

T.C.
AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI
DOKTORA PROGRAMI
2022-DR-016

**SOYADA (*Glycine max* (L.) Merrill) YÜKSEK SICAKLIĞA
TOLERANSIN KALİTİMİ**

Volkan Mehmet ÇINAR

DOKTORA TEZİ

DANIŞMAN
Prof. Dr. Aydın ÜNAY

Bu tez Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından ZRF-21003 proje numarası ile desteklenmiştir. Volkan Mehmet ÇINAR YÖK 100/2000 Doktora bursiyeridir.

AYDIN-2022

TEŞEKKÜR

İnsanların hayatlarında örnek aldıkları kişiler ve takip ettikleri kurumlar vardır. Platon'un Sokrates'le olan diyalektik öğrenme süreci ve Akademia kültürü varlığını hissettiren kavramlardır. Danışman hocam Sayın Prof. Dr. Aydın ÜNAY'ın da lisansüstü öğrenimim boyunca Sokrates benzeri bir öğretim tarzıyla bana yol gösterdiği apaçık bir gerçektir. Bu doğrultuda; bilimsel kimliğimin oluşmasındaki emsalsiz katkıları bir yana, olaylara daha büyük açılardan bakmamı öğütleyerek hayata dair büyük bir vizyon kazanmamı sağladığı için danışman hocama en derin saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tanıştığımız ilk günden beri en samimi duygularla iletişim kurduğumuz ve desteklerini sürekli hissettiren kıymetli hocam Sayın Prof. Dr. Mustafa SÜRMEN'e teşekkürü bir borç bilirim. Tez izleme komitesindeki katkılarından dolayı Sayın Prof. Dr. Mustafa Ali KAYNAK'a ve Sayın Prof. Dr. Emre İLKERE'e teşekkür ederim. Ayrıca, tez savunma jürisindeki katkılarından dolayı Sayın Prof. Dr. Ahmet ZEYBEK'e teşekkürlerimi sunarım.

Melezlemede kullanılan anaçların seçiminde tecrübelerini paylaşan Sayın Dr. Ali ÜSTÜN'e, melez bahçesinin kullanılmasına imkân tanıyan Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne, anaçların ekimi ve melezleme işlemlerinin gerçekleştirilmesinde yardım ve nezaketlerini esirgemeyen Sayın Mehmet ERDOĞMUŞ ve Sayın Meral ERGİN'e, damla sulama sistemlerinin temin edilmesindeki desteklerinden dolayı Sayın Öğr. Gör. Talih GÜRBÜZ'e, sıcaklık stresi uygulaması için taşınabilir plastik tünelin kurulumundaki özverili yardımlarından ötürü Sayın Hakan KIVRAK'a teşekkürü bir borç bilirim.

Hayatımızın her noktasında saf bir sevgi ile desteklerini ve güvenlerini hiçbir zaman eksik etmeyen Canım Aileme, okuma hevesini gerçekleştiremediğinden dolayı benim ve kız kardeşimin yükseköğrenim görmesinde bizden çok heyecan duyan dedem Sayın Mehmet ÇINAR'a, doktora sürecinde birbirimizin sorunlarını dinleyip, geleceğe yönelik hayaller kurduğumuz dostum Sayın Dr. Baha ÖNDEŞ'e, ilgi ve desteklerini sürekli hissettiren bütün arkadaşlarıma içtenlikle teşekkür ederim.

Yazdığım bu tezi; “Dünyada her şey için; uygarlık için, hayat için, başarı için en hakiki mürşit ilimdir; fendir. İlim ve fennin dışında rehber aramak gaflettir, cehalettir ve doğru yoldan sapmaktır.” diyen; entelektüel bir insan, vizyoner devlet adamı, bağımsızlık mücadelelerin timsali büyük komutan, çağdaş Türkiye Cumhuriyeti'nin kurucusu; Gazi Mustafa Kemal ATATÜRK'ün aziz ruhuna ve O'nun ölümsüz eseri Cumhuriyet'in 100. yılına ithaf ediyorum. Sonsuz saygı ve minnetle.

TEŞEKKÜR (burslar)

Tezin yürütülmesindeki maddi desteklerinden dolayı Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne teşekkür ederim. Buna ek olarak, “100/2000 Öncelikli Alanlar Doktora Burs Projesi” kapsamında “Sürdürülebilir Tarım Programı” alanındaki burs desteklerinden ötürü YÖK (Yüksek Öğretim Kurumu)’e teşekkürü borç bilirim. Ayrıca, “1001 - Üstün Lif Teknolojik Özelliklerine Sahip Kahverengi Lifli Pamuk Islahı (Proje No: 221O225)” projesi kapsamındaki doktora bursu için; “2250 - Lisansüstü Bursları Performans Programı” kapsamındaki burs teşviklerinden ötürü ve “2237-A Bilimsel Eğitim Etkinleri Destekleri” kapsamındaki “Doğa Bilimlerinde İstatistiksel Modelleme Teknikleri ve Uygulamaları (Etkinlik No: 1129B372100729)” ve “Analitik Doğa – Kümeleme ve Ordinasyon Teknikleri (Etkinlik No: 1129B372201165)” eğitim etkinliklerindeki desteklerinden dolayı TÜBİTAK (Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu)’a teşekkürlerimi sunarım. Son olarak, eğitim bursu projesi doğrultusunda sağladığı doktora burs desteği için GÜBRETAS (Gübre Fabrikaları Türk A. Ş.)’a da teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY	i
TEŞEKKÜR	ii
İÇİNDEKİLER.....	iv
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
RESİMLER DİZİNİ	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xiii
ÖZET	xxiv
ABSTRACT	xxv
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	5
2.1. Soyada Sıcaklık Stresi İle İlgili Yapılan Çalışmalar	5
2.2. Soyada Kalıtım İle İlgili Yapılan Çalışmalar	22
3. MATERYAL ve YÖNTEM	41
3.1. Materyal.....	41
3.1.1. Deneme Materyalinin Özellikleri	41
3.1.2. Deneme Yerinin Özellikleri.....	41
3.1.2.1. Toprak Özellikleri.....	41
3.1.2.2. İklim Özellikleri	42
3.2. Yöntem	43
3.2.1. Melezleme Yöntemi ve F ₁ Melez Tohumlarının Elde Edilmesi	43
3.2.2. Deneme Deseni, Ekim ve Bakım İşlemleri	44
3.2.3. Yüksek Sıcaklık Uygulaması	44

3.2.4. İncelenen Özellikler ve Elde Ediliş Yöntemleri	47
3.2.5. Genetik ve İstatistik Değerlendirme	51
3.2.5.1. Ön Varyans Analizi	51
3.2.5.2. Yarım Diallel Varyans Analizi	51
3.2.5.3. Diallel Melez Analizi İle Genetik Varyans Bileşenlerinin Tahmin Edilmesi	52
3.2.5.4. W_r - V_r Grafiğinin Yorumlanması	58
3.2.5.5. Uyum Yeteneği Etkilerinin Hesaplanması	60
3.2.5.6. Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerlerinin Hesaplanması	62
3.2.6. Isı Haritasının (Heatmap) Oluşturulması	63
4. BULGULAR	64
4.1. Çiçeklenme Gün Sayısı	64
4.2. Bakla Bağlama Gün Sayısı	72
4.3. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı	79
4.4. Bitki Boyu (cm)	87
4.5. İlk Bakla Yüksekliği (cm)	95
4.6. Dal Sayısı (adet bitki ⁻¹)	103
4.7. Bakla Sayısı (adet bitki ⁻¹)	111
4.8. Tohum Bağlamamış Boş Bakla Sayısı (adet bitki ⁻¹)	119
4.9. Baklada Tohum Sayısı (adet bakla ⁻¹)	127
4.10. Yüz Tohum Ağırlığı (g)	134
4.11. Tek Bitki Verimi (g bitki ⁻¹)	142
4.12. Tane Protein İçeriği (%)	150
4.13. Tane Yağ İçeriği (%)	157
4.14. Oleik Asit İçeriği (%)	165
4.15. Linoleik Asit İçeriği (%)	173

4.16. Linolenik Asit İçeriği (%)	180
4.17. Stearik Asit İçeriği (%).....	188
4.18. Palmitik Asit İçeriği (%)	196
4.19. Çiçeklenme Dönemi (R1) Kanopi Sıcaklığı (°C)	204
4.20. Tane Dolum Başlangıcı Dönemi (R5) Kanopi Sıcaklığı (°C)	211
4.21. Çiçeklenme Döneminde (R1) SPAD Değeri	219
4.22. Tane Dolum Başlangıcı Döneminde (R5) SPAD Değeri	228
4.23. Çiçeklenme Döneminde (R1) Stomatal İletkenlik Değeri ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$).....	236
4.24. Tane Dolum Başlangıcı Döneminde (R5) Stomatal İletkenlik Değeri ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)	244
4.25. Çiçeklenme Döneminde (R1) Fv/Fm Değeri.....	252
4.26. Tane Dolum Başlangıcı Döneminde (R5) Fv/Fm Değeri.....	260
5. TARTIŞMA.....	268
6. SONUÇ ve ÖNERİLER.....	289
KAYNAKLAR.....	296
BİLİMSEL ETİK BEYANI	319
ÖZ GEÇMİŞ.....	320

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

$(H_1/D)^{1/2}$	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Ortalama Dominantlık Derecesi Parametresi
a	: Jones Tipi Melez Analizinde Eklemeli Gen Etkisi Varyansı
b	: Jones Tipi Melez Analizinde Dominant Gen Etkileri Varyansı
b₁	: Jones Tipi Melez Analizinde Dominant Genlerin Aynı Yönde Etkili Olup Olmadığını Belirten Ortalama Dominantlık Varyansı
b₂	: Jones Tipi Melez Analizinde Dominant Allellerin Anaçlarda Simetrik Dağılıp Dağılmadığını Belirten Varyans
b₃	: Jones Tipi Melez Analizinde Özel Uyum Yeteneğinin Etkinliğini ve Dominant Genlerin Anaçlarda Dağılımını Belirten Varyans
D	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Eklemeli Gen Etkisi Varyansı
D-H1	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Eklemeli ile Dominant Gen Etkisi Varyansları Farkı
E	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Çevre Varyansı
EKÖF	: En Küçük Önemli Fark
F	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Dominant ve Resesif Allellerin Dağılışı Yönünü Belirten Varyans
FAOSTAT	: Dünya Gıda ve Tarım Örgütü İstatistik Birimi
Fv/Fm	: Klorofil Işıma Verimliliği
g_i	: Genel Uyum Yeteneği Etkisi
GUYE	: Genel Uyum Yeteneği Etkileri / Etkisi
H₁	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Dominant Gen Etkisi Varyansı
h²	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Heterizogotluk Gösteren Lokuslardaki Dominantlık Etkisini Gösteren Parametre

H₂	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Gen Dağılışına Göre Düzeltilmiş Dominantlık Varyansı
H₂/4H₁	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Anaçlarda Dominant ve Resesif Allellerin Frekansını Belirten Oran
h²/H₂=K	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde İncelenen Özelliği Yöneten Gen Sayısını Belirten Parametre
Hb	: Heterobeltiosis
Ht	: Heterosis
KÇÜ	: Kontrol Çeşide Üstünlük
KD/KR	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Dominant Allellerin Resesif Allellere Oranını Belirten Parametre
kJ m⁻² d⁻¹	: Gün Boyunca Metrekareye Düşen Kilojul Cinsinden Radyasyon
KO	: Kareler Ortalaması
KT	: Kareler Toplamı
°C	: Santigrat Derece
ÖUYE	: Özel Uyum Yeteneği Etkileri / Etkisi
pH	: Bir Çözeltinin Asitlik veya Bazlık Derecesini Tarif Eden Ölçü Birimi
ppm	: Milyonda Bir
R (1-8)	: Soyada Çiçeklenme ile Fizyolojik Olgunluk Arasındaki Generatif Dönem
r (Y_r, w_r + v_r)	: Jinks-Hayman Tipi Melez Analizinde Kuramsal Dominantlık Sırası Arasındaki Korelasyon Katsayısı
R²	: Belirleme (Determinasyon) Katsayısı
S.H.	: Standart Hata
SD	: Serbestlik Derecesi
s_{ij}	: Özel Uyum Yeteneği Etkisi
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
V (4)	: Soyada 12 Yapraklı Vejetatif Dönem

Wr/Vr : İncelenen Özelliğin Kalıtımı ve Anaçlara İlişkin Genetik Bilgiler Elde Etmek İçin Dizi Varyans (V_r) ve Kovaryans (W_r) Değerlerinin Birbirlerine Oranı Üzerinden Çizilen Grafikte Kullanılan Değer

$\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$: Mikromol Cinsinden Saniyede Metrekareden Geçen Gaz Akışı



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. R1 - R2 Döneminde Yüksek Sıcaklık Uygulaması Esnasındaki Kaydedilen İklimsel Veriler	46
Şekil 3.2. R5 Döneminde Yüksek Sıcaklık Uygulaması Esnasındaki Kaydedilen İklimsel Veriler	47
Şekil 3.3. Örnek W_r - V_r grafiği (Yıldırım ve Budak, 1995).....	58
Şekil 3.4. W_r - V_r Grafik Çeşitleri (Yıldırım ve Budak, 1995)	59
Şekil 4.1. Çiçeklenme Gün Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	70
Şekil 4.2. Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	78
Şekil 4.3. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	86
Şekil 4.4. Bitki Boyu Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	94
Şekil 4.5. İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Anaçlara İlişkin Ait W_r/V_r Grafiği.....	102
Şekil 4.6. Dal Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	109
Şekil 4.7. Bakla Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	117
Şekil 4.8. Boş Bakla Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	125
Şekil 4.9. Baklada Tohum Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	133
Şekil 4.10. Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	141
Şekil 4.11. Tek Bitki Verimi Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	148
Şekil 4.12. Protein İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	156
Şekil 4.13. Yağ İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	163
Şekil 4.14. Oleik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	171
Şekil 4.15. Linoleik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	179
Şekil 4.16. Linolenik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	186
Şekil 4.17. Stearik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	194
Şekil 4.18. Palmitik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	202

Şekil 4.19. Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	210
Şekil 4.20. Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	218
Şekil 4.21. SPAD (R1) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	226
Şekil 4.22. SPAD (R5) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği	234
Şekil 4.23. Stomatal İletkenlik (R1) Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	242
Şekil 4.24. Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	250
Şekil 4.25. F_v/F_m (R1) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	258
Şekil 4.26. F_v/F_m (R5) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği.....	266
Şekil 6.1. İncelenen Özelliklere Ait Ortalama Değerleri Gösteren Isı Haritası	291
Şekil 6.2. Anaçların Genel Uyum Yeteneği Etkilerini ve Melez Genotiplerin Özel Uyum Yeteneği Etkilerini Gösteren Isı Haritası	293
Şekil 6.3. Melez Genotiplere Ait Heterosis (Ht), Heterobeltiosis (Hb) ve Kontrol Çeşide Üstünlük (KÇÜ) Değerlerini Gösteren Isı Haritası.....	294

RESİMLER DİZİNİ

Resim 3.1. Çalışmada Anaç Olarak Kullanılan Çeşitlerin Ekili Olduğu Melez Bahçesi	43
Resim 3.2. Soyada Yüksek Sıcaklığa Hassas Olan Fenolojik Dönemler	45
Resim 3.3. Yüksek Sıcaklık Uygulaması İçin Kullanılan Plastik Örtünün Görünümü	45



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Deneme Arazisinin Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri (Mert, 2014)	42
Çizelge 3.2. Denemenin Yürütüldüğü Aylara İlişkin ve Uzun Yıllar (1985 – 2019) Ortalamalarına Ait Bazı İklim Verileri.....	42
Çizelge 3.3. Yarım Diallel Tabloların Varyans Analizindeki Eşitlikler	51
Çizelge 3.4. Genel ve Özel Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analizindeki Eşitlikler.....	61
Çizelge 4.1. Genotiplere Ait Çiçeklenme Gün Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları....	64
Çizelge 4.2. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Çiçeklenme Gün Sayısı Değerleri.	64
Çizelge 4.3. F ₁ Melez Genotiplerinde Çiçeklenme Gün Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	65
Çizelge 4.4. Çiçeklenme Gün Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	66
Çizelge 4.5. Çiçeklenme Gün Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	67
Çizelge 4.6. Çiçeklenme Gün Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.....	71
Çizelge 4.7. Çiçeklenme Gün Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	71
Çizelge 4.8. Genotiplere Ait Bakla Bağlama Gün Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.....	72
Çizelge 4.9. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Bakla Bağlama Gün Sayısı Değerleri.	72
Çizelge 4.10. F ₁ Melez Genotiplerinde Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	73
Çizelge 4.11. Bakla Bağlama Gün Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	74

Çizelge 4.12. Bakla Bağlama Gün Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	75
Çizelge 4.13. Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	78
Çizelge 4.14. Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	79
Çizelge 4.15. Genotiplere Ait Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	79
Çizelge 4.16. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Değerleri.	80
Çizelge 4.17. F ₁ Melezlerinde Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	81
Çizelge 4.18. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısına İlişkin Yarımlı Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	82
Çizelge 4.19. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	83
Çizelge 4.20. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	86
Çizelge 4.21. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	87
Çizelge 4.22. Genotiplere Ait Bitki Boyu İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	87
Çizelge 4.23. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Bitki Boyu Değerleri.	88
Çizelge 4.24. F ₁ Melez Genotiplerinde Bitki Boyu Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	89
Çizelge 4.25. Bitki Boyuna İlişkin Yarımlı Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	90
Çizelge 4.26. Bitki Boyu İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	90
Çizelge 4.27. Bitki Boyu Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	94
Çizelge 4.28. Bitki Boyu Yönünden Genotiplere İlişkin Uyum Yeteneği Etkileri.	95

Çizelge 4.29. Genotiplere Ait İlk Bakla Yüksekliği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	95
Çizelge 4.30. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama İlk Bakla Yüksekliği Değerleri.	96
Çizelge 4.31. F ₁ Melez Genotiplerinde İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	97
Çizelge 4.32. İlk Bakla Yüksekliğine İlişkin Jones Tipi Yarım Diallel Tabloların Varyans Analiz Sonuçları.	98
Çizelge 4.33. İlk Bakla Yüksekliği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	99
Çizelge 4.34. İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	102
Çizelge 4.35. İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri. .	103
Çizelge 4.36. Genotiplere Ait Dal Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	103
Çizelge 4.37. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Dal Sayısı Değerleri.	104
Çizelge 4.38. F ₁ Melez Genotiplerinde Dal Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	105
Çizelge 4.39. Dal Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	105
Çizelge 4.40. Dal Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	106
Çizelge 4.41. Dal Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	110
Çizelge 4.42. Dal Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	110
Çizelge 4.43. Genotiplere Ait Bakla Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	111
Çizelge 4.44. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Bakla Sayısı Değerleri.	112
Çizelge 4.45. F ₁ Melezlerinde Bakla Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	112
Çizelge 4.46. Bakla Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	113
Çizelge 4.47. Bakla Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	114
Çizelge 4.48. Bakla Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	118

Çizelge 4.49. Bakla Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.....	118
Çizelge 4.50. Genotiplere Ait Boş Bakla Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.....	119
Çizelge 4.51. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Boş Bakla Sayısı Değerleri.	119
Çizelge 4.52. F ₁ Melez Genotiplerinde Boş Bakla Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	120
Çizelge 4.53. Boş Bakla Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	121
Çizelge 4.54. Boş Bakla Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.....	122
Çizelge 4.55. Boş Bakla Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.....	126
Çizelge 4.56. Boş Bakla Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	126
Çizelge 4.57. Genotiplere Ait Baklada Tohum Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	127
Çizelge 4.58. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Baklada Tohum Sayısı Değerleri.	127
Çizelge 4.59. F ₁ Melezlerinde Baklada Tohum Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	128
Çizelge 4.60. Baklada Tohum Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	129
Çizelge 4.61. Baklada Tohum Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.....	130
Çizelge 4.62. Baklada Tohum Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.....	134
Çizelge 4.63. Baklada Tohum Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	134
Çizelge 4.64. Genotiplere Ait Yüz Tohum Ağırlığı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları. ...	135
Çizelge 4.65. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Yüz Tohum Ağırlığı Değerleri.	135
Çizelge 4.66. F ₁ Melezlerinde Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	136

Çizelge 4.67. Yüz Tohum Ağırlığına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	137
Çizelge 4.68. Yüz Tohum Ağırlığı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	138
Çizelge 4.69. Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.	141
Çizelge 4.70. Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri...	142
Çizelge 4.71. Genotiplere Ait Tek Bitki Verimi İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	142
Çizelge 4.72. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Tek Bitki Verimi Değerleri.	143
Çizelge 4.73. F ₁ Melez Genotiplerinde Tek Bitki Verimi Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	144
Çizelge 4.74. Tek Bitki Verimine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	145
Çizelge 4.75. Tek Bitki Verimi İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	145
Çizelge 4.76. Tek Bitki Verimi Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	149
Çizelge 4.77. Tek Bitki Verimi Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	150
Çizelge 4.78. Genotiplere Ait Protein İçeriğine İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	150
Çizelge 4.79. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Protein İçeriği Değerleri.	151
Çizelge 4.80. F ₁ Melez Genotiplerinde Protein İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	152
Çizelge 4.81. Protein İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	152
Çizelge 4.82. Protein İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	153
Çizelge 4.83. Protein İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	156
Çizelge 4.84. Protein İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	157
Çizelge 4.85. Genotiplere Ait Yağ İçeriği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	157
Çizelge 4.86. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Yağ İçeriği Değerleri.	158

Çizelge 4.87. F ₁ Melez Genotiplerinde Yağ İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	159
Çizelge 4.88. Yağ İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	160
Çizelge 4.89. Yağ İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	160
Çizelge 4.90. Yağ İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.....	164
Çizelge 4.91. Yağ İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.....	165
Çizelge 4.92. Genotiplere Ait Oleik Asit İçeriği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	165
Çizelge 4.93. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Oleik Asit İçeriği Değerleri.....	166
Çizelge 4.94. F ₁ Melezlerinde Oleik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	166
Çizelge 4.95. Oleik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	167
Çizelge 4.96. Oleik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	168
Çizelge 4.97. Oleik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.....	172
Çizelge 4.98. Oleik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.....	172
Çizelge 4.99. Genotiplere Ait Linoleik Asit İçeriği Ön Varyans Analiz Sonuçları.....	173
Çizelge 4.100. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Linoleik Asit İçeriği Değerleri.	173
Çizelge 4.101. F ₁ Melezlerinde Linoleik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	174
Çizelge 4.102. Linoleik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	175
Çizelge 4.103. Linoleik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	176
Çizelge 4.104. Linoleik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.	180

Çizelge 4.105. Linoleik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	180
Çizelge 4.106. Genotiplere Ait Linolenik Asit İçeriği Ön Varyans Analiz Sonuçları.....	180
Çizelge 4.107. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Linolenik Asit İçeriği Değerleri.	181
Çizelge 4.108. F ₁ Melezlerinde Linolenik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	182
Çizelge 4.109. Linolenik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	183
Çizelge 4.110. Linolenik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	183
Çizelge 4.111. Linolenik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.	187
Çizelge 4.112. Linolenik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	188
Çizelge 4.113. Genotiplere Ait Stearik Asit İçeriği Ön Varyans Analiz Sonuçları.	188
Çizelge 4.114. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Stearik Asit İçeriği Değerleri.	189
Çizelge 4.115. F ₁ Melez Genotiplerinde Stearik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	190
Çizelge 4.116. Stearik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	191
Çizelge 4.117. Stearik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.....	191
Çizelge 4.118. Stearik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.....	195
Çizelge 4.119. Stearik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri. ..	196
Çizelge 4.120. Genotiplere Ait Palmitik Asit İçeriği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları...	196
Çizelge 4.121. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Palmitik Asit İçeriği Değerleri.	197
Çizelge 4.122. F ₁ Melez Genotiplerinde Palmitik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	198

Çizelge 4.123. Palmitik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	199
Çizelge 4.124. Palmitik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	199
Çizelge 4.125. Palmitik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.	203
Çizelge 4.126. Palmitik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	203
Çizelge 4.127. Genotiplere Ait Kanopi Sıcaklığı (R1) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	204
Çizelge 4.128. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Kanopi Sıcaklığı (R1) Değerleri. ...	205
Çizelge 4.129. F ₁ Melez Genotiplerinde Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	206
Çizelge 4.130. Kanopi Sıcaklığına (R1) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	206
Çizelge 4.131. Kanopi Sıcaklığı (R1) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.....	207
Çizelge 4.132. Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.....	211
Çizelge 4.133. Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	211
Çizelge 4.134. Genotiplere Ait Kanopi Sıcaklığı (R5) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	212
Çizelge 4.135. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Kanopi Sıcaklığı (R5) Değerleri. ...	212
Çizelge 4.136. F ₁ Melez Genotiplerinde Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	213
Çizelge 4.137. Kanopi Sıcaklığına (R5) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	214
Çizelge 4.138. Kanopi Sıcaklığı (R5) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.....	215
Çizelge 4.139. Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.	219

Çizelge 4.140. Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	219
Çizelge 4.141. Genotiplere Ait SPAD (R1) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	220
Çizelge 4.142. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama SPAD (R1) Değerleri.	220
Çizelge 4.143. F ₁ Melez Genotiplerinde SPAD (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	221
Çizelge 4.144. SPAD (R1) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	222
Çizelge 4.145. SPAD (R1) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	223
Çizelge 4.146. SPAD (R1) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	227
Çizelge 4.147. SPAD (R1) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri. ..	227
Çizelge 4.148. Genotiplere Ait SPAD (R5) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	228
Çizelge 4.149. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama SPAD (R5) Değerleri.	229
Çizelge 4.150. F ₁ Melez Genotiplerinde SPAD (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	229
Çizelge 4.151. SPAD (R5) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	230
Çizelge 4.152. SPAD (R5) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	231
Çizelge 4.153. SPAD (R5) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	235
Çizelge 4.154. SPAD (R5) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri. ..	235
Çizelge 4.155. Genotiplere Ait Stomatal İletkenlik (R1) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.	236
Çizelge 4.156. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Stomatal İletkenlik (R1) Değerleri.	237
Çizelge 4.157. F ₁ Melez Genotiplerinde Stomatal İletkenlik (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	237

Çizelge 4.158. Stomatal İletkenliğe (R1) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	238
Çizelge 4.159. Stomatal İletkenlik (R1) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar. .	239
Çizelge 4.160. Stomatal İletkenlik (R1) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	243
Çizelge 4.161. Stomatal İletkenlik (R1) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	243
Çizelge 4.162. Genotiplere Ait Stomatal İletkenlik (R5) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.....	244
Çizelge 4.163. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Stomatal İletkenlik (R5) Değerleri.	245
Çizelge 4.164. F ₁ Melez Genotiplerinde Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	246
Çizelge 4.165. Stomatal İletkenliğe (R5) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.....	247
Çizelge 4.166. Stomatal İletkenlik (R5) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar. .	247
Çizelge 4.167. Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.	251
Çizelge 4.168. Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.	252
Çizelge 4.169. Genotiplere Ait Fv/Fm (R1) Değeri İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları. ...	252
Çizelge 4.170. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Fv/Fm (R1) Değerleri.....	253
Çizelge 4.171. F ₁ Melez Genotiplerinde Fv/Fm (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	254
Çizelge 4.172. Fv/Fm (R1) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	254
Çizelge 4.173. Fv/Fm (R1) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	255
Çizelge 4.174. Fv/Fm (R1) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.....	259

Çizelge 4.175. Fv/Fm (R1) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri...	259
Çizelge 4.176. Genotiplere Ait Fv/Fm (R5) Değeri İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları. ...	260
Çizelge 4.177. Anaç ve F ₁ Melezlerine Ait Ortalama Fv/Fm (R5) Değerleri.....	261
Çizelge 4.178. F ₁ Melez Genotiplerinde Fv/Fm (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.	262
Çizelge 4.179. Fv/Fm (R5) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.	262
Çizelge 4.180. Fv/Fm (R5) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.	263
Çizelge 4.181. Fv/Fm (R5) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.....	267
Çizelge 4.182. Fv/Fm (R5) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri...	267

ÖZET

SOYADA (*Glycine max* (L.) Merrill) YÜKSEK SICAKLIĞA TOLERANSIN KALITIMI

Çınar V.M. Aydın Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Programı, Doktora Tezi, Aydın, 2022.

Amaç: Soyada çiçeklenme ve tane dolum dönemindeki yüksek sıcaklık stresi küresel iklim değişikliğinin önemli bir sonucudur. Bu nedenle, yüksek sıcaklık stresi altında soyanın tarımsal, fizyolojik ve kalite özelliklerinin kalıtımının saptanması, uygun anaç ve ümitvar melez kombinasyonların belirlenmesi bu çalışmanın amacını oluşturmuştur.

Materyal ve Yöntem: Çalışmada materyal olarak Arısoy, Pınar, Samsoy, Ataem-7 ve Blaze soya çeşitleri, bunların yarım diallel F₁ popülasyonları ve kontrol olarak ise Lider çeşidi kullanılmıştır. 2020 yılında çiçeklenme (R1 - R2) ve tane dolum başlangıcı (R5) dönemlerinde yüksek sıcaklık stresi yapay olarak oluşturulmuştur. İncelenen özellikler için diallel melez analizleri yapılmıştır.

Bulgular: Jinks-Hayman tipi melez analizine göre incelenen tüm özelliklerin eklemeli olmayan genler tarafından kontrol edildiği tespit edilmiştir. Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinde boş bakla sayısını azaltıcı, Pınar ve Samsoy çeşitlerinde ise verimi artırıcı yönde genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Boş bakla sayısı ve tek bitki verimi yönünden Pınar × Samsoy melez kombinasyonu olumlu özel uyum yeteneği etkilerine sahiptir. Tek bitki verimi ve protein içeriği yönünden genellikle olumsuz buna karşın yağ içeriği yönünden olumlu heterotik etkiler bulunmuştur.

Sonuç: Yüksek sıcaklık stresi altında yürütülecek ıslah çalışmalarında tek bitki seçiminin ileri generasyonlarda (F₅-F₆) yapılmasının yararlı olacağı belirlenmiştir. Sıcaklık stresine toleranslı genotip geliştirme amacıyla yürütülecek ıslah çalışmalarında Arısoy ve Pınar çeşitleri anaç olarak başarı ile kullanılabilir. Ayrıca, Arısoy × Ataem-7 ve Pınar × Samsoy melez kombinasyonlarının ise ileri generasyonlara aktarılması sonucuna varılmıştır.

Anahtar Kelimeler: Gen etkileri, Heterotik etkiler, Kalıtım, Stres, Uyum yetenekleri

ABSTRACT

THE INHERITANCE OF HIGH TEMPERATURE TOLERANCE IN SOYBEAN

(*Glycine max* (L.) Merrill)

Çınar V.M. Aydın Adnan Menderes University, Graduate School of Natural and Applied Sciences, Field Crops Program, Doctorate Thesis, Aydın, 2022.

Objective: Heat stress during flowering and seed filling is an important result of global climate change. Therefore, this study was designed to determine the inheritance of agronomic, physiological and quality characteristics of soybean, the suitable parent and promising hybrids under heat stress.

Material and Methods: Arısoy, Pınar, Samsoy, Ataem-7 and Blaze soybean cultivars, and their half-diallel F₁ populations were used as material in this study. Also, the Lider cultivar was used as a check. Heat stress was created as artificial during the flowering (R1 - R2) and the beginning of seed filling (R5) in 2020. Diallel analyses were performed for all characteristics.

Results: Jinks-Hayman type diallel analysis indicated that all characteristics were controlled by non-additive genes. While general combining ability effects of Ataem-7 and Blaze cultivars were favourable for unfilled pod number, Pınar and Samsoy cultivars had significant and positive general combining ability effects for yield. Pınar × Samsoy combination had positive specific combining ability effects in terms of unfilled pod number and yield. Generally, negative heterotic effects for single-plant yield and seed protein content were determined whereas heterotic effects for seed oil content were a positive direction.

Conclusion: Single-plant selection in plant breeding programmes under heat stress should be started in the next generations (F₅-F₆). Arısoy and Pınar can be successfully used as genitors in heat stress-tolerant breeding. Also, Arısoy × Ataem-7 and Pınar × Samsoy hybrid combinations should be transferred to further generations.

Key Words: Heat stress, Heritability, Gene actions, Combining ability, Heterotic effects

1. GİRİŞ

Soya fasulyesi (*Glycine max* (L.) Merr.), fotosentezde karbon fiksasyonu yönünden C₃ mekanizmasına sahip bir baklagil bitkisidir. Hem insan hem de hayvan beslenmesinde çok önemli bir yere sahip olan ve dünyanın çeşitli bölgelerinde tarımı yapılan ticari değeri yüksek yağ bitkisidir. Soya insan beslenmesinde genellikle bitkisel yağ ve doğrudan tüketim amaçlı, hayvan beslenmesinde bitkisel protein kaynağı ve sanayide ise biyodizel yakıt olarak kullanılmaktadır (Djanaguiraman vd., 2019; Castro vd., 2019; Thomey vd., 2019; Narayanan vd., 2020; Veas vd., 2021). Soya tohumları, kuru maddede yaklaşık 446 kcal enerji, %30 karbonhidrat, %30-40 protein, %20 yağ, %9 lif, %0,4 kalsiyum, %0,7 fosfor ve %0,2 demir içeriğiyle yüksek besin değerine sahiptir. Besin içeriği dağılımı göz önüne alındığında soyanın ekonomik değeri protein ve yağ içeriğine göre belirlenmektedir. Ayrıca, soya tohumları günlük diyet için önemli olan temel yağ asitleri ve aminoasitlerce de zengindir. Bu önemli yağ asitlerinin iki tanesini doymuş yağ asiti (Palmitik; C16:0 ve Stearik; C18:0) ve üç tanesi de doymamış yağ asiti grubundadır (Oleik; C18:1, Linoleik; C18:2 ve Linolenik; C18:3). Toplam yağ içerisinde palmitik yağ asiti yaklaşık %10-12, stearik yağ asiti %3-5, oleik yağ asiti %24, linoleik yağ asiti %54 ve linolenik yağ asiti ise %8'dir (Hymowitz vd., 1972; Hurburg vd., 1990; Zarkadas vd., 1999; Wilson, 2004; Khedar vd., 2008; Hartman vd., 2011; Medic vd., 2014; Bellaloui vd., 2015; Miransari vd., 2016; Nahar vd., 2016; Song vd., 2016; Xu, 2016b; Sabagh vd., 2019).

Soya, dünya genelinde yaklaşık olarak 127 milyon ha ekim alanı ile buğday, mısır ve çeltikten sonra en çok ekilen dördüncü ve 353 milyon ton üretim miktarı ile de şeker kamışı, mısır, buğday, palm çekirdeği ve patatesten sonra en çok üretilen yedinci bitkidir. Ekim alanı ve üretim bakımından ilk üç sıra Brezilya, Amerika Birleşik Devletleri ve Arjantin'den oluşmaktadır. Bu üç ülke toplam soya üretimimin yaklaşık %80'ini karşılarken, toplam üretimin yaklaşık %66'sı sadece Brezilya ve ABD tarafından yapılmaktadır. Türkiye ise 35 bin ha ekim alanı ve 155 bin ton üretim ile dünyada 47. Sırada yer almaktadır. Soya verimi dünya ortalaması yaklaşık 278 kg da⁻¹'dir. Türkiye'nin ortalama soya verimi ise yaklaşık 442 kg da⁻¹ ile dünya ortalamasına göre daha yüksektir (FAO, 2020).

Tarımsal üretim sistemlerinin sürdürülebilirliğini sağlama noktasında da soya fasulyesi ekim nöbeti düzenlemeleri için güçlü bir potansiyele sahip baklagillerden biridir (Lamichhane vd., 2020). Çünkü soya türe özelleşmiş *Bradyrhizobium japonicum* bakterileri ile kökleri

aracılığıyla simbiyotik bir ilişki kurma yeteneğine sahiptir. Bu bakteriler atmosferde bulunan azotu bağlayabilmekte ve konukçu bitkinin kullanımına sunmaktadır. Dolayısıyla, soya da bu bakteriler sayesinde büyüme ve verim için gerekli olan temel azot ihtiyacının yaklaşık %50-60'ını karşılayabilmektedir (Miransari, 2016). Bu bağlamda, soya fasulyesi biyolojik azot tutumu yeteneğinden dolayı toprak verimliliğini iyileştirmek için de önemli bir rol oynamaktadır (Salvagiotti vd., 2008). Uygun koşullar altında soya-*Bradyrhizobium japonicum* simbiyotik etkileşimi yaklaşık olarak 30 kg da⁻¹ azotu toprağa bağlayabilmektedir (Keyser ve Li, 1992).

Kuraklık, sıcaklık stresi, don, tuzluluk, ağır metaller ve bitki besin elementi eksiklikleri gibi abiyotik stres kaynakları tarımsal verimliliğin azalmasına neden olan en büyük kısıtlayıcılarıdır. Dünya nüfusunun 2050 yılında yaklaşık 9,7 milyar olacağı öngörülmektedir. Bu kadar yüksek bir nüfusu beslemek için genişlemesi sınırlı olan mevcut tarım arazilerinde verimi artırmaktan başka seçenek şimdilik görülmemektedir. Dünya nüfusunun yaklaşık %80'inin beslenme ihtiyacı buğday, çeltik, mısır ve soyadan karşılanmaktadır. Bu bitkiler mevcut iklimsel değişikliklerden fazlasıyla olumsuz etkilenmektedir. Dolayısıyla, bu tür önemli tarla bitkilerinin ıslah edilerek strese toleranslı hale getirilmeleri tarımsal verimliliğin sürdürülebilmesi açısından önemlidir. Bu amaçla, abiyotik stres altında özelliklerin kalıtımı hakkında bilgi sahibi olmak, ani iklimsel değişikliklere uyumlu ve verim stabilitesini sürdürebilen çeşitlerin geliştirilebilmesi için ıslahçılara yardım etmektedir (Karthika ve Govintharaj, 2022).

Yüksek sıcaklığın bitkiler başta olmak üzere bütün canlı organizmaları tehdit eden en olumsuz abiyotik stres faktörlerinden biri olduğu bilinmektedir. Sıcaklık stresi; bitkinin büyümesine, kalitesine ve gen ifadesine varan noktaya kadar olumsuz etki yapmaktadır. Sıcaklık stresinin sıklığında ve şiddetinde meydana gelen artışlar iklim değişikliğinin en olumsuz etkilerinin başında gelmektedir. Küresel sıcaklıklardaki her 0,5 °C'lik artışın yüksek sıcaklıkların şiddetini ve sıklığını önemli ölçüde arttırmaya devam edeceği vurgulanmaktadır (IPCC, 2021). Yetiştirme sezonunu boyunca sıcaklıktaki yaklaşık her 1,0 °C'lik artışın buğday, mısır ve soya gibi önemli tarla bitkilerinin verimini yaklaşık %17'ye kadar azalttığı bildirilmiştir (Lobell ve Asner, 2003; Ozturk vd., 2015).

Soya fasulyesinin yetiştirme bölgesinin sınırları, büyümesi, verimi ve kalitesi sıcaklık stresinden büyük ölçüde etkilenmektedir (Liu vd., 2008). Soya özellikle yarı kurak bölgelerde sıklıkla sıcaklık stresine maruz kalmaktadır. Schlenker ve Roberts (2009) soya için sıcaklık stresi başlangıç eşiğinin yaklaşık 30 °C olduğunu saptamışlardır. Soyanın sıcaklık stresine en

hassas olduđu dönem çiçeklenme (R1 - R2) ve tane dolumunun başladığı (R5) generatif dönemdir. Yüksek sıcaklık çiçeklenmeyi, tozlanmayı, döllemeyi ve dolayısıyla tohum gelişimini de etkilemektedir. Sıcaklık stresi fotosentez ve terleme üzerine doğrudan etki etmekte ve sonucunda verimi düşürmektedir (Puteh vd., 2013). 2100 yılına kadar gerçekleşebilecek yaklaşık 6 °C'lik bir sıcaklık artışının ise soya verimini yaklaşık %49 azaltabileceği tahmin edilmiştir (Schlenker ve Roberts, 2009).

Normal koşullar altında bitki büyümesi ve verim büyük oranda yetiştirme sezonunun iklimsel parametreleri tarafından kontrol edilir. Bu yüzden, normal iklimsel koşullarından (en az otuz yıllık uzun yıllar ortalamasından) çok küçük sapmalar bile fotosentezi, bitki büyümesini ve dolayısıyla verimi önemli ölçüde olumsuz olarak etkilemektedir (Mall vd., 2004; Camejo vd., 2005; Thomas vd., 2010). Bu olumsuz etki, sıcaklık stresinin yaprak yaşlanmasını hızlandırması ve tane dolum süresini kısaltması sonucunda ortaya çıkmaktadır (Masclaux-Daubresse vd., 2010; Hatfield vd., 2011; Chakrabarti vd., 2013; Gregersen vd., 2013; Sage vd., 2015). Soyada özellikle döllemeden sonra tane dolum dönemindeki (R5) yüksek sıcaklık stresi verimi düşürmektedir (Egli ve Wardlaw, 1980; Dornbos, 1988; Ferris vd., 1999; Mall vd., 2004; Boote vd., 2005; Tacarindua vd., 2012; Puteh vd., 2013; Ruiz-Vera vd., 2013; Tacarindua vd., 2013; Siebers vd., 2015; Xu vd., 2016a; Zhang vd., 2016; Onat vd., 2017; Ergo vd., 2018; Hou vd., 2019; Jumrani ve Bhatia, 2019; Thomey vd., 2019; Nakagawa vd., 2020; Sima vd., 2020; Veas vd., 2021) ve bu verim kaybı tohum sayısından ziyade tohum ağırlığının azalmasından kaynaklanmaktadır (Heinemann vd., 2006; Nakagawa vd., 2020). Tohum ağırlığındaki bu azalış ise sıcaklık stresinden kaynaklı fotosentez kapasitesinin düşmesiyle doğru orantılıdır (Djanaguiraman vd., 2013).

Ayrıca, tohum gelişimi boyunca (R5 - R6), sıcaklık stresi başta olmak üzere çevresel değişkenlerin soya tohum bileşimi üzerine önemli etkileri olduğu farklı araştırmacılar tarafından bildirilmiştir (Dornbos, 1995; Gibson ve Mullen, 1996; Wilson, 2004). Sıcaklıktaki değişimler protein sentezine ve tohumdaki protein miktarına etki etmektedir. Tohum gelişimi döneminde ortalama sıcaklık 26 – 29 °C aralığında seyrettiğinde, protein miktarının arttığı ifade edilmiştir (Dornbos ve Mullen, 1992; Gibson ve Mullen, 1996; Rotundo ve Westage, 2009; Khan vd., 2011; Xu vd., 2016b). Buna karşın, tohum gelişimi boyunca sıcaklık 40 °C'yi aştığında ise protein yapısının bozulduğu ve tohumda bulunma miktarının da önemli ölçüde azaldığı aktarılmıştır (Thomas vd., 2003, Krishnan vd., 2020; Nakagawa vd., 2020). Ancak, sıcaklık stresinden kaynaklı proteindeki yapısal bozulmalar ve kuru maddede bulunma oranındaki azalışlar, sıcaklığa toleranslı genotiplerde daha az saptanmıştır. Bu toleranslı

genotiplerde sıcaklık yükselişiyile birlikte, strese dayanıklılığı artıran sıcaklık şok proteinlerinin de arttığı kaydedilmiştir (Krishnan vd., 2020).

Soya tohum bileşimi hem genetik hem de çevresel değişkenlerin yanı sıra genotip x çevre interaksiyonu tarafından da etkilenmektedir (Honeycutt vd., 1989; Piper ve Boote, 1999). Bu yüzden, soya yağ içeriği tane gelişimi dönemindeki (R5 – R6) hava sıcaklığı ile doğrusal olarak ilişkilidir. Bu dönemde belli bir sıcaklığa kadar (~29 °C) yağ içeriğinde artışlar veya hiçbir değişiklik görülmezken sıcaklıklar belli bir eşiği (35 °C) aştıktan sonra yağ içeriği de hızla azalmaya başlamakta ve normal koşullara göre yaklaşık %28 yağ kaybı olmaktadır (Dornbos ve Mullen, 1992; Gibson ve Mullen, 1996; Thomas vd., 2003; Rotundo ve Westgate, 2009; Khan vd., 2011; Nakagawa vd., 2020).

Yüksek sıcaklık stresine toleranslı çeşit ıslahı ile stresin yol açtığı olumsuz etkilerin önüne geçilebilir. Islah süreci boyunca anaç seçimi ve popülasyon analizleri için en yaygın olarak kullanılan metot diallel analiz yöntemidir. Anaçlar ve melez kombinasyonların oluşturduğu popülasyonun F₁ generasyonunda gözlemler yapmak, popülasyonun genetik yapısı hakkında kullanışlı bilgiler elde edebilmek için yeterli olmaktadır. Diallel analiz yöntemi; melez genotiplerin genetik yapılarını araştırmak, uygun anaçları ve ümitvar melezleri belirlemek, anaçların genel ve melez kombinasyonların özel uyum yeteneği etkilerini tespit etmek amacıyla sıklıkla kullanılmaktadır. Popülasyonların genetik yapıları daha iyi tanındığı takdirde, popülasyondan daha bilinçli şekilde faydalanma ihtimali de artacaktır (Yıldırım vd., 1979).

Önceki çalışmaların gözden geçirilmesi sonucu, yüksek sıcaklık stresine toleranslı çeşit ıslahı çalışmalarının soyada çok az yer aldığı görülmüştür. Ayrıca, yapay olarak yaratılan yüksek sıcaklık stresi altında seleksiyon ölçütü olabilecek özelliklere ilişkin kalıtım çalışmalarının yetersiz olduğu dikkati çekmektedir. Bu nedenle, soyada hassas dönemlerde oluşturulan sıcaklık stresi altında anaç ve melez popülasyonların performansının saptanması amaçlanmıştır. Çalışmanın sonucunda uygun anaç ve ümitvar melezlerin tespit edilmesi ve başarılı ıslah yönteminin belirlenmesi hedeflenmiştir.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

2.1. Soyada Sıcaklık Stresi İle İlgili Yapılan Çalışmalar

Wolf vd. (1982) tane dolumunun başlangıcında 18, 24, 27 30 ve 33 °C'ye maruz bırakılan bitkilerin tohumlarında yağ asidi bileşiminin sıcaklıktan önemli şekilde etkilendiğini tespit etmişlerdir. Sıcaklık artışıyla birlikte linolenik ve linoleik asit miktarları önemli şekilde azalırken oleik asit miktarının arttığını saptamışlardır. Palmitik asit ve stearik asit miktarlarının ise değişmeden kaldığını gözlemlemişlerdir. Yağ içeriğinin sıcaklıkla pozitif ilişki gösterdiğini ve protein içeriğinin de en yüksek sıcaklıkta arttığını aktarmışlardır. Sıcaklık yükseldikçe amino asit bileşiminin genel olarak stabil kaldığını ancak tane gelişimi boyunca artan sıcaklıkla birlikte metiyoninin arttığını aktarmışlardır.

Rennie ve Tanner (1989) dokuz soya genotipini 15, 28 ve 40 °C'de yetiştirmişler ve yüksek sıcaklıkta oleik asidi yüksek, linoleik asidi düşük ve linolenik asit ise düşük olarak saptamışlardır. En yüksek stearik asit seviyesini 28 ve 40 °C'de gözlemlemişlerdir. Stearik asit seviyesinin sıcaklık yükseldikçe artmasının muhtemel nedeninin, yüksek sıcaklığın stearik asitten sorumlu olan *fas^a* allelinin gen ifadesini değiştirmesinden kaynaklanabileceğini varsaymışlardır. En düşük linolenik asit içeriğini ise bu yağ asitinden sorumlu olan *fan* alleleline sahip genotiplerde 15 °C'de elde etmişlerdir.

Dornbos ve Mullen (1992) tohum dolum süreci boyunca kuraklığın ve sıcaklık stresinin protein, yağ ve yağ asitleri içeriğine etkisini araştırmak amacıyla soyları 20, 26, 27, 29, 33 ve 35 °C'ye maruz bırakmışlar ve üç farklı kuraklık seviyesi uygulamışlardır. Kuraklık seviyelerinin ortalaması altında, tane dolum boyunca 35 °C'ye maruz bırakılan bitkilerin tohumlarının 29 °C'ye kıyasla %4 daha fazla protein ve %2,6 daha az yağ içerdiğini belirlemişlerdir. Yüksek sıcaklık stresinin çoklu doymamış yağ asitlerinin oranını azalttığını vurgulamışlardır.

Gibson ve Mullen (1996) yüksek gündüz ve gece sıcaklığının protein, yağ ve yağ asitleri üzerine etkilerini araştırmak amacıyla R1 – R5, R5 – R8 ve R1 – R8 dönemleri arasında bitkileri 30/20, 30/30, 35/20 ve 35/30 °C sıcaklıklara maruz bırakmışlardır. R1 – R5 dönemi yüksek gece ve gündüz sıcaklığının protein, yağ ve yağ asitleri bileşimi üzerine az bir etkiye

sahip olduğunu tespit etmişlerdir. R5 – R8 ve R1 – R8 boyunca günlük ortalama sıcaklığın 25 °C’den (30/20 °C) 33 °C’ye (35/30 °C) yükselmesinin yağ içeriğini azalttığını ve protein içeriğini ise artırdığını saptamışlardır. Tane dolumu ve olgunlaşması boyunca yüksek gündüz ve gece sıcaklığının protein, yağ ve yağ asitleri bileşimi üzerine etkilerinin önemli olduğunu vurgulamışlardır.

Thomas vd. (2003) yüksek sıcaklığın ve karbondioksitin tohum bileşimi ve gen ifadesi üzerine etkilerini araştırmak amacıyla bitkileri kontrollü bir serada 28, 32, 36, 40 ve 44 °C sıcaklık ile 350 ve 700 ppm CO₂ altında yetiştirmişlerdir. Sıcaklık ve CO₂ uygulamalarını bitkilerin bütün vejetasyon süresi boyunca devam ettirmişlerdir. Toplam yağ içeriğini en yüksek 32 °C’de elde ederlerken sıcaklık arttıkça yağ içeriğinin azaldığını aktarmışlardır. Artan sıcaklıkla birlikte oleik asit miktarının arttığını buna karşın linolenik asit miktarının ise azaldığını bildirmişlerdir. Sıcaklık yükseldikçe tohumdaki yapısal olmayan karbonhidratların miktarının ve çözünebilir şekerlerin nişastaya oranının azaldığını belirlemişlerdir. Sıcaklık arttıkça oksin tarafından baskılanan (ADR12) transkripsiyonun önemli şekilde baskılandığını, bu sonucun muhtemelen çevresel stres altında tohum bileşimindeki değişimi yansıttığını vurgulamışlardır. Normal gelişen bir tohumda ifade edilen bir gen olan *β-glucosidase*’nin transkripsiyonunun 28 °C’de tespit edildiğini, buna karşın 40 °C’de saptanamadığını aktarmışlardır. Bu sonucun, tohum bileşimini etkileyen normal sürecin artan sıcaklık tarafından bozulduğunun bir göstergesi olduğu yorumunu yapmışlardır. Elde ettikleri sonuçlar ile yüksek sıcaklığın soya tohum bileşimini değiştirdiği kanısına varmışlardır.

Mall vd. (2004) CROPGRO simülasyon modeli yardımıyla artan sıcaklığın karbondioksit seviyesi iki katına bile çıksa soya veriminde yaklaşık %10-20 arasında bir verim azalışına neden olacağını ve Hindistan gibi coğrafyalarda yüksek sıcaklık altında istenilen soya verim stabilitesini sürdürmek için ekim tarihinin geciktirilmesini veya soyanın ikinci ürün olarak ekilmesini önermişlerdir.

Boote vd. (2005) yüksek sıcaklığın ve yüksek CO₂’in tozlanmaya, generatif döneme, büyümeye ve verime etkisini araştırmak amacıyla yürüttükleri çalışmada 28, 32, 36, 40 ve 44 °C sıcaklık ile 350 ve 700 ppm CO₂ uygulamalarını değerlendirmişlerdir. Vejetatif büyümenin generatif döneme göre yüksek sıcaklığa daha toleranslı olduğunu bildirmişlerdir. Sıcaklık 26 °C’yi aştıkça verim ve hasat indeksinin azaldığını ancak sıcaklık 40 °C’ye ulaştığında ise verim alınmadığını aktarmışlardır. Ayrıca, sıcaklık arttıkça tohum boyutunun da küçüldüğünü gözlemlemişlerdir. Yüksek CO₂ ile birlikte verimin arttığını ancak artan sıcaklıkla birlikte CO₂’in yararlı etkisinin ortadan kalktığını bildirmişlerdir. Sonuç olarak,

yüksek CO₂'in sıcaklık stresinin olumsuz etkisini telafi edemediğini vurgulamışlardır. Yüksek sıcaklığın generatif dönem üzerine zararlı etkisinin iklim değişikliği neticesinde gelecekte çok daha önemli olacağını belirtmişlerdir.

Egli vd. (2005) yüksek sıcaklığın çimlenme ve fide gücüne etkisini araştırmak amacıyla yürüttükleri çalışmada, 38 °C'de çimlenmenin ve fide gücünün azaldığını buna karşın 33 °C'de yalnızca fide gücünün azaldığını tespit etmişlerdir. Çalışmanın ikinci kısmında sıcaklık uygulamalarını iki periyod halinde 7 ve 14 gün boyunca sürdürmüşlerdir. Tane dolum döneminde kısa süre (7 gün) yüksek sıcaklığa (38 °C) maruz kalan bitkilerin çimlenme gücü etkilenmezken fide gücünün çok az azaldığını aktarmışlardır. Ancak, uzun süre (14 gün) yüksek sıcaklığa maruz kalan bitkilerde diğer uygulamaya kıyasla çimlenme gücünde yaklaşık %32 ve fide gücünde ise yaklaşık %62 daha fazla azalma belirlemişlerdir. Yüksek sıcaklığın olumsuz etkisinin özellikle tohum gelişim döneminin ileri safhalarında daha belirgin, tohum gelişiminin erken dönemlerinde belirgin bir etkinin gözlemlenmediğini bildirmişlerdir.

Lanna vd. (2005) iki çeşit ile normal (22 °C) ve yüksek (34 °C) sıcaklık koşullarında yürüttükleri çalışmada çeşidin bir tanesi için linolenik asit içeriğini yüksek sıcaklık altında %3,89 tespit ederlerken normal koşullar altında %6,92 olarak saptamışlardır. Çalışmada incelenen diğer çeşit için linolenik asit içeriğini yüksek sıcaklık altında %7,39 olarak ve normal koşullarda ise %12,49 olarak belirlemişlerdir. Sonuç olarak linoleik içeriğindeki sıcaklığa bağlı azalışın genotipik olduğu saptanmıştır.

Heinemann vd. (2006) artan karbon dioksitin ve karbon dioksit × sıcaklık interaksiyonunun soyanın büyüme, gelişme ve verim bileşenlerine etkisini araştırmak amacıyla 3 farklı sıcaklık ve 2 farklı karbondioksit konsantrasyonu kullanmışlardır. Kontrollü bir serada yürüttükleri çalışmada, uygulama sıcaklıklarının 20, 25 ve 30 °C iken karbondioksit konsantrasyonlarının ise 400 ve 700 ppm olduğunu bildirmişlerdir. Büyüme analizlerini V4, R3, R5, R6 ve R8 dönemlerinde yapmışlardır. Çiçeklenmenin başlamasında 25 °C'lik sıcaklık hariç diğer sıcaklıklar altında karbondioksit farklılıklarının önemli olmadığını tespit ederlerken, artan karbondioksit seviyesinin iki gün daha erken çiçeklenmeye sebep olduğunu aktarmışlardır. Artan karbondioksit seviyesinin daha düşük sıcaklıklarda toprak altı biyokütlesini de arttırdığını bulmuşlardır. Ancak, 400 ppm karbondioksit seviyesi altında sıcaklık düzeyindeki artışın tohumu küçülttüğünü ve bu nedenle de tohum ağırlığının azaldığını vurgulamışlardır. Buna karşın, sıcaklık uygulamalarının tamamında en yüksek tohum ağırlığı değerlerini yüksek karbondioksit seviyesi altında elde ettiklerini

bildirmişlerdir. Sonuç olarak, sıcaklık ve karbondioksit seviyelerindeki değişimin soya büyüme ve verim bileşenleri üzerine olan interaktif etkisini incelemek için kontrollü seranın iyi bir imkân sunabileceğini vurgulamışlardır.

Koti vd. (2007) küresel iklim değişikliği ile birlikte karbondioksit seviyesinin, sıcaklığın ve ultraviyole-B radyasyonunun artmasının tahmin edildiğini aktarmışlardır. Bu etkilerin tek tek etkilerinin değerlendirilmesine rağmen aralarındaki interaksiyonlar üzerine yapılan çalışmaların yetersiz olduğunu bildirmişlerdir. Bu amaçla, düşük (360 ppm) ve yüksek (720 ppm) karbondioksit seviyesi ile 0 ve 10 kJ m⁻² d⁻¹ ultraviyole-B radyasyonu altında, optimum (30 °C) ve yüksek sıcaklık (38 °C) uygulayarak soyanın büyüme parametreleri ve fizyolojisindeki değişimleri incelemişlerdir. Beş farklı olgunluk grubundaki altı soya genotipi ile yürüttükleri çalışmada bitkileri kontrollü seralarda yetiştirmişlerdir. Artan karbondioksit seviyesinin incelenen büyüme ve fizyolojik karakterlerin çoğu için olumsuz birer stres kaynağı olan yüksek sıcaklık ve ultraviyole-B radyasyonunun zararlı etkilerini telafi ettiğini saptamışlardır. Her bir genotip için bitki boyu, yaprak alanı, toplam biyokütle, net fotosentez, klorofil içeriği, fenolik bileşik içeriği ve hücre membran yaralanması gibi vejetatif ve fizyolojik parametrelerin strese tepkilerinin toplamından geliştirdikleri bir toplam stres tepki indeksi geliştirmişlerdir. Toplam stres tepki indeksini temel alarak genotipleri tolerant, orta seviye tolerant ve hassas olarak sınıflandırmışlardır. Büyüme ve fizyolojinin bozunumun hassas genotiplerde tolerant genotiplere göre önemli derece arttığını aktarmışlardır. Hücre membran termostabilitesinin bozunumu ile toplam stres tepki indeksi arasında güçlü bir ilişki saptamışlar ve bu nedenle hücre membran termostabilitesinin bitkinin vejetatif performansını tahmin etmede kullanılabileceğini önermişlerdir. Buna karşın, hücre membran termostabilitesinin önceki çalışmalarında elde ettikleri generatif dönem toplam stres tepki indeksi ile doğrusal bir ilişki göstermediğini tespit etmişlerdir. Bu nedenle, iklim değişikliği ile mücadele etmek için geliştirilecek genotipleri hem vejetatif hem de generatif dönemde inceleyebilecek ve test edebilecek daha iyi gözlem araçlarının ve ıslah stratejilerinin belirlenmesi gerektiğini bildirmişlerdir.

Nishiyama vd. (2006) yüksek sıcaklık stresinin fotosistem II üzerine etkisini belirlemek amacıyla yürüttükleri çalışmada, yüksek sıcaklığın fotosistem II'yi iki farklı yolla etkisiz hale getirdiğini tespit etmişlerdir. 41 °C'de fotosistem II'nin orta düzeyde etkisiz olduğunu ancak 25 °C'ye tekrar getirilince düzelme görüldüğünü bildirmişlerdir. Fotosistem II'nin iyileşmesi için ışık gerekliken, proteinlerin yeniden sentezlenmesi için ışığın gerekli olmadığını aktarmışlardır. Ancak, 45 °C'den daha yüksek sıcaklıkların fotosistem II'yi geri

döndürülemez şekilde etkisiz hale getirdiğini vurgulamışlardır. Sıcaklığın 25 °C'den 35 °C'ye çıkmasının fotosistem II'nin sıcaklık stresi tarafından tetiklenen etkisiz hale gelme eşiğini 3 °C yukarı çıkardığını ve bu sonucun fotosistem II'nin termal stabilitesinin geliştiğinin bir göstergesi olduğunu belirtmişlerdir. Bu uyum tepkisinin (acclimative) tilakoid membranlarının özelliklerinden kaynaklandığını, 35 °C'de yetiştirilen bitkilerin hücrelerindeki tilakoid membranlarında fotosistem II'nin 25 °C'de yetiştirilen bitkilerdekine göre daha büyük termal stabilite sergilediğini aktarmışlardır. Sonuç olarak, tilakoid membranları ile ilişkili olan proteinlerin fotosistem II'nin termal stabilitesinin artırılmasında rol oynayabileceği yorumunu yapmışlardır.

Li vd. (2009) yüksek sıcaklık stresi altında klorofil ışımaya verimliliğini (Fv/Fm) belirlemek için yürüttükleri çalışmada farklı yüksek sıcaklık uygulamalarında Fv/Fm'nin ve klorofil a'nın farklı oranlarda azalış gösterdiğini tespit etmişlerdir. 48 °C'lik yüksek sıcaklık uygulamasında 45 °C'ye göre Fv/Fm değerlerini daha düşük olarak saptamışlar ve bunun oksijen içeren bileşiklerdeki zararlanmadan kaynaklanan oksijen oranının azlığından meydana geldiğini bildirmişlerdir. Sonuç olarak, klorofil ışımaya verimliliğinin 45 °C'ye göre 48 °C'de daha şiddetli şekilde zarar gördüğünü aktarmışlardır.

Ren vd. (2009) R5 döneminden R8'e kadar uygulanan yüksek sıcaklığın (37 °C) kontrole (27 °C) kıyasla yağ asitleri oranlarını değiştirdiğini bildirmişlerdir. Sıcaklık stresi altında şekerlerin konsantrasyonunun azaldığını ancak protein ve fitik asit konsantrasyonunun ise değişmediğini saptamışlardır. Yüksek sıcaklığın anormal tohumların oranını artırırken aynı zamanda fiziksel olarak normal görünen tohumların da çimlenme ve tohum gücünü (sürme, fide gücü vb.) azalttığını gözlemlemişlerdir. Yüksek sıcaklık ile birlikte birikimleri değişen 20 farklı protein tanımlamışlardır. Bu proteinlerden 14 tanesinin tohum depo proteinlerinin alt birimleri olduğunu tespit etmişlerdir. Kalan altı proteinin (şeker taşıyan protein, asidik endokhitinaz, sıcaklık şok proteini (*HSP22*), embriyo proteini, Bowman-Birk proteinaz inhibitörü ve format dehidrogenazın ise abiyotik stresten sorumlu veya terleme fonksiyonunda görevli olduklarını belirtmişlerdir. Tohum gelişimi boyunca yüksek sıcaklığın tohum bileşimini değiştirdiğini ve ayrıca tohum proteinlerinin gen ifade profillerini de farklılaştırdığını vurgulamışlardır.

Djanaguiraman vd. (2011) soyada sıcaklık stresinin yapraklarda meydana getirdiği yapısal değişimleri ve fotosentezle ilgili parametrelere etkisini araştırmak amacıyla çiçeklenme döneminde (R2) sıcaklık stresi yaratmışlardır. R2 döneminde bitkileri 14 gün boyunca yüksek sıcaklık (38 °C) ve normal koşullar (28 °C) altında yetiştirmişlerdir. Yüksek

sıcaklığın normal koşullara göre fotosentez oranını %20.2 oranında ve stomatal iletkenliği ise %12.8 oranında önemli düzeyde azalttığını tespit etmişlerdir. Buna karşın, sıcaklık stresinin palisad parankimasını, süngerimsi katmanları ve alt epidermisi önemli ölçüde kalınlaştırdığını saptamışlardır. Bunlara ek olarak, sıcaklık stresinin plazma membranına, kloroplast membranına ve tilakoid membranlarına zarar verdiğini bildirmişlerdir. Mitokondriyal membranların, krista ve matrikslerin sıcaklık stresi altında işlevlerinin bozulduğunu aktarmışlardır. Sonuç olarak, sıcaklık stresi altında fotosentezde meydana gelen azalmaya özellikle kloroplast ve mitokondri başta olmak üzere hücre ve hücre organellerinde gerçekleşen anatomik ve yapısal değişimlerin neden olduğunu saptamışlardır.

Khan vd. (2011) kanopi sıcaklığının tohum kalitesi ve tohum gücüne etkisini araştırmak amacıyla farklı tarihlerde (1 Mayıs ve 1 Ağustos) ekim yaparak bir deneme yürütmüşlerdir. Generatif dönem boyunca (R4 - R5, R5 - R6, R6 - R7) kanopi sıcaklığının hem tohum kalitesine hem de tohum gücüne etkisinin belirgin olduğunu aktarmışlardır. Tane dolum başlangıcı ve gelişim döneminde (R5 - R6) ortalama sıcaklığın 23 – 30 °C aralığından daha yüksekte seyretmesinin çimlenmeyi, tarla çıkışını, protein ve yağ içeriğini azalttığını ve elektriksel iletkenliği artırdığını aktarmışlardır. Tam çiçeklenmeden tane dolum başlangıcı (R4 – R5) arasındaki dönemde maksimum sıcaklıkların 32 – 37 °C aralığından daha yükseklerle çıkmasının fide kuru ağırlığını ve yağ içeriğini azalttığını vurgulamışlardır.

Tacarindua vd. (2013) erken fide döneminden itibaren kontrollü koşullar altında yürüttükleri iki yıllık çalışmada, ilk yıl ortalama sıcaklıkları kontrolde 25,9 °C ve yüksek sıcaklık uygulamasında ise 27,1 °C olarak gözlemlerken, ikinci yıl kontrolde 28,7 °C ve yüksek sıcaklık uygulamasında ise 30,1 °C olarak kaydetmişlerdir. İkinci yıl yüksek sıcaklıktan sadece çiçeklenme zamanının etkilendiğini aktarmışlardır. Sıcaklık stresi altında büyüme oranının kontrole göre ilk yıl 7,1 mg tohum⁻¹ gün⁻¹ ve ikinci yıl ise 5,9 mg tohum⁻¹ gün⁻¹ olarak kontrolden daha düşük olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca, artan sıcaklık ile birlikte yüz tohum ağırlığının da azaldığını bildirmişlerdir. Yüksek sıcaklığın hücre hacmine etkisinin önemli olmadığını tespit ederlerken, buna karşın her kotiledondaki hücre sayısının yüksek sıcaklık altında (ilk yıl: 3,4×10⁶; ikinci yıl: 2,6×10⁶) kontrole göre (ilk yıl: 5,0×10⁶; ikinci yıl: 4,3×10⁶) daha düşük olduğunu saptamışlardır. Sonuç olarak, ortam sıcaklığındaki 3 °C'lik bir artışın hücre sayısını ve büyüme oranını azaltarak yüz tohum ağırlığını azalttığını ve bu nedenle de verim kaybının yaşanabileceği yorumunu yapmışlardır.

Bellaloui vd. (2013) yüksek sıcaklığın tohum bileşimi ile yağ asitleri üzerine etkisini araştırmak amacıyla yürüttükleri çalışmada, yüksek sıcaklığın oleik asit miktarını artırdığını

buna karşın linoleik ve linolenik asit miktarlarını ise azalttığını tespit etmişlerdir. Ayrıca, yüksek sıcaklığın (40 °C) daha yüksek palmitik ve stearik asit miktarlarına yol açtığını da saptamışlardır. Öte yandan, yüksek sıcaklığın tohum karbonhidratlarından glikozu, früktozu ve süktroz miktarını önemli bir ölçüde azaltırken stachyose konsantrasyonunu ise önemli bir oranda artırdığını bildirmişlerdir. $\delta^{15}\text{N}$ ve $\delta^{13}\text{C}$ analizleri sonucunda azot ve karbon tutumunun kaynaklarında değişimler gözlemlemişler ve bu değişimin muhtemelen azot ve karbon metabolizmasının yolaklarındaki etkilenmeden kaynaklandığını vurgulamışlardır. Sıcaklık stresinin yağ sentezini ve bileşiminin değiştirdiğini ve bu etkinin kısmen yapraklardan tohumlara karbonhidratların taşınımı ve kullanıma uygunluğunun sınırlı olmasıyla ilişkili olabileceğini düşünmüşlerdir. Stres altında yağ asitlerinin dönüşümünü ve azot ile karbon metabolizmalarını kontrol eden enzimlerin araştırılmasının stres etkilerinin daha iyi anlaşılması için gerekli olduğunu önermişlerdir.

Djanaguiraman vd. (2013) soyada fotosentez, solunum ve generatif dönem için en optimum gündüz sıcaklık eşiğinin ≥ 26 °C olduğunu bildirmişlerdir. Gelecekte gece sıcaklıklarındaki artışın gündüz sıcaklıklarından daha fazla olacağını söylemişlerdir. Bu bağlamda, yüksek gündüz ve gece sıcaklıklarının soyada fotosenteze, solunum oranlarına, polen çimlenmesi, bakla sayısı, tohum ağırlığı ve polen fosfolipidleri üzerine etkisini araştırmak amacıyla bir araştırma yürütmüşlerdir. Çiçeklenme döneminde 10 gün boyunca yüksek gündüz sıcaklığı (39/20 °C) ve yüksek gece sıcaklıkları (30/23, 30/26 ve 30/29 °C) uygulamışlardır. Yüksek gündüz sıcaklığının (39/20 °C) ya da yüksek gece sıcaklığının (30/29 °C) optimum şartlara kıyasla solunum oranını artırdığını ve buna karşın yaprak klorofil içeriğini, fotosentez oranını, fotokimyasal etkinliği ve elektron taşınım oranını ise azalttığını tespit etmişlerdir. Ayrıca, yüksek sıcaklığın polen canlılığı ve çimlenmesini de azalttığını saptamışlardır. Yüksek sıcaklık altında polen çimlenme oranının düşmesinin polen tanelerindeki doymuş fosfolipid ve fosfatidik asit seviyelerindeki azalıştan kaynaklandığı belirtmişlerdir. Hem gündüz (39/20 °C) hem de gece sıcaklıklarının (30/29 °C) yüksek olmasının bakla sayısını ve tohum ağırlığını azalttığını aktarmışlardır.

Puteh vd. (2013) generatif dönemdeki yüksek sıcaklık stresinin soyanın verim ve verim bileşenlerine etkisini araştırmak amacıyla yürüttükleri çalışmada; küçük, orta ve büyük tohumlara sahip 3 çeşidi kontrol (25 °C), yüksek sıcaklık (30 °C) ve çok yüksek sıcaklık (35 °C) altında değerlendirmişlerdir. Sıcaklık uygulamalarını R1 - R2 ve R1 - R5 arasında olmak üzere iki farklı dönemde yapmışlardır. Sıcaklık uygulamasının R1 - R2 döneminde 5 gün ve R1 - R5 döneminde ise 14 gün sürdüğünü bildirmişlerdir. Daha uzun süre sıcaklık stresine

maruz kalan bitkilerin (R1 - R5) daha kısa sıcaklık stresi altında kalan bitkilere (R1 - R2) göre tohum veriminin daha olumsuz etkilendiğini tespit etmişlerdir. Bütün genotiplerde artan sıcaklık ile birlikte verim ve verim bileşenlerindeki azalışın doğrusal olduğunu saptamışlardır. 30 °C’de verim bileşenlerinin kontrole (25 °C) göre önemli şekilde etkilenmediklerini vurgularlarken, buna karşın her iki sıcaklık uygulama döneminde de 35 °C’de yetiştirilen bitkilerin verim bileşenlerinin önemli düzeyde olumsuz etkilendiğini aktarmışlardır. Küçük tohumlu genotipin büyük tohumlu genotipe kıyasla sıcaklık stresine daha hassas olduğunu saptamışlardır.

Ruiz-Vera vd. (2013) yüksek sıcaklık (ortam + 3,5 °C) ve yüksek CO₂ (585 ppm) interaksiyonunun fotosentetik karbon asimilasyonuna, toplam biyokütle ve verim üzerine etkisini araştırmak amacıyla iki yıllık bir araştırma yürütmüşlerdir. Yüksek sıcaklığın stomatal ve hücreler arası iletkenliğin azalmasına sebep olarak daha düşük fotosentetik karbon asimilasyonuna sebep olduğunu ve bunun sonucunda da daha düşük verime yol açtığını tespit etmişlerdir. Hem sıcaklığın hem de CO₂’in birlikte artmasının yalnızca yüksek CO₂’ye göre fotosentetik karbon asimilasyonunu daha fazla tetiklediğini gözlemlemişlerdir. Hasat indeksini kontrole kıyasla bütün uygulamalarda daha düşük bulmuşlar ve yüksek CO₂’in etkisinin denemenin ikinci yılında istatistiki olarak önemli olmadığını bildirmişlerdir. Sonuç olarak, yüksek CO₂’in yüksek sıcaklığın fotosentez, büyüme ve verim üzerine olan olumsuz etkilerini hafifletmede sınırlı potansiyele sahip olduğunu vurgulamışlardır.

Tacarindua vd. (2013) kontrollü bir serada sıcaklık artışının verim ve kuru madde üretimine etkisini araştırmak amacıyla üç yıllık bir çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmayı kontrol (Ta), kontrol sıcaklığından +1 °C fazla (Ta+1), kontrol sıcaklığından +2 °C fazla (Ta+2) ve kontrol sıcaklığından +3 °C fazla (Ta+3) olmak üzere düzenlemişlerdir. Sıcaklık artışına bağlı olarak toprak üstü aksamın kuru madde birikiminin ilk yıl %11 ve üçüncü yıl %27 azaldığını bildirmişlerdir. Kuru madde birikimindeki azalışın özellikle çiçeklenmeden tane dolum başlangıcı dönemi arasında yüksek olduğunu, bu azalışın fotosentez oranındaki ve stomatal iletkenlikteki azalış ile karbon izotop farklılığından kaynaklandığını aktarmışlardır. Verimin su stresi olmayan koşullarda bile sıcaklık stresi altında sürekli olarak azalmaya devam ettiğini vurgulamışlardır. Sonuç olarak, sıcaklık artışıyla birlikte toplam kuru maddenin, tohum veriminin ve hasat indeksinin istikrarlı bir şekilde azaldığını gözlemlemişlerdir. Yüksek sıcaklık ile birlikte su buharı basıncı açıklığının birlikte artmasının sıcaklık stresinin olumsuz etkisini daha da şiddetlendireceğini bildirmişlerdir.

Siebers vd. (2015) tarla koşullarında kızılötesi sıcaklık teknolojisi kullanarak soya fasulyesinde sıcaklık stresi yaratmışlar (+8,7; +7,4; +6,1; +6,3 ve +7,0 °C) ve yüksek sıcaklığın karbon metabolizması ile tohum verimi üzerine etkisini test etmişlerdir. Denemenin yürütüldüğü bölgenin uzun yıllık iklim verilerini değerlendirerek sıcaklık stresinin olumsuz etkisinin meydana geldiği sürenin 3 gün ve şiddetinin ise ortam sıcaklığından +6 °C olduğunu belirlemişlerdir. Sıcaklık stresi uygulamalarını çiçeklenme dönemi ve tane dolum döneminde yapmışlardır. Her bir sıcaklık stresi uygulamasının üçüncü gününün sonunda net fotosentez, yaprak ağırlığı ve yapraktaki yapısal olmayan toplam karbohidratların yoğunluğunun azaldığını, buna karşın ise yaprak oksidatif stresinin yükseldiğini tespit etmişlerdir. Ancak, net fotosentezin, yaprak ağırlığının, yapısal olmayan toplam karbohidratların ve oksidatif stresin kontrol sıcaklığından istatistiki olarak farklı olmadığını saptamışlardır. Sıcaklık stresi uygulamaları sonlandırıldıktan 12 saat sonra, yüksek sıcaklık stresi altındaki bitkilerin fizyolojik açıdan hızla iyileşme gösterdiklerini gözlemlemişlerdir. Sezon sonunda sıcaklık stresinden dolayı verimin yaklaşık %10 azaldığını ve bu olumsuz etkinin özellikle tane dolum dönemi başlangıcında (R5) uygulanan sıcaklık stresinden kaynaklı olduğunu vurgulamışlardır. Bu sonuçla, verim kaybı üzerine generatif dönemde sıcaklık stresinin doğrudan etkisinin fotosentez üzerine olan etkiden daha fazla olduğunu aktarmışlardır. Soyanın generatif dönem boyunca sıcaklık stresine maruz kaldıktan sonra verim kaybını telafi edemediğini bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda, kısa dönem yüksek sıcaklık stresinin fotosentezi azalttığını ve oksidatif stresi artırarak verim kaybına neden olduğunu bulmuşlardır.

Chebrolu vd. (2016) sıcaklık stresine hassas genotiplerin çimlenme oranlarının 36 °C sıcaklık altında %50 azaldığını ve 42 °C altında ise hiç çimlenmediklerini aktarmışlardır. Buna karşın, sıcaklığa toleranslı genotiplerde çimlenme 36 °C altında etkilenmezken, 42 °C altında çimlenme oranının %25 azaldığını tespit etmişlerdir. Genel olarak, sıcaklığa toleranslı genotiplerin yaygın olarak yetiştirilen yüksek verimli ancak sıcaklığa hassas genotiplere kıyasla yüksek sıcaklıktan daha az etkilendiğini gözlemlemişlerdir. Tokoferoller, flavonoidler, fenilpropanoidler ve ascorbat gibi bir dizi antioksidan metabolitlerinin sıcaklığa toleranslı genotiplerde daha fazla bulunduğunu saptamışlardır.

