

65247

**MAKARNALIK BUĞDAYDA BAZI KANTİTATİF
KARAKTERLERDEKİ GENETİK VARYASYON VE KALITIMIN
ARAŞTIRILMASI**

İrfan ÖZBERK

**Ç. Ü.
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı**

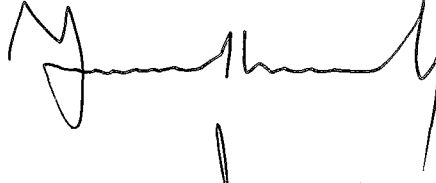
DOKTORA TEZİ

ADANA-1997

Çukurova üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürlüğüne,

Bu çalışma jürimiz tarafından Tarla Bitkileri Anabilim Dalında Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

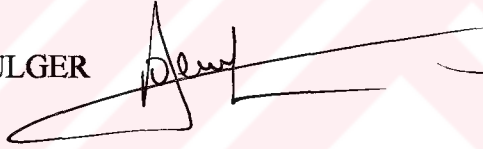
Başkan: Prof.Dr.Yusuf KIRTOK



Üye : Prof.Dr. Özer SENCER

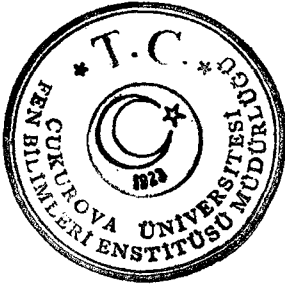


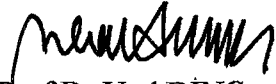
Üye : Doç.Dr. Ahmet Can ÜLGER



Kod No: 3 8 8

Yukarıdaki imzaların, adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.




Prof.Dr.Ural DİNÇ
Enstitüsü Müdürü

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No:
İÇİNDEKİLER	III
ÇİZELGE LİSTESİ.	V
ŞEKİL LİSTESİ	XI
ÖZ	XII
ABSTRACT	XIII
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	4
3. MATERYAL VE METOD.....	8
3.1. Materyal.....	8
3.1.1. Deneme Yeri İklim ve Toprak Özellikleri.....	8
3.1.1.1. İklim Özellikleri.....	8
3.1.1.2. Toprak Özellikleri.....	10
3.1.2. Denemede Yer Alan Bitki Materyali.....	11
3.2. Metod.....	12
3.2.1. Deneme Deseni, Ekim, Bakım ve Ölçümler.....	12
3.2.2. Denemede Kullanılan Biometrikal Genetik Metodlar.....	14
3.2.2.1. Varyans Analizleri.....	14
3.2.2.2. Ortalama Komponentleri ve Tahminleri.....	16
3.2.2.3. Epistasi Testi.....	17
3.2.2.4. Varyans Komponentleri ve Tahminleri.....	18
3.2.2.4.1. Bartlett'in Homojenlik Testi.....	20
3.2.2.4.2. Varyans Komponentleri Tahminleri.....	20
3.2.2.5. Kalıtım Dereceleri Tahminleri.....	21
4. SONUÇLAR VE TARTIŞMA.....	23
4.1. Başaklanma Gün Sayısı.....	23
4.2. Bitki Boyu.....	28
4.3. Bitkide Başak Sayısı.....	32
4.4. Başak Boyu.....	37
4.5. Başakta Başakcık Sayısı.....	41
4.6. Başakta Dane Sayısı.....	46
4.7. Başakta Dane Ağırlığı.....	50

4.8. Dane Verimi.....	56
4.9. Sap Verimi.....	61
4.10. 1000 Dane Ağırlığı.....	65
4.11. % Protein Oranı.....	71
4.12. % Camsılık.....	76
5. ÖZET.....	82
6. SUMMARY.....	85
7. KAYNAKLAR.....	88
8. TEŞEKKÜR.....	92
9. ÖZGEÇMİŞ.....	93



ÇİZELGE LİSTESİ

Sayfa No:

