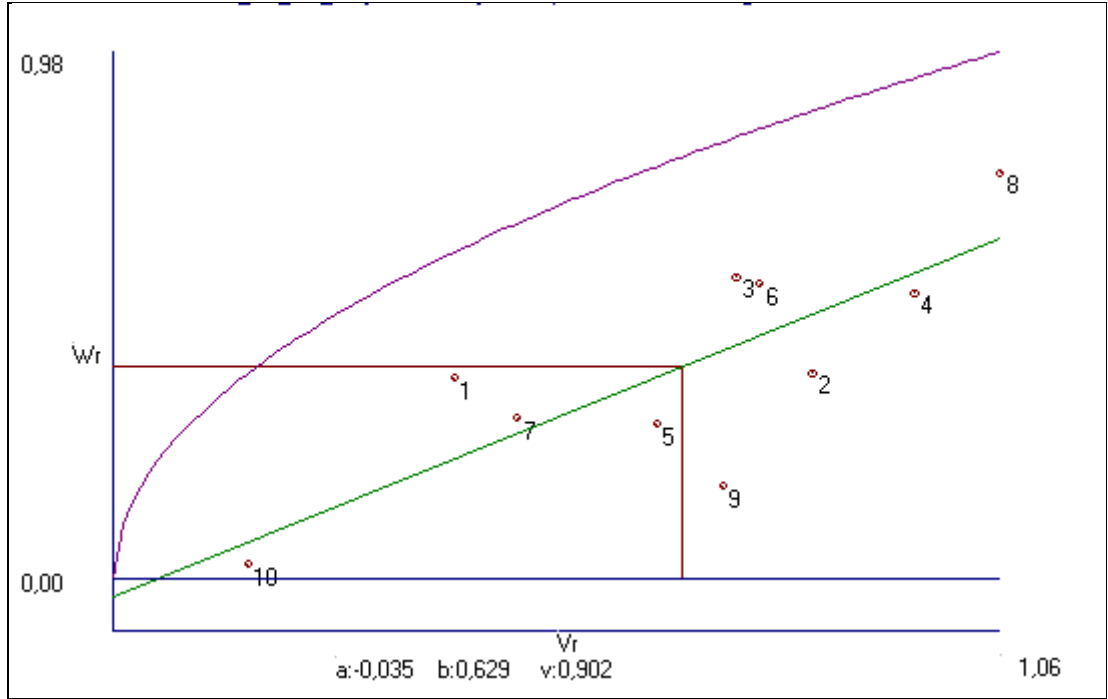
Diallel melez analizine göre, dominant gen varyansı (H₁), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂) önemli bulunmaları ve D-H₁ değerinin negatif çıkması kısa lif oranı özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin eklemeli gen etkisinden daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.77).

Çizelge 4.77’de ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den büyük (1.489) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.292) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (0.098) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den büyük (1.084) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına K= (h²/H₂) ait değer 1’in altında (K=0.090) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (Hg) 0.708 ve dar

anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.284 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) pozitif (0.933) çıkması kısa lif oranı düşük olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonlarda kısa lif oranı bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.13’de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 13. Kısa Lif Oranı için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.13’de kısa lif oranı açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a:-0.035$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ($(H_1/D)^{1/2}$) 1’den büyük (1.489) olması (Çizelge 4.77) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 10 numaralı genotipin orijine yakın olması nedeniyle bu karakter açısından daha çok dominant genleri taşıdığı, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 ve 9 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır.

Kısa lif oranına ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.78’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.79’da verilmiştir.

Çizelge 4. 78. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyolarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin 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	9	26.97625	2.997361	34.31	**	11.33
ÖUY	45	11.90072	0.264461	3.03	**	
Hata	108	9.434	0.087			

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

Çizelge 4.78’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.79 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin PG 300 (0.323) anacından, en düşük GUY etkisinin Pima S7 (-1.335) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip PG 300 anacı fenotipik olarak da yüksek değere (%7.05) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip Pima S7 anacı da fenotipik olarak en düşük değer (%4.69) göstermiştir (Çizelge 4.74).

Çizelge 4.79’da görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 1.078 ile BA 707 x PG 910 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de en yüksek (%7.88) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -0.917 ile PG 820 x PG 53 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait kısa lif oranı değeri de düşük (5.91) bulunmuştur (Çizelge 4.74).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Lider (Mig119) (0.136) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek, PG 820, Pima S7 ve PG 318ACP (-0.274, -0.210, -0.109) genotiplerinin dahil olduğu diziler ise negatif yönde en düşük değeri almışlardır (Çizelge 4.79).

Çizelge 4. 79. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Kısa Lif Oranına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-0.444	0.03	-0.281	0.173	-0.195	0.587*	0.829**	-0.051	0.579*	0.258**
BA 707			-0.177	1.078**	0.056	-0.182	-0.087	-0.441	0.199	-0.347	0.152
BA 525				0.282	-0.027	0.045	-0.33	-0.007	-0.117	-0.331	0.265**
PG 910					0.311	0.557*	-0.494*	-0.328	-0.565*	-0.435	0.242**
Gloria						-0.232	-0.42	-0.531*	1.029**	-0.088	-0.148
PG 300							0.029	-0.149	0.711**	-0.562*	0.323**
PG 318ACP								-0.453	0.267	-0.08	-0.173*
PG 820									-0.917**	-0.467	0.258**
PG 53										-0.161	0.158
Pima S7											-1.335**
ÖUY Diziler											
Ort.	0.136	-0,038	-0.070	0.014	0.030	0.002	-0.109	-0.274	0.044	-0.210	
ÖUY Genel Ort.	-0.047										

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

Oluşturulan F_1 melez populasyonlarında, kısa lif oranı yönünden, ortalama % -3.77 oranında heterosis ile % -10.38 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.75), kısa lif oranı özelliği için F_1 melez gücünün negatif ve düşük olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Boyacı (2011) benzer şekilde olumsuz yönde heterosis değeri bildirmiştir.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a) önemli bulunurken dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.76). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) önemli ve $D-H_1$ 'in negatif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.77). 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 4.78). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954)'a göre yapılan analiz esas alındığında kısa lif oranı yönünden dominant gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz. İncelenen özelliğin yönetiminde, Toklu (1999) üstün dominant, Cheatham ve ark. (2003) ve Antonio de Aguiar (2007) eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Kısa lif oranı için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (1.489) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, düşük kısa lif oran değerine sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.284 olarak düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada kısa lif oranı özelliği için dominantlık varyansının önemli ve dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik üzerine yapılacak ıslah çalışması için bulk yönteminin kullanılmasının daha uygun olabileceğini göstermektedir.

4.15. Lif Uzunluk Uyum İndeksi (Uniformity Index) (%)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin lif uzunluk uyum indeksine ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.80’de verilmiştir.

Çizelge 4.80’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama lif uzunluk uyum indeksi % 84.74 olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait lif uzunluk uyum indeksi ortalaması % 84.69 olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması % 84.74 olarak gerçekleşmiştir. Lif uzunluk uyum indeksi yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değere yaklaşık olarak eşit çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (% 85.32) verirken, Lider (Mig119) genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (% 84.23) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek lif uzunluk uyum indeksi değerleri BA 707 (% 85.42) ve Pima S7 (% 85.26) genotiplerinden, en düşük lif uzunluk uyum indeksi değeri ise BA 525 (% 83.4) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek lif uzunluk uyum indeksi % 87.6 ile PG 318ACP x Pima S7 melezinden, en düşük lif uzunluk uyum indeksi değeri ise % 82.53 ile Lider (Mig119) x Pima S7 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif uzunluk uyum indeksine ilişkin Heterosis (H_t) ve Heterobeltiosis (H_b) değerleri (%) Çizelge 4.81’de verilmiştir.

Çizelge 4.81’de F_1 melez populasyonlarındaki lif uzunluk uyum indeksi değerine ait heterosis değerleri % -2.93 (Lider (Mig119) x Pima S7) ile % 2.45 (BA 525 x Gloria); heterobeltiosis ilişkili değerler ise % -3.93 (Lider (Mig119) x Pima S7) ile % 2.31 (PG 318ACP x Pima S7) arasında değişim göstermiştir. En yüksek heterosis ve heterobeltiosis değeri, Gloria genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : % 0.88, H_b : % 0.16), en düşük heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Lider (Mig119) genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (H_t : % -0.65, H_b : % -1.28) elde edilmiştir.

Çizelge 4.81’e göre, ele alınan melez populasyonlarda lif uzunluk uyum indeksi özelliği yönünden ortalama % 0.07 oranında heterosis, % -0.62 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4. 80. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ve Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	84.78	84.7	84.67	83.35	85.42	84.67	84.54	83.46	84.22	<u>82.53</u>	84.23	1.060	-0.148
P(2)		<u>85.42</u>	84.37	84.02	85.51	85.28	85.01	84.56	83.9	85.84	84.86	0.952	0.316
P(3)			<u>83.4</u>	84.36	85.69	83.37	84.9	84.41	84.62	84.25	84.40	1.348	0.222
P(4)				84.82	84.46	83.21	84.16	84.62	84.71	86.29	84.40	1.462	0.274
P(5)					83.9	84.22	85.26	84.49	84.92	85.69	84.96	1.008	-0.216
P(6)						84.91	84.8	85.08	84.49	85.3	84.53	1.208	0.718
P(7)							84.8	86.57	85.06	<u>87.6</u>	85.27	1.614	0.200
P(8)								84.88	84.54	85.82	84.84	0.921	0.230
P(9)									84.77	84.58	84.58	0.503	0.023
P(10)										<u>85.26</u>	85.32	2.064	0.071
F ₁ 'ler Genel Ort.											84.74		
Ebeveynler Ort.											84.69		
Genel Ort.											84.74		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 81. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-0.45	0.69	-1.70	1.29	-0.20	-0.28	-1.61	-0.65	-2.93
	Hb		-0.82	-0.43	-1.91	0.38	-1.29	-0.29	-2.03	-1.16	-3.93
P(2)	Ht			-0.05	-1.29	1.01	0.13	-0.10	-0.68	-1.40	0.59
	Hb			-1.38	-1.63	-0.10	-1.18	-0.47	-1.24	-2.13	-0.34
P(3)	Ht				0.3	2.45	-0.93	0.96	0.32	0.64	-0.09
	Hb				-0.72	2.15	-1.8	-0.17	-0.54	-0.18	-1.17
P(4)	Ht					0.12	-1.94	-0.76	-0.26	-0.1	1.47
	Hb					-0.67	-2.93	-1.06	-0.51	-0.51	0.63
P(5)	Ht						-0.2	1.08	0.12	0.7	1.32
	Hb						-0.78	0.18	-0.45	0.18	0.52
P(6)	Ht							-0.05	0.23	-0.41	0.27
	Hb							-1.14	-0.53	-0.99	-0.13
P(7)	Ht								2.05	0.32	3.03
	Hb								1.67	-0.19	2.31
P(8)	Ht									-0.33	0.88
	Hb									-0.5	0.26
P(9)	Ht										-0.51
	Hb										-1.04
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	-0.65	-0.25	0.48	-0.46	0.88	-0.34	0.69	0.08	-0.19	0.45
	Hb	-1.28	-1.03	-0.47	-1.03	0.16	-1.20	0.09	-0.43	-0.72	-0.32
Ort. Ht: % 0.07		Ort. Hb: % -0.62									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif uzunluk uyum indeksine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.82’de verilmiştir.

Çizelge 4.82’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” istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4. 82. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	1.28875	1.61
b	45	0.6194983	0.77
b ₁	1	0.0211883	0.02
b ₂	9	0.6696183	0.83
b ₃	35	0.6237	0.77
Hata	108	0.800397	

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

10 pamuk genotipinin yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda lif uzunluk uyum indeksi için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.83’de verilmiştir.

Çizelge 4.83’de lif uzunluk uyum indeksi açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli ($t=1-b/SH_b=4.32$) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için lif uzunluk uyum indeksi karakterini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük W_r-V_r değerine sahip diziyi oluşturan ebeveyn (Pima S7) ve melezleri çıkartılmış ve analiz 9x9 diallel şeması üzerinden yeniden yapıldığında “t” değeri önemsiz ($t=1-b/SH_b=1.18$) çıkmış ve lif uzunluk uyum indeksi açısından varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur. Lif uzunluk uyum indeksi için hesaplanan genetik parametrelerden, dominant gen varyansı

(H_1), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) ve eklemeli varyans ile dominant gen varyansı arasındaki fark ($D-H_1$) istatistiki olarak 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. 83. 10x10 Yarımlı F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH	Tahminler (9X9)	SH
E	0.269	±0.319	0.290	±0.175
D	0.812	±1.059	0.784	±0.554
F	1.054	±2.444	1.083	±1.293
H_1	4.506	±2.255	3.572*	±1.223
H_2	3.682	±1.916	2.727*	±1.051
$D-H_1$	-3.695	±1.895	-2.788*	±1.038
$(H_1/D)^{1/2}$	2.356		2.135	
$(H_2/4H_1)$	0.204		0.191	
(KD/KR)	1.761		1.956	
h^2	-0.088	±1.283	-0.112	±0.704
K	-0.024		-0.041	
Hg	0.519		0.485	
Hd	0.152		0.177	
ryr, (Wr+Vr)	0.216		-0.127	
$t=1-b/SHb$	4.32**		1.18	

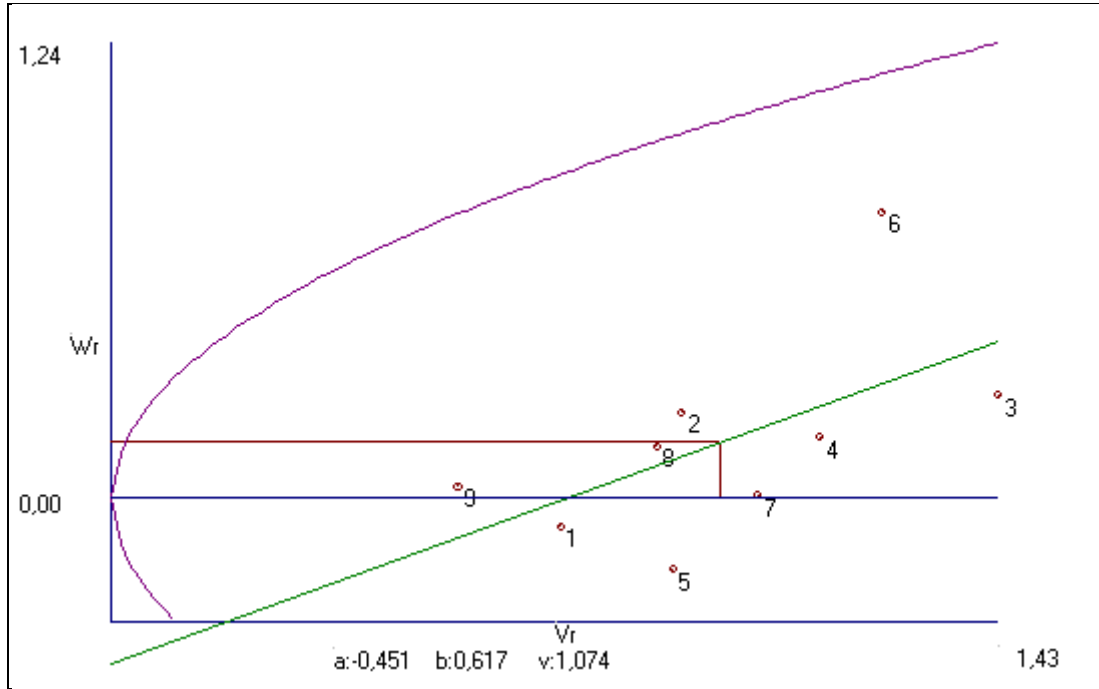
Diallel melez analizine göre, dominant gen varyansı (H_1), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) ve $D-H_1$ 'in negatif ve önemli çıkması lif uzunluk uyum indeksi özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin eklemeli gen etkisinden daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.83).