Xu vd. (2016a) sıcaklık stresinin ve yüksek karbondioksitin fotosentez süreçleri, yaprak metabolitleri ve büyümeye olan etkisini araştırmak amacıyla soya fasulyelerini generatif dönemde düşük (22 °C), optimum (28 °C) ve yüksek (36 °C) sıcaklıklarda ve mevcut (400 ppm) ve yüksek (800 ppm) karbondioksit seviyeleri altında yetiştirmişlerdir. Genel olarak,

fotosentez oranının, stomatal ve mezofil iletkenliğin, klorofil ışımaya verimliliğinin (F_v/F_m), maksimum karboksilasyon oranının ve elektron taşınımının sıcaklıkla birlikte artan karbon dioksit altında yükseldiğini bildirmişlerdir. Buna karşın, optimum sıcaklık ile karşılaştırıldığında, bu parametrelerin yüksek sıcaklık stresi altında gerçekleşen artış yüzdesinin düşük sıcaklıkta gözlenen azalış yüzdesine göre daha düşük olduğunu tespit etmişlerdir. Düşük sıcaklıkta ve optimum sıcaklıkta fotosentez kapasitesinin düşmesine başta fotobiyokimyasal süreçlerin neden olduğunu, bunu stomatal ve mezofil iletkenlikte meydana gelen azalışların takip ettiğini aktarmışlardır. Ancak, yüksek sıcaklık stresi altında fotosentez kapasitesinde meydana gelen azalışın ana sebebinin stomatal iletkenlikte gerçekleşen düşüşten (%41) kaynaklandığını, bunu mezofil iletkenliğinde azalışın (%33) ve fotobiyokimyasal süreçlerin bozunumunun izlediğini saptamışlardır. Düşük ve optimum sıcaklıkta mezofil iletkenliği etkinliğinin nişasta gibi yapısal olmayan karbonhidratlar ve çeşitli organik asitlerin birikimiyle ilişkili olduğunu ve yüksek sıcaklık stresi altında ise bu maddelerin birikmediğini vurgulamışlardır. Optimum sıcaklık ile karşılaştırıldığında, yüksek sıcaklık stresi altında toplam biyokütle ve tohum verimi azalışının düşük sıcaklık stresi altında gerçekleşenden daha fazla olduğunu bulmuşlardır. Artan karbondioksit uygulamasında fotosentez kapasitesindeki azalışın yapısal olmayan karbonhidratların birikimi ve stomatal iletkenlikteki azalışa bağlı olduğunu söylemişlerdir. Bu nedenle, fotosentez etkinliğinin sıcaklığa bağlı olduğunu ve büyük oranda fotobiyokimyasal süreçler ve metabolik aktivitelerdeki değişimlerden etkilendiğini tespit etmişlerdir. Artan karbondioksit altında fotosentezin, biyokütle birikimin ve tohum veriminin düzensiz tepkiler vermesine rağmen, su stresi yaşatılmamış ve bitki beslemesi iyi yapılmış koşullarda, yüksek ve düşük sıcaklık stresinin yarattığı olumsuz etkilerin karbondioksit artışıyla tamamen veya kısmen telafi edilebileceğini vurgulamışlardır.

Xu vd. (2016b) sıcaklık stresinin ve yüksek karbondioksitin 51 farklı tohum metabolitine ve yağ ile protein içeriğine olan etkisini araştırmak amacıyla soya fasulyelerini generatif dönemde düşük (22 °C), optimum (28 °C) ve yüksek (36 °C) sıcaklıklarda ve mevcut (400 ppm) ve yüksek (800 ppm) karbondioksit seviyeleri altında yetiştirmişlerdir. Yüksek sıcaklık altında olgunlaşmış tohumda bulunan çözünebilir karbonhidratların, aminlerin ve organik asitlerin yaklaşık %80 oranında azaldığını, buna karşın rafinoz, riboz/arabinoz, sitrat ve yağ asitlerinin ise değişmediğini tespit etmişlerdir. Bu bulguya dayanarak, genç tohumların metabolizmalarının yağ ve protein sentezini teşvik ettiğini aktarmışlardır. İncelenen metabolitlerden 35'inin farklı sıcaklıklar altında farklılaştığını ve 9 metabolitin ise farklı

karbondioksit seviyesine göre deęişkenlik gösterdiğini bildirmişlerdir. Şikimik, pinitol ve oleat yağ asitlerinin yüksek sıcaklık altında arttığını gözlemlemişlerdir. Çalışma sonucunda, artan karbon dioksit seviyesinin tohum gelişim döneminin başlangıcında öncelikli olarak metabolit seviyelerini deęiştirdiğini ve bu etkinin muhtemelen yapraklardaki fotosentez ürünlerinin artışından kaynaklandığını vurgulamışlardır.

Zhang vd. (2016) soya gelişim dönemlerinin, fotosentez bileşenlerinin ve verimin sıcaklık stresine tepkisinin ölçmek amacıyla kızılötesi ısıtıcılar kullanarak bir tarla çalışması yürütmüşlerdir. Soya kanopi sıcaklığının 0,4 °C ve toprak sıcaklığının 0,7 °C artmasının çiçeklenmeyi yaklaşık 3,8 gün geciktirdiğini ve toplam vejetasyon süresini ise 4,5 gün kısalttığını tespit etmişlerdir. Ayrıca, sıcaklık artışının fotosentezi çiçeklenme döneminde %6,6 ve tane dolum döneminde ise %10,3 azalttığını, buna karşın yüksek sıcaklığın yaprak buhar basıncı açığını çiçeklenme döneminde %9,4, bakla bağlama döneminde %15,7 ve tane dolum döneminde ise %14,1 oranında arttırdığını tespit etmişlerdir. Öte yandan, sıcaklık stresinin yapraktaki çözünebilir şekeri %25,6 ve nişastayı %20,5 oranında azalttığını gözlemlerlerken, aynı zamanda çiçeklenme döneminde saptaki çözünebilir şekerin ise %12,2 oranında azaldığını saptamışlardır. Yüksek sıcaklık ile birlikte çözünebilir şekerlerin tohuma taşınım miktarının %58,2 oranında ve taşınan şekerlerin ise tohum ağırlığına katkısının %7,7 oranında azaldığını belirtmişlerdir. Sonuç olarak, sıcaklık stresinin yüz tohum ağırlığını %20,8 ve tohum verimini ise %45,0 oranında azalttığını aktarmışlardır.

Onat vd. (2017) ikinci ürün koşullarında 2015 ve 2016 yıllarında yürüttükleri çalışmada yüksek sıcaklık stresinin soya üzerine etkisini belirlemişlerdir. Günlük maksimum sıcaklığı 2016 yılında 2015'e göre daha yüksek bulmuşlardır. İki yılın verimlerini karşılaştırdıklarında ise, 2016 yılında verimi 2015 yılından %29,5 daha az olarak tespit etmişlerdir. Bakla sayısını ortalama olarak 2015 yılında 48,2 adet bitki⁻¹ olarak saptarlarken 2016 yılında ise 36,0 adet bitki⁻¹ olarak belirlemişlerdir. Yüz tohum ağırlıkları bakımından yıllar arasında önemli bir fark elde etmemişlerdir. Yüksek sıcaklığın verimi genel olarak olumsuz şekilde etkilediğini ve sıcaklık stresine hassasiyette çeşitlerin farklılıklar gösterdiğini bildirmişlerdir.

Allen vd. (2018) kontrollü bir serada yürüttükleri çalışmada bir soya genotipinin 34, 38 ve 42 °C sıcaklık altında kontrole (30 °C) göre nasıl bir tepki göstereceğini araştırmışlardır. Çalışmayı 700 ppm karbondioksit seviyesi altında sürdürmüşlerdir. Kontrollü sera çalışmasına ek olarak, ilkbahar, yaz ve sonbaharda tarla koşulları altında yüksek sıcaklığın yoğunluğunun, meydana geliş zamanının ve süresinin etkisini de araştırmışlardır. Kontrol sıcaklığı altında serada yetiştirilen bitkilerin tarladaki bitkilere kıyasla daha uzun olduğunu

tespit etmişlerdir. Ekim işleminden hemen sonra ya da çiçeklenme dönemi boyunca (R1 - R2) veya hemen öncesinde yüksek sıcaklık uygulanan bitkilerin yüksek sıcaklığın şiddetinin artmasıyla birlikte boğum sayılarının arttığını, buna karşın boğum aralıklarının ise kısaldığını saptamışlardır. Yüksek sıcaklık tane dolum başlangıcında (R5) ya da hemen sonrasında uygulanırsa eğer, boğum sayısı ve boğum aralığı uzunluğuna etkisinin önemsiz olduğunu söylemişlerdir. V3'ten R5'e kadar olan dönemde uygulanan 10 günlük kısa dönem yüksek sıcaklık uygulamasının boğum sayısı ve bitki boyunu etkilemediğini aktarmışlardır. Bakla sayısının boğum sayısı ve bitki boyu ile birlikte doğrusal olarak arttığını vurgulamışlardır. En yüksek bakla sayısını kontrole göre 34 °C'de elde etmişlerdir. Sıcaklıktaki orta düzey artışın olumsuz bir etkisinin olmadığını buna karşın daha kuzey bölgelerde soya veriminde artışa bile sebep olabileceğini bildirmişlerdir. Ancak, sıcaklıktaki sürekli bir artışın ise soya verimini muhtemelen azaltacağını vurgulamışlardır.

Djanaguiraman vd. (2019) sıcaklık stresinin gametogenesisden tam çiçeklenme dönemine kadar fotosentez ve bakla bağlama üzerine olan etkisini araştırmak amacıyla yürüttükleri çalışmada bitkileri yüksek sıcaklık stresi altında (36,5 – 38,6 °C) ve optimum koşullarda (29,5 – 31,6 °C) yetiştirmişlerdir. Yüksek sıcaklık stresi altında kontrole göre fotosentezin %22 ve bakla bağlama oranının ise %11 azaldığını tespit etmişlerdir. Hassas genotiplein bakla bağlama oranındaki azalışın genotiplerin polen özellikleri ile ilgili olduğunu aktarmışlardır. Polen çimlenmesi ve bakla bağlama oranı için optimum sıcaklık ile fotosentez arasında önemli bir ilişki saptamışlardır ($R^2 \geq 0,67$). Buna karşın, bakla tutum oranı için optimum kanopi sıcaklığı ile fotosentez arasında ise negatif bir ilişki bulmuşlardır ($R^2 \geq -0,43$). Yüksek sıcaklığa toleranslı genotip ıslahında in vitro polen çimlenmesi ve kanopi sıcaklığının başarılı fenotipik seleksiyon ölçütleri olarak kullanılabileceğini önermişlerdir.

Ergo vd. (2018) sıcaklık stresi ve kuraklığın tane dolum döneminde verim ile fizyolojik ve biyokimyasal özellikler üzerine birlikte etkisini tespit etmek amacıyla bir çalışma yürütmüşlerdir. İki soya çeşidini normal ve yüksek sıcaklık (>32 °C, her gün 6 saat uygulama) altında 21 gün ve tarla kapasitesi ile tarla kapasitesinin %20'si su miktarı uygulamalarında 35 gün boyunca yetiştirmişlerdir. Sıcaklık stresi ile birlikte kuraklık stresinin de meydana geldiği durumda verim, tohum sayısı ve yüz tohum ağırlığının önemli şekilde azaldığını belirlemişlerdir. Buna ek olarak, su kısıtının olmadığı ancak sıcaklık stresinin bulunduğu uygulamada da tohum sayısının azaldığını ve buna karşın suyun sıcaklık stresini telafi edici mekanizmasından dolayı yüz tohum ağırlığının kontrol uygulaması ile benzer olduğunu aktarmışlardır. Klorofil floresans analizi ile yüksek sıcaklığın ve kuraklığın fotosistem II'ye

zarar vererek fotosentez üzerine birlikte meydana getirdiği olumsuz etkiyi gözlemlemişlerdir. Yüksek sıcaklık ve kuraklık altında havuz - kaynak ilişkisinin bozulduğunu, yani yapraklarda üretilen asimilatların tohum taşınımının azaldığını bildirmişlerdir. Korelasyon analizi ile verimle pozitif ve doğrudan ilişkileri olan klorofil ışımaya verimliliği (F_v/F_m), klorofil içeriği (SPAD) ve yapraklardaki antioksidan seviyeleri gibi özellikler arasında güçlü ilişkiler saptamışlardır. Tane dolum döneminde kanopi sıcaklığı ile tohum sayısı ve yüz tohum ağırlığı arasında negatif ilişkiler tespit ederlerken, bunun aksine bu dönemde klorofil içeriği ile bu özellikler arasında pozitif ilişkiler belirlemişlerdir. İncelenen fizyolojik özelliklerin verimdeki toplam varyansın %81'ini, tohum sayısındaki varyansın %50'sini ve yüz tohum ağırlığındaki varyansın ise %82'sini açıklayabildiğini saptamışlardır.

Castro vd. (2019) yüksek sıcaklık ve kuraklığın fizyolojik, metabolik ve büyüme üzerine birlikte etkilerini araştırmak amacıyla bir araştırma yürütmüşlerdir. V3 döneminde, günlük 5 saat 41 °C ve tarla kapasitesinin %40'ı sulama düzeyinde 12 gün boyunca bitkileri yetiştirmişlerdir. Yüksek sıcaklık ve kuraklık altında nispi su içeriği, fotosentez oranı, stomatal iletkenlik, transpirasyon oranı ve RUBİSCO'nun karboksilasyon ve oksijenasyon yönündeki elektron akışının azaldığını tespit etmişlerdir. Ayrıca, fotorespirasyon ve elektron kayıp oranının da arttığını saptamışlardır. Stomatal iletkenlik, klorofil floresans, fotorespirasyon ve elektron kayıp oranı gibi fizyolojik özelliklerin sıcaklık ve su stresinin birlikte meydana geldiği koşullarda bu stres kaynaklarına toleranslı genotipleri belirlemek için iyi birer gösterge olduğunu belirtmişlerdir.

Hou vd. (2019) kanopi sıcaklığı depresyonunun, transpirasyonun ve kanopi yeşilliğinin verim ile çok ilişkili olduğunu ve bu parametrelerin verim tahmininde yaygın olarak kullanıldığını bildirmişlerdir. Kanopi sıcaklığını generatif dönemde ve üç farklı su stresi uygulaması altında kızılötesi el termometresi kullanarak ölçmüşlerdir. Kanopi yeşilliğinin ve transpirasyonun verim ile belli bir ölçüde pozitif ilişki gösterdiğini, buna karşın verimin kanopi sıcaklık depresyonu ile ise negatif bir ilişki gösterdiğini saptamışlardır. Özellikle çiçeklenme (R1 - R2) ve bakla bağlama (R4) dönemleri boyunca tam gün ortasında gözlemlenen kanopi sıcaklık depresyonu ve transpirasyonun soya verimini tahmin etmede etkili olduğunu aktarmışlardır. Bu dönemler boyunca tam gün ortası saatlerinde kanopi sıcaklık depresyonundaki her 1 °C'lik artışın soya verimini yaklaşık olarak 27 – 30 kg da⁻¹ azalttığını ve ortalama transpirasyonun ise 1.1 mm h⁻¹ ulaştığında verimin önemli şekilde azalmaya başladığını vurgulamışlardır. Bunlara ek olarak generatif dönemde SPAD aracılığıyla belirlenen kanopi yeşilliği ve verim arasında yüksek düzeyde ilişkinin olduğunu

gözlemlemişler ve bu ilişkinin özellikle bakla bağlama ve tane dolum döneminde daha yüksek olduğunu ($R^2 = 0,79$) bildirmişler ve bu sonuca dayanarak klorofil temelli analizin (SPAD) verim tahmininde kullanılabileceğini önermişlerdir.

Kumrani ve Bhatia (2019) farklı sıcaklıklar altında kuraklığın ve sıcaklık stresinin fotosentez, klorofil floresans, antikoksidan enzimleri, yağ peroksidasyonu, klorofil, proline, serbest amino asitler, epikutikular mum içeriği ve verim üzerine etkilerini araştırmak amacıyla bir araştırma yürütmüşlerdir. Bitkiler 30, 34, 38 ve 42 °C sıcaklık altında ve R5 döneminden itibaren uygulanmaya başlayan normal ile su kısıntı koşullarında yetiştirilmişlerdir. Yüksek sıcaklığın fotosentez oranını, stomatal iletkenliği, su kullanım etkinliğini, Fv/Fm oranını, fotokimyasal söndürmeyi, elektron taşınım oranını, askorbik asit, toplam serbest amino asitler ve klorofil içeriği ile verimi önemli derecede azalttığını tespit etmişlerdir. Bunun aksine, sıcaklığın 30 °C'den 42 °C'ye yükselmesiyle birlikte hücreler arası CO₂ iletkenliği, transpirasyon oranı, su buhar basıncı eksikliği, fotokimyasal olmayan söndürme, prolin içeriği, SOD, POD, APX, GR, MDA gibi reaktif oksijen türlerinin ve epikutikular mum içeriğinin ise arttığını bildirmişlerdir. Farklı sıcak uygulamaları altında su stresi de yaratıldığı zaman sıcaklık stresinin etkisinin ağırlaştığını ve kuraklık ile yüksek sıcaklık kombinasyonunun daha yıkıcı etkilere neden olduğunu vurgulamışlardır.

Thomey vd. (2019) artan karbondioksit seviyesinin genel olarak C₃ bitkilerinde verimliliği artırdığını, buna karşın sıcaklık stresinin ise verimi olumsuz yönde etkilediğini bildirmişlerdir. Ancak, soya gibi tarla bitkilerinin özellikle generatif döneminde bu iki iklim değişkeninin arasındaki interaksiyonun verim ve verim bileşenleri üzerine etkilerinin çok az bilindiğini aktarmışlardır. Soyaları sıcaklık stresine en hassas oldukları dönemler olan çiçeklenme başlangıcı (R1) ve tane dolum başlangıcında (R5) yüksek (600 ppm) ve normal (400 ppm) karbondioksit seviyeleri altında ve ortam sıcaklığına göre aşırı yüksek (+9 °C) ve yüksek (+5 °C) sıcaklık altında yetiştirmişlerdir. Soya için optimum kanopi sıcaklığının aşılmasına sebep olan aşırı yüksek sıcaklık stresinin (+9 °C) hem normal hem de yüksek karbondioksit seviyesinde bile verimi azalttığını tespit etmişlerdir. Bu verim azalmasının özellikle R5 döneminde meydana gelen sıcaklık stresinden kaynaklandığını gözlemlemişlerdir. Sadece karbon asimilasyonunu temel alan soya verim tahmin modellerinin çok yüksek sıcaklık altında verim azalışlarını tahmin etmede yetersiz kalırken, yüksek sıcaklık altında ise verim kayıplarını yüksek olarak tahmin ettiğini aktarmışlardır. Bu nedenle modellemelerde verimi belirlemek için generatif dönemdeki sıcaklık stresinin doğrudan etkilerinin dikkate alınması gerektiğini önermişlerdir.

Xu vd. (2019) generatif dönemde sıcaklık stresinin meydana getirdiği fizyolojik değişimleri ve moleküler düzeydeki etkilerini belirlemek amacıyla yürüttükleri çalışmada, yüksek sıcaklık altında stomatal iletkenliğin ve terlemenin arttığını ancak fotosentezin ve nispi su içeriğinin azaldığını tespit etmişlerdir. Çalışmada inceledikleri antioksidan enzimlerinden peroksidaz aktivitesinin arttığını, buna karşın katalaz ve süperoksit dismutasin değişmediğini saptamışlardır. Yüksek sıcaklığa maruz kalan bitkilerde sıcaklık stresi ile ilgili toplam 633 genin ifadesinde farklılıklar belirlemişlerdir. Sıcaklık stresi bu genlerin 417 tanesinin ifadesini teşvik ederken 216 tanesinin ise baskılamıştır. Strese en olumsuz tepkiyi veren genlerin çiçeklenme, oksidatif stres, protein ve mRNA katlanması ile bozunumu, stresten koruyucu bileşiklerin sentezi, etilen biyosentezi ve sinyali ile ilişkili olduğunu gözlemlemişlerdir.

Herritt ve Fritsch (2020) dört soya genotipini yedi gün boyunca 28 °C (kontrol), 38 ve 45 °C sıcaklığa maruz bırakmışlar ve bu süre boyunca klorofil ışımaya verimliliği (Fv/Fm), stomatal iletkenlik ve klorofil yapısındaki değişimleri gözlemlemişlerdir. Artan sıcaklığın net fotosentez üzerine olan olumsuz etkilerinin genotiplere göre farklılıklar gösterdiğini aktarmışlardır. Sıcaklık uygulamasının ilk gününde 45 °C altındaki bitkilerde fotosentezin ışık reaksiyonları ciddi şekilde etkilenirken, net fotosentez oranının azalmadığını tespit etmişlerdir. Yedi günlük uygulama boyunca ışık reaksiyon özelliklerinin zamansal değişimlerinin genotiplere göre farklılıklar gösterdiğini aktarmışlardır. Genotipler arasındaki kloroplast yapıları farklılıkların kloroplast alanının nişasta tarafından kaplanan yüzdesi ile pozitif şekilde ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. Yüksek sıcaklık uygulamasının sonunda nişasta tanelerinin sayısı ve boyutunda azalma tespit etmişler ve bu olayın da klorofil floresans değeri ve yapraklardaki net CO₂ asimilasyonunun azalmasıyla paralel olduğunu saptamışlardır.

Krishnan vd. (2020) tohum gelişimi döneminde sıcaklık stresine maruz kalan soya tohumlarının buruşuk, bozuk renkli, çimlenme oranı düşük ve patojenlere karşı hassasiyeti artmış tohumlar meydana getirdiğini ve bu nedenle de ekonomik değerinin düştüğünü bildirmişlerdir. Bu bağlamda, yüksek sıcaklığa hassas ve toleranslı genotiplerin tohum protein içeriği ve kotiledon parankima hücrelerinin yapısını incelemişlerdir. Protein değerlerini kontrol (28 °C), orta seviye (36 °C) ve yüksek (42 °C) sıcaklıklar altında belirlemişlerdir. Soya tohumlarının lipooxygenase, β -subunit β -conglycinin, şeker bağlayan protein ve Bowman-Birk protease inhibitörü gibi parametrelerinin hem hassas hem de toleranslı genotiplerde yüksek sıcaklıktan olumsuz etkilendiğini ancak bu olumsuz etkilerin toleranslı genotiplerde daha az olduğunu

bildirmişlerdir. Tane dolum döneminde artan yüksek sıcaklığa tepki olarak hem hassas hem de toleranslı genotiplerde sıcaklık şok proteinlerinin (*HSP70* ve *HSP17.6*) birikiminin arttığını tespit etmişlerdir. Elektron mikroskopu altında inceledikleri parankima depo hücrelerinin sıcaklık stresi altında önemli yapısal değişiklikler geçirdiklerini saptamışlardır. Yüksek sıcaklıkların tohumda protein depolayan organeller olan protein depo vakuollerinin bütünlüğünü ve yapısını bozduğunu aktarmışlardır. Hücre duvarından (plazmoliz) plazma membranının ayrılmasını sıcaklık stresine hassas genotiplerin hücrelerinde toleranslı genotiplere kıyasla daha yaygın olarak gözlemlemişlerdir. Sonuç olarak, tohum gelişim döneminde yüksek sıcaklığa toleransın genotiplere göre farklılık göstermesinin nedeninin tohum protein bileşimindeki farklılıkların ve hücresel seviyedeki değişikliklerin düzeyi ile ilişkili olduğunu vurgulamışlardır.

Lenka vd. (2020) artan karbon dioksit seviyelerinin bitki biyokütlesinin ve verimin artışına sebep olacak bir gübreleme etkisi göstereceği ve bitkilerin su kullanımını değiştirebileceğini aktarmışlardır. Bu sebeple yüksek karbon dioksit seviyesi, yüksek sıcaklık ve farklı azot dozları ile bu faktörler arasındaki interaksiyonların evopotranspirasyon, verim ve su kullanım etkinliği üzerine etkilerini araştırmak amacıyla tarla koşullarında açık sera sistemi kullanarak iki yıllık bir çalışma yürütmüşlerdir. Soyaları üç farklı iklim koşulu altında (ortam : AC; 26,4 °C ve 395 ppm CO₂, yüksek karbondioksit: eC; 27,0 °C ve 535 ppm CO₂, yüksek karbon dioksit + yüksek sıcaklık: eCeT; 28,2 °C ve 535 ppm CO₂) ve dört farklı azot dozu kullanarak test etmişlerdir. Azot dozunu soya için tavsiye edilen 3 kg da⁻¹ oranının %0, %50'si, %100'ü ve %150'si olarak belirlemişlerdir. eC ve eCeT'nin kontrol koşullarına göre %32 - 47 oranında önemli bir verim artışı sağladığını bildirmişlerdir. Azot uygulamaları altında değerlendirildiğinde, toprak su kapasitesini kontrol uygulamasına kıyasla hem eC'de hem de eCeT'de ilk yıl %5 ikinci yıl ise %9 daha yüksek olarak gözlemlemişlerdir. Her iki yılda da hem eC'de hem eCeT'de evopotranspirasyonu önemli düzeyde daha düşük olarak tespit ederlerken, su kullanım etkinliğini önemli seviyede daha yüksek olarak saptamışlardır. Su kullanım etkinliğini ilk yıl 0,30 ile 0,45 kg da⁻¹ mm⁻¹, ikinci yıl ise 0,46 ile 0,64 kg da⁻¹ mm⁻¹ olarak belirlemişlerdir. Büyüme dönemi boyunca stomatal iletkenliğin eC altında yaklaşık %21-42 oranında ve eCeT altında ise yaklaşık %19-31 oranında azalmasına rağmen bu azalışın transpirasyondaki azalmaya yansımadığını aktarmışlardır. Ortam koşulları birlikte değerlendirildiğinde, hem eC hem de eCeT altında kontrole kıyasla su kullanım etkinliğinin ilk yıl yaklaşık %48-50 ve ikinci yıl ise yaklaşık %37-39 oranında daha yüksek olduğunu açıklamışlar ve bu sonucun bu uygulamalar altındaki daha yüksek verime atfedilebileceğini

bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda, evaporasyonu azaltmaya katkı sağlayan daha büyük yaprak alanının hem eC hem de eCeT altında daha yüksek toprak su kapasitesini açıklayan en büyük mekanizma olduğunu vurgulamışlardır.

Nakagawa vd. (2020) yürüttükleri çalışmada R5 (tane dolumu başlangıcı) döneminde 28 gün boyunca soyları 20 °C (kontrol) ve 30 °C’de (yüksek sıcaklık) yetiştirmişler ve verim, protein ve yağ içeriğinin değişimini araştırmışlardır. Tane dolumu dönemi (R5) boyunca yüksek sıcaklığın yağ içeriğini artırdığını fakat protein içeriğinin azaldığını gözlemlemişlerdir. Kontrol uygulamasında bakla sayısı 26 adet bitki⁻¹ iken yüksek sıcaklık altında bu sayının 24’e adete düştüğünü, yüz tohum ağırlığının 28 g’dan 17 g’a düştüğünü, tek bitki veriminin 11,5 g’dan 6,6 g’a düştüğünü ve protein içeriğinin %18,9’dan %16,3’e düştüğünü bildirmişlerdir. Buna karşın yağ içeriğinin ise %21,6’dan %30,4’e yükseldiğini aktarmışlardır. R5 döneminde yüksek sıcaklığın tohumda proteinden ziyade yağ içeriğinin birikmesine sebep olduğunu vurgulamışlardır. Protein içeriğinin azalmasının verimde meydana gelen azalmaya ve protein sentezleyen genlerin baskılanmasına bağlı olduğunu aktarmışlardır.

Narayanan vd. (2020) sıcaklık stresine tolerant ve sıcaklık stresine hassas olan iki genotipte yüksek sıcaklığın yağ metabolizması üzerine etkilerini araştırmak amacıyla bir araştırma yürütmüşlerdir. Her iki genotipi de optimum koşullarda (30/20 °C) on beş gün boyunca yetiştirmişler ve sonrasında bitkilerin yarısını on bir gün boyunca yüksek sıcaklık (38/28 °C) stresine maruz bırakmışlardır. Sıcaklık stresi ile birlikte linolenik asit miktarında bir azalış gözlemlemişlerdir. Optimum koşullar altında Yağ Asiti Desatüras (FAD) 2-1A, FAD2-2B, FAD2-2C ve FAD3A genlerinin ifadesindeki genotipler arası farklılıkların önemsiz olduğunu tespit etmişlerdir. Ancak yüksek sıcaklık altında, DS25-1 genotipinde linoleik asiti linolenik asite dönüştüren FAD3A ve FAD3B genlerinin ifadesinde önemli ölçüde azalmalar saptamışlardır. DS-25-1 genotipinin yüksek sıcaklık stresi altında linolenik asit miktarının azalmasının muhtemelen FAD3A ve FAD3 genlerinin ifadesindeki azalmalardan kaynaklandığını ve linolenik asit miktarındaki bu azalmanın membran fonksiyonlarının sürdürülmesine ve sıcaklığa toleranta katkı sağladığı yorumunu yapmışlardır.

Sima vd. (2020) yüksek sıcaklığın soyanın verim ve verim bileşenleri üzerine olan etkisini araştırmak amacıyla tarla koşullarında açık sera kullanarak dört yıllık bir çalışma yürütmüşlerdir. Yetiştirme sezonu boyunca 25,65 °C’den 29,02 °C’ye çıkan sıcaklıkların soya verimini yaklaşık %22, toplam biyokütleyi yaklaşık %11 ve hasat indeksini ise %12 oranında azalttığını tespit ederlerken, fizyolojik olgunluk süresini önemli şekilde etkilemediğini

saptamışlardır. Verimdeki azalışın yüz tohum ağırlığında meydana gelen %2'lik azalıştan ziyade tohum sayısından meydana gelen %19 azalışla daha fazla ilişkili olduğunu belirtmişlerdir.

Veas vd. (2021) sıcaklık stresi, kuraklık ve bunların interaksiyonunun tane dolum sürecince, bitkinin farklı pozisyonlarında ve aynı fenolojik yaştaki baklalarda tohum ağırlığına, tohum büyüme oranına ve tane dolum süresi uzunluğuna etkisini araştırmak amacıyla bir çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmanın kontrol (sulanmış parsel ve optimum sıcaklık: 28,3 °C), yüksek sıcaklık (15 gün boyunca günlük 6 saat 32 °C'den fazla ortam sıcaklığı: 38,9 °C), kuraklık (tarla kapasitesinin %25'ini altında sulama) ve sıcaklık stresi x kuraklık (38,7 °C) uygulamalarından oluştuğunu aktarmışlardır. Yüksek sıcaklık ve kuraklık interaksiyonunun kuraklık stresinde oluşan etkilere benzer tepkilere sebep olarak tohum sayısını, tohum ağırlığını, tohum büyüme oranını, tohum dolum süresini ve verimi azalttığını tespit etmişlerdir. Sıcaklık stresi ve kuraklığın birlikte uygulandığı parsellerde sulama uygulaması altındaki sıcaklık stresinin etkisinin önemsiz olduğu ve eklemeli olmayan bir etki yaptığı ve bu sonucun su stresinin sıcaklık stresi üzerine dominant bir etki sergilediğinin göstergesi olduğunu aktarmışlardır. Tohum maksimum su içeriği ve bakla ağırlığının tohum ağırlığı ile pozitif ilişki olduğunu belirtmişler ve bu ilişkinin kuraklık altında ve sıcaklık + kuraklık stresi altında metabolik sınırlamaların bir göstergesi olduğunu aktarmışlardır.

2.2. Soyada Kalıtım İle İlgili Yapılan Çalışmalar

Kaw ve Menon (1980) on anaç ile yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturdukları 45 melez genotipin F₁ generasyonunda tek bitki verimi, bitkide tohum sayısı, bakla sayısı ve yüz tohum ağırlığı özellikleri için genel uyum yeteneği ve özel uyum yeteneği etkilerini tahmin etmişlerdir. İncelenen özellikler için hem genel uyum yeteneği hem de özel uyum yeteneği etkilerini önemli olarak saptamışlardır. Genel uyum yeteneği varyansının özel uyum yeteneği varyansına göre daha büyük olarak saptanmasının, ele alınan özelliklerin kalıtımında eklemeli ve eklemeli x eklemeli gen etkilerinin daha hakim olduğunun göstergesi olduğunu bildirmişlerdir.

Sharma vd. (1993) on anaç ile yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturdukları 45 melez genotipin F₂ generasyonunda ekim sistemlerinin (yalnız soya ve soya + mısır) verim ve verim bileşenlerinin kalıtımında rol oynayan gen etki biçimlerine etkisini araştırmışlardır.

Verim ve verim bileşenlerinin yalnız soya olan ekim sisteminde birlikte ekime göre daha yüksek değerler verdiğini tespit etmişlerdir. İncelenen özellikler için genotip x ekim sistemi interaksiyonunu önemli olarak saptamışlardır. Ekim sisteminin verim ve verim bileşenlerinin genetik kontrolü üzerine büyük bir etkiye sahip olduğunu aktarmışlardır. Verim ve verim bileşenlerinin ifadesinde hem eklemeli hem de eklemeli olmayan genetik varyansın önemli olduğunu tespit etmişlerdir. Ancak, hasat indeksi ve yüz tohum ağırlığı hariç incelenen özelliklerin tamamı için eklemeli varyansın dominant varyansa oranını yalnız ekim sisteminde daha yüksek olarak belirlemişler ve bu sonucun önemli verim bileşenlerinin genetik kontrolünde ekim sistemlerinin etkisini gösterdiğini vurgulamışlardır. Verim ve verim bileşenleri arasındaki düşük genotipik korelasyonun varlığından dolayı yalnız ve birlikte ekim sistemleri için farklı anaç kullanımının ve farklı melez genotiplerin seleksiyonunun gerekli olduğunu belirtmişlerdir.

Gadag ve Upadhyaya (1995) 7 anaç ile yarım diallel melezler sonucunda elde ettikleri 21 melez genotipinde heterosis ve heterobeltiosis değerlerini tahmin etmişlerdir. 16 melez kombinasyonunda verim için pozitif ve önemli heterosis değerleri tahmin ederlerken, 9 melez genotipinde ise önemli ve pozitif heterobeltiosis değerleri saptamışlardır. Verim için tahmin edilen heterosisin verime katkı sağlayan bileşenlerin gösterdiği heterosis ile doğru orantılı olduğunu aktarmışlardır. Protein için beş melez ve yağ için ise bir melezin önemli ve pozitif heterosis gösterdiğini tespit etmişlerdir. Verim ve protein için heterosisin ticari olarak kullanılabileceğini önermişlerdir.

Gadag vd. (1999) yedi anaç ile yarım diallel eşleme deseni uyarınca elde ettikleri melez genotiplerde verim, verim bileşenleri, protein ve yağ içeriği için uyum yeteneklerini tahmin etmişlerdir. İncelenen özelliklerin tamamı için genel uyum yeteneği etkisi varyansını özel uyum yeteneği etkisi varyansından daha yüksek olarak tespit etmişlerdir. Protein içeriği, verim ve fizyolojik olgunluk gün sayısı için GUYE varyansını ÖUYE varyansından daha büyük olarak saptadıkları için bu özelliklerin eklemeli olmayan gen etkileri ile yönetildiğini aktarmışlardır. Verim yönünden en iyi performans sergileyen melez kombinasyonları meydana getiren anaçların yüksek x düşük ve düşük x düşük genel uyum yeteneği etkisine sahip olduğunu vurgulamışlardır. İncelenen her özellik için ümitvar genotiplerin farklılıklar gösterdiğini ve bu yüzden bu genotipleri etkili bir şekilde kullanmak için ümitvar F₁ melez genotiplerini kendi aralarında melezleyerek alternatif bir ıslah stratejisi izlenebileceğini bildirmişlerdir. Bu çok anaçlı melez kombinasyonu yöntemi ile gen havuzunu genişletmenin rekombinasyonu etkili bir şekilde hızlandıracağını ve bu sayede güçlü genetik bariyerlerin

kırılabilirliğini söylemişlerdir. Geliştirilmek istenen özellikler eklemeli olmayan gen etkileri yönetildiği takdirde seleksiyonun F₅ veya F₆'da yapılması gerektiğini önermişlerdir.

Cho ve Scott (2000) tohum gücü, verim ve yüz tohum ağırlığının kalıtımında rol oynayan gen etki biçimlerini ve uyum yeteneği etkilerini tahmin etmek için 11 anaç kullanarak yarım diallel melezlemeler sonucu elde ettikleri 55 melez genotipi F₂ generasyonunda incelemişlerdir. Tohum gücü ve verim için genotip ve çevre etkilerini önemli olarak saptamışlardır. Tohum gücü ve verim için GUYE varyansını ÖUYE varyansından daha büyük tespit etmişlerdir. Yüz tohum ağırlığı için genel ve özel uyum yeteneği etkisini önemli olarak saptamışlar ve bu özelliğin kalıtımında hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin rol oynadığını, ancak GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha büyük olduğunu belirtmişlerdir. Dolayısıyla, incelenen özelliklerin kalıtımında eklemeli gen etkilerinin daha üstün olduğunu belirtmişlerdir. Ortalama tohum gücünü %83 ve ortalama verimi 215,5 kg da⁻¹ olarak yüksek vigor x yüksek vigor melez genotiplerinde tespit etmişlerdir. Bu değerlerin yüksek vigor x düşük vigor ve düşük vigor x düşük vigor melezlerinden daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Diallel melezlerin F₂ generasyonunda çimlenme oranının, tohum gücü ve yüz tohum ağırlığının gösterdiği heterosis ile önemli bir korelasyon gösterdiğini aktarmışlardır. Sonuç olarak, hem tohum gücü hem de verim için genel uyum yeteneği etkisinin yüksek olmasından dolayı yüksek verimli ve tohum gücü yüksek genotiplerin ıslah ile geliştirilebileceğini vurgulamışlardır.

Sood vd. (2000) 10 × 2 line tester eşleşme deseni uyarınca elde ettikleri yirmi melez genotipin F₁ generasyonunda verim ve verim bileşenlerini yöneten gen etki biçimlerini tahmin etmişlerdir. Bakla sayısı, bitki boyu, boğum sayısı ve çiçeklenme gün sayısı için eklemeli genetik varyansı daha yüksek olarak saptarlarken baklada tohum sayısı ve protein içeriği için ise eklemeli olmayan genlerin daha önemli olduğunu tespit etmişlerdir. Tek bitki verimi, biyolojik verim, dal sayısı ve fizyolojik olgunluk gün sayısı için ise hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin eşit olarak önemli olduğunu belirtmişlerdir.

Suh vd. (2000) büyük, orta ve küçük yaprak alanına sahip 9 anaç ile diallel eşleşme deseni uyarınca yürüttükleri çalışmada yaprak alanı, yaprak şekli ve diğer generatif dönem özellikleri için gen etki biçimlerini ve kalıtımı tahmin etmişlerdir. Farklı büyüklükte yaprak alanına sahip anaçlar arasında yapılan melezlemeler sonucunda elde edilen çoğu F₁'in hem anaçlarından hem de anaç ortalamasından daha büyük yaprak alanına sahip, daha uzun çiçeklenme periyodu gösteren ve daha geç olgunlaşan genotipler olduğunu tespit etmişlerdir. Anaçlardan ve melezlerden oluşan popülasyonda incelenen tüm özellikler için GUYE ve

ÖUYE önemli olarak bulmuşlardır. Dar anlamda kalıtım derecesini yaprak alanı için 0,43; yaprak şekli için 0,63 ve fizyolojik olgunluk gün sayısı için ise 0,29 olarak tahmin etmişlerdir. Fotosentez oranı ve dolayısıyla verim ile doğrudan ilişkili olan yaprak alanı ve yaprak şekli özellikleri için GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha büyük olmasından dolayı, bu özelliklerin kontrolünde eklemeli gen etkilerinin daha üstün olduğunu bildirmişlerdir. Eklemeli gen etkileri üstünlüğünün seleksiyon etkinliğini artıracağını aktarmışlardır.

Almeida Lopes vd. (2001) GUYE ve ÖUYE'nin çevre ile olan interaksiyonunu belirlemek için altı anaç ile yarım diallel eşleşme deseni uyarınca elde ettikleri melez genotipleri F₂ generasyonunda iki lokasyonda (Esalq ve Anhembi) değerlendirmişlerdir. Verim açısından lokasyon etkisini, GUYE ve ÖUYE'ni önemli olarak tespit etmişlerdir. Verim yönünden genotipik performansın ifadesi için Anhembi lokasyonunun Esalq'dan daha uygun olduğunu gözlemlemişlerdir. Ayrıca, GUYE x Lokasyon ve ÖUYE x Lokasyon etkilerini önemli olarak bulmuşlar ve en yüksek ÖUYE'sini GUYE'nin büyüklüğü ve yönü farklı (+ / -) anaçların meydana getirdiği melez genotiplerden elde etmişlerdir.

Choi vd. (2002) türler arası melezlemeler (*Glycine max* × *Glycine gracilis*, *Glycine max* × *Glycine gracilis* ve *Glycine max* × *Glycine soja*) ile elde ettikleri 3 populasyonun F₂ generasyonunda çiçeklenme ve fizyolojik olgunluk gün sayısı, vejetasyon süresi, yaprak şekli, yaprak alanı, yaprak uzunluğu, yaprak genişliği ve yüz tohum ağırlığı için kalıtım dereceleri tahmin etmişlerdir. Popülasyonlar arasında genetik varyasyonlar gözlemlemişler ve *Glycine max* x *Glycine soja* melezlerinin *Glycine max* × *Glycine gracilis* melezlerinden daha fazla varyasyon gösterdiğini saptamışlardır. Temel bileşenler analizi sonucunda, yaprak şekli ile ilişkili özelliklerin toplam varyasyona daha büyük katkı yaptığını tespit etmişlerdir. İncelenen özelliklerin çoğunda genotipik varyasyonu (V_G) çevre varyansından (V_E) daha yüksek olarak belirlemişlerdir. 3 popülasyonda da en düşük geniş anlamda kalıtım derecesini yaprak uzunluğu (0,41; 0,46; 0,58) ve yaprak genişliğinde (0,40; 0,53; 0,59) saptarlarken, en yüksek geniş anlamda kalıtım derecesini (0,89; 0,94; 0,96) ise yüz tohum ağırlığında tespit etmişlerdir. İncelenen özelliklerin hepsinden etkilenen yüz tohum ağırlığının fizyolojik olgunluk gün sayısı ve vejetasyon süresi ile pozitif korelasyon gösterdiğini aktarmışlardır. Mevcut soya çeşitlerinin genetik yakınlıklarından dolayı, türler arası melezlemelerden elde edilen popülasyonların genetik analizlerinin yapılarak ıslah programlarında kullanılabileceğini vurgulamışlardır.

Pandini vd. (2002) 6 anaç ile gerçekleştirdiği yarım diallel melezleme çalışmasında anaçları ve melez genotipleri iki farklı çevrede değerlendirmişlerdir. Yürüttükleri araştırmada

tek bitki verimi, yüz tohum ağırlığı, bakla sayısı, hasat indeksi ve baklada tohum sayısı gibi özellikler için heterosis ve özellikler arası korelasyonu belirlemişlerdir. Çoğu özellik için eklemeli ve dominant etkiler gösteren heterosis bileşenlerini önemli olarak tahmin etmişlerdir. Özellikle Anhembi lokasyonunda melez genotiplerin anaçlardan daha yüksek heterosis değerlerine sahip olduğunu aktarmışlardır. Bakla sayısının tohum verimini artırma yönünde uygun bir dolaylı seleksiyon aracı olabileceğini bildirmişlerdir.

Krishnawat ve Maloo (2004) 20 hat ve 3 test edici ile line x tester eşleşme deseni uyarınca elde ettikleri 60 F₁ melez genotip ve anaçlarından oluşan popülasyonda, hücre membran termostabilitesi özelliğini kullanarak yüksek sıcaklık stresine tolerans yönünden yeterli genetik farklılığın olduğunu belirlemişlerdir. Yüksek sıcaklık stresine toleransın eklemeli olmayan gen etkileri ile yönetildiğini saptamışlardır. Ayrıca, yüksek sıcaklığa tolerans yönünden melez genotiplerin orta düzey heterosis değerlerine sahip olduklarını da aktarmışlardır.

Darwish (2006) 6 anaç ile yarım diallel melezlemeler sonucu oluşturduğu 15 kombinasyonun F₂ generasyonunda erkencilik, verim ve verim bileşenleri için heterosis ve uyum yeteneği etkilerini tahmin etmiştir. Fizyolojik olgunluk gün sayısı ve baklada tohum sayısı hariç incelenen bütün özellikler için genotipler arasındaki farklılıkları önemli olarak saptamıştır. GUYE ve ÖUYE varyanslarını incelenen bütün özellikler için önemli bulmuştur. Yalnızca baklada tohum sayısına ait ÖUYE varyansını önemsiz olarak tespit etmiştir. Genel ve özel uyum yeteneği varyanslarının birbirlerine oranının büyüklüğüne göre bitki boyu hariç incelenen bütün özellikler için eklemeli ve eklemeli tip gen etkilerinin daha önemli olduğunu aktarmışlardır.

Gavioli vd. (2006) 8 farklı soya çeşidi ile yaptıkları yarım diallel melezleme çalışmasında çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, ana saptaki boğum sayısı ve dal sayısı yönünden genel ve özel uyum yeteneği etkilerini önemli bulmuşlardır. En yüksek GUYE'ni Doko, Cristalina ve Savana çeşitlerinde çiçeklenme gün sayısı, ilk bakla bağlama yüksekliği ve dal sayısı özelliklerinde tespit etmişlerdir. Çiçeklenme gün sayısı özelliğinde gözlemlenen farklılığın eklemeli gen etkileri tarafından açıklanabileceği yorumunu yapmışlardır.

Morsy (2010) 10 hat ve 2 tester ile top cross eşleşme deseni uyarınca elde ettiği 20 melez genotipinde farklı ekim zamanlarında verim stabilitesi yüksek hatları seçmek için F₁ generasyonunda gen etki biçimlerini tahmin etmiştir. Melez genotipleri 24 Mayıs ve 19 Haziran olmak üzere 2 farklı ekim zamanında test etmiştir. İncelenen bütün özellikler için

ekim zamanı, genotip ve ekim zamanı $\times$ genotip interaksiyonunu önemli olarak tespit etmiştir. Ele alınan özelliklerin tamamı için ÖUYE varyansını GUYE varyansından yüksek bulmuştur ve bu özelliklerin kalıtımında eklemeli olmayan gen etkilerinin daha büyük katkı yaptığını saptamıştır. Eklemeli olmayan gen etkilerinin eklemeli gen etkilerine göre çevre ile daha fazla etkileşimde olduğunu bildirmiştir. Erken ekim zamanında 15 melezde ve geç ekim zamanında ise 12 melezde arzu edilir heterosis değerleri belirlemiştir.

Singh vd. (2010) PS 1347 $\times$ G. Soja, JS 335 $\times$ UPSM 534 ve PS 1347 $\times$ JS 335 tek melezlerinde gen etkilerini tahmin etmek için melez genotiplerini anaçları ile birlikte F₁, F₂ ve F₃ generasyonlarına değerlendirmişlerdir. Çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu ve hasat indeksi gibi özelliklerin eklemeli gen etkileri ile ve verimin ise dominant gen etkileri ile yönetildiğini saptamışlardır. İncelenen özelliklerin çoğunun kalıtımında çift epistasinin önemli olduğunu aktarmışlardır. Eklemeli ve eklemeli olmayan gen etkilerini kullanarak yüksek verimli soya genotipleri geliştirmek için yürütülecek ıslah programlarında verime katkı sağlayan yukarıdaki kantitatif özelliklerin seleksiyon ölçütü olarak kullanılmasını önermişlerdir.

Kuswantoro vd. (2011) düşük pH'lı toprakta bakla sayısının kalıtımını incelemek amacıyla iki melez genotipin F₁, F₂, BC₁ ve BC₂ generasyonlarında bir inceleme yapmışlardır. Elde ettikleri sonuçlara göre, düşük pH'lı topraklarda bakla sayısının poligenetik olarak eklemeli genler ile yönetildiğini ve hem allelik hem de allelik olmayan gen interaksiyonlarının bulunmadığını tespit etmişlerdir. Bakla sayısı için geniş anlamda kalıtım derecesini orta düzey (0,57) olarak tahmin ederlerken dar anlamda kalıtım derecesini (0,39) ise düşük olarak saptamışlardır. Özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesinin yüksek olması, genler arasında interaksiyonun bulunmaması ve poligenetik olarak kontrol edilmesinden dolayı, potansiyeli yüksek genotipleri kaybetmeden ve transgresif açılmadan kaçınarak seleksiyonu hızlandırmak için orta generasyonlarda (F₃ veya F₄) düşük yoğunluklu seleksiyonun yapılabileceğini önermişlerdir.

Nassar M.A.A. (2013) 6 farklı soya genotipi ile yarım diallel eşleşme deseni uyarınca gerçekleştirdiği melezleme çalışmasında erkencilik özellikleri, büyüme karakterleri, tek bitki verimi, bakla sayısı, baklada tohum sayısı, bitkide tohum sayısı ve yüz tohum ağırlığı gibi verim bileşenleri ile yağ ve protein içeriği için heterosis ve uyum yeteneği etkilerini belirlemiştir. Melez genotiplerin tamamının bakla sayısı ve bitkide tohum sayısı yönünden yüksek pozitif heterosis gösterdiklerini aktarmışlardır. Bakla sayısı dışındaki özellikler için genel ve özel uyum yeteneği etkileri önemli olduğunu belirlemiştir. Erkencilik özellikleri, dal

sayısı, bakla sayısı ve tohum sayısı özellikleri için GUYE varyansını ÖUYE varyansından çok daha yüksek bulmuş ve bu özelliklerin kontrolünde eklemeli ve eklemeli x eklemeli gen etkilerinin üstün olduğunu ifade etmiştir. Çiçeklenme gün sayısı ve fizyolojik olgunluk sayısı için hem geniş hem de dar anlamda kalıtım derecelerini yüksek olarak tahmin etmiştir. Bitki boyu, dal sayısı, bakla sayısı, bitkide tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi, yağ ve protein içeriği için ise geniş anlamda kalıtım derecesini yüksek olarak saptamıştır.

Reni ve Rao (2013) 45 soya genotipi ile yürüttükleri çalışmada incelenen bütün özellikler için genotipler arasındaki farklılıkları önemli olarak tespit etmişlerdir. Dal sayısı, bakla sayısı, biyolojik verim, hasat indeksi ve tek bitki verimi için hem fenotipik hem de genotipik varyansı yüksek olarak gözlemlemişlerdir ve bu durumun incelenen genotiplerin bu özellikler için çevreden daha az etkilenen geniş bir adaptasyona sahip olduğunu gösterdiğini belirtmişlerdir. Çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, dal sayısı, bakla sayısı, bakla uzunluğu, baklada tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, hasat indeksi ve tek bitki verimi için yüksek kalıtım derecesi ile birlikte yüksek genetik ilerleme saptamışlar ve bu nedenle bu özelliklerin eklemeli genler ile yönetildiği yorumunu yapmışlardır. Eklemeli genler ile yönetilen özelliklerin seleksiyon yoluyla daha kolay geliştirilebileceğini vurgulamışlardır.

Bhor vd. (2014) ölçümleme testi aracılığıyla verim ve verim bileşenlerinin kalıtımını tahmin etmişlerdir. Ana dal sayısı, bakla sayısı ve tek bitki veriminin kalıtımında dominant gen etkilerinin daha üstün olduğunu bildirmişlerdir. Tek bitki veriminin kalıtımında çift epistasi saptamışlardır. Çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bakla sayısı, bitki boyu ve yüz tohum ağırlığının kalıtımı için ise tamamlayıcı epistatik gen etkisinin varlığını tespit etmişlerdir. Özelliklerin kalıtımında rol oynayan gen etkilerinin tahminine dayanarak, tamamlayıcı epistatik gen etkileri ile yönetilen özelliklerin geliştirilmesi için yapılacak seleksiyonun F_3 'te başlayabileceğini önermişlerdir.

Jain vd. (2015) 41 soya genotipi ile yürüttükleri çalışmada verim ve verim bileşenleri için genetik varyabilite, korelasyon, path katsayısı ve geniş anlamda kalıtım derecelerini tahmin etmişlerdir. Korelasyon ve path analizi sonucunda, tek bitki veriminin biyolojik verim, bakla sayısı ve yüz tohum ağırlığı ile önemli düzeyde pozitif ilişkiler gösterdiğini saptamışlardır. Bundan dolayı, bu özelliklerin soyada verimi artırmak için birer seleksiyon ölçütü olarak kullanılabileceğini önermişlerdir. Path analizi ile biyolojik verim, bakla sayısı ve yüz tohum ağırlığının tek bitki verimine doğrudan ve dolaylı katkılar yapan en önemli özellikler olduğunu tespit etmişlerdir. Baklada tohum sayısı (0,71) dışında çiçeklenme gün sayısı (0,98), fizyolojik olgunluk gün sayısı (0,89), bitki boyu (0,97), dal sayısı (0,90), bakla

sayısı (0,88), yüz tohum ağırlığı (0,98), biyolojik verim (0,87) ve tek bitki verimi (0,98) için yüksek düzeyde geniş anlamda kalıtım dereceleri tahmin etmişlerdir.

Karyawati vd. (2015) 6 farklı soya çeşidi ile gerçekleştirdikleri tam diallel melezleme ile bitki boyu, dal sayısı, bakla sayısı, bitkide tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi ve stomatal iletkenlik gibi özellikler için uyum yeteneklerini belirlemişlerdir. Tanggamus, Brawijaya 2, ve Brawijaya 1 genotiplerinin yüksek GUYE'ne sahip olduklarını ve diğer genotiplerden önemli derecede farklılıklar gösterdiklerini tespit etmişlerdir. Çalışmada gözlemlenen çoğu karakter için Brawijaya $\times$ Tanggamus, Brawijaya 2 $\times$ Argopuro, Argopuro $\times$ Brawijaya 1, Braijaya 1 $\times$ Grobogan, Brawijaya 1 $\times$ Brawijaya 2 ve Brawijaya 1 $\times$ Argopuro melez kombinasyonlarının yüksek ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır.

Adsul vd. (2016) adaptasyon yeteneği ve verimi yüksek fakat tohum ömrü kısa iki anaç ile düşük verimli fakat uzun tohum ömrüne sahip iki anaç kullanarak iki ebeveynli eşleşme deseni uyarınca 4 melez genotip elde etmişlerdir. Bu melez genotiplerde ölçümleme testi aracılığıyla tek bitki verimi, dal sayısı, bakla sayısı ve yüz tohum ağırlığı gibi özelliklerin kalıtımında eklemeli gen etkilerinin daha üstün olduğunu tahmin etmişlerdir. Çift epistasi gösteren dokuz kantitatif özelliğin kalıtımında hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin rol oynadığını bildirmişlerdir. İncelenen çoğu özelliğin kalıtımında çift epistasinin önemli olduğunu aktarmışlardır. Bu özellikleri iyileştirmek için iki ebeveynli, eşleşme deseninin kullanılabileceğini önermişlerdir.

Akram vd. (2016) on bir farklı soya genotipi kullanarak yürüttükleri çalışmada genetik farklılık ile verim ve verim bileşenleri arasındaki korelasyon ve path katsayılarını tahmin etmişlerdir. İncelenen bütün özellikler için genotipler arasındaki farklılıkları önemli olarak tespit etmişlerdir. Genetik istatistik analizlerine göre özelliklerin tamamında fenotipik varyasyon katsayısını genotipik varyasyon katsayısından daha yüksek olarak saptamışlardır ve bu özelliklerin belli bir ölçüde çevreden etkilendiğini aktarmışlardır. Bitki boyu (0,98), tek bitki verimi (0,95), bakla sayısı (0,93) ve bitkide tohum sayısı (0,92) için yüksek geniş anlamda kalıtım derecesi ile birlikte yüksek genetik ilerleme belirlemişlerdir. Tek bitki veriminin dal sayısı (0,85), bakla sayısı (0,99), tohum sayısı (0,99) ve yüz tohum ağırlığı (0,63) ile pozitif ve önemli bir korelasyon gösterdiğini, buna karşın bakla uzunluğu ile önemli bir korelasyon göstermediğini bildirmişlerdir. Ayrıca, tek bitki veriminin çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu ve baklada tohum sayısı ile negatif bir korelasyon gösterdiğini bulmuşlardır. Path analizi sonucunda tek bitki verimine en yüksek doğrudan etkiyi bitkide tohum sayısının (2,85) yaptığını ve bu özelliği bakla sayısı,

çiçeklenme gün sayısı, dal sayısı, yüz tohum ağırlığı, bitki boyu ve bakla uzunluğunun takip ettiğini vurgulamışlardır. Bu sebeplerle, soya fasulyesinde verimi artırmak için bakla sayısı ve bitkide tohum sayısının önemli birer seleksiyon ölçütü olarak kullanılabileceğini vurgulamışlardır.

Ali vd. (2016) on dokuz soya hattı ile yürüttükleri çalışmada dokuz kantitatif özellikte fenotipik ve genotipik varyasyon, geniş anlamda kalıtım derecesi ve genetik ilerlemeyi tahmin etmişlerdir. Yağ içeriği hariç incelenen özelliklerin tamamında fenotipik varyansın genotipik varyanstan daha yüksek olduğunu saptamışlardır. Fenotipik ve genotipik varyansı bakla sayısı için sırasıyla %24 ve %28 olarak, fizyolojik olgunluk gün sayısı için ise %4 ve %3 olarak belirlemişlerdir. En yüksek geniş anlamda kalıtım derecesini 0,99 ile yağ içeriğinde elde ederlerken, en düşük geniş anlamda kalıtım derecesini ise 0,31 ile ilk bakla bağlama gün sayısında tespit etmişlerdir. Yüz tohum ağırlığı, tohum verimi ve yağ içeriği gibi özelliklerin 0,85 ve üzerinde geniş anlamda kalıtım derecesine sahipken, ilk bakla bağlama gün sayısı ve bakla uzunluğunun ise orta düzeyde geniş anlamda kalıtım derecesine sahip olduğunu bildirmişlerdir. Beklenen genetik ilerlemeyi 1,78 (yağ içeriği; %) ile 78,80 (verim; kg da⁻¹) arasında hesaplamışlardır. Verime en çok katkı yapan bakla sayısı ve yüz tohum ağırlığı gibi özelliklerin yüksek farklılık ve orta düzeyde kalıtım derecesi gösterdiklerini aktarmışlar ve bu özelliklerin birer seleksiyon ölçütü olarak kullanılabileceğini aktarmışlardır.

Ghiday vd. (2017) yirmi beş genotip ile yürüttükleri çalışmada verim ve verim bileşenleri için genetik farklılığı ve özelliklerde görülen varyasyonun büyüklüğünü tahmin etmişlerdir. İncelenen bütün özellikler için genotipler arasındaki farklılıkları önemli olarak saptamışlardır. Tek bitki verimi, biyolojik verim ve baklada tohum sayısı için genotipik ve fenotipik varyasyon katsayılarını yüksek olarak belirlemişlerdir. Ele alınan özellikler için geniş anlamda kalıtım derecelerinin 0,74'den 0,99'a kadar değişkenlik gösterdiğini aktarmışlardır. Tek bitki veriminin bakla sayısı ve baklada tohum sayısı ile yüksek ve önemli düzeyde genetik ve fenotipik korelasyon gösterdiğini bildirmişlerdir. Bakla sayısı, dal sayısı ve baklada tohum sayısının verime en çok katkı sağlayan özellikler olduğunu vurgulamışlardır. Sonuç olarak, bakla sayısı ve dal sayısının yüksek verimli genotiplerin elde edilmesi için önemli birer seleksiyon ölçütü olabileceğini önermişlerdir.

Hakim ve Suyamto (2017) altı melez kombinasyonunun F₁ ve F₂ generasyonlarında yürüttükleri çalışmada, bakla sayısı, tek bitki verimi ve hasat indeksinin ağırlıklı olarak eklemeli genler ile yönetildiğini saptamışlardır. Tohum boyutunun eklemeli genler ile yönetildiğini ve küçük tohum boyutunun büyük tohuma karşı dominant olduğunu tespit

etmişlerdir. Bitki boyunun hem eklemeli hem de eklemeli olmayan genler tarafından yönetildiğini aktarmışlardır ve erkencilik özelliğinin geçciliğe karşı dominant olduğunu bildirmişlerdir. Geniş anlamda kalıtım derecesini fizyolojik olgunlaşma gün sayısı için 0,49; tohum boyutu için 0,47; hasat indeksi için 0,46 ve bakla sayısı için ise 0,45 olarak tahmin etmişlerdir. Sonuç olarak, tek bitki seleksiyonunun F_3 generasyonunda başlayabileceğini aktarmışlardır.

Nagarajan vd. (2017) 5 hat ve 3 test edici ile line x tester eşleşme deseni uyarınca yürüttükleri araştırmada verim, verim bileşenleri ve biyokimyasal özellikler için genel ve özel uyum yeteneklerini ve bu özellikleri yöneten gen etkilerini tespit etmişlerdir. Hatların normal fitik asit içeriğine sahipken test edicilerin fitik asit içeriklerinin düşük olduğunu bildirmişlerdir. Düşük fitik asit ve verim bileşenleri yönünden anaçlar karşılaştırıldığında, fenotipik performansları ve genel uyum yeteneği yüksek olan Co (Soy) 3 ve LPA 5-2 genotiplerinin ıslah programlarından üstün ebeveynler olarak kullanılabileceğini aktarmışlardır. $RKS\ 18 \times LPA\ 5-2$, $Co\ (Soy)\ 3 \times LPA\ 5-2$, $Co\ (Soy)\ 3 \times LPA\ 5-1$ ve $Co\ (Soy)\ 3 \times LPA\ 13-1$ melez kombinasyonlarının üstün performans sergilediklerini ve bunun gerçekleşmesinde kombinasyondaki ebeveynlerden birinin eklemeli gen etkileri tarafından yönetilen verim bileşenleri ve biyokimyasal özellikler için yüksek GUYE göstermesinden kaynaklandığını bildirmişlerdir.

Rialch vd. (2017) 18 hat ve 3 tester ile oluşturdukları 54 melez kombinasyonunda protein ve yağ içeriği için heterosis ve uyum yeteneği etkilerini tahmin etmişlerdir. Her iki kalite özelliğinin de eklemeli olmayan genler ile yönetildiğini saptamışlardır. Yüksek ÖUYE'ne sahip melez genotiplerin coğrafi olarak farklı ebeveynlerden meydana geldiğini bildirmişlerdir. Melez kombinasyonları oluşturan ebeveynlerden en az bir tanesinin yüksek GUYE'ne (yüksek $\times$ yüksek; yüksek $\times$ orta; yüksek $\times$ düşük) sahip olmasının melez kombinasyonun ÖUYE'ni etkilediğini aktarmışlardır. Bu yüzden, bu kombinasyonların transgresif açılmanın devam ettiği ilerleyen generasyonlarda üstün performans gösterebileceğini ifade etmişlerdir. Sonuç olarak, kalite özelliklerini iyileştirmek için yapılacak ıslah çalışmalarında yüksek heterosis ve ÖUYE'nin seleksiyon ölçütü olarak kullanılabileceğini önermişlerdir.

Teixeira vd. (2017) MG/BR 46 Conquista x UFUS 6901 melez genotipinden elde edilen popülasyonun F_1 ve F_2 generasyonunda erkencilik ile ilişki özelliklerinin ve bazı tarımsal özelliklerin kalıtımını araştırmışlardır. Çiçeklenme gün sayısını F_1 generasyonunda 40,26 gün olarak tespit ederlerken F_2 generasyonunda ise 37,85 gün olarak saptamışlardır. Fizyolojik

olgunluk gün sayısını F₁ generasyonunda 103,52 olarak gözlemlerken F₂ generasyonunda ise 105,88 gün olarak belirlemişlerdir. Bu değerlerin popülasyonun yarı erkenci olduğunu gösterdiğini aktarmışlardır. Baklada tohum sayısı için geniş anlamda kalıtım derecesini 0,24 olarak tahmin ederlerken, bu özelliğin yaklaşık 160 gen ile yönetildiğini varsaymışlardır. Fizyolojik olgunluk gün sayısı için geniş anlamda kalıtım derecesini 0,85 olarak tespit etmişler ve bu özelliğin yaklaşık iki gen ile yönetildiğini vurgulamışlardır. İncelenen popülasyonun F₂ generasyonunda fizyolojik olgunluk gün sayısı, boğum sayısı ve ilk bakla yüksekliği dışında ele alınan diğer özelliklerin tamamı için transgresif açılmanın varlığı doğrulanmıştır.

Thakare vd. (2017) dört ebeveynin oluşturduğu 3 melez kombinasyonunun 6 generasyonunda (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁ ve BC₂) ölçümleme testi aracılığıyla verim ve verim bileşenlerinin kalıtımını araştırmışlardır. Verim, bakla sayısı, yüz tohum ağırlığı ve tek bitki verimi gibi özelliklerin kalıtımında dominant gen etkilerinin üstün olduğunu tespit etmişlerdir. Bazı kombinasyonlarda bakla sayısı ve bitkide dal sayısının kalıtımı için hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerini bulmuşlardır. Kombinasyonların hepsinde tek bitki verimi için çift epistasi saptamışlardır. Bazı kombinasyonlarda ise bitki boyu ve bakla sayısının kalıtımı için tamamlayıcı epistasi tespit etmişlerdir ve bu yüzden bu özellikleri geliştirmek için yapılacak seleksiyonun F₃ generasyonunda başlamasının uygun olabileceğini önermişlerdir.

Getnet (2018) genetik farklılık, kalıtım ve genetik ilerlemeyi tahmin etmek için 7 × 7 latis deneme deseninde 49 genotip ile yürüttüğü çalışmada kök hacmi ve kök kuru ağırlığı dışında incelenen özellikler için genotipler arasındaki farklılıkları önemli olarak saptamıştır. Yüz tohum ağırlığı (0,41) dışında verim (0,86) ve verim bileşenleri için geniş anlamda kalıtım derecesini yüksek olarak tespit etmiştir. İncelenen özellikler için yüksek değişim aralıkları belirlemiş ve bundan dolayı bu özelliklerin seleksiyon ile geliştirilebileceğini bildirmiştir.

İbrahim vd. (2018) sekiz soya çeşidi ile yürüttükleri çalışmada genetik farklılık, geniş anlamda kalıtım derecesi ve özellikler arası korelasyonları tahmin etmişlerdir. Elde ettikleri sonuçlara göre çeşitler arasında büyük farklılıkların olduğunu bildirmişlerdir. Genotipik, fenotipik ve çevre varyasyon katsayıları ile kalıtım derecesini büyük aralıkta tespit etmelerinin seleksiyon ıslahı için uygun bir gösterge olduğunu aktarmışlardır. Bakla sayısı (0,67) ve bakla ağırlığı (0,64) özelliklerinin verim ile pozitif ve önemli korelasyon gösterdiğini saptamışlardır. Geniş anlamda kalıtım derecesini çiçeklenme gün sayısı için 0,92; bitki boyu için 0,72; klorofil içeriği için 0,83; fizyolojik olgunluk gün sayısı için 0,99; bakla

sayısı için 0,35; bakla ağırlığı için 0,87; toplam kuru madde için 0,38; hasat indeksi için 0,78 ve tohum verimi için ise 0,69 olarak tahmin etmişlerdir. İncelenen özelliklerden yüksek geniş anlamda kalıtım derecesine sahip olanların seleksiyon ölçütü olarak kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Kataliko vd. (2018) 8 anaç ile yarım diallel eşleme deseni uyarınca yaptıkları melezlemeler sonucunda 28 F₁ melez genotipi elde etmişlerdir. GUYE ve ÖUYE'ni bakla çatlaması, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu ve verim için istatistiki anlamda önemli bulmuşlardır. İncelenen özellikler için ÖUYE varyansını GUYE varyansından daha büyük olarak saptamışlardır. Bu oranların özelliklerin kontrolünde eklemeli olmayan gen etkilerinin önemli bir rol oynadığının göstergesi olduğunu aktarmışlardır. Sonuç olarak, eklemeli olmayan gen etkileri ile yönetilen özelliklerin geliştirilmesi için heterosis ıslahının kullanılabileceğini ve seleksiyonun sonraki açılan generasyonlarda yapılması gerektiğini vurgulamışlardır.

Kuswantoro vd. (2018) on altı genotip ile yürüttükleri çalışmada çiçeklenme gün sayısı, dal sayısı, tohum bağlamamış bakla sayısı, yüz tohum ağırlığı ve verim için genotipik varyansı büyük olarak hesaplarlarken, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu ve bakla sayısı için ise genotipik varyansı düşük olarak tahmin etmişlerdir. Verim hariç incelenen diğer özellikler için fenotipik varyansı genotipik varyanstan daha büyük olarak saptamışlardır. Verim için düşük; dal sayısı, bakla sayısı ve tohum bağlamamış bakla sayısı için orta ve çiçeklenme gün sayısı; fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu ve yüz tohum ağırlığı için ise yüksek geniş anlamda kalıtım dereceleri tahmin etmişlerdir. Çiçeklenme gün sayısı ve yüz tohum ağırlığının yüksek genotipik varyans ve kalıtım derecesine sahip oldukları için etkili birer seleksiyon ölçütü olarak kullanılabileceğini önermişlerdir. Verim bileşenlerinin tamamının verim ile önemsiz bir korelasyon gösterirken, yüz tohum ağırlığının ise verim ile negatif bir korelasyon gösterdiğini aktarmışlardır. Bitki boyu yüksek olan genotiplerin daha yüksek dal sayısı ve bakla sayısına sahip olma eğilimlerinin olduğunu aktarmışlardır.

Nag vd. (2018) 7 farklı soya çeşidi kullanarak kısmi diallel eşleşme deseni uyarınca yaptıkları melezleme çalışmasında çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu, dal sayısı, bakla sayısı, ilk bakla yüksekliği, baklada tohum sayısı, bitkide tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, protein ve yağ içeriği, hasat indeksi ve tek bitki verimi özellikleri için uyum yeteneği etkilerini belirlemişlerdir. RSD 10-46 ve JS 97-52 genotiplerinin verim ve verim ile ilişkili çoğu özellik için yüksek GUYE'ne sahip oldukları ve bu sayede soya ıslah programlarında iyi birer kombine edici olarak kullanılabileceklerini tespit etmişlerdir. Tek

bitki verimi ve bazı diğ er  zellikler i in RSC 10-46   JS 93-05, RSC 10-46   MACS 1336 ve RSC 10-29   CG Soya-1 melez kombinasyonlarının  nemli derecede y ksek       'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Uyum yeteneđi analizi aracılığıyla ana larda tahmin edilen eklemeli ve eklemeli olmayan gen etkileri bilgisinin heterosisin ticari olarak kullanılıp kullanılamayacağına karar vermede kullanışlı olabileceđi yorumunu yapmışlardır.

Rocha vd. (2018) on altı genotip ile kısmi diallel e leşme deseni uyarınca elde edilen 64 melez genotipin F₂ generasyonunda y r t len  alışmada  i eklenme g n sayısı, fizyolojik olgunluk g n sayısı, bitki boyu ve verim i in ana lar ile melez genotipler arasında yeterli genetik farklılıđın olduđunu saptamışlardır. İncelenen b t n  zellikler i in hem GUYE'ni hem de       'ni  nemli olarak belirlemiş ve bu  zelliklerin eklemeli ve eklemeli olmayan genler ile y netildiđini aktarmışlardır. Verim i in heterosis deđerlerini %-52,9 ile %66,5 arasında saptarlarken geni  anlamda kalıtım derecesini ise 0,19 ile 0,67 aralığında tahmin etmişlerdir.

Susanto (2018) 5 ana  kullanarak tam diallel e leşme deseni uyarınca elde ettiđi melez kombinasyonların F₁ generasyonunda y r tt đ   alışmada fizyolojik olgunluk g n sayısı a ısından pop lasyonda  nemli farklılıklar tespit etmiştir. Fizyolojik olgunluk g n sayısı i in GUYE ve        ile resiprokal etkiyi  nemli olarak bulmuştur. GUYE varyansını        varyansından y ksek bulduđu i in fizyolojik olgunluk g n sayısının kalıtımında eklemeli gen etkilerinin daha  st n olduđunu saptamıştır.

Guleria vd. (2019) yirmi genotip ile y r tt kleri  alışmada incelenen  zelliklerin tamamı i in genotipler arasındaki farklılıkları  nemli olarak tespit etmişlerdir. Fenotipik varyansı genotipik varyanstan daha y ksek olarak saptamışlar ancak incelenen t m  zellikler i in bu iki tahmin arasındaki farkın az olduđunu ve bu sonucun da bu  zelliklerin  evresel fakt rlerden daha az etkilendiđi anlamını taşıdıđını bildirmişlerdir. Verim ve verim bile enleri i in geni  anlamda kalıtım derecelerini y ksek olarak tahmin etmişlerdir. Bakla uzunluđun i in g zlemlenen y ksek genetik ilerleme ile birlikte y ksek kalıtım derecesinin eklemeli gen etkisinden kaynaklandıđını aktarmışlardır. Tek bitki veriminin bitki boyu, dal sayısı, bakla sayısı, baklada tohum sayısı ve y z tohum ađırlıđı ile pozitif ve  nemli bir korelasyon g sterdiđini belirtmişlerdir. Y ksek varyabiliteye sahip olan genotiplerin ıslah programlarında kullanılabileceđini ve ilgilenilen  zelliđi geliştirmek i in y ksek kalıtım derecesi ile birlikte y ksek genetik ilerlemenin seleksiyonun ba arısı i in  nemli olduđunu vurgulamışlardır.

Pereira vd. (2019) on beş anaç ile kısmi diallel eşleşme deseni uyarınca elde ettikleri 50 melez genotipi F_2 generasyonunda heterosis, geniş anlamda kalıtım derecesi ile GUYE'ni tahmin etmişlerdir. Verim için heterosisi %-81 ile %131 arasında saptamışlar ve melez genotiplerin yaklaşık yarısının negatif heterosis gösterdiğini bildirmişlerdir. Verim için geniş anlamda kalıtım derecesini 0,11 ile 0,77 arasında tahmin etmişlerdir. GUYE'ni -406,54 ile 643,06 arasında tespit ederlerken, ÖUYE'ni ise -797,76 ile 829,84 arasında saptamışlardır. Verim için GUYE varyansını ÖUYE varyansından daha yüksek olarak tespit etmişler ve bu özelliğin kontrolünde eklemeli gen etkilerinin daha üstün rol oynadığını aktarmışlardır. Sonuç olarak, F_2 generasyonunda üstün melez genotipleri belirlemek için diallel melez analizinin etkili bir araç olduğunu vurgulamışlardır.

Rialch ve Sharma (2019) 18 hat ve 2 farklı test edici ile line x tester eşleşme deseni uyarınca yürüttükleri çalışmada verim ve verim ile ilişkili özellikler yönünden uygun anaçları ve melez kombinasyonları belirlemeyi amaçlamışlardır. İncelenen çoğu özellik için hatlar, test ediciler ve melez kombinasyonlar arasında önemli farklılıklar tespit etmişlerdir. Bragg, Shivalik ve P9-2-2 genotiplerinde özelliklerin çoğu için yüksek GUYE gösterdiklerini aktarmışlardır. Bragg $\times$ Hara Soya, DS-1213 $\times$ Hara Soya, H-330 $\times$ Hara Soya, PK-472 $\times$ Him Soya ve H-330 $\times$ Him Soya melez kombinasyonlarının ise tek bitki verimi yönünden üstün performans gösterdiklerini ve yüksek ÖUYE ile ilerleyen generasyonlar için ümitvar olduklarını bildirmişlerdir. Ayrıca, verim ve verim ile ilişkili özelliklerin çoğunun kontrolünde eklemeli olmayan gen etkisinin büyük rol oynadığını aktarmışlardır. Uyum yeteneği göz önüne alınarak yapılacak anaç seçiminin ıslah programlarında etkili bir yaklaşım olacağını önermişlerdir.

Rocha vd. (2019) beş anaç kullanarak 3×2 kısmi diallel melezlemeler sonucu elde ettikleri altı melez genotipinde çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu, bakla sayısı ve tek bitki verimi için GUYE ve ÖUYE'ni tahmin etmişlerdir. İncelenen özellikler için GUYE ve ÖUYE'ni önemli olarak saptamışlardır. Uyum yeteneklerinin önemliliği dikkate alındığında özelliklerin kalıtımında hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin rol oynadığını ve bu varyabilite sayesinde uygun anaçların ve ümitvar melez genotiplerin seçilebileceğini bildirmişlerdir. Yüksek GUYE'ne sahip olmalarından dolayı eklemeli etki sergileyen BR/MG 46 Conquista, UfuS 7910 ve BRSGO Chapadoes anaçlarının açılan generasyonlarda verimliliği devam ettirebilecek anaçlar olarak kullanılabileceğini, BRSGO Chapadoes $\times$ BR/MH 46 Conquista melez genotipinin ise yüksek bakla sayısı ve tek bitki verimi potansiyelinden dolayı verimli bir popülasyon elde etmek için

ümitvar genotip olduğunu bildirmişlerdir. En az bir anacı yüksek GUYE'ne sahip olan BRS Chapadoes $\times$ UFUS 7910 ve BR/MG 46 Conquista $\times$ TMG 4182 melez kombinasyonlarının ise açılan generasyonlarda yüksek verimli popülasyonları geliştirmek için kullanılabileceğini vurgulamışlardır.