Çizelge.1. Diyarbakır İlinde 1993-94 Üretim Yılı İle Uzun Yıllar Ortalama Sıcaklık, En Yüksek ve En Düşük Sıcaklık, Ortalama Oransal Nem ve Aylık Toplam Yağış Değerleri.....	8
Çizelge.2. Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü Deneme Alanında Saptanan Bazı Toprak Özellikleri.....	11
Çizelge.3. Denemede Yer Alan Temel Generasyonlar ve Ebeveynlere Ait Bilgiler.....	12
Çizelge.4. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Başaklanma Gün Sayısı).....	23
Çizelge.5. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Başaklanma Gün Sayısı).....	24
Çizelge.6. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Başaklanma Gün Sayısı).....	25
Çizelge.7. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Başaklanma Gün Sayısı).....	26
Çizelge.8. Varyans Parametreleri Tahminleri (Başaklanma Gün Sayısı).....	27
Çizelge.9. Alternatif Varyans Parametreleri Tahminleri (Başaklanma Gün Sayısı).....	27
Çizelge.10. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Bitki Boyu).....	28
Çizelge.11. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Bitki Boyu).....	29
Çizelge.12. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Bitki Boyu).....	30

Çizelge.13. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Bitki Boyu).....	31
Çizelge.14. Varyans Parametreleri Tahminleri (Bitki Boyu).....	32
Çizelge.15. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Bitkide Başak Sayısı).....	33
Çizelge.16. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Bitkide Başak Sayısı).....	34
Çizelge.17. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Bitkide Başak Sayısı).....	35
Çizelge.18. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Bitkide Başak Sayısı).....	36
Çizelge.19. Varyans Parametreleri Tahminleri (Bitkide Başak Sayısı).....	36
Çizelge.20. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Başak Boyu).....	37
Çizelge.21. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Başak Boyu).....	38
Çizelge.22. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Başak Boyu)...	39
Çizelge.23. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Başak Boyu).....	40
Çizelge.24. Varyans Parametreleri Tahminleri (Başak Boyu).....	40
Çizelge.25. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Başakta Başaklık Sayısı).....	42

Çizelge.26. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Başakta Başakcık Sayısı).....	43
Çizelge.27. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Başakta Başakcık Sayısı).....	44
Çizelge.28. Varyans Komponentleri Bartlett Testi Analizinde Kullanılan Veriler (Başakta Başakcık Sayısı).....	45
Çizelge.29. Varyans Parametreleri Tahminleri (Başakta Başakcık Sayısı).....	45
Çizelge.30. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Başakta Dane Sayısı).....	46
Çizelge.31. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Başakta Dane Sayısı).....	47
Çizelge.32. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Başakta Dane Sayısı).....	48
Çizelge.33. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Başakta Dane Sayısı).....	49
Çizelge.34. Varyans Parametreleri Tahminleri (Başakta Dane Sayısı).....	49
Çizelge.35. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Başakta Dane Ağırlığı).....	51
Çizelge.36. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Başakta Dane Ağırlığı).....	52
Çizelge.37. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Başakta Dane Ağırlığı).....	53

Çizelge.38. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Başakta Dane Ağırlığı).....	54
Çizelge.39.a. Varyans Parametreleri Tahminleri (Başakta Dane Ağırlığı).....	55
Çizelge.39.b. Varyans Parametreleri Tahminleri (Alternatif Model) (Başakta Dane Ağırlığı).....	55
Çizelge.40. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Dane Verimi).....	56
Çizelge.41. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Dane Verimi).....	57
Çizelge.42. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Dane Verimi)..	58
Çizelge.43. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Dane Verimi).....	59
Çizelge.44. Varyans Parametreleri Tahminleri (Dane Verimi).....	59
Çizelge.45. Varyans Parametreleri Tahminleri (En İyi 2. Model) (Dane Verimi).....	60
Çizelge.46. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (Sap Verimi).....	61
Çizelge.47. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (Sap Verimi).....	62
Çizelge.48. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (Sap Verimi)....	63
Çizelge.49. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (Sap Verimi).....	64

Çizelge.50. Varyans Parametreleri Tahminleri (Sap Verimi).....	64
Çizelge.51. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (1000 Dane Ağırlığı).....	66
Çizelge.52. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (1000 Dane Ağırlığı).....	67
Çizelge.53. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (1000 Dane Ağırlığı).....	68
Çizelge.54. Hayman'ın 6 Parametre Modeline Göre Tahmin Edilen Ortalama Komponentleri (1000 Dane Ağırlığı).....	69
Çizelge.55. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (1000 Dane Ağırlığı).....	69
Çizelge.56. Varyans Parametreleri Tahminleri (1000 Dane Ağırlığı).....	70
Çizelge.57. Varyans Parametreleri Tahminleri (Alternatif Model) (1000 Dane Ağırlığı).....	70
Çizelge.58. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (% Protein Oranı).....	72
Çizelge.59. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (% Protein Oranı).....	73
Çizelge.60. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (% Protein Oranı).....	74
Çizelge.61. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (% Protein Oranı).....	75