Çizelge 4.83'de ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (2.135) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın ($D-H_1$) negatif ve önemli olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir.

Dominant ve resesif allellerin frekansının $(H_2/4H_1)$ 0.25'den farklı (0.191) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (1.083) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir.

Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (1.956) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K = -0.041$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.485 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.177 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r + V_r)$) negatif (-0.127) çıkması lif uzunluk uyum indeksi yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir (Şekil 4.13).

9 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda lif uzunluk uyum indeksi bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.14'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53

Şekil 4. 14. Lif Uzunluk Uyum İndeksi için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.14'de lif uzunluk uyum indeksi açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a: -0.451$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (2.135) olması (Çizelge 4.83) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1, 2, 4, 5, 7, 8 ve 9 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle bu karakter açısından daha çok dominant

genleri taşıdıkları, 3 ve 6 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olmaları nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdıkları anlaşılmaktadır.

Lif uzunluk uyum indeksine ilişkin genel ve özel uyuma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.84’de, genel ve özel uyuma yeteneği etkileri Çizelge 4.85’de verilmiştir.

Çizelge 4. 84. 10x10 Yarımlal F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin 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	9	11.59873	1.288748	4.83	**	2.08
ÖUY	45	27.87742	0.619498	2.32	**	
Hata	108	28.814	0.267			

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

Çizelge 4.84’de görüldüğü gibi hem genel uyuma yeteneği hem de özel uyuma yeteneği istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuma yeteneğinin özel uyuma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.85 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Pima S7 (0.527) anacından, en düşük GUY etkileri ise Lider (Mig119) (-0.414) ve BA 525 (-0.387) anaclarından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Pima S7 anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (% 85.26) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip Lider (Mig119) ve BA 525 anacları da fenotipik olarak düşük değer (% 84.78-83.40) göstermişlerdir (Çizelge 4.80).

Çizelge 4.85’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 1.890 ile PG 318ACP x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de en yüksek (% 87.6) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -2.316 ile Lider (Mig119) x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait lif uzunluk uyum indeksi değeri de en düşük (% 82.53) bulunmuştur (Çizelge 4.80).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Gloria (0.237) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek, Lider (Mig119) (-0.194) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Çizelge 4. 85. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Uzunluk Uyum İndeksine (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		0.221	0.736	-0.698	0.984*	0.506	-0.236	-0.966*	0.024	-2.316**	-0.414**
BA 707			-0.143	-0.609	0.502	0.534	-0.334	-0.435	-0.874*	0.416	0.161
BA 525				0.286	1.230**	-0.821	0.104	-0.040	0.397	-0.626	-0.387**
PG 910					-0.116	-1.098**	-0.752	0.054	0.374	1.301**	-0.271
Gloria						-0.473	-0.041	-0.461	0.199	0.312	0.114
PG 300							-0.233	0.400	0.037	0.191	-0.154
PG 318ACP								1.286**	-0.004	1.890**	0.450**
PG 820									-0.168	0.452	0.101
PG 53										-0.560	-0.126
Pima S7											0.527**
ÖUY Diziler											
Ort.	-0.194	-0.080	0.125	-0.140	0.237	-0.106	0.187	0.014	-0.064	0.118	
ÖUY Genel Ort.	0.010										

Oluşturulan F_1 melez populasyonlarında, lif uzunluk uyum indeksi yönünden ortalama % 0.07 oranında heterosis ile % -0.62 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.81), lif uzunluk uyum indeksi yönünden F_1 melez gücünün pozitif ve düşük olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Güvercin ve Sunulu (2010) benzer şekilde olumlu yönde heterosis değeri saptamışlardır.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans “a”, dominantlık varyansı “b” ve unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.82). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) ile beraber $D-H_1$ ’in negatif ve önemli olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.83). 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 4.84). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954)’a göre yapılan analiz esas alındığında lif uzunluk uyum indeksi yönünden dominant gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz. İncelenen özelliğin yönetiminde, Minhas ve ark. (2008) ve Hussain ve ark. (2010) eklemeli olmayan gen etkilerinin önemli olduğunu belirtmişlerdir.

Lif uzunluk uyum indeksi için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (2.135) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, yüksek lif uzunluk uyum indeksi değerine sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.177 olarak düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada lif uzunluk uyum indeksi özelliği için dominantlık varyansının önemli ve dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik bakımından erken kuşaklarda yapılacak seleksiyon ile başarıya ulaşma şansının düşük olabileceğini göstermektedir. Bu özellik üzerine yapılacak ıslah çalışması için bulk yönteminin kullanılmasının daha uygun olabileceğini göstermektedir.

4.16. Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin lif kopma uzamasına (%) ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.86'da verilmiştir.

Çizelge 4.86'da görüldüğü gibi, ebeveynler ve F_1 'lere ait ortalama lif kopma uzaması değeri % 5.29 olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait lif kopma uzaması ortalaması % 5.13 olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması % 5.33 olarak gerçekleşmiştir. Lif kopma uzaması yönünden ebeveynlere ait ortalama değer, F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değere göre daha düşük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; PG 53 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değeri (% 5.76) verirken, PG 300 genotipinin dahil olduğu dizi en düşük ortalama değeri (% 4.66) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek lif kopma uzaması değeri PG 53 (% 6.16) ve BA 525 (% 6) genotiplerinden, en düşük lif kopma uzaması değeri ise PG 300 (% 3.91) ve PG 820 (% 3.95) genotiplerinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek lif kopma uzaması % 7.63 ile PG 53 x Pima S7 melezinden, en düşük lif kopma uzaması ise % 3.83 ile Gloria x PG 53 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F_1 generasyonlarında lif kopma uzamasına ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.87'de verilmiştir.

Çizelge 4.87'de F_1 melez populasyonlarındaki lif kopma uzamasına ait heterosis değerleri % -30.16 (Gloria x PG 53) ile % 48.27 (Gloria x PG 820); heterobeltiosise ilişkin değerler ise % -37.76 (Gloria x PG 53) ile % 34.07 (Gloria x PG 820) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis PG 820 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 19.38, Hb: % 4.52), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise BA 525 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -2.60, Hb: % -10.39) elde edilmiştir.

Ele alınan melez populasyonlarda lif kopma uzaması özelliği yönünden ortalama % 4.62 oranında heterosis, % -3.84 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.87).

Çizelge 4. 86. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ve Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	5.43	5.24	4.86	6.36	4.56	4.67	4.92	5.52	5.45	5.48	5.25	0.363	0.039
P(2)		5.54	5.67	5.14	5.8	4.88	5.67	5.6	6.04	4.91	5.45	0.255	0.116
P(3)			<u>6.0</u>	5.39	4.57	5.2	4.66	5.19	6.21	6.48	5.42	0.515	0.231
P(4)				5.35	5.79	4.88	4.82	5.84	5.67	5.04	5.43	0.360	0.075
P(5)					4.84	4.47	4.87	6.47	<u>3.83</u>	4.95	5.02	0.689	-0.221
P(6)						<u>3.91</u>	4.74	4.34	5.15	4.4	4.66	0.258	0.287
P(7)							5.08	6.06	6.44	5.78	5.30	0.465	0.081
P(8)								<u>3.95</u>	5.02	5.09	5.31	0.746	0.272
P(9)									<u>6.16</u>	<u>7.63</u>	5.76	1.118	0.306
P(10)										5.03	5.48	0.950	0.516
F ₁ 'ler Genel Ort.											5.33		
Ebeveynler Ort.											5.13		
Genel Ort.											5.29		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 87. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-4.18	-14.94	18.30	-11.00	0.09	-6.08	18.12	-5.77	4.86
	Hb		-5.85	-18.86	16.34	-15.92	-13.94	-9.26	1.56	-11.13	0.99
P(2)	Ht			-1.55	-5.39	11.97	3.42	7.03	18.90	3.50	-6.92
	Hb			-5.47	-7.03	4.95	-11.48	1.96	1.41	-1.89	-10.99
P(3)	Ht				-4.99	-15.57	4.78	-15.83	4.52	2.74	17.42
	Hb				-9.91	-23.76	-13.49	-22.2	-13.46	5.72	7.93
P(4)	Ht					13.68	5.16	-7.43	25.44	-1.34	-2.45
	Hb					8.07	-8.89	-9.87	9.88	-7.59	-5.12
P(5)	Ht						2.26	-1.57	48.27	-30.16	0.4
	Hb						-7.08	-6.27	34.07	-37.76	-1.68
P(6)	Ht							6.08	11.23	2.14	-1.18
	Hb							-5.79	3.95	-16.45	-12.33
P(7)	Ht								34.30	14.53	14.7
	Hb								20.03	4.92	11.16
P(8)	Ht									0.5	13.17
	Hb									-17.92	1.2
P(9)	Ht										36.72
	Hb										24.45
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	-0.07	2.98	-2.60	4.55	2.03	3.78	5.08	19.38	2.54	8.52
	Hb	-6.23	-3.82	-10.39	-1.57	-5.04	-9.50	-1.70	4.52	-6.41	1.73
Ort. Ht: % 4.62		Ort. Hb: % -3.84									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında lif kopma uzamasına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.88’de verilmiştir.

Çizelge 4.88’de görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunurken, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4. 88. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	1.04937	7.38**
b	45	0.412519	2.90**
b ₁	1	0.323284	2.27
b ₂	9	0.266058	1.87
b ₃	35	0.4527	3.18**
Hata	108	0.142086	

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

10 pamuk genotipinin yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda lif kopma uzaması için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.89’da verilmiştir.

Çizelge 4.89’da lif kopma uzaması açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli ($t=1-b/SH_b=3.357$) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için lif kopma uzaması karakterini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük W_r-V_r değerine sahip dizileri oluşturan ebeveynler (Gloria ve PG 53) ve melezleri önce teker teker çıkartılmış, “t” değeri yine önemli çıktığı için her ikisi birden analiz dışı bırakılarak değerlendirme 8x8 diallel şeması üzerinden yeniden yapıldığında “t” değeri önemsiz ($t=1-b/SH_b=0.578$) çıkmış ve lif kopma uzaması açısından varsayımın 8x8 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur. Yapılan

değerlendirme neticesine göre; lif kopma uzaması için hesaplanan genetik parametrelerin tamamı istatistiki açıdan önemli bulunmamıştır.

Çizelge 4. 89. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH	Tahminler (8X8)	SH
E	0.050	±0.190	0.054	±0.105
D	0.615	±0.630	0.599	±0.316
F	0.570	±1.452	0.591	±0.747
H ₁	2.132	±1.340	1.471	±0.727
H ₂	2.011	±1.139	1.338	±0.632
D-H ₁	-1.517	±1.126	-0.872	±0.624
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.862		1.567	
(H ₂ /4H ₁)	0.236		0.227	
(KD/KR)	1.663		1.918	
h ²	0.113	±0.762	0.111	±0.424
K	0.056		0.083	
Hg	0.623		0.567	
Hd	0.259		0.354	
ryr, (Wr+Vr)	0.112		-0.533	
t=1-b/SHb	3.357*		0.578	

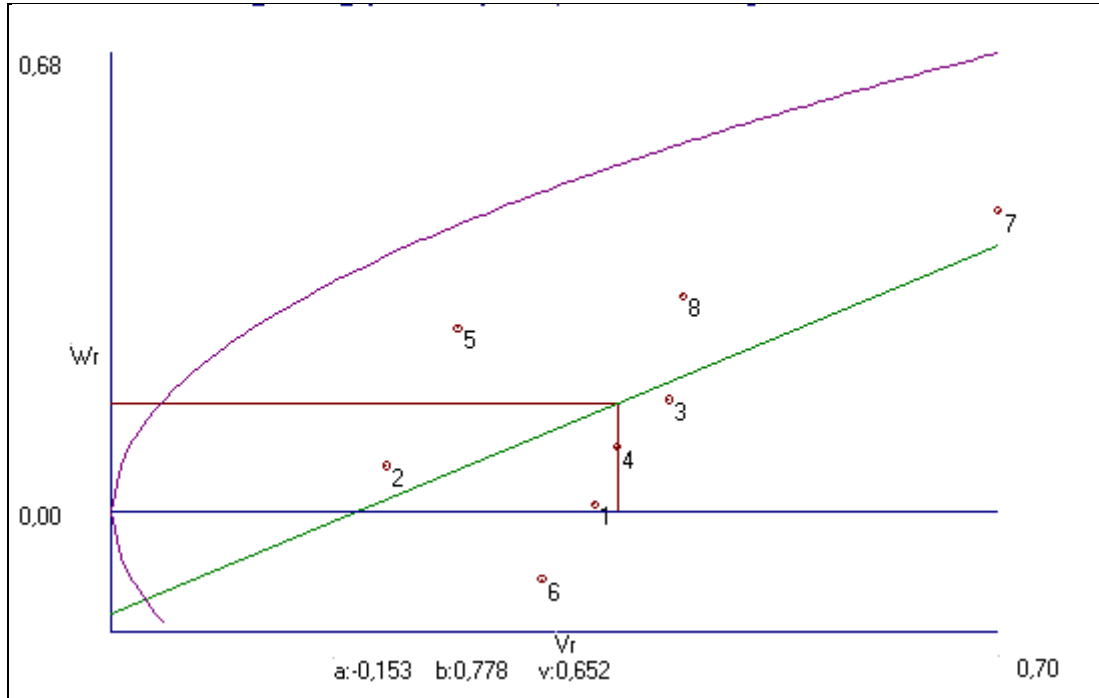
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, genetik parametrelerin tamamı istatistiki açıdan önemsiz çıkmıştır. Ancak, eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) negatif çıkması lif kopma uzaması özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin eklemeli gen etkisinden daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.89).