Teodoro vd. (2019) on bir anaç kullanarak kısmi diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturdukları 28 melez genotipin F₂ generasyonunda fotosentez, stomatal iletkenlik, içsel CO₂ konsantrasyonu ve transpirasyon gibi fizyolojik özellikler için GUYE ve ÖUYE'ni saptamışlardır. İncelenen özelliklerin eklemeli gen etkileri ile yönetildiğini tespit etmişlerdir. Fotosentez etkinliğini artırmak için yapılacak ıslah çalışmalarında TMG 7062 IPRO genotipinin anaç olarak kullanılabileceğini önermişlerdir. Ele alınan özelliklerin eklemeli gen etkileri ile yönetilmesinden dolayı, bu özellikleri iyileştirmek için yapılacak seleksiyon ile daha yüksek genetik kazanç elde edilebileceğini vurgulamışlardır.

Abou Sen (2020a) dört soya melez genotipi ile yürüttüğü çalışmada ölçümleme testi aracılığıyla verim ve verim bileşenlerinin kalıtımını incelemiştir. Melez I ve II'de çiçeklenme gün sayısı için, Melez II'de fizyolojik olgunluk gün sayısı ile bitki boyu için ve melez genotiplerin hepsinde tek bitki verimi için üstün dominantlık belirlemiştir. Melez III ve IV'te ise verim ile ilişkili özelliklerin çoğu için kısmi dominantlık saptamıştır. Melez I'de çiçeklenme gün sayısı için önemli düzeyde negatif heterosis tespit ederken, diğer özellikler için ise önemli düzeyde pozitif heterosis değerleri bulmuştur. Melez IV'te baklada tohum sayısı ile yüz tohum ağırlığı ve Melez I ile Melez II'de ise çiçeklenme gün sayısı dışında bütün melezlerde geri kalan özelliklerin tamamı için eklemeli gen etkisinin önemli düzeyde pozitif ve negatif etkisinin bulunduğunu aktarmıştır. Melez genotiplerin tamamında incelenen özelliklerin çoğunun kontrolünde eklemeli $\times$ eklemeli gen etki tipini önemli olarak saptamıştır. Ayrıca, özelliklerin çoğu için eklemeli $\times$ dominant ve dominant $\times$ dominant gen etki tiplerini de önemli olarak tespit etmiştir. Melez I'de baklada tohum sayısı (0,94) ve bitki boyu (0,93) için dar anlamda kalıtım derecesini yüksek olarak belirlemiştir. En düşük dar anlamda kalıtım derecelerini, Melez II'de baklada tohum sayısı (0,29), Melez I'de dal sayısı (0,40) ve Melez IV'te ise tek bitki verimi (0,23) için tahmin etmiştir.

Abou Sen (2020b) altı anaç kullanarak yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturdukları 15 melez genotipinde verim ve verim bileşenlerinin kalıtımını incelemiştir. İncelenen özellikler için genotipler arasındaki farklılıkları ve GUYE ile ÖUYE'ni önemli olarak saptamıştır. İncelenen özelliklerin tamamı için yüksek düzeyde geniş anlamda kalıtım dereceleri tahmin etmiştir. Çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, dal sayısı

ve bitkide tohum sayısı için yüksek düzeyde dar anlamda kalıtım dereceleri belirlemiştir. Bitki boyu, bakla sayısı, baklada tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı ve tek bitki verimi için ise orta düzeyde dar anlamda kalıtım dereceleri tespit etmiştir. İncelenen bütün özelliklerde GUYE varyansını ÖUYE varyansından daha yüksek olarak saptamıştır. Ele alınan özellikler için eklemeli gen etkisi varyansını önemli olarak tespit etmiştir. Ayrıca, dominant gen etkisi varyanslarını (H_1 ve H_2) değerlendirilen özelliklerin tamamı için önemli olarak saptamıştır. Ancak, eklemeli ve dominant gen etkileri varyanslarını karşılaştırdığında, eklemeli gen etkisi varyansının dominant gen etkisi varyansından daha büyük ve önemli olduğunu belirlemiştir. Bu sonuçlara dayanarak, incelenen özelliklerin tamamının kontrolünde ekleme gen etkilerinin daha üstün olduğunu bildirmiş ve bu özellikleri iyileştirme yönünde yapılacak seleksiyonların başarılı olabileceğini vurgulamıştır.

Bagateli vd. (2020) olgunluk grubu, çiçek rengi, yüz tohum ağırlığı, yatma ve büyüme durumu yönünden iki gruba ayırdıkları 8 farklı soya genotipi ile yarım diallel eşleşme deseni uyarınca melezlemeler yaparak GUYE ve ÖUYE'ni tahmin etmişlerdir. Baklada tohum sayısı, bitkide tohum sayısı ve bitki boyunun eklemeli genler tarafından yönetildiğini aktarmışlardır. Bakla sayısı, bitkide tohum sayısı ve yüz tohum ağırlığı için dominant gen etkilerinin ÖUYE'nin üstünlüğü ile ifade edilebileceğini bildirmişlerdir. G3 ve G5 anaçlarının verime en çok katkı yapan bakla sayısı, bitkide tohum sayısı ve yüz tohum ağırlığı gibi özellikler yönünden GUYE'nin yüksek olduğunu aktarmışlardır. G3 × G5 ve G3 × G4 melez kombinasyonlarının verim ile ilgili özellikleri geliştirme yönünden yüksek heterosis ve ÖUYE gösterdiklerinden dolayı daha ümitvar olduklarını bildirmişlerdir.

Dasriani ve Kuswantoro (2020) F_2 generasyonunda yürüttükleri çalışmada UM 3.2 × Argomulyo ve UM 6.1 × Burangrang melez kombinasyonlarına ait soya hatlarında bazı özelliklerin kalıtımını incelemişlerdir. UM 3.2 × Argomulyo melezine ait genotiplerde yaprak uzunluğu, yaprak genişliği, bakla kalınlığı ve hilum uzunluğunun tamamlayıcı epistatik etkiler ile birlikte eklemeli gen etkileri ile yönetildiğini, buna karşın petiyol uzunluğu, bakla uzunluğu, bakla genişliği, tohum uzunluğu, tohum genişliği ve tohum kalınlığının ise çift epistatik etkiler ile birlikte eklemeli gen etkileri ile yönetildiğini saptamışlardır. UM 6.1 × Burangrang melezine ait genotiplerde ise yaprak genişliği, bakla kalınlığı, tohum genişliği, tohum kalınlığı ve hilum uzunluğunun tamamlayıcı epistatik etkiler ile birlikte eklemeli gen etkileri ile yönetildiğini, bunun aksine yaprak uzunluğu, petiyol uzunluğu, bakla uzunluğu, bakla genişliği ve tohum uzunluğunun ise çift epistatik etkiler ile eklemeli genler ile yönetildiğini tespit etmişlerdir. Petiyol uzunluğu, bakla uzunluğu, bakla genişliği, bakla

kalınlığı, tohum uzunluğu, tohum genişliği ve hilum uzunluğu gibi özelliklerin çok genle kontrol edildiğini aktarmışlardır.

Pawale vd. (2020) 3×2 line tester eşleşme desenine göre oluşturdukları 6 melez genotipinde verim ve verim bileşenleri için gen etki biçimlerini ölçümleme testi yoluyla tahmin etmişlerdir. P. Sangam $\times$ NRC 101 ve P. Sangam $\times$ NRC 102 melez kombinasyonlarında tek bitki verimi ve yüz tohum ağırlığının kontrolünde dominant gen etkilerinin üstün olduğunu tahmin etmişlerdir. Çift epistasi gösteren P. Kimya $\times$ NRC 101 ve P. Kimya $\times$ NRC 102 melez genotiplerinde ise tek bitki veriminin hem eklemeli hem de dominant gen etkileri ile yönetildiğini tespit etmişlerdir. Bu özelliklerin geliştirilmesi için iki ebeveynli eşleşme deseninin uygun olduğunu aktarmışlardır. P. Agrani $\times$ NRC 101 melez genotipinde çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu ve tek bitki verimi için, P. Kimya $\times$ NRC 101 melez kombinasyonunda ise bitki boyu, yüz tohum ağırlığı ve bakla sayısı için tamamlayıcı epistatik etki gözlemlenmiştir. Bundan dolayı, bu özelliklerin iyileştirilmesi için yapılacak seleksiyonun F_3 generasyonundan itibaren yapılabileceğini önermişlerdir.

Tesfaye vd. (2020) düşük fosfor toleransı için 9 anaç ile yarım diallel eşleşme deseni uyarınca yürüttükleri çalışmada F_2/F_3 generasyonunda uyum yeteneği etkilerini belirlemişlerdir. Araştırmayı düşük fosfor ve pH'ye sahip topraklara sahip olan Etiyopya'nın Mettu ve Assossa Bölgeleri'nde yürütmüşlerdir. GUYE'ni verim, bakla uzunluğu, fizyolojik olgunlaşma gün sayısı ve bitki boyu için; ÖUYE'ni ise verim, yüz tohum ağırlığı, bakla uzunluğu ve bitki boyu için önemli olarak tespit etmişlerdir. Hardee-1 adlı anaç verim, baklada tohum sayısı, bakla uzunluğu, bitki boyu ve bakla sayısı için en iyi kombine edici genotip olarak tanımlamışlardır. Eklemeli gen etkisinin incelenen özelliklerin çoğu için önemli olduğunu ve eklemeli genler ile yönetilen özelliklerin etkili birer seleksiyon ölçütü olarak açılan ileri generasyonlarda kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Chiipanthenga vd. (2021) 6 anaç ile North Carolina II eşleşme deseni uyarınca yürüttükleri melezleme çalışması sonucunda elde ettikleri 22 melez genotipin F_2 generasyonunda hem normal hem de su kısıntısı koşullarında uyum yeteneği etkilerini ve kalıtım derecelerini tahmin etmişlerdir. Verim ve verim bileşenleri için genotip ve su konularının etkilerini önemli olarak tespit etmişlerdir. İncelenen özelliklerin tamamı için su kısıntısı koşullarında melez genotiplerin çoğunun anaçlardan daha yüksek değerler verdiğini bildirmişlerdir. Ele alınan özelliklerin hepsi için su kısıntısı koşullarında GUYE ve ÖUYE'ni önemli bulmuşlar ve bu sonuçların su kısıntısı koşullarında özelliklerin ifadesinde hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin rol oynadığının bir göstergesi olduğunu

vurgulamışlardır. Su konuları ile hem GUYE hem de ÖUYE'nin interaksiyonunu önemli olarak belirlemişler ve bunun su kısıntısı koşullarına uygun genotipi belirlememek için su kısıntısı koşullarının genişletilerek melez genotipleri test etmenin gerekliliğini gösterdiğini aktarmışlardır. Bakla sayısı için normal koşullarda geniş anlamda kalıtım derecesini 0,83; dar anlamda kalıtım derecesini 0,57 olarak; su kısıntı koşullarında geniş anlamda kalıtım derecesini 0,93; dar anlamda kalıtım derecesini ise 0,47 olarak tahmin etmişlerdir. Yüz tohum ağırlığı için normal koşullarda geniş anlamda kalıtım derecesini 0,60; dar anlamda kalıtım derecesini 0,51; su kısıntısı koşullarında geniş anlamda kalıtım derecesini 0,78; dar anlamda kalıtım derecesini ise 0,27 olarak saptamışlardır. Verim için normal koşullar altında geniş anlamda kalıtım derecesini 0,78; dar anlamda kalıtım derecesini 0,71; su kısıntısı koşullarında geniş anlamda kalıtım derecesini 0,93; dar anlamda kalıtım derecesini ise 0,82 olarak tespit etmişlerdir. Su kısıntısı koşulları altında pozitif GUYE'ne sahip anaçlar ve ÖUYE'ne sahip melez genotipleri belirlemişlerdir.

Ige vd. (2021) 5×3 line tester eşleşme deseni uyarınca yapılan melezlemeler sonucunda 15 adet melez kombinasyonun F_2 generasyonunda verim ve verim bileşenlerinin kalıtımını incelemişlerdir. Testerler ve hatların çiçeklenme gün sayısı dışında ilk bakla bağlama gün sayısı, bitki boyu, bakla sayısı ve verim için önemli farklılıklar gösterdiğini aktarmışlardır. İncelenen özelliklerin çoğunun eklemeli gen etkisi ile yönetildiğini tespit etmişlerdir. GUYE'nin önemliliği ve büyüklüğü göz önüne alındığında TG×1988-5F hattının erkencilik için iyi bir kombine edici olduğu ve aynı zamanda TG×1989-19F hattının ise bakla sayısı ve verim için en iyi kombine edici olduğunu saptamışlardır. Öte yandan, verim için en iyi testırn PI230970 olduğunu saptamışlardır. (TG×1835-10E) × PI459025B ve (TG×1987-62F) × PI459025B melez genotiplerinin tek bitki verimi için önemli ve en yüksek ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. İyi ÖUYE'ne sahip melez kombinasyonlarını etkili şekilde kullanabilmek için bu genotipleri kendi arasında melezlemenin iyi bir yöntem olduğunu önermişlerdir. Çünkü gen havuzunu genişleten çok anaçlı kombinasyonların rekombinasyonu hızlandırabileceğini ve genetik bariyerleri kırabileceğini bildirmişlerdir.

Yamgar vd. (2021) 1×4 line tester eşleşme deseni uyarınca oluşturdukları melez kombinasyonların F_1 , F_2 ve F_3 generasyonlarında verim ve verim bileşenleri için heterosis, heterobeltiosis ve ÖUYE'ni tahmin etmişlerdir. İncelenen özelliklerin tamamı için önemli derecede farklılıklar tespit etmişlerdir. Çiçeklenme gün sayısı için heterosisi %7,23 (F_3) ile %-3,14 (F_1) arasında, heterobeltiosis %2,44 (F_3) ile %-14,63 (F_1) arasında ve ÖUYE'ni ise -0,22 (F_1) ile 0,19 (F_3) arasında bulmuşlardır. Fizyolojik olgunluk gün sayısı için heterosisi

%0,74 (F₁) ile %8,74 (F₃) arasında, heterobeltiosis % -6,83 (F₁) ile %6,14 (F₃) arasında ve ÖÜYE'ni ise -0,63 (F₃) ile 1,36 (F₃) arasında saptamışlardır. Bitki boyu için heterosis %8,65 (F₃) ile %25,08 (F₁) arasında, heterobeltiosis % -2,11 (F₃) ile %21,21 (F₁) arasında ve ÖÜYE'ni ise -0,66 (F₁) ile 0,62 (F₃) arasında belirlemişlerdir. Dal sayısı için heterosis %3,10 (F₃) ile %32,20 (F₁) arasında, heterobeltiosis % -19,86 (F₃) ile %6,85 (F₁) arasında ve ÖÜYE'ni ise -0,18 (F₁) ile 0,21 (F₁) arasında elde etmişlerdir. Bakla sayısı için heterosis %10,74 (F₃) ile %31,42 (F₁) arasında, heterobeltiosis %21,18 (F₃) ile %64,85 (F₁) arasında ve ÖÜYE'ni ise -4,46 (F₁) ile 0,81 (F₃) arasında bulmuşlardır. Yüz tohum ağırlığı için heterosis % -4,65 (F₃) ile %34,83 (F₁) arasında, heterobeltiosis % -7,70 (F₃) ile %21,69 (F₁) arasında ve ÖÜYE'ni ise -0,52 (F₂) ile 0,74 (F₁) arasında tahmin etmişlerdir. Tek bitki verimi için heterosis % -2,95 (F₁) ile %37,09 (F₂) arasında, heterobeltiosis %8,93 (F₁) ile %59,48 (F₁) arasında ve ÖÜYE'ni ise -2,04 (F₁) ile 1,25 (F₂) arasında hesaplamışlardır. İncelenen özellikler için heterosisin ve heterobeltiosisın maksimum etkisini arzu edilen doğrultuda hem açılmanın olmadığı hem de açılan generasyonlarda gözlemlenmiştir. Heterosis etkisinin F₁ generasyonunda maksimumken, heterobeltiosis etkisinin ise F₂ generasyonunda F₃'e göre daha büyük olduğunu belirtmişlerdir. Heterosisin ve heterobeltiosisın etkisinin generasyonlar ilerledikçe ve homozigotlaşma arttıkça azaldığını vurgulamışlardır.

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Deneme Materyalinin Özellikleri

Çalışmada materyal olarak *Glycine max* L. Merrill türüne ait, olgunluk grupları ve adaptasyon yetenekleri bakımından birbirinden farklı olan Arısoy, Pınar, Samsoy, Ataem-7 ve Blaze soya çeşitleri ile birlikte bunların olası yarım diallel F₁ popülasyonları kullanılmıştır. Ayrıca, ana ürün koşullarında yaygın olarak yetiştirilen Lider ise kontrol çeşit olarak değerlendirmeye alınmıştır. Anaçların ve kontrol çeşidin seçiminde Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkez Müdürlüğü (TTSM)'nün son 5 yıllık çeşit tescil raporları kullanılmıştır. Buna göre Arısoy, Ataem-7, Lider ve Blaze çeşitleri hem ana ürün hem de II. ürün tarımı; Samsoy ana ürün ve Pınar II. ürün tarımı için uygundur. Arısoy, Pınar, Samsoy ve Lider çeşidi için olgunluk grubu 3,0 - 3,8 buna karşın Ataem-7 ve Blaze için ise 4,0-4,3 arasındadır. Kullanılan çeşitlerde protein içeriği %36,20 (Samsoy) ve %39,50 (Pınar); yağ içeriği %19,70 (Samsoy) ve %21,40 (Lider) arasındadır. Ayrıca yapılan stabilite analizi sonuçları Arısoy, Samsoy ve Lider çeşitlerinin “tüm çevrelere iyi uyum” taşıdığını göstermektedir.

3.1.2. Deneme Yerinin Özellikleri

3.1.2.1. Toprak Özellikleri

Araştırmanın yürütüldüğü deneme arazisine ait toprağın bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri Çizelge 3.1’de sunulmuştur.

Çizelge 3.1. Deneme Arazisinin Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri (Mert, 2014).

Derinlik (cm)	pH	Bünye Sınıfı	Hacim Ağırlık (g/cm ³)	Tarla Kapasitesi (%)	Solma Noktası (%)	Kullanılabilir Su Tutma Kapasitesi (%)	Tuz (%)	Kireç (%)
0 – 25	8,39	Killi – Tın	1,39	22,18	9,65	12,53	0,010	6,89
25 – 38	8,45	Tınlı	1,59	17,26	9,19	8,07	0,008	8,41
Derinlik (cm)	Organik Karbon (%)	Toplam Azot (%)	Katyon Değişim Kapasitesi (me/100 g)	P ₂ O ₅ (kg/da)	K ₂ O (kg/da)	Fe (mg/kg)	Zn (mg/kg)	B (mg/kg)
0 – 25	0,64	0,08	11,78	6,09	43,45	4,58	2,21	1,04
25 – 38	0,80	0,06	12,50	2,96	30,81	4,08	1,59	1,04

Çizelge 3.1 incelendiğinde, çalışmanın yürütüldüğü Kademe Serisi olarak adlandırılan arazinin 0 – 25 cm’de killi tın ve 25 – 38 cm derinlikte tınlı toprak yapısına sahip olduğu görülmektedir. Deneme alanı toprağının her iki derinlikte de kireçli ve tuzsuz özellikte olduğu saptanmıştır. Bu alanın pH içeriği 8,39 – 8,45 arasında değişim göstermektedir. Toplam organik karbon ve azot içeriği derinliğin artışıyla birlikte azalış eğilimindedir. Kullanılabilir su tutma kapasitesi %8,07 – 12,53 arasında değişmektedir. Katyon değişim kapasitesi 11,78 – 12,50 me 100 g⁻¹ arasında olmakla birlikte, değişebilir katyonların büyük bir çoğunluğunu Ca⁺² meydana getirmektedir. Yüzeyde yarıyıllı fosfor, potasyum ve çinko yeterli, demir fazla ve bor orta seviyede bulunmaktadır (Mert, 2014).

3.1.2.2. İklim Özellikleri

Aydın iline ait uzun yıllar ve denemenin yürütüldüğü 2020 yılına ilişkin bazı iklim değerleri Çizelge 3.2’de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Denemenin Yürütüldüğü Aylara İlişkin ve Uzun Yıllık (1985 – 2019) Ortalamalarına Ait Bazı İklim Verileri.

	En Düşük Sıcaklık	Uzun Yıllık En Düşük Sıcaklık	En Yüksek Sıcaklık	Uzun Yıllık En Yüksek Sıcaklık	Ortalama Sıcaklık	Uzun Yıllık Ortalama Sıcaklık	Toplam Yağış	Uzun Yıllık Toplam Yağış
	2020 (°C)	(°C)	2020 (°C)	(°C)	2020 (°C)	(°C)	2020 (mm)	(mm)
Mayıs	10,2	9,5	42,6	35,3	22,0	21,1	33,9	41,2
Haziran	12,6	14,2	39,4	39,8	25,3	26,0	20,2	14,7
Temmuz	19,1	17,8	41,8	41,3	29,8	28,6	0,0	6,1
Ağustos	20,4	17,9	42,8	40,5	29,1	28,1	0,7	6,4
Eylül	16,9	12,9	40,7	37,5	27,0	24,0	0,0	16,9

Kaynak: T.C. Çevre, Şehircilik ve İklim Değişikliği Bakanlığı – Meteoroloji Genel Müdürlüğü.

Akdeniz iklim tipinin hâkim olduğu Aydın’da genel olarak yazları sıcak ve kurak, buna karşın kışları ılık ve yağışlıdır. Çizelge 3.2 incelendiğinde, denemenin yürütüldüğü aylara ilişkin en düşük, en yüksek ve ortalama sıcaklık değerlerinin uzun yıllık ortalamalardan daha yüksek olduğu görülmektedir. Ayrıca, çalışmanın yürütüldüğü dönem boyunca gerçekleşen toplam yağış miktarının, uzun yıllık yağış ortalamalarından daha düşük olduğu izlenebilmektedir. Sonuç olarak, Aydın’ın ortalama sıcaklığının arttığı, buna karşın yağış miktarının ise azaldığı söylenebilir.

3.2. Yöntem

3.2.1. Melezleme Yöntemi ve F₁ Melez Tohumlarının Elde Edilmesi

Çalışmada yer alan anaçların yarım diallel (resiproksuz) eşleşme deseni uyarınca melezlenmeleri 2019 yılında Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü’nde Poehlman (1959)’a göre gerçekleştirilmiştir. Melez bahçesine ilişkin görüntü Resim 3.1’de sunulmuştur.



Resim 3.1. Çalışmada Anaç Olarak Kullanılan Çeşitlerin Ekili Olduğu Melez Bahçesi

3.2.2. Deneme Deseni, Ekim ve Bakım İşlemleri

Araştırma, “Tesadüf Blokları Deneme Desenine” göre 3 tekerrürlü olarak düzenlenmiştir. Genotipler bir sıradan oluşan 5 m uzunluktaki parsellere 70 cm sıra arası ve 5 cm sıra üzeri olacak şekilde 12 Mayıs 2020 tarihinde elle ekilmiştir. Ekim öncesi saf olarak 3,6 kg da⁻¹ N ve 9,2 kg da⁻¹ P olacak şekilde 20 kg da⁻¹ DAP uygulanmıştır. Tohumlar ekim işleminden önce Toprak Gübre ve Su Kaynakları Merkez Araştırma Enstitüsü’nden sağlanan “*Bradyrhizobium japonicum*” bakterileri ile aşılanmıştır. Melez tohumların çıkışını kolaylaştırmak için mısır ile birlikte ekim yapılmış ve çıkıştan sonra mısır fideleri uzaklaştırılmıştır. Erken fide döneminde yapılan kontrol sonucunda bitkilerin nodül bağlamadığı görülmüş ve azot açığını kapatmak amacıyla 20 kg da⁻¹ amonyum sülfat uygulanmıştır. 1 kez traktörle ara sürümü yapılmıştır. Yetiştiricilik sezonu boyunca yabancı ot mücadelesi elle yapılmıştır. Özellikle yaprak biti (*Aphis gossypii*) ve kırmızı örümcek (*Tetranychus urticae*) olmak üzere zararlı böcekler için 4 kez insektisit uygulaması yapılmıştır. Sulama işlemi damla sulama sistemi ile sürdürülmüştür. Deneme çiçeklenme öncesi, bakla bağlama dönemi, tane oluşturma dönemi ve tane doldurma dönemi olmak üzere 4 kez sulanmıştır. Tek bitki hasatları genotiplerin fizyolojik olgunluğa erişimlerine bağlı olarak 12.09.2020 – 19.09.2020 aralığında yapılmıştır.

3.2.3. Yüksek Sıcaklık Uygulaması

Genetik materyalin yüksek sıcaklık koşullarında değerlendirilmesi amaçlanmıştır. Bu nedenle Resim 3.2’de görüldüğü gibi soya fasulyesinin yüksek sıcaklık stresine en hassas olduğu R1 - R2 (çiçeklenme dönemi) ve R5 (tane dolum başlangıcı) dönemlerinde taşınabilir suni sera (Resim 3.3) ile ortam sıcaklığı minimum 32 °C’de tutularak stres koşulları oluşturulmuştur. Bitkiler %50 çiçeklenme (R1) dönemine geldiğinde ilk sıcaklık stresi uygulama işlemi için seranın üzeri ışık alımını engellemeyecek kalınlıkta (100 µm) polietilen örtü kullanılmıştır (Şekil 3.3). Bu amaçla iki ucu CO₂ girişine engel olmayacak şekilde açık bırakılarak (non-hermetic) kapatma yapılmıştır (Molino, 2011; Ergo vd., 2018). Stres uygulamasının yaratıldığı her gün, sera saat 11.00 ile 14.00 arasında kapatılmış, 14.00 – 15.00 saatleri arasında gün ışığının yoğun gelmesinden dolayı iç ortam sıcaklığının 50 °C’yi aşmaması için sera yan tarafları yaklaşık 1 m yüksekliğinde açılmış ve 15.00 – 17.00 saatleri arasında sera tekrar tamamen kapatılmıştır (Şekil 3.1; Şekil 3.2). Saat 17.00’de seranın yan tarafları yaklaşık 2 m yüksekliğinde açılarak stres yaratma işlemi sonlandırılmıştır. Hem dış

ortama hem de iç ortama bitki kanopi hizasında yerleştirilen 3 adet KlimaLogg Pro cihazı ve onlara veri gönderen 4 adet kablosuz transmitter ile sıcaklık seviyeleri sürekli olarak kaydedilmiştir. Ayrıca, 14.00 – 15.00 saatleri arasında aşırı sıcaklık kontrolü için (+50 °C üzeri) seranın yan taraflarının yaklaşık 1 m yüksekliğinde açılmasının dışında, gün içinde seranın tam kapalı olduğu koşullarda iç ortam sıcaklığı ile dış ortam sıcaklık farkı 5 °C'den fazla olduğunda seranın yan tarafları hafifçe açılıp-kapatılarak istenilen sıcaklık farkı sürekli dengelenmiştir. Saat 14:00 - 15:00 arasında ve uygulama süresince çok yüksek sıcaklığın dengelenmesi işlemi, bizim uygulamamıza benzer şekilde yüksek tünelin belirli bölgelerine yerleştirilen manuel havalandırma kapakları ile Schittenhelm vd. (2020) tarafından da uygulanmıştır. Bu işlemler R1 – R2 (02.07.2020 – 06.07.2020) ve R5 (07.08.2020 – 11.08.2020) dönemlerinde 5'er gün 5'er saat olmak üzere toplamda 50 saat stres uygulaması şeklinde devam etmiştir. Bu işlemlerin yanı sıra her gün hem sera içerisinde hem de dış ortamda saat 14.00'de CO₂ (ppm) ve ışık yoğunluğu (PPFD; $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) kaydedilmiştir.



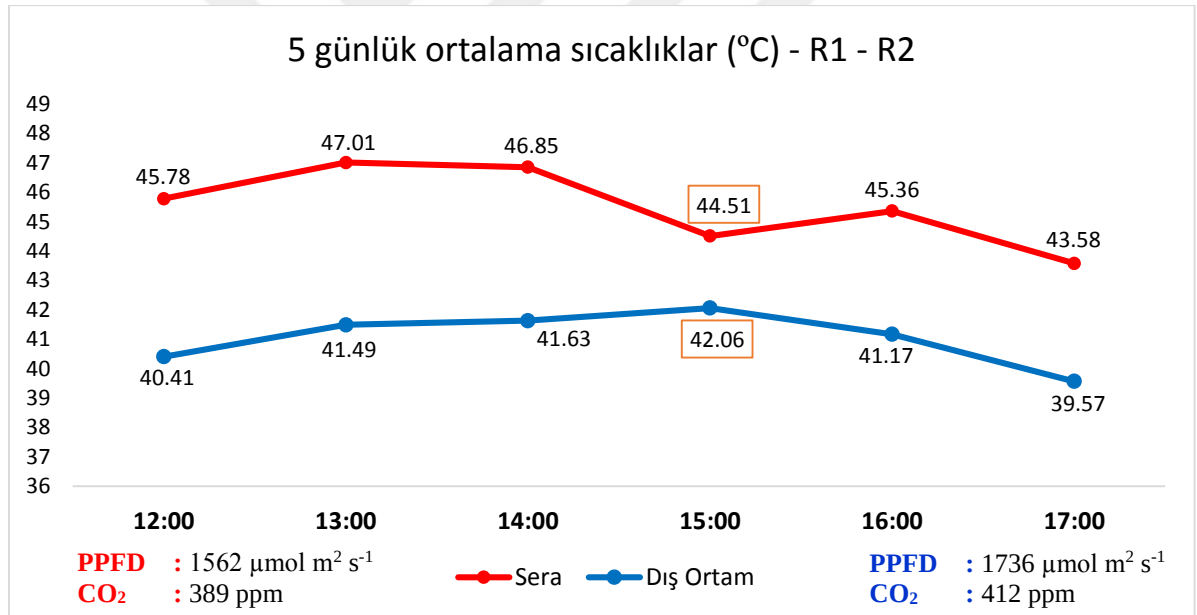
Resim 3.2. Soyada Yüksek Sıcaklığa Hassas Olan Fenolojik Dönemler



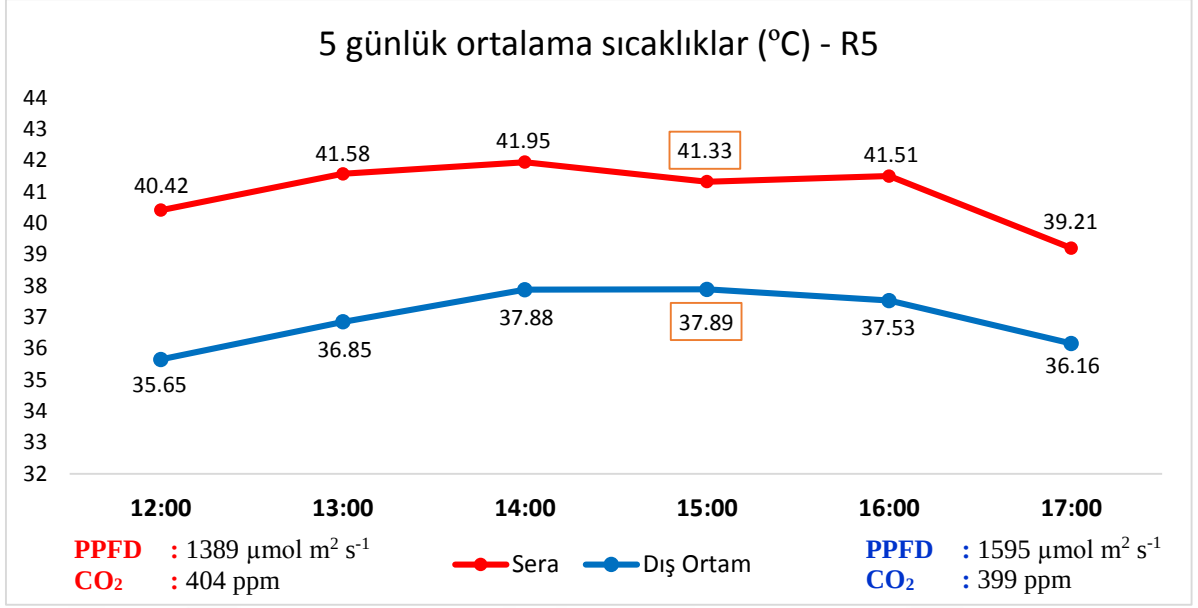
Resim 3.3. Yüksek Sıcaklık Uygulaması İçin Kullanılan Plastik Örtünün Görünümü

Yüksek sıcaklık uygulamasının ortamdan +5 °C fazla olacak şekilde düzenlenmesinin sebebi:

Birleşmiş Milletler Hükümetler Arası İklim Değişikliği Panelinin (IPCC) 2014 yılında yayımlanan 5. Değerlendirme Raporuna göre 2081 – 2100 yılları arasında en kötü küresel sera gazları salınımı senaryosu gereği küresel yüzey sıcaklıklarının 2 °C'yi aşacağı tahmin edilmiştir. Ayrıca, anılan raporda 1986 – 2005 periyoduna göre ise muhtemelen 2,6 ile 4,8 °C arasında artacağı öngörülmüştür (IPCC, 2014). Araştırmada uygulanan +5 °C bu rapordaki tahminler doğrultusunda belirlenmiştir. Ayrıca, yine aynı kuruluş tarafından Ağustos 2021 yılında yayımlanan 6. Değerlendirme Raporuna (AR6) göre ise 1850 – 1900 periyoduna kıyasla en kötü salınım senaryosuna göre yüzey sıcaklıklarının 2081 – 2100 yılları arasında muhtemelen 3,3 ile 5,7 °C arasında artacağını tahmin edilmesi (IPCC, 2021) çalışmada yer alan hipotezi doğrular niteliktedir.



Şekil 3.1. R1 - R2 döneminde yüksek sıcaklık uygulaması esnasındaki kaydedilen iklimsel veriler



Şekil 3.2. R5 döneminde yüksek sıcaklık uygulaması esnasındaki kaydedilen iklimsel veriler

3.2.4. İncelenen Özellikler ve Elde Ediliş Yöntemleri

Çalışmada incelenen özelliklere ilişkin veriler, her parselin başındaki ve sonundaki beşer bitki kenar tesiri olarak atıldıktan sonra geriye kalan bitkilerden rastgele seçilen 15 bitki değerlendirilerek elde edilmiştir.

- Çiçeklenme Gün Sayısı (gün)

Çıkıştan itibaren parseldeki bitkilerin %50'sinin çiçeklendiği zaman gün sayısı olarak tespit edilmiştir.

- İlk Bakla Bağlama Gün Sayısı (gün)

Çıkıştan itibaren parseldeki bitkilerin %50'sinin ilk baklayı bağladığı zaman gün sayısı olarak tespit edilmiştir.

- Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı (gün)

Çıkıştan itibaren baklaların ve bitkinin yapraklarının %95'inin kuruduğu zaman gün sayısı olarak belirlenmiştir.

- **Bitki Boyu (cm)**

Hasat olgunluđuna gelen bitkilerde kk bođazı (toprak yzeyi) ile bitkinin en st kısmına kadar olan mesafe llerek cm olarak kaydedilmiřtir.

- **İlk Bakla Yksekliđi (cm)**

Hasat olgunluđuna gelen bitkilerde kk bođazı ile fertil ilk baklanın bađlandığı nokta arasındaki mesafe llp cm olarak saptanmıřtır.

- **Bitkide Bakla Sayısı (adet bitki⁻¹)**

Her parselden rasgele seilen 15 bitkide, baklalar sayıldıktan sonra ortalamaları alınarak belirlenmiřtir.

- **Bitkide Boř Bakla Sayısı (adet bitki⁻¹)**

Her parselden rasgele seilen 15 bitkide, sađlam baklalar sayıldıktan sonra sıcaklık stresinden dolayı tohum bađlamamıř baklalar sayılmıř ve ortalamaları alınmıřtır.

- **Baklada Tohum Sayısı (adet bakla⁻¹)**

Btn genotipler iin her parselden tesadfen alınan 15řer adet her bitkinin rastgele seilen 5 adet baklasının ierisindeki tohumlar sayılarak ortalaması alınıp, baklada tohum sayısı adet olarak kaydedilmiřtir. Bu iřlem her genotip iin  tekrarlamalı olarak tamamlanmıřtır.

- **Tek Bitki Verimi (g bitki⁻¹)**

Tek bitkiden elde edilen tohumların nemleri %8'e sabitlenip hassas terazide tartılarak hesaplanmıřtır.

- **100 Tohum Ağırlığı (g)**

Her bitkiden elde edilen tohumlardan, 4x100 adet tohum sayılıp tartılarak ortalaması alındıktan sonra, elde edilen değer yüz tohum ağırlığı olarak hesaplanmıştır. Bu işlem her genotip için her parselde üç tekrarlamalı olarak tamamlanmıştır.

- **Bitki Kanopi Sıcaklığı (°C)**

Sıcaklık stresi altında bütün genotiplerin parsel ortalarındaki bitki topluluklarının sol, sağ, kuzey ve güney yönlü olarak kanopi sıcaklıkları 45°'lik açı ile 8 noktalı kızılötesi termometre kullanılarak ölçülmüş ve ortalamaları alınarak tespit edilmiştir (Raytek Raynger ST60 infrared non-contact thermometer, Raytek Corporation, Santa Cruz, CA, USA).

- **Yaprak Klorofil İçeriği (SPAD)**

Sıcaklık stresi uygulamasının sonlanmasını takip eden gün, tüm parsellerde her genotipte 5 bitkide SPAD cihazı ile ölçüm yapılarak belirlenmiştir (SPAD 502 Plus Chlorophyll Meter, Konica Minolta Company).

- **Klorofil Işıma Verimliliği (Fv/Fm)**

Sıcaklık stresi uygulamasının sonlanmasını takip eden gün, tüm parsellerde her genotipte 5 bitkide Klorofil Florometre cihazı ile ölçüm yapılarak belirlenmiştir (Pocket PEA, Hansatech).

- **Stomatal İletkenlik ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)**

Sıcaklık stresi uygulamasının sonlanmasını takip eden gün, tüm parsellerde her genotipte 5 bitkide yaprak iletkenlik cihazı ile ölçüm yapılarak belirlenmiştir (Leaf Porometer, Decagon Devices).

- **Tane Protein İerięi (%)**

Öęütölen örneđ kjeldahl tartım kayıkıęı ierisine tartılmıř ve yakma tüpüne aktarılmıřtır. Üzerine 25 mL deriřik sülfürik asit, üç adet katalizör tableti ve 4-5 kaynama tařı konularak yakma ünitesine yerleřtirilmiř ve ısıtma iřlemi bařlatılmıřtır. İřlem bittikten sonra yakma tüpleri ısıtma ünitesi üstünden alınarak oda sıcaklıęında soęumaya bırakılmıř, daha sonra distilasyon iřlemine geilmiřtir. Cihaz, numune üzerine 30 ml su, 80 ml %32 NaOH çözteltisi ilave ederek distilasyon iřlemini gerekleřtirmiřtir. 25 ml borik asitte toplanan amonyak, 0,1 NHCl çözteltisi ile titre edilerek protein miktarı 6,25 azot dönüřüm faktörü kullanılarak kuru madde üzerinden hesaplanmıřtır (Kjeldahl, 1883; Noel, 1976).

- **Tane Yaę İerięi (%)**

Öęütölen örneđ 1 mg hassasiyetle tartılmıř, bir ekstraksiyon kartuřuna aktarılmıř ve yaęsız bir hidrofil pamuk ile kapatılmıřtır. Kartuř bir ekstraktöre yerleřtirilmiř ve 6 saat boyunca petrol eteri ile ekstrakte edilmiřtir. Petrol eteri ekstraktı; sabit tartıma getirilmiř bir balona toplanmıřtır. Çözücü evapore edilmiřtir. Kalıntıları; balonu bir buuk saat boyunca etüvde tutarak kurutulmuřtur. Bir desikatörün iinde soęumaya bırakılmıř ve tartılmıřtır. Elde edilen tartım sonularından yaę miktarı kuru madde üzerinden hesaplanmıřtır (Soxhlet, 1879).

- **Yaę Asidi İerikleri [Oleik Asit, Linoleik Asit, Linolenik Asit, Stearik Asit, Palmitik Asit] (%)**

Yaę asitleri gaz kromatografi cihazı yardımıyla belirlenmiřtir (James and Martin, 1952). Homojen hale getirilen numunenin tamamının üzerini kaplayacak řekilde petrol eteri eklenmiřtir (ISO 12966-2, 2011). Karıřtırıcıda veya aralıklı sürelerde karıřtırarak bekletilmiřtir. Süzge kaęıdından bir balona süzüldükten sonra solventin tamamı uçurularak elde edilen yaę ile analiz gerekleřtirilmiřtir. Yaę asitleri kompozisyonu analizi iin; kapaklı deney tüpünün ierisine 0,1 g yaę numunesi tartılmıřtır. 2 ml heptan ilave edilmiř ve alkalanmıřtır. 0,2 ml 2M metanollü potasyum hidroksit çözteltisi eklenmiř, kapaęı sıkıca kapatılıp 30 saniye kuvvetlice alkalanmıřtır. Üst faz berraklařana kadar bekletilmiřtir. Metil esterleri ieren üst fazı ayrılmıř ve gaz kromatografisine enjeksiyon verilmiřtir. Enjeksiyon sonucunda elde edilen kromatogram raporlandırılmıřtır.

3.2.5. Genetik ve İstatistik Değerlendirme

3.2.5.1. Ön Varyans Analizi

İncelenen özellikler bakımından genotipler arasında yeterli genetik farklılık F testi kullanılarak değerlendirilmiştir. Tesadüf blokları deneme desenine göre ön varyans analizinde genotipler arasındaki fark istatistiki anlamda önemli çıktıktan sonra her blok için ayrı ayrı yarım diallel tablo yapıp analiz edilmiştir (Aksel ve Johnson, 1963). Her özelliğe ilişkin genotip ortalamaları en küçük önemli fark testi (EKÖF) ile %5 önem seviyesinde karşılaştırılmıştır (Steel ve Torrie, 1980). Tesadüf blokları deneme desenine göre uygulanan varyans analizi, R programlama dili kullanılarak R Studio (sürüm 4.1.2) ara yüzünde tarımsal araştırmaların istatistiki analizi için Mendiburu ve Mendiburu (2019) tarafından geliştirilmiş olan Agricolae R paketi (sürüm 1.3-5) ile yapılmıştır.

3.2.5.2. Yarım Diallel Varyans Analizi

Yarım diallel tabloların varyans analizleri, Jones (1965) ve Aksel vd. (1982) tarafından önerilen yarım diallel varyans analiz yöntemi uyarınca Ukai (1998) tarafından geliştirilmiş DIAL adlı istatistik paket programı aracılığıyla yapılmıştır. Analizler, her tekerrür için parsel ortalama değerleri kullanılarak sürdürülmüştür. Yarım diallel tabloların varyans analiz yöntemine göre; varyasyon kaynaklarının serbestlik dereceleri ve kareler toplamlarına ait eşitlikler Çizelge 3.3’te verilmiştir. Farklı melez analizlerini daha basit ifade ile karşılaştırmak amacıyla, bu noktadan sonra tez içerisinde yarım diallel tabloların varyans analizi “Jones Tipi Melez Analizi” olarak anılacaktır.

Çizelge 3.3. Yarım Diallel Tabloların Varyans Analizindeki Eşitlikler.

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

Çizelge 3.3'te kullanılan kısaltmaların ve eşitliklerin ifade ettiği değerler aşağıda açıklanmıştır.

a : Eklemeli gen etkisi varyansının tahminleyicisi olup, genel uyum yeteneği etkisini de (GUYE) açıklar,

b : Dominant gen etkisi varyansının tahminleyicisi olup; b_1 , b_2 ve b_3 olarak 3 alt bileşene ayrılır,

b_1 : Ortalama dominantlık varyansını gösterir. Melezlerin kendi ebeveynlerinin ortalama değerlerinden olan ortalama sapmalarının önemli olup olmadıklarını belirler ve genlerin teksele dominant etkileri bir yönlü olduğu zaman önemli olur. Jinks-Hayman tipi diallel melez analizindeki h^2 bileşenine eşdeğerdir,

b_2 : Gen dağılımındaki asimetriyi gösterir (Bir ebeveynde dominant allellerin toplanmasını belirler),

b_3 : Dominant allellerin ebeveynler arasında dağılmış olduğunu gösterir (b_1 ve b_2 tarafından yorumlanamayan dominantı açıklar) ve özel uyum yeteneği etkisini de (ÖUYE) açıklar.

Y_r : r'inci dizi toplamını gösterir

Y_{rr} : r'inci anaç değerini gösterir

U_r : $Y_r + Y_{rr}$

n : Anaç sayısı

$Y_{..}$: Yarım diallel tablo toplamı

$Y_{.}$: Anaç değerleri toplamı

T_r : $2Y_r - nY_{rr}$

GKT : Genel Kareler Toplamı

3.2.5.3. Diallel Melez Analizi İle Genetik Varyans Bileşenlerinin Tahmin Edilmesi

Bitki ıslahında diallel analizler; (1) popülasyonun genetik yapısını araştırmak ve uygun anaç ile üzerinde çalışılmaya değer nitelikte F_1 popülasyonu seçmek ve (2) genel uyum yeteneği etkisi yüksek anaçlar ile özel uyum yeteneği etkisi yüksek olan hatları belirlemek

amacıyla kullanılmaktadır. Genetik yapıyı araştıran yöntem JİNKs-HAYMAN tipi, uyum yeteneği etkilerini araştıran yöntem ise GRİFFİNG tipi diallel melez analizi adı verilmektedir.

n sayıdaki anaç arasında yapılacak melezlemelerin tümüne diallel melezleme adı verilmiştir.

n = Melezlemeye alınacak anaç sayısı olarak kabul edilirse,

$n(n - 1) / 2$ = Yalnızca F_1 'ler

$n(n + 1) / 2$ = Anaçlar ve F_1 'ler

$n(n - 1)$ = Resiproklu F_1 'ler

$n \times n$ = Anaçlar ve resiproklu F_1 'ler

Hayman (1954b) bir diallel melezin biyometrik genetik analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilebileceğini bildirmiştir. Farklı araştırmacılar tarafından tartışılan genetik analizler, ikinci derece istatistiklerden genetik parametrelerin tahmin edilmesi temeline göre yapılmaktadır (Hull, 1945; Jinks ve Hayman, 1953; Hayman, 1954b; 1958; 1960; Jinks, 1954; 1956). Bu çalışmadaki Jinks-Hayman ve Griffing tipi diallel melez analizlerine ait sonuçlar, Özcan (1999) tarafından geliştirilen TARPOGEN istatistik paket programı kullanılarak elde edilmiştir.

Diallel melez analizi aracılığıyla tahmin edilen parametrelere güvenilirlik, Hayman (1954b) tarafından öne sürülen 6 varsayımın geçerliliğine bağlı olarak test edilmektedir. Aşağıda belirtilen bu varsayımlar;

1. Anaçlar homozigottur,
2. Diploid açılma vardır,
3. Anaçlarda, genler birbirinden bağımsız olarak dağılmıştır,
4. Çoklu (multiple) allelizm durumu yoktur,
5. Resiprokal farklılık bulunmamaktadır,

6. Epistatik gen etkisi yoktur (allel olmayan genlerin davranışları birbirinden bağımsızdır = genler arasında interaksiyon yoktur).

Çoklu allelizmin yokluğu, genlerin anaçlar arasında birbirinden bağımsız olarak dağıldıkları ve epistatik gen etkisinin yokluğu varsayımının geçerli olup olmadığının testi; (1)

her dizi için bulunmuş W_r değerinin o diziye ait V_r değeri üzerine olan regresyon katsayısının (bW_r/V_r) 1 değerine eşit olup olmamasına göre ve (2) diallel tabloların her birinde her dizi için bulunan W_r-V_r değerlerinin, tesadüf blokları deneme desenine göre yapılan varyans analizinde dizi varyansının F değerinin önemliliği dikkate alınarak incelenmiştir.

Her blok ve bloklar ortalaması için ayrı ayrı hesaplanan regresyon katsayısının 1'den önemli sapma göstermesi veya W_r-V_r değerinin istatistiki olarak tek düze olmaması durumunda ise; varsayımların geçerliliği sağlanıncaya kadar en büyük W_r-V_r değerine sahip diziler önce birer birer, gerektiğinde ikişer ikişer değerlendirme dışı tutulmalıdır (Hayman, 1954b). Hayman (1954a) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi, genetik parametrelerin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılabilirliğini önermiş ve bu öneri daha sonra başka araştırmacılar tarafından da dikkate alınmıştır (Verhalen ve Murray 1967; Bakar ve Verhalen, 1973).

Hayman (1954b) tarafından önerilen varsayımların geçerlilikleri tespit edildikten sonra genetik parametrelerin tahmin edilebilmesi amacıyla diallel melez analizleri, incelenen tüm özellikler için yarım diallel tabloların her birinde ayrı ayrı yapılmıştır. Bu analizler sonunda ise aşağıdaki istatistikler hesaplanmıştır.

V_r : Dizi varyansı

W_r : Dizi kovaryansı

$VOLO$: Anaçların varyansı

$VILI$: Dizi varyanslarının ortalaması

$WOLOI$: Anaçlar ile dizilerdeki döller arasında ortalama kovaryans

$VOLI$: Dizi ortalamalarının varyansı

$(MLI-MLO)^2$: Anaç ortalamaları ile bunların $n(n-1)/2$ sayısındaki döllerinin ortalamaları arasındaki fark

E : Çevre koşullarının varyansı

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

D : Eklemeli gen etkileri varyansı

: $VOLO - E$

H₁ : Genlerin dominant etkilerinin varyansı

$$VOLO - 4WOLOI + 4VILI - (5n - 4 / n) E$$

H₂ : Gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı

$$4VILI - VOLI - 4 (n^2 - n - 1) E / n^2 = H_1 (1 - (u - v)^2)$$

u- anaçta olumlu genlerin payı; v-anaçta olumsuz genlerin payı

F : Dominant ve resesif allellerin dağılış yönü

$$2 (VOLO - WOLOI + VILI - W_r - V_r) - 2 (n - 2) E / n$$

h² : Heterozigot lokusun dominantlık etkisi

$$4 (MLI - MLO)^2 - 4 (n - 1) E / n^2$$

Genetik varyans bileşenlerinin önemlilik kontrolleri “t” testi yapılarak incelenmiştir. Standart hataları ise hata varyansı (S²) ve kovaryans katsayısı (C_k) aracılığı ile saptanmıştır (Hayman, 1954a; Yıldırım, 1974).

$$\text{Standart Hata} = \sqrt{[(S^2) (C_k)]}$$

Formülde kullanılan hata varyansı, yarım diallel tablodan elde edilen varyansların beklenen değeri ile deneysel olarak bulunan değerler arasındaki farkın karesinin serbestlik derecesine bölünmesi ile elde edilmiştir (Gençer, 1978; Kılınç, 1993; Şener, 1997). Varsayımların beklenen değerleri aşağıdaki formüllere göre hesaplanmıştır.

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

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

$$VOLO : D + E$$

$$VOLI : 1 / 4D - 1 / 4F_1 / 4H_1 + E / 2n$$

Standart hatanın hesaplanmasında kullanılan kovaryans katsayıları ise her genetik bileşen için aşağıda verilen kovaryans matrisinden hesaplanmıştır (Hayman, 1954a, b; Şener, 1997; Yıldırım, 1974).

$$C_D : (n^5 + n^4) / n^5$$

$$C_F : (4n^5 + 20n^4 - 16n^3 + 16n^2) / n^5$$

$$C_{H1} : (n^5 + 41n^4 - 12n^3 + 4n^2) / n^5$$

$$C_{H2} : (36n^4 / n^5)$$

$$C_{h2} : (16n^4 + 16n^2 - 32n + 16) / n^5$$

$$C_E : (n^4 / n^5)$$

$$C_{D-H1} : 9 (9n^2 - 2n + 1) / n^3$$

Saptanan genetik bileşenlerden yararlanılarak popülasyonun genetik yapısını tanımlamada kullanılan farklı oranlar hesaplanmıştır (Hayman, 1954a, b; Jinks, 1956; Singh ve Chaudhary, 1976 ve 1985).

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

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

Formülünden elde edilen değer, “n – 2” serbestlik derecesindeki ‘t’ cetvel değeriyle kıyaslanarak önemlilik kontrolü yapılmıştır.

Popülasyonun genetik yapısı hakkında daha fazla bilgi edinmek için bazı genetik parametrelerin oransal ilişkileri de ayrıca incelenmiştir (Hayman, 1954a, b; Jinks, 1956; Mather ve Jinks 1971; Singh ve Chaudhary, 1976 ve 1985).

$$\sqrt{(H_1/D)} : \text{Ortalama dominantlık derecesi. Bu oran 1'e eşit olduğunda tam dominantlık, 1'den küçük olduğunda eksik dominantlık,}$$

1'den büyük olduğunda ise üstün dominantlık etkisinin varlığı kabul edilmektedir.

H₂/4H₁ (u x v) : Dominant ve resesif allellerin oranı. u x v = 0.25 olduğunda dominant ve resesif allellerin eşit frekansta oldukları kabul edilir ve bu değere yakın oranların bulunması seleksiyonda başarılı olunabileceğini gösterir.

KD/KR : Anaçlardaki dominant genlerinin sayısının resesif gen sayısına oranıdır. Eğer, bu değer 1'e eşit ise anaçların dominant ve resesif gen sayıları eşit, küçük ise resesif allellerin gen frekansları üstün ve büyük ise dominant allellerin gen frekansları üstün kabul edilir.

K (=h²/H²) : Etkili gen sayısı veya dominantlığı gösteren gen grupları sayısıdır. Anacın incelenen özelliğini etkileyen gen sayısını verir.

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

D-H₁ : 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 (Crumpacker ve Allard, 1962)

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

H_d : Dar anlamda kalıtım derecesi (Mather ve Jinks, 1971)

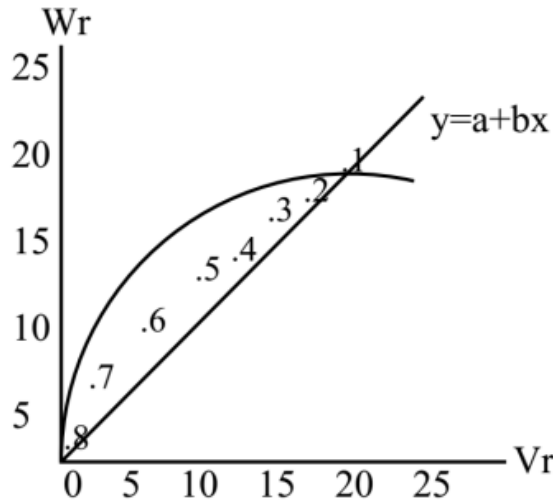
$$(0.5D+0.5H_1-0.5H_2-0.5F)/(0.5D+0.5H_1-0.25H_2-0.5F+E)$$

r (yr, (W_r-V_r)) : Anaçların gözlenen gerçek değerleri ile W_r-V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki ilişki (r), dominantlığın yönü hakkında bilgi verir. Korelasyon katsayısının +1 yönünde pozitif olarak saptanması, düşük değerli anaçlarda özelliği azaltıcı

dominant genlerin varlığını; -1 yönünde negatif olarak tespit edilmesi ise yüksek değerli anaçlarda özelliği artıcı dominant genlerin bulunduğunu göstermektedir.

3.2.5.4. W_r - V_r Grafiğinin Yorumlanması

Dizi varyans ve kovaryansları arasındaki ilişkiden yararlanılarak çizilecek grafik üzerinde değerlendirmeler yapılarak anaçlar için genetik bilgilerin tahmin edilebileceği bildirilmiştir (Hayman, 1954b; Aksel ve Johnson, 1963; Mather ve Jinks, 1971). Bu grafikten gen hareketi ve dominantlık durumları hakkında tamamlayıcı bilgiler alınabilir. Bu grafik 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 (Şekil 3.3.). Grafiğin çiziminde W_r değerinin V_r değeri üzerindeki regresyon katsayısı (b), grafiğin üzerindeki eğimi belirlemek için kullanılır. a değeri, W_r , V_r değerleri ve ve sınırlayıcı parabol kullanılarak aşağıdaki grafik çizilebilir (Yıldırım ve Budak, 1995).



Şekil 3.3. Örnek W_r - V_r grafiği (Yıldırım ve Budak, 1995)

Şekil 3.4'te belirtildiği gibi, regresyon hattının 'y' eksenini kestiği noktaların yeri ve durumu, popülasyondaki dominantlık hakkında aşağıdaki yorumların yapılabilmesini sağlar (Yıldırım ve Budak, 1995).

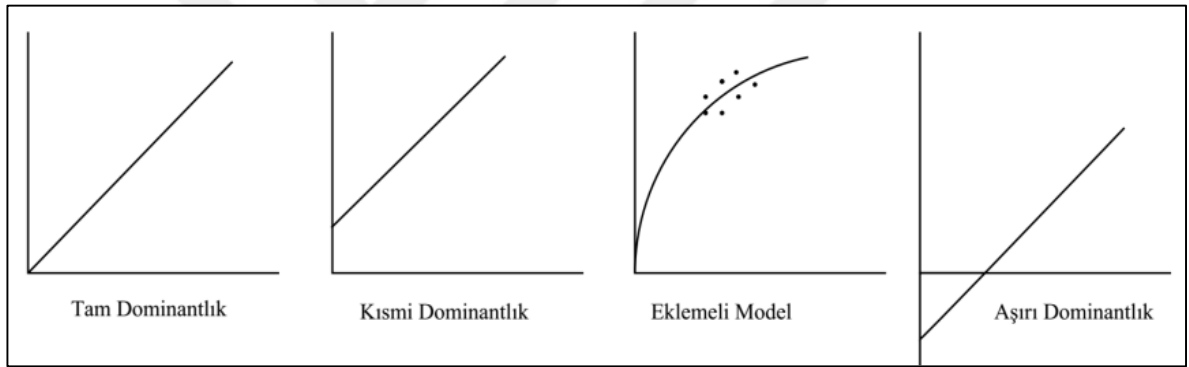
- Regresyon hattı doğru bir hattır ve $b=1$ 'dir. Bu varsayımların geçerli olduğu bilgisini verir. Eğer sapma gösteren ebeveynler olursa ve $b=1$ değildir çıkarsa en fazla sapma gösteren ebeveyn analiz dışı bırakılır ve D Analiz tekrar yapılır.

- Regresyon hattı tam orjin noktasından geçmektedir. Bu tam dominantlık modelinin doğru olduğunu gösterir.

- Regresyon hattı 'y' eksenini orjin noktasından yukarıda keserse, bu kesim noktası ' $a=1/4 (D-H_1)$ ' olmakta ve bu kısmi dominantlık olduğunu gösterir.

- Regresyon hattı parabole yaklaşırsa ve anaç V_r ve W_r değerleri parabol üzerinde toplanmış ise tam eklemeli modelin geçerli olduğu varsayılır.

- Regresyon hattı 'y' eksenini negatif tarafta keserse, ' $h>1$ ' üstün dominantlık olduğu şeklinde kabul edilir.



Şekil 3.4. W_r - V_r Grafik Çeşitleri (Yıldırım ve Budak, 1995)

Grafik üzerinde bulunan dizi varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) noktalarına bakıldığında, anaçlara ait $W_r - V_r$ noktalarının sınırlayıcı parabol eğrisinin regresyon hattının kesim noktalarına göre parabolün başlangıç noktasından uzaklıkları anaçların dominant ve resesif genleri taşıyıp taşımadıkları hakkında yorum yapabilmeyi sağlar. Parabolün başlangıç noktasına yakın olan anaçların döllerine daha fazla dominant gen aktardığı ve parabolden uzak anaçların ise döllerine daha fazla resesif gen aktardığı değerlendirme yapılır. Ayrıca, anaç değeri C ve $(W_r + V_r)$ toplam Y arasındaki korelasyon katsayısı (r) bu konuda ek bilgi verir. Eğer $r(W_r + V_r)y = +$ ise bu küçük değer taşıyan anaçların dominant genlere sahip olduğunu; $r(W_r + V_r)y = -$ ise bu büyük değer taşıyan anaçların dominant genlere sahip olduğunu gösterir (Şekil 3.3.). Anaçlara ait $W_r - V_r$ noktalarının regresyon hattının üzerinde

bulundukları beklendiği halde, bu noktaların regresyon hattından uzakta yer almaları epistatik etkinin var olması olarak değerlendirilebilir.

Wr-Vr grafiğinin çizimi, Jinks ve Hayman (1953)'ın önerdiği şekilde, Özcan (1999) tarafından geliştirilen TARPOGEN istatistik paket programı kullanılarak yapılmıştır.

3.2.5.5. Uyum Yeteneği Etkilerinin Hesaplanması

Bir genotipin bir melezleme dizisindeki performansının üstünlüğü, “genel uyum yeteneği etkisi” ve belirli iki genotip arasındaki melezin üstün olması da, “özel uyum yeteneği etkisi” olarak tanımlanmaktadır. Genel uyum yeteneği etkisi yüksek olan özellikler; eklemeli genlerin, özel uyum yeteneği etkisi yüksek olan özellikler ise eklemeli olmayan genlerin etkisi ve ya başka bir ifadeyle dominant ve ya epistatik genlerin etkisi altında kalıtılmaktadır (Falconer, 1980).

Uyum yeteneği etkisi değerlerinin hesaplanmasında Griffing yöntemine göre analiz yapabilmek için anaçlar ve melez kombinasyonlar arasında genotipik varyasyonun bulunup bulunmadığının kontrol edilmesi gerekmektedir. Bu yüzden ele alınan özellikler açısından istatistiki olarak farklılığın bulunması gerekmektedir (Yıldırım vd., 1979). Genotipler arasında farklılığın olup olmadığını test etmek için analizin ilk aşamasında anaçlar ve F₁ döllerine ait verilerin tesadüf blokları deneme desenine göre ön varyans analizi ile önem kontrolleri yapılmıştır. Ön varyans analizi sonucunda istatistiki olarak önemli bulunan özellikler için, blok ortalamaları kullanılıp, her özellikler için tek bir yarım diallel tablo hazırlanmıştır.

Anaçlar için genel uyum yeteneği etkisi ile melezlerin özel uyum yeteneği etkisinin analizleri Griffing (1956)'ın geliştirdiği Yöntem 2 ve Model I'e göre (Anaçlar ve resiproksuz F₁'ler = n(n-1)/2 sayıda melez) 5 anaç ve 10 melez kombinasyondan oluşan 15 popülasyon üzerinden yapılmıştır. Uyum yeteneği etkileri aşağıdaki genel eşitlik yardımıyla hesaplanmıştır.

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

Eşitlikte:

X_{ij} : i'inci ve j'inci anaçlar arasındaki F₁ melezlerinin değerini,

U : Popülasyon ortalamasını,

- $g_i + g_j$: i'inci ve j'inci anaçların genel uyum yeteneği etkilerini,
- S_{ij} : i'inci ve j'inci anaçlar arasındaki melezlerin özel uyum yeteneği etkilerini,
- i, j : 1.....p (anaç sayısı)
- k : 1.....b (blok sayısı)
- I : 1.....c (parseldeki gözlem sayısı)
- e_{ijkl} : Çevre koşulları etkisini tanımlamaktadır.

Bu yönetime ilişkin varyans analizi ve beklenen kareler ortalaması Çizelge 3.4'te verilmiştir.

Çizelge 3.4. Genel ve Özel Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analizindeki Eşitlikler.

Varyans Kaynağı	SD	KT	KO	Beklenen KO
Genel Uyum Yeteneği Etkisi	p-1	Sg	Mg	$S^2 + (p+2)(1/p-1)\Sigma g_i^2$
Özel Uyum Yeteneği Etkisi	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 uyum yeteneği etkileri kareler toplamı, Griffing (1956) tarafından verilmiş olan eşitlikler kullanılarak saptanmıştır.

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

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

Genel ve özel uyum yeteneği etkileri kareler ortalamaları hata kareler ortalamasına bölünerek bulunan F değeri, tablo F değeri ile karşılaştırılarak istatistiki önem kontrolü yapılmıştır. Genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin saptanmasında ise aşağıdaki eşitlikler kullanılmıştır.

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

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

Anaçlara ve mezlere ait standart hatalar ise aşağıdaki eşitlikler yardımıyla hesaplanmıştır (Singh ve Chaudhary, 1985).

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

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

Genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait istatistiki önemliliklerin belirlenmesinde ise 't' testi kullanılmıştır.

Genel ve özel uyum yeteneği etkileri Özcan (1999) tarafından geliştirilen TARPOGEN istatistik paket programı kullanılarak yapılmıştır.

3.2.5.6. Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerlerinin Hesaplanması

Farklı özellikteki anaçlar arasında yapılan melezlerin, çeşitli morfolojik, fizyolojik, tarımsal ve kalite özellikleri bakımından anaç ortalamalarına göre üstünlüğü heterosis olarak tanımlanmaktadır (Budak ve Yıldırım, 1996; Falconer ve Mackay, 1996; Chiang ve Smith, 1967; Yıldırım, 1974). Heterosis değeri aşağıdaki eşitlik yardımıyla hesaplanmıştır.

$$Ht (\%) = \frac{F_1 - AO}{AO} \times 100$$

$$AO = \frac{A_1 + A_2}{2}$$

$$\text{Heterosis değerinin önem kontrolü: } t_{ht} = \frac{F_1 - AO}{\sqrt{\frac{3 \times HKO}{2 \times r}}}$$

Bu eşitliklerde;

Ht = Heterosis

AO = Anaç ortalaması

A₁ ve A₂ = F₁'i oluşturan anaçları ifade etmektedir.

r = Tekerrür sayısı

HKO = Ön varyans analizinde elde edilen hata kareler ortalaması

Çalışmada incelenen her bir özellik için, F₁ generasyonunda elde edilen değerlerin kombinasyonu meydana getiren anaçların üstün olanına göre oransal (%) artışı heterobeltiosis olarak tanımlanmaktadır. Heterobeltiosis değeri aşağıdaki eşitlik yardımıyla hesaplanmıştır (Hallauer ve Miranda, 1981).

$$Hb (\%) = \frac{F_1 - \bar{A}}{\bar{A}} \times 100$$

$$\text{Heterobeltiosis değerinin önem kontrolü: } t_{hb} = \frac{F_1 - \bar{A}}{\sqrt{\frac{2 \times HKO}{r}}}$$

Bu eşitliklerde;

Hb = Heterobeltiosis

ÜA = Üstün anaçları ifade etmektedir.

r = Tekerrür sayısı

HKO = Ön varyans analizinden elde edilen hata kareler ortalaması

Heterosis ve heterobeltiosis değerlerinin önemlilikleri Batool vd. (2013) tarafından önerilen yöntem uyarınca yapılmıştır.

Heterosis ve heterobeltiosis değerlerinin yanında Davis (1979) tarafından tanımlanan “kontrol çeşide üstünlük (useful heterosis)” değerleri de her bir melez için ayrı ayrı saptanmıştır. Kontrol çeşide üstünlük değerlerinin istatistiki önemlilik testinde de ön varyans analizinde elde edilen hata kareler ortalaması kullanılmıştır.

$$\text{KÇÜ (\%)} = \frac{F_1 - \text{KÇO}}{\text{KÇO}} \times 100$$

$$\text{Kontrol çeşide üstünlük değerinin önem kontrolü: } t_{k\ddot{u}} = \frac{F_1 - \text{KÇO}}{\sqrt{\frac{2 \times \text{HKO}}{r}}}$$

Bu eşitlikte;

KÇÜ = Kontrol çeşide üstünlük

KÇO = Kontrol çeşit ortalaması

r = Tekerrür sayısı

HKO = Ön varyans analizinden elde edilen hata kareler ortalaması

Heterosis, heterobeltiosis ve kontrol çeşide üstünlük değerleri ile istatistiki önemlilik testleri Microsoft Excel bilgisayar programında oluşturulan eşitlikler yardımıyla hesaplanmıştır.

3.2.6. Isı Haritasının (Heatmap) Oluşturulması

Genotiplere ait fenotipik değerler, heterosis, heterobeltiosis, kontrol çeşide üstünlük, genel uyum yeteneği ve özel uyum yeteneği etkilerine ilişkin ısı haritası; R programlama dili (sürüm 4.1.2) kullanılarak R Studio (sürüm 2021.09.2-382) ara yüzünde, verileri görselleştirmek için Warnes vd. (2016) tarafından geliştirilmiş olan gplots kütüphanesi (sürüm 3.1.3) içerisindeki ‘heatmap.2’ komutu kullanılarak yapılmıştır.

4. BULGULAR

4.1. Çiçeklenme Gün Sayısı

Genotiplere ait çiçeklenme gün sayısına ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1. Genotiplere Ait Çiçeklenme Gün Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	1,38	0,69
Genotip	14	39,24	2,80**
Hata	28	15,29	0,55
Genel	44	59,91	

** = %1 düzeyinde önemli

Çiçeklenme gün sayısı yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılıklar önemli bulunmuştur (Çizelge 4.1.). Bu nedenle çiçeklenme gün sayısı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama çiçeklenme gün sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Çiçeklenme Gün Sayısı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arisoy	(1)	41,67 f	45,33 ab	45,67 a	44,00 c-e	43,67 de
Pınar	(2)	44,00	c-e	43,00 e	44,33 b-d	44,00 c-d
Samsoy	(3)			43,67 de	44,33 b-d	44,67 a-d
Ataem-7	(4)				44,67 a-d	45,00 a-c
Blaze	(5)					44,33 b-d
F₁ Ort.			44,40 ± 0,04			
Anaç Ort.			43,67 ± 0,08			
Genel Ort.			44,16 ± 0,04			
Kontrol Çeşit (Lider)			42,50 ± 0,37			

EKÖF_(0.05) = 1,24

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama çiçeklenme gün sayısı değeri 44,16 gün olarak saptanmıştır (Çizelge 4.2). Anaçlara ait ortalama çiçeklenme gün sayısı

43,67 gün iken, F₁ melezlerinin ortalama çiçeklenme gün sayısı 44,40 gün olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha geççi oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirilğinde, 44,67 gün ile Ataem-7 çeşidinin en geççi olduğu; Arısoy genotipinin ise 41,67 gün ile en erkenci olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında Arısoy x Samsoy melezinin en geççi olduğu (45,67 gün), Pınar x Samsoy melezinin en erkenci olduğu gözlenmiştir (43,00 gün). Ayrıca Arısoy çeşidi dışında tüm anaç ve F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha geççi oldukları belirlenmiştir (42,50 gün).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda çiçeklenme gün sayısına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.3'te verilmiştir.

Çizelge 4.3. F₁ Melez Genotiplerinde Çiçeklenme Gün Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht	5,82**	7,02**	1,92	1,55	4,08
		Hb	8,79**	9,59**	5,59**	4,79**	7,19
		KÇÜ	6,67**	7,45**	3,53*	2,75	5,1
Pınar	(2)	Ht		-1,92	-0,02	-0,38	-0,77
		Hb		-1,53	0,76	0,00	-0,26
		KÇÜ		1,18	4,31**	3,53*	3,01
Samsoy	(3)	Ht			0,37	1,52	0,95
		Hb			1,52	2,28	1,90
		KÇÜ			4,31**	5,10**	4,71
Ataem-7	(4)	Ht				1,12	1,12
		Hb				1,51	1,51
		KÇÜ				5,88**	5,88
Blaze	(5)	Ht					
		Hb					
		KÇÜ					
Genel Ortalama Ht		1,70					
Genel Ortalama Hb		3,33					
Genel Ortalama KÇÜ		4,47					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda çiçeklenme gün sayısı için hesaplanan heterosis değerleri %1,92 (Pınar x Samsoy) ile %7,02 (Arısoy x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %1,70 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %4,08 ile Pınar çeşidinin ana olarak

kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %-0,77 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.3).

Çiçeklenme gün sayısına ilişkin heterobeltiosis değerleri %-1,53 (Pınar x Samsoy) ile %9,59 (Arısoy x Pınar) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %3,33 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %-0,26 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %7,19 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir.

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %7,45 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %1,18 ile Pınar x Samsoy melezinde tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %4,47 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %5,88 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %0,01 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde bulunmuştur.

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda çiçeklenme gün sayısına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.4'te verilmiştir.

Çizelge 4.4. Çiçeklenme Gün Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	6,38	1,60*
b	10	30,19	3,02**
b ₁	1	4,01	4,01*
b ₂	4	13,35	3,34**
b ₃	5	12,83	2,57**
Hata	28	14,89	0,53

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.4).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda çiçeklenme gün sayısına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.5'te verilmiştir.

Çizelge 4.5. Çiçeklenme Gün Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,185 ± 1,125
D	1,548 ± 2,756
F	2,444 ± 6,884
H_1	5,759 ± 7,442
H_2	4,619 ± 6,750
D- H_1	-4,210 ± 6,602
h^2	1,258 ± 4,557
$(H_1/D)^{1/2}$	1,929
$H_2/4H_1$	0,201
KD/KR	2,386
$h^2/H_2=K$	0,272
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,396
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,276
$r(Yr, Wr + Vr)$	-0,902*
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 1,484$
	$F_{(Wr-Vr)} = 3,240$

* = %5 düzeyinde önemli

Çiçeklenme gün sayısı özelliği ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve $Wr-Vr$ varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.5).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,185; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 1,548; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 2,444; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 5,759; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 4,619; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D- H_1) -4,210 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 1,258 olarak önemli olmadığı görülmüştür. Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,929; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,201; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 2,386; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,272; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,396 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,276 olarak saptanmıştır.

Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,902 olarak pozitif ve istatistiki anlamda önemli olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.5).

Çiçeklenme gün sayısına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.5).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,276 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.4), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.5).

Ancak, çiçeklenme gün sayısı için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.6). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise dominant genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.4). Buna karşın, ÖUYE ve b parametresi varyanslarının GUYE ve a parametresi varyanslarından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli olmayan gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,396) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,276) arasındaki fark, fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir. GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen

etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,929 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.5).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,201 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.5). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı görülmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını desteklemektedir (Çizelge 4.4).

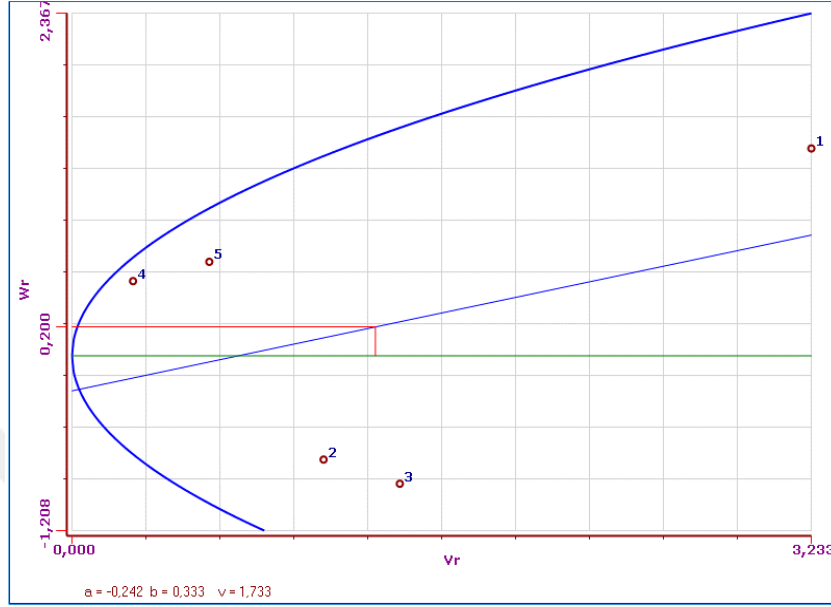
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 2,386 olarak hesaplanması ve bu oran 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.5).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.4).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,272) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.5).

Anaçlarda gözlenen çiçeklenme gün sayısı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,902 olarak önemli bulunmuştur. Bu değer negatif ve -1'e yakın olmasından dolayı, çiçeklenme gün sayısı fazla olan anaçların çiçeklenme gün sayısını arttırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaların ve F₁ melez kombinasyonlarının oluřturduėu poplasyonda ieklenme gn sayısı deėerlerine iliřkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) deėerlerine ait W_r-V_r grafiėi řekil 4.1’de verilmiřtir.



řekil 4.1. ieklenme Gn Sayısı Ynnden Analara İliřkin W_r/V_r Grafiėi

(1: Arisoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

řekil 4.1. incelendiėinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif ynde (a = - 0,242) yani orjinin altından kesmesi bu zellik ynnden poplasyonda stn dominantlıėın sz konusu olduėuna iřaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} deėerinin de 1’den byk olarak saptanması stn dominantlıėın varlıėını doėrulamaktadır. Grafik incelendiėinde Ataem-7 ēřidinin paraboln orjin noktasına ok yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla ok daha fazla olabileceėi (dominant: %100; resesif: % 0), Blaze ve Pınar ēřitlerinin paraboln orjin noktasına yakın olmasından dolayı genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla bulunabileceėi (dominant: %75; resesif: %25), Samsoy ēřidinin regresyon hattının parabol iinde kalan blmnn orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin anacın genotipinde eēite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceėi ve Arisoy ēřidinin ise paraboln orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) tařıdıėı ve dllerine aktardıėı sylenebilir. Ayrıca, anaların tamamının regresyon hattına ok uzak konumda yer alması anılan zelliėin kontrolnde epistatik gen etkilerinin varlıėını gstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda çiçeklenme gün sayısı yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.6'da verilmiştir.