Çizelge.62. Varyans Parametreleri Tahminleri (% Protein Oranı).....	75
Çizelge.63. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları (% Camsılık).....	77
Çizelge.64 Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler (%Camsılık).....	78
Çizelge.65. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri (% Camsılık)...	79
Çizelge.66. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi (% Camsılık).....	80
Çizelge.67. Varyans Parametreleri Tahminleri (% Camsılık).....	80

ŞEKİL LİSTESİ

Sayfa No:

Şekil 1. Sıcaklık Ortalamalarının Aylara Dağılışı.....	9
Şekil 2. Yağışın Aylara Dağılışı.....	9
Şekil 3. Oransal Nemin Aylara Dağılışı.....	10
Şekil 4. Temel Generasyonlar Başaklanma Gün Sayısı Ortalama Değerleri (gün).....	25
Şekil 5. Temel Generasyonlar Bitki Boyu Ortalama Değerleri (cm).....	30
Şekil 6. Temel Generasyonlar Bitkide Başak Sayısı Ortalama Değerleri.....	34
Şekil 7. Temel Generasyonlar Başak Boyu Ortalama Değerleri (cm).....	39
Şekil 8. Temel Generasyonlar Başakta Başakçık Sayısı Ortalama Değerleri.....	43
Şekil 9. Temel Generasyonlar Başakta Dane Sayısı Ortalama Değerleri.....	48
Şekil 10. Temel Generasyonlar Başakta Dane Ağırlığı Ortalama Değerleri (gr).....	53
Şekil 11. Temel Generasyonlar Dane Verimi Ortalama Değerleri (gr).....	58
Şekil 12. Temel Generasyonlar Sap Verimi Ortalama Değerleri (gr).....	63
Şekil 13. Temel Generasyonlar 1000 Dane Ağırlığı Ortalama Değerleri (gr).....	67
Şekil 14. Temel Generasyonlar Protein Oranı Ortalama Değerleri (%).....	74
Şekil 15. Temel Generasyonlar Camsılık Ortalama Değerleri (%).....	79

ÖZ

Bu çalışmada Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaygın olarak yetiştirilen Dicle-74 ve Diyarbakır-81 makarnalık buğday çeşitleri melezlenmiş, temel generasyonlar denilen P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 ve BC_2 generasyonlar yardımıyla bazı kantitatif karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtım araştırılmış ve bu yolla elde edilen bilgilerin makarnalık buğday ıslah programlarında kullanılması amaçlanmıştır.

Ölçülen karakterlerin çoğunda F_1 ortalama değeri anılan karakter için ana (P_1) ve babaya (P_2) ait ortalama değerlerin dışında değerler vermiştir. Bu da dominans etkilerin varlığını göstermektedir.

Generasyon ortalamaları üzerindeki genetik etkiler m , $[d]$ ve $[h]$ den oluşan basit eklemeli-dominans model ile açıklanamamıştır. İki genli interaksiyon modelleri ölçülen bir çok karakterdeki genetik etkileri ifade etmede daha yeterli bulunmuştur. İki genli modeller ve bazı parametrelerin işaretleri tamamlayıcı tip allelik olmayan interaksiyonların (epistasis) varlığını göstermektedir.

Ele alınan karakterlerdeki genetik varyasyon genellikle dominant (H) ve çevresel varyasyondur (E). Bulunan en uygun modeller bunu teyid etmektedir.

Dar anlamda kalıtım dereceleri (h^2n) bütün karakterler için iki ayrı metodla tahmin edilmiş ve başta 1000 dane ağırlığı olmak üzere, başak boyu, sap verimi ve başaklanma gün sayısı gibi bazı karakterlerde erken generasyonlarda seleksiyonun etkili olabileceği anlaşılmıştır. Verim ve diğer bazı karakterler için seleksiyonun geciktirilmesinin daha yerinde olacağı anlaşılmıştır.