Çizelge 4.89’da ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den büyük (1.567) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı 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 (0.227) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (0.591) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve F₁’lerin ebeveynlerinin ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, H₁’in H₂’den büyük olması da genlerin dağılışıda bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir.

Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (1.918) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.083$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.567 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.354 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-0.533) çıkması lif kopma uzaması yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

8 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda lif kopma uzaması bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.15'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-PG 300, 6-PG 318ACP, 7-PG 820, 8-Pima S7

Şekil 4. 15. Lif Kopma Uzaması için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.15'de lif kopma uzaması açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a: -0.153$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ($(H_1/D)^{1/2}$) 1'den büyük (1.567) olması (Çizelge 4.89) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1, 2, 4, 5, 6 ve 8 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle bu karakter açısından daha çok dominant genleri

taşıdıkları, 7 numaralı genotipin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 5 ve 6 numaralı anaclara ait noktaların regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Lif kopma uzamasına ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.90’da, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.91’de verilmiştir.

Çizelge 4. 90. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyolarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin 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	9	9.444363	1.049374	22.15	**	2.54
ÖUY	45	18.56339	0.41252	8.71	**	
Hata	108	5.115	0.047			

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

Çizelge 4.90’da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.91 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin PG 53 (0.463) anacından, en düşük GUY etkisinin PG 300 (-0.637) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip PG 53 anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (% 6.16) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip PG 300 anacı da fenotipik olarak en düşük değer (% 3.91) göstermiştir (Çizelge 4.86).

Çizelge 4.91’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 1.745 ile PG 53 x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de en yüksek (% 7.63) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -1.654 ile Gloria x PG 53 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait lif kopma uzaması değeri de en düşük (% 3.83) bulunmuştur (Çizelge 4.86).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, PG 820 (0.254) ve Pima S7 (0.118) genotiplerinin dahil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek, BA 525 (-0.082) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.91).

Çizelge 4. 91. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Lif Kopma Uzamasına (%) İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-0.179	-0.578**	0.973**	-0.437*	0.041	-0.336	0.349	-0.279	0.076	-0.025
BA 707			0.058	-0.418*	0.626**	0.077	0.237	0.251	0.136	-0.668**	0.153**
BA 525				-0.190	-0.619**	0.378*	-0.795**	-0.167	0.291	0.884**	0.168**
PG 910					0.644**	0.105	-0.585**	0.533**	-0.205	-0.499**	0.117
Gloria						0.086	-0.144	1.544**	-1.654**	-0.209	-0.266**
PG 300							0.097	-0.219	0.036	-0.388*	-0.637**
PG 318ACP								0.875**	0.690**	0.362*	-0.007
PG 820									-0.639**	-0.240	0.099
PG 53										1.745**	0.463**
Pima S7											0.134*
ÖUY Diziler Ort.	-0.041	0.013	-0.082	0.040	-0.018	0.024	0.045	0.254	0.013	0.118	
ÖUY Genel Ort.	0.037										

Oluşturulan F₁ melez populasyonlarında lif kopma uzaması yönünden ortalama % 4.62 oranında heterosis ile % -3.84 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.86), lif kopma uzaması yönünden F₁ melez gücünün olumlu ve düşük olduğunu göstermektedir. Bu özellik için, Meredith ve Bridge (1971) benzer şekilde olumlu yönde heterosis bildirmişlerdir.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans “a”, dominantlık varyansı “b” ve “b₃” unsuru önemli bulunmuştur (Çizelge 4.88). Yarım diallel melez analizi sonucunda genetik parametrelerin tamamı önemsiz bulunmuştur. Bu tür uyumsuzluklara allellik olmayan gen interaksiyonunun neden olabileceği söylenebilir (Korkut, 1981). Varsayımların geçerliliklerinin sınanmasında önemli olarak saptanan ($t=1-b/SHb$) değeri bu kanıyı doğrular niteliktedir. Ancak, D-H₁’in negatif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.89). 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 4.90). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Jones (1965) ve Griffing (1956)’a göre yapılan analizler esas alındığında lif kopma uzaması yönünden hem eklemeli hem de dominant gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz. İncelenen özelliğin yönetiminde, Antonio de Aguiar ve ark. (2007) eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu belirtmişlerdir.

Lif kopma uzaması için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (1.567) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, yüksek lif kopma uzaması değerine sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.354 olarak düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada lif kopma uzaması özelliği için hem eklemeli hem de dominant gen varyansının önemli ve dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik üzerine yapılacak ıslah çalışması için bulk yönteminin kullanılmasının daha uygun olabileceğini göstermektedir.

4.17. Sarılık Deęeri (Yellowness) (+b)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin sarılık deęerine (%) iliřkin fenotipik deęerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) deęerleri izelge 4.92’de verilmiřtir.

izelge 4.92’de grldę gibi, ebeveynler ve F_1 ’lere ait ortalama sarılık deęeri 8.7 olarak gerekleřmiřtir. Ebeveynlere ait sarılık deęeri ortalaması 8.7 olurken, F_1 melez kombinasyonlarının sarılık deęeri ortalaması da 8.7 olarak gerekleřmiřtir. Sarılık deęeri ynnden ebeveynler ile F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama deęerler birbirlerine eřit ıkmıřtır. Her ebeveynin girdięi kombinasyonların dizi ortalaması deęerlerine gre; Pima S7 genotipinin dahil olduęu dizi en yksek ortalama sarılık deęerini (10.3) veririrken, PG 53 ve PG 318ACP genotiplerinin dahil olduęu diziler en dřk ortalama sarılık deęeri (8.4) vermiřtir. Ebeveynler arasında karřılařtırma yapıldıęında en yksek sarılık deęeri Pima S7 (11.1) genotipinden, en dřk sarılık deęeri BA 525 (7.7) genotipinden elde edilirken, F_1 melez kombinasyonları arasında karřılařtırma yapıldıęında ise en yksek sarılık deęeri 10.7 ile Gloria x Pima S7 melezinden, en dřk sarılık deęeri ise 7.9 ile Gloria x PG 318ACP ve PG 820 x PG 53 melezlerinden elde edilmiřtir.

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında sarılık deęerine iliřkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) deęerleri izelge 4.93’de verilmiřtir.

izelge 4.93’de F_1 melez populasyonlarındaki heterosis deęerleri % -7.05 (Lider (mig119) x PG 318ACP) ile % 11.81 (Gloria x Pima S7) arasında deęiřmiřtir. Heterobeltiosise iliřkin deęerler ise % -14.06 (Lider (Mig119) x Pima S7) ile % 3.66 (BA 525 x PG 53) arasında deęiřim gstermiřtir. En yksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis deęeri Pima S7 genotipinin ana olarak bulunduęu melez serisinden (Ht: % 5.02, Hb: % -7.58), en dřk ortalama heterosis ve heterobeltiosis deęeri ise Lider (Mig119) genotipinin ana olarak bulunduęu melez serisinden (Ht: % -1.86, Hb: % -5.70) elde edilmiřtir.

Ele alınan melez populasyonlarında bu zellik ynnden ortalama % 0.54 oranında heterosis, % -4.33 oranında heterobeltiosis deęerleri elde edilmiřtir (izelge 4.93).

Çizelge 4. 92. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ve Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	8.9	8.4	8.3	8.9	8.6	8.8	8.0	8.6	8.2	9.5	8.6	0.210	0.307
P(2)		9.1	8.5	8.5	8.1	8.5	8.2	8.6	8.3	10.6	8.7	0.564	0.635
P(3)			<u>7.7</u>	8.4	8.3	8.7	8.4	8.2	8.5	10.0	8.5	0.390	0.506
P(4)				8.5	8.5	8.5	8.0	8.3	8.4	10.4	8.6	0.472	0.558
P(5)					8.1	8.2	<u>7.9</u>	8.0	8.2	<u>10.7</u>	8.5	0.705	0.683
P(6)						8.6	8.5	8.6	8.1	10.3	8.7	0.430	0.494
P(7)							8.4	8.2	8.3	10.2	8.4	0.460	0.493
P(8)								8.2	<u>7.9</u>	10.4	8.5	0.544	0.631
P(9)									8.2	9.9	8.4	0.345	0.436
P(10)										<u>11.1</u>	10.3	0.257	0.221
F ₁ 'ler Genel Ort.											8.7		
Ebeveynler Ort.											8.7		
Genel Ort.											8.7		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 93. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		-6.62	0.27	2.69	1.68	0.25	-7.05	0.42	-3.81	-4.58
	Hb		-8.01	-6.25	0.81	-2.48	-1.04	-9.62	-3.25	-7.40	-14.06
P(2)	Ht			1.37	-3.40	-5.37	-4.32	-5.50	-0.39	-3.46	5.65
	Hb			-6.21	-6.22	-10.25	-6.60	-9.13	-5.09	-8.06	-3.84
P(3)	Ht				3.98	5.32	6.48	5.05	3.18	6.9	6.6
	Hb				-1.12	2.55	0.83	0.88	0.05	3.66	-9.55
P(4)	Ht					1.65	-0.96	-4.9	-1.17	0.07	6.08
	Hb					-0.76	-2.24	-5.82	-3.07	-1.91	-6.03
P(5)	Ht						-2.01	-3.73	-1.61	0.55	11.81
	Hb						-4.87	-5.09	-3.59	-0.25	-2.97
P(6)	Ht							-0.36	1.78	-3.73	4.26
	Hb							-1.85	-0.7	-6.15	-7.23
P(7)	Ht								-1.00	0.7	4.66
	Hb								-2.74	-0.32	-8.06
P(8)	Ht									-3.64	7.92
	Hb									-5.55	-5.98
P(9)	Ht										2.8
	Hb										-10.48
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	-1.86	-2.45	4.35	0.45	0.92	0.15	-1.35	0.61	-0.40	5.02
	Hb	-5.70	-7.05	-1.68	-2.93	-3.08	-3.32	-4.64	-3.32	-4.05	-7.58
Ort. Ht: % 0.54		Ort. Hb: % -4.33									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında sarılık değerine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.94’de verilmiştir.

Çizelge 4.94’de görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a” istatistiki olarak %1 düzeyinde, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂” istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunurken, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4. 94. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Sarılık Değerine İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	3.60922	53.91**
b	45	0.087384	1.30
b ₁	1	0.016162	0.24
b ₂	9	0.16694	2.49*
b ₃	35	0.0690	1.03
Hata	108	0.06694	

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

Çizelge 4.94’de b₂ alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda sarılık değeri için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.95’de verilmiştir.

Çizelge 4.95’de sarılık değeri açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (0.592) önemsiz saptanmış olması önceden kabul edilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, sarılık değeri karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Sarılık değeri için hesaplanan genetik parametrelerden, eklemeli gen varyansı (D) ve genlerin dağılımına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) istatistiki olarak %1 düzeyinde, dominant gen varyansı (H_1) ise istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4. 95. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH
E	0.023	±0.034
D	0.862**	±0.114
F	-0.252	±0.262
H ₁	0.587*	±0.242
H ₂	1.342**	±0.206
D-H ₁	0.275	±0.203
(H ₁ /D) ^{1/2}	0.825	
(H ₂ /4H ₁)	0.572	
(KD/KR)	0.699	
h ²	0.000	±0.138
K= (h ² /H ₂)	0.000	
Hg	0.889	
Hd	0.481	
ryr, (Wr+Vr)	-0.555	
t=1-b/SH _b	0.592	

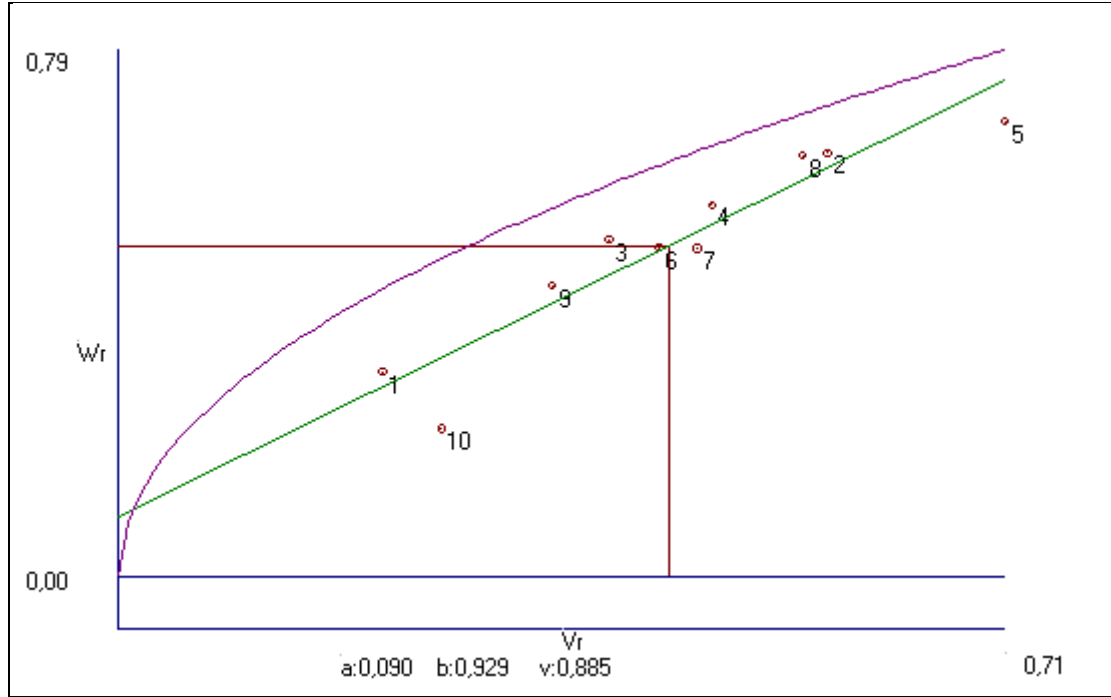
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansları (H₁ ve H₂) istatistiki açıdan önemli ve eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) pozitif çıkması sarılık değeri özelliğinin ortaya çıkışında eklemeli gen etkisinin dominant gen etkisinden daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.95).