Çizelge 4.6. Çiçeklenme Gün Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	2,01	0,50*
ÖUYE	10	11,07	1,11**
Hata	28	5,10	0,18

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.6. incelendiğinde, çiçeklenme gün sayısı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Çiçeklenme gün sayısı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.7'de verilmiştir.

Çizelge 4.7. Çiçeklenme Gün Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,42**	1,64**	1,92**	-0,03	-0,22
Pınar	(2)		-0,04	-1,13**	-0,08	-0,27
Samsoy	(3)			0,01	-0,13	0,35
Ataem-7	(4)				0,30*	0,40
Blaze	(5)					0,15

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,14; S.H. (s_{ij}) = 0,29

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde negatif, buna karşın Ataem-7 genotipinde pozitif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Samsoy ve Arısoy x Pınar melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Pınar x Samsoy (-1,13) kombinasyonunda ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.7).

4.2. Bakla Bağlama Gün Sayısı

Genotiplere ait bakla bağlama gün sayısına ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4.8. Genotiplere Ait Bakla Bağlama Gün Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,13	0,07
Genotip	14	82,13	5,87**
Hata	28	26,53	0,95
Genel	44	108,80	

** = %1 düzeyinde önemli

Bakla bağlama gün sayısı yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılıklar önemli bulunmuştur (Çizelge 4.8.). Bu nedenle, ilk bakla bağlama gün sayısı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda bakla bağlama gün sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.9’da verilmiştir.

Çizelge 4.9. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Bakla Bağlama Gün Sayısı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	68,67 b-d	69,33 bc	70,00 ab	68,00 c-f	68,00 c-f
Pınar	(2)		71,00 a	67,67 d-f	67,00 ef	66,67 f
Samsoy	(3)			67,00 ef	71,00 a	67,67 d-f
Ataem-7	(4)				67,00 ef	68,33 c-e
Blaze	(5)					68,67 b-d
F₁ Ort.			68,37 ± 0,11			
Anaç Ort.			68,47 ± 0,06			
Genel Ort.			68,40 ± 0,05			
Kontrol Çeşit (Lider)			67,67 ± 0,09			

EKÖF_(0,05) = 1,63

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama bakla bağlama gün sayısı değeri 68,40 gün olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.9). Anaçlara ait ortalama bakla bağlama gün sayısı 68,47 gün iken, F₁ melezlerinin ortalama bakla bağlama gün sayısı 68,37 gün olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde bazı F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha erkenci oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirilğinde, 71,00 gün ile Pınar çeşidinin en geçici

olduğu; Samsoy ve Ataem-7 genotiplerinin ise 67,00 gün ile en erkenci olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında Samsoy x Ataem-7 melezinin en geççi olduğu (71,00 gün), Pınar x Blaze melezinin ise en erkenci olduğu gözlenmiştir (66,67 gün). Ayrıca Samsoy ve Ataem-7 çeşitleri dışında tüm anaç ve çoğu F₁ melezinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha geççi oldukları belirlenmiştir (67,67 gün).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda bakla bağlama gün sayısına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.10'da verilmiştir.

Çizelge 4.10. F₁ Melez Genotiplerinde Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-0,73	3,18**	0,24	-0,98	0,43
		Hb		0,97	4,48**	1,49	-0,98	1,49
		KÇÜ		2,46*	3,44**	0,49	0,49	1,72
Pınar	(2)	Ht			-1,93**	-2,90**	-4,54**	-3,12
		Hb			1,00	0,00	-2,92*	-0,64
		KÇÜ			0,00	-0,99	-1,48	-0,82
Samsoy	(3)	Ht				5,97**	-0,26	2,86
		Hb				5,97**	1,00	3,48
		KÇÜ				4,92**	0,00	2,46
Ataem-7	(4)	Ht					0,73	0,73
		Hb					1,99	1,99
		KÇÜ					0,98	0,98
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-0,12					
Genel Ortalama Hb			1,30					
Genel Ortalama KÇÜ			1,03					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda bakla bağlama gün sayısı için hesaplanan heterosis değerleri %-4,54 (Pınar x Blaze) ile %5,97 (Samsoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-0,12 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %2,86 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %-3,12 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.10).

Bakla bağlama gün sayısına ilişkin heterobeltiosis değerleri %2,92 (Pınar x Blaze) ile %5,97 (Samsoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması

ise %1,30 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %-0,64 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %3,48 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.10).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %4,92 ile Samsoy x Ataem-7 kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-1,48 ile Pınar x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %1,03 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %2,46 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-0,82 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.10).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda bakla bağlama gün sayısına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.11’de verilmiştir.

Çizelge 4.11. Bakla Bağlama Gün Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	8,70	2,18
b	10	73,44	7,34**
b ₁	1	0,10	0,10
b ₂	4	51,83	12,96**
b ₃	5	21,51	4,30**
Hata	28	26,53	0,95

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; dominant gen etkileri varyansı (b), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, eklemeli gen etkisi varyansı (a) ve dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ise önemsiz olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.11).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda bakla bağlama gün sayısına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.12’de verilmiştir.

Çizelge 4.12. Bakla Bağlama Gün Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,296 ± 1,551
D	2,837 ± 3,798
F	6,178 ± 9,488
H ₁	13,616 ± 10,258
H ₂	9,776 ± 9,304
D-H ₁	-10,779 ± 9,100
h ²	-0,164 ± 6,282
(H ₁ /D) ^{1/2}	2,191
H ₂ /4H ₁	0,179
KD/KR	2,976
h ² /H ₂ =K	-0,017
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,457
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,248
r (Y _r , W _r + V _r)	0,640
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 0,908
	F _(W_r-V_r) = 3,546

Bakla bağlama gün sayısı özelliği ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.12)

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,296; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 2,837; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 6,178; dominant gen etkisi varyansı (H₁) 13,616; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H₂) 9,776; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D-H₁) -10,779 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h²) -0,167 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} 2,191; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran (H₂/4H₁) 0,179; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 2,976; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran (h²/H₂ = K) -0,017; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,457 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,248 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,457 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.12).

Bakla bağlama gün sayısına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.12).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,248 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.11), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.12).

Anak, bakla bağlama gün sayısı için genel uyum yeteneği etkisinin önemsiz bulunması ve özel uyum yeteneği etkisinin ise önemli bulunması incelenen popülasyonda eklemeli olmayan gen etkilerinin üstünlüğüne işaret etmektedir. (Çizelge 4.13). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli olmayan genetik varyans bileşenlerinin eklemeli genetik varyans bileşeninden daha etkili olduğu anlaşılmaktadır. Bu sonuçlara ek olarak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemsiz bulunması fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli olmayan gen etkilerinin üstünlüğünü doğrulamaktadır. (Çizelge 4.11). Ayrıca, geniş anlamda kalıtım derecesi (0,457) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,248) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,191 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.12).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,179 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.12). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analiz tablosunda da b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.11).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 2,976 olarak

hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.12).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin negatif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olmadığını göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemsiz olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.11).

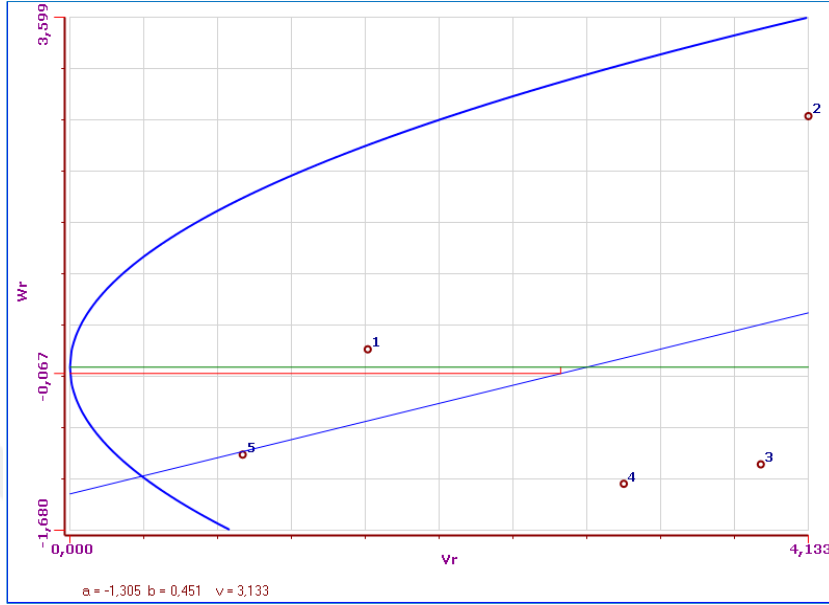
İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (-0,017) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.12).

Anaçlarda gözlenen bakla bağlama gün sayısı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,640 olarak önemsiz bulunmuştur. Bu değer pozitif olmasından dolayı, bakla bağlama gün sayısı az olan anaçların bakla bağlama gün sayısını azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda bakla bağlama gün sayısı değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.2'de verilmiştir.

Şekil 4.2. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -1,305$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin 1'den büyük olarak saptanması da üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır. Grafik incelendiğinde Blaze ve Arısoy çeşitlerinin parabolün orjin noktasına yakın olmasından dolayı genotiplerinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla bulunabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Ataem-7 çeşidinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin anacın genotipinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği, Samsoy ve Pınar çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Blaze çeşidi neredeyse tam olarak regresyon hattının üzerinde yer aldığından dolayı yüksek oranda homizot olarak nitelendirilmiştir. Gen etkileri

yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Pınar, Samsoy ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.2. Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda bakla bağlama gün sayısı yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.13’de verilmiştir.

Çizelge 4.13. Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	2,90	0,73
ÖUYE	10	24,48	2,45**
Hata	28	8,84	0,32

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.13. incelendiğinde, bakla bağlama gün sayısı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansı önemsiz olarak saptanırken, F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları ise önemli bulunmuştur.

Bakla bağlama gün sayısı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.14’de verilmiştir.

Çizelge 4.14. Bakla Bağlama Gün Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,32	0,29	1,29**	-0,43	-0,38
Pınar	(2)		0,32	-1,05**	-1,43**	-1,71**
Samsoy	(3)			-0,01	2,91**	-0,38
Ataem-7	(4)				-0,30	0,57
Blaze	(5)					-0,34

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli
S.H. (g_i) = 0,19; S.H. (s_{ij}) = 0,39
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde anaçların tamamının genel uyum yeteneği etkileri önemsiz bulunmuştur. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Samsoy ve Samsoy x Ataem-7 melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7 ve Pınar x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.14).

4.3. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı

Genotiplere ait fizyolojik olgunluk gün sayısına ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.15’de verilmiştir.

Çizelge 4.15. Genotiplere Ait Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,18	0,09
Genotip	14	187,91	13,42**
Hata	28	11,82	0,42
Genel	44	199,91	

** = %1 düzeyinde önemli

Fizyolojik olgunluk gün sayısı yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.15.). Bu nedenle,

fizyolojik olgunluk gün sayısı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda fizyolojik olgunluk gün sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.16’da verilmiştir.

Çizelge 4.16. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	126,00 e-g	125,33 gh	127,00 de	126,67 ef	123,67 ı
Pınar	(2)		126,67 ef	124,67 hı	126,67 ef	125,67 f-h
Samsoy	(3)			131,33 a	130,00 b	128,67 c
Ataem-7	(4)				128,00 cd	130,00 b
Blaze	(5)					127,00 de
F₁ Ort.			126,83 ± 0,10			
Anaç Ort.			127,80 ± 0,14			
Genel Ort.			127,16 ± 0,08			
Kontrol Çeşit (Lider)			123,67 ± 0,17			

EKÖF_(0,05) = 1,09

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama fizyolojik olgunluk gün sayısı değeri 127,16 gün olarak saptanmıştır (Çizelge 4.16). Anaçlara ait ortalama fizyolojik olgunluk gün sayısı 127,80 gün iken, F₁ melezlerinin ortalama fizyolojik olgunluk gün sayısı 126,83 gün olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde bazı F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha geçici oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; 131,33 gün ile Samsoy çeşidinin en geçici olduğu; Arısoy genotipinin ise 126,00 gün ile en erkenci olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında Samsoy x Ataem-7 ve Ataem7 x Blaze melezlerinin en geçici olduğu (130,00 gün), buna karşın Pınar x Samsoy melezinin ise en erkenci olduğu gözlenmiştir (124,67 gün). Ayrıca, tüm anaç ve F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider’e göre daha geçici oldukları belirlenmiştir (123,67 gün).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda fizyolojik olgunluk gün sayısına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.17’de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda fizyolojik olgunluk gün sayısı için hesaplanan heterosis değerleri %-3,36 (Pınar x Samsoy) ile %1,96 (Ataem-7 x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-0,76 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %1,96 ile Ataem-7

çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %-1,61 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.17).

Fizyolojik olgunluk gün sayısına ilişkin heterobeltiosis değerleri %-1,85 (Arısoy x Blaze) ile %2,36 (Ataem-7 x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %0,18 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %-0,79 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %2,36 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.17).

Çizelge 4.17. F₁ Melezlerinde Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-0,80**	-1,30**	-0,26	-2,24**	-1,15
		Hb		-0,53	0,79	0,53	-1,85**	-0,26
		KÇÜ		1,33**	2,62**	2,37**	0,00	1,58
Pınar	(2)	Ht			-3,36**	-0,53	-0,93**	-1,61
		Hb			-1,58	0,00	-0,79	-0,79
		KÇÜ			0,80*	2,37**	1,59**	1,59
Samsoy	(3)	Ht				0,25	-0,39	-0,07
		Hb				1,56**	1,31**	1,44
		KÇÜ				4,87**	3,88**	4,38
Ataem-7	(4)	Ht					1,96**	1,96
		Hb					2,36**	2,36
		KÇÜ					4,87**	4,87
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-0,76					
Genel Ortalama Hb			0,18					
Genel Ortalama KÇÜ			2,47					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %4,87 ile Ataem-7 x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %0,00 ile Arısoy x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %2,47 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %4,87 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %1,58 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.17).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda fizyolojik olgunluk gün sayısına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.18’de verilmiştir.

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b_1), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.18).

Çizelge 4.18. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	111,77	27,94**
b	10	74,70	7,47**
b_1	1	10,68	10,68**
b_2	4	29,21	7,30**
b_3	5	34,81	6,96**
Hata	28	11,82	0,42

** = %1 düzeyinde önemli

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda fizyolojik olgunluk gün sayısına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.19'da verilmiştir.

Fizyolojik olgunluk gün sayısı özelliği ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.19)

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,133; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 4,633; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,784; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 11,620; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 13,725; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -6,987 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 2,307 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,584; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,295; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,113; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,168; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,867 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,290 olarak saptanmıştır.

Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,721 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.19).

Çizelge 4.19. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,133 ± 1,062
D	4,633 ± 2,603
F	0,787 ± 6,501
H ₁	11,620 ± 7,028
H ₂	13,725 ± 6,375
D-H ₁	-6,987 ± 6,235
h ²	2,307 ± 4,304
(H ₁ /D) ^{1/2}	1,584
H ₂ /4H ₁	0,295
KD/KR	1,113
h ² /H ₂ =K	0,168
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,867
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,290
r (Y _r , W _r + V _r)	0,721
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 1,820
	F _(W_r-V_r) = 2,724

Fizyolojik olgunluk gün sayısına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.19).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,290 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b₃ parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.18), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H₁ bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D-H₁ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.18).

Ancak, fizyolojik olgunluk gün sayısı için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.20). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın

tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşeni ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.18). Buna karşın, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUYE ve ÖUYE etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,867) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,290) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir. GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,584 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.19).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,295 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.19). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.18).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,113 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.19).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 bileşeninin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.18).

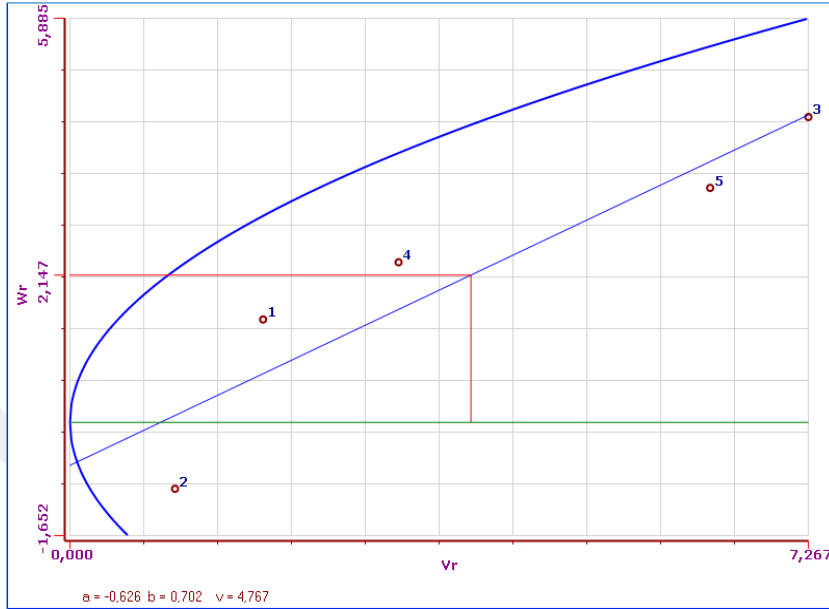
İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,168) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.19).

Anaçlarda gözlenen fizyolojik olgunluk gün sayısı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,721 olarak önemsiz bulunmuştur. Bu değer pozitif ve 1'e yakın olmasından dolayı, fizyolojik olgunluk gün sayısı az olan anaçların fizyolojik olgunluk gün sayısını azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda fizyolojik olgunluk gün sayısı değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.3'de verilmiştir.

Şekil 4.3. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,626$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır. Grafik incelendiğinde Pınar çeşidinin parabolün orjin noktasına çok yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla çok daha fazla olabileceği (dominant: %100; resesif: %0), Arısoy çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olmasından dolayı genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla bulunabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Ataem-7 çeşidinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin anacın genotipinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği, Samsoy ve Blaze çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Samsoy çeşidinin neredeyse tam olarak regresyon hattının üzerinde yer almasından dolayı çok yüksek

oranda homizot olduğu, Blaze çeşidinin ise Samsoy çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Pınar ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.3. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin Wr/Vr Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda fizyolojik olgunluk gün sayısı yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.20’de verilmiştir.

Çizelge 4.20. incelendiğinde, fizyolojik olgunluk gün sayısı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.20. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	37,76	9,44**
ÖUYE	10	24,88	2,49**
Hata	28	3,94	0,14

** = %1 düzeyinde önemli

Fizyolojik olgunluk gün sayısı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.21’de verilmiştir.

Çizelge 4.21. Fizyolojik Olgunluk Gün Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-1,18**	0,40	-0,41	-0,22	-2,18**
Pınar	(2)		-1,04**	-2,89**	-0,37	-0,32
Samsoy	(3)			1,44**	0,49	0,21
Ataem-7	(4)				0,91**	2,06**
Blaze	(5)					-0,13

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli
S.H. (g_i) = 0,13; S.H. (s_{ij}) = 0,26
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy ve Pınar genotiplerinde negatif, buna karşın Samsoy ve Ataem-7 genotiplerinde ise pozitif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Mezlelere ait ÖUYE incelendiğinde; Ataem-7 x Blaze melez kombinasyonunda önemli ve pozitif; Arısoy x Blaze ve Pınar x Samsoy kombinasyonlarından ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.21).

4.4. Bitki Boyu (cm)

Genotiplere ait bitki boyuna ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.22’de verilmiştir.

Bitki boyu yönünden anaç ve F_1 melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.22.). Bu nedenle çiçeklenme gün sayısı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Çizelge 4.22. Genotiplere Ait Bitki Boyu İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	107,02	53,51
Genotip	14	3975,38	283,96**
Hata	28	1105,30	39,48
Genel	44	5187,71	

** = %1 düzeyinde önemli

Analar ve F₁ melezlerinin oluřturduėu poplasyonda ortalama bitki boyu ve nemlilik grupları izelge 4.23’de verilmiřtir.

izelge 4.23. Ana ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Bitki Boyu Deėerleri.

Analar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	104,84 a-d	101,07 b-e	110,89 ab	111,13 ab	114,74 a
Pınar	(2)		92,60 ef	108,38 a-c	107,39 a-c	99,35 c-f
Samsoy	(3)			98,01 c-f	90,84 ef	89,60 fg
Ataem-7	(4)				92,57 ef	95,92 d-f
Blaze	(5)					80,17 g
F₁ Ort.			102,63 ± 0,42			
Ana Ort.			93,64 ± 0,60			
Genel Ort.			99,83 ± 0,37			
Kontrol eřit (Lider)			89,63 ± 0,44			
EKF _(0.05) = 10,51						

Analar ve F₁’lerin oluřturduėu poplasyonda ortalama bitki boyu deėeri 109,83 cm olarak saptanmıřtır (izelge 4.23). Analara ait ortalama bitki boyu 93,64 cm iken, F₁ melezlerinin ortalama bitki boyu 102,63 cm olarak bulunmuřtur. Anılan izelge incelendiėinde oėu F₁ melezinin analarına gre daha uzun boylu oldukları sylenebilir. Analar deėerlendirildiėinde, 104,84 cm ile Arısoy eřitinin en uzun boylu olduėu; Blaze eřitinin ise 80,17 cm ile en kısa boylu olduėu grlmřtr. F₁ melez genotipleri arasında Arısoy x Blaze melezninin en uzun boylu olduėu (114,74 cm), Samsoy x Blaze melezinin ise en kısa boylu olduėu gzlenmiřtir (89,60 cm). Ayrıca, Blaze eřidi ve Samsoy x Blaze melezi dıřında tm ana ve F₁ melezlerinin kontrol eřit olarak kullanılan Lider’e gre daha uzun boylu oldukları belirlenmiřtir (89,63 cm).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiř F₁ generasyonunda bitki boyuna iliřkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol eřide stnlk (K) deėerleri izelge 4.24’te verilmiřtir.

F₁ melez poplasyonunda bitki boyu iin hesaplanan heterosis deėerleri %-4,67 (Samsoy x Ataem-7) ile %24,04 (Arısoy x Blaze) arasında deėiřim gstermiřtir. Melez poplasyon iin heterosis ortalama deėeri %10,00 olarak hesaplanmıřtır. Anaların melez serileri dikkate alındıėında, en dřk heterosis deėeri %-2,05 ile Samsoy eřitinin ana olarak kullanıldıėı melez dizisinde tespit edilirken, en yksek heterosis deėeri ise %14,91 ile Pınar eřitinin ana olarak kullanıldıėı melez serisinde saptanmıřtır (izelge 4.24).

Bitki boyuna ilişkin heterobeltiosis değerleri %-8,58 (Samsoy x Blaze) ile %15,97 (Pınar x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %3,92 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %11,28 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-7,95 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.24).

Çizelge 4.24. F₁ Melez Genotiplerinde Bitki Boyu Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht	2,38	9,34*	12,59**	24,04**	12,09
		Hb	-3,60	5,77	6,00	9,44	4,40
		KÇÜ	12,76*	23,72**	23,98**	28,02**	22,12
Pınar	(2)	Ht		13,72**	16,00**	15,02**	14,91
		Hb		10,58	15,97**	7,29	11,28
		KÇÜ		20,92**	19,81**	10,84	17,19
Samsoy	(3)	Ht			-4,67	0,57	-2,05
		Hb			-7,32	-8,58	-7,95
		KÇÜ			1,35	-0,03	0,66
Ataem-7	(4)	Ht				2,15*	2,15
		Hb				3,62	3,62
		KÇÜ				7,01	7,01
Blaze	(5)	Ht					
		Hb					
		KÇÜ					
Genel Ortalama Ht		10,00					
Genel Ortalama Hb		3,92					
Genel Ortalama KÇÜ		14,84					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-0,03 ile Samsoy x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %28,02 ile Arısoy x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %14,84 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %0,66 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %22,12 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.24).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda bitki boyuna ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.25'te verilmiştir.

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b_1) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) parametresi ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.25).

Çizelge 4.25. Bitki Boyuna İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	1694,63	423,66**
b	10	2258,36	225,84**
b_1	1	871,11	871,11**
b_2	4	328,35	82,09
b_3	5	1058,90	211,78**
Hata	28	1095,69	50,70

** = %1 düzeyinde önemli

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda bitki boyuna ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.26’da verilmiştir.

Çizelge 4.26. Bitki Boyu İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	13,470 ± 20,622
D	95,899 ± 50,513
F	42,641 ± 126,181
H_1	352,185 ± 136,416
H_2	368,412 ± 123,730
$D-H_1$	-259,286 ± 121,020
h^2	212,524 ± 83,536
$(H_1/D)^{1/2}$	1,916
$H_2/4H_1$	0,262
KD/KR	1,262
$h^2/H_2=K$	0,577
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,579
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,209
$r (Y_r, W_r + V_r)$	-0,746
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 1,287$
	$F_{(W_r-V_r)} = 0,776$

Bitki boyu özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.26).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 13,470; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 95,899; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 42,641; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 352,185; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 368,412; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -256,286 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 212,524 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 1,916; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,262; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,262; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,577; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,579 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,209 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,746 olarak negatif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.26).

Bitki boyuna ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.26).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,209 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması dominant genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.25), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.26).

Ancak, bitki boyu için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.27). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones

tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.25). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayıramamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,579) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,209) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir. GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,916 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.26).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,262 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.26). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı görülmektedir. Buna karşın, Jones tipi yarım diallel varyans analiz tablosunda b_2 parametresinin önemsiz olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağıldığını göstermektedir (Çizelge 4.25).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,262 olarak hesaplanması ve bu oran 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.26).

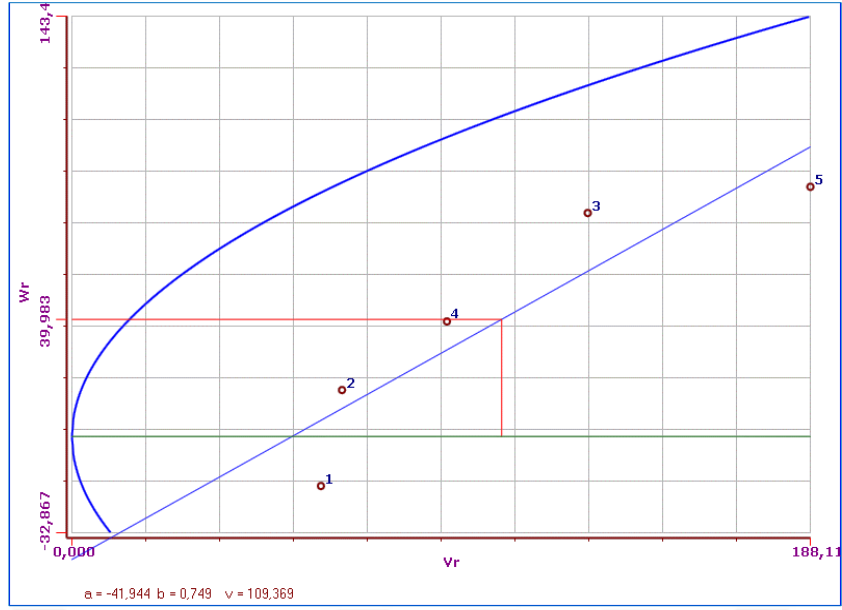
Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h_2 bileşeninin pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.25).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,577) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.26).

Anaçlarda gözlenen bitki boyu değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,746 olarak önemsiz bulunmuştur. Bu değer negatif ve -1'e yakın olmasından dolayı uzun boylu anaçların bitki boyunu arttırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda bitki boyu değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.4'te verilmiştir.

Şekil 4.4. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -41,944$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır. Grafik incelendiğinde Arısoy ve Pınar çeşitlerinin parabolün orjin noktasına yakın olması anaçların genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Samsoy ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği ve Blaze çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Pınar ve Ataem-7 çeşitleri regresyon hattına yakın konumda yer almalarından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmişlerdir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Samsoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.4. Bitki Boyu Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda bitki boyu yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.27’de verilmiştir.

Çizelge 4.27. Bitki Boyu Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	566,90	141,73**
ÖUYE	10	758,23	75,82**
Hata	28	368,43	13,16

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.27. incelendiğinde, bitki boyu yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Bitki boyu yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.28’de verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde pozitif, buna karşın Blaze genotipinde pozitif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Ataem-7, Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy ve Pınar x Ataem-7 melez

kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Pınar ve Samsoy x Ataem-7 kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.28).

Çizelge 4.28. Bitki Boyu Yönünden Genotiplere İlişkin Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	6,93**	-6,03*	4,60	5,59*	13,56**
Pınar	(2)		0,34	8,67**	8,44**	4,75
Samsoy	(3)			-0,47	-7,30**	-4,19
Ataem-7	(4)				-1,23	2,89
Blaze	(5)					-5,58**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli
S.H. (g_i)= 1,23; S.H. (s_{ij})= 2,50
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

4.5. İlk Bakla Yüksekliği (cm)

Genotiplere ait ilk bakla yüksekliğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.29’da verilmiştir.

Çizelge 4.29. Genotiplere Ait İlk Bakla Yüksekliği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	11,95	5,97
Genotip	14	688,73	49,19**
Hata	28	201,81	7,21
Genel	44	902,48	

** = %1 düzeyinde önemli

İlk bakla yüksekliği yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.29.). Bu nedenle, ilk bakla yüksekliği için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama ilk bakla yüksekliği ve önemlilik grupları Çizelge 4.30’da verilmiştir.

Çizelge 4.30. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama İlk Bakla Yüksekliği Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	24,44 bc	26,31 ab	29,08 a	30,23 a	22,20 bcde
Pınar	(2)		19,70 def	18,22 ef	18,05 ef	17,86 ef
Samsoy	(3)			17,67 f	26,11 ab	23,35 bcd
Ataem-7	(4)				20,70 cdef	22,03 bcdef
Blaze	(5)					22,33 bcde
F₁ Ort.			23,34 ± 0,22			
Anaç Ort.			20,97 ± 0,41			
Genel Ort.			22,55 ± 0,20			
Kontrol Çeşit (Lider)			21,44 ± 0,29			

EKÖF_(0.05) = 4,49

Anaçlar ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama ilk bakla yüksekliği değeri 22,50 cm olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.30). Anaçlara ait ortalama ilk bakla yüksekliği 20,97 cm iken, F₁ melezlerinin ortalama ilk bakla yüksekliği 23,34 cm olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde çoğu F₁ melezinin anaçlarına göre ilk baklayı daha yüksekten bağladıkları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; 24,44 cm ile Arısoy çeşidinin ilk baklayı en yüksekten bağladığı, Samsoy genotipinin ise 17,67 cm ile ilk baklayı toprağa en yakın yerden bağladığı görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında Arısoy x Ataem-7 melezinin ilk baklayı en yüksekten bağladığı (30,23 cm) ve Pınar x Blaze melezinin ise ilk baklayı toprağa en yakın yerden bağladığı gözlenmiştir (17,86 cm). Ayrıca, Arısoy ve Blaze dışında diğer anaçların kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre ilk baklayı toprağa daha yakın yerden bağladığı, buna karşın Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7 ve Pınar x Blaze dışında tüm melez kombinasyonların ise daha yüksekten bağladığı belirlenmiştir (21,44 cm).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda ilk bakla yüksekliğine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.31'de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda ilk bakla yüksekliği için hesaplanan heterosis değerleri %-2,53 (Pınar x Samsoy) ile %38,07 (Arısoy x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %11,29 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-9,40 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %26,41 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.31).

İlk bakla yüksekliğine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-20,02 (Pınar x Blaze) ile %26,15 (Samsoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %3,02 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek

heterobeltiosis değeri %15,35 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-13,45 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.31).

Çizelge 4.31. F₁ Melez Genotiplerinde İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		19,23*	38,07**	33,97**	-5,07	21,55
		Hb		7,67	18,97*	23,72*	-9,15	10,30
		KÇÜ		22,73*	35,62**	41,03**	3,56	25,73
Pınar	(2)	Ht			-2,53	-10,64	-15,03	-9,40
		Hb			-7,53	-12,80	-20,02	-13,45
		KÇÜ			-15,03	-15,81	-16,70	-15,85
Samsoy	(3)	Ht				36,08**	16,73	26,41
		Hb				26,15*	4,55	15,35
		KÇÜ				21,80*	8,89	15,35
Ataem-7	(4)	Ht					2,35	2,35
		Hb					-1,36	-1,36
		KÇÜ					2,74	2,74
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama		Ht	11,32					
Genel Ortalama		Hb	3,02					
Genel Ortalama		KÇÜ	8,88					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-15,81 ile Pınar x Ataem-7 kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %41,03 ile Arısoy x Ataem-7 kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %8,88 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %-15,85 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %25,73 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.31).

Anaç ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ilk bakla yüksekliğine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.32'de verilmiştir.

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b) ve dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ve dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten

varyans (b_2) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.32).

Çizelge 4.32. İlk Bakla Yüksekliğine İlişkin Jones Tipi Yarımlı Diallel Tabloların Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	318,48	79,62**
b	10	385,97	38,60**
b_1	1	60,84	60,84**
b_2	4	223,35	55,84**
b_3	5	101,78	20,36*
Hata	28	217,16	7,76

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda ilk bakla yüksekliğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.33’de verilmiştir.

İlk bakla yüksekliği özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.33).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 2,375; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 6,879; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) -0,026; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 68,373; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 66,391; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -61,494 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 12,936 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 3,153; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,243; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 0,999; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,195; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,652 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,081 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,896 olarak negatif ve önemli olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.33).

Çizelge 4.33. İlk Bakla Yüksekliği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	2,375 ± 4,55
D	6,879 ± 11,15
F	-0,026 ± 27,84
H ₁	68,373 ± 30,10
H ₂	66,391 ± 27,30
D-H ₁	-61,494 ± 26,71
h ²	12,936 ± 18,43
(H ₁ /D) ^{1/2}	3,153
H ₂ /4H ₁	0,243
KD/KR	0,999
h ² /H ₂ =K	0,195
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,652
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,081
r (Y _r , W _r + V _r)	-0,896*
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 1,255
	F _(W_r-V_r) = 1,187

* = %5 düzeyinde önemli

İlk bakla yüksekliğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.33).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,081 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b₃ parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.32), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H₁ bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D-H₁ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.33).

Ancak, ilk bakla yüksekliği için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.34). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından

dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.32). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, D-H₁ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasında uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H₁ parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,652) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,081) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir. GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H₁ parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} 3,153 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.33).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı (H₂/4H₁) 0,243 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.33). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta (u_i = v_i = 0,5) olmadığı görülmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b₂ parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını desteklemektedir (Çizelge 4.32).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin negatif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 0,999 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'e çok yakın olması anaçlarda dominant ve resesif allellerin oranlarının birbirlerine çok yakın olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.3).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b₁ parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h² bileşeninin pozitif olarak saptanması

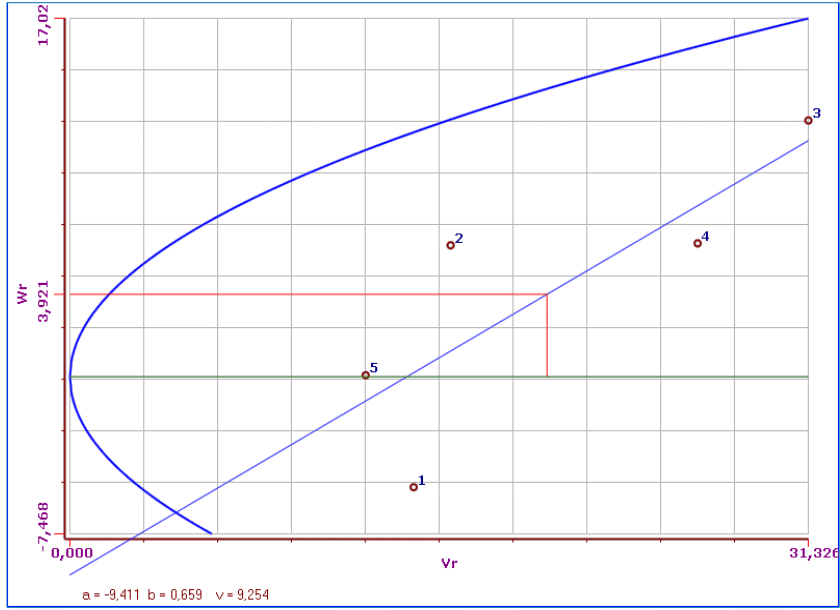
dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.32).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,195) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.33).

Anaçlarda gözlenen ilk bakla yüksekliği değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,896 olarak önemli bulunmuştur. Bu değer negatif ve -1'e yakın olmasından dolayı, ilk baklayı yüksekten bağlayan anaçların ilk bakla yüksekliğini arttırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez döllerinin oluşturduğu popülasyonda ilk bakla yüksekliği değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.5'de verilmiştir.

Şekil 4.5. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -9,411$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır. Grafik incelendiğinde Arısoy ve Blaze çeşitlerinin parabolün orjin noktasına yakın olması anaçların genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Pınar ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği, Sams soy çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Sams soy, Blaze ve Ataem-7 çeşitleri regresyon hattına yakın konumda yer almalarından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmişlerdir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy ve Pınar çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.5. İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Anaçlara İlişkin Ait W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda ilk bakla yüksekliği yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.34’de verilmiştir.

Çizelge 4.34. İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	105,95	26,49**
ÖUYE	10	123,62	12,36**
Hata	28	67,27	2,40

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.34. incelendiğinde, ilk bakla yüksekliği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

İlk bakla yüksekliği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.35’de verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde pozitif, buna karşın Pınar genotipinde ise negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait

ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Pınar, Arısoy x Samsoy, Arısoy x Ataem-7 ve Samsoy x Ataem-7 melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Blaze ve Pınar x Ataem-7 kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.35).

Çizelge 4.35. İlk Bakla Yüksekliği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	3,06**	2,92**	3,93**	4,27**	-2,66**
Pınar	(2)		-2,21**	-1,67	-2,65*	-1,74
Samsoy	(3)			-0,46	3,66**	2,00
Ataem-7	(4)				0,36	-0,14
Blaze	(5)					-0,75

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli
S.H. (g_i)= 0,524; S.H. (s_{ij})= 1,070
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

4.6. Dal Sayısı (adet bitki⁻¹)

Genotiplere ait dal sayısına ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.36’da verilmiştir.

Çizelge 4.36. Genotiplere Ait Dal Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,14	0,07
Genotip	14	16,72	1,19**
Hata	28	1,29	0,05
Genel	44	18,15	

** = %1 düzeyinde önemli

Dal sayısına yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.36.). Bu nedenle, dal sayısı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama dal sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.37’de verilmiştir.

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama dal sayısı 3,01 adet bitki⁻¹ olarak saptanmıştır (Çizelge 4.37). Anaçlara ait ortalama dal sayısı 2,71 adet bitki⁻¹ iken, F₁

melezlerinin ortalama dal sayısı 3,16 adet bitki⁻¹ olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde çoğu F₁ melezinin anaçlarına göre daha fazla dala sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; 3,30 adet bitki⁻¹ ile Arısoy çeşidinin en çok dala sahip olduğu; Ataem-7 genotipinin ise 2,19 adet bitki⁻¹ ile en az dala sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında Arısoy x Ataem-7 melezinin en çok (3,98 adet bitki⁻¹), Pınar x Ataem-7 melezinin ise en az dala sahip olduğu gözlenmiştir (2,24 adet bitki⁻¹). Ayrıca, tüm anaç ve F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha fazla dala sahip oldukları belirlenmiştir (2,05 adet bitki⁻¹).

Çizelge 4.37. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Dal Sayısı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	2,82 ef	2,67 f	3,96 a	3,98 a	2,86 ef
Pınar	(2)		3,03 de	2,26 g	2,24 g	3,40 c
Samsoy	(3)			3,30 cd	3,51 bc	3,78 ab
Ataem-7	(4)				2,19 g	2,94 ef
Blaze	(5)					2,21 g
F₁ Ort.			3,16 ± 0,03			
Anaç Ort.			2,71 ± 0,03			
Genel Ort.			3,01 ± 0,02			
Kontrol Çeşit (Lider)			2,05 ± 0,03			

EKÖF_(0.05) = 0,36

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda dal sayısına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.38'de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda dal sayısı için hesaplanan heterosis değerleri %-28,60 (Pınar x Samsoy) ile %58,70 (Arısoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %17,80 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-4,29 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %33,79 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.38).

Dal sayısına ilişkin heterobeltiosis değerleri %-31,41 (Pınar x Samsoy) ile %41,25 (Arısoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %5,95 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %33,18 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-15,06 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.38).

Çizelge 4.38. F₁ Melez Genotiplerinde Dal Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-8,99	29,41**	58,70**	13,49*	23,15
		Hb		-11,99	20,00**	41,25**	1,42	12,67
		KÇÜ		30,08**	93,17**	94,31**	39,51**	64,27
Pınar	(2)	Ht			-28,60**	-14,18*	29,90**	-4,29
		Hb			-31,41**	-26,07**	12,32*	-15,06
		KÇÜ			10,41	9,27	66,02**	28,56
Samsoy	(3)	Ht				27,52**	36,96**	32,24
		Hb				6,26	14,55**	10,40
		KÇÜ				71,06**	84,39**	77,72
Ataem-7	(4)	Ht					33,79**	33,79
		Hb					33,18*	33,18
		KÇÜ					43,58**	43,58
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			17,80					
Genel Ortalama Hb			5,95					
Genel Ortalama KÇÜ			54,18					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %9,27 ile Pınar x Ataem-7 kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %94,31 ile Arısoy x Ataem-7 kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %54,18 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %28,56 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %64,27 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.38).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda dal sayısına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.39’da verilmiştir.

Çizelge 4.39. Dal Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	3,75	0,94**
b	10	11,71	1,17**
b ₁	1	1,60	1,60**
b ₂	4	3,89	0,97**
b ₃	5	6,22	1,24**
Hata	28	4,40	0,16

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b) ve dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b_1), dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.39).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda dal sayısına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.40’da verilmiştir.

Çizelge 4.40. Dal Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,016 ± 0,179
D	0,275 ± 0,439
F	0,372 ± 1,096
H_1	1,852 ± 1,184
H_2	1,670 ± 1,074
$D-H_1$	-1,576 ± 1,051
h^2	0,507 ± 0,725
$(H_1/D)^{1/2}$	2,596
$H_2/4H_1$	0,226
KD/KR	1,706
$h^2/H_2=K$	0,303
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,722
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,151
r ($Y_r, W_r + V_r$)	-0,896*
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 1,039$
	$F_{(W_r-V_r)} = 7,234^{**}$

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Dal sayısı özelliği ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin önemsiz bulunmasıyla doğrulanırken, W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemli bulunmasıyla birlikte geçersiz kalmıştır (Çizelge 4.40). Ancak, Hayman (1954) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı araştırmacılar tarafından dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,016; eklemeli gen etkisi

varyansı (D) 0,275; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,372; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 1,850; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 1,670; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -1,576 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 0,507 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,596; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,226; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,706; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,303; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,722 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,151 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,896 olarak negatif ve önemli olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.40).

Dal sayısına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.40).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,016 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.38), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.40).

Ancak, dal sayısı için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.41). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUY kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.39). Buna karşın, ÖUYE varyansının GUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli olmayan gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayırlanamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,722) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,151) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir. GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,596 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.40).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,226 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.40). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin de önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.39).

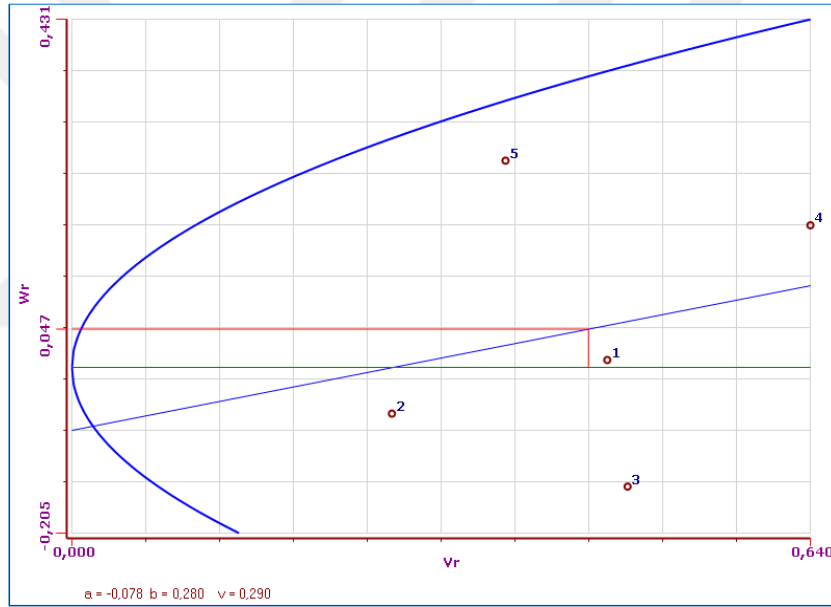
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,706 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.40).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.40). Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.39).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,303) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.40).

Anaçlarda gözlenen dal sayısı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,896 olarak önemli bulunmuştur (Çizelge 4.40). Bu değer negatif ve -1'e yakın olmasından dolayı, dal sayısı fazla olan anaçların dal sayısını artırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda dal sayısı değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.6'da verilmiştir.



Şekil 4.6. Dal Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.6. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,078$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır. Grafik incelendiğinde Pınar çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25); Arısoy, Samsoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin genotipte

eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği ve Ataem-7 çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Arısoy ve Pınar çeşitleri regresyon hattına yakın konumda yer almalarından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmişlerdir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Blaze, Samsoy ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda dal sayısı yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.41’de verilmiştir.

Çizelge 4.41. Dal Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	1,26	0,32**
ÖUYE	10	4,31	0,43**
Hata	28	0,43	0,02

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.41. incelendiğinde, dal sayısı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Dal sayısı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.42’de verilmiştir.

Çizelge 4.42. Dal Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,15**	-0,29**	0,51**	0,97**	-0,21*
Pınar	(2)		-0,21**	-0,84**	-0,42**	0,69**
Samsoy	(3)			0,29**	0,35**	0,57**
Ataem-7	(4)				-0,15**	0,17*
Blaze	(5)					-0,09*

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i)= 0,042; S.H. (s_{ij})= 0,086

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Analar deęerlendirildięinde Arısoy ve Samsoy genotiplerinde pozitif, buna karřın Pınar, Ataem-7 ve Blaze genotiplerinde negatif ve nemli genel uyum yeteneęi etkileri saptanmıřtır. Mezlelere ait UYE incelendięinde; Arısoy x Samsoy, Arısoy x Ataem-7, Pınar x Blaze, Samsoy x Ataem-7, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze melez kombinasyonlarında nemli ve pozitif; Arısoy x Pınar, Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy ve Pınar x Ataem-7 kombinasyonlarında ise negatif ve nemli UYE belirlenmiřtir (izelge 4.42).

4.7. Bakla Sayısı (adet bitki⁻¹)

Genotiplere ait bakla sayısına iliřkin n varyans analiz sonuları izelge 4.43’de verilmiřtir.

izelge 4.43. Genotiplere Ait Bakla Sayısı İin n Varyans Analiz Sonuları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrr	2	40,16	20,08
Genotip	14	1149,31	82,09**
Hata	28	180,75	6,46
Genel	44	1370,22	

** = %1 dzeyinde nemli

Bakla sayısı ynnden ana ve F₁ melez kombinasyonlardan oluřan poplasyonda genotipler arası farklılık nemli bulunmuřtur (izelge 4.43.). Bu nedenle, bakla sayısı iin biyometrik-genetik analiz ve deęerlendirmelerin yapılabileceęi sonucuna varılmıřtır.

Analar ve F₁ melezlerinin oluřturduęu poplasyonda ortalama bakla sayısı ve nemlilik grupları izelge 4.44’de verilmiřtir.

Analar ve F₁’lerin oluřturduęu poplasyonda ortalama bakla sayısı 37,90 adet bitki⁻¹ olarak saptanmıřtır (izelge 4.44). Analara ait ortalama bakla sayısı 35,92 adet bitki⁻¹ iken, F₁ melezlerinin ortalama bakla sayısı 38,88 adet bitki⁻¹ olarak bulunmuřtur. Anılan izelge incelendięinde oęu F₁ melezinin analarına gre daha fazla baklaya sahip oldukları sylenebilir. Analar deęerlendirildięinde; 44,29 adet bitki⁻¹ ile Pınar eřidinin en ok baklaya sahip olduęu, Ataem-7 genotipinin ise 30,24 adet bitki⁻¹ ile en az baklaya sahip olduęu grlmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en ok bakla Arısoy x Samsoy melezinde (45,89 adet bitki⁻¹) saptanırken, en az bakla ise Pınar x Samsoy melezinde (33,28 adet bitki⁻¹) tespit edilmiřtir. Ayrıca, Arısoy ve Pınar dıřında tm ana ve Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7,

Samsoy x Ataem-7 ve Ataem-7 x Blaze dışındaki tüm F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha fazla baklaya sahip oldukları belirlenmiştir (37,17 adet bitki⁻¹).

Çizelge 4.44. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Bakla Sayısı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	40,36 bc	38,43 cd	45,89 a	45,84 a	40,13 bc
Pınar	(2)		44,29 ab	33,28 f-h	34,64 d-g	37,70 c-e
Samsoy	(3)			33,69 e-h	35,33 d-f	43,28 ab
Ataem-7	(4)				30,24 h	34,32 d-h
Blaze	(5)					31,02 gh
F₁ Ort.			38,88 ± 0,22			
Anaç Ort.			35,92 ± 0,41			
Genel Ort.			37,90 ± 0,20			
Kontrol Çeşit (Lider)			37,17 ± 0,18			

EKÖF_(0,05) = 4,25

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda bakla sayısına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.45'de verilmiştir.

Çizelge 4.45. F₁ Melezlerinde Bakla Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-9,20*	23,96**	29,86**	12,45*	14,27
		Hb		-13,23**	13,73*	13,61*	-0,54	3,39
		KÇÜ		3,39	23,46**	23,33**	7,97	14,54
Pınar	(2)	Ht			-14,66**	-7,05	0,08	-7,21
		Hb			-24,87**	-21,78**	-14,88**	-20,51
		KÇÜ			-10,48	-6,80	1,43	-5,28
Samsoy	(3)	Ht				10,51	33,74**	22,13
		Hb				4,87	28,46**	16,67
		KÇÜ				-4,95	16,43**	5,74
Ataem-7	(4)	Ht					12,05*	12,05
		Hb					10,64	10,64
		KÇÜ					-7,66	-7,66
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			9,17					
Genel Ortalama Hb			-0,40					
Genel Ortalama KÇÜ			4,61					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F1 melez popülasyonunda bakla sayısı için hesaplanan heterosis değerleri %-14,66 (Pınar x Samsoy) ile %33,74 (Samsoy x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %9,17 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-7,21 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %22,13 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.45).

Bakla sayısına ilişkin heterobeltiosis değerleri %-10,48 (Pınar x Samsoy) ile %28,46 (Samsoy x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-0,40 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %16,67 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-20,51 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.45).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-10,48 ile Pınar x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %23,46 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %4,61 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-7,66 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %14,54 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.45).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda bakla sayısına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.46'da verilmiştir.

Çizelge 4.46. Bakla Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	418,23	104,56**
b	10	729,03	72,90**
b ₁	1	86,04	86,04**
b ₂	4	415,42	103,85**
b ₃	5	227,57	45,51**
Hata	28	177,82	6,35

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık

varyansı (b_1), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.46).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda bakla sayısına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.47’de verilmiştir.

Çizelge 4.47. Bakla Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	2,455 ± 14,024
D	39,277 ± 34,531
F	48,369 ± 85,809
H_1	117,792 ± 92,769
H_2	100,359 ± 84,143
D- H_1	-78,515 ± 82,299
h^2	20,965 ± 56,809
$(H_1/D)^{1/2}$	1,732
$H_2/4H_1$	0,213
KD/KR	2,103
$h^2/H_2=K$	0,209
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,629
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,331
r ($Y_r, W_r + V_r$)	-0,359
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 0,535$
	$F_{(W_r-V_r)} = 3,123$

Bakla sayısı özelliği ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.47)

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 2,455; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 39,277; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 48,369; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 117,792; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 100,359; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D- H_1) -78,515 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 20,965 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,732; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,213; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 2,103; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,209;

geniş anlamda kalıtım derecesi 0,629 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,331 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,359 olarak negatif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.47).

Bakla sayısına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.47).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,331 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.46), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.47).

Ancak, bakla sayısı için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.48). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.46). Bu sonuçlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,629) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,331) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu

göstermektedir. GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,732 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.47).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,213 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.47). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.46).

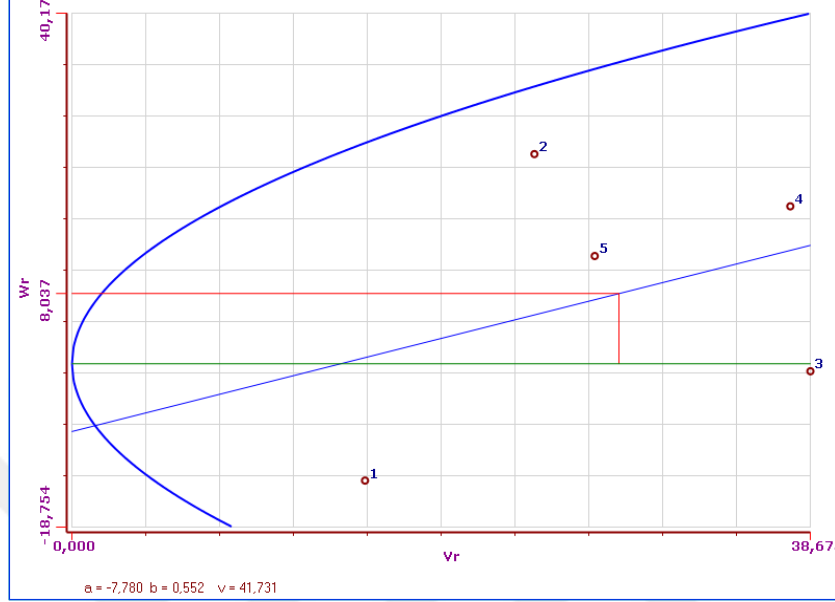
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 2,103 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.47).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin pozitif ve yüksek olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.46).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına $(h^2/H_2=K)$ ait değer 1'den küçük (0,209) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.47).

Anaçlarda gözlenen bakla sayısı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,359 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.47). Bu değer negatif olmasından dolayı, bakla sayısı çok olan anaçların bakla sayısını artırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaların ve F₁ melez kombinasyonlarının oluřturduėu poplasyonda bakla sayısı deėerlerine iliřkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) deėerlerine ait W_r-V_r grafiėi řekil 4.7’de verilmiřtir.



řekil 4.7. Bakla Sayısı Ynnden Analara İliřkin W_r/V_r Grafiėi

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

řekil 4.7. incelendiėinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif ynde (a = - 7,780) yani orjinin altından kesmesi bu zellik ynnden poplasyonda stn dominantlıėın sz konusu olduėuna iřaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} deėerinin de 1’den byk olarak saptanması stn dominantlıėın varlıėını doėrulamaktadır. Grafik incelendiėinde Arısoy eřidinin paraboln orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceėi (dominant: %75; resesif: %25), Pınar ve Blaze eřitlerinin regresyon hattının parabol iinde kalan blmnn orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin genotipte eřite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceėi, Samsoy ve Ataem-7 eřitlerinin ise paraboln orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) tařıdıėı ve dllerine aktardıėı sylenebilir. Ayrıca, Ataem-7 ve Blaze eřitleri regresyon hattına yakın konumda yer almalarından dolayı diėer analara kıyasla daha yksek oranda homozigot olarak nitelendirilmiřlerdir. Gen etkileri ynnden grafik incelendiėinde; Arısoy, Pınar ve Samsoy eřitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan zellikn kontrolnde epistatik gen etkilerinin varlıėını gstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda bakla sayısı yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait varyans analiz sonuçları Çizelge 4.48’de verilmiştir.

Çizelge 4.48. Bakla Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	138,51	34,63**
ÖUYE	10	244,60	24,46**
Hata	28	60,25	2,15

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.48. incelendiğinde, bakla sayısı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Bakla sayısı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.49’da verilmiştir.

Çizelge 4.49. Bakla Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	3,38**	-3,59**	4,94**	6,96**	0,28
Pınar	(2)		0,75	-5,05**	-1,61	0,47
Samsoy	(3)			-0,32	0,15	7,12**
Ataem-7	(4)				-2,39**	0,24
Blaze	(5)					-1,42**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,496; S.H. (s_{ij}) = 1,012

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde pozitif, buna karşın Ataem-7 ve Blaze genotiplerinde negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Samsoy ve Arısoy x Ataem-7 ve Samsoy x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Pınar ve Pınar x Samsoy kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.49).

4.8. Tohum Bağlamamış Boş Bakla Sayısı (adet bitki⁻¹)

Genotiplere ait boş bakla sayısına ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.50’de verilmiştir.

Çizelge 4.50. Genotiplere Ait Boş Bakla Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	3,34	1,67
Genotip	14	521,43	37,25**
Hata	28	42,90	1,53
Genel	44	567,67	

** = %1 düzeyinde önemli

Boş bakla sayısı yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.50). Bu nedenle, boş bakla sayısı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama boş bakla sayısı değerleri ve önemlilik grupları Çizelge 4.51’de verilmiştir.

Çizelge 4.51. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Boş Bakla Sayısı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5				
Arısoy	(1)	8,75 b-d	6,76	df	15,46	a	15,10	a	5,28	fg
Pınar	(2)		4,59	g	4,75	fg	6,00	e-g	5,88	e-g
Samsoy	(3)				4,84	fg	5,69	e-g	10,69	b
Ataem-7	(4)						7,60	c-e	9,12	bc
Blaze	(5)								5,90	e-g
F₁ Ort.			8,50 ± 0,19							
Anaç Ort.			6,30 ± 0,12							
Genel Ort.			7,80 ± 0,14							
Kontrol Çeşit (Lider)			5,40 ± 0,21							

EKÖF_(0.05) = 2,07

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama boş bakla sayısı değeri 7,80 adet bitki⁻¹ olarak saptanmıştır (Çizelge 4.51). Anaçlara ait ortalama boş bakla sayısı 6,30 adet bitki⁻¹ iken, F₁ melezlerinin ortalama boş bakla sayısı 8,50 adet bitki⁻¹ olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre sıcaklık stresinden daha fazla etkilendikleri söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; Arısoy

genotipinin 8,75 adet bitki⁻¹ ile en çok boş baklaya sahip olduğu, Pınar genotipinin ise 4,59 adet bitki⁻¹ ile en az boş baklaya sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en çok boş bakla Arısoy x Samsoy (15,46 adet bitki⁻¹) melezinde, en az boş bakla ise Pınar x Samsoy (4,75 adet bitki⁻¹) melezinde belirlenmiştir. Ayrıca, Pınar ve Samsoy dışında diğer anaçlarda ve Pınar x Samsoy ve Arısoy x Blaze dışında tüm F₁ melezlerinde kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha fazla boş bakla tespit edilmiştir (5,40 adet bitki⁻¹).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda boş bakla sayısına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.52'de verilmiştir.

Çizelge 4.52. F₁ Melez Genotiplerinde Boş Bakla Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		0,85	127,40**	84,15**	-27,67*	46,18
		Hb		46,88*	222,15**	98,68**	-10,51	89,30
		KÇÜ		25,12	186,36**	179,63**	-2,22	97,22
Pınar	(2)	Ht		1,06	-1,64	13,14	4,19	
		Hb		3,26	30,43	27,90	20,53	
		KÇÜ		-12,04	11,11	8,95	2,67	
Samsoy	(3)	Ht			-8,23	98,02**	44,90	
		Hb			18,54	122,78**	70,66	
		KÇÜ			5,37	98,02**	51,70	
Ataem-7	(4)	Ht				34,07*	34,07	
		Hb				54,52**	54,52	
		KÇÜ				68,83**	68,83	
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			32,12					
Genel Ortalama Hb			61,46					
Genel Ortalama KÇÜ			56,91					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda boş bakla sayısı için hesaplanan heterosis değerleri %-27,67 (Arısoy x Blaze) ile %127,40 (Arısoy x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %32,12 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %46,18 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %4,19 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.52).

Boş bakla sayısına ilişkin heterobeltiosis değerleri %-10,51 (Arısoy x Blaze) ile %222,15 (Arısoy x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %61,46 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %20,53 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %89,30 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.52).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %186,36 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-12,04 ile Pınar x Samsoy kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %56,91 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %97,22 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %2,67 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.52).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda boş bakla sayısına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.53'te verilmiştir.

Çizelge 4.53. Boş Bakla Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	176,48	44,12**
b	10	338,86	33,89**
b ₁	1	48,40	48,40**
b ₂	4	69,35	17,34**
b ₃	5	221,11	44,22**
Hata	28	47,07	1,68

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.53).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda boş bakla sayısına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.54'te verilmiştir.

Çizelge 4.54. Boş Bakla Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,514 ± 7,994
D	3,610 ± 19,582
F	-3,688 ± 48,915
H ₁	47,864 ± 52,882
H ₂	51,452 ± 47,965
D-H ₁	-44,255 ± 46,914
h ²	11,358 ± 32,383
(H ₁ /D) ^{1/2}	3,641
H ₂ /4H ₁	0,269
KD/KR	0,754
h ² /H ₂ =K	0,221
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,783
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,063
r (Y _r , W _r + V _r)	0,352
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 4,627*
	F _(W_r-V_r) = 13,959**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Boş bakla sayısı ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemli bulunmasıyla birlikte geçersiz kalmıştır (Çizelge 4.54). Ancak, Hayman (1954) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı araştırmacılar tarafından da dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,514; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 3,610; dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü belirten varyans (F) -3,688; dominant gen etkisi varyansı (H₁) 47,864; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H₂) 51,452; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D-H₁) -44,255 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h²) 11,358 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} 3,641; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran (H₂/4H₁) 0,269; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 0,754; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran (h²/H₂ = K) 0,221; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,783 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,063 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,352 olarak önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.54).

Boş bakla sayısına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.54).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,063 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.53), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.54).

Ancak, boş bakla sayısı için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.55). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.53). Bu sonuçlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayırlanamamaktadır. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,783) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,063) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir. GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan,

böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 3,641 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.54).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,269 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.54). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.53).

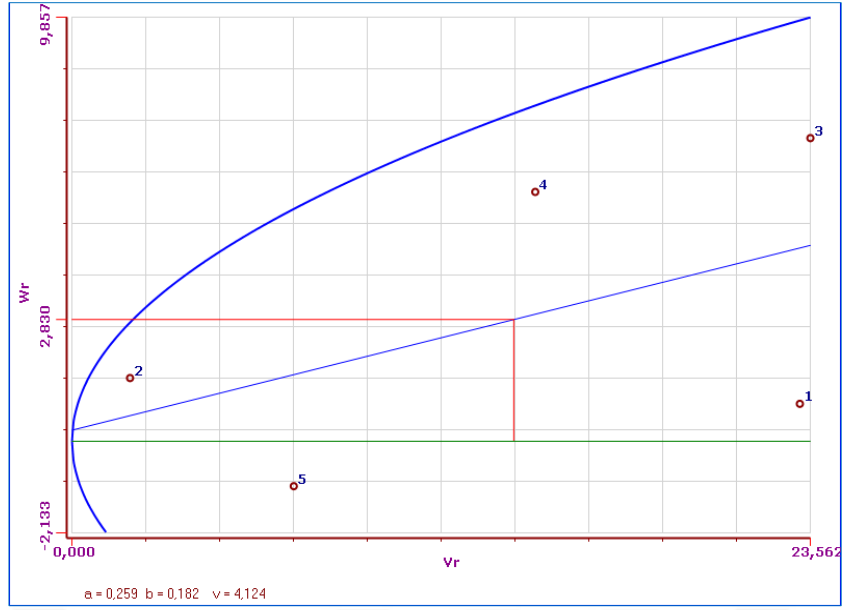
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin negatif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 0,754 olarak hesaplanması ve bu oran 1'den küçük olması anaçlarda resesif allellerin dominant allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.54).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.53).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına $(h^2/H_2=K)$ ait değer 1'den küçük (0,221) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.54).

Anaçlarda gözlenen boş bakla sayısı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,352 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.54). Bu değer pozitif olmasından dolayı, boş bakla sayısı az olan anaçların boş bakla sayısını azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinsayonlarının oluşturduğu popülasyonda boş bakla sayısı değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.8'de verilmiştir.



Şekil 4.8. Boş Bakla Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.8. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) pozitif yönde ($a = 0,259$) yani orjinin üstünden kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda kısmi dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Bu sonuç, 1'den büyük olarak saptanan ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin belirttiği üstün dominantlık varsayımı ile çelişki göstermektedir (Çizelge 4.54). Grafik incelendiğinde Pınar çeşidinin parabolün orjin noktasına çok yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla çok daha fazla olabileceği (dominant: %100; resesif: %0), Blaze çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Ataem-7 çeşidinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin genotipte eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği, Arısoy ve Samsoy çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Pınar çeşidi regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmişlerdir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Samsoy, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda boş bakla sayısı yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait varyans analiz sonuçları Çizelge 4.55’de verilmiştir.

Çizelge 4.55. Boş Bakla Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	59,13	14,78**
ÖUYE	10	114,68	11,47**
Hata	28	14,30	0,51

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.55. incelendiğinde, boş bakla sayısı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Boş bakla sayısı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.56’da verilmiştir.

Çizelge 4.56. Boş Bakla Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	1,93**	-0,94	5,81**	4,76**	-3,87**
Pınar	(2)		-1,99**	-0,97*	-0,41	0,66
Samsoy	(3)			-0,04	-2,68**	3,52**
Ataem-7	(4)				0,65**	1,25**
Blaze	(5)					-0,54*

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,24; S.H. (s_{ij}) = 0,49

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy ve Ataem-7 genotiplerinde pozitif, buna karşın Pınar ve Blaze genotiplerinde ise negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Samsoy ve Arısoy x Ataem-7, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy ve Samsoy x Ataem-7 kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.56).

4.9. Baklada Tohum Sayısı (adet bakla⁻¹)

Genotiplere ait baklada tohum sayısına ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.57’de verilmiştir.

Çizelge 4.57. Genotiplere Ait Baklada Tohum Sayısı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,009	0,005
Genotip	14	0,220	0,016**
Hata	28	0,107	0,004
Genel	44	0,336	

** = %1 düzeyinde önemli

Baklada tohum sayısı yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.57). Bu nedenle, baklada tohum sayısı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama baklada tohum sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.58’de verilmiştir.

Çizelge 4.58. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Baklada Tohum Sayısı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	2,45 bcdef	2,48 bcd	2,39 cdef	2,37 ef	2,48 bcd
Pınar	(2)		2,47 bcde	2,52 ab	2,49 bc	2,55 ab
Samsoy	(3)			2,40 cdef	2,40 cdef	2,36 f
Ataem-7	(4)				2,38 def	2,38 def
Blaze	(5)					2,60 a
F₁ Ort.			2,44 ± 0,00			
Anaç Ort.			2,46 ± 0,01			
Genel Ort.			2,45 ± 0,00			
Kontrol Çeşit (Lider)			2,56 ± 0,01			

EKÖF_(0.05) = 0,10

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama baklada tohum sayısı 2,45 adet bakla⁻¹ olarak bulunmuştur (Çizelge 4.58). Anaçlara ait ortalama baklada tohum sayısı 2,46 adet bakla⁻¹ iken, F₁ melezlerinin ortalama baklada tohum sayısı 2,44 adet bakla⁻¹ olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre baklalarında daha az tohuma sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; Blaze

genotipinin 2,60 adet bakla⁻¹ ile en çok, Ataem-7 genotipinin ise 2,38 adet bakla⁻¹ ile en az baklada tohum sayısına sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en çok baklada tohum sayısı Pınar x Blaze (2,55 adet bakla⁻¹) melezinde, en az ise Samsoy x Blaze (2,36 adet bakla⁻¹) melezinde belirlenmiştir. Ayrıca, Blaze çeşidi dışında tüm anaç ve F₁ melezlerinde kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha az baklada tohum sayısı tespit edilmiştir (2,56 adet bakla⁻¹).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda baklada tohum sayısına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.59'da verilmiştir.

Çizelge 4.59. F₁ Melezlerinde Baklada Tohum Sayısı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		0,81	-1,51	-2,07	-1,84	-1,15
		Hb		0,40	-2,31	-3,27	-4,49	-2,42
		KÇÜ		-3,13	-6,51**	-7,42**	-2,99	-5,01
Pınar	(2)	Ht			3,14	2,61	0,39	2,05
		Hb			1,89	0,94	-1,92	0,30
		KÇÜ			-1,69	-2,60	-0,39	-1,56
Samsoy	(3)	Ht				0,42	-5,73**	-2,66
		Hb				0,42	-9,36**	-4,68
		KÇÜ				-6,25**	-7,94**	-7,10
Ataem-7	(4)	Ht					-4,28*	-4,28
		Hb					-8,33**	-8,33
		KÇÜ					-6,90**	-6,90
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-0,81					
Genel Ortalama Hb			-2,60					
Genel Ortalama KÇÜ			-4,58					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda baklada tohum sayısı için hesaplanan heterosis değerleri %-5,73 (Samsoy x Blaze) ile %3,14 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-0,81 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-4,28 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %2,05 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.59).

Baklada tohum sayısına ilişkin heterobeltiosis değerleri %-9,36 (Samsoy x Blaze) ile %1,89 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-2,60 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %0,30 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-8,38 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.59).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-7,94 ile Samsoy x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-0,39 ile Pınar x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-4,58 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-7,10 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-1,56 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.59).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda baklada tohum sayısına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.60'da verilmiştir.

Çizelge 4.60. Baklada Tohum Sayısına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	1,40	0,35**
b	10	0,99	0,09*
b ₁	1	0,05	0,05
b ₂	4	0,69	0,17**
b ₃	5	0,24	0,05
Hata	28	1,14	0,04

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b) ve dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ile özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) parametreleri ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.60).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda baklada tohum sayısına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.61'de verilmiştir.

Çizelge 4.61. Baklada Tohum Sayısı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,001 ± 0,003
D	0,009 ± 0,008
F	0,005 ± 0,019
H ₁	0,020 ± 0,021
H ₂	0,020 ± 0,019
D-H ₁	-0,011 ± 0,018
h ²	0,000 ± 0,013
(H ₁ /D) ^{1/2}	1,511
H ₂ /4H ₁	0,250
KD/KR	1,503
h ² /H ₂ =K	0,003
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,573
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,306
r (Y _r , W _r + V _r)	-0,949*
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 0,770
	F _(W_r-V_r) = 1,771

* = %5 düzeyinde önemli

Baklada tohum sayısı ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.61).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,001; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,009; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,005; dominant gen etkisi varyansı (H₁) 0,020; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H₂) 0,020; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D-H₁) -0,011 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h²) 0,000 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} 1,511; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran (H₂/4H₁) 0,250; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,503; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran (h²/H₂ = K) 0,003; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,573 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,306 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,949 olarak negatif ve önemli olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.61).

Baklada tohum sayısına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.61).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,306 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b parametresinin önemli olması (Çizelge 4.60), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D- H_1 bileşeninin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.61).

Ancak, baklada tohum sayısı için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.62). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.60). Bu sonuçlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, D- H_1 ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayırlanamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,573) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,306) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.61). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,511 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.61).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,250 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.61). Bu değer 0,25'e eşit olduğundan dolayı, bu özelliğin ortaya çıkışında olumlu ve olumsuz allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olduğu söylenebilir. Buna karşın, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.60).

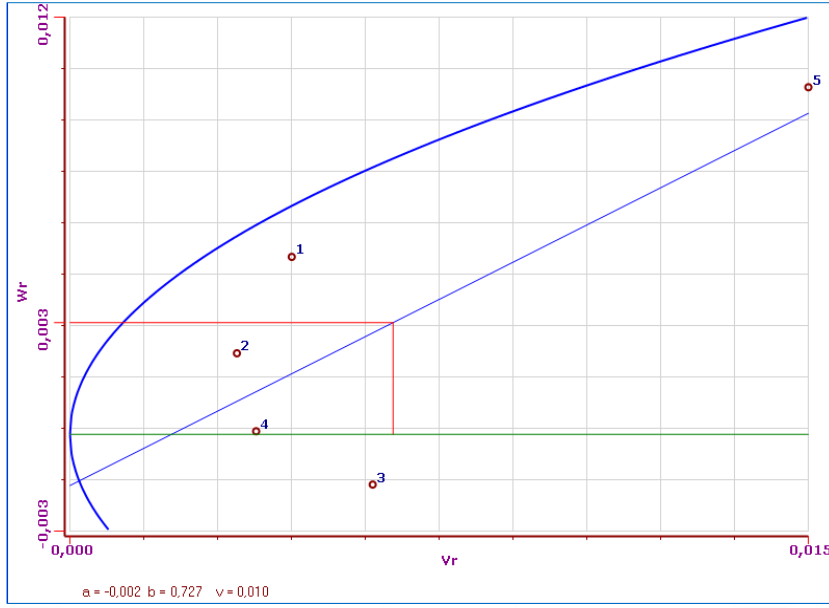
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,503 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.61).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz olarak saptanması dominant genlerin etkisinin farklı yönde olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.60).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına $(h^2/H_2=K)$ ait değer 1'den küçük (0,003) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.61).

Anaçlarda gözlenen baklada tohum sayısı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,949 olarak önemli bulunmuştur (Çizelge 4.61). Bu değer negatif ve -1'e yakın olmasından dolayı, baklada tohum sayısı fazla olan anaçların baklada tohum sayısını artırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda baklada tohum sayısı değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.9'da verilmiştir.



Şekil 4.9. Baklada Tohum Sayısı Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.9. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,002$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin 1'den büyük olarak saptanması da üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.61). Grafik incelendiğinde Pınar, Ataem-7, Samsoy ve Arısoy çeşitlerinin parabolün orjin noktasına yakın olması genotiplerinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), ve Blaze çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Blaze çeşidi regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olduğu, Ataem-7 çeşidinin ise Blaze çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Pınar, Arısoy ve Samsoy çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda baklada tohum sayısı yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.62'de verilmiştir.

Çizelge 4.62. Baklada Tohum Sayısı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,0420	0,0105**
ÖUYE	10	0,0314	0,0031*
Hata	28	0,0356	0,0013

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.62 incelendiğinde, baklada tohum sayısı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Baklada tohum sayısı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.63’de verilmiştir.

Çizelge 4.63. Baklada Tohum Sayısı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,009	-0,001	-0,015	-0,030	0,003
Pınar	(2)		0,041**	0,059*	0,043	0,020
Samsoy	(3)			-0,032**	0,023	-0,100**
Ataem-7	(4)				-0,040**	-0,066**
Blaze	(5)					0,040**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,012; S.H. (s_{ij}) = 0,025

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Pınar ve Blaze genotiplerinde pozitif, buna karşın Samsoy ve Ataem-7 genotiplerinde ise negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Pınar x Samsoy melez kombinasyonunda önemli ve pozitif; Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.63).

4.10. Yüz Tohum Ağırlığı (g)

Genotiplere ait yüz tohum ağırlığına ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.64’de verilmiştir.

Çizelge 4.64. Genotiplere Ait Yüz Tohum Ağırlığı İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	6,18	3,09
Genotip	14	41,85	2,99**
Hata	28	29,03	1,04
Genel	44	77,06	

** = %1 düzeyinde önemli

Yüz tohum ağırlığına yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.64). Bu nedenle, yüz tohum ağırlığı için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama yüz tohum ağırlığı ve önemlilik grupları Çizelge 4.65’de verilmiştir.

Çizelge 4.65. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Yüz Tohum Ağırlığı Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	10,23 c-e	9,54 e	9,71 de	10,53 c-e	10,75 b-e
Pınar	(2)		11,53 a-c	12,67 a	12,28 ab	11,44 a-c
Samsoy	(3)			12,48 a	11,15 a-e	10,12 c-e
Ataem-7	(4)				10,56 c-e	9,91 c-e
Blaze	(5)					11,27 a-d
F₁ Ort.			10,81 ± 0,05			
Anaç Ort.			11,21 ± 0,06			
Genel Ort.			10,95 ± 0,04			
Kontrol Çeşit (Lider)			10,75 ± 0,15			

EKÖF_(0.05) = 1,70

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama yüz tohum ağırlığı 10,95 g olarak bulunmuştur (Çizelge 4.65). Anaçlara ait ortalama yüz tohum ağırlığı 11,21 g iken, F₁ melezlerinin ortalama yüz tohum ağırlığı 10,81 g olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre daha hafif tohumlara sahip olduğu söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; Samsoy çeşidinin 12,48 g ile en yüksek, Arısoy çeşidinin ise 10,23 g ile en düşük yüz tohum ağırlığına sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek yüz tohum ağırlığı 12,67 g ile Pınar x Samsoy melezinde, en düşük ise 9,54 g Arısoy x Pınar melezinde tespit edilmiştir. Ayrıca, Arısoy ve Ataem-7 çeşitleri dışında diğer anaçların ve F₁ melezlerinin yaklaşık yarısının kontrol çeşit olarak kullanılan Lider’e göre daha yüksek yüz tohum ağırlığına sahip oldukları belirlenmiştir (10,75 g).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda yüz tohum ağırlığına ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.66'da verilmiştir.