ABSTRACT

This study aimed to investigate genetic variations and inheritances of some quantitative characteristics through basic generations which have been derived from the crosses between Dicle-74 and Diyarbakır-81 cultivars of *T.Durum*.

Except for a few cases, the means of the F₁ generations fell out of the parental range in most characteristics, suggesting the presence of dominance effects.

Simple additive-dominance model (m, [d], [h]) failed to describe generation means, suggesting the presence of non allelic interactions ([i], [j], [l]).

D (additive genetic variation) was found to be non significant, suggesting the absence of genuine genetic differences between parental genotypes or indicating the presence of some genetic variation remained, undetected due to various reasons such as the similarities of both parents for measured characteristics, limited family size in some generations, large sampling errors or the presence of some micro environmental differences in experimental field.

H (dominance genetic variation) although a second degree statistics turned out to be negative in some characteristics, indicating the absence of dominance variation or the presence of ambidirectional dominance effects.

Narrow heritability estimates were carried out by Warner and "Mather and Jinks" methods. Some of narrow heritability estimates such as 1000 kernel weight, spike length, culm weight and heading date suggested some possibilities in obtaining required genotypes by selection in early generations. Delayed selection is strongly recommended for some characterization such as grain yield.

1.GİRİŞ

Son istatistiklere göre Dünyada toplam buğday ekilen alanlar 220 Milyon ha. ve toplam üretim 528 Milyon ton dolayındadır (CIMMYT-Sup.1995). Toplam üretimin yaklaşık % 8'i (30-35 Milyon Ton) makarnalık buğdaydır. Toplam makarnalık buğday ekim alanı 30 Milyon ha. dolayındadır (Srivastava, 1987). Üretim bakımından makarnalık buğday dünya sıralamasında ekmeklik buğday, çeltik, mısır, sorgum, darı, arpa ve yulaftan sonra 8. sırada yer alır (Srivastava, 1984). Özellikle Akdeniz bölgesinde insan gıdası olarak önem taşımaktadır. Ekmeklik buğday yetiştirilen alanların çoğu makarnalık buğday yetiştirmeye elverişlidir. Ekmeklik buğdaya göre ekim alanlarının daha az olmasının nedenleri; (1) ekmek yapımına daha az uygun olması, (2) uzun kış ve soğuklara daha az dayanıklı olması ve (3) yetersiz ıslah çalışmaları nedeniyle mevcut çeşitlerin ekmekliklere göre daha az verimli olmalarıdır. Diğer taraftan marjinal alanlarda kuraklık stresi altında daha iyi adaptasyon gösterirler. Son yıllarda geliştirilen bazı çeşitler verim bakımından ekmekliklerden geri değildirlir (Fabrani ve Lintas, 1988).

Avrupada durum buğday ekim alanı 2 Milyon ha'.dan biraz daha fazladır. Başlıca üretici ülkeler İtalya (1.7 Milyon ha.), Yunanistan, Fransa ve İspanya'dır. Tüm Avrupa'da durum buğdayı 350 mm. den fazla yıllık yağışı olan alanlarda yetiştirilir. (Fabrani ve Lintas, 1988).

11 yakınođu ülkesi, dünya makarnalık buğday üretiminin yaklaşık % 75'ini karşılamaktadırlar. Türkiye tek başına 2.3 Milyon ha.'lık ekim alanına sahiptir. Türkiye'yi 1 Milyon ha. ile Suriye izlemektedir. Asya ülkelerinden Hindistan 3 Milyon ha.'lık ekim alanına sahiptir (Srivastava, 1984).

Yakın ve Ortadođu ülkeleri Dünya üretiminde 10-12 Milyon tonla ilk sıralardadır. Üretilen buğdayın % 80'i üretildikleri yerde tüketilmektedir. Makarnalık buğday ihracatçısı ülkeler Kanada, ABD ve Arjantin'dir (Fabrani ve Lintas, 1988).

Avrupa ve Amerika makarnalık buğdayı daha çok makarna formunda tüketirlerken Ortadoğu ve Kuzey Afrika'da ise makarnalık buğdayın % 50'si ekmek olarak ve diğer % 50 'si de makarna, bulgur, kuskus gibi gıdalar olarak tüketilir. Akdeniz bölgesinde görülen bu durum makarnalık buğdayın tarihi ile ilişkilidir (Srivastava, 1984).