Çizelge 4.95’de ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den küçük (0.825) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) pozitif olması eklemeli gen varyansının dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının (H₂/4H₁) 0,25’den farklı (0.572) 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 (-0.252) bulunmuş olması, resesif allellerin çoğunlukta olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den küçük (0.699) olması da resesif allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına K= (h²/H₂) ait değer 1’in altında (K=0.000) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım

derecesi (H_g) 0.889 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.481 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (r_{yr} , (W_r+V_r)) negatif (-0.555) çıkması sarılık değeri yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda sarılık değeri bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.16'da verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 16. Sarılık Değeri için W_r/V_r Grafiği

Şekil 4.16'da sarılık değeri açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:0.090$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ($(H_1/D)^{1/2}$) 1'den küçük (0.825) olması (Çizelge 4.95) kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1 ve 10 numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu karakter açısından daha çok dominant genleri taşıdığı, 5 numaralı genotipin ise orijinden en uzakta olması nedeniyle en fazla resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 10 numaralı anaca ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Sarılık değerine ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.96’da, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.97’de verilmiştir.

Çizelge 4. 96. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyolarında Sarılık Değerine İlişkin 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	9	32.483	3.6092	161.74	**	41.30
ÖUY	45	3.932273	0.0874	3.91	**	
Hata	108	2.41	0.022			

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

Çizelge 4.96’da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen D-H₁’in pozitif olması bulgusunu desteklemektedir.

Çizelge 4.97 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Pima S7 (1.520) anacından, en düşük GUY etkisinin PG 53 (-0.305) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip Pima S7 anacı fenotipik olarak da en yüksek değere (11.1) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip PG 53 anacı da fenotipik olarak düşük değer (8.2) göstermiştir (Çizelge 4.92).

Çizelge 4.97’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 0.742 ile Gloria x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer de en yüksek (10.7) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -0.663 ile Lider (Mig119) x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait sarılık değeri düşük (9.5) bulunmuştur (Çizelge 4.92).

Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Pima S7 (0.153) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek, BA 707 (-0.077) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.97).

Çizelge 4. 97. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Sarılık Değerine İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		-0.277*	-0.085	0.367**	0.237	0.173	-0.363**	0.154	-0.138	-0.663**	-0.074
BA 707			0.040	-0.141	-0.338**	-0.202	-0.205	0.112	-0.08	0.395**	0.001
BA 525				0.051	0.120	0.290*	0.254*	-0.030	0.345**	0.020	-0.258**
PG 910					0.073	-0.091	-0.327**	-0.144	0.031	0.240	-0.077
Gloria						-0.221	-0.258*	-0.208	0.034	0.742**	-0.247**
PG 300							0.079	0.129	-0.263*	0.079	-0.049
PG 318ACP								-0.008	0.201	0.209	-0.280**
PG 820									-0.283*	0.392**	-0.230**
PG 53										-0.033	-0.305**
Pima S7											1.520**
ÖUY Diziler											
Ort.	-0.066	-0.077	0.112	0.007	0.020	-0.003	-0.046	0.013	-0.021	0.153	
ÖUY Genel Ort.	0.009										

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

Oluşturulan F_1 melez populasyonlarında, sarılık değeri yönünden ortalama % 0.54 oranında heterosis ile % -4.33 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.93), sarılık değeri yönünden F_1 melez gücünün pozitif ve düşük olduğunu göstermektedir.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a) ve dominantlık varyansı unsurlarından (b_2) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.94). Yarım diallel melez analizi sonucunda genetik parametrelerden, eklemeli varyans (D), dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) önemli bulunmuştur. Aynı zamanda, $D-H_1$ 'in pozitif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.95). 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 4.96). Hayman (1954)'a göre değerlendirme yapıldığında, sarılık değeri yönünden hem eklemeli varyansının hem de dominantlık varyansının hakim olduğunu, dolayısıyla kalıtımının eklemeli-dominant modele uyduğunu söyleyebiliriz.

Ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den küçük (0.825) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması, yüksek sarılık değerine sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.481 olarak düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada hem eklemeli hem de dominantlık varyansının önemli olduğu ve dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik üzerine yapılacak ıslah çalışması için bulk yönteminin kullanılmasının daha uygun olabileceğini göstermektedir.

4.18. Grilik Değeri (Yansıtma Değeri) (Reflectance Degree) (Rd)

10 pamuk genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin grilik değerine (%) ilişkin fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri Çizelge 4.98’de verilmiştir.

Çizelge 4.98’de görüldüğü gibi, ebeveynler ve F₁’lere ait ortalama grilik (yansıtma) değeri 79 olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait ortalama grilik (yansıtma) değeri 79.5 olurken, F₁ melez kombinasyonlarının ortalaması ise 78.9 olarak gerçekleşmiştir. Grilik (yansıtma) değeri yönünden ebeveynlere ait ortalama değer F₁ melez kombinasyonlarına ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; PG 300, PG 318ACP ve Lider (Mig119) genotiplerinin dahil olduğu diziler en yüksek ortalama değeri (80.2, 80 ve 80) verirken, Pima S7 genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük ortalama değeri (71.5) vermiştir. Ebeveynler arasında karşılaştırma yapıldığında en yüksek grilik (yansıtma) değeri PG 318ACP (81.4) genotipinden, en düşük grilik (yansıtma) değeri Pima S7 (69.2) genotipinden elde edilirken, melezler arasında karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek grilik (yansıtma) değeri 81.8 ile PG 910 x PG 318ACP melezinden, en düşük grilik (yansıtma) değeri ise 69.2 ile PG 820 x Pima S7 melezinden elde edilmiştir.

10 pamuk genotipinin yarım diallel F₁ generasyonlarında grilik (yansıtma) değerine ilişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) değerleri Çizelge 4.99’da verilmiştir.

F₁ melez populasyonlarındaki heterosis değerleri % -7.33 (PG 820 x Pima S7) ile % 4.27 (Lider (Mig119) x Pima S7) arasında değişmiştir. Heterobeltiosis ilişkili değerler ise % -14.19 (PG 318ACP x Pima S7) ile % 1.05 (BA 707 x Gloria) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri Lider (Mig119) genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 0.67, Hb: % -0.79), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Pima S7 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -4.26, Hb: % -11) elde edilmiştir (Çizelge 4.99).

Ele alınan melez populasyonlarında bu özellik yönünden ortalama % -0.80 oranında heterosis, % -2.69 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir (Çizelge 4.99).

Çizelge 4. 98. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine (%) İlişkin Ortalama Fenotipik Değerler ile Hesaplanan Varyans (Vr) ve Kovaryans (Wr) Değerleri.

Anaçlar	P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)	Ort.	Vr	Wr
P(1)	79.6	80.4	80.4	80.1	80.1	81.3	81	79.8	79.6	77.6	80.0	1.780	3.238
P(2)		79.5	79.2	79.9	81	80.8	80.7	79.9	79.4	71	79.2	9.212	10.425
P(3)			81.3	81.1	81.3	81	80.7	80.7	81.3	71.2	79.8	10.084	11.316
P(4)				81	80.8	81.5	<u>81.8</u>	79.6	80.6	71.5	79.8	9.619	10.955
P(5)					80.1	81.3	81,6	81	80.1	70.4	79.8	11.705	11.991
P(6)						81.2	81	81.6	80.7	71.8	80.2	9.256	10.593
P(7)							<u>81.4</u>	80.8	81	69.9	80.0	13.090	12.765
P(8)								80.1	79.9	<u>69.2</u>	79.3	13.188	12.898
P(9)									81.3	72.9	79.7	6.574	9.016
P(10)										<u>69.2</u>	71.5	6.640	2.435
F ₁ 'ler Genel Ort.											78.9		
Ebeveynler Ort.											79.5		
Genel Ort.											79		

P(1): Lider (Mig 119)

P(2): BA 707

P(3): BA 525

P(4): PG 910

P(5): Gloria

P(6): PG 300

P(7): PG 318ACP

P(8): PG 820

P(9): PG 53

P(10): Pima S7

Çizelge 4. 99. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine (%) İlişkin Heterosis (Ht) ve Heterobeltiosis (Hb) Değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)	P(7)	P(8)	P(9)	P(10)
P(1)	Ht		1.08	-0.06	-0.25	0.30	1.08	0.62	-0.02	-0.96	4.27
	Hb		0.72	-1.10	-1.11	-0.21	0.05	-0.52	-0.41	-1.99	-2.50
P(2)	Ht			-1.45	-0.35	1.49	0.56	0.31	0.21	-1.16	-4.55
	Hb			-2.54	-1.28	1.04	-0.54	-0.89	-0.54	-2.25	-10.70
P(3)	Ht				0.03	0.81	-0.31	-0.8	0.01	0.09	-5.37
	Hb				-0.16	0.09	-0.49	-0.98	-0.74	-0.32	-12.38
P(4)	Ht					0.37	0.54	0.74	-1.18	-0.59	-4.79
	Hb					-0.16	0.29	0.37	-1.73	-1.18	-11.69
P(5)	Ht						0.83	0.99	1.19	-0.72	-5.71
	Hb						0.12	0.17	0.66	-1.59	-12.1
P(6)	Ht							-0.4	1.14	-0.64	-4.56
	Hb							-0.65	0.41	-1.1	-11.61
P(7)	Ht								0.03	-0.45	-7.24
	Hb								-0.81	-0.8	-14.19
P(8)	Ht									-0.93	-7.33
	Hb									-1.66	-13.61
P(9)	Ht										-3.06
	Hb										-10.24
P(10)	Ht										
	Hb										
Ortalamlar	Ht	0.67	-0.43	-0.78	-0.61	-0.05	-0.20	-0.69	-0.76	-0.94	-4.26
	Hb	-0.79	-1.89	-2.07	-1.85	-1.33	-1.50	-2.03	-2.05	-2.35	-11.00
Ort. Ht: % -0.80		Ort. Hb: % -2.69									
P(1): Lider (Mig 119)		P(2): BA 707		P(3): BA 525		P(4): PG 910		P(5): Gloria			
P(6): PG 300		P(7): PG 318ACP		P(8): PG 820		P(9): PG 53		P(10): Pima S7			

10 pamuk genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında grilik (yansıtma) değerine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.100’de verilmiştir.

Çizelge 4.100’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 “ b_2 ”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “ b_3 ” istatistiki olarak %1 düzeyinde, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “ b_1 ” istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 100. 10x10 Yarım Diallel F_1 Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine İlişkin Diallel Tablonun Varyans Analizinden Hesaplanan Serbestlik Dereceleri (SD), Kareler Ortalaması (KO) ve F Değerleri.

VK	SD	KO	F
a	9	74.97319	99.83**
b	45	1.931165	2.57**
b_1	1	3.0889798	4.11*
b_2	9	3.2183148	4.28**
b_3	35	1.5671	2.08**
Hata	108	0.750938	

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

Çizelge 4.100’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.

10 pamuk genotipinin yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda grilik (yansıtma) değeri için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan $t=1-b/SH_b$ değeri Çizelge 4.101’de verilmiştir.