Çizelge 4.66. F₁ Melezlerinde Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-12,32	-14,50*	1,22	0,03	-6,39
		Hb		-17,26*	-22,17**	-0,32	-4,58	-11,08
		KÇÜ		-11,26	-9,64	-2,08	0,03	-5,74
Pınar	(2)	Ht			5,50	11,10	0,38	5,66
		Hb			1,52	6,48	-0,75	2,42
		KÇÜ			17,86*	14,20	6,45	12,84
Samsoy	(3)	Ht				-3,24	-14,84*	-9,04
		Hb				-10,68	-18,94**	-14,81
		KÇÜ				3,69	-5,89	-1,1
Ataem-7	(4)	Ht					-9,25	-9,25
		Hb					-12,07	-12,07
		KÇÜ					-7,81	-7,81
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-3,59					
Genel Ortalama Hb			-7,88					
Genel Ortalama KÇÜ			0,56					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda yüz tane ağırlığı için hesaplanan heterosis değerleri %-14,84 (Samsoy x Blaze) ile %11,10 (Pınar x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-3,59 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-9,25 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %5,66 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.66).

Yüz tohum ağırlığına ilişkin heterobeltiosis değerleri %-22,17 (Arısoy x Samsoy) ile %6,48 (Pınar x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-7,88 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %2,42 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-14,81 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.66).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-11,26 ile Arısoy x Pınar kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %17,86 ile Pınar x Samsoy kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-0,56 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-7,81 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %12,84 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.66).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda yüz tohum ağırlığına ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.67’de verilmiştir.

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın; dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ve dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) parametreleri ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.67).

Çizelge 4.67. Yüz Tohum Ağırlığına İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	17,30	4,32*
b	10	25,24	2,52
b ₁	1	1,60	1,60
b ₂	4	6,53	1,63
b ₃	5	17,11	3,42*
Hata	28	35,73	1,28

* = %5 düzeyinde önemli

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda yüz tohum ağırlığına ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.68’de verilmiştir.

Yüz tohum ağırlığı ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.68).

Çizelge 4.68. Yüz Tohum Ağırlığı İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,391 ± 0,340
D	0,937 ± 0,833
F	0,894 ± 2,080
H ₁	5,486 ± 2,248
H ₂	4,843 ± 2,039
D-H ₁	-4,549 ± 1,995
h ²	0,165 ± 1,377
(H ₁ /D) ^{1/2}	2,420
H ₂ /4H ₁	0,221
KD/KR	1,491
h ² /H ₂ =K	0,034
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,467
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,132
r (Y _r , W _r + V _r)	0,873
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 1,549
	F _(W_r-V_r) = 0,573

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,391; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,937; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,894; dominant gen etkisi varyansı (H₁) 5,486; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H₂) 4,843; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D-H₁) -4,549 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h²) 0,165 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} 2,420; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran (H₂/4H₁) 0,221; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,491; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran (h²/H₂ = K) 0,034; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,467 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,132 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,873 olarak pozitif ve önemsiz olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.68).

Yüz tohum ağırlığına ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.68).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,132 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H₁ bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre

yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.68).

Ancak, yüz tohum ağırlığı için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.69). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUY kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.67). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,467) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,132) arasındaki fark, fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.68). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,420 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.68).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,221 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.68). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin ortaya çıkışında olumlu ve olumsuz allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Buna karşın, Jones tipi yarım diallel varyans analiz

tablosunda b_2 parametresinin önemsiz olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağıldığını göstermektedir (Çizelge 4.67).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,491 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.68).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz olarak bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz ve düşük olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olmadığını göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.67).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,034) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.68).

Anaçlarda gözlenen yüz tohum ağırlığı değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,873 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.68). Bu değer negatif ve -1'e yakın olmasından dolayı, yüz tohum ağırlığı fazla olan anaçların yüz tohum ağırlığını artırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonların oluşturduğu popülasyonda yüz tohum ağırlığı değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.10'da verilmiştir.

Şekil 4.1. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,807$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Bu sonuç, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin 1'den büyük olarak saptanması ile örtüşmektedir (Çizelge 4.68). Grafik incelendiğinde Arısoy çeşidinin anacın parabolün orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin anaçların genotipinde eşite yakın (dominant: %50: resesif: %50) oranlarda bulunabileceği, Pınar ve

Samsoy çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Arısoy çeşidinin regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olduğu, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin ise Arısoy çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Pınar ve Samsoy çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.10. Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Anaçlara İlişkin Wr/Vr Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda yüz tohum ağırlığı açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.69’da verilmiştir.

Çizelge 4.69. Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	6,12	1,53**
ÖUYE	10	7,83	0,78*
Hata	28	9,68	0,35

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.69. incelendiğinde, yüz tohum ağırlığı yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez genotiplerine ait özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Yüz tohum ağırlığı yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.70’de verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Pınar ve Samsoy genotiplerinde pozitif, buna karşın Arısoy genotipinde ise pozitif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Pınar x Samsoy ve Pınar x Ataem-7 melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Pınar, Arısoy x Samsoy, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.70).

Çizelge 4.70. Yüz Tohum Ağırlığı Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,67**	-1,21**	-0,98*	0,35	0,61
Pınar	(2)		0,48*	0,83*	0,95*	0,15
Samsoy	(3)			0,42*	-0,12	-1,12**
Ataem-7	(4)				-0,10	-0,81*
Blaze	(5)					-0,13

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli
S.H. (g_i) = 0,199; S.H. (s_{ij}) = 0,406
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

4.11. Tek Bitki Verimi (g bitki⁻¹)

Genotiplere ait tek bitki verimine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.71’de verilmiştir.

Çizelge 4.71. Genotiplere Ait Tek Bitki Verimi İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,41	0,21
Genotip	14	37,67	2,69**
Hata	28	20,23	0,72
Genel	44	58,31	

** = %1 düzeyinde önemli

Tek bitki verimi yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.71). Bu nedenle, tek bitki verimi için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama tek bitki verimi ve önemlilik grupları Çizelge 4.72’de verilmiştir.

Çizelge 4.72. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Tek Bitki Verimi Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	8,79 d-f	8,96 d-f	10,93 ab	10,44 a-c	9,60 b-d
Pınar	(2)		11,09 a	9,73 a-d	9,46 c-e	9,41 c-e
Samsoy	(3)			9,22 c-f	8,59 d-f	9,04 c-f
Ataem-7	(4)				8,75 d-f	7,87 f
Blaze	(5)					8,06 e-f
F₁ Ort.			9,37 ± 0,04			
Anaç Ort.			9,18 ± 0,08			
Genel Ort.			9,31 ± 0,04			
Kontrol Çeşit (Lider)			9,33 ± 0,03			

EKÖF_(0.05) = 1,42

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama tek bitki verimi 9,31 g bitki⁻¹ olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.72). Anaçlara ait ortalama tek bitki verimi 9,18 g bitki⁻¹ iken, F₁ melezlerinin ortalama tek bitki verimi 9,37 g bitki⁻¹ olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre daha verimli oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; Pınar çeşidinin 11,09 g bitki⁻¹ ile en verimli, Blaze genotipinin ise 8,06 g bitki⁻¹ ile en verimsiz olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında Arısoy x Samsoy melezinin en verimli (10,93 g bitki⁻¹), Ataem-7 x Blaze melezinin ise en verimsiz olduğu gözlenmiştir (7,87 g bitki⁻¹). Ayrıca, Pınar çeşidi dışında tüm anaçların kontrol çeşit olarak kullanılan Lidere’e göre daha verimsiz oldukları; buna karşın F₁ melezlerinin çoğunun ise daha verimli oldukları belirlenmiştir (9,33 g bitki⁻¹).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda tek bitki verimine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.73’de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda tek bitki verimi için hesaplanan heterosis değerleri %-12,63 (Arısoy x Pınar) ile %21,24 (Arısoy x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %2,45 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-6,46 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak

kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %10,37 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.73).

Çizelge 4.73. F₁ Melez Genotiplerinde Tek Bitki Verimi Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-12,63*	21,24**	19,04**	13,84	10,37
		Hb		-21,69**	18,47*	18,77*	9,18	6,18
		KÇÜ		-6,91	17,08*	11,90	2,86	6,23
Pınar	(2)	Ht			-4,28	-4,67	-1,77	-3,57
		Hb			-12,31	-14,73*	-15,15*	-14,06
		KÇÜ			2,86	4,23	1,36	2,15
Samsoy	(3)	Ht				-4,43	4,57	0,07
		Hb				-6,81	-2,01	-4,41
		KÇÜ				0,86	-7,91	-5,54
Ataem-7	(4)	Ht					-6,46	-6,46
		Hb					-10,10	-10,10
		KÇÜ					-15,68	-15,68
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			2,45					
Genel Ortalama Hb			-3,64					
Genel Ortalama KÇÜ			0,46					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Tek bitki verimine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-21,69 (Arısoy x Pınar) ile %18,77 (Arısoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-3,64 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %6,18 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-14,06 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.73).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-15,68 ile Ataem-7 x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %17,08 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %0,46 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-15,68 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %6,23 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.73).

Ana ve F₁ melezlerinin oluřturduėu poplasyonda tek bitki verimine iliřkin Jones tipi yarım diallel tabloların varyans analiz sonuları izelge 4.74’de verilmiřtir.

izelge 4.74. Tek Bitki Verimine İliřkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	9,75	2,44*
b	10	12,83	1,28
b ₁	1	0,54	0,54
b ₂	4	8,11	2,03*
b ₃	5	4,17	0,83
Hata	28	18,76	0,67

* = %5 dzeyinde nemli

İncelenen poplasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a) ve dominant allellerin analarda simetrik daėılıp daėılmadıėını belirten varyans (b₂) unsurları nemli bulunmuřtur. Buna karřın, dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı ynde etkili olduėunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁), ve zel uyum yeteneėinin etkinliėini ve dominant genlerin analarda daėılımını belirten varyans (b₃) parametreleri ise nemsiz olarak saptanmıřtır (izelge 4.74).

Analardan ve F₁ melezlerinden oluřan poplasyonda tek bitki verimine iliřkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre deėerleri, bu deėerlerin standart hataları ve ilgili oranlar izelge 4.75’te verilmiřtir.

izelge 4.75. Tek Bitki Verimi İin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,229 ± 0,483
D	1,427 ± 1,183
F	1,659 ± 2,954
H ₁	5,208 ± 3,194
H ₂	4,555 ± 2,897
D-H ₁	-3,781 ± 2,833
h ²	-0,051 ± 1,956
(H ₁ /D) ^{1/2}	1,910
H ₂ /4H ₁	0,219
KD/KR	1,874
h ² /H ₂ =K	-0,011
Geniř Anlamda Kalıtım Derecesi	0,479
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,242
r (Y _r , W _r + V _r)	0,679
Varsayımların geerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 0,168
	F _(W_r-V_r) = 2,433

Tek bitki verimi ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.75).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,229; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 1,427; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 1,659; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 5,208; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 4,555; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -3,781 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) -0,051 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 1,910; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,219; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,874; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) -0,011; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,479 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,242 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,679 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.75).

Tek bitki verimine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.75).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,242 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.73). Buna karşın, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemsiz olarak saptanması ise bu varsayımlarla çelişmektedir (Çizelge 4.74).

Ancak, tek bitki verimi için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.76). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli

olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.75). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUYE ve ÖUYE etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,479) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,242) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.75). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,910 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.75).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,219 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.75). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ancak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_2 parametresinin önemsiz olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağıldığını göstermektedir (Çizelge 4.74).

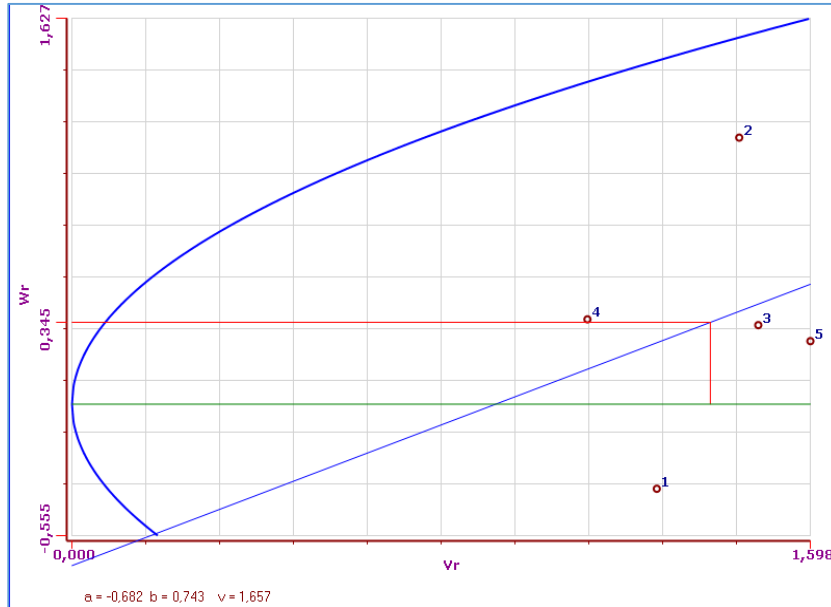
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,874 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.75).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz ve negatif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olmadığını göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.74).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (-0,011) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.75).

Anaçlarda gözlenen tek bitki verimi değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,679 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.75). Bu değer pozitif ve 1'e yakın olmasından dolayı, tek bitki verimi düşük olan anaçların tek bitki verimini azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda tek bitki verimi değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.11'de verilmiştir.



Şekil 4.11. Tek Bitki Verimi Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.11. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,682$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.75). Grafik incelendiğinde Ataem-7 ve Arısoy çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği; Pınar, Samsoy ve Blaze çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdıkları ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Samsoy çeşidi regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmiştir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Ataem-7, Blaze, Arısoy ve Samsoy çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda tek bitki verimi yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.76'da verilmiştir.

Çizelge 4.76. Tek Bitki Verimi Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	4,89	1,22**
ÖUYE	10	7,67	0,77**
Hata	28	6,74	0,24

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.76. incelendiğinde, tek bitki verimi yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Tek bitki verimi yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.77'de verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Pınar genotipinde pozitif, buna karşın Blaze genotipinde ise negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Samsoy ve Arısoy x Ataem-7 melez kombinasyonlarında önemli ve

pozitif; Arısoy x Pınar kombinasyonunda ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.77).

Çizelge 4.77. Tek Bitki Verimi Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,20	-1,33**	1,30**	1,22**	0,64
Pınar	(2)		0,51**	-0,22	-0,08	0,14
Samsoy	(3)			0,12	-0,56	0,15
Ataem-7	(4)				-0,29	-0,61
Blaze	(5)					-0,55**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli
S.H. (g_i) = 0,17; S.H. (s_{ij}) = 0,34
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

4.12. Tane Protein İçeriği (%)

Genotiplere ait protein içeriğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.78’de verilmiştir.

Çizelge 4.78. Genotiplere Ait Protein İçeriğine İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	1,56	0,78
Genotip	14	12,33	0,88**
Hata	28	10,95	0,39
Genel	44	24,83	

* = %5 düzeyinde önemli

Protein içeriği yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.78.). Bu nedenle, protein içeriği için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama protein içeriği ve önemlilik grupları Çizelge 4.79’da verilmiştir.

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama protein içeriği %41,20 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.79). Anaçlara ait ortalama protein içeriği %41,41 iken, F₁ melezlerinin ortalama protein içeriği %41,10 olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde F₁

melezlerinin anaçlarına göre daha az protein içeriğine sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; %42,02 ile Pınar genotipinin en yüksek, Blaze genotipinin ise %40,71 ile en düşük protein içeriğine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek protein içeriği %42,41 ile Ataem-7 x Blaze melezinde, en düşük ise %40,34 ile Arısoy x Pınar melezinde tespit edilmiştir. Ayrıca, Blaze dışında tüm anaç ve F₁ melezlerinin büyük çoğunluğunun kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha fazla protein içerdiği belirlenmiştir (%40,83).

Çizelge 4.79. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Protein İçeriği Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	41,74 abc	40,34 d	40,71 cd	41,01 bcd	40,86 cd
Pınar	(2)		42,02 ab	41,27 bcd	41,28 bcd	40,78 cd
Samsoy	(3)			41,08 bcd	41,17 bcd	41,18 bcd
Ataem-7	(4)				41,52 abc	42,41 a
Blaze	(5)					40,71 cd
F₁ Ort.			41,10 ± 0,03			
Anaç Ort.			41,41 ± 0,03			
Genel Ort.			41,20 ± 0,02			
Kontrol Çeşit (Lider)			40,83 ± 0,11			
EKÖF _(0.05) = 1,05						

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda protein içeriğine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.80'de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda protein içeriği için hesaplanan heterosis değerleri %-3,69 (Arısoy x Pınar) ile %3,15 (Ataem-7 x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-0,82 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-1,94 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri ise %3,15 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.80).

Protein içeriğine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-4,01 (Arısoy x Pınar) ile %2,14 (Ataem-7 x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %-1,53 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %2,14 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-2,58 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.80).

Çizelge 4.80. F₁ Melez Genotiplerinde Protein İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-3,69**	-1,70	-1,48	-0,88	-1,94
		Hb		-4,01**	-2,48	-1,74	-2,12	-2,58
		KÇÜ		-1,21	-0,30	0,45	0,07	-0,25
Pınar	(2)	Ht			-1,45	-1,18	-1,40	-1,34
		Hb			-1,78	-1,77	-2,95*	-2,17
		KÇÜ			1,08	1,09	-0,12	0,69
Samsoy	(3)	Ht				-0,31	0,70	0,19
		Hb				-0,84	0,24	-0,30
		KÇÜ				0,83	0,85	0,84
Ataem-7	(4)	Ht					3,15**	3,15
		Hb					2,14	2,14
		KÇÜ					3,86**	3,86
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-0,82					
Genel Ortalama Hb			-1,53					
Genel Ortalama KÇÜ			0,66					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-1,24 ile Arısoy x Pınar kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %3,86 ile Ataem-7 x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %0,66 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %-0,25 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %3,86 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.80).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda protein içeriğine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.81’de verilmiştir.

Çizelge 4.81. Protein İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	2,42	0,60
b	10	8,15	0,81
b ₁	1	1,11	1,21
b ₂	4	4,83	0,44*
b ₃	5	2,21	0,42
Hata	28	12,69	0,45

* = %5 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) parametresi önemli bulunmuştur. Buna karşın, eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b_1) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.81).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda protein içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.82’de verilmiştir.

Protein içeriği özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r - V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.82).

Çizelge 4.82. Protein İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,139 ± 0,143
D	0,346 ± 0,349
F	0,456 ± 0,872
H_1	1,969 ± 0,943
H_2	1,609 ± 0,855
D- H_1	-1,623 ± 0,837
h^2	0,162 ± 0,577
$(H_1/D)^{1/2}$	2,387
$H_2/4H_1$	0,204
KD/KR	1,765
$h^2/H_2=K$	0,101
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,473
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,143
$r (Y_r, W_r + V_r)$	0,170
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 1,274$
	$F_{(W_r-V_r)} = 0,558$

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,139; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,346; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,456; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 1,969; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 1,609; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D- H_1) -1,623 ve heterozigotluk

gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 0,162 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,387; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,204; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,765; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,101; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,473 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,143 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,170 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.82).

Protein içeriğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.82).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,143 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D- H_1 parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.82). Buna karşın, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemsiz olarak saptanması ise yapılan çıkarımlar ile çelişmektedir (Çizelge 4.81).

Yukarıda yapılan yorumlara ek olarak, protein içeriği için özel uyum yeteneği etkisi önemli bulunurken genel uyum yeteneği etkisi ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.83). Bu sonuç, incelenen popülasyonda eklemeli olmayan gen etkilerinin üstünlüğüne işaret etmektedir. GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli olmayan genetik varyans bileşenlerinin eklemeli genetik varyans bileşeninden daha etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, ÖUYE varyansının GUYE varyansından daha yüksek oluşu yukarıdaki varsayımları desteklemektedir.

Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,387 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.82).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı ($H_2/4H_1$) 0,204 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.82). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde

olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.81).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,765 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.82).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz ve düşük olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olmadığını göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemsiz olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.81).

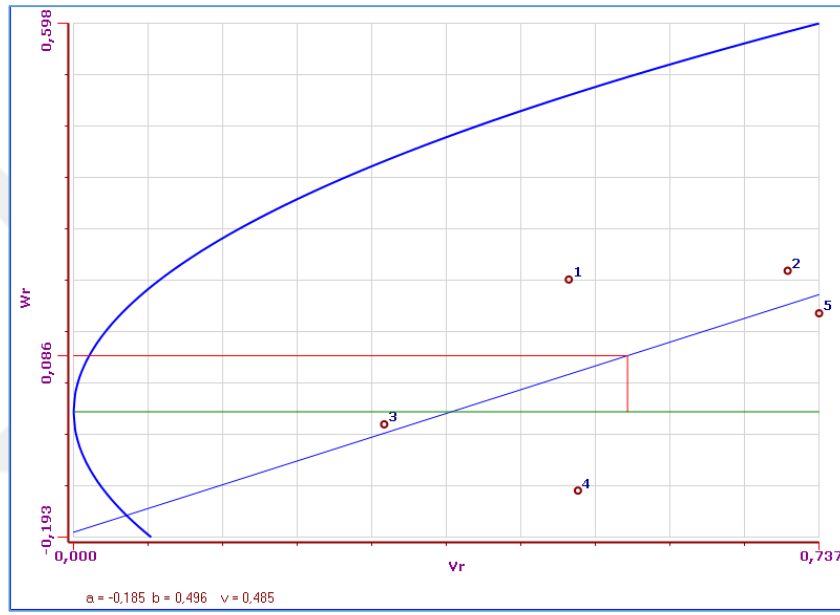
İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,101) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.82).

Anaçlarda gözlenen protein değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,170 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.82). Bu değer pozitif olmasından dolayı, protein içeriği düşük olan anaçların protein içeriğini azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda protein içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.12'de verilmiştir.

Şekil 4.12. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a=-41,944$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.82). Grafik incelendiğinde Samsoy çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Arısoy ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif

allelere genotiplerinde eşite yakın oranlarda bulunabileceği (dominant: %50; resesif: %50), Pınar ve Blaze çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdığı (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Samsoy çeşidinin regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olduğu, Blaze ve Pınar çeşitlerinin ise Samsoy çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Ataem-7 ve Arısoy çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.12. Protein İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda protein içeriği açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.83'te verilmiştir.

Çizelge 4.83. Protein İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,66	0,17
ÖUYE	10	3,45	0,35*
Hata	28	3,65	0,13

* = %5 düzeyinde önemli

Çizelge 4.83. incelendiğinde, protein içeriği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları önemsiz olarak saptanırken, F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları ise önemli bulunmuştur.

Protein içeriği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.84'te verilmiştir.

Çizelge 4.84. Protein İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,12	-0,82**	-0,27	-0,31	-0,14
Pınar	(2)		0,07	0,11	-0,24	-0,41
Samsoy	(3)			-0,11	-0,17	0,16
Ataem-7	(4)				0,24*	1,05**
Blaze	(5)					-0,08

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli
S.H. (g_i) = 0,12; S.H. (s_{ij}) = 0,25
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde sadece Ataem-7 genotipinde pozitif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Mezlelere ait ÖUYE incelendiğinde; Ataem-7 x Blaze melez kombinasyonunda önemli ve pozitif; Arısoy x Pınar kombinasyonunda ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.84).

4.13. Tane Yağ İçeriği (%)

Genotiplere ait yağ içeriğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.85'de verilmiştir.

Çizelge 4.85. Genotiplere Ait Yağ İçeriği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,37	0,19
Genotip	14	39,71	2,84**
Hata	28	13,81	0,49
Genel	44	53,88	

** = %1 düzeyinde önemli

Yağ içeriği yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.85). Bu nedenle, yağ içeriği için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama yağ içeriği ve önemlilik grupları Çizelge 4.86’da verilmiştir.

Çizelge 4.86. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Yağ İçeriği Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	12,28 b-d	13,60 a	11,98 cd	13,51 a	12,83 a-c
Pınar	(2)		12,91 a-c	13,33 ab	13,16 a-c	13,66 a
Samsoy	(3)			10,46 e	12,01 cd	13,32 ab
Ataem-7	(4)				11,59 de	11,38 de
Blaze	(5)					11,61 de
F₁ Ort.			12,88 ± 0,04			
Anaç Ort.			11,77 ± 0,06			
Genel Ort.			12,51 ± 0,04			
Kontrol Çeşit (Lider)			12,81 ± 0,27			

EKÖF_(0.05) = 1,18

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama yağ içeriği %12,51 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.86). Anaçlara ait ortalama yağ içeriği %11,77 iken, F₁ melezlerinin ortalama yağ içeriği %12,88 olarak tespit edilmiştir. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha fazla yağ içeriğine sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; Pınar genotipinin %12,91 ile en yüksek, Blaze genotipinin ise %10,46 ile en düşük yağ içeriğine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek yağ içeriği %13,66 ile Pınar x Blaze melezinde, en düşük yağ içeriği ise %11,38 ile Ataem-7 x Blaze melezinde saptanmıştır. Ayrıca Pınar çeşidi dışında tüm anaç ve F₁ melezlerinin büyük çoğunluğunun kontrol çeşit olarak kullanılan Lider’e göre daha fazla yağ içerdikleri belirlenmiştir (%12,81).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda yağ içeriğine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.87’de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda yağ içeriği için hesaplanan heterosis değerleri %-1,87 (Ataem-7 x Blaze) ile %20,76 (Samsoy x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %8,84 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-1,87 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak

kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri ise %11,75 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.87).

Çizelge 4.87. F₁ Melez Genotiplerinde Yağ İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht	7,94	5,39	13,12**	7,48	8,48
		Hb	5,34	-2,42	9,99*	4,51	4,36
		KÇÜ	6,17	-6,45	5,44	0,18	1,33
Pınar	(2)	Ht		14,06**	7,40	11,42**	10,96
		Hb		3,28	1,91	5,81	3,67
		KÇÜ		4,09	2,71	6,64	4,48
Samsoy	(3)	Ht			2,74	20,76**	11,75
		Hb			3,62	14,73**	9,18
		KÇÜ			-6,25	3,98	-1,13
Ataem-7	(4)	Ht				-1,87	-1,87
		Hb				-1,95	-1,95
		KÇÜ				-11,14**	-11,14
Blaze	(5)	Ht					
		Hb					
		KÇÜ					
Genel Ortalama Ht		8,84					
Genel Ortalama Hb		4,48					
Genel Ortalama KÇÜ		0,54					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Yağ içeriğine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-2,42 (Arısoy x Samsoy) ile %14,73 (Samsoy x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %4,48 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %9,38 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-1,95 Ataem-7 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.87).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %11,14 ile Ataem-7 x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %6,64 ile Pınar x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %0,54 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %-11,14 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %4,48 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.87). Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda yağ içeriğine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.88’de verilmiştir.

Çizelge 4.88. Yağ İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	13,77	3,44**
b	10	24,54	2,45**
b ₁	1	13,61	13,61**
b ₂	4	1,87	0,47
b ₃	5	9,06	1,81*
Hata	28	14,49	0,52

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b) ve dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) parametresi ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.88).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda yağ içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.89’da verilmiştir.

Çizelge 4.89. Yağ İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,158 ± 0,467
D	1,103 ± 1,145
F	0,624 ± 2,859
H ₁	3,677 ± 3,091
H ₂	3,785 ± 2,804
D-H ₁	-2,574 ± 2,742
h ²	3,050 ± 1,893
(H ₁ /D) ^{1/2}	1,826
H ₂ /4H ₁	0,257
KD/KR	1,367
h ² /H ₂ =K	0,806
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,541
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,230
r (Y _r , W _r + V _r)	-0,926*
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 1,553
	F _(W_r-V_r) = 2,246

* = %5 düzeyinde önemli

Yağ içeriği özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.89).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,158; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 1,103; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,624; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 3,677; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 3,785; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -2,574 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 3,050 önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 1,916; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,257; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,367; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,806; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,541 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,230 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,926 olarak negatif ve önemli olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.89).

Yağ içeriğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.89).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,230 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.88), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.89).

Ancak, yağ içeriği için genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.90). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones

tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.88). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUYE ve ÖUYE etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayıramamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,541) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,230) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.89). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,826 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.89).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,257 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.89). Bu değer 0,25'e çok yakın olmasından dolayı, incelenen özelliğin ortaya çıkışında olumlu ve olumsuz allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olduğu söylenebilir. Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemsiz bulunması bu bulguyu doğrular niteliktedir (Çizelge 4.88).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,367 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.89).

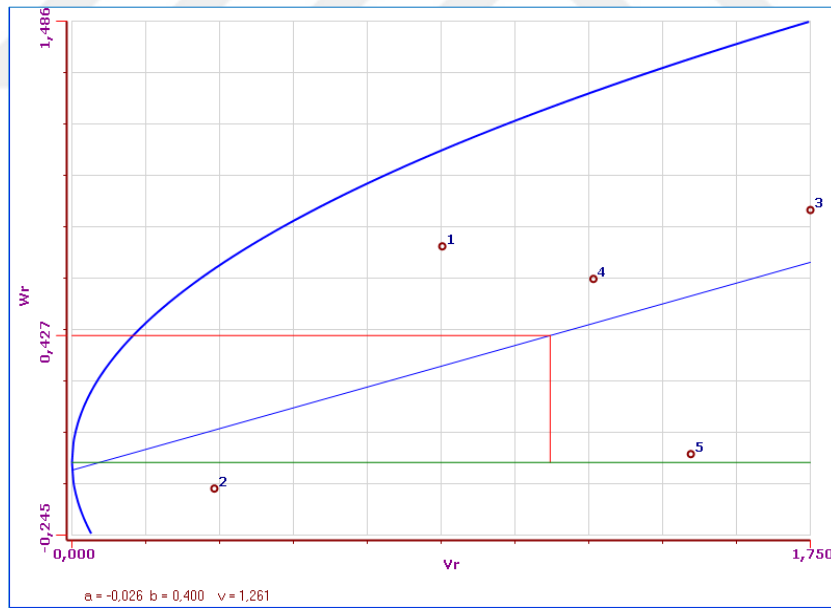
Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h_2 bileşeninin pozitif olarak saptanması

dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.88).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,806) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.89).

Anaçlarda gözlenen yağ içeriği değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,926 olarak önemli bulunmuştur (Çizelge 4.89). Bu değer negatif ve -1'e yakın olmasından dolayı yağ içeriği yüksek olan anaçların yağ içeriğini arttırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda yağ içeriği değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.13'de verilmiştir.



Şekil 4.13. Yağ İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.13. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a=-0,026$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$

değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.89). Grafik incelendiğinde Pınar çeşidinin parabolün orjin noktasına çok yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla çok daha fazla olabileceği (dominant: %100; resesif: %0), Arısoy, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği ve Samsoy çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdığı (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, anaçların tamamının regresyon hattına çok uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda yağ içeriği açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.90'da verilmiştir.

Çizelge 4.90. Yağ İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	5,47	1,37**
ÖUYE	10	7,76	0,78**
Hata	28	4,60	0,16

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.90. incelendiğinde, yağ içeriği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Yağ içeriği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.91'de verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Pınar genotipinde pozitif, buna karşın Samsoy genotipinde ise negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Ataem-7, Pınar x Samsoy, Pınar x Blaze ve Samsoy x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Ataem-7 x Blaze kombinasyonunda ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.91).

Çizelge 4.91. Yağ İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,20	0,24	-0,23	1,05**	0,21
Pınar	(2)		0,65**	0,68*	0,26	0,60*
Samsoy	(3)			-0,50**	0,26	1,40**
Ataem-7	(4)				-0,26	-0,77**
Blaze	(5)					-0,09
* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli						
S.H. (g _i) = 0,14; S.H. (s _{ij}) = 0,28						
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.						

4.14. Oleik Asit İçeriği (%)

Genotiplere ait oleik asit içeriğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.92’de verilmiştir.

Çizelge 4.92. Genotiplere Ait Oleik Asit İçeriği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	4,21	2,11
Genotip	14	49,30	3,52**
Hata	28	21,77	0,78
Genel	44	75,28	

** = %1 düzeyinde önemli

Oleik asit içeriği yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.92). Bu nedenle, oleik asit içeriği için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama oleik asit içeriği ve önemlilik grupları Çizelge 4.93’te verilmiştir.

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama oleik asit içeriği %28,46 olarak bulunmuştur. Anaçlara ait ortalama oleik asit içeriği %28,36 iken, F₁ melezlerinin ortalama oleik asit içeriği %28,51 olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde bazı F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha fazla oleik asit içerdikleri söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; Samsoy çeşidinin %30,16 ile en yüksek, Blaze çeşidinin ise %27,30 ile en düşük oleik asit içeriğine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek oleik asit içeriği %30,13 ile Samsoy x Blaze melezinde, en düşük ise %27,07 ile

Arısoy x Pınar melezinde tespit edilmiştir. Ayrıca tüm anaç ve F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha fazla oleik asit içerdikleri belirlenmiştir (%27,01).

Çizelge 4.93. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Oleik Asit İçeriği Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	28,28 c-f	27,07 f	27,95 d-f	27,44 ef	28,00 d-f
Pınar	(2)		30,16 a	29,49 a-c	27,75 d-f	28,12 c-f
Samsoy	(3)			28,66 b-e	30,12 ab	30,13 ab
Ataem-7	(4)				27,41 ef	29,04 a-d
Blaze	(5)					27,30 ef
F₁ Ort.			28,51 ± 0,05			
Anaç Ort.			28,36 ± 0,08			
Genel Ort.			28,46 ± 0,04			
Kontrol Çeşit (Lider)			27,01 ± 0,13			

EKÖF_(0,05) = 1,48

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda oleik asit içeriğine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.94'te verilmiştir.

Çizelge 4.94. F₁ Melezlerinde Oleik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-7,36**	-1,84	-1,45	0,76	-2,47
		Hb		-10,25**	-2,49	-2,98	-0,99	-4,18
		KÇÜ		0,22	3,47	1,58	3,67	2,23
Pınar	(2)	Ht			0,26	-3,58	-2,13	-1,82
		Hb			-2,23	-7,99**	-6,77**	-5,67
		KÇÜ			9,17**	2,74	4,10	5,34
Samsoy	(3)	Ht				7,46*	7,68**	7,57
		Hb				5,09	5,13	5,11
		KÇÜ				11,51**	11,55**	11,53
Ataem-7	(4)	Ht					6,17*	6,17
		Hb					5,93*	5,93
		KÇÜ					7,50**	7,50
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			0,60					
Genel Ortalama Hb			-1,75					
Genel Ortalama KÇÜ			5,55					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda oleik asit içeriği için hesaplanan heterosis değerleri %-7,36 (Arısoy x Pınar) ile %7,68 (Samsoy x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %0,60 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-2,47 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri ise %7,57 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.94).

Oleik asit içeriğine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-10,25 (Arısoy x Pınar) ile %5,93 (Ataem-7 x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %-1,75 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %5,93 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-5,67 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.94).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %0,22 ile Arısoy x Pınar kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %11,55 ile Samsoy x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %5,55 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %2,23 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %11,53 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.94).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda oleik asit içeriğine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.95’de verilmiştir.

Çizelge 4.95. Oleik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	14,25	3,56**
b	10	30,06	3,01**
b ₁	1	0,28	0,28
b ₂	4	26,29	6,57**
b ₃	5	3,50	0,70
Hata	28	24,36	0,87

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b) ve dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten

varyans (b_2) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b_1) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) parametreleri ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.95).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda oleik asit içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.96’da verilmiştir.

Oleik asit içeriği özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.96).

Çizelge 4.96. Oleik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,289 ± 0,391
D	1,760 ± 0,959
F	2,493 ± 2,395
H_1	6,252 ± 2,590
H_2	4,861 ± 2,349
D- H_1	-4,491 ± 2,297
h^2	-0,128 ± 1,586
$(H_1/D)^{1/2}$	1,885
$H_2/4H_1$	0,194
KD/KR	2,203
$h^2/H_2=K$	-0,026
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,533
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,264
r ($Y_r, W_r + V_r$)	0,393
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 0,836$
	$F_{(W_r-V_r)} = 0,536$

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,289; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 1,760; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 2,493; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 6,252; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 4,861; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D- H_1) -4,491 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) -0,128 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 1,885; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını

belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,194; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 2,203; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) -0,026; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,533 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,264 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,393 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.96).

Oleik asit içeriğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.96).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,264 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir (Çizelge 4.96). Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b parametresinin önemli olması (Çizelge 4.95), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D- H_1 parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.96).

Ancak, oleik asit içeriği için Griffing tipi diallel melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.97). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.95). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, D- H_1 ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUYE ve ÖUYE etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,533) ile dar anlamda

kalıtım derecesi (0,264) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.96). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 1,885 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.96).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı ($H_2/4H_1$) 0,194 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.96). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.95).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 2,203 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.96).

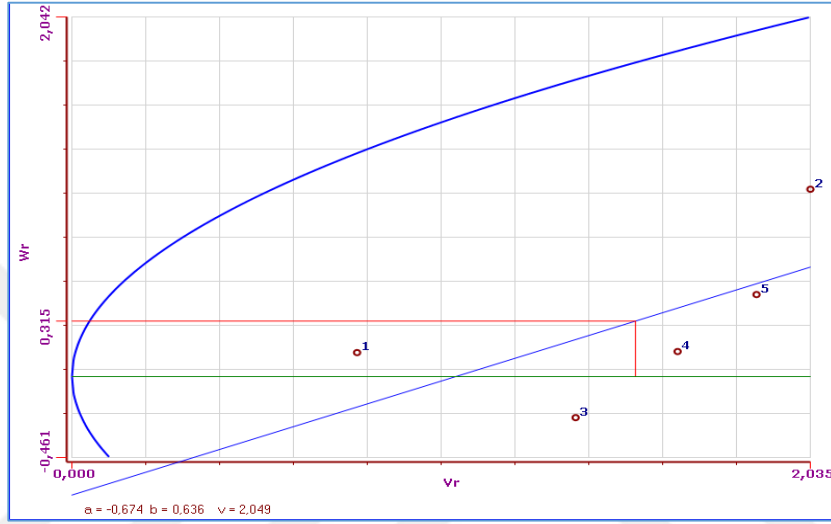
Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h_2 bileşeninin negatif olarak saptanması dominant gen etkilerinin farklı yönlerde olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.95).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (-0,026) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.96).

Anaçlarda gözlenen oleik asit içeriği değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,393

olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.96). Bu değerin pozitif olmasından dolayı, oleik asit içeriği düşük olan anaçların oleik asit içeriğini azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F₁ melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda oleik asit içeriği değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.14'te verilmiştir.



Şekil 4.14. Oleik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.14. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,674$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.96). Grafik incelendiğinde, Arısoy çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Samsoy ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın oranlarda bulunabileceği (dominant: %50; resesif: %50), Blaze ve Pınar çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Blaze çeşidinin regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmiştir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Ataem-7, Arısoy, Samsoy ve Pınar çeşitlerinin regresyon

hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda oleik asit içeriği açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.97’de verilmiştir.

Çizelge 4.97. Oleik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	5,63	1,41**
ÖUYE	10	10,81	1,08**
Hata	28	7,26	0,26

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.97. incelendiğinde, oleik asit içeriği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur. Oleik asit içeriği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.98’de verilmiştir.

Çizelge 4.98. Oleik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,54**	-1,14**	-0,58	-0,26	0,20
Pınar	(2)		0,28	0,14	-0,77*	-0,50
Samsoy	(3)			0,61**	1,28**	1,19**
Ataem-7	(4)				-0,23	0,93**
Blaze	(5)					-0,13

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,17; S.H. (s_{ij}) = 0,35

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Samsoy genotipinde pozitif, buna karşın Arısoy genotipinde ise negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Mezlelere ait ÖUYE incelendiğinde; Samsoy x Ataem-7, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Pınar ve Pınar x Ataem-7 kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.98).

4.15. Linoleik Asit İçeriği (%)

Genotiplere ait linoleik asit içeriğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.99'da verilmiştir.

Çizelge 4.99. Genotiplere Ait Linoleik Asit İçeriği Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	8,77	4,39
Genotip	14	87,26	6,23*
Hata	28	82,16	2,93
Genel	44	178,19	

* = %5 düzeyinde önemli

Linoleik asit içeriği yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.99). Bu nedenle, linoleik asit içeriği için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama linoleik asit içeriği ve önemlilik grupları Çizelge 4.100'de verilmiştir.

Çizelge 4.100. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Linoleik Asit İçeriği Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	49,06 a-d	50,73 a	49,94 ab	50,75 a	49,52 a-c
Pınar	(2)		46,61 d	47,24 b-d	49,03 a-d	48,35 a-d
Samsoy	(3)			49,23 a-d	46,38 d	46,90 cd
Ataem-7	(4)				49,90 ab	48,27 a-d
Blaze	(5)					49,83 ab
F₁ Ort.			48,71 ± 0,07			
Anaç Ort.			48,92 ± 0,09			
Genel Ort.			48,78 ± 0,06			
Kontrol Çeşit (Lider)			50,07 ± 0,06			

EKÖF_(0.05) = 2,87

Anaçlar ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama linoleik asit içeriği %48,78 olarak bulunmuştur. Anaçlara ait ortalama linoleik asit içeriği %48,92 iken, F₁ melezlerinin ortalama linoleik asit içeriği %48,71 olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde bazı F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha az linoleik asit içerdikleri söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; Ataem-7 çeşidinin %49,90 ile en yüksek, Pınar genotipinin ise %46,61

ile en düşük linoleik asit içeriğine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek linoleik asit içeriği %50,75 ile Arısoy x Ataem-7 melezinde, en düşük ise %46,38 ile Samsoy x Ataem-7 melezinde tespit edilmiştir. Ayrıca, tüm anaç ve F₁ melezlerinin büyük çoğunluğunun kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha az linoleik asit içerdikleri belirlenmiştir (%50,07).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda linoleik asit içeriğine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.101'de verilmiştir. nF₁ melez popülasyonunda linoleik asit içeriği için hesaplanan heterosis değerleri %-6,43 (Samsoy x Ataem-7) ile %6,06 (Arısoy x Pınar) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-0,41 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %5,87 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri ise %2,60 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.101).

Çizelge 4.101. F₁ Melezlerinde Linoleik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		6,06*	1,64	2,56	0,16	2,60
		Hb		3,40	1,46	1,70	-0,63	1,48
		KÇÜ		1,32	-0,25	1,35	-1,11	0,33
Pınar	(2)	Ht			-1,42	1,62	0,27	0,16
		Hb			-4,04	-1,74	-2,97	-2,92
		KÇÜ			-5,65	-2,08	-3,44	-3,72
Samsoy	(3)	Ht				-6,43*	-5,31*	-5,87
		Hb				-7,05*	-5,88*	-6,46
		KÇÜ				-7,36*	-6,33*	-6,85
Ataem-7	(4)	Ht					-3,20	-3,20
		Hb					-3,26	-3,26
		KÇÜ					-3,59	-3,59
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-0,41					
Genel Ortalama Hb			-1,90					
Genel Ortalama KÇÜ			-2,71					

* = %5 düzeyinde önemli

Linoleik asit içeriğine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-7,05 (Samsoy x Ataem-7) ile %5,93 (Ataem-7 x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %-

1,90 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %1,48 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-6,46 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.101).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-7,36 ile Samsoy x Ataem-7 kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %1,35 ile Arısoy x Ataem-7 kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-2,71 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %-6,85 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %0,33 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.101).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda linoleik asit içeriğine ilişkin Jones tipi yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları Çizelge 4.102’de verilmiştir.

Çizelge 4.102. Linoleik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	37,49	9,37*
b	10	61,50	6,15
b ₁	1	0,18	0,18
b ₂	4	55,31	13,83**
b ₃	5	6,01	1,20
Hata	28	93,96	3,36

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a) ve dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) parametreleri ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.102).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda linoleik asit içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.103’te verilmiştir.

Linoleik asit özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.103).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 1,010; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 3,056; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 3,412; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 13,209; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 10,959; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -10,154 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) -0,530 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,079; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,207; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,734; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) -0,048; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,484 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,181 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,111 olarak negatif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.103).

Çizelge 4.103. Linoleik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler		
E	1,010	±	1,377
D	3,056	±	3,372
F	3,412	±	8,423
H_1	13,209	±	9,107
H_2	10,959	±	8,260
$D-H_1$	-10,154	±	8,079
h^2	-0,530	±	5,577
$(H_1/D)^{1/2}$	2,079		
$H_2/4H_1$	0,207		
KD/KR	1,734		
$h^2/H_2=K$	-0,048		
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,484		
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,181		
$r (Y_r, W_r + V_r)$	-0,111		
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 2,684$		
	$F_{(W_r-V_r)} = 0,732$		

Linoleik asit içeriğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.103).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,181 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D- H_1 parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.103). Ancak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemsiz olarak saptanması ise yukarıdaki yorumlar ile çelişki yaratmaktadır (Çizelge 4.102).

Jinks-Hayman tipi diallel melez analizindeki varsayımlara ek olarak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde a parametresinin önemli bulunması fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının da varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.102). Bununla beraber, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek bulunması eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğunu desteklemektedir (Çizelge 4.104).

Yukarıda anıldığı gibi, D- H_1 ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUYE ve ÖUYE etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,484) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,181) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.103). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,079 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.103).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,207 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.103). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde

olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.102).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,734 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.103).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h_2 bileşeninin negatif olarak saptanması dominant gen etkilerinin farklı yönlerde olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.102).

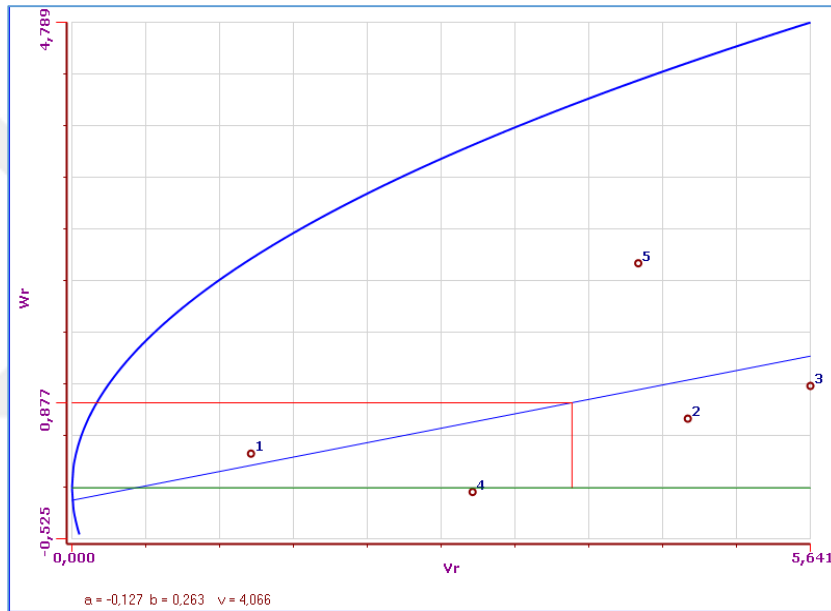
İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (-0,048) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.103).

Anaçlarda gözlenen linoleik asit içeriği değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,111 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.103). Bu değer negatif olmasından dolayı, linoleik asit içeriği yüksek olan anaçların linoleik asit içeriğini artırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda linoleik asit içeriği değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.15'de verilmiştir.

Şekil 4.15. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,127$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.103). Grafik incelendiğinde Arısoy çeşidinin parabolün orjin noktasına çok yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla çok daha fazla olabileceği (dominant: %100; resesif: %0); Pınar, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattının

parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın oranlarda bulunabileceği (dominant: %50; resesif: %50) ve Samsoy çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdığı (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Arısoy çeşidi regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda oranda homozigot olduğu, Samsoy ve Pınar çeşitlerinin ise Arısoy çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.15. Linoleik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda linoleik asit içeriği açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.104'te verilmiştir.

Çizelge 4.104. incelendiğinde, linoleik asit içeriği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4.104. Linoleik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	10,58	2,64
ÖUYE	10	18,51	1,85
Hata	28	27,39	0,98

Linoleik asit içeriği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etki değerleri Çizelge 4.105’de verilmiştir.

Çizelge 4.105. Linoleik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arisoy	(1)	0,91**	1,63*	0,79	0,84	-0,18
Pınar	(2)		-0,59	-0,41	0,62	0,16
Samsoy	(3)			-0,54	-2,08**	-1,35*
Ataem-7	(4)				0,22	-0,73
Blaze	(5)					0,01
* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli						
S.H. (g_i) = 0,33; S.H. (s_{ij}) = 0,68						
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.						

Anaçlar değerlendirildiğinde sadece Arisoy genotipinde pozitif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arisoy x Pınar melez kombinasyonunda önemli ve pozitif; Samsoy x Ataem-7 ve Samsoy x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.105).

4.16. Linolenik Asit İçeriği (%)

Genotiplere ait linolenik asit içeriğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.106’da verilmiştir.

Çizelge 4.106. Genotiplere Ait Linolenik Asit İçeriği Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,003	0,015
Genotip	14	2,031	0,145**
Hata	28	0,147	0,005
Genel	44	2,17	

** = %1 düzeyinde önemli

Analar ve F₁ melezlerinin oluřturduėu poplasyonda ortalama linolenik asit ieriėi ve nemlilik grupları izelge 4.107’de verilmiřtir.

izelge 4.107. Ana ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Linolenik Asit ieriėi Deėerleri.

Analar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	5,14 c	5,48 a	5,43 ab	5,34 b	5,00 de
Pınar	(2)		4,86 fg	4,86 fg	4,95 ef	5,12 cd
Samsoy	(3)			5,07 cde	4,87 fg	4,77 g
Ataem-7	(4)				5,06 cde	4,82 g
Blaze	(5)					4,98 ef
F₁ Ort.			5,07 ± 0,01			
Ana Ort.			5,02 ± 0,01			
Genel Ort.			5,05 ± 0,01			
Kontrol eřit (Lider)			5,03 ± 0,05			
EKF _(0.05) = 0,12						

Analar ve F₁’lerin oluřturduėu poplasyonda ortalama linolenik asit ieriėi %5,05 olarak saptanmıřtır. Analara ait ortalama linolenik asit ieriėi %5,02 iken, F₁ melezlerinin ortalama linolenik asit ieriėi %5,07 olarak bulunmuřtur. Anılan izelge incelendiėinde F₁ melezlerinin analarına gre daha fazla linolenik asit ierdikleri sylenebilir. Analar deėerlendirildiėinde; Arısoy eřidinin %5,14 ile en yksek, Pınar eřidinin ise %4,86 ile en dřk linolenik asit ieriėine sahip olduėu grlmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yksek linolenik asit ieriėi %5,48 ile Arısoy x Pınar melezinde, en dřk ise %4,77 ile Samsoy x Blaze melezinde tespit edilmiřtir. Ayrıca, Pınar ve Blaze analarında ve F₁ melezlerinin oėunun kontrol eřit olarak kullanılan Lider’e gre daha dřk linolenik asit belirlenmiřtir (%5,03).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiř F₁ generasyonunda linolenik asit ieriėine iliřkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol eřide stnlk (K) deėerleri izelge 4.108’de verilmiřtir.

F₁ melez poplasyonunda linolenik asit ieriėi iin hesaplanan heterosis deėerleri %-4,91 (Samsoy x Blaze) ile %9,59 (Arısoy x Pınar) arasında deėiřim gstermiřtir. Melez poplasyon iin heterosis ortalama deėeri %0,88 olarak hesaplanmıřtır. Anaların melez serileri dikkate alındıėında, en dřk heterosis deėeri %-4,33 ile Samsoy eřidinin ana olarak kullanıldıėı melez dizisinde tespit edilirken, en yksek heterosis deėeri ise %4,93 ile Arısoy eřidinin ana olarak kullanıldıėı melez serisinde saptanmıřtır (izelge 4.108).

Linolenik asit ieriėine iliřkin heterobeltiosis deėerleri %-5,85 (Samsoy x Blaze) ile %6,55 (Arısoy x Pınar) arasında deėiřim gstermiřtir. Heterobeltiosis genel ortalaması %-

0,64 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %3,39 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-4,90 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.108).

Çizelge 4.108. F₁ Melezlerinde Linolenik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht	9,59**	6,54**	4,77**	-1,12	4,93
		Hb	6,55**	5,71**	3,96*	-2,66	3,39
		KÇÜ	8,88**	8,02**	6,23**	-0,53	5,65
Pınar	(2)	Ht		-2,15	-0,13	4,00**	0,57
		Hb		-4,08*	-2,30	0,92	-1,82
		KÇÜ		-3,31	-1,52	1,72	-1,04
Samsoy	(3)	Ht			-3,75*	-4,91**	-4,33
		Hb			-3,94*	-5,85**	-4,90
		KÇÜ			-3,18	-5,10**	-4,14
Ataem-7	(4)	Ht				-3,98**	-3,98**
		Hb				-4,74**	-4,74**
		KÇÜ				-4,17*	-4,17*
Blaze	(5)	Ht					
		Hb					
		KÇÜ					
Genel Ortalama Ht		0,88					
Genel Ortalama Hb		-0,64					
Genel Ortalama KÇÜ		0,70					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-5,10 ile Samsoy x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %8,88 ile Arısoy x Pınar kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %0,70 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %-4,17 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %5,65 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.108).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda linolenik asit içeriğine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.109’da verilmiştir.

Çizelge 4.109. Linolenik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	4,04	1,01**
b	10	4,54	0,45**
b ₁	1	0,04	0,04
b ₂	4	2,50	0,62**
b ₃	5	2,00	0,40**
Hata	28	2,62	0,09

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.109).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda linolenik asit içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.110'da verilmiştir.

Çizelge 4.110. Linolenik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,002 ± 0,011
D	0,015 ± 0,027
F	-0,002 ± 0,068
H ₁	0,183 ± 0,073
H ₂	0,180 ± 0,066
D-H ₁	-0,169 ± 0,065
h ²	0,004 ± 0,045
(H ₁ /D) ^{1/2}	3,531
H ₂ /4H ₁	0,246
KD/KR	0,966
h ² /H ₂ =K	0,023
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,854
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,071
r (Yr, Wr + Vr)	-0,251
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 2,011
	F _(Wr-Vr) = 2,660

Linolenik asit içeriği özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.110).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,002; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,015; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) -0,002; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 0,183; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 0,180; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -0,169 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 0,004 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 3,531; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,246; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 0,966; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,023; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,854 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,071 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,251 olarak negatif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.110).

Linolenik asit içeriğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.110).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,071 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.109), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.110).

Ancak, linolenik asit içeriği için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.111). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili

olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.109). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansına göre daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, D-H₁ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayıramamaktadır. Buna karşın D ve H₁ parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,854) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,071) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.110). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H₁ parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 3,531 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.110).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,246 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.110 Bu değer 0,25'e çok yakın olmasından dolayı, incelenen özelliğin ortaya çıkışında olumlu ve olumsuz allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olduğu söylenebilir. Ancak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b₂ parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.109).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin negatif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 0,966 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den küçük olması anaçlarda resesif allellerin dominant allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.110).

Şekil 4.16. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,020$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.110). Grafik incelendiğinde Blaze çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere çok daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25); Arısoy ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın oranlarda bulunabileceği (dominant: %50; resesif: %50); Pınar ve Samsoy çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Blaze çeşidinin neredeyse tam olarak regresyon hattının üzerinde yer almasından dolayı sırasıyla yüksek oranda homizot olduğu, Pınar ve Samsoy çeşitlerinin ise Blaze çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda linolenik asit içeriği açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.111'de verilmiştir.

Çizelge 4.111. incelendiğinde, linolenik asit içeriği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.111. Linolenik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,29	0,07**
ÖUYE	10	0,39	0,04**
Hata	28	0,05	0,00

** = %1 düzeyinde önemli

Linolenik asit içeriği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.112'de verilmiştir.

Çizelge 4.112. Linolenik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,18**	0,28**	0,24**	0,15**	-0,13**
Pınar	(2)		-0,02	-0,13**	-0,04	0,18**
Samsoy	(3)			-0,03*	-0,12**	-0,15**
Ataem-7	(4)				-0,03*	-0,11**
Blaze	(5)					-0,09**
* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli						
S.H. (g _i) = 0,014; S.H. (s _{ij}) = 0,029						
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.						

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde pozitif, buna karşın Samsoy, Ataem-7 ve Blaze genotiplerinde ise negatif ve önemli genel uyum yeteneği etkileri saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Pınar, Arısoy x Samsoy, Arısoy x Ataem-7 ve Pınar x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7, Samsoy x Ataem-7, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.112).

4.17. Stearik Asit İçeriği (%)

Genotiplere ait stearik asit içeriğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.113'te verilmiştir.

Çizelge 4.113. Genotiplere Ait Stearik Asit İçeriği Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,41	0,21
Genotip	14	7,61	0,54**
Hata	28	4,42	0,16
Genel	44	12,44	

** = %1 düzeyinde önemli

Stearik asit içeriği yönünden yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.113). Bu nedenle, stearik asit içeriği için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceğini sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama stearik asit içeriği ve önemlilik grupları Çizelge 4.114'te verilmiştir.

Çizelge 4.114. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Stearik Asit İçeriği Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	5,27 c-f	4,86 f	5,04 ef	4,91 f	5,62 a-e
Pınar	(2)		5,99 a	6,05 a	5,96 a	5,85 a-c
Samsoy	(3)			5,17 d-f	6,00 a	5,94 ab
Ataem-7	(4)				5,28 b-f	5,74 a-d
Blaze	(5)					5,43 a-f
F₁ Ort.			5,60 ± 0,02			
Anaç Ort.			5,43 ± 0,02			
Genel Ort.			5,54 ± 0,02			
Kontrol Çeşit (Lider)			5,33 ± 0,06			

EKÖF_(0,05) = 0,67

Anaçlar ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama stearik asit içeriği %5,54 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.114). Anaçlara ait ortalama stearik asit içeriği %5,43 iken, F₁ melezlerinin ortalama stearik asit içeriği %5,60 olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre daha fazla stearik asit içerdiği söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde, %5,99 ile Pınar çeşidinin en yüksek, Samsoy genotipinin ise %5,17 ile en düşük stearik asit içeriğine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek stearik asit içeriği %6,05 ile Pınar x Samsoy melezinde belirlenirken, en düşük ise %4,86 ile Arısoy x Pınar melezinde saptanmıştır. Ayrıca kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'in anaçların çoğundan daha yüksek ve F₁ melezlerinin ise büyük çoğunluğundan daha düşük stearik asit içerdiği tespit edilmiştir (%5,33).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda stearik asit içeriğine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.115'de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda stearik asit içeriği için hesaplanan heterosis değerleri %-13,68 (Arısoy x Pınar) ile %14,88 (Samsoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-3,19 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %13,48 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri ise %-4,76 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.115).

Çizelge 4.115. F₁ Melez Genotiplerinde Stearik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-13,68*	-3,38	-6,94	4,98	-4,76
		Hb		-18,86**	-4,30	-6,94	3,44	-6,67
		KÇÜ		-8,82	-5,38	-7,82	5,38	-4,16
Pınar	(2)	Ht			8,36	5,80	2,51	5,56
		Hb			0,95	-0,56	-2,28	-0,63
		KÇÜ			13,45*	11,76	9,82	11,67
Samsoy	(3)	Ht				14,88*	12,08*	13,48
		Hb				13,57*	9,39	11,48
		KÇÜ				12,51	11,44	11,98
Ataem-7	(4)	Ht					7,29	7,29
		Hb					5,71	5,71
		KÇÜ					7,69	7,69
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			3,19					
Genel Ortalama Hb			0,01					
Genel Ortalama KÇÜ			5,00					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Stearik asit içeriğine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-18,86 (Arısoy x Pınar) ile %13,57 (Samsoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %0,01 olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğine en yüksek heterobeltiosis değeri %-6,67 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %11,48 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.115).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %13,45 ile Pınar x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %-8,82 ile Arısoy x Pınar kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %5,00 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %11,98 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-4,16 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.115).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda stearik asit içeriği yönünden yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.116'da verilmiştir.

Çizelge 4.116. Stearik Asit İçeriğine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	4,91	1,23**
b	10	4,06	0,41
b ₁	1	0,54	0,54
b ₂	4	1,13	0,28
b ₃	5	2,39	0,48
Hata	28	6,09	0,22

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda eklemeli gen etkisi varyansı (a) önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁), dominant allel genlerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.116).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda stearik asit içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.117’de verilmiştir.

Çizelge 4.117. Stearik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,054 ± 0,043
D	0,095 ± 0,105
F	0,008 ± 0,261
H ₁	0,928 ± 0,282
H ₂	0,887 ± 0,256
D-H ₁	-0,833 ± 0,250
h ²	0,040 ± 0,173
(H ₁ /D) ^{1/2}	3,126
H ₂ /4H ₁	0,239
KD/KR	1,026
h ² /H ₂ =K	0,045
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,545
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,077
r (Y _r , W _r + V _r)	0,063
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 2,111
	F _(Wr-Vr) = 0,221

Stearik asit içeriği özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.117).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,054; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,095; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,008; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 0,928; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 0,887; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -0,833 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 0,040 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 3,126; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,239; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,026; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,045; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,545 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,077 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,063 olarak negatif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.117).

Stearik asit içeriğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.117).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,077 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin negatif olması da bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.117). Buna karşın, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemsiz olarak saptanması ise yukarıdaki yorumlar ile çelişki yaratmaktadır (Çizelge 4.116).

Ancak, stearik asit içeriği için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.118). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik

varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.116). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUYE ve ÖUYE etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,545) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,077) arasındaki fark da fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.117). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 3,126 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.117).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,239 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.117). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemsiz olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.116).

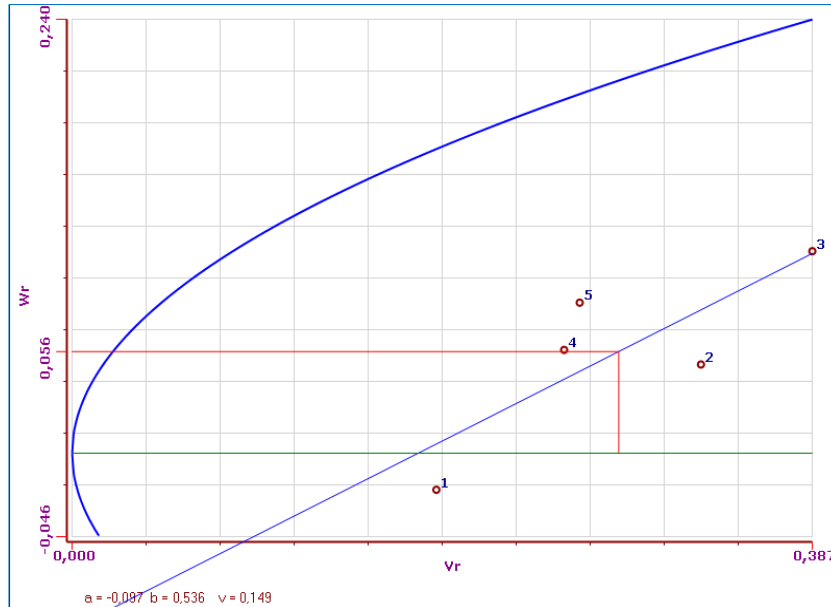
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,026 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.117).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h_2 bileşeninin önemsiz ve çok küçük saptanması dominant gen etkilerinin farklı yönlerde olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.116).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,045) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.117).

Anaçlarda gözlenen stearik asit içeriği değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,063 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.117). Bu değer pozitif olmasından dolayı, stearik asit içeriği düşük olan anaçların stearik asit içeriğini azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda stearik asit içeriği değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.17'de verilmiştir.



Şekil 4.17. Stearik Asit İçeriği Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.17. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,097$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.117). Grafik incelendiğinde Arısoy çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25); Ataem-7, Blaze ve Pınar çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği ve Samsoy çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) taşıdığı ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Samsoy çeşidinin tam olarak regresyon hattının üzerinde yer almasından dolayı çok yüksek oranda homozigot olduğu ve Ataem-7 çeşidinin ise Samsoy çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Pınar ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş soya çeşidi ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda stearik asit içeriği yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.118'de verilmiştir.

Çizelge 4.118. Stearik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	1,12	0,28**
ÖUYE	10	1,42	0,14*
Hata	28	1,47	0,05

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.118. incelendiğinde, stearik asit içeriği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Stearik asit içeriği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.119'da verilmiştir.

Çizelge 4.119. Stearik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,32**	-0,56**	-0,19	-0,29	0,29
Pınar	(2)		0,21**	0,28	0,22	-0,01
Samsoy	(3)			0,02	0,45**	0,27
Ataem-7	(4)				-0,01	0,10
Blaze	(5)					0,11
* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli						
S.H. (g _i) = 0,08; S.H. (s _{ij}) = 0,16						
Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.						

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde negatif, buna karşın Pınar genotipinde ise pozitif ve önemli GUYE saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Pınar melez kombinasyonunda önemli ve pozitif; Samsoy x Ataem-7 kombinasyonunda ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.119).

4.18. Palmitik Asit İçeriği (%)

Genotiplere ait palmitik asit içeriğine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.120’de verilmiştir.

Çizelge 4.120. Genotiplere Ait Palmitik Asit İçeriği İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,31	0,16
Genotip	14	4,83	0,35*
Hata	28	4,38	0,16
Genel	44	9,52	

* = %5 düzeyinde önemli

Palmitik asit içeriği yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.120). Bu nedenle, palmitik asit içeriği için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama palmitik asit içeriği ve önemlilik grupları Çizelge 4.121’de verilmiştir.

Çizelge 4.121. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Palmitik Asit İçeriği Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	11,09 a-e	10,84 b-e	10,47 e	10,57 de	10,86 b-e
Pınar	(2)		11,27 a-c	11,10 a-e	11,27 a-c	11,57 a
Samsoy	(3)			10,98 a-e	11,55 a	10,94 a-e
Ataem-7	(4)				11,16 a-d	10,68 c-e
Blaze	(5)					11,48 ab
F₁ Ort.			10,98 ± 0,02			
Anaç Ort.			11,19 ± 0,01			
Genel Ort.			11,05 ± 0,01			
Kontrol Çeşit (Lider)			11,46 ± 0,17			
EKÖF _(0,05) = 0,66						

Anaçlar ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama palmitik asit içeriği %11,05 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.121). Anaçlara ait ortalama palmitik asit içeriği %11,19 iken, F₁ melezlerinin ortalama palmitik asit içeriği %10,98 olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunluğunun anaçlarına göre daha düşük palmitik asit içerdikleri söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; %11,48 ile Blaze çeşidinin en yüksek, %10,98 ile Samsoy çeşidinin ise en düşük palmitik asit içeriğine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek palmitik asit Pınar x Blaze melezinde (%11,57), en düşük ise Arısoy x Samsoy melezinde saptanmıştır (%10,47). Ayrıca Blaze dışında tüm anaçlar ile Pınar x Blaze ve Samsoy x Ataem-7 dışında tüm F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha düşük palmitik asit içerdikleri belirlenmiştir (%11,46).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda palmitik asit içeriğine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.122'de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda palmitik asit içeriği için hesaplanan heterosis değerleri %-5,68 (Ataem-7 x Blaze) ile %4,31 (Samsoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-1,88 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %0,86 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri ise %-5,68 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.122).

Palmitik asit içeriğine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-7,00 (Ataem-7 x Blaze) ile %3,46 (Samsoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması %-2,91d olarak saptanmıştır. Anaçların melez serileri değerlendirildiğinde en yüksek heterobeltiosis değeri %-7,00 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde

belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri ise %-0,26 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.122).

Çizelge 4.122. F₁ Melez Genotiplerinde Palmitik Asit İçeriği Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-3,07	-5,05	-4,95	-3,69	-4,19
		Hb		-3,85	-5,56	-5,29	-5,37	-5,02
		KÇÜ		-5,44	-8,61**	-7,77*	-5,21	-6,76
Pınar	(2)	Ht			-0,27	0,51	1,64	0,63
		Hb			-1,51	-0,03	0,75	-0,26
		KÇÜ			-3,14	-1,69	0,93	-1,30
Samsoy	(3)	Ht				4,31	-2,58	0,86
		Hb				3,46	-4,70	-0,62
		KÇÜ				0,76	-4,54	-1,89
Ataem-7	(4)	Ht					-5,68*	-5,68*
		Hb					-7,00*	-7,00*
		KÇÜ					-6,84*	-6,84*
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-1,88					
Genel Ortalama Hb			-2,91					
Genel Ortalama KÇÜ			-4,15					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %0,93 ile Pınar x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri %-8,61 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-4,15 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizileri irdelendiğinde en düşük KÇÜ değeri %-1,30 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-6,84 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.122).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda palmitik asit içeriğine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.123'te verilmiştir.

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant allel genlerin

anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) parametresi ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.123).

Çizelge 4.123. Palmitik Asit İçeriğine İlişkin Yarıml Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	2,32	0,58*
b	10	4,25	0,43*
b_1	1	0,71	0,71*
b_2	4	1,32	0,33
b_3	5	2,22	0,44*
Hata	28	4,49	0,16

* = %5 düzeyinde önemli

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda palmitik asit içeriğine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.124'te verilmiştir.

Çizelge 4.124. Palmitik Asit İçeriği İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,052 ± 0,079
D	0,106 ± 0,194
F	0,065 ± 0,485
H_1	0,707 ± 0,525
H_2	0,649 ± 0,476
$D-H_1$	-0,601 ± 0,466
h^2	0,080 ± 0,321
$(H_1/D)^{1/2}$	2,584
$H_2/4H_1$	0,229
KD/KR	1,270
$h^2/H_2=K$	0,124
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,487
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,111
$r (Y_r, W_r + V_r)$	0,547
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 2,349$
	$F_{(W_r-V_r)} = 1,695$

Palmitik asit içeriği özelliği ile ilgili olarak Jinks-Hayman tipi diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.124).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,052; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,106; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,065; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 0,707; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 0,649; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -0,601 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 0,080 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,584; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,229; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,270; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,124; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,487 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,111 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,547 olarak negatif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.124).

Palmitik asit içeriğine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.124).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,111 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.123), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.124).

Jinks-Hayman tipi diallel melez analizindeki varsayımlara ek olarak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde a parametresinin önemli bulunması fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının da varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.123). Ayrıca, Griffing tipi diallel melez analizinde de GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.125).

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri

tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,487) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,111) arasındaki fark da fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.124). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,584 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.124).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı ($H_2/4H_1$) 0,229 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.124). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemsiz olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.123).

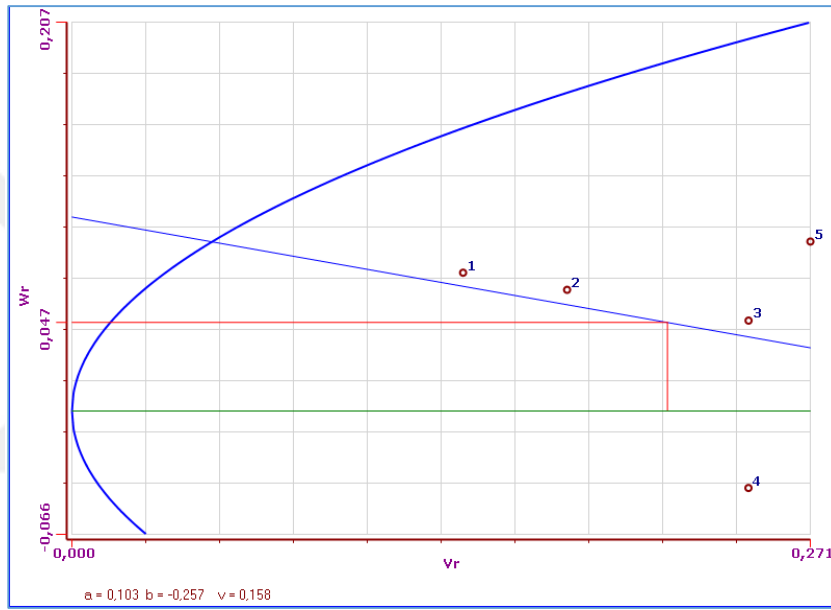
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,270 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.124).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h_2 bileşeninin önemsiz fakat pozitif olarak saptanması dominant gen etkilerinin aynı yönlerde olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.123).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,124) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.124).

Analarda gzlenen palmitik asit ierięi deęerleri ile W_r+V_r deęerlerinin byklklerine gre bulunmuř olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,547 olarak nemsiz bulunmuřtur (izelge 4.124). Bu deęerin pozitif olmasından dolayı, palmitik asit ierięi dřk olan anaların palmitik asit ierięini azaltıcı dominant genleri tařıdıkları sylenebilir.

Anaların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluřturduęu poplasyonda palmitik asit ierięi deęerlerine iliřkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) deęerlerine ait W_r-V_r grafięi řekil 4.18’de verilmiřtir.



řekil 4.18. Palmitik Asit İerięi Ynnden Analara İliřkin W_r/V_r Grafięi

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

řekil 4.18. incelendięinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) pozitif ynde ($a = 0,103$ yani orjinin stnden kesmesi bu zellik ynnden poplasyonda kısmi dominantlıęın sz konusu olduęuna iřaret etmektedir. Bu sonu, 1’den byk olarak saptanan ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ deęerinin belirttięi stn dominantlık varsayımı ile eliřki gstermektedir (izelge 4.124). Grafik incelendięinde Arısoy ve Pınar eřitlerinin regresyon hattının parabol iinde kalan blmnn orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eřite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceęi; Samsoy, Ataem-7 ve Blaze eřitlerinin ise paraboln orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri (dominant: %25; resesif: %75) tařıdıkları ve dllerine aktardıkları sylenebilir. Ayrıca, Arısoy, Pınar ve Samsoy eřitleri

regresyon hattına yakın konumda yer almalarından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmişlerdir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda palmitik asit içeriği açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.125’de verilmiştir.

Çizelge 4.125. Palmitik Asit İçeriği Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,50	0,13
ÖUYE	10	1,11	0,11
Hata	28	1,46	0,05

Çizelge 4.122. incelendiğinde, palmitik asit içeriği yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemsiz bulunmuştur.

Palmitik asit içeriği yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.126’da verilmiştir.

Çizelge 4.126. Palmitik Asit İçeriği Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,20**	-0,16	-0,34*	-0,29	-0,09
Pınar	(2)		0,14	-0,05	0,07	0,27
Samsoy	(3)			-0,04	0,53**	-0,17
Ataem-7	(4)				0,01	-0,48**
Blaze	(5)					0,10

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,08; S.H. (s_{ij}) = 0,16

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde negatif ve önemli GUYE saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Samsoy ve Ataem-7 x Blaze

melez kombinasyonlarında önemli ve negatif; Samsoy x Ataem-7 kombinasyonunda ise pozitif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.126).

4.19. Çiçeklenme Dönemi (R1) Kanopi Sıcaklığı (°C)

Kanopi sıcaklığı değerleri stres uygulaması devam ederken elde edilmiştir. Çiçeklenme dönemi (R1-R2) için 03.07.2020 tarihinde saat 13:00 ve 13:34 saatleri arasında okumalar gerçekleştirilmiştir. Bu saatler arasında sera iç ortam sıcaklığı 47,42 °C iken dış ortam sıcaklığı 43,07 °C olarak kaydedilmiştir. İç ve dış ortam sıcaklığı arasındaki fark 4,35 °C olmuştur ve bu değer ulaşmak istediğimiz dış ortam ile sera içi sıcaklık farkı olan 5 °C'ye yakındır.

Genotiplere ait kanopi sıcaklığına (R1) ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.127'de verilmiştir.

Çizelge 4.127. Genotiplere Ait Kanopi Sıcaklığı (R1) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,42	0,21
Genotip	14	19,52	1,39**
Hata	28	3,25	0,12
Genel	44	23,18	

** = %1 düzeyinde önemli

Kanopi sıcaklığı (R1) yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.127). Bu nedenle, kanopi sıcaklığı (R1) için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama kanopi sıcaklığı (R1) ve önemlilik grupları Çizelge 4.128'de verilmiştir.

Anaçlar ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama kanopi sıcaklığı (R1) 35,82 °C olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.128). Anaçlara ait ortalama kanopi sıcaklığı (R1) 36,29 °C iken, F₁ melezlerinin ortalama kanopi sıcaklığı (R1) ise 35,58 °C olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre daha düşük kanopi sıcaklığına sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; en düşük kanopi

sıcaklığı 35,75 °C ile Arısoy çeşidinde, en düşük ise 36,73 °C ile Pınar çeşidinde belirlenmiştir. F₁ melez genotipleri arasında en düşük kanopi sıcaklığı (R1) Arısoy x Blaze melezinde (34,82 °C), en yüksek ise Arısoy x Samsoy melezinde (36,85 °C) kaydedilmiştir. Ayrıca Arısoy dışında tüm anaçların kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha yüksek, buna karşın F₁ melezlerinin büyük çoğunluğunun ise daha düşük kanopi sıcaklığına sahip olduğu görülmektedir (35,85 °C).

Çizelge 4.128. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Kanopi Sıcaklığı (R1) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	35,75 c-f	36,62 ab	36,85 a	35,67 d-g	34,82 ı
Pınar	(2)		36,73 ab	35,01 hı	35,09 hı	35,14 g-ı
Samsoy	(3)			36,20 b-d	35,21 f-ı	35,50 e-h
Ataem-7	(4)				36,28 a-c	35,88 c-e
Blaze	(5)					36,51 ab
F₁ Ort.			35,58 ± 0,03			
Anaç Ort.			36,29 ± 0,02			
Genel Ort.			35,82 ± 0,03			
Kontrol Çeşit (Lider)			35,85 ± 0,13			

EKÖF_(0.05) = 0,57

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda kanopi sıcaklığı (R1) değerine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.129'da verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda kanopi sıcaklığı (R1) için hesaplanan heterosis değerleri %-4,02 (Pınar x Blaze) ile %2,41 (Arısoy x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-1,96 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-0,28 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %-3,95 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.129).