Türkiye'deki toplam makarnalık buğday ekim alanlarının % 20'si sahil ve Güneydoğu Anadolu bölgesindedir. Bu bölgelerde yazlık makarnalık buğday yetiştirilmektedir. Ekim alanlarının % 55'i iç Anadolu'dadır ve kışlık tiptir (Anonymus, 1970).

Sahil kuşağında ve Güneydoğu Anadolu'da verimi artırma yönünde yapılan ıslah çalışmaları sonucu Gediz-75, Dicle-74, Diyarbakır-81, Balcalı-85, Ege-88, Fırat-93, Aydın-93, Ceylan-95 ve Harran-95 gibi makarnalık buğday çeşitleri geliştirilmiştir. Bunlar lokal çeşitlerden % 30-50 daha verimlidir. Ancak Dicle-74 deki dönmenin fazla olması ve bunun satış fiyatında büyük düşümlere neden olması çeşit geliştirme çalışmalarında verim yanında kalite faktörünün de ihmal edilmemesi gerektiğini göstermektedir (Özberk ve Özberk, 1993b).

Son yıllara kadar yağışlı bölgelerde devam eden çeşit geliştirme çalışmaları, çok yakında gerçekleşecek büyük sulama projeleri dikkate alınarak sulanan koşullar için de ışık tutacaktır. Diğer ıslah amaçları göz ardı edilmeden, sulanan koşullarda verim üzerine etkili olan verim komponentlerinin tespiti, seleksiyonda arzulanan bitkilerin seçimine olanak sağlayacaktır.

Makarnalık buğdayda yüksek verim yanında kalitenin de büyük önemi vardır. Makarnalık buğdayda nişasta, vitamin, mineral madde ve protein içeriği gibi besin kalitesi dışında ticari ve teknolojik kalite konusu da önem taşımaktadır. Hektolitre ağırlığı, dane ağırlığı, dane boyutu, renk, buruşukluk, irmik randımanı, makarna kalitesi ve camsılık (dönmesiz olma) özelliklerinin tamamı kalite kriterleridir (Fabrani ve Lintas, 1988).

Geleneksel olarak dönme yüzdesi başlıca buğday üreticisi ülkeler tarafından önemli bir kalite faktörü olarak görülmektedir. Camsı olması beklenen danenin, kısmi veya tamamen unu görünümde olması yani dönmenin meydana gelmesi durumunda, çok büyük fiyat düşmelerine neden olmaktadır.

Son on yılda modern makarnalık buğday işleme endüstrisi şartlarında dönme ile makarnalık buğdayın teknolojik değerindeki değişme tartışmalara neden olmaktadır. Makarna endüstrisinde dönme, irmik verimini, inceliğini ve saflığını etkileyen ve protein içeriğinin belirlenmesinde bir indikatör olarak dikkate alınmaktadır. Dönmeli makarnalık buğdayın daha ince irmik verdiği ve protein içeriğinin düşük olduğu bilinmektedir (Matsuo ve Dexter, 1980). Özellikle topraktaki faydalı 'N' içeriğinden ve diğer iklim faktörlerinden büyük ölçüde etkilenen bu karakterdeki genetik varyasyonun oldukça düşük olduğu bilinmektedir. Ancak sulama gibi çevre koşullarının kısmen kontrol edildiği durumlarda mevcut genetik varyasyonun tespiti Biometrikal Genetik metodlar yardımıyla gerçekleştirilebilir.

Biometrikal Genetik, genetik kavramları ortalama, varyans ve kovaryans gibi istatistiki değerlere çevirerek analiz eder. Biometrikal Genetik'te tek tek genler tanımlanmaz. Ortalama genetik varyasyon, eklemeli (aditif), üstünlük veya baskınlık (dominans), allelik olmayan interaksiyonlar (epistasi) ve bağıllık (linkage) gibi terimler ile ifade edilir. Biometrikal Genetik, üzerinde çalışılan materyalin genetik yapısının ayrıntılı olarak ortaya çıkarılmasına yardım eder.