Çizelge 4.101’de grilik (yansıtma) değeri açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede $t=1-b/SH_b$ değerinin (0.303) önemsiz saptanmış olması önceden kabul edilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, grilik (yansıtma) değeri karakterini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Grilik (yansıtma) değeri için hesaplanan genetik parametrelerden, eklemeli gen varyansı (D) %5 düzeyinde ve genlerin dağılımına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) %1 düzeyinde ise istatistiki olarak

önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4. 101. 10x10 Yarıml Diallel F₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtm) Değerine İlişkin Hesaplanan Genetik Parametreler ve Oranlar ile Varsayımların Geçerliliklerinin Sınanmasına İlişkin Değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (10X10)	SH
E	0.265	±1.237
D	13.505*	±4.102
F	-11.137	±9.464
H ₁	11.234	±8.731
H ₂	28.480**	±7.421
D-H ₁	2.271	±7.339
(H ₁ /D) ^{1/2}	0.912	
(H ₂ /4H ₁)	0.634	
(KD/KR)	0.377	
h ²	1.088	±4.967
K= (h ² /H ₂)	0.038	
Hg	0.933	
Hd	0.366	
ryr, (W _r +V _r)	0.536	
t=1-b/SH _b	0.303	

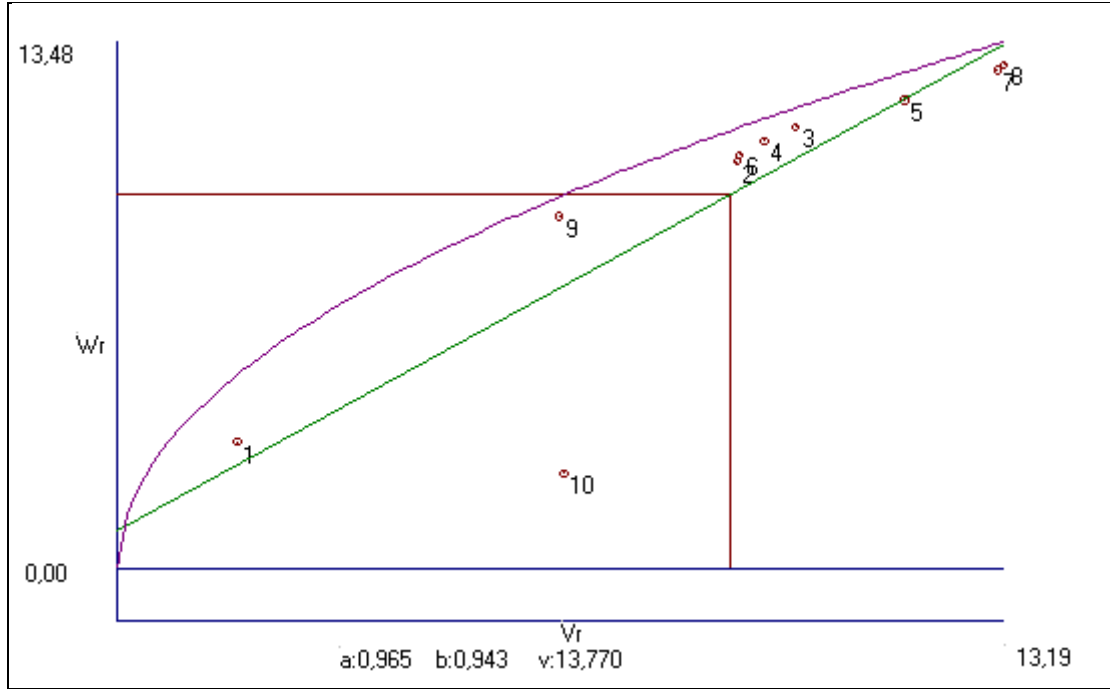
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂) istatistiki açıdan önemli ve eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) pozitif çıkması grilik (yansıtm) değeri özelliğinin ortaya çıkışında eklemeli gen etkisinin dominant gen etkisinden daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.101).

Çizelge 4.101’de ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den küçük (0.912) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D-H₁) pozitif olması eklemeli gen varyansının dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının (H₂/4H₁) 0.25’den farklı (0.634) 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 (-11.137) bulunmuş olması, resesif allellerin çoğunlukta

olduğuna işaret etmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den küçük (0.377) olması da resesif allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.038$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.933 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.366 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (r_{yr} , (W_r+V_r)) pozitif (0.536) çıkması grilik (yansıma) değeri yüksek olan ebeveynlerin resesif genlere sahip olduğunu göstermektedir.

10 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda grilik (yansıma) değeri bakımından hesaplanan varyans (V_{r_x}) ve kovaryans (W_{r_y}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.17'de verilmiştir.



1-Lider(Mig119), 2-BA 707, 3-BA 525, 4-PG 910, 5-Gloria, 6-PG 300, 7-PG 318ACP, 8-PG 820, 9-PG 53, 10-Pima S7

Şekil 4. 17. Grilik (Yansıma) Değeri için W_r/V_r Grafiği

Grilik (yansıma) değeri açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:0.965$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ($(H_1/D)^{1/2}$) 1'den küçük (0.912) olması (Çizelge 4.101) kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir. Grafik üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında 1 ve 10 numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu karakter açısından daha çok dominant genleri taşıdığı, diğer genotiplerin ise orijinden en uzakta olması nedeniyle resesif gen

taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 9 ve 10 numaralı genotiplere ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Grilik (Yansıma) değerine ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.102’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.103’de verilmiştir.

Çizelge 4. 102. 10x10 Yarım Diallel F₁ Generasyolarında Grilik (Yansıma) Değerine İlişkin 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	9	674.7587	74.97319	298.02	**	38.82
ÖUY	45	86.90242	1.931165	7.67	**	
Hata	108	27.169	0.252			

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

Çizelge 4.102’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği hem de özel uyuşma yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen D-H₁’in pozitif olması bulgusunu desteklemektedir.

Çizelge 4.103 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin PG 300 (1.24) anacından, en düşük GUY etkisinin Pima S7 (-7.063) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GUY etkisine sahip PG 300 anacı fenotipik olarak da yüksek değere (81.2) sahip olmuş ve en düşük GUY etkisine sahip Pima S7 anacı da fenotipik olarak en düşük değer (69.2) göstermiştir (Çizelge 4.98).

Çizelge 4.91’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 4.771 ile Lider (Mig119) x Pima S7 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer (77.6) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melez ise -3.087 ile PG 318ACP x Pima S7 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait grilik (yansıma) değeri (69.9) bulunmuştur (Çizelge 4.98). Her ebeveynin girdiği diziye ait ortalama özel uyum yeteneği değerlerine göre, Lider (Mig119) (0.263) genotipinin dahil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek, Pima S7 (-0.976) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır.

Çizelge 4. 103. 10x10 Yarımlal F₁ Generasyonlarında Grilik (Yansıtma) Değerine İlişkin Genel (GUY) ve Özel (ÖUY) Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	Lider (Mig119)	BA 707	BA 525	PG 910	Gloria	PG 300	PG 318ACP	PG 820	PG 53	Pima S7	GUY Etkisi
Lider (Mig119)		0.291	-0.334	-0.651	-0.559	0.168	0.091	-0.384	-1.023*	4.771**	0.893**
BA 707			-0.893*	-0.109	1.016*	0.377	0.466	0.424	-0.548	-1.154**	0.218
BA 525				0.399	0.691	-0.115	-0.226	0.466	0.66	-1.612**	0.909**
PG 910					0.241	0.468	0.924*	-0.584	0.01	-1.262**	0.859**
Gloria						0.36	0.782	0.974*	-0.432	-2.27**	0.768**
PG 300							-0.257	1.035**	-0.27	-1.343**	1.24**
PG 318ACP								0.424	0.152	-3.087**	1.051**
PG 820									-0.19	-3.062**	0.326*
PG 53										0.232	0.798**
Pima S7											-7.063**
ÖUY Diziler											
Ort.	0.263	-0.014	-0.107	-0.063	0.089	0.047	-0.081	-0.100	-0.157	-0.976	
ÖUY Genel Ort.	-0.110										

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

Oluşturulan F_1 melez populasyonlarında, grilik (yansıtma) değeri için ortalama % 0.54 oranında heterosis ile % -4.33 oranında heterobeltiosis saptanması (Çizelge 4.99), grilik (yansıtma) değeri yönünden F_1 melez gücünün pozitif ve düşük olduğunu göstermektedir.

İncelenen populasyonlarda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.100). Yarım diallel melez analizi sonucunda genetik parametrelerden, eklemeli varyans (D) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) önemli bulunmuştur. Aynı zamanda, D- H_1 'in pozitif olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.101). 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 4.102). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında eklemeli varyans açısından sonuçların benzer olduğu görülmektedir. Bu durumda grilik (yansıtma) değeri yönünden eklemeli gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz.

Ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den küçük (0.912) olması, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Kuramsal dominantlık ile ebeveynlerin ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması, yüksek grilik (yansıtma) değerine sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez populasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.366 olarak düşük bulunmuştur.

Bu çalışmada grilik (yansıtma) değeri özelliği için eklemeli gen varyansın önemli ve dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik üzerine yapılacak ıslah çalışması için bulk yönteminin kullanılmasının daha uygun olabileceğini göstermektedir.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

İslahçının üzerinde çalışacağı populasyonun genetik yapısı konusunda bilgi sahibi olması, şüphesiz ki başarı şansını artıracaktır. İslahçı sahip olacağı bu genetik bilgilere dayanarak ıslah programını oluşturur, genişletir ve bir yön verir. İslah programlarının yönlendirilmesinde önemli rol oynayan eklemeli ve dominant gen etkileridir. Eklemeli ve dominant gen etkileri aşağıdaki üç biyometrik değerlendirme yöntemine göre tahmin edilir.

- 1- Yarım diallel tabloların varyans analizleri (Jones, 1965),
- 2- Diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi (Jinks-Hayman, 1953; Hayman, 1954a, b; Jinks, 1954, 1956),
- 3- Kombinasyon yetenekleri analizleri (Griffing, 1956).

2011-2012 yıllarında, Antakya koşullarında, Yarım Diallel melezleme yöntemi uyarınca elde edilen pamuk (*Gossypium hirsutum* L., *Gossypium barbadense* L ve *Gossypium hirsutum* L. x *Gossypium barbadense* L.) melezlerinde tarımsal ve lif kalite özelliklerinin kalıtımını araştırmak amacıyla yürütülen bu çalışmadan elde edilen sonuçlar aşağıda verilmiştir.

Bu çalışmada F_1 generasyonunda saptanan ortalama gözlem değerlerine, genel ve özel uyuşma yeteneği etkilerine ve heterosis değerlerine göre değerlendirmeler neticesinde ümitli bulunup seçilen anaçlar ve melezler ile ilgili ayrıntılı bilgi Çizelge 5.1’de verilmiştir.

İncelenen özelliklerin F_1 generasyonlarından elde edilen genetik parametrelere ilişkin önemlilik durumları Çizelge 5.2, 5.3, 5.4 ve 5.5’de verilmiştir.

Çizelge 5. 1. İncelenen Özelliklerde Fenotipik Değer ve Heterosis Durumlarına Göre Seçilen Melez Kombinasyonları.

İNCELENEN ÖZELLİKLER	SEÇİLEN ANAÇLAR	SEÇİLEN MELEZLER
Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)	Lider (Mig119) BA 707 PG 910 Gloria PG 300 PG 53	BA 707 x Pima S7 Gloria x PG 318ACP BA 525 x PG 820 PG 910 x Pima S7 BA 525 x PG 318ACP PG 910 x PG 820 PG 300 x PG 820 Lider(Mig119) x BA 525 BA 525 x Gloria Lider(Mig119) x PG 318ACP BA 707 x PG 820 PG 910 x PG 300 BA 707 x BA 525

		BA 707 x Gloria BA 707 x PG 910 Gloria x PG 820 BA 525 x PG 910 PG 820 x PG 53 BA 525 x PG 300 Gloria x PG 300
Koza kütlü ağırlığı (g)	BA 525 PG 910 Gloria PG 300 PG 318ACP PG 53	PG 318ACP x PG 820 BA 707 x PG 53 PG 318ACP x PG 53 PG 910 x PG 318ACP BA 707 x PG 820 Gloria x PG 318ACP PG 300 x PG 820 Lider (Mig119) x PG 820 Lider (Mig119) x PG 53 Lider (Mig119) x BA 525 BA 707 x PG 300 Lider (Mig119) x PG 318ACP BA 707 x BA 525 PG 910 x Gloria BA 525 x PG 318ACP PG 910 x PG 820 PG 820 x PG 53 Lider (Mig119) x PG 910 PG 910 x PG 300 PG 910 x PG 53 BA 525 x PG 820 Lider (Mig119) x PG 300 Gloria x PG 53 BA 707 x PG 318ACP PG 300 x PG 318ACP Gloria x PG 300 BA 707 x PG 910 BA 525 x PG 910 BA 525 x PG 300 BA 707 x Gloria BA525 x PG 53 Gloria x PG 820
100 Tohum ağırlığı (g)	Lider (Mig119) BA 707 BA 525 PG 910 PG 820 PG 53	PG 300 x PG 53 PG 820 x PG 53 BA 525 x PG 53 Gloria x PG 820 PG 910 x PG 53 PG 910 x Gloria BA 707 x PG 910 Lider (Mig119) x PG 53 PG 300 x PG 820 BA 707 x PG 53 Lider (Mig119) x PG 910

Bitki Boyu (cm)	Lider (Mig119) BA 707 Gloria PG 300	Lider (Mig119) x PG 53 PG 300 x PG 53 Lider (Mig119) x BA 525 Gloria x PG 300
Bitkideki Odun Dalı Sayısı	PG 820 PG53	PG 300 x PG 820 Lider (Mig119) x PG 53 BA 707 x PG 318ACP BA 707 x PG 53 BA 525 x PG 53
Bitkideki Meyve Dalı Sayısı	Gloria PG 53 Pima S7	PG 300 x Pima S7 PG 318ACP x PG 53 PG 820 x Pima S7 Lider (Mig119) x PG 300 Gloria x PG 53 BA 525 x Pima S7 PG 53 x Pima S7 BA 707 x PG 910 BA 707 x Pima S7 PG 300 x PG 53 Gloria x PG 820 PG 910 x PG 318ACP Lider (Mig119) x PG 318ACP BA 707 x PG 300 Gloria x Pima S7 BA 525 x PG 300
Bitkideki Koza Sayısı	Lider (Mig119) PG 910 Gloria PG 300 PG 53 Pima S7	Gloria x PG 318ACP PG 910 x PG 300 PG 300 x PG 820 PG 910 x PG 820 BA 707 x Pima S7 Lider (Mig119) x BA 525 Gloria x PG 820 BA 707 x Gloria PG 910 x Pima S7 PG 820 x PG 53 BA 525 x PG 820 BA 525 x Pima S7
Çırcır Randımanı (%)	Lider (Mig119) BA 707 PG 910 Gloria PG 300 PG 820 PG 53	BA 525 x PG 820 BA 525 x Gloria Lider (Mig119) x BA 525 PG 300 x PG 53 Lider (Mig119) x PG 300 Gloria x PG 820 BA 525 x PG 910 Lider (Mig119) x PG 820 Lider (Mig119) x PG 910 Lider (Mig119) x PG 53