Kanopi sıcaklığı (R1) değerine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-4,63(Arısoy x Blaze) ile %3,07 (Arısoy x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-1,54 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %-3,44 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %0,67 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.129).

Çizelge 4.129. F₁ Melez Genotiplerinde Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		1,08	2,41**	-0,98	-3,62**	-0,28
		Hb		2,44**	3,07**	-0,23	-2,60**	0,67
		KÇÜ		2,15*	2,78**	-0,51	-2,87**	0,39
Pınar	(2)	Ht			-3,97**	-3,86**	-4,02**	-3,95
		Hb			-3,28**	-3,28**	-3,76**	-3,44
		KÇÜ			-2,34**	-2,12*	-1,99*	-2,15
Samsoy	(3)	Ht				-2,83**	-2,37**	-2,60
		Hb				-2,72**	-1,94*	-2,33
		KÇÜ				-1,77*	-0,98	-1,38
Ataem-7	(4)	Ht					-1,43*	-1,43
		Hb					-1,10	-1,10
		KÇÜ					0,08	0,08
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
		Genel Ortalama Ht	-1,96					
		Genel Ortalama Hb	-1,54					
		Genel Ortalama KÇÜ	-0,76					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %2,78 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-2,87 ile Arısoy x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-0,76 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %0,39 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-2,15 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.129).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda kanopi sıcaklığına (R1) ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.130'da verilmiştir.

Çizelge 4.130. Kanopi Sıcaklığına (R1) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	0,67	0,17
b	10	16,66	1,67**
b ₁	1	4,90	4,90**
b ₂	4	4,27	1,07**
b ₃	5	7,49	1,50**
Hata	28	5,73	0,20

* = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b_1), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, eklemeli gen etkisi varyansı (a) ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.130).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda kanopi sıcaklığına (R_1) ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.131’de verilmiştir.

Kanopi sıcaklığı (R_1) değeri ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘ t ’ değerinin ve W_r - V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla doğrulanmıştır (Çizelge 4.131).

Çizelge 4.131. Kanopi Sıcaklığı (R_1) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,041 ± 0,243
D	0,136 ± 0,595
F	0,413 ± 1,488
H_1	2,659 ± 1,608
H_2	2,314 ± 1,459
$D-H_1$	-2,523 ± 1,427
h^2	1,286 ± 0,985
$(H_1/D)^{1/2}$	4,421
$H_2/4H_1$	0,218
KD/KR	2,044
$h^2/H_2=K$	0,556
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,458
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,053
$r (Y_r, W_r + V_r)$	0,190
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 3,038$
	$F_{(W_r-V_r)} = 2,968$

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,041; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,136; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,413; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 2,659; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 2,314; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -2,523 ve heterozigotluk

gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 1,286 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 4,421; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,218; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 2,044; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,556; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,458 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,053 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,190 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.131).

Kanopi sıcaklığı (R1) değerine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.131).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,053 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.130), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D- H_1 parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.131).

Kanopi sıcaklığı (R1) için hesaplanan özel uyum yeteneği etkiler önemli, genel uyum yeteneği etkileri ise önemsiz bulunmuştur. Bu sonuç, incelenen popülasyonda eklemeli olmayan gen etkilerinin üstünlüğüne işaret etmektedir (Çizelge 4.132). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli olmayan varyans bileşeninin eklemeli genetik varyans bileşenlerinden daha etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemsiz bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli olmayan gen etkisi varyansının üstünlüğü doğrulanmaktadır (Çizelge 4.130).

Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 4,421 olarak. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür belirlenmiştir (Çizelge 4.131).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı ($H_2/4H_1$) 0,218 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.131). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde

olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.130).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 2,044 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.131).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz fakat pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.130).

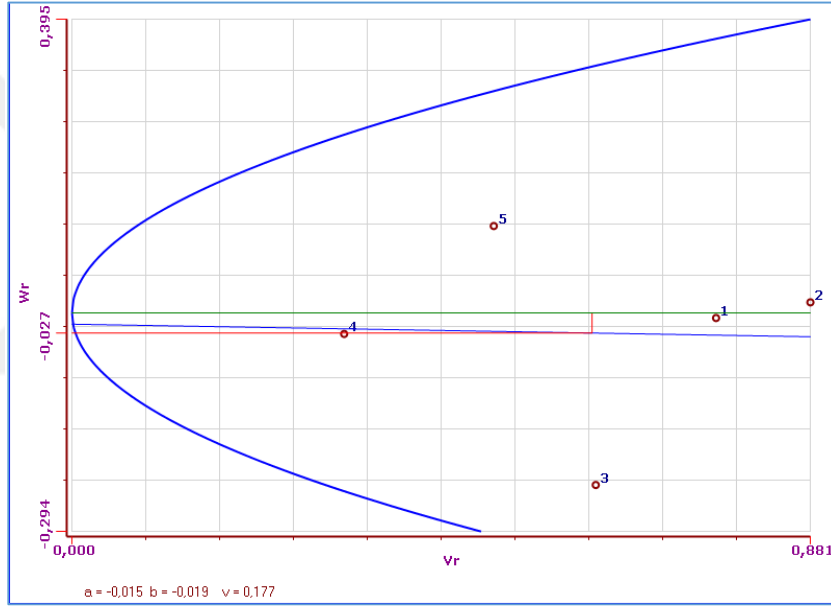
İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,556) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.131).

Anaçlarda gözlenen kanopi sıcaklığı (R_1) değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,190 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.131). Bu değer pozitif olmasından dolayı, kanopi sıcaklığı (R_1) düşük olan anaçların kanopi sıcaklığını (R_1) azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda kanopi sıcaklığı (R_1) değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.19'da verilmiştir.

Şekil 4.19. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) pozitif yönde ($a = -0,015$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Bu sonuç, ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} değerinin de 1'den büyük olarak saptanması ve üstün dominantlığın varlığı varsayımı ile benzerlik göstermektedir (Çizelge 4.131). Grafik incelendiğinde Ataem-7 çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha

fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25); Samsoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın oranlarda bulunabileceği (dominant: %50; resesif: %50); Arısoy ve Pınar çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Ataem-7 çeşidinin neredeyse tam olarak regresyon hattının üzerinde yer almasından dolayı yüksek oranda homozigot olduğu ve Arısoy çeşidinin ise Ataem-7 çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Pınar, Samsoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.



Şekil 4.19. Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda kanopi sıcaklığı (R1) yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.132’de verilmiştir.

Çizelge 4.132. incelendiğinde, kanopi sıcaklığı (R1) yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları önemsiz, buna karşın F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları ise önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.132. Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,15	0,04
ÖUYE	10	6,36	0,64**
Hata	28	1,08	0,04

** = %1 düzeyinde önemli

Kanopi sıcaklığı (R1) yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.133’de verilmiştir.

Anaçların değerlendirildiğinde, genotiplerin tamamında GUYE önemsiz bulunmuştur. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Pınar ve Arısoy x Samsoy melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7, Pınar x Blaze ve Samsoy x Ataem-7 kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.133).

Çizelge 4.133. Kanopi Sıcaklığı (R1) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,08	0,66**	0,94**	-0,16	-1,00**
Pınar	(2)		0,06	-0,88**	-0,72**	-0,66**
Samsoy	(3)			0,01	-0,54**	-0,25
Ataem-7	(4)				-0,07	0,21
Blaze	(5)					-0,08

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,07; S.H. (s_{ij}) = 0,14

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

4.20. Tane Dolum Başlangıcı Dönemi (R5) Kanopi Sıcaklığı (°C)

Kanopi sıcaklığı değerleri stres uygulaması devam ederken elde edilmiştir. Tane dolum başlangıcı dönemi (R5) için 03.07.2020 tarihinde saat 13:10 ve 13:48 saatleri arasında okumalar gerçekleştirilmiştir. Bu saatler arasında sera iç ortam sıcaklığı 44,07 °C iken dış ortam sıcaklığı 39,15 °C olarak kaydedilmiştir. İç ve dış ortam sıcaklığı arasındaki fark 4,92 °C olmuştur ve bu değer ulaşmak istediğimiz dış ortam ile sera içi sıcaklık farkı olan 5 °C’ye çok yakındır.

Genotiplere ait kanopi sıcaklığına (R5) ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.134'te verilmiştir.

Çizelge 4.134. Genotiplere Ait Kanopi Sıcaklığı (R5) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,19	0,10
Genotip	14	10,04	0,72**
Hata	28	1,55	0,06
Genel	44	11,79	

** = %1 düzeyinde önemli

Kanopi sıcaklığı (R5) yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.134). Bu nedenle, kanopi sıcaklığı (R5) için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlara ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama kanopi sıcaklığı (R5) ve önemlilik grupları Çizelge 4.135'de verilmiştir.

Çizelge 4.135. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Kanopi Sıcaklığı (R5) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	35,83 ab	35,65 bc	35,13 e-h	34,55 hı	34,95 gh
Pınar	(2)		34,55 ij	34,30 j	34,83 g-ı	34,84 g-ı
Samsoy	(3)			35,17 d-g	35,35 c-f	35,55 b-d
Ataem-7	(4)				35,03 f-h	36,07 a
Blaze	(5)					35,47 b-e
F₁ Ort.			35,14 ± 0,02			
Anaç Ort.			35,21 ± 0,03			
Genel Ort.			35,17 ± 0,02			
Kontrol Çeşit (Lider)			36,23 ± 0,24			

EKÖF_(0.05) = 0,39

Anaçlar ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama kanopi sıcaklığı (R5) 35,17 °C olarak saptanmıştır (Çizelge 4.135). Anaçlara ait ortalama kanopi sıcaklığı (R5) 35,21 °C iken, F₁ melezlerinin ortalama kanopi sıcaklığı (R5) ise 35,14 °C olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre daha düşük kanopi sıcaklığına sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde; en düşük kanopi sıcaklığı (R5) 34,55 °C ile Pınar çeşidinde, en yüksek ise 35,83 °C ile Arısoy çeşidinde belirlenmiştir. F₁ melez genotipleri arasında en düşük kanopi sıcaklığı (R5) Pınar x Samsoy melezinde (34,30 °C), en yüksek ise Ataem-7 x Blaze melezinde (36,07 °C) kaydedilmiştir.

Ayrıca tüm anaç ve F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha düşük kanopi sıcaklığına (R5) sahip olduğu görülmektedir (36,23 °C).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda kanopi sıcaklığına (R5) ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.136'da verilmiştir.

Çizelge 4.136. F₁ Melez Genotiplerinde Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		1,31*	-1,03*	-1,92**	-1,96**	-0,90
		Hb		3,18**	-0,10	-0,80	-1,47*	0,20
		KÇÜ		-1,60**	-3,03**	-4,09**	-3,53**	-3,06
Pınar	(2)	Ht			-1,61**	0,12	-0,48	-0,65
		Hb			-0,72	0,82	0,85	0,32
		KÇÜ			-5,33**	-3,86**	-3,83**	-4,34
Samsoy	(3)	Ht				0,71	0,65	0,68
		Hb				0,91	1,08	1,00
		KÇÜ				-2,43**	-1,88**	-2,15
Ataem-7	(4)	Ht					2,32**	2,32
		Hb					2,96**	2,96
		KÇÜ					-0,45	-0,45
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-0,19					
Genel Ortalama Hb			0,67					
Genel Ortalama KÇÜ			-3,00					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda kanopi sıcaklığı (R5) için hesaplanan heterosis değerleri %-1,96 (Arısoy x Blaze) ile %2,32 (Ataem-7 x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-0,19 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %2,32 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %-0,90 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.136).

Kanopi sıcaklığına (R5) ilişkin heterobeltiosis değerleri %-1,47 (Arısoy x Blaze) ile %3,18 (Arısoy x Pınar) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %0,67 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %0,20 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük

heterobeltiosis değeri %2,96 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.136).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-0,45 ile Ataem-7 x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-5,33 ile Pınar x Samsoy kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-3,00 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-0,45 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-4,34 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.136).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda kanopi sıcaklığına (R5) ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.137’de verilmiştir.

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.137).

Çizelge 4.137. Kanopi Sıcaklığına (R5) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	5,87	1,47**
b	10	7,11	0,71**
b ₁	1	0,28	0,28
b ₂	4	1,11	0,28*
b ₃	5	5,72	1,14**
Hata	28	2,76	0,10

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda kanopi sıcaklığına (R5) ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.138’de verilmiştir.

Kanopi sıcaklığı (R5) özelliği ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r-

Vr varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla doğrulanmıştır (Çizelge 4.138)

Çizelge 4.138. Kanopi Sıcaklığı (R5) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,027 ± 0,088
D	0,201 ± 0,216
F	0,150 ± 0,540
H ₁	1,038 ± 0,584
H ₂	1,019 ± 0,530
D-H ₁	-0,836 ± 0,518
h ²	0,029 ± 0,358
(H ₁ /D) ^{1/2}	2,270
H ₂ /4H ₁	0,245
KD/KR	1,393
h ² /H ₂ =K	0,028
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,566
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,168
r (Yr, Wr + Vr)	0,584
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 0,863
	F _(Wr-Vr) = 1,994

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,027; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,201; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,150; dominant gen etkisi varyansı (H₁) 1,038; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H₂) 1,019; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D-H₁) -0,836 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h²) 0,029 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} 2,270; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran (H₂/4H₁) 0,245; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,393; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran (h²/H₂ = K) 0,028; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,566 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,168 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,584 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.138).

Kanopi sıcaklığına (R5) ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.138).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,168 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.137), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.138).

Kanopi sıcaklığı (R_5) için hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.139). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.137). Buna karşın, ÖUYE varyansının GUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli olmayan gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayıramamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,566) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,168) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.138). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,270 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.138).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,245 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.138). Bu değer 0,25'e çok yakın olmasından dolayı, incelenen özelliğin ortaya çıkışında olumlu ve olumsuz allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olduğu söylenebilir. Ancak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_2 parametresinin önemli bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.109).

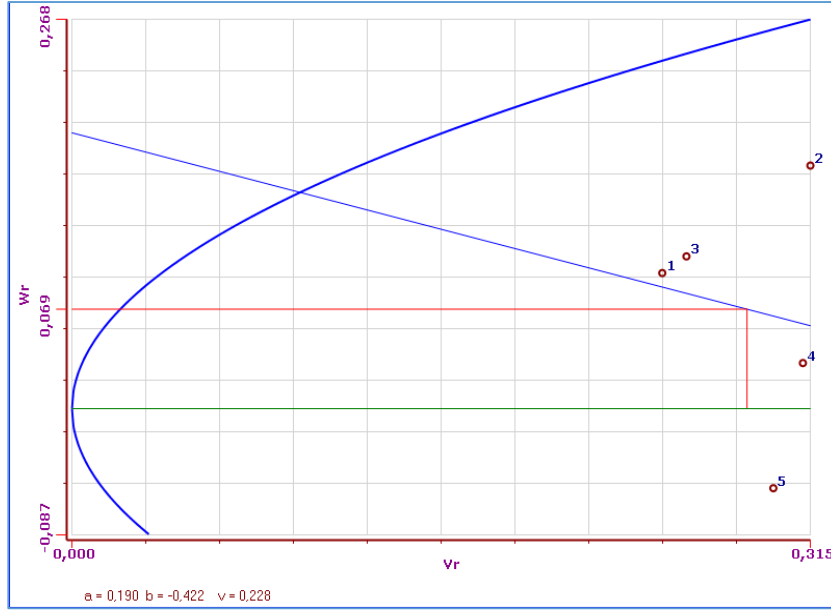
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,393 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.138).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz olarak bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz ve düşük olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olmadığını göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.137).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına $(h^2/H_2=K)$ ait değer 1'den küçük (0,028) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.138).

Anaçlarda gözlenen kanopi sıcaklığı (R_5) değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,584 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.138). Bu değer negatif olmasından dolayı, kanopi sıcaklığı (R_5) yüksek olan anaçların kanopi sıcaklığını (R_5) artırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda kanopi sıcaklığı (R_5) değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.20'de verilmiştir.



Şekil 4.20. Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Anaçlara İlişkin Wr/Vr Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.20. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) pozitif yönde ($a = 0,190$) yani orjinin üstünden kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda kısmi dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Bu sonuç, 1'den büyük olarak saptanan ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin belirttiği üstün dominantlık varsayımı ile çelişki göstermektedir (Çizelge 4.138). Grafik incelendiğinde Arısoy ve Samsoy çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği; Pınar, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Arısoy çeşidi regresyon hattına yakın konumda yer aldığından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmiştir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Pınar, Samsoy, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda kanopi sıcaklığı (R5) açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.139'da verilmiştir.

Çizelge 4.139. Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri İçin Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,82	0,21**
ÖUYE	10	2,22	0,22**
Hata	28	0,79	0,03

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.139. incelendiğinde, kanopi sıcaklığı (R5) yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Kanopi sıcaklığı (R5) yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.140'da verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Pınar genotipinde negatif, buna karşın Arısoy ve Blaze genotiplerinde ise pozitif ve önemli GUYE saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Pınar, Samsoy x Ataem-7, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Ataem-7, Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy ve Pınar x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.140).

Çizelge 4.140. Kanopi Sıcaklığı (R5) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,15**	0,56**	-0,14	-0,58**	-0,56**
Pınar	(2)		-0,25**	-0,58**	-0,10	-0,27*
Samsoy	(3)			-0,07	0,24*	0,25*
Ataem-7	(4)				-0,01	0,71**
Blaze	(5)					0,17**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,06; S.H. (s_{ij}) = 0,12

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

4.21. Çiçeklenme Döneminde (R1) SPAD Değeri

SPAD değerleri sıcaklık stresi etkisinin fizyolojik olarak devam ettiği varsayımı ile beş günlük stres uygulamasının sonlandırıldığı günün hemen ertesinde elde edilmiştir (08.07.2020). Genotiplere ait SPAD (R1) değerine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.141'de verilmiştir.

Çizelge 4.141. Genotiplere Ait SPAD (R1) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,08	0,04
Genotip	14	60,26	4,30**
Hata	28	0,55	0,02
Genel	44	60,88	

** = %1 düzeyinde önemli

SPAD (R1) değeri yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.141). Bu nedenle, SPAD (R1) değeri için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır. Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama SPAD (R1) değeri ve önemlilik grupları Çizelge 4.142’de verilmiştir.

Çizelge 4.142. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama SPAD (R1) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	42,61 a	42,43 ab	41,30 d	42,58 a	40,32 gh
Pınar	(2)		40,51 fg	39,02 i	41,71 c	40,20 h
Samsoy	(3)			42,32 b	41,33 d	38,81 i
Ataem-7	(4)				40,78 e	40,47 fg
Blaze	(5)					40,63 ef
F₁ Ort.			40,82 ± 0,06			
Anaç Ort.			41,37 ± 0,07			
Genel Ort.			41,00 ± 0,05			
Kontrol Çeşit (Lider)			44,54 ± 0,27			

EKÖF (0.05) = 0,23

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama SPAD (R1) değeri 41,00 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.142). Anaçlara ait ortalama SPAD (R1) değeri 41,37 iken, F₁ melezlerinin ortalama SPAD (R1) değeri 40,82 olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha düşük SPAD (R1) değerine sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde, Arısoy çeşidinin 42,61 ile en yüksek, Pınar çeşidinin ise 40,51 ile en düşük SPAD (R1) değerine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında SPAD (R1) değeri en yüksek Arısoy x Ataem-7 melezinde (42,58), en düşük ise Samsoy x Blaze melezinde tespit edilmiştir (38,81). Ayrıca tüm anaç ve F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider’e göre daha düşük SPAD (R1) değerine sahip oldukları belirlenmiştir (44,54).

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda SPAD (R1) değerine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.143'te verilmiştir.

Çizelge 4.143. F₁ Melez Genotiplerinde SPAD (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		2,09**	-2,75**	2,10**	-3,12**	-0,42
		Hb		-0,42	-3,07**	-0,08	-5,37**	-2,24
		KÇÜ		-4,74**	-7,27**	-4,41**	-9,47**	-6,47
Pınar	(2)	Ht			-5,79**	2,61**	-0,91**	-1,36
		Hb			-7,79**	2,28**	-1,06**	-2,19
		KÇÜ			-12,39**	-6,35**	-9,74**	-9,49
Samsoy	(3)	Ht				-0,52*	-6,44**	-3,48
		Hb				-2,33**	-8,29**	-5,31
		KÇÜ				-7,20**	-12,86**	-10,03
Ataem-7	(4)	Ht					-0,60*	-0,60
		Hb					-0,77*	-0,77
		KÇÜ					-9,15	-9,15
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-1,33					
Genel Ortalama Hb			-2,69					
Genel Ortalama KÇÜ			-8,36					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda SPAD (R1) değeri için hesaplanan heterosis değerleri % -6,44 (Samsoy x Blaze) ile %2,61 (Pınar x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-1,33 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-3,48 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %-0,42 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.143).

SPAD (R1) değerine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-8,29 (Samsoy x Blaze) ile %2,28 (Pınar x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-2,69 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %-0,77 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-5,31 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.143).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-12,86 ile Samsoy x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-4,41 ile Arısoy x Ataem-7 kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-8,36 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-10,03 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-6,47 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.143).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda SPAD (R1) değerine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.144'te verilmiştir.

Çizelge 4.144. SPAD (R1) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	26,90	6,72**
b	10	32,30	3,23**
b ₁	1	1,60	1,60**
b ₂	4	23,06	5,77**
b ₃	5	7,64	1,53**
Hata	28	0,62	0,02

* = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.144).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda SPAD (R1) değerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.145'te verilmiştir.

SPAD (R1) değeri ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin önemsiz bulunmasıyla doğrulanırken, W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemli bulunmasıyla birlikte geçersiz kalmıştır (Çizelge 4.145). Ancak, Hayman (1954) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı

araştırmacılar tarafından dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Çizelge 4.145. SPAD (R1) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,007 ± 0,529
D	0,966 ± 1,295
F	0,818 ± 3,234
H ₁	5,070 ± 3,497
H ₂	4,745 ± 3,717
D-H ₁	-4,104 ± 3,102
h ²	0,882 ± 2,141
(H ₁ /D) ^{1/2}	2,291
H ₂ /4H ₁	0,234
KD/KR	1,453
h ² /H ₂ =K	0,186
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,973
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,184
r (Y _r , W _r + V _r)	0,415
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 1,643
	F _(W_r-V_r) = 34,595**

** = %1 düzeyinde önemli

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,007; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,966; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,818; dominant gen etkisi varyansı (H₁) 5,070; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H₂) 4,745; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D-H₁) -4,104 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h²) 0,882 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} 2,291; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran (H₂/4H₁) 0,234; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,453; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran (h²/H₂ = K) 0,186; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,973 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,415 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,415 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.145).

SPAD (R1) değerine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.145).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,184 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.144), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.145).

Ancak, SPAD (R1) değeri için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.146). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda hem eklemeli genetik varyans bileşeninin hem de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenlerinin etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.144). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,973) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,184) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.145). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,291 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.145).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,234 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.145). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.144).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,453 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.145).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli olarak bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz fakat pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.144).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına $(h^2/H_2=K)$ ait değer 1'den küçük (0,186) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.145).

Anaçlarda gözlenen SPAD (R1) değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,415 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.145). Bu değer pozitif olmasından dolayı, SPAD (R1) değeri düşük olan anaçların SPAD (R1) değerini azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda SPAD (R1) değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.21'de verilmiştir.



Şekil 4.21. SPAD (R1) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.21. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -0,385$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını doğrulamaktadır (Çizelge 4.145). Grafik incelendiğinde Blaze çeşidinin parabolün orjin noktasına çok yakın olmasından dolayı çok daha fazla orana dominant gen taşıdığı (dominant: %100; resesif: %0), Arısoy ve Ataem-7 çeşitlerinin parabolün orjin noktasına yakın olması anaçların genotiplerinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Pınar çeşidinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin anacın genotipinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği ve Samsoy çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdığı (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, Arısoy çeşidi regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmişlerdir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Pınar, Samsoy, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda SPAD (R1) değeri açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.146'da verilmiştir.

Çizelge 4.146. SPAD (R1) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	8,75	2,19**
ÖUYE	10	11,23	1,12**
Hata	28	0,17	0,01

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.146. incelendiğinde, SPAD (R1) yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

SPAD (R1) değeri yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.147'de verilmiştir.

Çizelge 4.147. SPAD (R1) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,82**	0,84**	-0,40**	0,52**	-0,85**
Pınar	(2)		-0,24**	-1,61**	0,72**	0,10*
Samsoy	(3)			-0,14**	0,24**	-1,40**
Ataem-7	(4)				0,22**	-0,10*
Blaze	(5)					-0,66**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,03; S.H. (s_{ij}) = 0,05

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy ve Ataem-7 genotiplerinde pozitif, buna karşın Pınar, Samsoy ve Blaze genotiplerinde ise negatif ve önemli GUYE saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Pınar, Arısoy x Ataem-7, Pınar x Ataem-7, Pınar x Blaze ve Samsoy x Ataem-7 melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Samsoy, Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.147).

4.22. Tane Dolum Başlangıcı Döneminde (R5) SPAD Değeri

SPAD değerleri sıcaklık stresi etkisinin fizyolojik olarak devam ettiği varsayımı ile beş günlük stres uygulamasının sonlandırıldığı günün hemen ertesinde elde edilmiştir (12.08.2020).

Genotiplere ait SPAD (R5) değerine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.148'de verilmiştir.

Çizelge 4.148. Genotiplere Ait SPAD (R5) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,38	0,19
Genotip	14	95,60	6,83**
Hata	28	11,16	0,40
Genel	44	107,15	

** = %1 düzeyinde önemli

SPAD (R5) değeri yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.148). Bu nedenle, SPAD (R5) değeri için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama SPAD (R5) değerleri ve önemlilik grupları Çizelge 4.149'da verilmiştir.

Anaçlar ve F₁'lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama SPAD (R5) değeri 50,94 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.149). Anaçlara ait ortalama SPAD (R5) değeri 50,17 iken, F₁ melezlerinin ortalama SPAD (R5) değeri 51,32 olarak bulunmuştur. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin anaçlarına göre daha yüksek SPAD değerine sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde, Arısoy çeşidinin 53,33 ile en yüksek, Pınar çeşidinin ise 49,41 ile en düşük SPAD (R5) değerine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek SPAD (R5) değeri Arısoy x Blaze melezinde (53,62), en düşük ise Arısoy x Samsoy melezinde tespit edilmiştir (48,14). Ayrıca Arısoy dışında tüm anaçların kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha düşük, buna karşın F₁ melezlerinin büyük çoğunluğunun daha yüksek SPAD (R5) değerine sahip oldukları belirlenmiştir (50,53).

Çizelge 4.149. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama SPAD (R5) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	53,33 b	51,97 cd	48,14 ı	51,41 cde	53,62 a
Pınar	(2)		49,41 h	53,23 ab	51,42 ce	51,20 df
Samsoy	(3)			49,44 h	50,55 eg	51,47 ce
Ataem-7	(4)				50,07 gh	50,21 fh
Blaze	(5)					49,61 gh
F₁ Ort.			51,32 ± 0,07			
Anaç Ort.			50,17 ± 0,08			
Genel Ort.			50,94 ± 0,06			
Kontrol Çeşit (Lider)			50,53 ± 0,22			

EKÖF_(0.05) = 1,06

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda SPAD (R5) değerine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.150’de verilmiştir.

Çizelge 4.150. F₁ Melez Genotiplerinde SPAD (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		2,16**	-5,41**	0,41	5,20**	0,59
		Hb		-0,69	-8,01**	-1,76	2,47**	-2,00
		KÇÜ		2,84**	-4,73**	1,74	6,12**	1,49
Pınar	(2)	Ht			7,69**	3,38**	3,41**	4,83
		Hb			7,67**	2,70*	3,20**	4,53
		KÇÜ			5,35**	1,76	1,33	2,81
Samsoy	(3)	Ht				1,59	3,91**	2,75
		Hb				0,97	3,74**	2,36
		KÇÜ				0,05	1,86	0,95
Ataem-7	(4)	Ht					0,74	0,74
		Hb					0,28	0,28
		KÇÜ					-0,63	-0,63
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			2,31					
Genel Ortalama Hb			1,06					
Genel Ortalama KÇÜ			1,57					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda SPAD (R5) değeri için hesaplanan heterosis değerleri %-5,41 (Arısoy x Samsoy) ile %7,69 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-8,01 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %0,59 ile Arısoy çeşidinin ana olarak

kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %4,83 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.150).

SPAD (R5) değerine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-8,01 (Arısoy x Samsoy) ile %7,67 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %1,06 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %4,53 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-2,00 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.150).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-4,73 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %6,12 ile Arısoy x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-1,57 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-0,63 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %2,81 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.150).

Ana ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda SPAD (R5) değerine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.151’de verilmiştir.

Çizelge 4.151. SPAD (R5) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	16,04	4,01**
b	10	85,18	8,52**
b ₁	1	16,04	16,04**
b ₂	4	18,05	4,51**
b ₃	5	51,09	10,22**
Hata	28	13,69	0,49

* = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.151).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda SPAD (R5) değerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.152’de verilmiştir.

Çizelge 4.152. SPAD (R5) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,128 ± 2,091
D	1,948 ± 5,123
F	2,528 ± 12,797
H_1	11,179 ± 13,835
H_2	10,254 ± 12,548
D- H_1	-9,230 ± 12,273
h^2	3,303 ± 8,472
$(H_1/D)^{1/2}$	2,395
$H_2/4H_1$	0,229
KD/KR	1,743
$h^2/H_2=K$	0,322
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,574
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,175
$r (Y_r, W_r + V_r)$	0,582
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 3,287^*$
	$F_{(W_r-V_r)} = 22,331^{**}$

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

SPAD (R5) değeri ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemli bulunmasıyla birlikte geçersiz kalmıştır (Çizelge 4.152). Ancak, Hayman (1954) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı araştırmacılar tarafından dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,128; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 1,948; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 2,528; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 11,179; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 10,254; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D- H_1) -9,230 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 3,303 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,395; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,229; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR)

1,743; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,322; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,573 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,175 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,582 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.152).

SPAD (R5) değerine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.152).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,175 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.151), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.152).

Ancak, SPAD (R5) için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.153). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda hem eklemeli genetik varyans bileşeninin hem de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenlerinin etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.151). Buna karşın, ÖUYE varyansının GUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli olmayan gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,574) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,175) arasındaki fark da fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak

üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.152). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,395 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.152).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,229 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.152). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.151).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,743 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.152).

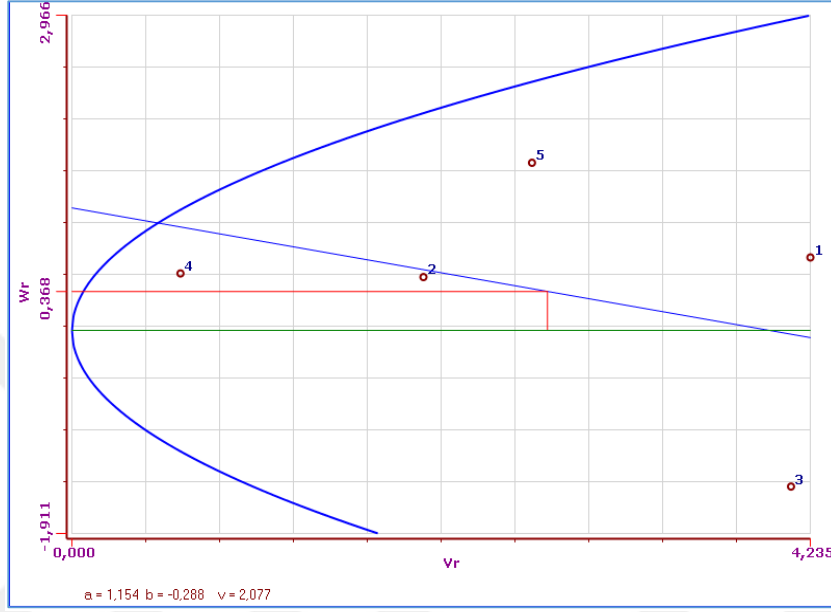
Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli olarak bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz fakat pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.151).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,322) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.152).

Anaçlarda gözlenen SPAD (R5) değerleri ile W_T+V_T değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{YT}) 0,582 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.152). Bu değer pozitif olmasından dolayı, SPAD (R5)

değeri düşük olan anaçların SPAD (R5) değerini azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F₁ melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda SPAD (R5) değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.22’de verilmiştir.



Şekil 4.22. SPAD (R5) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.22. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) pozitif yönde (a = 1,154) yani orjinin üstünden kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda kısmi dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Bu sonuç, 1’den büyük olarak saptanan ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} değerinin belirttiği üstün dominantlık varsayımı ile çelişki göstermektedir (Çizelge 4.152). Grafik incelendiğinde Ataem-7 çeşidinin parabolün orjin noktasına çok yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla çok daha fazla olabileceği (dominant: %100; resesif: %0), Pınar çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olmasından dolayı genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla bulunabileceği (dominant: %75; resesif: %25), Blaze çeşidinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almasından dolayı dominant ve resesif allellerin anacın genotipinde eşite yakın oranlarda bulunabileceği (dominant: %50; resesif: %50); Arısoy ve Samsoy çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine

aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Pınar çeşidi regresyon hattına çok yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmiştir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Samsoy, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin ise regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda SPAD (R5) değeri açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.153'te verilmiştir.

Çizelge 4.153. SPAD (R5) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	4,74	1,19**
ÖUYE	10	27,12	2,71**
Hata	28	3,72	0,13

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.153. incelendiğinde, SPAD (R5) değeri yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

SPAD (R5) değeri yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.154'te verilmiştir.

Çizelge 4.154. SPAD (R5) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,59**	0,29	-2,92**	0,15	2,07**
Pınar	(2)		0,14	2,63**	0,61*	0,10
Samsoy	(3)			-0,48**	0,37	0,99**
Ataem-7	(4)				-0,27*	-0,47
Blaze	(5)					0,01

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,12; S.H. (s_{ij}) = 0,25

Koyu yazılan değerler GUYE etkileri, diğerleri ÖUYE etkileridir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy genotipinde pozitif, buna karşın Samsoy ve Ataem-7 genotiplerinde ise negatif ve önemli GUYE saptanmıştır. Mezlemlere ait ÖUYE

incelendiğinde; Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7 ve Samsoy x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Samsoy kombinasyonunda ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.154).

4.23. Çiçeklenme Döneminde (R1) Stomatal İletkenlik Değeri ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)

Stomatal iletkenlik değerleri sıcaklık stresi etkisinin fizyolojik olarak devam ettiği varsayımı ile beş günlük stres uygulamasının sonlandırıldığı günün hemen ertesinde elde edilmiştir (08.07.2020).

Genotiplere ait stomatal iletkenliğe (R1) ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.155’de verilmiştir.

Stomatal iletkenlik (R1) yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.155). Bu nedenle, stomatal iletkenlik (R1) için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Çizelge 4.155. Genotiplere Ait Stomatal İletkenlik (R1) İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	61,52	30,76
Genotip	14	196.077,96	14.005,57**
Hata	28	301,44	10,8
Genel	44	196.440,92	

** = %1 düzeyinde önemli

Anaçlara ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama stomatal iletkenlik (R1) ve önemlilik grupları Çizelge 4.156’da verilmiştir.

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama stomatal iletkenlik (R1) $588,06 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ olarak saptanmıştır (Çizelge 4.156). Anaçlara ait ortalama stomatal iletkenlik (R1) $594,17 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ iken, F₁ melezlerinin ortalama stomatal iletkenliği (R1) $585,01 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ olarak saptanmıştır. Anılan çizelge incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunu anaçlarına göre daha yüksek stomatal iletkenliğe sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde, Blaze çeşidinin $684,49 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ile en yüksek, Pınar çeşidinin ise $531,84 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ile en düşük stomatal iletkenlik (R1) değerine sahip olduğu görülmektedir.

F₁ melez genotipleri arasında en yüksek stomatal iletkenlik (R1) değeri Arısoy x Blaze melezinde (653,56 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), en düşük ise Pınar x Samsoy melezinde tespit edilmiştir (402,65 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$). Ayrıca tüm anaç ve F₁ melezlerinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha düşük stomatal iletkenliğe (R1) sahip oldukları belirlenmiştir (713,85 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$).

Çizelge 4.156. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Stomatal İletkenlik (R1) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	631,62 c	550,75 g	402,65 i	622,26 d	653,56 b
Pınar	(2)		531,84 h	648,69 b	608,27 e	605,00 e
Samsoy	(3)			536,70 h	624,01 d	585,09 f
Ataem-7	(4)				586,18 f	549,83 g
Blaze	(5)					684,49 a
F₁ Ort.			585,01 ± 3,45			
Anaç Ort.			594,17 ± 4,32			
Genel Ort.			588,06 ± 2,63			
Kontrol Çeşit (Lider)			713,85 ± 2,29			

EKÖF_(0.05) = 5,49

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda stomatal iletkenliğe (R1) ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.157'de verilmiştir.

Çizelge 4.157. F₁ Melez Genotiplerinde Stomatal İletkenlik (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-5,33**	-31,07**	2,19**	-0,68	-8,72
		Hb		-12,80**	-36,25**	-1,48**	-4,52**	-13,76
		KÇÜ		-22,85**	-43,60**	-12,83**	-8,45	-21,93
Pınar	(2)	Ht			21,41**	8,81**	-0,52	9,90
		Hb			20,87**	3,77**	-11,61**	4,34
		KÇÜ			-9,13**	-14,79**	-15,25**	-13,06
Samsoy	(3)	Ht				11,14**	-4,18**	3,48
		Hb				6,45**	-14,52**	-4,03
		KÇÜ				-12,59**	-18,04**	-15,31
Ataem-7	(4)	Ht					-13,46**	-13,46
		Hb					-19,67**	-19,67
		KÇÜ					-22,98**	-22,98
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-1,17					
Genel Ortalama Hb			-6,98					
Genel Ortalama KÇÜ			-18,05					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F₁ melez popülasyonunda stomatal iletkenlik (R1) için hesaplanan heterosis değerleri %-31,07 (Arısoy x Samsoy) ile %21,41 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-1,17 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-13,46 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %9,90 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.157).

Stomatal iletkenliğe (R1) ilişkin heterobeltiosis değerleri %-36,25 (Arısoy x Samsoy) ile %20,87 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-6,98 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %4,34 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-19,67 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.157).

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-43,60 ile Arısoy x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-8,45 ile Arısoy x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-18,05 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-22,98 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-13,06 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.157).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda stomatal iletkenliğe (R1) ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.158’de verilmiştir.

Çizelge 4.158. Stomatal İletkenliğe (R1) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	42.687,54	10.671,88**
b	10	153.438,70	15.343,87**
b ₁	1	840,27	840,27**
b ₂	4	38.903,92	9.725,98**
b ₃	5	113.694,50	22.738,89**
Hata	28	313,02	11,18

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık

varyansı (b_1), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.158).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda stomatal iletkenliğe (R1) ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.159’da verilmiştir.

Çizelge 4.159. Stomatal İletkenlik (R1) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	4,250 ± 4.198,626
D	4.204,151 ± 10.284,492
F	5.003,762 ± 25.690,652
H_1	21.659,215 ± 27.774,476
H_2	20.372,591 ± 25.191,757
D- H_1	-17.455,064 ± 24.639,891
h^2	216,731 ± 17.008,116
$(H_1/D)^{1/2}$	2,270
$H_2/4H_1$	0,235
KD/KR	1,711
$h^2/H_2=K$	0,011
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,983
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,201
$r (Y_r, W_r + V_r)$	0,329
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 2,119$
	$F_{(W_r-V_r)} = 992,265^{**}$

** = %1 düzeyinde önemli

Stomatal iletkenlik (R1) değeri ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin önemsiz bulunmasıyla doğrulanırken, W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemli bulunmasıyla birlikte geçersiz kalmıştır (Çizelge 4.159). Ancak, Hayman (1954) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı araştırmacılar tarafından dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 4,250; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 4204,151; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 5003,762; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 21659,215; gen dağılışına göre düzeltilmiş

dominantlık varyansı (H_2) 20372,591; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -17455,064 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 216,731 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,270; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,235; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,711; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,011; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,983 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,201 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,329 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.159).

Stomatal iletkenliğe (R1) ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.154).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,201 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.158), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.159).

Ancak, stomatal iletkenlik (R1) için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.160). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.158). Buna karşın, ÖUYE varyansının GUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli olmayan gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans

bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayırlamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,983) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,201) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.159). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,270 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.159).

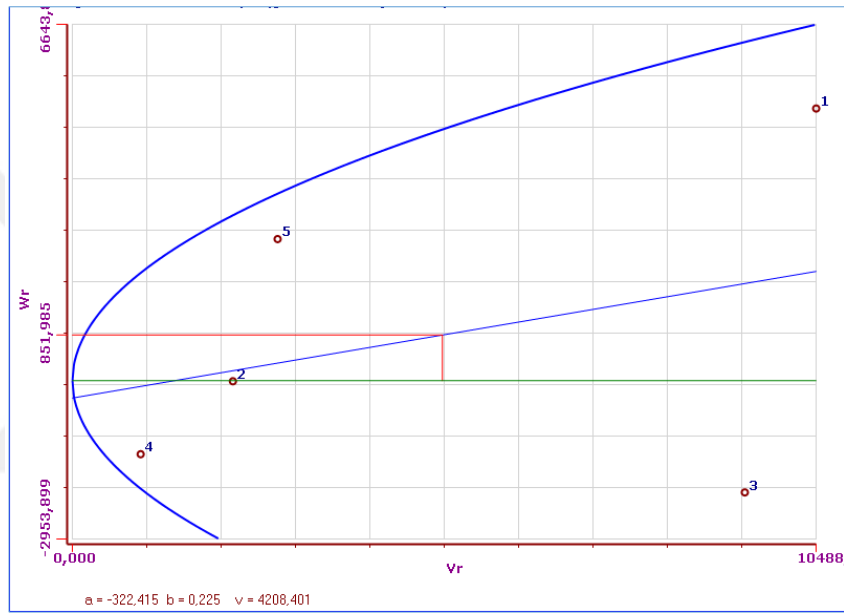
Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,235 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.159). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.158).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,711 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.159).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli olarak bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz fakat pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.158).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına $(h^2/H_2=K)$ ait değer 1'den küçük (0,011) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.159).

Analarda gzlenen stomatal iletkenlik (R1) deęerleri ile W_r+V_r deęerlerinin byklklerine gre bulunmuř olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,329 olarak nemsiz bulunmuřtur (izelge 4.159). Bu deęerin pozitif olmasından dolayı, stomatal iletkenlik (R1) deęeri dřk olan anaların stomatal iletkenlik (R1) deęerini azaltıcı dominant genleri tařıdıkları sylenebilir. Anaların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluřturduęu poplasyonda stomatal iletkenlik (R1) deęerlerine iliřkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) deęerlerine ait W_r-V_r grafięi řekil 4.23'te verilmiřtir.



řekil 4.23. Stomatal İletkenlik (R1) Ynnden Analara İliřkin W_r/V_r Grafięi

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

řekil 4.23. incelendięinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif ynde ($a = -322,415$) yani orjinin altından kesmesi bu zellik ynnden poplasyonda stn dominantlıęın sz konusu olduęuna iřaret etmektedir. Ayrıca, Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ deęerinin de 1'den byk olarak saptanması stn dominantlıęın varlıęını doęrulamaktadır (izelge 4.159). Grafik incelendięinde Ataem-7 eřidinin paraboln orjin noktasına ok yakın olması genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla ok daha fazla olabileceęi (dominant: %100; resesif: %0), Pınar ve Blaze eřitlerinin paraboln orjin noktasına yakın olmalarından dolayı genotiplerinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla bulunabileceęi (dominant: %75; resesif: %25); Arısoy ve Samsoy eřitlerinin ise paraboln orjin noktasına uzak

konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Pınar çeşidi regresyon hattına yakın konumda yer almasından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda homozigot olarak nitelendirilmiştir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Samsoy, Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinin ise regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda stomatal iletkenlik (R1) yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.160'da verilmiştir.

Çizelge 4.160. Stomatal İletkenlik (R1) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	14.163,66	3.540,91**
ÖUYE	10	51.271,46	5.127,15**
Hata	28	106,71	3,91

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.160. incelendiğinde, stomatal iletkenlik (R1) yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Stomatal iletkenlik (R1) yönünden anaçlara ait genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.161'de verilmiştir.

Çizelge 4.161. Stomatal İletkenlik (R1) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-5,22**	-25,52**	-152,40**	32,52**	37,28**
Pınar	(2)		-7,51**	95,94**	20,82**	-8,98**
Samsoy	(3)			-27,74**	56,78**	-8,67**
Ataem-7	(4)				6,96**	-78,63**
Blaze	(5)					33,50**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,66; S.H. (s_{ij}) = 1,35

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Analar deęerlendirildięinde Blaze ve Ataem-7 genotiplerinde pozitif, buna karřın Samsoy, Pınar ve Arısoy genotiplerinde ise negatif ve nemli GUYE saptanmıřtır. Melezlere ait UYE incelendięinde; Arısoy x Ataem-7, Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7 ve Samsoy x Ataem-7 melez kombinasyonlarında nemli ve pozitif; Arısoy x Pınar, Arısoy x Samsoy, Pınar x Blaze, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve nemli UYE belirlenmiřtir (izelge 4.161).

4.24. Tane Dolum Bařlangıcı Dneminde (R5) Stomatal İletkenlik Deęeri ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)

Stomatal iletkenlik deęerleri sıcaklık stresi etkisinin fizyolojik olarak devam ettięi varsayımı ile beř gnlk stres uygulamasının sonlandırıldıęı gnn hemen ertesinde elde edilmiřtir (12.08.2020).

Genotiplere ait stomatal iletkenlięe (R5) iliřkin n varyans analiz sonuları izelge 4.162’de verilmiřtir.

izelge 4.162. Genotiplere Ait Stomatal İletkenlik (R5) İin n Varyans Analiz Sonuları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrr	2	28,29	14,15
Genotip	14	114.564,34	8.183,17**
Hata	28	378,25	13,51
Genel	44	114.970,88	

** = %1 dzeyinde nemli

Stomatal iletkenlik (R5) ynnden ana ve F_1 melez kombinasyonlardan oluřan poplasyonda genotipler arası farklılık nemli bulunmuřtur (izelge 4.162). Bu nedenle, stomatal iletkenlik (R5) iin biyometrik-genetik analiz ve deęerlendirmelerin yapılabileceęi sonucuna varılmıřtır.

Analar ve F_1 melezlerinin oluřturduęu poplasyonda ortalama stomatal iletkenlik (R5) ve nemlilik grupları izelge 4.163’te verilmiřtir.

Analar ve F_1 ’lerin oluřturduęu poplasyonda ortalama stomatal iletkenlik (R5) $277,53 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ olarak saptanmıřtır (izelge 4.163). Analara ait ortalama stomatal iletkenlik (R5) $297,08 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ iken, F_1 melezlerinin ortalama stomatal iletkenlięi (R5) $267,75 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ olarak saptanmıřtır. Anılan izelge incelendięinde F_1 melezlerinin

çoğunun anaçlarına göre daha düşük stomatal iletkenliğe sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde, Samsoy çeşidinin $336,40 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ile en yüksek, Arısoy çeşidinin ise $288,70 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ile en düşük stomatal iletkenlik (R5) değerine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek stomatal iletkenlik (R5) değeri Arısoy x Blaze melezinde ($346,55 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), en düşük ise Samsoy x Ataem-7 melezinde tespit edilmiştir ($187,45 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$). Ayrıca Pınar ve Samsoy dışında tüm anaç ve çoğu F₁ melezinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha düşük stomatal iletkenliğe (R5) sahip oldukları belirlenmiştir ($301,65 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$).

Çizelge 4.163. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Stomatal İletkenlik (R5) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	288,70 e	215,79	1	318,07	c
Pınar	(2)		334,35 b		279,20	f
Samsoy	(3)			336,40 b	187,45	j
Ataem-7	(4)				300,02 d	
Blaze	(5)					225,95 h
F₁ Ort.			267,75 ± 2,59			
Anaç Ort.			297,08 ± 3,00			
Genel Ort.			277,53 ± 2,01			
Kontrol Çeşit (Lider)			301,65 ± 0,84			
EKÖF _(0.05) = 6,15						

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda stomatal iletkenliğe (R5) ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.164'te verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda stomatal iletkenlik (R5) için hesaplanan heterosis değerleri %-41,09 (Samsoy x Ataem-7) ile %34,67 (Arısoy x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %-9,08 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-26,07 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %3,53 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.164).

Stomatal iletkenliğe (R5) ilişkin heterobeltiosis değerleri %-44,28 (Samsoy x Ataem-7) ile %20,04 (Arısoy x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-16,59 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %-3,63 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük

heterobeltiosis değeri %-34,97 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.164).

Çizelge 4.164. F₁ Melez Genotiplerinde Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-30,73**	1,77*	8,40**	34,67**	3,53
		Hb		-35,46**	-5,45**	6,35**	20,04**	-3,63
		KÇÜ		-28,46**	5,44**	5,78**	14,88**	-0,59
Pınar	(2)	Ht			-16,75**	-0,68	-22,35**	-13,26
		Hb			-17,00**	-5,78**	-34,94**	-19,24
		KÇÜ			-7,44**	4,44**	-27,89**	-10,30
Samsoy	(3)	Ht				-41,09**	-11,05**	-26,07
		Hb				-44,28**	-25,65**	-34,97
		KÇÜ				-37,86**	-17,09**	-27,47
Ataem-7	(4)	Ht					-13,02**	-13,02
		Hb					-23,76	-23,76
		KÇÜ					-24,17	-24,17
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			-9,08					
Genel Ortalama Hb			-16,59					
Genel Ortalama KÇÜ			-11,24					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-37,86 ile Samsoy x Ataem-7 kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %14,88 ile Arısoy x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-11,24 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-27,47 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-0,59 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.164).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda stomatal iletkenliğe (R5) ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.165’de verilmiştir.

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.165).

Çizelge 4.165. Stomatal İletkenliğe (R5) İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	19.003,72	4.750,93**
b	10	95.626,45	9.562,65**
b ₁	1	8.526,40	8.526,40**
b ₂	4	26.031,98	6.508,00**
b ₃	5	61.06,07	12.213,62**
Hata	28	395,47	14,12

** = %1 düzeyinde önemli

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda stomatal iletkenliğe (R5) ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.166'da verilmiştir.

Çizelge 4.166. Stomatal İletkenlik (R5) İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	4,517 ± 945,853
D	2.025,844 ± 2.316,857
F	2.861,376 ± 5.787,506
H ₁	13.073,105 ± 6.256,943
H ₂	11.984,802 ± 5.675,117
D-H ₁	-11.047,261 ± 5.550,794
h ²	2.199,296 ± 3.831,533
(H ₁ /D) ^{1/2}	2,540
H ₂ /4H ₁	0,229
KD/KR	1,770
h ² /H ₂ =K	0,187
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,965
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,165
r (Y _r , W _r + V _r)	0,597
Varyasyonların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = -0,496 F _(W_r-V_r) = 84,394**

** = %1 düzeyinde önemli

Stomatal iletkenlik (R5) değeri ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin önemsiz bulunmasıyla doğrulanırken, W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemli bulunmasıyla birlikte geçersiz kalmıştır (Çizelge 4.166). Ancak, Hayman (1954) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı araştırmacılar tarafından dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 4,517; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 2025,844; dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü belirten varyans (F) 2861,376; dominant gen etkisi varyansı (H_1) 13.073,105; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 11.984,802; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -11.047,261 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 2199,296 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,540; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,229; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 1,770; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,184; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,965 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,165 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,597 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.166).

Stomatal iletkenliğe (R5) ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.166).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,165 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.165), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.166).

Ancak, stomatal iletkenlik (R5) için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.167). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge

4.165). Buna karşın, ÖUYE varyansının GUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli olmayan gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi D-H₁ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUYE ve ÖUYE etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H₁ parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,965) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,165) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.166). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H₁ parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,540 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.166).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,229 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.166). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.165).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 1,711 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.166).

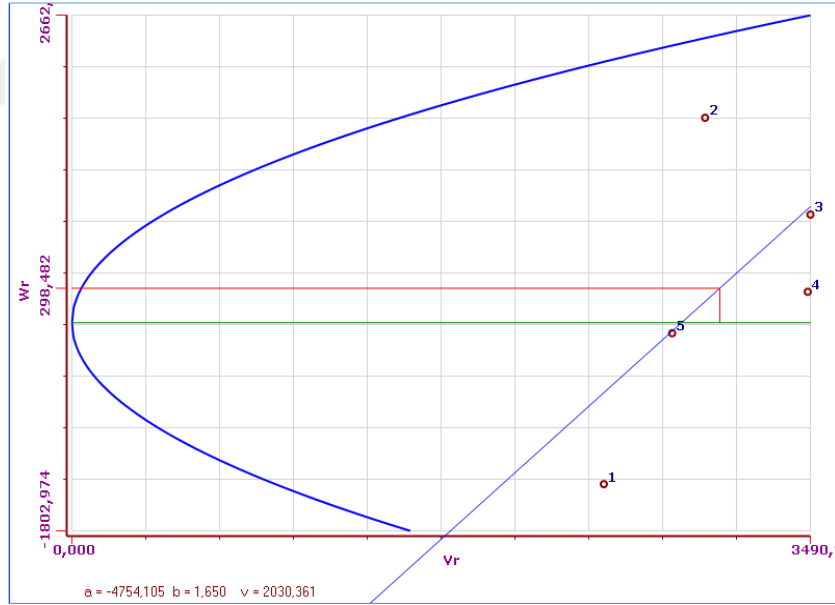
Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik

açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.165).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,187) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.166).

Anaçlarda gözlenen stomatal iletkenlik (R5) değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,597 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.166). Bu değer pozitif olmasından dolayı, stomatal iletkenliği (R5) düşük olan anaçların stomatal iletkenliği (R5) azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda stomatal iletkenlik (R5) değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.24'te verilmiştir.



Şekil 4.24. Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arisoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.24. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde ($a = -4.754,105$) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Ayrıca, ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ değerinin de 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın varlığını

doğrulamaktadır (Çizelge 4.166). Grafik incelendiğinde Arısoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği; Pınar, Samsoy ve Ataem-7 çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Blaze çeşidinin neredeyse tam olarak regresyon hattının üzerinde yer almasından dolayı çok yüksek oranda homizot olduğu, Samsoy çeşidinin ise Blaze çeşidini izlediği görülmektedir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Arısoy, Pınar ve Ataem-7 çeşitlerinin regresyon hattına daha uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda stomatal iletkenlik (R5) yönünden gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.167’de verilmiştir.

Çizelge 4.167. Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	6.355,51	1.588,88**
ÖUYE	10	31.831,77	3.183,18**
Hata	28	126,10	4,50

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.167. incelendiğinde, anaçların stomatal iletkenlik (R5) yönünden genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Stomatal iletkenlik (R5) yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.168’de verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Arısoy, Pınar ve Samsoy genotiplerinde pozitif, buna karşın Ataem-7 ve Blaze genotiplerinde ise negatif ve önemli GUYE saptanmıştır. Mezlelere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Samsoy, Arısoy x Ataem-7, Arısoy x Blaze ve Pınar x Ataem-7 melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Pınar, Pınar x Samsoy, Pınar x Blaze, Samsoy x Ataem-7, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.168).

Çizelge 4.168. Stomatal İletkenlik (R5) Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	15,96**	-82,14**	18,52**	27,71**	77,40**
Pınar	(2)		4,44**	-8,83**	35,19**	-40,10**
Samsoy	(3)			6,06**	-94,02**	-9,16**
Ataem-7	(4)				-2,12**	-22,33**
Blaze	(5)					-24,34**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,72; S.H. (s_{ij}) = 1,46

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

4.25. Çiçeklenme Döneminde (R1) Fv/Fm Değeri

Fv/Fm değerleri sıcaklık stresi etkisinin fizyolojik olarak devam ettiği varsayımı ile beş günlük stres uygulamasının sonlandırıldığı günün hemen ertesinde elde edilmiştir (08.07.2020).

Genotiplere ait Fv/Fm (R1) değerine ilişkin ön varyans analiz sonuçları Çizelge 4.169’da verilmiştir.

Çizelge 4.169. Genotiplere Ait Fv/Fm (R1) Değeri İçin Ön Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrür	2	0,003	0,002
Genotip	14	2,884	0,206**
Hata	28	0,090	0,003
Genel	44	2,978	

** = %1 düzeyinde önemli

Fv/Fm (R1) değeri yönünden anaç ve F₁ melez kombinasyonlardan oluşan popülasyonda genotipler arası farklılık önemli bulunmuştur (Çizelge 4.169). Bu nedenle, Fv/Fm (R1) değeri için biyometrik-genetik analiz ve değerlendirmelerin yapılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anaçlar ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda ortalama Fv/Fm (R1) değerleri ve önemlilik grupları Çizelge 4.170’de verilmiştir.

Anaçlar ve F₁’lerin oluşturduğu popülasyonda ortalama Fv/Fm (R1) değeri 0,668 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.170). Anaçlara ait ortalama Fv/Fm (R1) değeri 0,665 iken, F₁ melezlerinin ortalama Fv/Fm (R1) değeri 0,669 olarak saptanmıştır. Anılan çizelge

incelendiğinde F₁ melezlerinin çoğunun anaçlarına göre daha yüksek Fv/Fm değerine sahip oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde, Arısoy çeşidinin 0,693 ile en yüksek, Ataem-7 çeşidinin ise 0,633 ile en düşük Fv/Fm (R1) değerine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek Fv/Fm (R1) değeri Pınar x Samsoy melezinde (0,717), en düşük ise Pınar x Blaze melezinde tespit edilmiştir (0,623). Ayrıca Arısoy dışında tüm anaç ve çoğu F₁ melezinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha düşük Fv/Fm (R1) değerine sahip oldukları belirlenmiştir (0,687).

Çizelge 4.170. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Fv/Fm (R1) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,693 c	0,657 g	0,707 b	0,647 h	0,643 h
Pınar	(2)		0,667 ef	0,717 a	0,673 de	0,623 j
Samsoy	(3)			0,657 g	0,677 d	0,687 c
Ataem-7	(4)				0,633 i	0,660 fg
Blaze	(5)					0,677 d
F₁ Ort.			0,669 ± 0,001			
Anaç Ort.			0,665 ± 0,002			
Genel Ort.			0,668 ± 0,001			
Kontrol Çeşit (Lider)			0,687 ± 0,000			

EKÖF_(0.05) = 0,095

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda Fv/Fm (R1) değerine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.171'de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda Fv/Fm (R1) değeri için hesaplanan heterosis değerleri %-7,24 (Pınar x Blaze) ile %8,26 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %0,59 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-1,82 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %3,93 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.171).

Fv/Fm (R1) değerine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-7,93 (Pınar x Blaze) ile %7,45 (Pınar x Samsoy) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-1,47 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %2,21 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-4,28 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.171)

Çizelge 4.171. F₁ Melez Genotiplerinde Fv/Fm (R1) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		-3,43**	4,69**	-2,46**	-6,08**	-1,82
		Hb		-5,24**	1,97**	-6,69**	-7,17**	-4,28
		KÇÜ		-4,83**	2,42**	-6,28**	-6,76**	-3,86
Pınar	(2)	Ht			8,26**	3,59**	-7,24	1,54
		Hb			7,45**	0,95**	-7,93**	0,16
		KÇÜ			3,86**	-2,42**	-9,66**	-2,74
Samsoy	(3)	Ht				4,91**	2,95**	3,93
		Hb				2,99**	1,43**	2,21
		KÇÜ				-1,93**	-0,48*	-1,21
Ataem-7	(4)	Ht					0,76**	0,76
		Hb					-2,51	-2,51
		KÇÜ					-4,35**	-4,35
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			0,59					
Genel Ortalama Hb			-1,47					
Genel Ortalama KÇÜ			-3,04					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-9,66 ile Pınar x Blaze kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %3,86 ile Pınar x Samsoy kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-3,04 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-4,35 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %-1,21 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.171).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda Fv/Fm (R1) değerine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.172’de verilmiştir.

Çizelge 4.172. Fv/Fm (R1) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	1,47	0,37**
b	10	3,78	0,38**
b ₁	1	0,18	0,18**
b ₂	4	1,60	0,40**
b ₃	5	2,00	0,40**
Hata	28	0,62	0,02

* = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b), dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b_1), dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b_2) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b_3) unsurları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.172).

Anaçlardan ve F_1 melezlerinden oluşan popülasyonda F_v/F_m (R1) değerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.173'te verilmiştir.

Çizelge 4.173. F_v/F_m (R1) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,001 ± 0,048
D	0,052 ± 0,118
F	0,094 ± 0,294
H_1	0,328 ± 0,318
H_2	0,269 ± 0,289
D- H_1	-0,276 ± 0,282
h^2	0,003 ± 0,195
$(H_1/D)^{1/2}$	2,521
$H_2/4H_1$	0,205
KD/KR	2,130
$h^2/H_2=K$	0,010
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,893
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,178
r ($Y_r, W_r + V_r$)	0,643
Varsayımların geçerlilikleri	$t_{(1-b)/SHb} = 3,899^*$
	$F_{(W_r-V_r)} = 35,985^{**}$

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

F_v/F_m (R1) değeri ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait 't' değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemli bulunmasıyla birlikte geçersiz kalmıştır (Çizelge 4.173). Ancak, Hayman (1954) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı araştırmacılar tarafından dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,001; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,052; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) 0,094;

dominant gen etkisi varyansı (H_1) 0,328; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) 0,269; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı ($D-H_1$) -0,276 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h^2) 0,003 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,521; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran ($H_2/4H_1$) 0,205; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 2,130; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran ($h^2/H_2 = K$) 0,010; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,893 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,178 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise 0,643 olarak pozitif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.173).

Fv/Fm (R1) değerine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.173).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,178 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.172), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve $D-H_1$ parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.173).

Ancak, Fv/Fm (R1) için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.174). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda hem eklemeli genetik varyans bileşeninin hem de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenlerinin etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.172). Buna karşın, ÖUYE varyansının GUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli olmayan gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, $D-H_1$ ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki

uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım derecesi (0,893) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,178) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.173). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,521 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.173).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı $(H_2/4H_1)$ 0,205 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.173). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de b_2 parametresinin önemli olarak bulunması anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını göstermektedir (Çizelge 4.172).

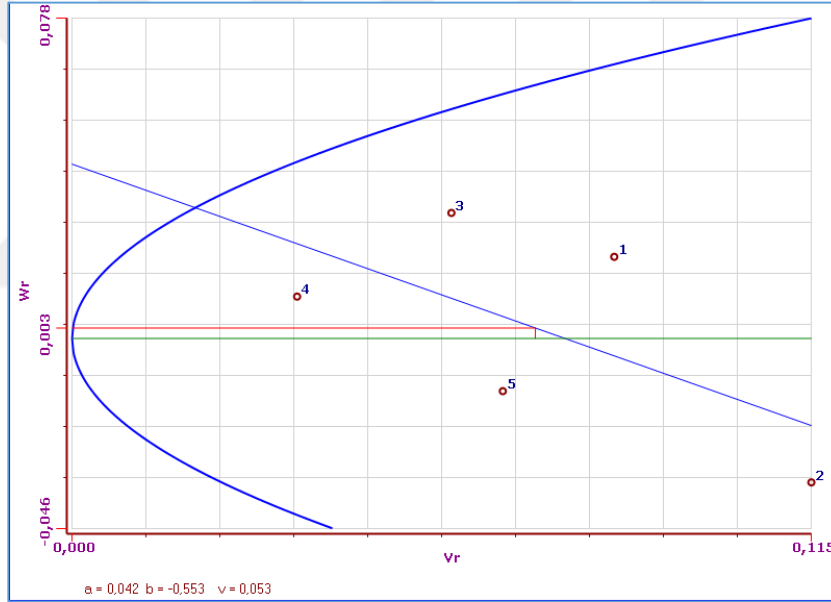
Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 2,130 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den büyük olması anaçlarda dominant allellerin resesif allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.173).

Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemli olarak bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin önemsiz fakat pozitif olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemli olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.172).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,010) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.173).

Anaçlarda gözlenen Fv/Fm (R1) değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) 0,643 olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.173). Bu değer pozitif olmasından dolayı, Fv/Fm (R1) değeri düşük olan anaçların Fv/Fm (R1) değerini azaltıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F_1 melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda Fv/Fm (R1) değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.25'de verilmiştir.



Şekil 4.25. Fv/Fm (R1) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.25. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) pozitif yönde ($a = 0,042$) yani orjinin üstünden kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda kısmi dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Bu sonuç, 1'den büyük olarak saptanan ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} değerinin belirttiği üstün dominantlık varsayımı ile çelişki göstermektedir (Çizelge 4.173). Grafik incelendiğinde Ataem-7 çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25); Arısoy, Samsoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon

hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın oranlarda bulunabileceği (dominant: %50; resesif: %50) ve Pınar çeşidinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmasından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdığı (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardığı söylenebilir. Ayrıca, anaçların tamamının regresyon hattına uzak konumda yer almaları anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F₁ generasyonunda Fv/Fm (R1) değeri açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.174'te verilmiştir.

Çizelge 4.174. Fv/Fm (R1) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,263	0,066**
ÖUYE	10	0,699	0,070**
Hata	28	0,030	0,001

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.174. incelendiğinde, Fv/Fm (R1) yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F₁ melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Fv/Fm (R1) değeri yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.175'de verilmiştir.

Çizelge 4.175. Fv/Fm (R1) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arisoy	(1)	0,05**	-0,15**	0,21**	-0,14**	-0,24**
Pınar	(2)		-0,01	0,36**	0,18**	-0,38**
Samsoy	(3)			0,13**	0,08**	0,11**
Ataem-7	(4)				-0,12**	0,10**
Blaze	(5)					-0,06**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,01; S.H. (s_{ij}) = 0,02

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

Analar deęerlendirildięinde Arısoy ve Samsoy genotiplerinde pozitif, buna karřın Ataem-7 ve Blaze genotiplerinde ise negatif ve nemli GUYE saptanmıřtır. Melezlere ait UYE incelendięinde; Arısoy x Samsoy, Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7, Samsoy x Ataem-7, Samsoy x Blaze ve Ataem-7 x Blaze melez kombinasyonlarında nemli ve pozitif; Arısoy x Pınar, Arısoy x Ataem-7, Arısoy x Blaze ve Pınar x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve nemli UYE belirlenmiřtir (izelge 4.175).

4.26. Tane Dolum Bařlangıcı Dneminde (R5) Fv/Fm Deęeri

Fv/Fm deęerleri sıcaklık stresi etkisinin fizyolojik olarak devam ettięi varsayımı ile beř gnlk stres uygulamasının sonlandırıldıęı gnn hemen ertesinde elde edilmiřtir (12.08.2020).

Genotiplere ait Fv/Fm (R5) deęerine iliřkin n varyans analiz sonuları izelge 4.176'da verilmiřtir.

izelge 4.176. Genotiplere Ait Fv/Fm (R5) Deęeri İin n Varyans Analiz Sonuları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
Tekerrr	2	0,006	0,003
Genotip	14	3,103	0,222**
Hata	28	0,428	0,015
Genel	44	3,536	

** = %1 dzeyinde nemli

Fv/Fm (R5) deęeri ynnden ana ve F₁ melez kombinasyonlardan oluřan poplasyonda genotipler arası farklılık nemli bulunmuřtur (izelge 4.176). Bu nedenle, Fv/Fm (R5) deęeri iin biyometrik-genetik analiz ve deęerlendirmelerin yapılabileceęi sonucuna ulařılmıřtır.

Analar ve F₁ melezlerinin oluřturduęu poplasyonda ortalama Fv/Fm (R5) deęerleri ve nemlilik grupları izelge 4.177'de verilmiřtir.

Analar ve F₁'lerin oluřturduęu poplasyonda ortalama Fv/Fm (R5) deęeri 0,701 olarak saptanmıřtır (izelge 4.177). Analara ait ortalama Fv/Fm (R5) deęeri 0,697 iken, F₁ melezlerinin ortalama Fv/Fm (R5) deęeri 0,703 olarak saptanmıřtır. Anılan izelge incelendięinde F₁ melezlerinin oęunun analarına gre daha yksek Fv/Fm deęerine sahip

oldukları söylenebilir. Anaçlar değerlendirildiğinde, Blaze çeşidinin 0,720 ile en yüksek, Pınar çeşidinin ise 0,673 ile en düşük Fv/Fm (R5) değerine sahip olduğu görülmektedir. F₁ melez genotipleri arasında en yüksek Fv/Fm (R5) değeri Pınar x Blaze melezinde (0,743), en düşük ise Pınar x Samsoy melezinde tespit edilmiştir (0,660). Ayrıca Ataem-7 ve Blaze dışında tüm anaç ve çoğu F₁ melezinin kontrol çeşit olarak kullanılan Lider'e göre daha düşük Fv/Fm (R5) değerine sahip oldukları belirlenmiştir (0,710).

Çizelge 4.177. Anaç ve F₁ Melezlerine Ait Ortalama Fv/Fm (R5) Değerleri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	0,683 fg	0,683 fg	0,687 efg	0,740 ab	0,667 gh
Pınar	(2)		0,673 gh	0,660 h	0,683 fg	0,743 a
Samsoy	(3)			0,697 def	0,723 abc	0,737 ab
Ataem-7	(4)				0,710 cd	0,707 cde
Blaze	(5)					0,720 bc
F₁ Ort.			0,703 ± 0,002			
Anaç Ort.			0,697 ± 0,001			
Genel Ort.			0,701 ± 0,001			
Kontrol Çeşit (Lider)			0,710 ± 0,000			

EKÖF_(0.05) = 0,020

Yarım diallel melezlemeler sonucunda elde edilmiş F₁ generasyonunda Fv/Fm (R5) değerine ilişkin heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerleri Çizelge 4.178'de verilmiştir.

F₁ melez popülasyonunda Fv/Fm (R5) için hesaplanan heterosis değerleri %-4,76 (Arısoy x Blaze) ile %6,19 (Pınar x Blaze) arasında değişim göstermiştir. Melez popülasyon için heterosis ortalama değeri %0,71 olarak hesaplanmıştır. Anaçların melez serileri dikkate alındığında, en düşük heterosis değeri %-1,85 ile Ataem-7 çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken, en yüksek heterosis değeri %3,54 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.178).

Fv/Fm (R5) değerine ilişkin heterobeltiosis değerleri %-7,41 (Arısoy x Blaze) ile %4,23 (Arısoy x Ataem-7) arasında değişim göstermiştir. Heterobeltiosis genel ortalaması ise %-0,85 olarak saptanmıştır. Anaçların melez dizilerinde en yüksek heterobeltiosis değeri %2,10 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde belirlenirken, en düşük heterobeltiosis değeri %-2,08 ile Pınar çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde tespit edilmiştir (Çizelge 4.178).

Çizelge 4.178. F₁ Melez Genotiplerinde Fv/Fm (R5) Yönünden Heterosis, Heterobeltiosis ve Kontrol Çeşide Üstünlük Değerleri.

Anaçlar	♀/♂		1	2	3	4	5	Dizi Ort.
Arısoy	(1)	Ht		0,49	-0,48	5,71**	-4,76**	0,24
		Hb		0,49	-1,90	4,23**	-7,41**	-1,15
		KÇÜ		-3,76*	-3,26*	4,23**	-6,10**	-2,23
Pınar	(2)	Ht			-4,35**	-0,97	6,19**	0,29
		Hb			-5,71**	-3,76*	3,24*	-2,08
		KÇÜ			-7,04**	-3,76*	4,69**	-2,03
Samsoy	(3)	Ht				3,33*	3,76**	3,54
		Hb				1,88	2,31	2,10
		KÇÜ				1,88	3,76*	2,82
Ataem-7	(4)	Ht					-1,85	-1,85
		Hb					-1,85	-1,85
		KÇÜ					-0,47	-0,47
Blaze	(5)	Ht						
		Hb						
		KÇÜ						
Genel Ortalama Ht			0,71					
Genel Ortalama Hb			-0,85					
Genel Ortalama KÇÜ			-0,99					

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

Kontrol çeşide üstünlük değerleri incelendiğinde, en düşük KÇÜ değeri %-7,04 ile Pınar x Samsoy kombinasyonunda elde edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %4,69 ile Pınar x Blaze kombinasyonunda tespit edilmiştir. Kontrol çeşide üstünlük genel ortalaması %-0,99 olarak belirlenmiştir. Anaçların melez dizilerinde en düşük KÇÜ değeri %-2,23 ile Arısoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez dizisinde tespit edilirken en yüksek KÇÜ değeri ise %2,82 ile Samsoy çeşidinin ana olarak kullanıldığı melez serisinde saptanmıştır (Çizelge 4.178).

Anaç ve F₁ melezlerinin oluşturduğu popülasyonda Fv/Fm (R5) değerine ilişkin yarım diallel tabloların Jones tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.179’da verilmiştir.

Çizelge 4.179. Fv/Fm (R5) Değerine İlişkin Yarım Diallel Tabloların Jones Tipi Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
a	4	5,85	1,46**
b	10	4,06	0,41**
b ₁	1	0,04	0,04
b ₂	4	0,02	0,00
b ₃	5	4,00	0,80**
Hata	28	1,16	0,04

** = %1 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda; eklemeli gen etkisi varyansı (a), dominant gen etkileri varyansı (b) ve özel uyum yeteneğinin etkinliğini ve dominant genlerin anaçlarda dağılımını belirten varyans (b₃) unsurları önemli bulunmuştur. Buna karşın, dominant genlerin aynı yönde etkili olduğunu belirten ortalama dominantlık varyansı (b₁) ve dominant allellerin anaçlarda simetrik dağılıp dağılmadığını belirten varyans (b₂) parametreleri ise önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.179).

Anaçlardan ve F₁ melezlerinden oluşan popülasyonda Fv/Fm (R5) değerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi uyarınca tahmin edilen genetik parametre değerleri, bu değerlerin standart hataları ve ilgili oranlar Çizelge 4.180’de verilmiştir.

Fv/Fm (R5) değeri ile ilgili olarak diallel melez analizini yürütebilmek için önceden kabul edilen varsayımların geçerliliği, regresyon katsayısına ait ‘t’ değerinin ve W_r-V_r varyans analizinde dizilere ait farklılığın önemsiz bulunmasıyla birlikte doğrulanmıştır (Çizelge 4.180).

Çizelge 4.180. Fv/Fm (R5) Değeri İçin Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar.

Genetik Varyans Parametreleri ve Oranlar	Tahminler
E	0,005 ± 0,022
D	0,040 ± 0,053
F	-0,009 ± 0,132
H ₁	0,307 ± 0,142
H ₂	0,336 ± 0,129
D-H ₁	-0,266 ± 0,126
h ²	0,007 ± 0,087
(H ₁ /D) ^{1/2}	2,762
H ₂ /4H ₁	0,274
KD/KR	0,921
h ² /H ₂ =K	0,021
Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi	0,676
Dar Anlamda Kalıtım Derecesi	0,107
r (Y _r , W _r + V _r)	-0,507
Varsayımların geçerlilikleri	t _{(1-b)/SHb} = 0,837
	F _(W_r-V_r) = 1,137

Jinks – Hayman tipi diallel melez analizi ile incelenen popülasyonda, çevre varyansının genel varyansa katkısını gösteren parametre (E) 0,005; eklemeli gen etkisi varyansı (D) 0,040; dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü belirten varyans (F) -0,009; dominant gen etkisi varyansı (H₁) 0,307; gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı (H₂) 0,336; eklemeli ile dominant gen etkisi varyansları farkı (D-H₁) -0,266 ve heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisi (h²) 0,007 olarak önemsiz bulunmuştur. Ortalama

dominantlık derecesi $(H_1/D)^{1/2}$ 2,762; anaçlarda dominant ve resesif allellerin frekansını belirten oran $(H_2/4H_1)$ 0,274; dominant allellerin resesif allellere oranı (KD/KR) 0,921; ele alınan özelliğin kaç genle yönetildiğini belirten oran $(h^2/H_2 = K)$ 0,021; geniş anlamda kalıtım derecesi 0,676 ve dar anlamda kalıtım derecesi 0,107 olarak saptanmıştır. Kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısının ise -0,507 olarak negatif ve önemsiz olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.180).

Fv/Fm (R5) değerine ait fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansı (E) katkısının önemsiz bulunması, bu özelliğin fenotipik ifadesinde genetik etkenlerin daha fazla rol oynadığını göstermektedir (Çizelge 4.180).

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,107 olarak tahmin edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesinin tahmin edilmesinde eklemeli genetik varyans temel alındığı için dar anlamda kalıtım derecesinin küçük olması eklemeli olmayan genetik varyansın fenotipik varyans oluşumunda daha fazla katkı yaptığına işaret etmektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b ve b_3 parametrelerinin önemli olması (Çizelge 4.179), Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde H_1 bileşeninin önemsiz olmasına karşın eklemeli gen etkisi varyansına (D) göre yüksek ve pozitif olması ve D- H_1 parametresinin de negatif olması bu yorumu desteklemektedir (Çizelge 4.180).