İki saf hattın melezinden türetilen ana, baba, F_1 , F_2 ve geriye melezlerin (BC_1 , BC_2) yer aldığı temel generasyonlar Biometrikal işlemlerin uygulanması için geniş bir imkan sunar. Bu da üzerinde çalışılan karakterlerin genetik kontrolü hakkında ayrıntılı bilgi sağlamaya yardımcı olur (Mather ve Jinks, 1982).

Bu çalışmada Dicle-74 ve Diyarbakır-81 makarnalık buğday çeşitleri melezlenmiş ve temel generasyonlar denilen P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 ve BC_2 generasyonlar yoluyla sulu koşullarda çeşitli kantitatif karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtım dereceleri belirlenmeye çalışılmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Makarnalık buğdayda verimde ilerleme sağlama gayretleri üç önemli konuda yoğunlaşmıştır. İlk olarak genetik değeri yüksek verimli hatların geliştirilmesi ele alınmış daha sonra birçok karakter bakımından arzulanan özelliklere sahip fakat bir karakter bakımından zayıf olan bir çeşidin bu zayıflığının giderilmesi üzerinde durulmuş ve son olarak özel karakterleri olan (aşırı kurak veya sıcak gibi) çevrelere uyum gösteren çeşitlerin geliştirilmesine çalışılmıştır.

Verim ve verimle ilişkili karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtım ile ilgili araştırmalar verimde ilerleme sağlamanın temelini oluşturmaktadır.

JOHNSON ve ark. (1966), ABD'nin Nebraska Eyalet Üniversitesinin Lincoln kentindeki deneme istasyonunda tarla koşullarında yaptıkları bir araştırmada iki kışlık buğdayı melezlemiş ve türetilen temel generasyonlar yoluyla, çeşitli karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtımı araştırmışlardır. Elde edilen bulgulardan bitki boyundaki genetik varyasyonun eklemeli etkide olduğunu, üç gen çifti ile idare edildiğini, erkenciliğin bir, dane ağırlığının bir kaç genle idare edildiğini, F_1 de heterosis görüldüğünü tespit etmişlerdir.

Araştırmacılar bitki boyu, başak boyu, olgunlaşma ve dane ağırlığı için bulunan yüksek kalıtım değerleri, bu karakterler için F_2 de seleksiyonun etkili olabileceğini, bitkide kardeş sayısı, dane verimi gibi karakterler için ise F_2 de seleksiyonun etkili olamayacağını tespit etmişlerdir.

AMAYA ve ark. (1972), ABD'nin North Dakota Eyaletinin Fargo ve Langdon kentlerinde sera ve tarla koşullarında 1967-68 yıllarında yaptıkları bir çalışmada dört ayrı makarnalık buğday melezinin temel generasyonlarını türetmişler ve başaklanma gün sayısı, bitki boyu ve dane verimi karakterlerini ölçmüşlerdir. Elde edilen sonuçlardan ilk iki karakter için generasyon ortalamaları üzerindeki genetik etkiler basit aditif-dominans model ile açıklanırken, dane verimi üzerindeki genetik etkilerin altı parametre modeli ile açıklanabileceğini tesbit etmişlerlerdir. Ölçülen karakterlerde heterosis ve epistatik etkilere rastlanmıştır.

BHATT, (1972), Avusturalya'nın Sidney Üniversitesi Narrabri buğday deneme istasyonunda 1970-1971 yıllarında yaptığı bir çalışmada iki yazlık buğday melezinden oluşturduğu temel generasyonlar yoluyla, başaklanma gün sayısı, bitki boyu ve dane ağırlığı gibi karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtımı araştırmıştır. Elde edilen sonuçlardan bu karakterler için seleksiyon baskısı artırılırsa dikkate değer bir genetik ilerlemenin sağlanabileceğini ve anılan karakterlerdeki gen hareketinin eklemeli ağırlıkta olduğunu tespit etmiştir.

SUN ve ark. (1972), ABD'nin Wisconsin Eyalet Üniversitesinin agronomi bölümü deneme arazisinde 1964-1967 yıllarında 1000 dane ağırlığı üzerinde yaptıkları bir çalışmada çeşitli karakterler bakımından birbirlerinin zıttı olan dört yazlık buğday ebevyn olarak alınmış ve oluşturulan altı meleze ait temel generasyonlar türetilmiştir. Elde edilen sonuçlardan 1000 dane ağırlığı için eklemeli ve dominans gen etkilerinin epistatik etkilerden daha önemli olduğunu, epistatik etkilerin daha çok eklemeli-eklemeli veya dominans-dominans tip olduğunu tespit etmişlerdir. Geniş anlamda kalıtım derecesi genellikle % 51-85 arasında değişmiştir.