Erkencilik Oranı (%)	Lider (Mig119) BA 707 BA 525 PG 318ACP PG 53	PG 318ACP x PG 820 Lider (Mig119) x PG 820 Lider (Mig119) x PG 300 Lider (Mig119) x Gloria BA 525 x PG 910 Lider (Mig119) x PG 910 Lider (Mig119) x BA 707 PG 318ACP x PG 53 BA 707 x PG 820 Lider (Mig119) x PG 53 BA 707 x BA 525 BA 707 x PG 910
Lif Uzunluğu (mm)	Gloria PG 318ACP Pima S7	BA 707 x Pima S7 PG 820 x Pima S7 BA 525 x Pima S7 PG 300 x Pima S7 PG 910 x Pima S7 PG 318ACP x Pima S7 Gloria x Pima S7 Lider (Mig119) x BA 525 Lider (Mig119) x PG 300 Gloria x PG 318 PG 318ACP x PG 820 BA 525 x PG 53 PG 820 x PG 53 PG 53 x Pima S7 Lider (Mig119) x BA 707 Lider (Mig119) x Pima S7 BA 707 x PG 300 PG 318ACP x PG 53
Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)	Gloria PG 300 PG 318ACP Pima S7	BA 707 x PG 318ACP BA 707 x Pima S7 PG 318ACP x PG 53 PG 318ACP x PG 820 BA 525 x Gloria PG 53 x Pima S7 PG 300 x Pima S7 PG 910 x Pima S7 BA 525 x Pima S7 Gloria x Pima S7 PG 300 x PG 318ACP PG 318ACP x Pima S7 Lider (Mig119) x Pima S7 Lider (Mig119) x Gloria PG 820 x Pima S7

Lif İnceliği (mic.)	BA 707 PG 318ACP Pima S7	BA 707 x BA 525 BA 525 x PG 53 BA 525 x Pima S7 PG 820 x Pima S7 BA 707 x Pima S7 BA 707 x Gloria BA 707 x PG 300 BA 525 x PG 318ACP PG 910 x Pima S7 PG 318ACP x Pima S7 PG 318ACP x PG 820 Gloria x Pima S7 PG 53 x Pima S7 PG 910 x PG 318ACP PG 300 x Pima S7
Kısa Lif Oranı (%)	PG 318ACP Pima S7	PG 820 x Pima S7 PG 820 x PG 53 PG 318ACP x PG 820 PG 300 x Pima S7 BA 525 x Pima S7 BA 707 x Pima S7 PG 910 x Pima S7 Gloria x PG 820 PG 318ACP x Pima S7 PG 910 x PG 318ACP BA 525 x PG 318ACP Gloria x PG 318ACP PG 53 x Pima S7 Gloria x Pima S7 Lider (Mig119) x Pima S7
Lif Uzunluk Uyum İndeksi (%)	BA 707 PG 318ACP Pima S7	PG 318ACP x Pima S7 BA 525 x Gloria PG 318ACP x PG 820 PG 910 x Pima S7 Gloria x Pima S7 Lider(Mig119) x Gloria Gloria x PG 318ACP BA 707 x Gloria BA 525 x PG 318ACP PG 820 x Pima S7 BA 707 x Pima S7 PG 318ACP x PG 53 PG 300 x Pima S7 PG 300 x PG 820 BA 707 x PG 300 BA 707 x PG 318ACP

Lif Kopma Uzaması (%)	BA 525 PG 53	Gloria x PG 820 PG 53 x Pima S7 PG 318ACP x PG 820 PG 910 x PG 820 BA 707 x PG 820 Lider (Mig119) x PG 910 BA 525 x Pima S7 PG 318ACP x Pima S7 PG 318ACP x PG 53 PG 910 x Gloria BA 707 x Gloria BA 707 x PG 318ACP BA 707 x PG 53 BA 525 x PG 53
Sarılık (yellowness) Değeri	BA 525 Gloria PG 318ACP PG 820 PG 53	Lider (Mig119) x PG 318ACP BA 707 x PG 318ACP BA 707 x Gloria PG 910 x PG 318ACP PG 300 x PG 53 Gloria x PG 318ACP Lider (Mig119) x PG 53 PG 820 x PG 53 BA 707 x PG 53 Gloria x PG 300 Gloria x PG 820 PG 318ACP x PG 820 BA 525 x PG 820
Grilik (Yansıtma) Değeri	BA 525 PG 910 Gloria PG 300 PG 318ACP PG 820 PG 53	BA 707 x Gloria Gloria x PG 820 PG 300 x PG 820 Lider(Mig119) x BA 707 Lider(Mig119) x PG 300 Gloria x PG 318ACP Gloria x PG 300 BA 525 x Gloria PG 910 x PG 318ACP Lider(Mig119) x PG 318ACP BA 707 x PG 300 PG 910 x PG 300 PG 910 x Gloria BA 707 x PG 318ACP Lider(Mig119) x Gloria BA 525 x PG 53 PG 318ACP x PG 820 BA 525 x PG 910 BA 525 x PG 820 PG 318ACP x PG 53 PG 910 x PG 53

Verim ve verim unsurlarına göre değerlendirme yapıldığında, Lider (Mig119) x BA 525, BA 707 x Pima S7, BA 707 x PG 820, BA 707 x BA 525, BA 707 x Gloria, BA 707 x PG 910, BA 525 x PG 910, BA 525 x PG 318ACP, BA 525 x PG 820, BA 525 x Gloria, BA 525 x PG 300, PG 910 x PG 300, PG 910 x PG 820, PG 910 x Pima S7, Gloria x PG 318ACP, Gloria x PG 820, Gloria x PG 300, PG 300 x PG 820, PG 820 x PG 53 melezleri ümitvar melezler olarak ön plana çıkmıştır (Çizelge 5.1).

Lif kalite özelliklerine göre değerlendirme yapıldığında, Lider (Mig119) x BA 525, Lider (Mig119) x PG 300, Lider (Mig119) x Gloria, Lider (Mig119) x Pima S7, BA 707 x Pima S7, BA 707 x Gloria, BA 707 x PG 300, BA 525 x PG 318ACP, BA 525 x PG 53, BA 525 x Pima S7, PG 910 x Pima S7, PG 910 x PG 318ACP, Gloria x PG 318ACP, Gloria x Pima S7, PG 300 x Pima S7, PG 318ACP x PG 820, PG 318ACP x PG 53, PG 318ACP x Pima S7, PG 820 x PG 53, PG 820 x Pima S7, PG 53 x Pima S7 melezleri ümitvar melezler olarak ön plana çıkmıştır (Çizelge 5.1).

Hem verim hem de lif kalite özelliklerine göre değerlendirme yapıldığında ise, Lider (Mig119) x BA 525, BA 707 x Pima S7, BA 707 x Gloria, BA 525 x PG 318ACP, PG 910 x Pima S7, Gloria x PG 318ACP, PG 820 x PG 53 melezleri ümitvar melezler olarak ön plana çıkmıştır (Çizelge 5.1).

Çizelge 5. 2. Diallel Tabloların Varyans Analizinden Genetik Komponentlerin F₁ Generasyonunda Önemlilik Durumları.

İncelenen Özellikler	a	b	b ₁	b ₂	b ₃
Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)	**	**	ÖD	**	**
Koza Kütlü Ağırlığı (g)	**	**	**	*	*
Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki)	**	**	**	**	**
100 Tohum Ağırlığı (g)	**	**	**	**	**
Bitki Boyu (cm)	**	**	**	**	**
Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki)	**	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki)	**	ÖD	**	ÖD	ÖD
Çırcır Randımanı (%)	**	**	**	**	**
Erkencilik Oranı (%)	**	**	**	**	**
Lif Uzunluğu (mm)	**	**	**	**	**
Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)	**	**	*	**	**
Lif İnceliği (mic.)	**	**	**	**	**
Kısa Lif Oranı (SFI) (%)	**	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Lif Uzunluk Uyum İndeksi (UI) (%)	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)	**	**	ÖD	ÖD	**
Sarılık Değeri (Yellowness)	**	**	ÖD	*	ÖD
Grilik Değeri (Yansıma Değeri) (Rd)	**	ÖD	*	**	**

*: %5 düzeyinde önemli, **: %1 düzeyinde önemli, ÖD: Önemsiz

Çizelge 5. 3. Diallel Melez Analizi ile F₁ Generasyonlarından Tahmin Edilen Genetik Parametrelerin Önemlilik Durumları.

İncelenen Özellikler	D	H ₁	H ₂	F	h ²	E	D-H ₁
Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)	*	*	*	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Koza Kütlü Ağırlığı (g)	**	*	**	ÖD	*	ÖD	ÖD
Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki)	ÖD	*	*	ÖD	ÖD	ÖD	*
100 Tohum Ağırlığı (g)	**	**	**	ÖD	**	ÖD	ÖD
Bitki Boyu (cm)	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD	**	ÖD	ÖD
Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki)	*	**	**	ÖD	ÖD	ÖD	*
Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki)	ÖD	*	*	ÖD	*	*	**
Çırcır Randımanı (%)	ÖD	ÖD	*	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Erkencilik Oranı (%)	**	ÖD	**	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Lif Uzunluğu (mm)	ÖD	*	**	ÖD	*	ÖD	ÖD
Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)	**	ÖD	**	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Lif İnceliği (mic.)	**	ÖD	**	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Kısa Lif Oranı (SFI) (%)	ÖD	*	*	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Lif Uzunluk Uyum İndeksi (UI) (%)	ÖD	*	*	ÖD	ÖD	ÖD	*
Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Sarılık Değeri (Yellowness)	**	*	**	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD
Grilik Değeri (Yansıma Değeri) (Rd)	*	ÖD	**	ÖD	ÖD	ÖD	ÖD

*: %5 düzeyinde önemli, **: %1 düzeyinde önemli, ÖD: Önemsiz

Çizelge 5. 4. Diallel Melez Analizi ile F₁ Generasyonlarından Tahmin Edilen Genetik Parametrele İlişkin Çeşitli Oransal Değerler.

İncelenen Özellikler	(H ₁ /D) ^{1/2}	(H ₂ /4H ₁)	(KD/KR)	K	Dar anlamda kalıtım derecesi
Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)	1.524	0.228	2.085	0.008	0.433
Koza Kütlü Ağırlığı (g)	0.944	0.497	0.728	0.224	0.424
Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki)	2.197	0.244	1.435	0.100	0.190
100 Tohum Ağırlığı (g)	0.857	0.528	0.770	0.314	0.464
Bitki Boyu (cm)	1.641	0.206	2.405	1.321	0.417
Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki)	1.592	0.214	1.678	0.038	0.276
Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki)	3.602	0.211	1.293	0.475	0.055
Çırcır Randımanı (%)	1.572	0.345	0.675	0.355	0.240
Erkencilik Oranı (%)	0.900	0.526	0.750	0.044	0.473
Lif Uzunluğu (mm)	1.891	0.368	0.365	0.388	0.152
Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)	0.728	0.573	1.053	0.025	0.660
Lif İnceliği (mic.)	0.820	0.522	0.925	0.161	0.559
Kısa Lif Oranı (SFI) (%)	1.489	0.292	1.084	0.090	0.284
Lif Uzunluk Uyum İndeksi (UI) (%)	2.135	0.191	1.956	-0.041	0.177
Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)	1.567	0.227	1.918	0.083	0.354
Sarılık Değeri (Yellowness)	0.825	0.572	0.699	0.000	0.481
Grilik Değeri (Yansıma Değeri) (Rd)	0.912	0.634	0.377	0.038	0.366

Çizelge 5. 5. Kombinasyon Yetenekleri Analizi ile F₁ Generasyonlarından Tahmin Edilen GUY ve ÖUY Önemlilik Durumları ve GUY/ÖUY Oranları.

İncelenen Özellikler	GUY	ÖUY	GUY/ÖUY
Kütlü Pamuk Verimi (kg/da)	**	**	2.87
Koza Kütlü Ağırlığı (g)	**	**	18.23
Bitkideki Koza Sayısı (adet/bitki)	**	**	2.56
100 Tohum Ağırlığı (g)	**	**	10.55
Bitki Boyu (cm)	**	**	1.36
Bitkideki Odun Dalı Sayısı (adet/bitki)	**	ÖD	7.42
Bitkideki Meyve Dalı Sayısı (adet/bitki)	**	**	2.34
Çırcır Randımanı (%)	**	**	13.74
Erkencilik Oranı (%)	**	**	23.99
Lif Uzunluğu (mm)	**	**	24.39
Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)	**	**	29.48
Lif İnceliği (mic.)	**	**	19.54
Kısa Lif Oranı (SFI) (%)	**	**	11.33
Lif Uzunluk Uyum İndeksi (UI) (%)	**	**	2.08
Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)	**	**	2.54
Sarılık Değeri (Yellowness)	**	**	41.30
Grilik Değeri (Yansıma Değeri) (Rd)	**	**	38.82

*: %5 düzeyinde önemli, **: %1 düzeyinde önemli, ÖD: Önemsiz

KAYNAKLAR

- Abro, S., Kandhro, M.M., Laghari, S., Arain, M.A. And Deho, Z.A., 2009. Combining Ability and Heterosis for Yield Contributing Traits in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Pak. J. Bot.*, 41 (4): 1769-1774.
- Ahmad, S., Iqbal, M.Z., Ahmad, S., 2003. Genetic Analysis of Morphological Characteristics and Seed Oil Content of Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Journal of Biological Sciences*, 3 (4): 396-405.
- Akçar, H., 1986. Çukurova Koşullarında, İki Pamuk Çeşidinde (*Gossypium hirsutum* L.) Farklı Ekim Şekillerinin Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi Üzerine Bir Araştırma, (Yüksek Lisans Tezi). Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri enstitüsü, Adana.
- Akdemir, H. ve Emiroğlu, Ş.H., 1985. Pamukta Erkenciliğin Kalıtımı ve Bunun bazı Tarımsal ve Teknolojik Özellikleri ile Olan İlişkileri Üzerine Araştırmalar. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22 (2): 139-153.
- Akgöl, B., 2012. Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Verim, Kalite ve Kuraklığa Dayanıklılık Özelliklerinin Kalıtımı. Doktora Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. 179 s.
- Akışcan, Y., 2011. Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) *Verticillium* Solgunluğu (*Verticillium dahlia* Kleb.) Hastalığına Dayanıklılık, Erkencilik, Verim ve Kalite özelliklerinin Kalıtımı. Doktora Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. 148 s.
- 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., Kırçalıoğlu, A. ve Korkut, K.Z., 1982. Kantitatif Genetiğe Giriş ve Diallel Analizler. Ege Bölge Zirai Araşt.Enst.Yayınları No:20 s. 124, Menemen – İZMİR.
- Alam, A.K.M.R., Roy, N.C., Islam, H., 1991. Line x Tester Analysis of Heterosis and Combining Ability in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [In Bangladesh]. *Bangladesh Journal of Plant Breeding and Genetics*, Vol.4(1-2), Page: 27-37.
- Ali, B., Iqbal, M.S., Nawaz Shah, M.K., Shabbir, G. and Cheema, N.M., 2011. Genetic Analysis for Various Traits in *Gossypium hirsutum* L. *Pakistan J. Agric. Res.*, Vol 24 No:1-4.
- Al-Rawi, K.M. and Kohel, R.J., 1969. Diallel Analyses of Yield and Other Agronomic Characters in *Gossypium hirsutum* L. *Crop Science*, 9 (6): 779-783.
- Anonim, 2011 a. <http://www.settohumculuk.com>. 01.11.2011
- Anonim, 2011 b. <http://www.progenseed.com>. 01.11.2011
- Anonim, 2011 c. ProGen Tohum A.Ş. Şirket içi yayınları. Hatay 2011.
- Anonim, 2012 a. <http://www.ars-grin.gov>. 15.01.2012
- Anonim, 2012 b. <http://www.progenseed.com>. 15.01.2012
- Anomin, 2013. Antakya Meteoroloji İl Müdürlüğü Gözlem Kayıtları.
- Antonio de Aguiar, P., Penna, V.C.J., Freire, E.C. and Melo, L. C., 2007. Diallel analysis of Upland Cotton Cultivars. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 7: 353-359.