Ancak, Fv/Fm (R5) için Griffing tipi melez analizi ile hesaplanan genel ve özel uyum yeteneği etkilerinin önemli düzeyde bulunması, incelenen popülasyonda hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına işaret etmektedir (Çizelge 4.181). GUYE kareler ortalaması eklemeli genetik varyansın, ÖUYE kareler ortalaması ise eklemeli olmayan genetik varyansın tahminleyicileri oldukları için, bu özelliğin oluşumunda eklemeli genetik varyans bileşeninin de eklemeli olmayan genetik varyans bileşenleri ile birlikte etkili olduğu anlaşılmaktadır. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde de a parametresinin önemli bulunmasından dolayı fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genetik varyans içinde eklemeli gen etkisi varyansının varlığı doğrulanmaktadır (Çizelge 4.179). Bu varsayımlara ek olarak, GUYE varyansının ÖUYE varyansından daha yüksek oluşu nedeniyle eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğu söylenebilir.

Yukarıda anıldığı gibi, D- H_1 ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımları ve Jinks-Hayman ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluk dikkati çekmektedir. GUY ve ÖUY etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayrılamamaktadır. Buna karşın D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. Geniş anlamda kalıtım

derecesi (0,676) ile dar anlamda kalıtım derecesi (0,107) arasındaki fark fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli bir katkıda bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 4.180). GUYE ve ÖUYE varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H_1 parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Öte yandan, böylesi uyumsuzlukların oluşumunda allelik olmayan gen interaksiyonlarının (epistasi) etkili olabileceği vurgulanabilir.

Ortalama dominantlık derecesi (H_1/D)^{1/2} 2,762 olarak belirlenmiştir. Bu değer 1'den büyük olduğu için bu özelliğin oluşumunda üstün dominantlıktan söz etmek mümkündür (Çizelge 4.180).

Anaçlarda dominantlık gösteren lokuslardaki olumlu ve olumsuz etkili allellerin oranı ($H_2/4H_1$) 0,274 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.180). Bu değer 0,25'den farklı bir değerde olmasından dolayı, bu özelliğin meydana gelmesinde dominant ve resesif allellerin eşit frekansta ($u_i = v_i = 0,5$) olmadığı söylenebilir. Ancak, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_2 parametresinin önemsiz olarak bulunması ise anaçlardaki dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağıldığını göstermektedir (Çizelge 4.179).

Anaçlarda dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin negatif olması, dominant allellerin resesif allellere oranını veren KD/KR değerinin ise 0,921 olarak hesaplanması ve bu oranın 1'den küçük olması anaçlarda resesif allellerin dominant allellere oranla daha fazla olduğuna işaret etmektedir (Çizelge 4.180).

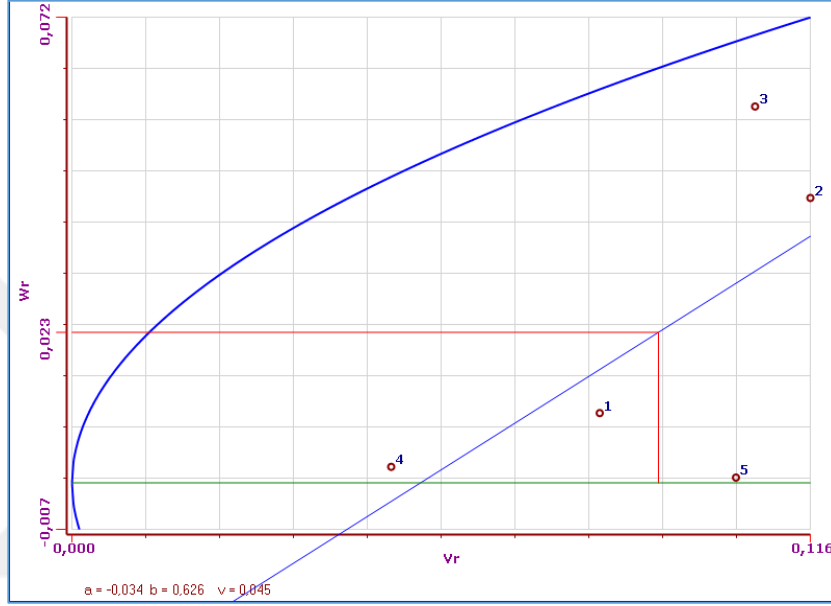
Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 parametresinin önemsiz olarak bulunması ve Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde de h^2 bileşeninin çok küçük olarak saptanması dominant genlerin etkisinin tek yönlü olduğunu göstermektedir. Ayrıca, Jones tipi yarım diallel varyans analizinde b_1 alt parametresinin önemsiz olarak belirlenmesi incelenen özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığına işaret etmektedir (Çizelge 4.179).

İncelenen özellik yönünden, gen sayısına ($h^2/H_2=K$) ait değer 1'den küçük (0,021) olduğu için özelliği yöneten gen sayısının tahmin edilmesinde bu parametre yetersiz kalmıştır (Çizelge 4.180).

Anaçlarda gözlenen F_v/F_m (R_5) değerleri ile W_r+V_r değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan kuramsal dominantlık sırası arasındaki korelasyon katsayısı (r_{yr}) -0,507 olarak

önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.180). Bu değerin negatif olmasından dolayı, Fv/Fm (R5) değeri büyük olan anaçların Fv/Fm (R5) değerini artırıcı dominant genleri taşıdıkları söylenebilir.

Anaçların ve F₁ melez kombinasyonlarının oluşturduğu popülasyonda Fv/Fm (R5) değerlerine ilişkin Jinks-Hayman tipi diallel melez analiz yöntemi ile hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (V_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.26'da verilmiştir.



Şekil 4.26. Fv/Fm (R5) Değeri Yönünden Anaçlara İlişkin W_r/V_r Grafiği

(1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze)

Şekil 4.26. incelendiğinde, regresyon hattının y eksenini (W_r) negatif yönde (a = -0,034) yani orjinin altından kesmesi bu özellik yönünden popülasyonda üstün dominantlığın söz konusu olduğuna işaret etmektedir. Bu sonuç, ortalama dominantlık derecesi (H₁/D)^{1/2} değerinin 1'den büyük olarak saptanması ve üstün dominantlığın varlığı varsayımı ile de benzerlik göstermektedir (Çizelge 4.180). Grafik incelendiğinde Ataem-7 çeşidinin parabolün orjin noktasına yakın olması anacın genotipinde dominant genlerin resesif genlere oranla daha fazla olabileceği (dominant: %75; resesif: %25); Arısoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattının parabol içinde kalan bölümünün orta kısımlarında yer almalarından dolayı dominant ve resesif allellerin genotiplerinde eşite yakın (dominant: %50; resesif: %50) oranlarda bulunabileceği; Pınar ve Samsoy çeşitlerinin ise parabolün orjin noktasına uzak konumda bulunmalarından dolayı daha fazla resesif genleri taşıdıkları (dominant: %25; resesif: %75) ve döllerine aktardıkları söylenebilir. Ayrıca, Ataem-7, Arısoy ve Pınar çeşitleri regresyon hattına yakın konumda yer almalarından dolayı diğer anaçlara kıyasla daha yüksek oranda

homozigot olarak nitelendirilmişlerdir. Gen etkileri yönünden grafik incelendiğinde; Samsoy ve Blaze çeşitlerinin regresyon hattına uzak konumda yer alması anılan özelliğin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığını göstermektedir.

Beş anaç ve bunların yarım diallel eşleşme deseni uyarınca oluşturulmuş melez kombinasyonlarının F_1 generasyonunda Fv/Fm (R5) değeri açısından gösterdikleri genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait Griffing tipi varyans analiz sonuçları Çizelge 4.181’de verilmiştir.

Çizelge 4.181. Fv/Fm (R5) Değeri Yönünden Uyum Yeteneği Etkileri Varyans Analiz Sonuçları.

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO
GUYE	4	0,344	0,086**
ÖUYE	10	0,690	0,069**
Hata	28	0,143	0,005

** = %1 düzeyinde önemli

Çizelge 4.181 incelendiğinde, Fv/Fm (R5) yönünden anaçların genel uyum yeteneği etkisi varyansları ve F_1 melez kombinasyonlarının özel uyum yeteneği etkisi varyansları önemli bulunmuştur.

Fv/Fm (R5) değeri yönünden anaçlara ilişkin genel (g_i) ve melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği (s_{ij}) etkileri Çizelge 4.182’de verilmiştir.

Anaçlar değerlendirildiğinde Ataem-7 ve Blaze genotiplerinde pozitif, buna karşın Arısoy ve Pınar genotiplerinde ise negatif ve önemli GUYE saptanmıştır. Melezlere ait ÖUYE incelendiğinde; Arısoy x Ataem-7, Pınar x Blaze, Samsoy x Ataem-7 ve Samsoy x Blaze melez kombinasyonlarında önemli ve pozitif; Arısoy x Blaze, Pınar x Samsoy, Pınar x Ataem-7 ve Ataem-7 x Blaze kombinasyonlarında ise negatif ve önemli ÖUYE belirlenmiştir (Çizelge 4.182).

Çizelge 4.182. Fv/Fm (R5) Değeri Yönünden Genotiplere Ait Uyum Yeteneği Etkileri.

Anaçlar	♀/♂	1	2	3	4	5
Arısoy	(1)	-0,09**	0,04	-0,05	0,38**	-0,38**
Pınar	(2)		-0,13**	-0,28**	-0,15**	0,43**
Samsoy	(3)			-0,01	0,14**	0,24**
Ataem-7	(4)				0,10**	-0,17**
Blaze	(5)					0,13**

* = %5 düzeyinde önemli, ** = %1 düzeyinde önemli

S.H. (g_i) = 0,02; S.H. (s_{ij}) = 0,05

Koyu yazılan değerler GUY etkileri, diğerleri ÖUY etkileridir.

5. TARTIŞMA

Bitkilerde incelenen özelliklere ilişkin fenotip; eklemeli, dominant ve epistatik gibi gen etki biçimleri tarafından yönetilen genetik bileşenlerin etkisiyle ve yetiştiği çevrenin genetik bileşenler üzerine etkileşimi sonucu belirlenmektedir (Fasoula ve Fasoula, 2003; Tınaz, 2010). Genetik bileşenlerin katkısı; uyum yeteneği, kalıtım derecesi ve heterosis gibi analizler aracılığıyla tahmin edilir. Ele alınan özelliğin üzerine gen etki biçimi etkin bir ıslah süreci ve seleksiyon tipi için önemlidir (Grami vd., 1977; Ma-Teresa vd., 1994).

Küresel iklim değişikliği nedeniyle ileriki dönemlerde stresin baskısının artacağı ve yüksek sıcaklık stresinin verimi etkileyen en önemli abiyotik stres faktörü olabileceği vurgulanmıştır. Strese toleranslı bitki ıslahı için genotip performanslarının stres koşullarında test edilmesi gerektiği ve ümitvar kombinasyonların benzer koşullarda seçilmesi gerektiği belirtilmiştir (EL Sabagh vd., 2020).

Bitkilerin yüksek sıcaklık stresine olan tepkileri dönemler arasında farklılıklar gösterebilmektedir. Soyada sıcaklık stresine en hassas olan dönemler çiçeklenme (R1-R2) ve tohum gelişim dönemleridir (R5). Gündüz maksimum sıcaklık 32 °C'yi aştığında R1-R2 döneminde çiçek tutumu ile polen canlılığında ve R5 döneminde ise bakla bağlamada ve dolayısıyla verimde ciddi azalmalar meydana gelmektedir (Thomey vd., 2019; Egli ve Wardlaw, 1980; Koti vd., 2004; Puteh vd., 2013; Salem vd., 2007). Bazı araştırmacılar ise sıcaklık stresi uygulamasını saat 10:00 ile 16:00 arasında 15 gün boyunca sadece R5 döneminde yapmışlardır (Rattalino ve Otegui, 2012; Neiff vd., 2016; Kaur vd., 2021; Veas vd., 2021). Uygulama saatleri ve süresi yönünden kaynaklanan bu farklılıklar, stres yaratılması hedeflenen fenolojik dönemin rasgeldiği uygulama tarihinde o bölgenin güneş ışıma şiddetinden kaynaklanıyor olabilir. Ancak, bu çalışmadaki stres uygulama saatleri ve uygulama yöntemi de genel mantığıyla önceki çalışmalarla uyum içerisindedir. Sonuç olarak, bizim çalışmamızda sıcaklık stresi uygulamaları R1-R2 ve R5 döneminde beşer günlük periyotlar şeklinde yaratılmıştır.

Jones tipi analize göre yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi, linoleik asit ve stearik asit içeriğinin eklemeli genlerin kontrolünde olduğu saptanmıştır. Buna karşın, çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, dal sayısı, bakla sayısı, boş bakla sayısı, baklada tane sayısı, yağ içeriği, oleik asit, linolenik asit, palmitik asit, kanopi

sıcaklığı (R5), SPAD (R1), SPAD (R5), Fv/Fm (R1), Fv/Fm (R5), stomatal iletkenlik (R1) ve stomatal iletkenlik (R5) özelliklerinde ise hem eklemeli hem de eklemeli olmayan genlerin etkisi görülmüştür. Ayrıca, ilk bakla bağlama gün sayısı, protein içeriği ve kanopi sıcaklığı (R1) için eklemeli olmayan genlerin etkisinin daha fazla olduğu belirlenmiştir. Jink-Hayman tipi analize göre ise incelenen tüm özelliklerin eklemeli olmayan genlerin etkisi altında olduğu bulunmuştur. Griffing tipi melez analizinde ise GUYE ve ÖUYE varyanslarına göre çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, dal sayısı, bakla sayısı, boş bakla sayısı, baklada tane sayısı, yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi, yağ, oleik asit, linolenik asit, stearik asit, kanopi sıcaklığı (R5), SPAD (R1), SPAD (R5), Fv/Fm (R1), Fv/Fm (R5), stomatal iletkenlik (R1) ve stomatal iletkenlik (R5) özelliklerinin hem eklemeli hem de eklemeli olmayan genlerin etkisi altında olduğu tespit edilmiştir. Öte yandan, ilk bakla bağlama gün sayısı, protein içeriği, palmitik asit ve kanopi sıcaklığı (R1) özelliklerinin ise eklemeli olmayan genlerin etkisi altında olduğu belirlenmiştir.

Çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu, dal sayısı, bakla sayısı, baklada tohum sayısı, tek bitki verimi, yağ ve yağ asitleri içeriğinin kontrolünde epistatik gen etkilerinin varlığı bildirilmiştir (Martin vd., 1983; Rahangdale ve Raut, 2002; Singh vd., 2010; Bhor vd., 2014; Adsul vd., 2016; Thakare vd., 2017; Abou Sen, 2020a; Pawale vd., 2020).

Normal koşullar altında özellikleri kontrol eden gen etkilerinin tahmin edildiği çalışmalarda; **çiçeklenme gün sayısı** (Sood vd., 2000; Suh vd., 2000; Gavioli vd., 2006; Singh vd., 2010; Nassar, 2013; Reni ve Rao, 2013; Nag vd., 2018; Rocha vd., 2018; Rocha vd., 2019; Abou Sen, 2020b), **fizyolojik olgunluk gün sayısı** (Teodoro vd., 2019), **bakla sayısı** (Kaw ve Menon, 1980; Sood vd., 2000; Kuswantoro vd., 2011; Nassar, 2013; Reni ve Rao, 2013; Hakim ve Suyamto, 2017; Ige vd., 2021 ve Pawale vd., 2020), **yüz tohum ağırlığı** (Chiipanhenga vd., 2021), **tek bitki verimi** (Cho ve Scott, 2000; Reni ve Rao, 2013; Adsul vd., 2016; Hakim ve Suyanto, 2017; Pereira vd., 2019; Rocha vd., 2019; Abou Sen, 2020b; Bagatelli vd., 2020; Ige vd., 2021; Tesfaye vd., 2020; Chiipanhenga vd., 2021), **baklada tohum sayısı** (Darwis, 2006; Rialch ve Sharma, 2019; Chiipanhenga vd., 2021), **dal sayısı** (Li vd., 1991) ve **bitki boyu** (Rialch ve Sharma, 2019; Ige vd., 2021) için eklemeli gen etkileri daha üstün bulunmuştur.

Ayrıca, **çiçeklenme gün sayısı** (Abou Sen, 2020a; Ige vd., 2021), **bakla sayısı** (Bhor vd., 2014; Nag vd., 2018; Bagatelli vd., 2020; Tesfaye vd., 2020; Chiipanhenga vd., 2021), **fizyolojik olgunluk gün sayısı** (Darwish, 2006), **yüz tohum ağırlığı** (Thakare vd., 2017;

Pawale vd., 2020; Tesfaye vd., 2020), **tek bitki verimi** (Gadag vd., 1999; Morsy, 2010; Singh vd., 2010; Bhor vd., 2014; Thakare vd., 2017; Kataliko vd., 2018; Rocha vd., 2018; Rialch ve Sharma, 2019; Abou Sen, 2020a; Pawale vd., 2020), **baklada tohum sayısı** (Sood vd., 2000; Nagarajan vd., 2017; Nag vd., 2018; Abou Sen, 2020a), **dal sayısı** (Rahangdale ve Raut, 2002), **bitki boyu** (Darwish, 2006; Pawale vd., 2020), **protein içeriği** (Sood vd., 2000; Rialch vd., 2017; Nag vd., 2018), **yağ içeriği** (Rialch vd., 2017; Nag vd., 2018), **linoleik asit içeriği** (Martin vd., 1983) ve **linolenik asit içeriği** (Martin vd., 1983) özelliklerinin eklemeli olmayan genlerle yönetildiği aktarılmıştır.

Bunlara ek olarak, **ilk bakla bağlama gün sayısı** (Ige vd., 2021), **fizyolojik olgunluk gün sayısı** (Gadag vd., 1999; Sood vd., 2000; Suh vd., 2000; Gavioli vd., 2006; Singh vd., 2010; Nassar, 2013; Bhor vd., 2014; Hakim ve Suyamto, 2017; Kataliko vd., 2018; Nag vd., 2018; Rocha vd., 2018; Susanto, 2018; Rocha vd., 2019; Abou Sen, 2020a; Abou Sen, 2020b; Tesfaye vd., 2020), **bakla sayısı** (Pandini vd., 2002; Adsul vd., 2016; Thakare vd., 2017), **yüz tohum ağırlığı** (Kaw ve Menon, 1980); Cho ve Scott, 2000; Sharma vd., 1993; Nassar, 2013; Bhor vd., 2014; Karyawati vd., 2015; Adsul vd., 2016; Nag vd., 2018; Abou Sen, 2020a; Abou Sen, 2020b; Bagatelli vd., 2020), **tek bitki verimi** (Kaw ve Menon, 1980; Sharma vd., 1993; Sood vd., 2000; Almeida Lopes vd., 2001; Darwish, 2006; Nassar, 2013; Karyawati vd., 2015; Nagarajan vd., 2017; Nag vd., 2018), **baklada tohum sayısı** (Kaw ve Menon, 1980; Sharma vd., 1993; Nassar, 2013; Karyawati vd., 2015; Thakare vd., 2017; Abou Sen, 2020b; Bagatelli vd., 2020; Tesfaye vd., 2020), **dal sayısı** (Karyawati vd., 2015; Abou Sen, 2020b), **bitki boyu** (Gadag vd., 1999; Sood vd., 2000; Gavioli vd., 2006; Singh vd., 2010; Nassar, 2013; Karyawati vd., 2015; Adsul vd., 2016; Nagarajan vd., 2017; Thakare vd., 2017; Nag vd., 2018; Rocha vd., 2018; Kataliko vd., 2018; Rocha vd., 2019; Abou Sen, 2020a; Abou Sen, 2020b; Bagatelli vd., 2020; Tesfaye vd., 2020), **protein içeriği** (Gadag vd., 1999; Nassar, 2013), yağ içeriği (Gadag vd., 1999; Rahangdale ve Raut, 2002; Nassar, 2013), **oleik asit içeriği** (Martin vd., 1983) ve **(R1) stomatal iletkenlik** (Karyawati vd., 2015; Teodoro vd., 2019) özelliklerinin kontrolünde hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin birlikte rol oynadığı belirtilmiştir.

Stres koşulları altında yürütülen çalışmaları irdelediğimizde, Jha vd. (2019) sıcaklık stresi altında nohutta (*Cicer arietinum* L.) verimin eklemeli genlerle yönetildiğini bildirmişlerdir. Buna karşın, Krishnawat ve Maloo (2004) soyada (*Glycine max* L. Merr.) ve Rainey ve Griffiths (2005) ise fasulyede (*Phaseolus vulgaris* L.) sıcaklık stresine toleransın eklemeli olmayan gen etkileri ile kontrol edildiğini aktarmışlardır. Bunlara ek olarak, soyada

verim ve önemli verim bileşenlerinin düşük fosfor stresi (Tesfaye vd., 2021), tuz stresi (Lee vd., 2009), yüksek ve düşük alüminyum stresi (Spehar, 1999) altında eklemeli olmayan gen etkileri ile yönetildiğini ifade etmişlerdir. Ancak, Chiipanthenga vd. (2021) soyada verim ve verim bileşenlerinin kuraklık stresi altında hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkileri ile kontrol edildiğini vurgulamışlar ve ayrıca bakla sayısı için orta (0.47) ve verim için yüksek (0.82) düzeyde dar anlamda kalıtım dereceleri tahmin etmişlerdir.

Ortaya çıkan bu farklı sonuçların, eşleşme desenlerinin (diallel, line $\times$ tester, North Carolina vb.), ele alınan ıslah materyalinin ve özellikle de çevre koşullarının farklı olmasından kaynaklandığı söylenebilir.

Bitki ıslahı çalışmalarında eklemeli gen etkileri üzerinde daha fazla durulmaktadır. Çünkü eklemeli genler hem kalıtılabilir ve hem de fikse edilebilirken, dominant genler kalıtılabilir ancak ilerleyen generasyonlarda fikse edilemezler (Naveed vd., 2016). Başka bir ifadeyle, dominant genlerin etkisi ileriki generasyonlarda farklılaşabilmektedir (Kutlu, 2012). Verim ve verime önemli katkı sağlayan özelliklerin eklemeli genlerle yönetildiği popülasyonlarda erken generasyonlarda tek bitki seçimine başlanabilir. Bu çalışmada elde edilen sonuçlara benzer şekilde, özelliklerin büyük çoğunluğunun kalıtımında hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinin birlikte rol oynadığı popülasyonlarda, seleksiyon başarısının kalıtılamaz genetik varyans bileşeni olarak ifade edilen epistatik gen etki tipine bağlı olduğu bilinmektedir. Bu nedenle, böyle bir özelliği iyileştirmek için hem eklemeli gen etkilerinin sürdürülebileceği hem de dominant gen etkilerinden yararlanmak için ilk generasyonlarda heterozigotluğun devam ettirilebileceği yarım bulk yönteminin kullanılması faydalı olabilir. Ayrıca, dominantlığı yitirmemek için üstün melez genotiplerin birbirleriyle melezlenebileceği bir yöntem olan tekrarlamalı seleksiyon da önerilebilir. Ayrıca, açılan erken generasyonlarda iki ebeveynli (bi-parental) eşleşme deseni de hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkilerinden yararlanmak için daha pratik olabilir. Bu amaçla üstün dominantlık veya epistatik dominant $\times$ dominant tipi gen etkisi gösteren düşük $\times$ düşük GUYE sahip anaçlardan meydana gelen yüksek ÖUYE sahip melez genotipler aralarında melezlenebilir. Bu tip melezlemeler ile heterosisten de faydalanılabilir (Chakraborty vd., 2009). Sonuç olarak ise, bu tür popülasyonlarda tek bitki seçiminin F₅ veya F₆ gibi ileriki generasyonlarda yapılmasının üstün genotipleri elde etmek için daha uygun olacağı söylenebilir.

Diğer bazı tarla bitkilerinde önemli özelliklerin sıcaklık stresi altında kalıtım mekanizmalarına baktığımızda ise farklı sonuçlar dikkati çekmektedir. Jodage vd. (2017)

tropikal mısırdaki (*Zea mays* L.) sıcaklık stresi altında özelliklerin çoğunun eklemeli olmayan genlerle yönetildiğini bildirirken, Ali vd. (2020) sıcaklık stresi altında mısırdaki (*Zea mays* L.) özelliklerin hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen etkileri ile kontrol edildiğini, ancak eklemeli olmayan gen etkilerinin daha üstün olduğunu aktarmıştır. Bunlara ek olarak, Osuman vd. (2022) ise sıcaklık stresi altında mısırın (*Zea mays* L.) verim ve verim bileşenlerinin sadece eklemeli gen etkileri ile yönetildiğini tespit etmişlerdir. Buğdayda (*Triticum aestivum* L.) sıcaklık stresi altında yürütülen bir çalışmada, verim ve verim ile ilişkili özelliklerin eklemeli olmayan gen etkilerinin kontrolünde olduğunu saptamışlardır (Fouad vd., 2022). Ayrıca, Zafar vd. (2022) sıcaklık stresi altında pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) verim ve ilgili özellikler için yüksek ve orta seviyelerde geniş anlamda kalıtım dereceleri tahmin etmişlerdir. Son olarak, sıcaklık stresi altında ayçiçeğinde (*Helianthus annuus* L.) fotosentez ve terleme oranının yanı sıra yaprak sıcaklığı için yüksek, buna karşın stomatal iletkenlik için ise orta düzeyde geniş anlamda kalıtım dereceleri belirlemişlerdir (Kalyar vd., 2013). Bu yüzden, türlere göre veya tür içinde bile değişen bu farklı sonuçlardan dolayı, gelecekte tasarlanacak çalışmalar için literatürdeki sonuçlar dikkatlice yorumlanmalıdır.

Çalışmamızda heterosis değerleri **çiçeklenme gün sayısı** için %-1,92 ile % 7,02; **ilk bakla bağlama gün sayısı** için %-4,54 ile %5,97; **fizyolojik olgunluk gün sayısı** için %-3,36 ile %1,96; **bitki boyu** için %-4,67 ile %24,04; **ilk bakla yüksekliği** için %-15,03 ile %38,07; **dal sayısı** için %-28,60 ile %58,70; **bakla sayısı** için %-14,66 ile %33,74; **boş bakla sayısı** için %-27,67 ile %127,40; **baklada tohum sayısı** için %-5,73 ile %3,14; **yüz tohum ağırlığı** için %-14,84 ile %11,10; **tek bitki verimi** için %-12,63 ile %21,24; **protein içeriği** için %-3,69 ile %3,15; **yağ içeriği** için %-1,87 ile %20,76; **oleik asit içeriği** için %-7,36 ile %7,68; **linoleik asit içeriği** için %-6,43 ile %6,06; **linolenik asit içeriği** için %-4,91 ile %9,53; **stearik asit içeriği** için %-13,68 ile %14,88; **palmitik asit içeriği** için %-5,68 ile %4,31; **kanopi sıcaklığı (R1)** için %-4,02 ile %2,41; **kanopi sıcaklığı (R5)** için %-1,96 ile %2,32; **SPAD (R1)** için %-6,44 ile %2,61; **SPAD (R5)** için %-5,41 ile %7,69; **stomatal iletkenlik (R1)** için %-31,07 ile %21,41; **stomatal iletkenlik (R5)** için %-41,09 ile %34,67; **Fv/Fm (R1)** için %-7,24 ile %8,26 ve **Fv/Fm (R5)** için ise %-4,76 ile %6,19 arasında saptanmıştır.

Genellikle arzu edilen yönde heterosis değerleri ilk bakla bağlama gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, bakla sayısı, yağ içeriği, oleik asit içeriği, palmitik asit içeriği, kanopi sıcaklığı (R1), kanopi sıcaklığı (R5), SPAD (R5) ve Fv/Fm (R1) özelliklerinde bulunmuştur. Buna karşın; çiçeklenme gün sayısı, boş bakla sayısı, baklada

tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi, protein içeriği, linoleik asit içeriği, linolenik asit içeriği, stearik asit içeriği, SPAD (R1), stomatal iletkenlik (R1), stomatal iletkenlik (R5) ve Fv/Fm (R5) özelliklerinde ise arzu edilmeyen yönde heterosis değerleri tespit edilmilmiştir.

Normal koşullar altında yürütülen çalışmalarda; **çiçeklenme gün sayısı** için Nassar (2013) %-4,41 - %9,53 arasında, Abou Sen (2020a) %-2,20 ile % 2,03 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-20,00 - %15,39 arasında, Abou Sen (2020b) %-18,70 - %9,21 arasında ve Yamgar vd. (2021) ise %-3,14 - %-0,43 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda heterosis değerleri saptamışlardır. **Fizyolojik olgunluk gün sayısı** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-8,5 - %5,3 arasında, Abou Sen (2020b) %-6,94 - %2,62 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda; Nassar (2013) %-1,47 - %7,14, Abou Sen (2020a) %-0,35 - %3,00 arasında, Yamgar vd. (2021) ise %0,74 - %4,90 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterosis değerleri tespit etmişlerdir. **Bitki boyu** için Nassar (2013) %-28,74 - %75,03 arasında, Abou Sen (2020a) %6,12 - %52,21 arasında, Abou Sen (2020b) %3,69 - %36,01 arasında, Bagatelli vd. (2020) %-3,1 - % 13,40 arasında, Yamgar vd. (2021) %15,63 - %25,08 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-39,40 - %54,30 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterosis değerleri bulmuşlardır. **Dal sayısı** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-25,9 - %80,00 arasında, Nassar (2013) %-16,04 - %48,14 arasında, Abou Sen (2020a) %5,66 - %40,52 arasında, Abou Sen (2020b) %-4,08 - %14,84 arasında, Yamgar vd. (2021) %17,76 - %32,20 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde heterosis değerleri saptamışlardır. **Bakla sayısı** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-30,40 - %112,40 arasında, Pandini vd. (2002) %-32,19 - %67,24 arasında, Nassar (2013) %19,79 - %76,93 arasında, Abou Sen (2020a) %0,97 - %52,19 arasında, Abou Sen (2020b) %%-1,36 - %37,74 arasında, Bagatelli vd. (2020) %-8,1 - %30 arasında, Yamgar vd. (2021) ise %19,14 - %31,42 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda heterosis değerleri tespit etmişlerdir. **Baklada tohum sayısı** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-12,7 - %26,5 arasında, Abou Sen (2020a) %3,01 - %12,83 arasında, Pandini vd. (2002) %-9,27 - %35,92 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde; Nassar (2013), %-16,00 - %8,61 arasında, Abou Sen (2020b) %-27,83 - %4,71 arasında, Bagatelli vd. (2020) %-19,60 - %6,50 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterosis değerleri belirlemişlerdir. **Yüz tohum ağırlığı** için Nassar (2013) %-40,12 - %27,49 arasında, Pandini vd. (2002) %-10,55 - %19,32 arasında, Abou Sen (2020a) %0,66 - %15,21 arasında, Abou Sen (2020b) %-3,11 - %30,32 arasında, Yamgar vd. (2021),

%-4,65 - %34,83 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-25,80 - %45,30 arasında, Bagatelli vd. (2020) ise %-10,60 - %-2,40 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen yönde heterosis değerleri saptamışlardır. **Tek bitki verimi** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-18,90 - %170,90 arasında, Pandini vd. (2002) %-14,47 - %132,00 arasında, Nassar (2013) %-40,72 - %98,79 arasında, Abou Sen (2020a) %32,07 - %105,52 arasında, Abou Sen (2020b) %-10,24 - %50,44 arasında, Bagatelli vd. (2020) %-6,20 - %25,70 arasında, Yamgar vd. (2021) %-2,95 - %37,09 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde; Pereira vd. (2019) ise %-80,88 - %131,11 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterosis değerleri bulmuşlardır. **Protein içeriği** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-8,00 - %12,30 arasında, Nassar (2013) %-12,92 - %10,45 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen yönde; Rialch vd. (2017) ise %-6,06 - %8,65 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda heterosis değerleri saptamışlardır. **Yağ içeriği** için Nassar (2013) %-23,78 - %8,30 arasında, Rialch vd. (2017) %-17,89 - %12,44 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda; Gadag ve Upadhyaya (1995) ise %-10,70 - %15,1 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde heterosis değerleri tespit etmişlerdir.

Heterosis değerleri göz önüne alındığında melezlerin çoğunun anaçlarına göre orta-geçici, daha uzun, ilk baklayı daha yüksekten bağladıkları, daha fazla baklaya sahip oldukları, yağ, oleik asit ve palmitik asit içeriklerinin daha fazla olduğu ve kanopi sıcaklıklarının ise daha düşük olduğu söylenebilir. Buna karşın, melezlerin çoğunun ise anaçlarına göre daha fazla boş baklaya sahip olduğu, baklada tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi, protein içeriği, linoleik asit içeriği ve stomatal iletkenlik değerlerinin daha düşük olduğu ve stearik asit içeriklerinin ise daha yüksek olduğu vurgulanabilir.

İncelenen özelliklere ilişkin heterobeltiosis değerleri **çiçeklenme gün sayısı** için %-1,53 ile %9,59; **ilk bakla bağlama gün sayısı** için %-2,92 ile %5,97; **fizyolojik olgunluk gün sayısı** için %-1,85 ile %2,36; **bitki boyu** için %-8,58 ile %15,97; **ilk bakla yüksekliği** için %-20,02 ile %26,15; **dal sayısı** için %-31,41 ile %41,25; **bakla sayısı** için %-24,87 ile %28,46; **boş bakla sayısı** için %-10,51 ile %222,15; **baklada tohum sayısı** için %-9,36 ile %1,86; **yüz tohum ağırlığı** için %-22,17 ile %6,48; **tek bitki verimi** için %-21,69 ile %18,77; **protein içeriği** için %-4,01 ile %2,14; **yağ içeriği** için %-2,42 ile %14,73; **oleik asit içeriği** için %-10,25 ile %5,93; **linoleik asit içeriği** için %-7,05 ile %3,40; **linolenik asit içeriği** için %-5,85 ile %6,55; **stearik asit içeriği** için %-18,86 ile %13,57; **palmitik asit içeriği** için %-7,00 ile %3,46; **kanopi sıcaklığı (R1)** için %-3,76 ile %3,07; **kanopi sıcaklığı (R5)** için %-1,47 ile %3,18; **SPAD (R1)** için %-8,29 ile %2,28; **SPAD (R5)** için %-8,01 ile %7,67; **stomatal**

iletkenlik (R1) için %-36,25 ile %20,87; **stomatal iletkenlik (R5)** için %-44,28 ile %20,04; **Fv/Fm (R1)** için %-7,93 ile %7,45 ve **Fv/Fm (R5)** için ise %-7,41 ile 4,23 arasında belirlenmiştir.

Normal koşullar altında yürütülen çalışmalarda; **çiçeklenme gün sayısı** için Abou Sen (2020b) %-20,90 - %8,44 arasında, Yamgar vd. (2021) %-4,48 - %14,63 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-19,25 ile %31,19 arasında, Nassar (2013) %0,37 - %38,59 arasında, Abou Sen (2020a) ise %5,61 – %22,06 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterobeltiosis değerleri saptamışlardır, **Fizyolojik olgunluk gün sayısı** için Abou Sen (2020b) %-13,76 - %-1,46 arasında, Yamgar vd. (2021) %-6,83 - %2,39 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-5,50 - %8,00 arasında, Nassar (2013) %0,28 - %22,99 arasında, Abou Sen (2020a) ise %0,52 - %13,30 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen yönde heterobeltiosis değerleri tespit etmişlerdir. **Bitki boyu** için Abou Sen (2020a) %-16,12 - %37,89 arasında, Abou Sen (2020b) %-6,71 - %16,25 arasında, Yamgar vd. (2021) %4,17 - %21,21 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-57,50 - %40,20 arasında, Nassar (2013) ise %-32,63 - %26,72 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen yönde heterobeltiosis değerleri bulmuşlardır. **Dal sayısı** için Nassar (2013) %-30,66 - %33,82 arasında, Abou Sen (2020a) %3,19 - %34,23 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-39,80 - %69,10 arasında, Abou Sen (2020b) %-18,40 - %13,92 arasında, Yamgar vd. (2021) ise %-19,86 - %6,85 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterobeltiosis değerleri belirlemişlerdir. **Bakla sayısı** için Nassar (2013) %11,15 - %64,76 arasında, Abou Sen (2020a) %-6,44 - %42,21 arasında, Abou Sen (2020b) %-7,93 - %18,13 arasında, Yamgar vd. (2021) %33,84 - %64,85 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-43,70 - %110,10 arasında, Pandini vd. (2002) ise %-56,20 - %45,82 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen yönde heterobeltiosis değerleri tespit etmişlerdir. **Baklada tohum sayısı** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-0,8 - %0,7 arasında, Pandini vd. (2002) %-17,50 - %22,47 arasında, Abou Sen (2020a) %-0,44 - %12,94 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde; Nassar (2013) %-16,19 - %4,61 arasında, Abou Sen (2020b) ise %-41,69 - %1,78 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterobeltiosis değerleri saptamışlardır. **Yüz tohum ağırlığı** için Abou Sen (2020a) %-6,73 - %11,96 arasında, Yamgar vd. (2021) %-11,77 - %21,69 arasında ve genel olarak arzu edilen yönde; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-45,50 - %21,70 arasında, Pandini vd. (2002) %-16,78 - %19,95 arasında, Nassar (2013) %-48,21 - %7,69 arasında, Abou Sen (2020b) ise %-9,18 - %6,73

arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterobeltiosis değerleri bulmuşlardır. **Tek bitki verimi** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-43,60 - %121,90 arasında, Pandini vd. (2002) %-44,17 - %74,20 arasında, Abou Sen (2020a) %18,70 - %83,12 arasında, Abou Sen (2020b) %-20,74 - %41,22 arasında, Yamgar vd. (2021) %8,93 - %59,48 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda, Nassar (2013) ise %-48,70 - %42,52 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen yönde heterobeltiosis değerleri saptamışlardır. **Protein içeriği** için Rialch vd. (2017) %-11,15 - %6,67 arasında ve genel olarak arzu edilen doğrultuda; Gadag ve Upadhyaya (1995) %-10,80 - %12,20 arasında, Nassar (2013) ise %-27,53 - %5,59 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterobeltiosis değerleri belirlemişlerdir. **Yağ içeriği** için Gadag ve Upadhyaya (1995) %-14,20 - %11,30 arasında, Nassar (2013) %-17,81 - %10,29 arasında, Rialch vd. (2017) ise %-24,07 - %11,12 arasında ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda heterobeltiosis değerleri tespit etmişlerdir.

Arzu edilen yönde heterobeltiosis değerleri bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, yağ içeriği, stearik asit içeriği, palmitik asit içeriği, kanopi sıcaklığı (R1) ve SPAD (R5) özelliklerinde saptanırken, Çiçeklenme gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, bakla sayısı, boş bakla sayısı, baklada tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi, protein içeriği, oleik asit içeriği, linoleik asit içeriği, linolenik asit içeriği, kanopi sıcaklığı (R5), SPAD (R1), stomatal iletkenlik (R1), stomatal iletkenlik (R5), Fv/Fm (R1) ve Fv/Fm (R5) özelliklerinde ise arzu edilmeyen yönde heterobeltiosis değerleri belirlenmiştir.

Melez genotiplerin kontrol çeşide üstünlük değerleri **çiçeklenme gün sayısı** için %1,18 ile %7,45; **ilk bakla bağlama gün sayısı** için %-1,48 ile %4,92; **fizyolojik olgunluk gün sayısı** için %0,00 ile %4,87; **bitki boyu** için %-0,03 ile %28,02; **ilk bakla yüksekliği** için %-16,70 ile %41,03; **dal sayısı** için %9,27 ile %94,31; **bakla sayısı** için %-10,48 ile %23,46; **boş bakla sayısı** için %12,04 ile %186,36; **baklada tohum sayısı** için %-7,94 ile %-0,39; **yüz tohum ağırlığı** için %-11,26 ile %17,86; **tek bitki verimi** için %-15,68 ile %17,08; **protein içeriği** için %-1,21 ile %3,86; **yağ içeriği** için %-11,14 ile %6,64; **oleik asit içeriği** için %0,22 ile %11,55; **linoleik asit içeriği** için %-7,36 ile %1,35; **linolenik asit içeriği** için %-5,10 ile %8,88; **stearik asit içeriği** için %-8,82 ile %13,45; **palmitik asit içeriği** için %-8,61 ile %0,93; **kanopi sıcaklığı (R1)** için %-2,87 ile %2,78; **kanopi sıcaklığı (R5)** için %-5,33 ile %-0,45; **SPAD (R1)** için %-12,86 ile %-4,41; **SPAD (R5)** için %-4,73 ile %6,12; **stomatal iletkenlik (R1)** için %-43,60 ile %-8,45; **stomatal iletkenlik (R5)** için %%-37,86 ile %14,88; **Fv/Fm (R1)** için %-9,66 ile %3,86 ve **Fv/Fm (R5)** için ise %-7,04 ile %4,69 arasında tahmin edilmiştir.

Genellikle arzu edilen yönde kontrol çeşide üstünlük değerleri bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, bakla sayısı, tek bitki verimi, protein içeriği, yağ içeriği, oleik asit içeriği, linolenik asit içeriği, palmitik asit içeriği, kanopi sıcaklığı (R1), kanopi sıcaklığı (R5) ve SPAD (R5) özelliklerinde belirlenmiştir. Buna karşın; çiçeklenme gün sayısı, ilk bakla bağlama gün sayısı, fizyolojik olgunluk gün sayısı, boş bakla sayısı, baklada tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, linoleik asit içeriği, stearik asit içeriği, SPAD (R1), stomatal iletkenlik (R1), stomatal iletkenlik (R5), Fv/Fm (R1) ve Fv/Fm (R5) özelliklerinde ise arzu edilmeyen yönde kontrol çeşide üstünlük değerleri saptanmıştır.

Rialch vd. (2017) yağ içeriği için %-1,70 - %8,58 arasında ve arzu edilen doğrultuda, buna karşın protein içeriği için ise %-12,85 - %14,18 arasında ve arzu edilmeyen yönde kontrol çeşide üstünlük değerleri belirlediklerini bildirmişlerdir.

Anaç seçimi için araştırmacılar tarafından değişik yöntemlerin önerildiği bilinmektedir. Kantitatif özellikler için anaç seçiminde, popülasyon genetiği yönünden farklı kökenli olmak bir ölçüt olarak değerlendirilebilir (Demir vd., 1980). Buna ek olarak, arzu edilen özellikler bakımından anaçların göstereceği fenotipik farklılıklar seçim ölçütü olarak dikkate alınabileceği gibi, anaçların genel uyum yeteneği etkileri de bir başka seçim ölçütü olarak kullanılabilir (Ruckenbauer, 1977). Ayrıca, melez ıslahı çalışmalarında uyum yeteneği testleri ile de melez genotipi meydana getirecek anaçlar seçilebilmektedir. Uyum yeteneği testi ile melez kombinasyonu oluşturacak anaçlar genel ve özel uyum yeteneği etkilerine göre belirlenirler (Poehlman, 1978).

Pozitif veya negatif olarak düşük bir GUYE sahip bir anaç, dâhil olduğu melez kombinasyonların ortalama değerinin (dizi ortalaması) bütün F₁'lerin oluşturduğu melez popülasyonun genel ortalamasından çok fazla sapma göstermediğini belirtmektedir. Bunun aksine pozitif veya negatif yüksek bir GUYE ise anaç değerinin genel ortalamadan yüksek veya düşük olduğunu göstermektedir. Önemli GUYE, arzu edilen genlerin anaçtan melez genotiplere yüksek yoğunlukta aktarıldığını ve bunun ağırlıklı olarak eklemeli genlerin üstünlüğü ile gerçekleştiğini yansıtmaktadır (Franco vd., 2001). Ayrıca, yüksek bir GUYE daha yüksek bir kalıtım derecesi ve daha az çevresel etkilerin bir göstergesidir. Bunlara ek olarak, GUYE'nin yüksek olması daha az gen interaksiyonunun varlığının ve seleksiyonda daha yüksek başarının da bir göstergesidir (Topal vd., 2004; Chigeza vd., 2014). Bu varsayımlar ışığında, yüksek GUYE sahip bir anacın en büyük özelliği onun yüksek adaptasyon yeteneğidir.

Yüksek ÖUYE sadece yüksek $\times$ yüksek GUYE sahip anaçların meydana getirdiği melez kombinasyonlarından elde edilmeyebilir. Ayrıca, yüksek $\times$ orta, yüksek $\times$ düşük, orta $\times$ yüksek, orta $\times$ orta, orta $\times$ düşük, düşük $\times$ orta ve düşük $\times$ düşük GUYE sahip anaçların meydana getirdiği melez kombinasyonlarda da yüksek ÖUYE saptanabilir (Sharma ve Phul, 1994; Sood vd., 2000; Sincik vd., 2014; Rialch, 2017; Rai vd., 2019). Bu tip melez kombinasyonlarda yüksek ÖUYE'nin saptanması, melez genotipi meydana getiren anaçların genetik çeşitliliklerinden dolayı gen dağılımlarının farklılığından kaynaklanıyor olabilir (Dar vd., 2011). Her iki anacın da iyi GUYE sahip olduğu melez kombinasyonlarında tespit edilen yüksek ÖUYE eklemeli gen etkilerinin varlığını göstermektedir. Anaçlarından bir tanesinin iyi bir tanesinin de kötü GUYE sahip olduğu melez kombinasyonlarında saptanan yüksek ÖUYE, yüksek GUYE sahip anacın eklemeli etkisiyle ve düşük GUYE sahip anacın özelliği iyileştirici etki yapan epistatik eklemeli $\times$ dominant gen etkisiyle açıklanabilir. Melez kombinasyonu oluşturan her iki anacın da kötü GUYE sahip olduğu melez genotiplerde de yüksek ÖUYE belirlenebilir. Bu nedenle, bu durum üstün dominatlık ile yönetilen ve ilerleyen generasyonlarda fikse edilemeyen epistatik dominant $\times$ dominant tipi gen etkileri ile açıklanmıştır (Dey vd., 2014; Chigeza vd., 2014; Milic vd., 2011; Verma ve Srivastava, 2004; Wassimi vd., 1986).

Yukarıdaki çıkarımlar doğrultusunda anılan özellik yönünden yüksek değere sahip bir anaç melezlemede kullanıldığında yüksek değere sahip melez genotipler elde edilemeyebilir (Allard, 1960; Tyagi ve Lal, 2005; Shukla vd., 2008;). Aynı zamanda, en kötü kombinasyonda yer alan bir anaç diğer ebeveyn düzgün seçildiğinde en iyi melez genotipi meydana getirebilir (Bao vd., 2009).

Ayrıca GUYE'nin belirlenmesinde ÖUYE genellikle bir perdeleme etkisi yapabilir. Genetik olarak farklı genotipler kullanılarak ve anaçların sayısı artırılarak, ÖUYE azaltılabilir (Hallauer vd., 1988). Dolayısıyla, ıslah programlarında sadece ÖUYE temel alınarak anaç seçmek sınırlı bir değere sahiptir. Bu yüzden, en az bir anacı yüksek GUYE sahip, yüksek ÖUYE gösteren ve özellik yönünden fenotipik performansı yüksek olan bir melez genotipinin ÖUYE anaç belirlemede kullanılabilir (Makanda vd., 2010; Joshi vd., 2004; Kenga vd., 2004; Franco vd., 2001).

Soya fasulyesi gibi kendine döllen bitkilerin ıslahından ana hedef, ümitvar melez genotiplerin arasından incelenen özellikler yönünden üstün olanların, mümkün olduğu kadar erken generasyonlarda ve doğru olarak tespit edilmesidir (Crumpacker ve Allard, 1962). Diallel melezleme aracılığıyla elde edilen biyometrik-genetik bilgiler, ıslahçıya sürdüreceği

melezleme programının tasarımı ve anaç seçiminde yardımcı olmasının yanı sıra, elde edilecek melez genotiplerin fenotipik ve özel uyum yeteneği etkisi gibi değerleri hakkında da bilgi sağlamaktadır (Lupton, 1961). Anaçlara ilişkin genetik bilgilerden yararlanılarak melez genotiplerin performanslarına ilişkin tahminlerin yapılabileceği ifade edilmiştir (Ruckebauer, 1977). Ancak, Aksel ve Johnson (1963) ise ileri generasyonlar için ümitvar melez genotiplerin belirlenmesinde anaç performanslarının tek başına yeterli olmadığını vurgulamıştır. Bu doğrultuda Griffing (1956) tarafından üstün ümitvar melez genotiplerin seçiminde, melez kombinasyonlara ilişkin özel uyum yeteneği etkisinden de yararlanılması gerektiği bildirilmiştir.

Genel uyum yeteneği etkileri; **çiçeklenme gün sayısı** için sadece Arısoy çeşidinde, **fizyolojik olgunluk gün sayısı** için Arısoy ve Pınar çeşitlerinde, **bitki boyu** için Arısoy çeşidinde, **ilk bakla yüksekliği** için Arısoy çeşidinde, **bakla sayısı** için Arısoy ve Samsoy çeşitlerinde, **boş bakla sayısı** için Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinde, **baklada tohum sayısı** için Arısoy ve Ataem-7 çeşitlerinde, **yüz tohum ağırlığı** için Pınar ve Blaze çeşitlerinde, **tek bitki verimi** için Pınar ve Blaze çeşitlerinde, **yağ içeriği** için Pınar çeşidinde, **oleik asit içeriği** için Samsoy çeşidinde, **linoleik asit içeriği** için Arısoy çeşidinde, **linolenik asit içeriği** için Arısoy çeşidinde, **stearik asit içeriği** için Arısoy çeşidinde, **palmitik asit içeriği** için Arısoy çeşidinde, **kanopi sıcaklığı (R5)** için Arısoy ve Blaze çeşidinde, **SPAD (R1)** için Arısoy ve Ataem-7 çeşitlerinde, **SPAD (R5)** için Arısoy çeşidinde, **stomatal iletkenlik (R1)** için Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinde, **Fv/Fm (R1)** için Arısoy ve Samsoy çeşitlerinde, **Fv/Fm (R5)** için ise Ataem-7 ve Blaze çeşitlerinde önemli ve arzu edilen yönde bulunmuştur.

Normal koşullar altında yürütülen çalışmalarda; **çiçeklenme gün sayısı** için Gadag vd. (1999) yedi anaçtan sadece bir anacın önemli ve arzu edilen yönde, diğer anaçların ise arzu edilmeyen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmiştir. Öte yandan, Gavioli vd. (2006) sekiz anaçtan dördünün arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Bunlara ek olarak, Abou Sen (2020b) altı anaçtan üçünün önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduğunu vurgulamıştır. Ayrıca, Tesfaye vd. (2020) dokuz anacın tamamını önemsiz bulurken, anaçların genel olarak arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Ige vd. (2021) dokuz anaçtan sadece bir tanesini önemli olarak saptarken, anaçların genel olarak arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Rialch ve Sharma (2019) yirmi anaçtan altı tanesini arzu edilen yönde önemli bulurken, anaçların genel olarak arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde,

diğerlerinin ise genel olarak arzu edilmeyen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Nag vd. (2018) yedi anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Nassar (2013) altı anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamıştır. Suh vd. (2000) dokuz anaçtan sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. **İlk bakla bağlam gün sayısı** için Ige vd. (2021) sekiz anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir.

Fizyolojik olgunluk gün sayısı için Abou Sen (2020b) altı anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını aktarmıştır. Tesfaye vd. (2020) dokuz anacın tamamını önemsiz saptarken, anaçların genel olarak arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Rialch ve Sharma (2019) yirmi anaçtan sadece iki tanesini önemli bulurken, anaçların genel olarak arzu edilmeyen yönde GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır. Susanto (2018) beş anacın tamamını önemsiz bulurken, anaçların genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmiştir. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduğunu aktarmışlardır. Nag vd. (2018) yedi anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde, diğer anaçların ise önemli ve arzu edilmeyen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Kataliko vd. (2018) sekiz anaçtan beş tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır. Nassar (2013) altı anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmiştir. Suh vd. (2000) dokuz anaçtan sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Gadag vd. (1999) yedi anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Gavioli vd. (2006) sekiz anaçtan dört tanesinin arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır.

Bitki boyu için Abou Sen (2020b) altı anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduğunu aktarmıştır. Tesfaye vd. (2020) dokuz anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Ige vd. (2021) sekiz anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduğunu ifade etmişlerdir. Bagatelli vd. (2020) sekiz anaçtan dört tanesinin arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır. Rialch ve Sharma (2019) yirmi anaçtan sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Nag vd. (2018) yedi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu

edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Kataliko vd. (2018) sekiz anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır. Karyawati vd. (2015) altı anacın genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Nassar vd. (2013) altı anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını aktarmıştır. Gadag vd. (1999) yedi anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Gavioli vd. (2006) sekiz anaçtan dört tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır.

İlk bakla yüksekliği için Nag vd. (2018) yedi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Öte yandan, Gavioli vd. (2006) sekiz anaçtan dört tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır.

Dal sayısı için Abou Sen (2020b) altı anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını saptamıştır. Rialch vd. (2019) yirmi anaçtan sadece beş tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Nag vd. (2018) yedi anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduğunu aktarmışlardır. Karyawati vd. (2015) altı anaçtan dördünün arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Nassar (2013) altı anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmiştir. Gavioli vd. (2006) sekiz anaçtan dört tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir.

Bakla sayısı için Ige vd. (2021) sekiz anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduğunu bildirmişlerdir. Chiipanthenga vd. (2021) altı anacın tamamını önemsiz olarak bulurken, anaçların genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır. Abou Sen (2020b) altı anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmiştir. Tesfaye vd. (2020) dokuz anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduğunu aktarmışlardır. Bagatelli vd. (2020) sekiz anacın yarısının arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduğunu vurgulamışlardır. Rialch vd. (2019) yirmi anaçtan sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Nag vd. (2018) yedi anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen

yönde GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Karyawati vd. (2018) altı anaçtan üç tanesinin arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Nassar (2013) altı anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamıştır. Kaw ve Menon (1980) on anaçtan beş tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Gadag vd. (1999) yedi anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir.

Baklada tohum sayısı için Abou Sen (2020b) altı anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda, diğerlerinin ise arzu edilmeyen yönde önemli GUYE'ne sahip olduklarını aktarmıştır. Tesfaye vd. (2020) dokuz anaçtan sadece bir tanesini önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduğunu bildirmişlerdir. Bagatelli vd. (2020) sekiz anaçtan sadece iki tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Rialch ve Sharma (2019) yirmi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Nag vd. (2018) yedi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Nassar (2013) altı anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmiştir.

Yüz tohum ağırlığı için Cho ve Scott (2000) onbir anaçtan altı tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Chiipanthenga vd. (2021) altı anacın tamamını önemsiz olarak saptarken, anaçların genel olarak arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Abou Sen (2020b) altı anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bulmuştur. Tesfaye vd. (2020) dokuz anacın genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Bagatelli vd. (2020) sekiz anaçtan dört tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Rialch vd Sharma (2019) yirmi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan beş tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Nag vd. (2018) yedi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Karyawati vd. (2015) altı anaçtan sadece iki tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Nassar (2013) altı anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır.

Tek bitki verimi için Almedia Lopes vd. (2001) altı anaçtan dört tanesinin arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Cho ve Scott (2000) onbir anaçtan sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Ige vd. (2021) sekiz anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Chiipanthenga vd. (2021) altı anacın sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduğunu vurgulamıştır. Kataliko vd. (2018) sekiz anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır. Abou Sen (2020b) altı anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmiştir. Tesfaye vd. (2020) dokuz anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduğunu aktarmışlardır. Bagatelli vd. (2020) sekiz anaçtan üç tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Rialch ve Sharma (2019) yirmi anaçtan sadece altı tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır. Nag vd. (2018) yedi anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Karyawati vd. (2015) altı anaçtan dört tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Nassar (2013) altı anaçtan iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını saptamıştır. Kaw ve Menon (1980) on anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Gadag vd. (1999) yedi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir.

Protein içeriği için Gadag vd. (1999) yedi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Nassar (2013) altı anaçtan üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamıştır. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Rialch (2017) yirmi anaçtan sadece beş tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmiştir. Nag vd. (2018) yedi anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir.

Yağ içeriği için Gadag vd. (1999) yedi anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Nassar (2013) altı anaçtan sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını vurgulamıştır. Nagarajan vd. (2017) on anaçtan dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Rialch (2017) yirmi anaçtan sadece altı tanesinin önemli ve arzu

edilen doğrultuda GUYE'ne sahip olduklarını aktarmıştır. Nag vd. (2018) yedi anaçtan sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduğunu vurgulamışlardır.

Stomatal iletkenlik için Karyawati vd. (2015) altı anaçtan üç tanesinin arzu edilen yönde GUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir.

Özel uyum yeteneği etkileri; **çiçeklenme gün sayısı** için sadece Pınar × Samsoy kombinasyonunda, **ilk bakla bağla gün sayısı** için Pınar × Samsoy, Pınar × Ataem-7, Pınar × Blaze kombinasyonlarında, **fizyolojik olgunluk gün sayısı** için Pınar × Samsoy kombinasyonunda, **bitki boyu** için Arısoy × Pınar, Arısoy × Ataem-7, Arısoy × Blaze, Pınar × Samsoy, Pınar × Ataem-7 kombinasyonlarında, **ilk bakla yüksekliği** için Arısoy × Pınar, Arısoy × Samsoy, Arısoy × Ataem-7, Samsoy × Ataem-7 kombinasyonlarında, **bakla sayısı** için Arısoy × Samsoy, Arısoy × Ataem-7, Samsoy × Ataem-7 kombinasyonlarında, **boş bakla sayısı** için Arısoy × Pınar, Pınar × Samsoy kombinasyonlarında, **baklada tohum sayısı** için Arısoy × Samsoy, Arısoy × Ataem-7, Samsoy × Blaze, Ataem-7 × Blaze kombinasyonlarında, **yüz tohum ağırlığı** için Pınar × Samsoy kombinasyonunda, **tek bitki verimi** için Pınar × Samsoy kombinasyonunda, **protein içeriği** için Ataem-7 × Blaze kombinasyonunda, **yağ içeriği** için Arısoy × Ataem-7, Pınar × Samsoy, Pınar × Blaze, Samsoy × Blaze kombinasyonunda, **oleik asit içeriği** için Samsoy × Ataem-7, Samsoy × Blaze, Ataem-7 × Blaze kombinasyonlarında, **linoleik asit içeriği** için Arısoy × Pınar kombinasyonunda, **linolenik asit içeriği** için Arısoy × Pınar, Arısoy × Samsoy, Arısoy × Ataem-7, Pınar × Blaze kombinasyonlarında, **stearik asit içeriği** için Arısoy × Pınar kombinasyonunda, **palmitik asit içeriği** için Arısoy × Samsoy, Ataem-7 × Blaze kombinasyonlarında, **kanopi sıcaklığı (R1)** için Arısoy × Pınar, Arısoy × Samsoy kombinasyonlarında, **kanopi sıcaklığı (R5)** için Arısoy × Pınar, Samsoy × Ataem-7, Samsoy × Blaze, Ataem-7 × Blaze kombinasyonlarında, **SPAD (R1)** için Arısoy × Pınar, Arısoy × Samsoy, Arısoy × Ataem-7, Pınar × Ataem-7, Pınar × Blaze kombinasyonlarında, **SPAD (R5)** için Arısoy × Blaze, Pınar × Samsoy, Pınar × Ataem-7, Samsoy × Blaze kombinasyonlarında, **stomatal iletkenlik (R1)** için Arısoy × Ataem-7, Arısoy × Blaze, Pınar × Samsoy, Pınar × Ataem-7, Pınar × Blaze, Samsoy × Ataem-7 kombinasyonlarında, **stomatal iletkenlik (R5)** için Arısoy × Samsoy, Arısoy × Ataem-7, Arısoy × Blaze, Pınar × Ataem-7 kombinasyonlarında, **Fv/Fm (R1)** için Arısoy × Samsoy, Pınar × Samsoy, Pınar × Ataem-7, Pınar × Blaze, Samsoy × Ataem-7, Samsoy × Blaze, Ataem-7 × Blaze kombinasyonlarında, **Fv/Fm (R5)** için ise Arısoy × Ataem-7, Pınar × Blaze, Samsoy × Ataem-7, Samsoy × Blaze kombinasyonlarında önemli ve arzu edilen yönde belirlenmiştir.

Çiçeklenme gün sayısı için Nassar (2013) onbeş melezin genel olarak arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuştur. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezin tamamının önemsiz ancak genel olarak arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Kataliko vd. (2018) yirmi sekiz melezden sadece beş tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Nag vd. (2018) yirmi bir melezin sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduğunu vurgulamışlardır. Rialch ve Sharma (2019) otuz altı melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Abou Sen (2020b) on beş melezden dokuz tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmiştir. Ige vd. (2021) onbeş melezden sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Tesfaye vd. (2020) otuz altı melezin tamamının önemsiz ve genel olarak arzu edilmeyen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Yamgar vd. (2021) arzu edilmeyen doğrultuda ÖUYE tespit etmişlerdir.

İlk bakla bağlama gün sayısı için Ige vd. (2021) onbeş melezden sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Fizyolojik olgunluk gün sayısı için Nassar (2013) onbeş melezden sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmıştır. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduğunu bulmuşlardır. Nag vd. (2018) yirmi bir melezden sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduğunu bildirmişlerdir. Riach ve Sharma (2019) otuz altı melezden sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduğunu ifade etmişlerdir. Abou Sen (2020b) onbeş melezden altı tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Tesfaye vd. (2020) otuz altı melezin tamamının önemsiz ve genel olarak arzu edilmeyen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Yamgar vd. (2021) dört melezden iki tanesinin arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduğunu saptamışlardır.

Bitki boyu için Nassar (2013) onbeş melezden onüç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını saptamıştır. Karyawati vd. (2015) otuz melezden sadece sekiz tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Nag vd. (2018) yirmi bir melezin tamamının önemsiz ve genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Rialch ve Sharma (2019) otuz altı melezin tamamının önemsiz ve genel olarak

arzu edilmeyen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Abou Sen (2020b) onbeş melezden dokuz tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını vurgulamışlardır. Bagatelli vd (2020) onbeş melezin genel olarak arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Ige vd. (2021) onbeş melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Tesfaye vd. (2020) otuz altı melezden sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını belirlemişlerdir. Yamgar vd. (2021) dört melezden üçünün arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Kataliko vd. (2018) yirmi sekiz melezden sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır.

Dal sayısı için Nassar (2013) onbeş melezden yedi tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Karyawati vd. (2015) otuz melezden sadece dokuz tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirlemişlerdir. Nag vd. (2018) yirmibir melezin tamamının önemsiz ancak genel olarak arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Rialch ve Sharma (2019) otuz altı melezden sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Abou Sen (2020b) onbeş melezden yedi tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Yamgar vd. (2021) dört melezden iki tanesinin arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır.

Bakla sayısı için Nassar (2013) onbeş melezden onbir tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Karyawati vd. (2015) otuz melezden sadece altı tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sekiz tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını belirlemişlerdir. Nag vd. (2018) yirmi bir melezin tamamının önemsiz ancak genel olarak arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını gözlemlemişlerdir. Rialch ve Sharma (2019) otuz altı melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarının aktarmışlardır. Abou Sen (2020b) onbeş melezden on tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Bagatelli vd. (2020) onbeş melezin genel olarak arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Ige vd. (2021) onbeş melezin tamamını önemsiz bulurken, genel olarak arzu edilmeyen yönde ÖUYE saptamışlardır. Tesfaye vd. (2020) otuz altı melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip

olduklarını tespit etmişlerdir. Yamgar vd. (2021) dört melezden iki tanesinin arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Chiipanthenga vd. (2021) sekiz melezin tamamını önemsiz bulurken, melezlerin genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır.

Yüz tohum ağırlığı için Nassar (2013) onbeş melezden yedi tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuştur. Karyawati vd. (2015) otuz melezden sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını belirlemişlerdir. Nag vd. (2018) yirmi bir melezin tamamının önemsiz ancak genel olarak arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Rialch ve Sharma (2019) otuz altı melezden sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduğunu gözlemlemişlerdir. Abou Sen (2020b) onbeş melezden altı tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Bagatelli vd. (2020) onbeş melezin genel olarak arzu edilmeyen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını belirtmişlerdir. Tesfaye vd. (2020) otuz altı melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Chiipanthenga vd. (2021) sekiz melezin tamamını önemsiz olarak saptarken, melezlerin yarısının arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Yamgar vd. (2021) dört melezden sadece bir tanesinin arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduğunu saptamışlardır.

Tek bitki verimi için Almedia Lopes vd. (2001) onbeş melezden sadece beş tanesinin arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir. Nassar (2013) onbeş melezden yedi tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuştur. Karyawati vd. (2015) otuz melezden sadece sekiz tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sadece altı tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını gözlemlemişlerdir. Nag vd. (2018) yirmi bir melezden sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını ifade etmişlerdir. Kataliko vd. (2018) yirmi sekiz melezden sadece yedi tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bulmuşlardır. Rialch ve Sharma (2019) otuz altı melezden sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını gözlemlemişlerdir. Abou Sen (2020b) onbeş melezden on tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını belirlemişlerdir. Bagatelli vd. (2020) onbeş melezin genel olarak arzu edilen yönde ÖUYE'ne

sahip olduklarını belirtmişlerdir. Chiipanthenga vd. (2021) sekiz melezin tamamını önemsiz olarak bulurken, melezlerin yarısının arzu edilmeyen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmışlardır. Ige vd. (2021) onbeş melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmişlerdir. Tesfaye vd. (2020) otuzaltı melezden sadece bir tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduğunu ifade etmişlerdir. Yamgar vd. (2021) dört melezden üçünün arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır.

Protein içeriği için Nassar (2013) onbeş melezden sadece beş tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını saptamıştır. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sekiz tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirlemişlerdir. Rialch (2017) otuzaltı melezden sadece üç tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmiştir. Nag vd. (2018) yirmi bir melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını gözlemlemişlerdir.

Yağ içeriği için Nassar (2013) onbeş melezden sadece dört tanesinin önemli ve arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını tespit etmiştir. Nagarajan vd. (2017) yirmi beş melezden sekiz tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını saptamışlardır. Rialch (2017) otuzaltı melezden sadece altı tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını aktarmıştır. Nag vd. (2018) yirmi bir melezin tamamının önemsiz ancak genel olarak arzu edilen yönde ÖUYE'ne sahip olduklarını belirlemişlerdir.

Stomatal iletkenlik için Karyawati vd. (2015) otuz melezden sadece iki tanesinin önemli ve arzu edilen doğrultuda ÖUYE'ne sahip olduklarını bildirmişlerdir.

Çalışmada saptanan heterosis, heterobeltiosis, genel ve özel uyum yeteneği etkileri ile önceki çalışmalarda bulunan sonuçlar arasında farklılıklar bulunmaktadır. Bu farklılıkların öncelikle stres koşullarını oluşturan iklimsel farklılıklardan ve özellikle stresin meydana geldiği dönem ve şiddetten ileri geldiği açıktır. Benzer şekilde çalışmalarda kullanılan anaçlar ve melez kombinasyonlar farklı olduğu için GUYE ve ÖUYE için farklı sonuçlar bulunabilmektedir.

6. SONUÇ ve ÖNERİLER

Islah programlarının ana amaçlarından birisi iklim değişikliğinin etkisiyle ani değişimler gösteren iklim koşullarına hızla uyum sağlayabilen genotipler geliştirmektir. Özellikle dünya nüfusunun beslenmesinde büyük paya sahip olan tarla bitkileri için sıklığı ve şiddeti sürekli artan yüksek sıcaklık stresine toleranslı genotiplerin ıslahı önem kazanmaktadır. En önemli bitkisel protein kaynağı olan soya fasulyesi de sıcaklık stresinden en çok etkilenen türlerin başında gelmektedir. Bu nedenle, bu çalışmada sıcaklık stresi altında soyanın tarımsal, fizyolojik ve kalite özelliklerinin kalıtımı incelenmiş ve ıslah çalışmalarında kullanılabilecek anaç ve melez kombinasyonlar belirlenmeye çalışılmıştır.

Bitki ıslahı çalışmalarında hedeflenen amaca ulaşmadaki en önemli noktalardan birisi, geniş bir genetik varyasyon gösteren ve genetik yapısı hakkında güvenilir bilgilere sahip olunan popülasyonlar üzerinde çalışmaktır. Fenotipik gözlemler aracılığıyla genetik davranışların anlaşılmasına çalışıldığı ıslah programlarında, verim ve verimle pozitif ilişki gösteren kantitatif özelliklerin büyük bir kısmı çok genle yönetildikleri ve çevre koşullarından da çok fazla etkilendikleri için bir sonraki generasyona kalıtları daha karmaşık yapıdadır. Bu nedenle bu özelliklerin iyileştirilmesinde, ele alınan özelliğin hangi gen etki biçimleri ile kalıtıldığının bilinmesi ve incelenen popülasyonlara ilişkin bazı biyometrik-genetik ön bilgilerin elde edilmesi gerekmektedir. Bu gerekçelerle, melezleme ıslahı ile oluşturulan genetik çeşitlilik sayesinde, üzerinde durulması gereken genel uyum yeteneği etkisi yüksek anaçlar ve ümitvar melez popülasyonların belirlenmesi ıslah programının etkinliğinin artırılması bakımından önemli bir noktadır. Dolayısıyla, diallel melez analiz yöntemleri ile popülasyonun genetik yapısı anlaşılmasına çalışılarak, özelliklerin kalıtımına ilişkin güvenilir genetik parametreler tahmin edilebilmekte ve bu bilgiler doğrultusunda da erken generasyonlarda ıslah amacına uygun anaç ve ümitvar melez genotipler belirlenebilmektedir (Kutlu, 2012).

Yukarıdaki bilgiler ışığında, ıslah programlarının yönlendirilmesinde ve amaçlanan hedefe yönelik seleksiyonun hangi generasyonda başlamasına karar vermede önemli rol oynayan eklemeli ve eklemeli olmayan (dominant veya epistatik) gen etkileri, başlıca aşağıdaki üç biyometrik-genetik istatistiki değerlendirme yöntemlerine göre tahmin edilmektedir.

- i) Jones tipi melez analizi (yarım diallel tabloların varyans analizleri; Jones, 1965),
- ii) Jinks-Hayman tipi melez analizi (Diallel melez analizi ile genetik bileşenlerin tahmin edilmesi; Jinks-Hayman, 1953; Hayman, 1954b; Jinks, 1954; 1956).
- iii) Griffing tipi melez analizi (Uyum yeteneği etkilerinin saptanması; Griffing, 1956).

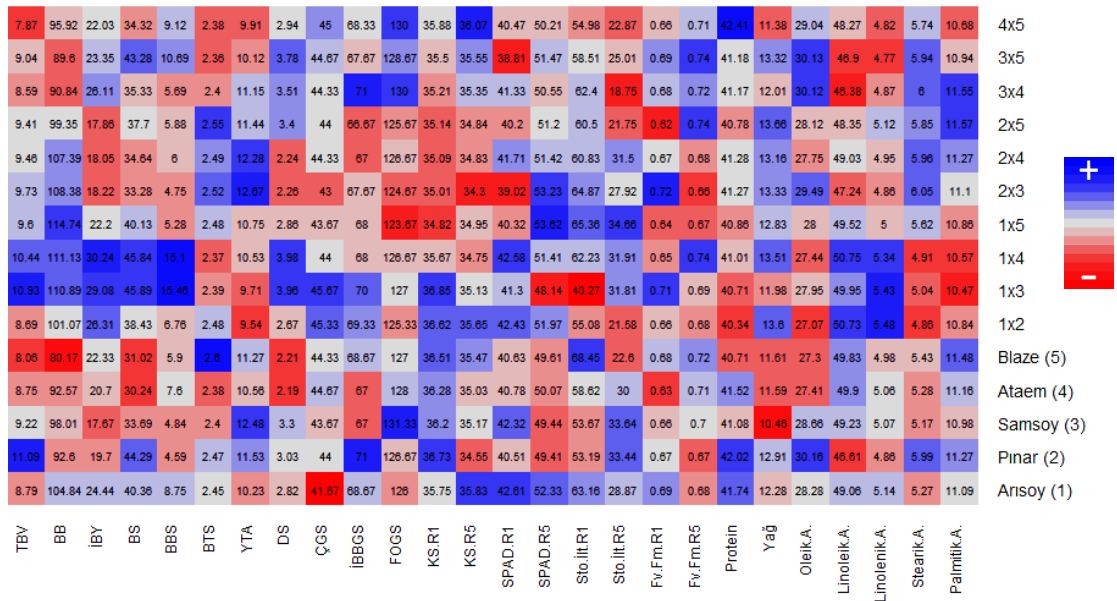
Sıcaklık stresi altında yürütülen bu araştırmada, sıcaklık stresine toleranslı ve hassas anaçlar arasında 5×5 yarım diallel melezlemeler ile elde edilen 10 F_1 melez kombinasyonu, yukarıda adı geçen analizler uyarınca incelenmiştir. Ayrıca, melez genotiplere ait heterosis, heterobeltiosis ve kontrol çeşide üstünlük değerleri de tespit edilmiştir.

İncelenen popülasyonda, değerlendirilen tüm özellikler bakımından genetik analizleri yürütebilmek için yeterli genetik çeşitliliğin (varyasyonun) bulunup bulunmadığı, tesadüf blokları deneme desenine göre yapılan ön varyans analizinde genotiplere ait varyasyon kaynağının istatistiki düzeyde önemli bulunmasıyla doğrulanmıştır.

Değerlendirilen her özellik için F_1 melez popülasyonlarında Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinin doğru şekilde yürütülebilmesi için gerekli varsayımların geçerlilik kontrolü, her blok için ayrı ayrı tespit edilen her bir dizi için saptanmış W_r değerinin, o diziye ait V_r değeri üzerine olan regresyon katsayısının bir (1) değerine eşit olması ($b = 1$) hipotezine göre ve $W_r V_r$ dizi varyans analizinin istatistiki önemlilik durumuna göre uygulanmıştır. Boş bakla sayısı, SPAD (R5) ve F_v/F_m (R1) özelliklerinde $t = (1 - b) / SH_b$ değeri istatistiki anlamda önemli olarak saptanmış ve dal sayısı, SPAD (R1), stomatal iletkenlik (R1) ve stomatal iletkenlik (R5) özelliklerinde ise $W_r - V_r$ dizi varyans analizi istatistiki düzeyde önemli olarak tespit edilmiştir. Dolayısıyla, bu özellikler için kabul edilen varsayımların geçersiz olduğu anlaşılmıştır. Anaç ve melez popülasyon sayısının azlığı da dikkate alınarak varsayımları geçerli kılmak için regresyon hattından fazla sapma göstererek güven sınırları dışına çıkan anaç ve bunların F_1 melez genotiplerinin analiz dışı bırakılarak genetik parametrelerin yeniden hesaplanmaları işlemi yürütülmemiştir. Çünkü, Hayman (1954 b) varsayımların geçerli olmadığı durumlarda dahi genetik varyans parametrelerinin tahmin edilerek popülasyon üzerinde tartışılmasını önermiştir ve bu öneri daha sonra bazı araştırmacılar tarafından da dikkate alınarak genetik parametreler değerlendirilmiştir (Verhalen ve Murray 1967; Baker ve Verhalen 1973).

Şekil 6.1’de anaç ve melez genotiplerin ortalama fenotipik değerleri incelendiğinde, melezlerin tek bitki verimi, bitki boyu, ilk bakla yüksekliği, bakla sayısı, boş bakla sayısı, dal

sayısı, çiçeklenme gün sayısı, SPAD (R5), Fv/Fm (R1), Fv/Fm (R5), yağ, oleik, linolenik ve stearik yağ asitleri özelliklerinde anaçların ortalama değerlerinden yüksek olduğu tespit edilmiştir. Buna karşın, anaçların baklada tohum sayısı, yüz tohum ağırlığı, %50 ilk bakla bağlama gün sayısı, %50 fizyolojik olgunluk gün sayısı, kanopi sıcaklığı (R1), kanopi sıcaklığı (R5), SPAD (R1), stomatal iletkenlik (R1), stomatal iletkenlik (R5), protein, linoleik ve palmitik yağ asitleri yönünden melezlerden daha yüksek ortalama değerler taşıdığı saptanmıştır.



Her özellik için genotipler arası farklılıklar istatistiki düzeyde önemlidir.

TBV: Tek bitki verimi (g bitki⁻¹), BB: Bitki boyu (cm), İBY: İlk bakla yüksekliği (cm), BS: Bakla sayısı (adet bitki⁻¹), BBS: Boş bakla sayısı (adet bitki⁻¹), BTS: Baklada tane sayısı (adet bakla⁻¹), YTA: Yüz tohum ağırlığı (g), DS: Dal sayısı (adet bitki⁻¹), ÇGS: Çiçeklenme gün sayısı, İBBGS: İlk bakla bağlama gün sayısı, FOGS: Fizyolojik olgunluk gün sayısı, KS.R1: R1 döneminde kanopi sıcaklığı (°C), KS.R5: R5 döneminde kanopi sıcaklığı (°C), Sto.İlt.R1: R1 döneminde stomatal iletkenlik değeri (mmol m⁻²s⁻¹), Sto.İlt.R5: R5 döneminde stomatal iletkenlik değeri (mmol m⁻²s⁻¹), Fv.Fm.R1: R1 döneminde klorofil ışımaya verimliliği, Fv.Fm.R5: R5 döneminde klorofil ışımaya verimliliği.