KETATA ve ark. (1976a), ABD'nin Oklahoma Eyalet Üniversitesi agronomi araştırma istasyonunda 1972-73 yıllarında yaptıkları bir araştırmada iki kışlık buğday melezinden elde ettikleri temel generasyonlar yoluyla dane verimi ve verimle ilgili yedi ayrı agronomik karakterdeki genetik varyasyon ve kalıtımı araştırmışlardır. Elde edilen sonuçlardan başaklanma gün sayısı, bitki boyu ve başakta başakcık sayısı gibi karakterlerde heterotik etkilerin önemli olduğu bulunmuştur. Dar anlamda kalıtım dereceleri tahminleri başaklanma gün sayısı için çok yüksek, dane ağırlığı ve bitki boyu için orta derecede yüksek, bitkide kardeş sayısı için orta, başakta başakcık sayısı, başakta dane sayısı, başakcıkta dane ve dane verimi için ise düşük bulunmuştur.

KETATA ve ark. (1976b), ABD'nin Oklahoma Eyalet Üniversitesi agronomi araştırma istasyonunda 1971, 1972 ve 1973 yıllarında yaptıkları bir başka araştırmada kışlık buğdayda line-tester yöntemi ile bazı kantitatif karakterlerdeki epistasi etkisini araştırmışlardır.

Elde edilen bulgulardan epistasinin başaklanma gün sayısı, başakta dane sayısı ve dane verimini etkilediği anlaşılmıştır. Protein içeriği, başakta başakcık sayısı, başakta dane sayısı gibi karakterlerde eklemeli gen etkisinin önemli olduğu, seleksiyonla bu karakterlerde ilerleme sağlanabileceğini tespit etmişlerdir. Bitki boyu için dominans gen etkisinin önemli olduğunu ve genel olarak epistatik etkilerin ihmal edilmesinin yanılığlara yol açacağını göstermişlerdir.

JOHNSTON ve ark. (1983), ABD'nin North Dakota Eyalet Üniversitesinin Fargo ve Langdon deneme istasyonlarında 1976-78 yıllarında sera ve tarla şartlarında yaptıkları bir çalışmada, altı makarnalık buğday melezine ait temel generasyonları türetmişler ve irmik renginin kalıtımını araştırmışlardır. Elde edilen bulgulardan bu karakter için tespit edilen genetik varyasyonun % 82'nin eklemeli etkide olduğu ve kalıtım derecesinin % 31 ile 69 arasında değiştiği anlaşılmıştır. Bu karakter için erken generasyonlarda yapılacak seleksiyonun etkili olabileceği görülmüştür.

BHATIYA ve ark. (1987), Hindistan'ın Gujarat Eyalet Üniversitesinde yaptıkları bir çalışmada, makarnalık buğdayda temel generasyonlar yoluyla verim ve verimle ilişkili yedi ayrı karakterdeki genetik varyasyon ve kalıtımını araştırmışlardır. Elde edilen bulgulardan tüm karakterler için eklemeli ve eklemeli olmayan gen etkileri önemli bulunmuş ancak, karakterlere bağlı olarak büyüklükleri değişmiştir.

PAWAR ve ark. (1988), Hindistan'ın Haryana Eyalet Üniversitesinde 1983-84 yıllarında yaptıkları bir çalışmada dört ayrı melezden türetilen temel generasyonlar yoluyla yazlık buğdayda altı ayrı karakterdeki genetik varyasyon ve kalıtımını araştırmışlardır. Elde edilen bulgulardan dominans genetik etkilerin, eklemeli genetik etkilerden daha önemli olduğu anlaşılmıştır. Epistasi tespit edilirken, dane verimini artırmak için dane ağırlığı üzerinde indirek seleksiyon yapılmasının gerektiği tavsiye edilmiştir.

KHER ve ark. (1990), Hindistan'ın Gujarat Eyalet Üniversitesinde 1984-85 yıllarında yaptıkları bir araştırmada, dört ayrı buğday melezinden türetilen temel generasyonlarda beş ayrı karakterdeki genetik varyasyon ve kalıtımı araştırmışlardır.