- Ashwathama, V. H., Patil, B. C., Kareekatti, S. R., Adarsha, T. S., 2003. Studies on Heterosis for Biophysical Traits and Yield Attributes in Cotton Hybrids. *World Cotton Research Conference 3*, Cape Town, South Africa. *Abstract Book*, s.240-247.
- Ashraf, M. and Ahmad, S., 2000. Genetic Effects for Yield Components and Fibre Characteristics in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Cultivated under Salinized (NaCl) Conditions. *Agronomie*, 20: 917-926.
- Babar, M. And Khan, I.A., 1999. Genetic Analysis of Some Agronomic and Fibre Characters in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 2 (4): 1484-1487.
- Baloch, M.J., Bhutto, H., Rind, R., Tunio, G.H., 1995. Combining Ability Estimates in 5 x 5 Diallel Intra-hirsutum Crosses. *Pakistan Journal of Botany*, Vol.27 (1): 121-126.
- Barden, C. A., Smith, C.W. And Thaxton, P., 2002. Combining Ability for Near Extra Long Fibers in Upland Cotton. Texas A&M University College Station, TX. 2003 Beltwide Cotton Conferences, Nashville, TN-January 6-10.
- Barden, C. A., Smith, C.W. And Hequet, E. F., 2009. Combining Ability for Fiber Length in Near-Long-Staple Upland Cotton. *Crop Science*, Sayı 49. s. 756-762.
- Başal, H., 2001. Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Diallel Analiz Yöntemi ile Verim, Verim Öğeleri ve Lif Kalite Özelliklerinin Genetik Analizi. Doktora Tezi. Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Aydın. 99 s.
- Başal, H., Turgut, L., 2003. Heterosis and Combining Ability for Yield Components and Fiber Quality Parameters in a Half Diallel Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Population. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 27 (4) : 207-212.
- Bertini, M., Silva, F.P., Nunes, R. P and Santos, J. H. D., 2001. Gene Action, Heterosis and Inbreeding Depression of Yield Characters In Mutant Lines of Upland Cotton. *Journal Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, 36 (7) : 941-948.
- Boyacı, S., 1983. *Gossypium hirsutum* L. Türü Pamuk Çeşitlerinin Yarım Diallel Melezlerinde Önemli Kantitatif Özelliklerinin Genetik Analizleri Üzerine Araştırmalar. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Adana (Doktora Tezi).
- Boyacı, K., 2011. Bazı Pamuk (*Gossypium ssp.*) Genotiplerinin Çoklu Dizi (linexTester) Melezlerinde Tarımsal ve Teknolojik Özelliklerin Kalıtımı Üzerinde Bir Araştırma. Doktora Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. 113 s.
- 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.
- Cheatham, C. L., Jenkins, J.N., Mc Carty, C., Watson, C.E., Wu, J., 2003. Genetic Variances and Combining Ability of Crosses of American Cultivars, Australian Cultivars and Wilt Cottons. *Journal of Cotton Science*, 7: 1622-1627.
- Çiçek, S., 2007. Farklı Pamuk Türlerine Ait Çeşitlerin Diallel Melezlerinde Önemli Agronomik ve Teknolojik Özelliklerinin Kalıtımının Saptanması. Yüksek Lisans Tezi. Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı. Aydın.
- Çiçek, S. ve Kaynak, M.A. 2008. Farklı Pamuk Türlerine Ait Çeşitlerin Diallel Melezlerinde Önemli Agronomik Ve Teknolojik Özelliklerin Kalıtımının Saptanması. *ADÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 5(1):45-52.
- Demir, I., Aydem, N., Korkut, K. Z., 1980. Kombinasyon İslahında Ebeveyn Seçimi. Bitki İslahı Simp. Bornova, Ege Bölge Zirai Araş. Ens., Yayın No:17/41.

- Demir, İ., Forkman, G., 1975. *Mathiola incana* Bitkisinde Çiçek Renginin Kalıtımı Üzerinde Araştırmalar. Ege Üniv. Ziraî Araş. Enst.
- Duymaz, Ö., 2007. Pamukta (*Gossypium spp.*) F₁ Döl Kuşağında Tarımsal ve Teknolojik Özelliklerin Genetik Yapısı Üzerinde Bir Çalışma. Yüksek Lisans Tezi. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Adana.
- Efe, E., 1994. Sözlü Görüşme.
- Efe, L., 1994. Çukurova ve GAP Bölgesi Koşullarında *Gossypium hirsutum* L. Türündeki on Gossypolsüz Pamuk Çeşidinin Yarım Diallel Melezlerinde Önemli Tarımsal ve Teknolojik Özelliklerin Kalıtımı ile Bunlar Arasındaki İlişkiler Üzerinde Araştırmalar. Doktora Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. 249 s.
- Efe, L. And Gencer, O., 1995 a. Inheritance of Important Technological Properties in Half Diallel Hybrids of Some Glandless Cotton Cultivars under the Conditions of Cukurova Region. Proceedings. Joint meeting of working groups "Cotton Breeding" "Cotton Variety Trials" "Cotton Technology" Adana-Turkey. p 28-30.
- Efe, L. And Gencer, O., 1995 b. Inheritance of Yield and Yield Components in Half Diallel Hybrids of Some Glandless Cotton Cultivars under the Conditions of Cukurova Region. Proceedings. Joint meeting of working groups "Cotton Breeding" "Cotton Variety Trials" "Cotton Technology" Adana-Turkey. p 31-34.
- Falconer, D.S., 1980. Introduction to Quantitative Genetics. Oliver and Boyd Ltd. London.
- Falconer, D. S. 1981. Introduction to Quantitative Genetics, Longman Pub. Co., NewYork, NY.USA.
- 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.
- Gençer, O., 1978. *Gossypium hirsutum* L. *Gossypium barbadense* L. Türlerinden Sekiz Pamuk Çeşidinin Diallel melezlerinde Verim ve Kalite ile İlgili Başlıca Özelliklerinin Kalıtımı Üzerine Araştırmalar. Doçentlik Tezi Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. Araştırmalar. Doktora Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. 249 s.
- Gençer, O., Güvercin, R. Ş., 2003. Heritability of Earliness Criteria in Relation to Yield in Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in the Harran Plain of Southeastern Anatolia Project (GAP) Area, Word Cotton Research Conference 3. Cape Town, South Africa. s. 49-56.
- Gülyaşar, F., 1987. Çukurova'da Bölge Standart Pamuk Çeşitleri (*Gossypium hirsutum* L.) ve Zararlılara Dayanıklı Bazı Çeşitlerin (*Gossypium hirsutum* L.) Melezlenmesi ile Oluşturulan Populasyonda Önemli Tarımsal ve Teknolojik Özelliklerin Kalıtımı Üzerine Araştırmalar. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilimdalı, Adana.
- Güvercin, R.Ş. ve Gençer, O., 2005. Pamuk Bitkisinde (*Gossypium hirsutum* L.) Erkenciliğin Kalıtımı, Verim ve Lif Özellikleri ile Olan İlişkilerin Belirlenmesi. *Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 9 (4): 33-42.
- Godoy, A.S., Palomo, G.A., 1999. O., Genetic Analysis Of Earliness In Upland Cotton. *Springerlink*, Volume 105 Number 2 161-166.
- Griffing, B., 1956. Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. *Aust.J.Biol. Sci.*, 9: 463-493.

- Güvercin, R. ve Sunulu, S., (2010). Bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L. x *Gossypium barbadense* L.) Melezlerinin Lif Özelliklerinde Heterosis ve Korelasyon Katsayıları. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Tarım Bilimleri Dergisi*, 20(2) Page: 68-74.
- Harem, E., 2007. Türkiye’de Tescil Edilen Pamuk (*Gossypium ssp.*) Çeşitleri (1959-2007). Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü, Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü. Yayın No: 65 Nazilli/Aydın. 183 s.
- Hayman, B. I. 1954 a. 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.
- Henderson, C, R. 1952. Specific and general combining ability. Heterosis, (Ed.) John W. Gowen. Iowa State Collage Press, Ames, Iowa, USA.
- Hussaini, A., Azhar, F.M., Ali, M.A., Ahmad, S. and Mahmood, K., 2010. Genetic Studies of Fiber Quality Characters in Upland Cotton. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 20 (4): 234-238.
- Iqbal, M., Khan, M.A., Jameel, M., Yar, M.M., Javed, Q., Aslam, M.T., Iqbal, B., Shakir, S. and Ali, A., 2011. Study of Heritable Variation and Genetics of Yield and Yield Components in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *African Journal of Agricultural Research*, 6 (17): 4099-4103.
- Ilyas, M., Naveed, M., Khan, T. M., Khan, İ. A., 2007. Combining Ability Studies in Some Quantitative and Qualitative Traits of *Gossypium hirsutum* L. *Journal of Agriculture & Social Sciences*, 03 (2) : 39-42.
- Jinks, J.L. and. 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.
- Kandhro, M. M. 1982. Caroline Queen ile G.B.602 Çeşitlerinin F1, F2 ve Geri Melez Döl Kuşaklarında Önemli Tarımsal Karakterlerin Kalıtımı Üzerine Araştırmalar (Doktora Tezi) Adana.
- Kanoktip, K. 1987. Study on the Inheritance of Certain Agronomic Characteristics in Cotton. *Field Crops Abs.*, No: 92-073564.
- Kapoor, A., 2000. Inheritance Studies of Quantitative Characters in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Proceedings of the World Cotton Research Conference* 2. Athens, Greece.s. 211-213.
- Karademir, E., 2005. Çok Yönlü Dayanıklılık Islahı ile Geliştirilen Pamuk Çeşitleri (*Gossypium hirsutum* L.) ile Bölge Standart Pamuk Çeşitlerinin (*Gossypium hirsutum* L.) Melezlenmesi ile Oluşturulan F1 Döl Kuşaklarında Verim, Erkencilik ve Lif Kalite Özellikleri Yönünden Genetik Yapının İrdelenmesi, Doktora Tezi Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana.125 s.

- Karademir, E., Karademir, Ç. ve Ekinci, R., 2007. Pamukta Erkencilik, Verim ve Lif Teknolojik Özelliklerinin Kalıtımı. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 17 (2): 67-72.
- Karademir, E., Genç, O., 2010. Combining Ability and Heterosis for Yield and Fiber Quality Properties in Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Obtained by Half Diallel Mating Design. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 38 (1) : 222-227.
- Kaya, A.R., Eryiğit, T., ve Arslan, B., 2011. Kahramanmaraş Koşullarında Bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadense* L.) Çeşitlerinin ve Türler Arası Melezlemelerle Elde Edilen Hatların (*G.hirsutum* L. X *G. barbadense* L.) Verim, Verim Unsurlarının Belirlenmesi. *Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 1(2):97-105.
- Kaynak, M.A. 1990. Harran Ovası Koşullarında, *G. hirsutum* L. Türü İçindeki 12 Pamuk Çeşidinin Eksik Diallel Melezlerinde, Verim Unsurları ve Lif Özelliklerinin Kalıtımı Üzerine Araştırmalar. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilimdalı, Adana.
- Kaynak, M.A., 1996. Farklı Morfolojik ve Fizyolojik Özelliklere Sahip Bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) Çeşitlerinin Genetik Analizi. *TUBİTAK Türk Tarım ve Ormancılık Dergisi*, Cilt: 20 Ek Sayı.
- Kaynak, M.A., Ünay, A., Özkan, İ., Başal, H., 2000. Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Erkencilik Kriterleri ile Öemli Tarımsal ve Kalite Özelliklerinde Heterotik Etkilerin ve Fenotopik İlişkilerin Belirlenmesi. *Turk. J. Agric.for*, 24:105-111.
- Kiani, G., Nematzadeh, G. A., Kazemitabar, S. K., Alishah, O., 2007. Combining Ability in Cotton Cultivars for Agronomic Traits. *International Journal of Agriculture and Biology*, 9 (3) : 521-522.
- Khan, I.A., Khan, IF.A., Ahmad, M., 1981. Study of Gene Action and Combining in Various Characters of Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Cotton and Trop. Fib. Abst.*, 6-9:1117.
- Khan, S.A., Khan, N.U., Mohammad, F., Ahmad, M., Khan, I.A., Bibi, Z. And Khan, I. U., 2011. Combining Ability Analysis in Intraspecific F₁ Diallel Cross of Upland Cotton. *Pak. J. Bot.*, 43 (3). 1719-1723.
- Khorgade, P.W., Satange, I.V. and Meshram, L.D., 2000. Diallel Analysis in American Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Indian J. Agric. Res.*, 34 (3): 172-175.
- Korkut, K.Z., 1981. Arpada Diallel Melez Analizleri ile Bazı Tarımsal Özelliklerin Kalıtımı Üzerinde Araştırmalar. Doktora Tezi, Ege Üniv. Ziraat Fak., Agroekoloji ve Genel Bitki Islahı Kürsüsü, Bornova, İzmir.
- Lee, J. A., Miller, P. A and Rawling, J. O., 1967. Interaction of Combining Ability Effects with Environments in Diallel Crosses of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Crop Science*, Sayı 7. s. 477-482.
- Luckett, D.J., 1989. Diallel Analysis of Yield Components, Fibre Quality and Bacterial Blight Resistance Using Spaced Plants of Cotton. *Euphytica*, 44 (1-2): 11-21.
- Marani, A., 1968. Heterosis and Inheritance of Quantitative Characters in Interspecific Crosses of Cotton. *Crop Science*. Sayı 8. s. 299-303.
- Mather, K., Jinks, J.I., 1971. Biometrical Genetics. Second Edition. Chapman and Hall. London. S.213.
- Méndez-Natera, J.R., Rondón, A., Hernández, J., Fernando Merazo-Pinto, J., 2012. Genetic Studies in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) II. General and Specific Combining Ability. *Journal of Agricultural Science Technogy*. sayı14 s.617-627.