Şekil 6.1. İncelenen özelliklere ait ortalama değerleri gösteren ısı haritası

İlk bakla bağlama gün sayısı, protein oranı ve kanopi sıcaklığı (R1) özellikleri hariç, incelenen özelliklerin tamamı için yarım diallel tablonun varyans analizinde a parametresinin istatistiki anlamda önemli çıkması ve uyum yeteneği etkileri varyans analizinde ise ilk bakla bağlama gün sayısı, protein, linoleik asit, palmitik asit ve kanopi sıcaklığı (R1) karakterleri hariç değerlendirilen tüm özellikler için genel uyum yeteneği etkisi kareler ortalamasının istatistiki düzeyde önemli olarak saptanması, çalışmada kullanılan anaçlar arasında yeterli

genetik çeşitliliğin bulunduğunu ve özelliklerin fenotipik ifadesinde eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu belirtmektedir.

Yüz tohum ağırlığı, tek bitki verimi, protein içeriği, linoleik ve stearik asit hariç incelenen özelliklerin tamamı için yarım diallel tablonun varyans analizinde b bileşeninin istatistiki düzeyde önemli olarak belirlenmesi ve uyum yeteneği etkileri varyans analizinde ise linoleik ve palmitik asit karakterleri hariç incelenen tüm özellikler için özel uyum yeteneği etkisi kareler ortalamasının istatistiki düzeyde önemli olarak tespit edilmesi, melezleme ile yeterli genetik çeşitliliğin yaratıldığını ve özelliklerin fenotipik olarak ortaya çıkışında ise eklemeli olmayan gen etkilerinin de önemli bir rol oynadığını ifade etmektedir.

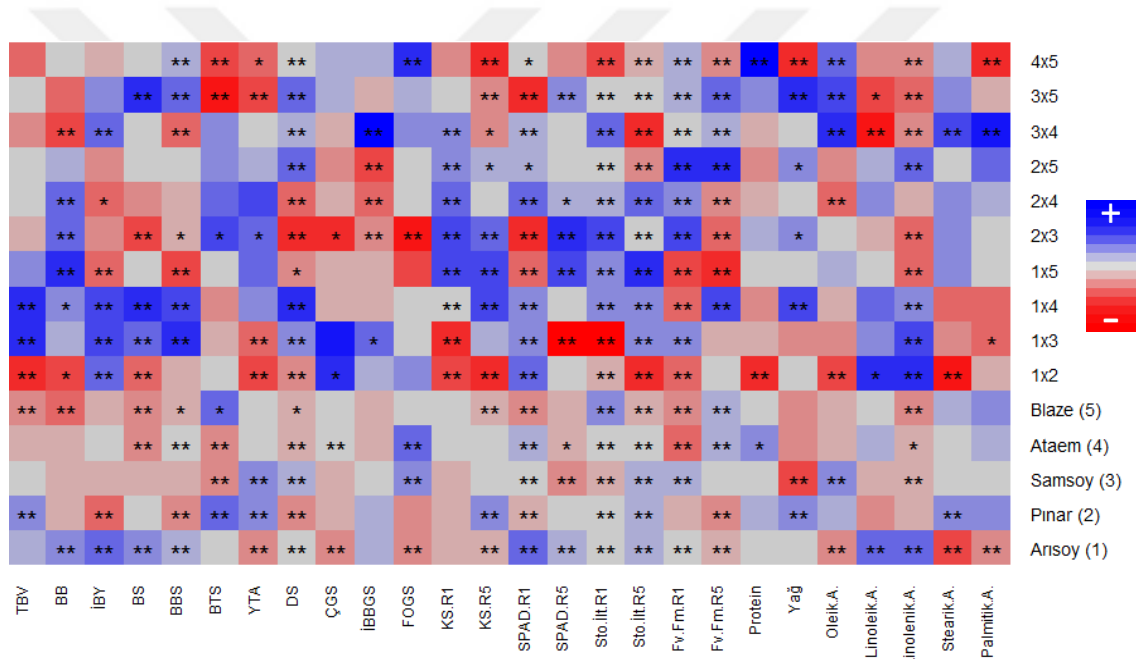
Yukardaki bilgilere ek olarak, ilk bakla bağlama gün sayısı, dal sayısı, protein içeriği, SPAD (R5), Fv/Fm (R1), stomatal iletkenlik (R1) ve stomatal iletkenlik (R5) özellikleri hariç incelenen özelliklerin tamamı için yarım diallel tablonun varyans analizinde a bileşeni varyansı b bileşeni varyansından daha yüksek olarak saptanmıştır. Ayrıca, ilk çiçeklenme gün sayısı, ilk bakla bağlama gün sayısı, dal sayısı, protein içeriği, kanopi sıcaklığı (R1), SPAD (R5), Fv/Fm (R1), Fv/Fm (R5), stomatal iletkenlik (R1) ve stomatal iletkenlik (R5) karakterleri hariç değerlendirilen özelliklerin tamamı için uyum yeteneği etkileri varyans analizinde GUYE varyansı ÖUYE varyansından daha yüksek olarak tespit edilmiştir.

Ancak, diallel melez analizinde (Jinks-Hayman tipi) incelenen tüm özellikler için eklemeli gen etkisinin fenotipe katkısını belirten D bileşeni değerinin dominant gen etkisinin belirteci olan H_1 bileşeni değerinden küçük olması, başka bir deyişle D- H_1 bileşeninin değerlendirilen özelliklerin tamamı için negatif bir değer vermesi, ele alınan popülasyonda incelenen özelliklerin tamamının fenotipik ifadesinde dominant gen etkilerinin daha üstün bir rol oynadığını vurgulamaktadır.

Ele alınan özellik yönünden incelenen popülasyonda D- H_1 ile yarım diallel tablo varyans analizi ve uyum yeteneği etkileri varyans analiz sonuçlarının farklı çıkarımlara sebep olması, Jinks-Hayman, Jones ve Griffing tipi melez analizi yöntemleri arasındaki uyumsuzluğa işaret etmektedir. Çünkü yarım diallel tablonun varyans analizinde (Jones tipi) ve uyum yeteneği etkilerinin hesaplanmasında çevre varyans bileşeni ve diğer varyans bileşenleri ayıramamaktadır. Buna karşın Jinks-Hayman tipi melez analizinde D ve H_1 parametreleri tahmin edilirken çevre varyansı da ayrı olarak tahmin edilebilmektedir. İncelenen tüm özellikler için geniş anlamda kalıtım derecesi ile dar anlamda kalıtım derecesi arasındaki fark da fenotipik varyansın oluşumunda etkili olan genotipik varyans içinde başta dominant varyans olmak üzere çevre varyansının ve diğer varyans bileşenlerinin de önemli

bir katkıda bulunduğunu göstermektedir. Diallel tablonun varyans analizi (Jones tipi) ile GUY ve ÖUY etkilerinin (Griffing tipi) varyansları dolaylı yoldan eklemeli ve dominant gen etkileri hakkında bilgi verdikleri için Jinks-Hayman tipi diallel melez analizi yoluyla tahmin edilen D ve H₁ parametrelerine güvenmenin daha doğru olduğu söylenebilir. Başka bir ifadeyle, sonuçlar arasındaki bu uyumsuzluğun allelik olmayan gen interaksiyonlarından (epistasi) da kaynaklanmış olabileceği de düşünülmektedir.

Yukarıdaki varsayımlara ek olarak, Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinde incelenen özelliklerin tamamı için ortalama dominantlık derecesi değerinin 1'den büyük olarak saptanması üstün dominantlığın bir göstergesidir. Bu nedenle anılan populasyonun melez çeşit geliştirmeye elverişli bir kaynak olabileceği sonucuna varılmıştır.



*= %5 olasılık düzeyinde önemli; **= %1 olasılık düzeyinde önemli.

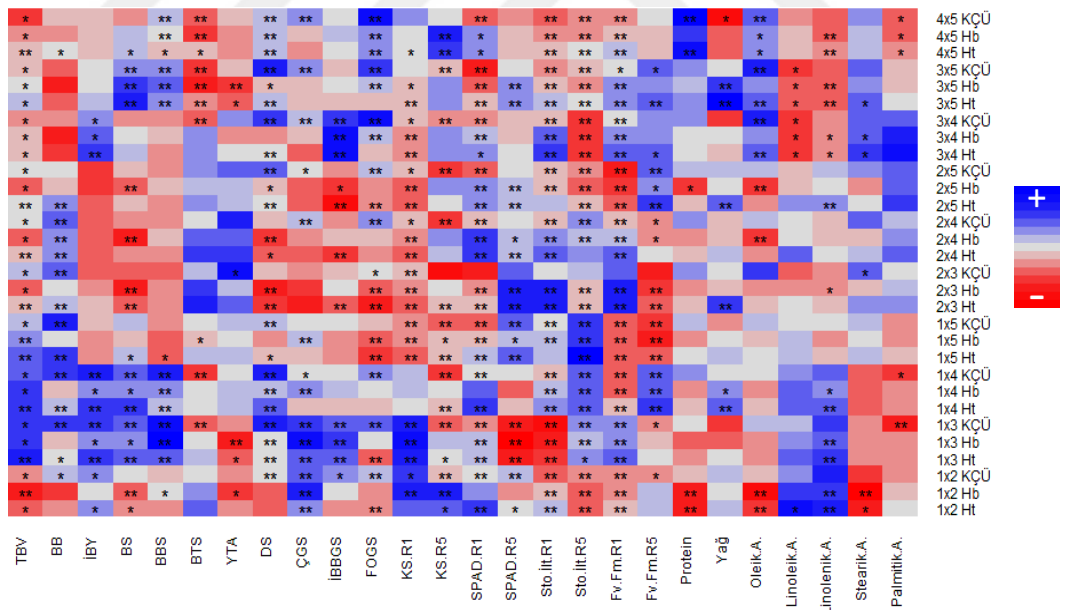
TBV: Tek bitki verimi (g bitki⁻¹), BB: Bitki boyu (cm), İBY: İlk bakla yüksekliği (cm), BS: Bakla sayısı (adet bitki⁻¹), BBS: Boş bakla sayısı (adet bitki⁻¹), BTS: Baklada tane sayısı (adet bakla⁻¹), YTA: Yüz tohum ağırlığı (g), DS: Dal sayısı (adet bitki⁻¹), ÇGS: Çiçeklenme gün sayısı, İBBGS: İlk bakla bağlama gün sayısı, FOGS: Fizyolojik olgunluk gün sayısı, KS.R1: R1 döneminde kanopi sıcaklığı (°C), KS.R5: R5 döneminde kanopi sıcaklığı (°C), Sto.İlt.R1: R1 döneminde stomatal iletkenlik değeri (mmol m⁻²s⁻¹), Sto.İlt.R5: R5 döneminde stomatal iletkenlik değeri (mmol m⁻²s⁻¹), Fv.Fm.R1: R1 döneminde klorofil ışına verimliliği, Fv.Fm.R5: R5 döneminde klorofil ışına verimliliği.

Şekil 6.2. Anaçların genel uyum yeteneği etkilerini ve melez genotiplerin özel uyum yeteneği etkilerini gösteren ısı haritası

Bitki ıslahçısının yeni çeşit geliştirmek yolunda yürüteceği çalışmalar için genetik çeşitlilik (varyasyon) yaratması, genellikle melezleme ıslahı yöntemine dayanmaktadır. Soya gibi melezleme güçlüğü olan türlerde oldukça güç olan melezleme ıslahında, sonuç verme

potansiyeli düşük popülasyonlar üzerinde çalışmak büyük bir zaman ve emek kaybıdır. Bu sorunun üstesinden gelmek için izlenecek en doğru yol, melezleme programında yer alacak anaçları ıslah amacına uygun olarak seçmektir. Bu doğrultuda, anaçlarda hakim olan gen mekanizmasının, özellikler üzerine etkili gen sayısının ve diğer anaçlarla olan kombinasyonlarından kaynaklanacak gen interaksiyonlarının tespit edilmesi, ıslahçının çalışmalarının daha etkili olmasına yardımcı olacaktır (Karma, 1976). Verim ve verim bileşenleri gibi kantitatif özelliklerde, çevre koşulları varyansı ile genotipik varyans içe içe girmektedir. Bu yüzden, özellikle stres altında verimi sabit tutmaya ve artırmaya yönelik ıslah çalışmalarında uygun anacın seçilmesi güçtür ve büyük özen istemektedir.

İncelenen tarımsal, kalite ve fizyolojik özellikler bakımından fenotipik performansı yüksek olan (Şekil 6.1), genel uyum yeteneği etkisi arzu edilen doğrultuda önemli olan (Şekil 6.2) ve yer aldığı melez kombinasyonlarda iyileştirici etki yaparak özel uyum yeteneği etkisinin de istenilen doğrultuda yüksek olmasına sebep olan, **Arısoy (1)** ve **Pınar (2)** genotiplerinin sıcaklık stresi altında yürütülecek çalışmalarda uygun anaç olarak kullanılabileceği söylemek mümkündür.



*= %5 olasılık düzeyinde önemli; **= %1 olasılık düzeyinde önemli.

TBV: Tek bitki verimi (g bitki⁻¹), BB: Bitki boyu (cm), İBY: İlk bakla yüksekliği (cm), BS: Bakla sayısı (adet bitki⁻¹), BBS: Boş bakla sayısı (adet bitki⁻¹), BTS: Baklada tane sayısı (adet bakla⁻¹), YTA: Yüz tohum ağırlığı (g), DS: Dal sayısı (adet bitki⁻¹), ÇGS: Çiçeklenme gün sayısı, İBBGS: İlk bakla bağlama gün sayısı, FOGS: Fizyolojik olgunluk gün sayısı, KS.R1: R1 döneminde kanopi sıcaklığı (°C), KS.R5: R5 döneminde kanopi sıcaklığı (°C), Sto.İlt.R1: R1 döneminde stomatal iletkenlik değeri (mmol m⁻²s⁻¹), Sto.İlt.R5: R5 döneminde stomatal iletkenlik değeri (mmol m⁻²s⁻¹), Fv.Fm.R1: R1 döneminde klorofil ışınım verimliliği, Fv.Fm.R5: R5 döneminde klorofil ışınım verimliliği. 1: Arısoy; 2: Pınar; 3: Samsoy; 4: Ataem-7; 5: Blaze.

Şekil 6.3. Melez genotiplere ait heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve kontrol çeşide üstünlük (KÇÜ) değerlerini gösteren ısı haritası

Sıcaklık stresi altında F_1 generasyonu ile yürütülen bu çalışmada, melez genotiplerde incelenen özelliklerin fenotipik değerlerine (Şekil 6.1), özel uyum yeteneği etkilerine (Şekil 6.2), heterosis, heterobeltiosis ve kontrol çeşide üstünlük değerlerine (Şekil 6.3) göre melezler topluca değerlendirildiğinde; tarımsal, kalite ve fizyolojik özellikler yönünden üstün olan **Arisoy × Ataem-7 (1 × 4)** ve **Pınar × Samsoy (2 × 3)** melez genotiplerinin ileri generasyonlara aktarılmasının yararlı olacağı sonucuna varılmıştır.

Yapılan bu tez çalışması sonucunda aşağıdaki önerilerin sunulmasının yararlı olacağı kanısına ulaşılmıştır;

- Diallel analiz sonucunda yüksek sıcaklık stresi altında önemli düzeyde genotipler arası farklılıklar bulunmasına karşın anaç seçimi stres altında genotipler izlenerek yapılmalı ve genotip sayısı artırılmalıdır.

- Diallel analizde yer alan varsayımlara karşın çoğu kez incelenen özellikler üzerinde epistatik gen etkilerinin varlığı saptanmaktadır. Epistatik varyansı unsurlarına ayırmak için ve gen etkileri hakkında daha anlamlı bilgiler elde edebilmek için Ölçümleme Testi (Scaling Test)'nin kullanılmasının daha doğru olacağı söylenebilir.

- Anaç ve melezler yüksek sıcaklık stresi altında değerlendirilirken çok sayıda özellik yerine daha az sayıda seleksiyon kriteri dikkate alınmalıdır.

- Stres altında genotiplerin gen etki biçimlerinin ve ilgili özelliğe ait kalıtımın değişebileceği göz önüne alınarak tüm generasyonlarda seleksiyon stres altında yürütülmelidir. Ayrıca, destekleyici olarak moleküler düzeyde incelemelerin daha gerçekçi sonuçlara ulaşmada yardımcı olabileceği düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Abou Sen, T. M. (2020a). Generation mean analysis for seed yield and its components of some quantitative characters on soybean crosses. *Journal of Plant Production*, 11(7), 587-593. Doi: 10.21608/jpp.2020.110546
- Abou Sen, T. M. (2020b). Gene action and combining ability analysis in some soybean quantitative characters. *Journal of Plant Production*, 11(7), 579-586. Doi: 10.21608/jpp.2020.110543
- Adsul, A. T., Chimote, V. P., Deshmukh, M. P., Thakare, D. S. (2016). Genetic analysis of yield and its components in soybean. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 48(3), 247-257.
- Akram, S., Hussain, B. N., Al Bari, M. A., Burritt, D. J. Hossain, M. A. (2016). Genetic variability and association analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for yield and yield attributing traits. *Plant Gene and Trait*, 7(13), 1-11. Doi: 10.5376/pgt.2016.07.0013
- Aksel, R. ve Johnson, L. P. V. (1963). Analysis of a diallel cross: a worked sample. *Advancing Frontiers of Plant Science*, 2:37-53
- Aksel, R., Kırcalıoğlu, A. Korkut, K. Z. (1982). *Kantitatif genetiğe giriş ve diallel analizler*. Ege Bölge Ziraat Araştırma Enstitüsü Yayınları, Yayın NO: 20, 123 s., İzmir.
- Ali, A., Khan, S. A., Ullah, E., Ali, N. Hussain, I. (2016). Estimation of genetic parameters in soybean for yield and morphological characters. *Pakistan Journal of Agriculture, Agricultural Engineering and Veterinary Sciences*, 32(2), 162-168.
- Allard, R. W. (1960). Principles of Plant Breeding. John Willey and Sons. Inc. New York, 485 p. Doi: 10.2134/agronj1962.00021962005400040037x
- Allen Jr, L. H., Zhang, L., Boote, K. J. Hauser, B. A. (2018). Elevated temperature intensity, timing, and duration of exposure affect soybean internode elongation, mainstem node number, and pod number per plant. *The Crop Journal*, 6(2), 148-161. Doi: 10.1016/j.cj.2017.10.005

- Almeida Lopes, Â. C., Vello, N. A., Pandini, F. (2001). Seed yield combining ability among soybean genotypes in two locations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1(3), 221-228.
- Bagateli, J. R., Bahry, C. A., da Silva, R. N. O., Carvalho, I. R., Conte, G. G., Villela, F. A., ... Meneghello, G. E. (2020). Estimates of heterosis and combining ability of soybean diallel crossings. *Plant Omics*, 13(1), 7-14. Doi: 10.21475/POJ.13.01.20.p2038
- Baker, J. L. ve Verhalen, L. M. (1973). The inheritance of several agronomic and fiber properties among selected lines of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) *Crop Science*, 13(4), 444-450. Doi: 10.2135/cropsci1973.0011183X001300040016x
- Bao, Y. G., Sen, W., Wang, X. Q., Wang, Y. H., Li, X. F., Lin, W., Wang, H. G. (2009). Heterosis and combining ability for major yield traits of a new wheat germplasm shannong 0095 derived from *Thinopyrum intermedium*. *Agricultural Sciences in China*, 8(6), 753-760. Doi: 10.1016/S1671-2927(08)60275-8
- Batool, A., Noorka, I. R., Afzal, M. Syed, A. H. (2013). Estimation of heterosis, heterobeltiosis and potence ratio over environments among pre and post Green Revolution Spring wheat in Pakistan. *Journal of Basic & Applied Sciences*, 9, 36-43.
- Bellaloui, N., Mengistu, A., Kassem, M. A. (2013). Effects of genetics and environment on fatty acid stability in soybean seed. *Food and Nutrition Sciences*, 4(9A), 165-175. Doi: 10.4236/fns.2013.49A1024.
- Bellaloui, N., Reddy, K. N., Mengistu, A. (2015). Drought and heat stress effects on soybean fatty acid composition and oil stability. In *Processing and Impact on Active Components in Food* (pp. 377-384). Academic Press. Doi: 10.1016/B978-0-12-404699-3.00045-7
- Bhor, T. J., Chimote, V. P., Deshmukh, M. P. (2014). Genetic analysis of yield and yield components in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Indian Journal of Agricultural Research*, 48(6), 446-452. Doi: 10.5958/0976-058X.2014.01328.6
- Boote, K. J., Allen, L. H., Prasad, P. V., Baker, J. T., Gesch, R. W., Snyder, A. M., ... Thomas, J. M. (2005). Elevated temperature and CO₂ impacts on pollination, reproductive growth, and yield of several globally important crops. *Journal of Agricultural Meteorology*, 60(5), 469-474. Doi: 10.2480/agrmet.469
- Budak, N. ve Yıldırım, M. B. (1996). Heterosis in bread wheat. *Turkish Journal of Agricultural and Forestry*, 20(4), 345-347.

- Camejo, D., Rodríguez, P., Morales, M. A., Dell'Amico, J. M., Torrecillas, A. Alarcón, J. J. (2005). High temperature effects on photosynthetic activity of two tomato cultivars with different heat susceptibility. *Journal of Plant Physiology*, 162(3), 281-289. Doi: 10.1016/j.jplph.2004.07.014
- Castro, J. N., Muller, C., Almeida, G. M., Costa, A. C. (2019). Physiological tolerance to drought under high temperature in soybean cultivars. *Australian Journal of Crop Science*, 13(6), 976-987. Doi: 10.21475/ajcs.19.13.06.p1767
- Chakrabarti, B., Singh, S. D., Kumar, V., Harit, R. C. Misra, S. (2013). Growth and yield response of wheat and chickpea crops under high temperature. *Indian Journal of Plant Physiology*, 18(1), 7-14. Doi: 10.1007/s40502-013-0002-6
- Chakraborty, R., Chakraborty, S., Dutta, B. K., Paul, S. B. (2009). Combining ability analysis for yield and yield components in bold grained rice (*Oryza sativa* L.) of Assam. *Acta Agronomica*, 58(1), 9-13.
- Chebrolu, K. K., Fritsch, F. B., Ye, S., Krishnan, H. B., Smith, J. R. Gillman, J. D. (2016). Impact of heat stress during seed development on soybean seed metabolome. *Metabolomics*, 12(2), 28. Doi: 10.1007/s11306-015-0941-1
- Chiang, M. S. ve Smith, J. D. (1967). Diallel analysis of the inheritance of quantitative characters in grain sorghum. I. Heterosis and Inbreeding depression. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 9(1), 44-51. Doi: 10.1139/g67-006
- Chigeza, G., Mashingaidze, K., Shanahan, P. (2014). Advanced cycle pedigree breeding in sunflower. II: combining ability for oil yield and its components. *Euphytica*, 195(2), 183-195. Doi: 10.1007/s10681-013-0985-0
- Chiipanthenga, M. K., Labuschagne, M. T., Fandika, I. R., van der Merwe, R. (2021). Combining ability of soybean (*Glycine max* L.) yield performance and related traits under water-limited stress conditions. *Euphytica*, 217(3), 1-17. Doi: 10.1007/s10681-021-02780-5
- Cho, Y. ve Scott, R. A. (2000). Combining ability of seed vigor and seed yield in soybean. *Euphytica*, 112(2), 145-150. Doi: 10.1023/A:1003827930786
- Choi, I. Y., Choi, J. K., Song, H. S., Choi, Y. S., Kim, N. S. (2002). Inheritance of Some Quantitative Traits in Three Interspecific Hybrid Soybean Populations. *Korean Journal of Breeding*, 34(4), 308-315.

- Crumpacker, D. ve Allard, R. (1962). A diallel cross analysis of heading date in wheat. *Hilgardia*, 32(6), 275-318. Doi: 10.3733/hilg.v32n06p275
- Dar, Z.A., Wani, S. A., Wani, M. A., Gulzaffar, M., Khan, H., Habib, M., Ahmed, Z., Ishfaq, A. (2011). Heterosis and combining ability analysis for seed yield and its attributes in *Brassica rapa* ssp. *brown sarson*. *Journal of Oilseed Brassica*, 2(1), 21-28.
- Darwish, I. H. I. (2006). Diallel crosses analysis of F₂ generation in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Alexandria Science Exchange*, 27(2), 233-242.
- Dasriani, Z. S. ve Kuswanto, H. (2020). Inheritance of morphological characters of soybean leaves, pods, and seeds. In *AIP Conference Proceedings* (Vol. 2231, No. 1, p. 040004-1-04004-12, April). AIP Publishing LLC. Doi: 10.1063/5.0002440
- Davis, D. D. (1979). Hybrid cotton: Specific problems and potentials. *Advances in Agronomy*, 30, 129-157. Doi: 10.1016/S0065-2113(08)60705-1
- Demir, İ., Aydem, N., Korkut, K. Z. (1980). Kombinasyon ıslahında ebeveyn seçimi. *Bitki Islahı Simpozyumu*, Bornova, Ege Bölge Ziraat Araş. Enst., Yayın, (17/41).
- Dey, S. S., Singh, N., Bhatia, R., Parkash, C., Chandel, C. (2014). Genetic combining ability and heterosis for important vitamins and antioxidant pigments in cauliflower (*Brassica oleracea* var. *botrytis* L.). *Euphytica*, 195(2), 169-181. Doi: 10.1007/s10681-013-0981-4
- Djanaguiraman, M., Prasad, P. V., Boyle, D. L., Schapaugh, W. T. (2011). High-temperature stress and soybean leaves: Leaf anatomy and photosynthesis. *Crop Science*, 51(5), 2125-2131. Doi: 10.2135/cropsci2010.10.0571
- Djanaguiraman, M., Prasad, P. V., Boyle, D. L., Schapaugh, W. T. (2013). Soybean pollen anatomy, viability and pod set under high temperature stress. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 199(3), 171-177. Doi: 10.1111/jac.12005
- Djanaguiraman, M., Schapaugh, W., Fritschi, F., Nguyen, H., Prasad, P. V. (2019). Reproductive success of soybean (*Glycine max* L. Merrill) cultivars and exotic lines under high daytime temperature. *Plant, Cell & Environment*, 42(1), 321-336. Doi: 10.1111/pce.13421
- Dornbos, D. L. (1988). *Soybean seed yield, viability and vigor, and chemical composition resulting from drought and high temperature stress during seed fill*. Iowa State

University, Department of Agronomy, Doctoral Dissertation, Ames, Iowa, 174 p.
Available: <https://core.ac.uk/download/pdf/38915901.pdf>

- Dornbos, D. L. (1995). Production environment and seed quality. A. S. Basra (Ed), *Seed Quality: Basic Mechanisms and Agricultural Implications*. Food Products Press, New York, pp. 119–149.
- Dornbos, D. L. ve Mullen, R. E. (1992). Soybean seed protein and oil contents and fatty acid composition adjustments by drought and temperature. *Journal of the American Oil Chemists Society*, 69(3), 228-231. Doi: 10.1007/BF02635891
- Egli, D. B. ve Wardlaw, I. F. (1980). Temperature response of seed growth characteristics of soybeans¹. *Agronomy Journal*, 72(3), 560-564. Doi: 10.2134/agronj1980.00021962007200030036x
- Egli, D. B., TeKrony, D. M. ve Spears, J. F. (2005). Effect of high temperature stress during different stages of seed development in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Seed Technology*, 177-189. Available from: <http://www.jstor.org/stable/23433336>.
- EL Sabagh, A., Hossain, A., Islam, M., Barutcular, C., Ratnasekera, D., Gormus, O., ... Hasanuzzaman, M. (2020). Drought and heat stress in cotton (*Gossypium hirsutum* L.): Consequences and their possible mitigation strategies. M. Hasanuzzaman (Ed), *Agronomic Crops*, Springer, Singapore. 613-634. Doi: 10.1007/978-981-15-0025-1_30
- Ergo, V. V., Lascano, R., Vega, C. R., Parola, R., Carrera, C. S. (2018). Heat and water stressed field-grown soybean: A multivariate study on the relationship between physiological-biochemical traits and yield. *Environmental and Experimental Botany*, 148, 1-11. Doi: 10.1016/j.envexpbot.2017.12.023
- Falconer, D. S. (1980). *Introduction to quantitative genetics*. Oliver and Boyd Ltd. London.
- Falconer, D. S. ve Mackay, T. F. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. Fourth Edition, Essex, UK: Longman Group, ISBN: 0582-23302-5, 464 p.
- FAO. (2020). *Tarımsal Üretim İstatistikleri*. url: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL> [Erişim tarihi: 12.01.2021]
- Fasoula, V. A. ve Fasoula, D. A. (2003). Partitioning crop yield into genetic components. In *Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders*, ed M. S. Kang (Binghamton, NY: Food Products Press and The Haworth Reference Press), 13904–1580.

- Ferris, R., Wheeler, T. R., Ellis, R. H. Hadley, P. (1999). Seed yield after environmental stress in soybean grown under elevated CO₂. *Crop Science*, 39(3), 710-718. Doi: 10.2135/cropsci1999.0011183X003900030018x
- Franco, C. M., Tulio, C. S., Rodrigues, O. V., Vieira, C., Mui, T. S., Damiao, C. C. (2001). Combining ability for nodulation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes from Andean and Middle American gene pools. *Euphytica*, 118(3), 265-270. Doi: 10.1023/A:1017560118666
- Gadag, R. N. ve Upadhyaya, H. D. (1995). Heterosis in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 55(3), 308-314.
- Gadag, R. N., Upadhyaya, H. D., Gaud, G. V. (1999). Genetic analysis of yield, protein, oil and other related traits in soybean. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 59(4), 487-492.
- Gavioli, E. A., Perecin, D., Di Mauro, A. O. (2006). Analysis of combining ability in soybean cultivars. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 6(2), 121-128. Doi: 10.12702/1984-7033.v06n02a02
- Gençer, O. (1978). *Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadense* L. Türlerinden Sekiz Pamuk Çeşidinin Diallel Melezlerinde Verim ve Kalite ile İlgili Başlıca Özelliklerin Kalıtımı Üzerinde Araştırmalar. Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Doçentlik Tezi, Adana, 249 s.
- Getnet, B. E. (2018). Genetic variability, heritability and expected genetic advance in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes. *Agriculture, Forestry and Fisheries*, 7(5), 108-112. Doi: 10.11648/j.aff.20180705.12
- Ghiday, T., Amogne, A., Tefera, G., Malede, M. (2017). Heritability, fenetic advance and path coefficient analysis for grain yield and its component characters in soybean (*Glycine max* L. Merrill). *International Journal of Research Studies in Agricultural Sciences (IJRSAS) Volume*, 3, 1-11. Doi: 10.20431/2454-6224.0305001
- Gibson, L. R. ve Mullen, R. E. (1996). Soybean seed composition under high day and night growth temperatures. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 73(6), 733-737. Doi: 10.1007/BF02517949

- Grami, B., Stefansson, B., Baker, R. (1977). Genetics of protein and oil content in summer rape: heritability, number of effective factors, and correlations. *Canadian Journal of Plant Science*, 57, 937–943. Doi: 10.4141/cjps77-134
- Gregersen, P. L., Culetic, A., Boschian, L., Krupinska, K. (2013). Plant senescence and crop productivity. *Plant Molecular Biology*, 82(6), 603-622. Doi: 10.1007/s11103-013-0013-8
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4), 463-493. Doi: 10.1071/B19560463
- Guleria, H., Kumar, P., Jyoti, B., Kumar, A., Paliwal, A., Paliwal, A. (2019). Genetic variability and correlation analysis in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) genotypes. *International Journal of Chemical Studies*, 7(1), 1928-1932. Available from: <https://www.chemijournal.com/archives/2019/vol7issue1/PartAG/7-1-124-510.pdf>
- Hakim, L. ve Suyamto, S. (2017). Gene action and heritability estimates of quantitative characters among lines derived from varietal crosses of soybean. *Indonesian Journal of Agricultural Science*, 18(1), 25-32. Doi: 10.21082/ijas.v18n1.2017.p25-32
- Hallauer, A. R. ve Miranda, J. B. (1981). *Quantitative genetics in maize breeding*. Iowa State Univ. Pres. Ames, IA.
- Hallauer, A. R. ve Miranda, J. B. (1988). Testers and combining ability, in quantitative genetics in maize breeding. In: A. R. Hallauer ve J. B. Miranda (Eds), *Corn and corn improvement*. Iowa State University Press, Ames, USA, pp. 267–298. Doi: 10.2134/agronmonogr18.3ed.c8
- Hartman, G. L., West, E. D., Herman, T. K. (2011). Crops that feed the World 2. Soybean—worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and pests. *Food Security*, 3(1), 5-17. Doi: 10.1007/s12571-010-0108-x
- Hatfield, J. L., Boote, K. J., Kimball, B. A., Ziska, L. H., Izaurralde, R. C., Ort, D. R., ... Wolfe, D. (2011). Climate impacts on agriculture: Implications for crop production. *Agronomy Journal*, 103, 351–370. Doi: 10.2134/agron j2010.0303
- Hayman, B. I. (1954a). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39, 789-809.
- Hayman, B. I. (1954b). The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, 10(2), 235-244. Doi: 10.2307/3001877

- Hayman, B. I. (1958). The theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics*, 43(1), 63. Doi: 10.1093/genetics/43.1.63
- Hayman, B. I. (1960). The theory and analysis of diallel crosses. III. *Genetics*, 45(2), 155. Doi: 10.1093/genetics/45.2.155
- Heinemann, A. B., de HN Maia, A., Dourado-Neto, D., Ingram, K. T., Hoogenboom, G. (2006). Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) growth and development response to CO₂ enrichment under different temperature regimes. *European Journal of Agronomy*, 24(1), 52-61. Doi: 10.1016/j.eja.2005.04.005
- Herritt, M. T. ve Fritschi, F. B. (2020). Characterization of photosynthetic phenotypes and chloroplast ultrastructural changes of soybean (*Glycine max*) in response to elevated air temperatures. *Frontiers in Plant Science*, 11, 153. Doi: 10.3389/fpls.2020.00153
- Honeycutt, R. J., Burton, J. W., Palmer, R. G., Shoemaker, R. C. (1989). Association of major seed components with a shriveled-seed trait in soybean. *Crop Science*, 29(3), 804-809. Doi: 10.2135/cropsci1989.0011183X002900030053x
- Hou, M., Tian, F., Zhang, T., Huang, M. (2019). Evaluation of canopy temperature depression, transpiration, and canopy greenness in relation to yield of soybean at reproductive stage based on remote sensing imagery. *Agricultural Water Management*, 222, 182-192. Doi: 10.1016/j.agwat.2019.06.005
- Hull, F. H. (1945). Recurrent selection for specific combining ability in corn. *Agronomy Journal*, 37(2), 134-145. Doi: 10.2134/agronj1945.00021962003700020006x
- Hurburgh Jr, C. R., Brumm, T. J., Guinn, J. M., Hartwig, R. A. (1990). Protein and oil patterns in US and world soybean markets. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 67(12), 966-973. Doi: 10.1007/BF02541859
- Hymowitz, T., Collins, F. I., Panczner, J., Walker, W. M. (1972). Relationship between the content of oil, protein, and sugar in soybean seed. *Agronomy Journal*, 64(5), 613-616. Doi: 10.2134/agronj1972.00021962006400050019x
- Ibrahim, A. K., Dawaki, K. D., Hassan, S. M. (2018). Genetic variability, heritability and correlation among soybean [*Glycine max*.(L.) Merrill] varieties. *Bayero Journal of Pure and Applied Sciences*, 11(2), 72-80. Doi: 10.4314/bajopas.v11i2.9
- Ige, G. O., Chigeza, G., Chander, S., Abush, A. T., Ojo, D. K., Akoroda, M. (2021). Genetic Assessment of Combining Ability for Seed-Yield and Its Related Traits in Soybean

[*Glycine max* (L.) Merrill]. *Legume Research-An International Journal*, 44(1), 21-25.
Doi: 10.18805/LR-542

IPCC. (2014). *Climate Change 2014: Synthesis Report. Contribution of Working Groups I, II and III to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* [Core Writing Team, R.K. Pachauri and L.A. Meyer (eds.)]. IPCC, Geneva, Switzerland, 151 pp.

IPCC. (2021). *Summary for Policymakers. In: Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* [Masson-Delmotte, V., P. Zhai, A. Pirani, S.L. Connors, C. Péan, S. Berger, N. Caud, Y. Chen, L. Goldfarb, M.I. Gomis, M. Huang, K. Leitzell, E. Lonnoy, J.B.R. Matthews, T.K. Maycock, T. Waterfield, O. Yelekçi, R. Yu, and B. Zhou (eds.)]. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA, pp. 3–32, Doi:10.1017/9781009157896.001.

ISO 12966-2. (2011). *Animal and vegetable fats and oils – Gas chromatography of fatty acid methyl esters – Part 2: Preparation of methyl esters of fatty acids*. Available from: <https://www.iso.org/standard/43172.html>

Jain, S., Srivastava, S. C., Singh, S. K., Indapurkar, Y. M., Singh, B. K. (2015). Studies on genetic variability, character association and path analysis for yield and its contributing traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Legume Research-An International Journal*, 38(2), 182-184. Doi: 10.5958/0976-0571.2015.00031.4

James, A. T. ve Martin, A. J. (1952). Gas-liquid partition chromatography: the separation and micro-estimation of volatile fatty acids from formic acid to dodecanoic acid. *Biochemical Journal*, 50(5), 679-690. Doi: 10.1042/bj0500679

Jinks, J. L. ve Hayman, B. I. (1953). The analysis of diallel cross. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*, 27(1), 48-54.

Jinks, J. L. (1954). The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. *Genetics*, 39(6), 767-788. Doi: 10.1093/genetics/39.6.767

Jinks, J. L. (1956). The F₂ and backcross generations from a set of diallel crosses. *Heredity*, 10(1), 1-30. Doi: 10.1038/hdy.1956.1

Jones, R. M. (1965). Analysis of variance of the half diallel table. *Heredity*, 20(1), 117-121. Doi: 10.1038/hdy.1965.12

- Joshi, S. K., Sharma, S. N., Singhania, D. L., Sain, R. S. (2004). Combining ability in the F₁ and F₂ generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). *Hereditas*, 141(2), 115-121. Doi: 10.1111/j.1601-5223.2004.01730.x
- Jumrani, K. ve Bhatia, V. S. (2019). Interactive effect of temperature and water stress on physiological and biochemical processes in soybean. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 25(3), 667-681. Doi: 10.1007/s12298-019-00657-5
- Karma, E. (1976). *Sekiz ekmeklik buğday çesidinin diallel melez döllerinde bazı tarımsal karakterlerin kalıtımı üzerinde araştırmalar*. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Doktora tezi, İzmir, 70 s.
- Karyawati, A. S., Sitompul, S. M. ve Basuki, N. (2015). Combining ability analysis for physiological characters of soybean (*Glycine max* L. Merrill). *International Journal of Plant Research*, 5(5), 113-121. Doi: 10.5923/j.plant.20150505.04
- Kataliko, R.K., Kimani, P.M., Muthomi, J.W., Wanderi, S.W., Olubayo, F.M., Nzuve, F.M. (2018). Combining ability of resistance to pod shattering and selected agronomic traits of soybean. *International Journal of Agricultural Policy and Research*, 6(10), 176-188. Doi: 10.15739/IJAPR.18.020
- Kaur, J., Sandhu, S. S., Sharma, S. (2021). Yield response of wheat grown under periodic heat stress imposed by using mini heat tents. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 207(2), 285-303. Doi: 10.1111/jac.12474
- Karthika, G. ve Govintharaj, P. (2022). Breeding climate-resilience crops for future agriculture. In *Climate Change and Crop Stress* (pp. 1-32). Academic Press. Doi: 10.1016/B978-0-12-816091-6.00009-2
- Kaw, R. N. ve Menon, P. M. (1980). Combining ability in soybean. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 40(1), 305-309.
- Kenga, R., Alabi, S. O., Gupta, S. C. (2004). Combining ability studies in tropical sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). *Field Crops Research*, 88(2-3), 251-260. Doi: 10.1016/j.fcr.2004.01.002
- Keyser, H. H. ve Li, F. (1992). Potential for increasing biological nitrogen fixation in soybean. In *Biological Nitrogen Fixation for Sustainable Agriculture* (pp. 119-135). Springer, Dordrecht. Doi: 10.1007/978-94-017-0910-1_7

- Khan, A. Z., Shah, P., Khan, H., Nigar, S., Perveen, S., Shah, M. K., ... Zubair, M. (2011). Seed quality and vigor of soybean cultivars as influenced by canopy temperature. *Pakistan Journal of Botany*, 43(1), 6743-648.
- Khedar, O.P., Singh, R.V., Shrimali, M., Singh, N.P. (2008). *Pulses: Status and Cultivation Technology*. Aavishkar Publishers, Jaipur.
- Kjeldahl, J. (1883). Neue methode zur bestimmung des stickstoffs in organischen körpern. *Zeitschrift für Analytische Chemie*, 22(1), 366-382. Doi: 10.1007/BF01338151
- Kılınç, M. (1993). *İki Sıralı Altı Arpa Çeşidinin Diallel Melezlerinde Verim ve Verim Unsurlarının Kalıtımı Üzerinde Araştırmalar*. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Adana, 145 s.
- Koti, S., Reddy, K. R., Kakani, V. G., Zhao, D., Gao, W. (2007). Effects of carbon dioxide, temperature and ultraviolet-B radiation and their interactions on soybean (*Glycine max* L.) growth and development. *Environmental and Experimental Botany*, 60(1), 1-10. Doi: 10.1016/j.envexpbot.2006.05.001
- Koti, S., Reddy, K. R., Kakani, V. G., Zhao, D., Reddy, U. R. (2004). Soybean (*Glycine max*) pollen germination characteristics, flowers and pollen morphology in response to enhanced ultraviolet-B radiation. *Annals of Botany*, 94, 855–864. Doi: 10.1093/aob/mch212
- Krishnan, H. B., Kim, W. S., Oehrle, N. W., Smith, J. R., Gillman, J. D. (2020). Effect of heat stress on seed protein composition and ultrastructure of protein storage vacuoles in the cotyledonary parenchyma cells of soybean genotypes that are either tolerant or sensitive to elevated temperatures. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(13), 4775. Doi: 10.3390/ijms21134775
- Krishnawat, B. R. S. ve Maloo, S. R. (2004). Combining ability and heterosis on some stress tolerance traits of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 64(2), 157-158.
- Kuswanto, H., Artari, R., Rahajeng, W., Ginting, E., Supeno, A. (2018). Genetic variability, heritability, and correlation of some agronomical characters of soybean varieties. *Biosaintifika: Journal of Biology & Biology Education*, 10(1), 9-15. Doi: 10.15294/biosaintifika.v10i1.9939

- Kuswanto, H., Basuki, N., Arsyad, D. M. (2011). Inheritance of soybean pod number trait on acid soil. *AGRIVITA, Journal of Agricultural Science*, 33(2), 119-126. Doi: 10.17503/agrivita.v33i2.53
- Kutlu, İ. (2012). *Buğdayda diallel melez analizi ile tarımsal ve kalite özelliklerinin kalıtımının belirlenmesi*. Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Eskişehir, 257 s.
- Lamichhane, J. R., Constantin, J., Schoving, C., Maury, P., Debaeke, P., Aubertot, J. N., Dürr, C. (2020). Analysis of soybean germination, emergence, and prediction of a possible northward establishment of the crop under climate change. *European Journal of Agronomy*, 113, 125972. Doi: 10.1016/j.eja.2019.125972
- Lanna, A. C., José, I. C., Oliveira, M. G. D. A., Barros, E. G., Moreira, M. A. (2005). Effect of temperature on polyunsaturated fatty acid accumulation in soybean seeds. *Brazilian Journal of Plant Physiology*, 17, 213-222. Doi: 10.1590/S1677-04202005000200004
- Lenka, N. K., Lenka, S., Thakur, J. K., Yashona, D. S., Shukla, A. K., Elanchezhian, R., ... Patra, A. K. (2020). Carbon dioxide and temperature elevation effects on crop evapotranspiration and water use efficiency in soybean as affected by different nitrogen levels. *Agricultural Water Management*, 230, 105936. Doi: 10.1016/j.agwat.2019.105936
- Li, P., Cheng, L., Gao, H., Jiang, C., Peng, T. (2009). Heterogeneous behavior of PSII in soybean (*Glycine max*) leaves with identical PSII photochemistry efficiency under different high temperature treatments. *Journal of Plant Physiology*, 166(15), 1607-1615. Doi: 10.1016/j.jplph.2009.04.013
- Li, X. H., Chen, W. M., Li, Z. L. (1991). Analysis of gene effects for some important agronomic characters in summer soybean. *Acta Agronomica Sinica*, 17, 453-460.
- Liu, X., Jin, J., Wang, G., Herbert, S. J. (2008). Soybean yield physiology and development of high-yielding practices in Northeast China. *Field Crops Research*, 105(3), 157-171. Doi: 10.1016/j.fcr.2007.09.003
- Lobell, D. B. ve Asner, G. P. (2003). Climate and management contributions to recent trends in US agricultural yields. *Science*, 299(5609), 1032-1032. Doi: 10.1126/science.107847
- Lupton, F. G. H. (1961). Studies in the breeding of self-pollinating cereals. *Euphytica*, 10(2), 209-224. Doi: 10.1007/BF00022213

- Makanda, I., Tongoona, P., Derera, J., Sibiya, J., Fato, P. (2010). Combining ability and cultivar superiority of sorghum germplasm for grain yield across tropical low-and mid-altitude environments. *Field Crops Research*, 116(1-2), 75-85. Doi: 10.1016/j.fcr.2009.11.015
- Mall, R. K., Lal, M., Bhatia, V. S., Rathore, L. S., Singh, R. (2004). Mitigating climate change impact on soybean productivity in India: a simulation study. *Agricultural and forest meteorology*, 121(1-2), 113-125. Doi: 10.1016/S0168-1923(03)00157-6
- Martin, B. A., Carver, B. F., Burton, J. W., Wilson, R. F. (1983). Inheritance of fatty acid composition in soybean seed oil [Genetic control of oil biosynthesis]. *Soybean Genetics Newsletter United States, Agricultural Research Service*, 10, 89-92.
- Masclaux-Daubresse, C., Daniel-Vedele, F., Dechorgnat, J., Chardon, F., Gaufichon, L., Suzuki, A. (2010). Nitrogen uptake, assimilation and remobilization in plants: challenges for sustainable and productive agriculture. *Annals of Botany*, 105(7), 1141-1157. Doi: 10.1093/aob/mcq028
- Ma-Teresa, L., Gerpcio-Sta, C., Enrique, C. (1994). Heritability estimates of some root characters in sweetpotato. *Philippine Journal of Crop Science*, 19, 27–32.
- Mather, K. ve Jinks, J. L. (1971). *Biometrical Genetics*. Second Edition Chapman and Hall Ltd., London. 463 p.
- Medic, J., Atkinson, C., Hurburgh, C. R. (2014). Current knowledge in soybean composition. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 91(3), 363-384. Doi: 10.1007/s11746-013-2407-9
- Mendiburu, F. ve Mendiburu, M. F. (2019). Package ‘agricolae’. R Package, Version, 1, 3. Available from: <https://cran.r-project.org/web/packages/agricolae/agricolae.pdf>
- Mert, H. (2014). *Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Araştırma ve Uygulama Çiftliği arazisi toprak etüdünün güncellenmesi*. Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Aydın, 119 s.
- MGM. (2020). *Aydın ili Koçarlı ilçesine ait iklim verileri*. T.C. Çevre, Şehircilik ve İklim Değişikliği Bakanlığı – Meteoroloji Genel Müdürlüğü.
- Milić, D., Katić, S., Karagić, Đ., Gvozdanović–Varga, J., Petrović, S., Boćanski, J. (2011). Genetic control of agronomic traits in alfalfa (*M. sativa* ssp. *sativa* L.). *Euphytica*, 182(1), 25-33. Doi: 10.1007/s10681-011-0434-x

- Miransari, M. (2016). Soybean, protein, and oil production under stress. In *Environmental Stresses in Soybean Production* (pp. 157-176). Academic Press. Doi: 10.1016/B978-0-12-801535-3.00007-3
- Molino, J. (2011). *Estrés térmico por alta temperatura en soja (Glycine max (L.) Merr.): análisis de la dinámica de producción y fijación de vainas y su efecto sobre la determinación del rendimiento*. Universidad de Buenos Aires, Facultad de Agronomía, Buenos Aires, Argentina, Master Thesis, 61 p.
- Morsy, A. R. (2010). Evaluation of performance in top-cross of soybean yield through different planting dates. *Annals of Agricultural Science, Moshtohor*, 48, 1-21.
- Nag, S. K., Sarawgi, A. K., Mehta, N., Preeti, P., Ajay, T. (2018). Combining ability studies for yield and its attributes in soybean (*Glycine max* L. Merrill). *Trends in Biosciences*, 11(16), 2603-2607.
- Nagarajan, D., Kalaimagal, T., Murugan, E. (2017). Combining ability analysis for yield component and biochemical traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6(11), 2894-2901. Doi: 10.20546/ijcmas.2017.611.341
- Nahar, K., Hasanuzzaman, M., Fujita, M. (2016). Heat stress responses and thermotolerance in soybean. In *Abiotic and Biotic Stresses in Soybean Production* (pp. 261-284). Academic Press. Doi: 10.1016/B978-0-12-801536-0.00012-8
- Nakagawa, A. C., Ario, N., Tomita, Y., Tanaka, S., Murayama, N., Mizuta, C., ... Ishibashi, Y. (2020). High temperature during soybean seed development differentially alters lipid and protein metabolism. *Plant Production Science*, 23(4), 504-512. Doi: 10.1080/1343943X.2020.1742581
- Narayanan, S., Zoong-Lwe, Z. S., Gandhi, N., Welti, R., Fallen, B., Smith, J. R., Rustgi, S. (2020). Comparative lipidomic analysis reveals heat stress responses of two soybean genotypes differing in temperature sensitivity. *Plants*, 9(4), 457. Doi: 10.3390/plants9040457
- Nassar, M. A. A. (2013). Heterosis and combining ability for yield and its components in some crosses of soybean. *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*, 7(1), 566-572.

- Naveed, M., Ahsan, M., Akram, H. M., Aslam, M., Ahmed, N. (2016). Genetic effects conferring heat tolerance in a cross of tolerant $\times$ susceptible maize (*Zea mays* L.) genotypes. *Frontiers in Plant Science*, 7, 729. Doi: 10.3389/fpls.2016.00729
- Neiff, N., Trachsel, S., Valentinuz, O. R., Balbi, C. N., Andrade, F. H. (2016). High temperatures around flowering in maize: Effects on photosynthesis and grain yield in three genotypes. *Crop Science*, 56(5), 2702-2712. Doi: 10.2135/crops ci2015.12.0755
- Nishiyama, Y., Takechi, K., Nanjo, Y., Murata, N., Hayashi, H. (2006). Acclimation of photosystem II to high temperature in a suspension culture of soybean (*Glycine max*) cells requires proteins that are associated with the thylakoid membrane. *Photosynthesis Research*, 90(3), 223-232. Doi: 10.1007/s11120-007-9138-4
- Noel, R. J. (1976). Collaborative study of an automated method for the determination of crude protein in animal feeds. *Journal of the Association of Official Analytical Chemists*, 59(1), 141-147. Doi: 10.1093/jaoac/59.1.141
- Özcan, K. (1999). *Populasyon genetiği için bir istatistik paket geliştirilmesi*. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, İzmir, 130 s.
- Onat, B., Bakal, H., Gulluoglu, L., Arioglu, H. (2017). The effects of high temperature at the growing period on yield and yield components of soybean [*Glycine max* (L.) Merr] varieties. *Turkish Journal of Field Crops*, 22(2), 178-186. Doi: 10.17557/tjfc.356210
- Ozturk, M., Hakeem, K.R., Faridah-Hanum, I., Efe, R. (Eds.), 2015. *Climate Change Impacts on High-Altitude Ecosystems*. Springer Science + Business Media, New York, 736 pp.
- Pandini, F., Vello, N. A., Lopes, Â. C. D. A. (2002). Heterosis in soybeans for seed yield components and associated traits. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 45(4), 401-412. Doi: 10.1590/S1516-89132002000600001
- Pawale, S. T., Bhor, T. J., Shinde, G. C., Deshmukh, M. P., Nimbalkar, C. A., Chimote, V. P. (2020). Genetic study for yield and yield components in crosses between trypsin inhibitor free and expressing soybean [*Glycine max* (L.) Merrill.] genotypes. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 11(01), 25-29. Doi: 10.37992/2020.1101.005
- Pereira, F. A. C., Vello, N. A., de Freitas Rocha, G. A. (2019). Identification of potential soybean crosses for grain yield in the F₂ generation. *Revista Agrarian*, 12(45), 286-295. Doi: 10.30612/agrarian.v12i45.7413

- Piper, E. L. ve Boote, K. I. (1999). Temperature and cultivar effects on soybean seed oil and protein concentrations. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 76(10), 1233-1241. Doi: 10.1007/s11746-999-0099-y
- Poehlman, M. J. (1959). *Breeding field crops*. Holt Rinehart and Winston, Inc, New York, U.S. 427 p.
- Poehlman, M. J. (1978). Breeding corn. *Breeding Field Crops*, 241-277 p., U.S.A.
- Puteh, A. B., ThuZar, M., Mondal, M. M. A., Abdullah, A. P. B., Halim, M. R. A. (2013). Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] seed yield response to high temperature stress during reproductive growth stages. *Australian Journal of Crop Science*, 7(10), 1472-1479. Available from: <https://search.informit.org/Doi/10.3316/informit.618691733672149>
- R Core Team. (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Available from: <https://www.R-project.org/>
- Rahangdale, S. R. ve Raut, V. M. (2002). Gene effects for oil content and other quantitative traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 62(4), 322-327.
- Rai, R., Shrestha, J. ve Kim, J. H. (2019). Line $\times$ tester analysis in liliun $\times$ formolongi: identification of superior parents for growth and flowering traits. *SAARC Journal of Agriculture*, 17(1), 175-187. Doi: 10.3329/sja.v17i1.42770
- Ren, C., Bilyeu, K. D., Beuselinck, P. R. (2009). Composition, vigor, and proteome of mature soybean seeds developed under high temperature. *Crop Science*, 49(3), 1010-1022. Doi: 10.2135/cropsci2008.05.0247
- Reni, Y. P. ve Rao, Y. K. (2013). Genetic variability in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *International Journal of Plant, Animal and Environmental Science*, 3(4), 35-38.
- Rennie, B. D. ve Tanner, J. W. (1989). Fatty acid composition of oil from soybean seeds grown at extreme temperatures. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 66(11), 1622-1624. Doi: 10.1007/BF02636189
- Rialch, I. ve Sharma, J. (2019). Combining ability studies for yield and related traits in soybean (*Glycine max*). *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 8, 1334-1339.

- Rialch, I., Dev, J., Kumar, B. (2017). Heterosis and Combining Ability Studies for Quality Traits in Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6(8), 3443-3451. Doi: 10.20546/ijcmas.2017.608.413
- Rocha, G. A. D. F., Pereira, F. A. D. C., Vello, N. A. (2018). Potential of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18, 267-275. Doi: 10.1590/1984-70332018v18n3a40
- Rocha, M. R. D., Hamawaki, O. T., Nogueira, A. P. O., Machado, C. S., Hamawaki, C. D. L., Hamawaki, R. L. (2019). Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. *Ciência e Agrotecnologia*, 43, e028018. Doi: 10.1590/1413-7054201943028018
- Rotundo, J. L. ve Westgate, M. E. (2009). Meta-analysis of environmental effects on soybean seed composition. *Field Crops Research*, 110(2), 147-156. Doi: 10.1016/j.fcr.2008.07.012
- RStudio Team. (2020). *RStudio: Integrated Development for R*. RStudio, PBC, Boston, MA. Available from: <http://www.rstudio.com/>
- Ruckenbauer, P. (1977). Vergleichende untersuchungen über die einsatzmöglichkeiten neuer biometrischer methoden in der Kreuzungszüchtung bei Winterweizen.I.Teil: Die Wahl der Kreuzungspartner und die Prüfung ihrer genetischen Eignung für den Aufbau von züchterisch “ergiebigen” Kreuzungspopulationenmit hilfe biometrisch-genetischen Methoden. *Die Bodenkultur*, 28, 58-93.
- Ruiz-Vera, U. M., Siebers, M., Gray, S. B., Drag, D. W., Rosenthal, D. M., Kimball, B. A., ... Bernacchi, C. J. (2013). Global warming can negate the expected CO₂ stimulation in photosynthesis and productivity for soybean grown in the Midwestern United States. *Plant Physiology*, 162(1), 410-423. Doi: 10.1104/pp.112.211938
- Sabagh, A. E., Hossain, A., Islam, M. S., Barutçular, C., Ratnasekera, D., Kumar, N., ... da Silva, J. A. T. (2019). Sustainable soybean production and abiotic stress management in saline environments: A critical review. *Australian Journal of Crop Science*, 13(2), 228-236.
- Sage, T. L., Bagha, S., Lundsgaard-Nielsen, V., Branch, H. A., Sultmanis, S., Sage, R. F. (2015). The effect of high temperature stress on male and female reproduction in plants. *Field Crops Research*, 182, 30–42. Doi: 10.1016/j.fcr.2015.06.011

- Salem, M. A., Kakani, V. G., Koti, S., Reddy, K. R. (2007). Pollen-based screening of soybean genotypes for high temperatures. *Crop Science*, 47(1), 219-231. Doi: 10.2135/cropsci2006.07.0443
- Salvagiotti, F., Cassman, K. G., Specht, J. E., Walters, D. T., Weiss, A., Dobermann, A. (2008). Nitrogen uptake, fixation and response to fertilizer N in soybeans: A review. *Field Crops Research*, 108(1), 1-13. Doi: 10.1016/j.fcr.2008.03.001
- Schittenhelm, S., Langkamp-Wedde, T., Kraft, M., Kottmann, L., Matschiner, K. (2020). Effect of two-week heat stress during grain filling on stem reserves, senescence, and grain yield of European winter wheat cultivars. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 206(6), 722-733. Doi: 10.1111/jac.12410
- Schlenker, W. ve Roberts, M. J. (2009). Nonlinear temperature effects indicate severe damages to US crop yields under climate change. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(37), 15594-15598. Doi: 10.1073/pnas.0906865106
- Sharma, S. K., Mehta, H., Sood, V. K. (1993). Effect of cropping systems on combining ability and gene action for grain yield and its components in soybean. *Field Crops Research*, 34(1), 15-22. Doi: 10.1016/0378-4290(93)90107-X
- Sharma, S. R. ve Phul, P. S. (1994). Combining ability analysis in soybean. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 54(03), 281-286.
- Shukla, S. K. ve Pandey, M. P. (2008). Combining ability and heterosis over environments for yield and yield components in two-line hybrids involving thermosensitive genic male sterile lines in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Breeding*, 127(1), 28-32. Doi: 10.1111/j.1439-0523.2007.01432.x
- Siebers, M. H., Yendrek, C. R., Drag, D., Locke, A. M., Rios Acosta, L., Leakey, A. D., ... Ort, D. R. (2015). Heat waves imposed during early pod development in soybean (*Glycine max*) cause significant yield loss despite a rapid recovery from oxidative stress. *Global Change Biology*, 21(8), 3114-3125. Doi: 10.1111/gcb.12935
- Sima, M. W., Fang, Q. X., Burkey, K. O., Ray, S. J., Pursley, W. A., Kersebaum, K. C., ... Malone, R. W. (2020). Field and model assessments of irrigated soybean responses to increased air temperature. *Agronomy Journal*, 112(6), 4849-4860. Doi: 10.1002/agj2.20394

- Sincik, M., Sozen, E., Goksoy, A. T., Acikgoz, E. (2014). Heterosis and combining ability in a diallel cross of turnip rape genotypes. *Turkish Journal of Field Crops*, 19(2), 219-225. Doi: 10.17557/tjfc.27610
- Singh, R. K. ve Chaudhary, B. D. (1985). *Biometrical methods in quantitative genetic analysis*. Kalyani Puplishers, Ludhiana, New Delhi, 304 pp.
- Singh, R. K., ve Chaudhary, B. D. (1976). *Biometrical techniques in genetics and breeding*. International Bioscience Publishers, Hisar, India.
- Singh, R. K., Pushpendra, K. S., Bhardwaj, P. M. (2010). Gene effects for major quantitative traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Soybean Genetics Newsletter*, 37, 1-5.
- Sood, V. K., Rana, N. D., Gupta, V. P. (2000). Combining ability and gene action for seed yield and its components in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 60(2), 247-250.
- Song, W., Yang, R., Wu, T., Wu, C., Sun, S., Zhang, S., ... Han, T. (2016). Analyzing the effects of climate factors on soybean protein, oil contents, and composition by extensive and high-density sampling in China. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 64(20), 4121-4130. Doi: 10.1021/acs.jafc.6b00008
- Soxhlet, F. (1879). Die gewichtsanalytische Bestimmung des MilCHFettes. *Dinglers Polytechnisches Journal*, 232, 461-465.
- Steel, R. G. D. ve Torrie, J. H. (1980). *Principles and procedures of statistics, a biometrical approach* (No. Ed. 2). McGraw-Hill Kogakusha Ltd., Tokyo, Japan, 663 pp.
- Suh, S. K., Cho, Y., Park, H. K., Scott, R. A. (2000). Gene action and heritability of leaf and reproductive characteristics in soybean. *Breeding Science*, 50(1), 45-51. Doi: 10.1270/jsbbs.50.45
- Susanto, G. W. A. (2018). Estimation of gene action through combining ability for maturity in soybean. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 50(1), 62-71.
- Şener, O. (1997). *Ekmeklik buğdayda dialel melez analizi ile bazı tarımsal karakterlerin kalıtımının belirlenmesi üzerinde araştırmalar*. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Adana, 155 s.
- Tacarindua, C. R., Shiraiwa, T., Homma, K., Kumagai, E., Sameshima, R. (2012). The response of soybean seed growth characteristics to increased temperature under near-

- field conditions in a temperature gradient chamber. *Field Crops Research*, 131, 26-31. Doi: 10.1016/j.fcr.2012.02.006
- Tacarindua, C. R., Shiraiwa, T., Homma, K., Kumagai, E., Sameshima, R. (2013). The effects of increased temperature on crop growth and yield of soybean grown in a temperature gradient chamber. *Field Crops Research*, 154, 74-81. Doi: 10.1016/j.fcr.2013.07.021
- Teixeira, F. G., Hamawaki, O. T., Nogueira, A. P., Hamawaki, R. L., Hamawaki, C. D., Mattos, T. P., ... Medeiros, L. A. (2017). Inheritance of precocity and of agronomic characters in soybean. *Genetics and Molecular Research*, 16(4), 1-13. Doi: 10.4238/gmr16039842
- Teodoro, L. P. R., Bhering, L. L., Gomes, B. E. L., Campos, C. N. S., Baio, F. H. R., Gava, R., ... Teodoro, P. E. (2019). Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. *PloS One*, 14(12), e0226523. Doi: 10.1371/journal.pone.0226523
- Tesfaye, A., Githiri, M., Derera, J., Debele, T. (2020). Combining ability of soybean (*Glycine max*) for low phosphorus tolerance on acidic soils of Western Ethiopia. *Plant Breeding*, 139(5), 950-958. Doi: 10.1111/pbr.12817
- Thakare, D. S., Chimote, V. P., Deshmukh, M. P., Bhailume, M. S., Adsul, A. T. (2017). Inheritance of yield and yield components in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 8(1), 176-181. Doi: 10.5958/0975-928X.2017.00025.4
- Thomas, J. M. G., Boote, K. J., Allen, L. H., Gallo-Meagher, M., Davis, J. M. (2003). Elevated temperature and carbon dioxide effects on soybean seed composition and transcript abundance. *Crop Science*, 43(4), 1548-1557. Doi: 10.2135/cropsci2003.1548
- Thomas, J. M. G., Boote, K. J., Pan, D., Allen, L. H. (2010). Elevated temperature delays onset of reproductive growth and reduces seed growth rate of soybean. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 1, 19-32.
- Thomey, M. L., Slattery, R. A., Köhler, I. H., Bernacchi, C. J., Ort, D. R. (2019). Yield response of field-grown soybean exposed to heat waves under current and elevated [CO₂]. *Global Change Biology*, 25(12), 4352-4368. Doi: 10.1111/gcb.14796
- Tınaz, G. B. (2010). Genetik Bilginin İfade Edilmesi: Transkripsiyon. A. Yıldırım, F. Bardakçı, M. Karataş, B. Tanyolaç (Ed.), *Moleküler Biyoloji* içinde (2. bs., ss. 197). Ankara: Nobel Yayın Dağıtım Tic. Ltd. Şti.

- Topal, A., Aydın, C., Akgün, N., Babaoglu, M. (2004). Diallel cross analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. *Field Crops Research*, 87(1), 1-12. Doi: 10.1016/j.fcr.2003.08.015
- TTSM. (2019). 2014 – 2019 arası tarla bitkileri çeşit tescil raporları. T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkez Müdürlüğü. url: <https://www.tarimorman.gov.tr/BUGEM/TTSM/Menu/114/Yayinlar>
- Tyagi, A. P. ve Lal, P. (2005). Line x tester analysis in sugarcane (*Saccharum officinarum*). *The South Pacific Journal of Natural and Applied Sciences*, 23(1), 30-36. Doi: 10.1071/SP05006
- Ukai, Y. (1998). *DIAL programs for analysis of full and half diallel table*. Biometrics Laboratory Graduate School of Agricultural Life Science. Tokyo University, Japan.
- Veas, R. E., Ergo, V. V., Vega, C. R., Lascano, R. H., Rondanini, D. P., Carrera, C. S. (2021). Soybean seed growth dynamics exposed to heat and water stress during the filling period under field conditions. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 00, 1-14. Doi: 10.1111/jac.12523
- Verhalen, L. M. ve Murray, J. C. (1967). A diallel analysis of several fiber property traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Crop Science*, 7(5), 501-505. Doi: 10.2135/cropsci1967.0011183X000700050029x
- Verma, O. P. ve Srivastava, H. K. (2004). Genetic component and combining ability analyses in relation to heterosis for yield and associated traits using three diverse rice-growing ecosystems. *Field Crops Research*, 88(2-3), 91-102. Doi: 10.1016/S0378-4290(03)00080-7
- Warnes, G. R., Bolker, B., Bonebakker, L., Gentleman, R., Huber, W., Liaw, A., ... Venables, B. (2016). Package ‘gplots’. *Various R programming tools for plotting data*.
- Wassimi, N. N., Isleib, T. G., Hosfield, G. L. (1986). Fixed effect genetic analysis of a diallel cross in dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 72(4), 449-454. Doi: 10.1007/BF00289525
- Wilson, R. F. (2004). Seed composition. pp. 621– 677. In H.R. Boerma and J.E. Specht (ed.) *Soybeans: Improvement, Production, and Uses*. 3rd ed. ASA, CSSA, SSSA, Madison, WI.

- Wolf, R. B., Cavins, J. F., Kleiman, R., Black, L. T. (1982). Effect of temperature on soybean seed constituents: oil, protein, moisture, fatty acids, amino acids and sugars. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 59(5), 230-232. Doi: 10.1007/BF02582182
- Xu, C., Xia, Z., Huang, Z., Xia, C., Huang, J., Zha, M., ... Zhang, C. (2019). Understanding the physiological and transcriptional mechanism of reproductive stage soybean in response to heat stress. *Crop Breeding, Genetics and Genomics*, 2(1):e200004. Doi: 10.20900/cbgg20200004
- Xu, G., Singh, S. K., Reddy, V. R., Barnaby, J. Y., Sicher, R. C., Li, T. (2016a). Soybean grown under elevated CO₂ benefits more under low temperature than high temperature stress: varying response of photosynthetic limitations, leaf metabolites, growth, and seed yield. *Journal of Plant Physiology*, 205, 20-32. Doi: 10.1016/j.jplph.2016.08.003
- Xu, G., Singh, S., Barnaby, J., Buyer, J., Reddy, V., Sicher, R. (2016b). Effects of growth temperature and carbon dioxide enrichment on soybean seed components at different stages of development. *Plant Physiology and Biochemistry*, 108, 313-322. Doi: 10.1016/j.plaphy.2016.07.025
- Yamgar, S. V., Pawar, S. V., Chimote, V. P., Deshmukh, M. P., Shinde, G. C., Nimbalkar, C. A. (2021). Expression of heterosis, residual heterosis and specific combining ability in yield and yield contributing characters of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 10(1), 2711-2714.
- Yıldırım, M. B. ve Budak, N. (1995). *Bitki Islahı ve Uygulaması*. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Yayın No: 43, İzmir, 83 s.
- Yıldırım, M. B. (1974). *Beş ekmeklik buğday çeşidinin diallel melez döllerinde bazı tarımsal karakterlerin populasyon analizleri*. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Doçentlik Tezi, İzmir, 96 s.
- Yıldırım, M. B., Öztürk, A., İkiz, F., Püskülcü, H. (1979). Bitki Islahında İstatistik-Genetik Yöntemler. *Ege Bölge Zirai Araştırma Enstitüsü Yayınları*, 20, 174-216.
- Zarkadas, C. G., Voldeng, H. D., Yu, Z. R., Choi, V. K. (1999). Assessment of the protein quality of nine northern adapted yellow and brown seed coated soybean cultivars by amino acid analysis. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 47(12), 5009-5018. Doi: 10.1021/jf981381r

Zhang, L., Zhu, L., Yu, M., Zhong, M. (2016). Warming decreases photosynthates and yield of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] in the North China Plain. *The Crop Journal*, 4(2), 139-146. Doi: 10.1016/j.cj.2015.12.003



T. C.
AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİLİMSEL ETİK BEYANI

“Soyada (*Glycine max* (L.) Merrill) Yüksek Sıcaklığa Toleransın Kalıtımı” başlıklı Doktora tezindeki bütün bilgileri etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada, bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yaptığımı bildiririm. İfade ettiklerimin aksi ortaya çıktığında ise her türlü yasal sonucu kabul ettiğimi beyan ederim.

Volkan Mehmet ÇINAR

16 / 12 / 2022

ÖZ GEÇMİŞ

Soyadı, Adı : ÇINAR, Volkan Mehmet

Yabancı Dil : İngilizce

EĞİTİM

Derece	Kurum	Mezuniyet tarihi
Lisans	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi	2016
Yüksek Lisans	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi	2018
Doktora	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi	2022
Lisans	Anadolu Üniversitesi	2020

BURSLAR ve ÖDÜLLER

Bursu Veren Kurum	Yıl
TÜBİTAK 1001 Üstün Lif Teknolojik Özelliklerine Sahip Kahverengi Lifli Pamuk Islahı Projesi'nde Doktora ve Doktora Sonrası Araştırmacı Bursu (Proje No: 221O225)	2022-2024
YÖK 100/2000 Öncelikli Alanlar, Sürdürülebilir Tarım Programı Doktora Bursu	2019-2022
GÜBRETAŞ A.Ş. Doktora Bursu	2018-2020
Karapınar Ticaret Borsası Lisans Bursu	2012-2016
TÜBİTAK 2250 - Lisansüstü Bursları Performans Programı	2022
TÜBİTAK 2237-A Bilimsel Eğitim Etkinleri Destekleri 'Doğa Bilimlerinde İstatistiksel Modelleme Teknikleri ve Uygulamaları (Etkinlik No: 1129B372100729)'	2022
TÜBİTAK 2237-A Bilimsel Eğitim Etkinleri 'Analitik Doğa – Kümeleme ve Ordinasyon Teknikleri (Etkinlik No: 1129B372201165)'	2022

GÖREVLER

Görev Unvanı	Görev Yeri	Yıl
Öğrenci Temsilcisi	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi	2014 – 2016
Mizanpaj Editörü	Turkish Journal of Range and Forage Science	2020 – Halen

AKADEMİK YAYINLAR

1. KİTAP BÖLÜMLERİ

A) Uluslararası hakemli kitap içerisinde yayımlanan kitap bölümleri:

- Cinar, V. M. , Balci, S., Unay, A. (2022). Interactive effects of salinity, drought, and heat stresses on physiological process and selection criteria for breeding stress-resistant cotton. In (Ed.), *Advances in Plant Defense Mechanisms*. IntechOpen Ltd., London, United Kingdom. ISBN: 978-1-80355-802-8. DOI: 10.5772/intechopen.105576

2. MAKALELER

A) Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler:

- Balci, S., Cinar, V. M., Unay, A. (2022). Fiber quality characteristics of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in main production areas of Aegean Region. *Current Journal of Applied Science and Technology*, 41(29), 27-36. DOI: 10.9734/cjast/2022/v41i2931804
- Cinar, V. M. ve Unay, A. (2022). Biological and agronomic characterization of improved alkali grass genotypes (*Puccinellia ciliata* Bor) in the Aegean Region of Turkey. *Current Journal of Applied Science and Technology*, 41(28), 33-43. DOI: 10.9734/cjast/2022/v41i2831794
- Unay, A., Sabanci, I., Cinar, V. M. (2021). The effect of maize (*Zea mays* L.) / soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) intercropping and biofertilizer (*Azotobacter*) on yield, leaf area index and land equivalent ratio. *Journal of Agricultural Sciences*, 27(1), 76-82. DOI: 10.15832/ankutbd.572495 (SCI-E)

- Balci, S., Cinar, V. M., Unay, A. (2021). Genetic analysis for yield and ginning out turn in F₁ and F₂ populations of upland cotton. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 81(4), 598-600. DOI: 10.31742/ISGPB.81.4.15 (SCI-E)
- Balci, S., Cinar, V. M., Unay, A. (2021). Correlation and path analysis for neps in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Journal of Scientific and Engineering Research*, 8(10), 1-5.
- Unay, A., Ozbek, N., Cinar, V. M. (2019). Line x Tester analysis for yield and fiber quality in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Turkish Journal of Field Crops*, 24(2), 215-220. DOI: 10.17557/tjfc.509134 (SCI-E)
- Unay, A., Balci, S., Cinar, V. M. (2019). Gene action and combining ability for neps and seed coat neps in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Turkish Journal of Field Crops*, 24(2), 211-214. DOI: 10.17557/tjfc.568326 (SCI-E)

B) Ulusal hakemli dergilerde yayımlanan makaleler:

- Cinar, V. M. and Unay, A. (2021). The effects of some biofertilizers on yield, chlorophyll index and sugar content in sugar beet (*Beta vulgaris* var. *saccharifera* L.). *Journal of Agriculture Faculty of Ege University*, 58(2), 163-170. DOI: 10.20289/zfdergi.714633
- Cinar, V. M. ve Unay, A. (2021). Response to early treatment of chlormequat chloride in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Adnan Menderes University Faculty of Agriculture Journal*, 18(1), 127-131. DOI: 10.25308/aduziraat.874300
- Balci, S., Cinar, V. M., Unay, A. (2021). The effects of modified recurrent selection on fiber characteristics and neps in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *ANADOLU Journal of Aegean Agricultural Research Institute*, 31(2), 137-142. DOI: 10.18615/anadolu.1029812
- Yavas, I., Çinar, V. M., Unay, A. (2020). Physiologic and seed yield responses of different alkali grass (*Puccinellia ciliata*) populations to salinity stress. *European Journal of Science and Technology*, 20, 10-15. DOI: 10.31590/ejosat.775085
- Balci, S., Cinar, V.M., Unay, A. (2020). A study on genetic advance and heritability for quantitative traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Adnan Menderes University Faculty of Agriculture Journal*, 17(1), 81-84. DOI: 10.25308/aduziraat.709514

- Yavaş, İ., Çınar, V. M., Ünay, A. (2020). Bitkilerde abiyotik stres koşullarında selenyum metabolizması ve fizyolojik etkileri. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 18, 840-849. DOI: 10.31590/ejosat.685702
- Yavaş, İ., Çınar, V. M., Ünay, A. (2020). Reaktif azot türlerinin (RNS) üretimi, fonksiyonu ve stres koşullarındaki durumu. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 18, 435-444. DOI: 10.31590/ejosat.683895
- Sayilir, C., Cinar, V. M., Unay, A. (2019). Determination of yield and yield components in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) cultivars under Menemen-Izmir ecological conditions. *ANADOLU Journal of Aegean Agricultural Research Institute*, 29(1), 71-75. DOI: 10.18615/anadolu.568851

3. BİLDİRİLER

A) Uluslararası bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında (proceedings) basılan bildiriler:

- Çınar, V. M., Arpaç, Y., Yavaş, İ., Ünay, A. (2019). Asperde (*Carthamus tinctorius* L.) Farklı Çeşit ve Çinko Doz Uygulamalarının Verim ve Verim Komponentleri Üzerine Etkisi. 2. Uluslararası Tarım, Çevre ve Sağlık Kongresi, 18-19 Ekim 2019, Aydın. (Sözlü Bildiri – Tam Metin)
- Çınar, V. M., Yavaş, İ., Ünay, A. (2019). Kanolada Erken Fide Gelişimi Döneminde Bazı Yaprak Özellikleri Üzerine Tuzluluğun ve Hormesisin Etkisi (*Brassica napus* ssp. *Oleifera* L.). 2. Uluslararası Tarım, Çevre ve Sağlık Kongresi, 18-19 Ekim 2019, Aydın. (Poster Bildiri).

B) Ulusal bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında basılan bildiriler:

- Çınar, V. M. ve Ünay, A. (2019). Şeker Pancarında Gübrelemenin Verim ve Kaliteye Etkisi 8. Ulusal Bitki Besleme ve Gübreleme Kongresi, 12-15 Mart 2019, Antalya. (Poster Bildiri).