- Meredith, W. R., Jr., Bridge, R. R., 1971. Heterosis and Gene Actions in Cotton. *Crop Science*. Sayı 12. s. 304-310.
- Meredith, W. R., Brown, J. S., 1998. Heterosis and Combining Ability of Cottons Originating From Different Regions of the United States. *The Journal of Cotton Science*. Sayı 2.s. 77-84.
- Miller, P.A. and Marani, A., 1963. Heterosis and Combining Ability in Diallel Cross of Upland Cotton. *Crop Science*. 3 (5): 441-444.
- Minhas, R., Khan, I.A., Anjam, M. S. and Ali, K., 2008. Genetics of Some Fiber Quality Traits Among Intraspecific Crosses of American Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *International Journal of Agriculture&Biology*, 10 (2):196-200.
- Mirza, S.H. 1986. Heterosis and Heterobeltiosis Estimates for Plant Height, Yield and its Components in Intraespecific Diallel Crosses of *G. hirsutum* L. *Pakistan Cottons*, 30(1): 13-22.
- Mohamed, G.I.A., Abd-el-halem, S.H.M. and Ibrahim, E.M.A., 2009. A Genetic Analysis of Yield and its Components of Egyptian Cotton (*Gossypium barbadense* L.) Under Divergent Environments. *American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci.*, Vol.5(1), Page: 05-13.
- Mukhtar, M.S., Khan, T.M., Khan, A.S., Khan, M.A. And Khan, M.K.R., 2000. Diallel Analysis of some Important Fibre Characteristics of *Gossypium hirsutum* L. *International Journal of Agriculture&Biology*, 3:261-263.
- Murtaza, N., Qayyum, A. and Ali Khan, M., 2004. Estimation of Genetic Effects in Upland Cotton for Fibre Strength and Length. *International Journal of Agriculture&Biology*, 6 (1): 61-64.
- Murtaza, N., 2005. Study of Gene Effects for Boll Number, Boll Weight and Seed Index in Cotton. *Journal of Central European Agriculture*. Volume 6 (3): 255-262.
- Özcan, K., 1999. Populasyon Genetiği İçin Bir İstatistik Paket Geliştirilmesi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Doktora Tezi, İZMİR.
- Patil, M.S. and Sheriff, R.A., 1982. Diallel Analysis of Inheritance of Some Quantitative Characters in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.).Heterosis. *Mysore Jorنال of Agricultural Sciences*, 14 (3): 287-294.
- Paulo de Carvalho, L., Cruz, C.D. and Floriano de Moraes C., 1995. Diallel Analaysis of Yield and Other Traits in Cotton. *Brazil. J. Genetics*, 18 (1): 93-97.
- Rahman, S., Khan, M.A., Ayup, M. And Amin, M., 1993. Combining Ability Study on Yield Its Components in Various Crosses of Cotton. *Pakistan J. Agric. Res*. Vol.14 (4) : 273-282.
- Rauf, S., Munir, H, Basra, S. M. A., Abdullojon, E., 2006. Combining Ability Analysis in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L). *International Journal of Agriculture & Biology*. 8 (3) : 341-343.
- Schmidt, J. 1919. La Valuer de L'indidu a Titre de Generatuer Appreciee Suivant la Method du Croisement Diallele. *Compt. Rend. Lab. Carlsberg* 14:1-33.
- Shah, S.A. And Shah, S.M., 2008. Heterosis in Some Intraspecific Crosses of *Gossypium hirsutum* L. *Pakistan J. Agric. Res*. Vol. 21. No. 1-4.
- Sinde, V.K. and Deshmukh, M.D., 1985. Genetic Variability for Yield and Character Association in Deshi Cotton. *Journal of Maharashtra Agricultural University*, 10 (1) 21-22.
- Singh, R.K. and Chaudary, B.D., 1976. Biometrical Techniques in Genetics and Breeding. International Bioscience Publishers, Hissar (India).
- Singh, R.K. and Chaudary, B.D., 1985. Biometrical Methods in Quantative Genetic analysis. Kalyami Publishers, New Delhi-Ludhiana.

- Smith, C.W., Braden, C.A and Hequet, E.F., 2009. Combinin Ability for Fiber Length in Near-Long-Staple Upland Cotton. *Crop Science*. 49: 756-762.
- Soomro, Z.A., Larik, A.S., Kumbhar, M.B. and Rajput, M.I., 2008. Genetic Analysis of Yield and Yield Components in *Gossypium hirsutum* L. *Pakistan J. Agric. Res.* Vol. 21. No. 1-4.
- Sprague, G. F., and L.A.Tatum. 1942. General v.s. Spesific Combining Ability in Single Crosses of Corn. *J.Am.Soc.Agron.* 34: (923-932).
- Steel, R.G.D. and Torrie, J.H., 1960. Principles and Procedures of Statistics. Mc Graw-Hill Book Company, Inc., Newyork.
- Tarıq, M., Khan, M.A., Sadaqat, H.A., Jamil, T., 1992. Genetic Component Analysis İn Upland Cotton. *Journal of Agricultural Research* Vol. 30 (4) 439 445, Pakistan
- Toklu, P., 1999. *Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadanse* L. Türlerinden Renkli Lifli İki Pamuk Çeşidinin Morfolojik, Fizyolojik ve Teknolojik Özellikleri ile Bu İki Türün F₁ Melez Gücü Üzerinde Bir Araştırma. Yüksek Lisans Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.
- Turan, Z.M., 1979. Pamuğun Bazı Agronomik ve Tarımsal Özelliklerinin Diallel Analiz Yöntemi ile Populasyon Analizleri (Doktora Tezi). E.Ü. Zir. Fak. Agronomi-Genetik Bölümü. İzmir.
- Ünay, A., 1993. Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Erkencilik ve Bazı Tarımsal Özelliklerin Kalıtımı Üzerinde Araştırmalar. Doktora Tezi. Trakya Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Edirne. 180 s.
- Ünay, A, İnan, O., Çetinkaya, M., Gençkal, C., 1995. An Investigation of Fiber Characters by HVI Motion Control 4000 Tests in Cotton. *Proceedings Joint Meeting of Working Groups*. Adana. s. 137-139.
- Verhalen, L.M. and J.C. Murray. 1967. A Diallel Analysis of Several Fiber Properties traits in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Crop. Sci.* 7:501-505.
- Verhalen, L.M., Morrison, W.C., Al-Rawi, B.A., Fun, K.C., Murray, Y.J.C., 1971. A Diallel Analysis of Several Agronomic Traits in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Crop Science*: 11 (1) : 92- 96.
- Waldia, S. and Gupta, K.R., 1984. Inheritance of Seed Yield and Quality Traits in Peas. *Springer Link*, 69 (2): 133-137.
- White, T. G., Kohel, R. J., 1964. A Diallel Analysis of Agronomics Characteristics in Selected Lines of Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Crop Science*, 4 (3) : 254-257.
- Yates, F., 1947. Analysis of Data From All Possible Reciprocal Crosses Between a Set of Parental Lines. *Heredity*, 1:287-301.
- Yelin, D. 1985. *Gossypium hirsutum* L. Türü İçinden Beş Pamuk Çeşidinin Yarım Diallel Melez Populasyonlarında Verim ve Makinalı Hasada İlişkin Tarımsal Özelliklerin Kalıtımı Üzerinde Araştırmalar (Doktora Tezi). Adana.
- Yıldırım, M.B. 1974. Beş Ekmeklik Buğday Çeşidinin Diallel Melez Döllerinde Bazı Tarımsal Karakterlerin Populasyon Analizleri (Doçentlik Tezi) E.Ü. Ziraat Fakültesi Argon. Gen. Kürsüsü. Bornova – İZMİR.
- Yıldırım, M.B ve Çakır, S., 1986. Line x Tester Analizi. E.Ü. *Bilgisayar Araştırma ve Uygulama Merkezi Dergisi*, 9 (1).
- Yıldırım, M.B., Öztürk, A.İ., Püskülcü, H., 1979. Bitki Islahında İstatistik-Genetik Yöntemler. Ege Bölge Zirai Araştırma Enstitüsü. Menemen, Yayın No:14.
- Yıldırım, M. B. ve Şengonca, H., 1980. Diallel analizler. IV. Yarım Diallel Tablo Varyans Analizi. *E.Ü.Elektr. Hesap Bil. Enst. Derg.* 2: (29-37).

- Yılmaz, H. A., 1997. Türler Arası Melezleme (*Gossypium hirsutum* L. x *Gossypium barbadense* L.) ile Elde Edilen Hibrit Pamukta Erkencilik, Verim ve Verim Komponentlerinde Melez Azmanlığı. Türkiye II. Tarla Bitkileri Kongresi. Samsun. s. 337-341.
- Zeng, L., Meredith, W.R. And Boykin, D.L., 2011. Germplasm Potential for Continuing Improvement of Fiber Quality in Upland Cotton: Combining Ability for Lint Yield and Fiber Quality. *Crop Science*: 51 : 60-68.
- Zhu, Q., 1995. Advances in Research and Utilization of Intervarital Hybrid Vigour in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Field Crops Abstract*. 7 (1) : 8-11.

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı, soyadı : Hüseyin GÜNGÖR
Uyruğu : T.C.
Doğum tarihi ve yeri : 01.08.1978 Altınözü/Hatay
Medeni hali : Evli
Telefon : 0555 8658455-05365120969
Faks :
e-posta : hgungor78@hotmail.com

Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet tarihi
Doktora	KSÜ/Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı	2014
Yüksek lisans	MKÜ/ Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı	2004
Lisans	MKÜ/Ziraat Fakültesi/Tarla Bitkileri Bölümü	2001
Lise	Antakya Lisesi	1995

İş Denevimi

Yıl	Yer	Görev
2002-devam ediyor	ProGen Tohum A.Ş.	Ar&Ge bölümü

Yabancı Dil

İngilizce

Yayınlar

1. **Güngör, H.**, Akgöl, B., Can, D., Loeschenberger, F., 2013. Bazı Ekemeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Genotiplerinin Tane Verimi ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Türkiye X. Tarla Bitkileri Kongresi. 10-13 Eylül 2013. Konya.
2. Akgöl, B., **Güngör, H.**, Can, D., Akışcan, Y., 2013. Bazı İnterspesifik Hibrit Pamuk (*Gossypium hirsutum* L. x *Gossypium barbadense* L.) Genotiplerinin Lif Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Türkiye X. Tarla Bitkileri Kongresi. 10-13 Eylül 2013. Konya.

3. Akışcan, Y., Akgöl, B., **Güngör, H.**, Can, D., 2013. Çukurova Koşullarında Bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) Genotiplerinin Verim ve Kalite Özelliklerin Belirlenmesi. Türkiye X. Tarla Bitkileri Kongresi. 10-13 Eylül 2013. Konya.
4. **Güngör, H.**, Akgöl, B., Can, D., Akışcan, Y., 2013. Bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) Genotiplerinin Farklı Yöntemler Uyarınca Adaptasyon ve Stabilitelerinin Belirlenmesi. Türkiye X. Tarla Bitkileri Kongresi. 10-13 Eylül 2013. Konya.
5. Üstün, A., Şentürk, H., **Güngör, H.**, 2013. Konya Şartlarında Soya Fasulyesi (*Glycine max* L. Merrill) Genotiplerinin Farklı Sıra Aralıklarına Tepkileri. Türkiye X. Tarla Bitkileri Kongresi. 10-13 Eylül 2013. Konya.
6. Akışcan, Y., H., **Güngör, H.**, Akgöl, B., Can, D., 2013. Ege ve Çukurova Bölgelerinde Bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) Genotiplerinin Stabilitate ve Adaptasyon Yeteneklerinin Belirlenmesi. Uluslararası Bitki Islahı Kongresi. 10-14 Kasım 2013. Antalya.
7. Elçi, E., **Güngör, H.**, Loeschenberger, F., 2013. Genomic Selection in Wheat Breedin using Diversity Arrays Technology (DArT). International Plant Breeding Congress. 10-14 November 2013. Antalya.
8. Caliskan, M.E., **Güngör, H.**, Caliskan, S., Arioglu, H.H., “Comparative Growth Analysis of Potato Plants Derived from Tuber and TPS in a Mediterranean Type Environment”. 16th Triennial Conference of the European Association for Potato Research, Bilbao-Spain, s. 329-332, 17-21 July 2005.

Hobiler

Doğa bilimleri, Seyahat