Elde edilen bulgulardan karakterlerin çoğunda basit eklemeli-dominans model karakterler üzerindeki genetik etkileri açıklamada yeterli bulunmuştur. Bulunan eklemeli ve dominans etkiler nadiren istatistiki olarak önemli bulunmuşlardır.

GENÇ ve ark. (1992), Harran koşullarında 1989-91 yılları arasında yürüttükleri makarnalık buğday çeşit geliştirme çalışmalarında verim ve verimle ilişkili karakterler üzerinde de çalışmışlar ve başaklanma süresi ve protein içeriği ile verim arasında negatif ilişki bulurlarken, diğer verim komponentleri ile verim arasında önemli ve olumlu ilişkiler saptamışlardır.

ÖZBERK ve ÖZBERK (1993a), Diyarbakır koşullarında makarnalık buğdayda yürüttükleri bir çalışmada verim ve verim komponentleri arasındaki ilişkileri araştırmışlardır. Elde edilen bulgulardan m^2 de başak sayısı, başakta dane sayısı ve 1000 dane ağırlığı ile verim arasında doğrusal ilişkilerden ziyade parabolik ilişkiler bulunduğu, verim komponentleri arasında bir dengenin olması gerektiği, biri lehinde yapılacak seleksiyonun verime aynı ölçüde yansımayacağı anlaşılmıştır.

3. MATERYAL VE METOD

3.1. Materyal

3.1.1. Deneme Yeri İklim ve Toprak Özellikleri

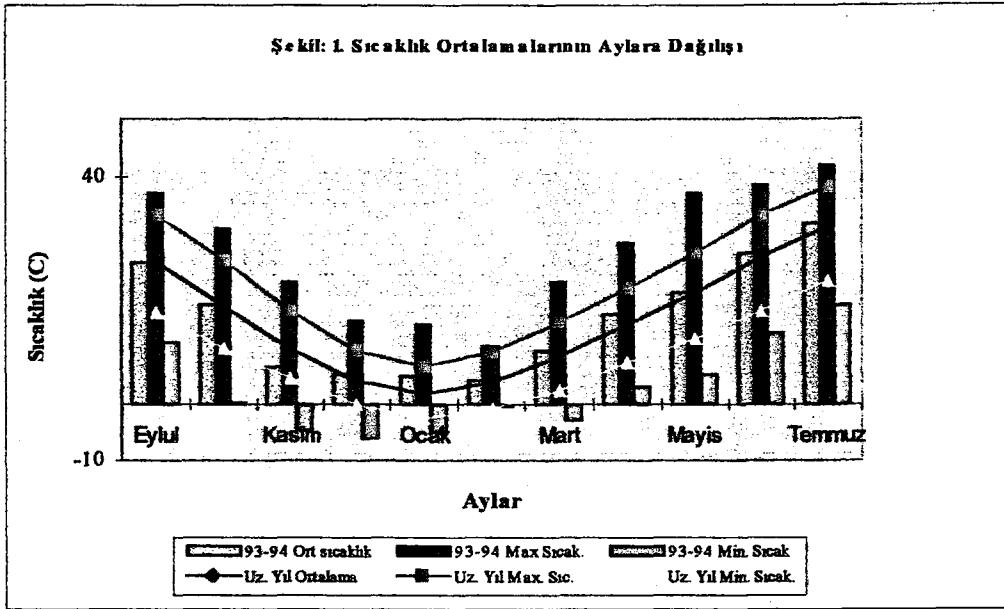
3.1.1.1. İklim Özellikleri

Denemenin yürütüldüğü Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü deneme arazisi Diyarbakır Silvan devlet kara yolu üzerinde sol tarafta Dicle nehri kenarında bulunmaktadır. Deniz seviyesinden yüksekliği 660 m. dir. Kışlar soğuk, nisbeten yağışlı, yazlar sıcak ve kurak geçmektedir. Akdeniz ile Doğu Anadolu karasal iklimi arasında geçit iklimine sahiptir. Deneme yılı (1993/94) ve uzun yıllara ait iklim verileri Çizelge 1 ile Şekil 1, 2 ve 3'de verilmiştir.

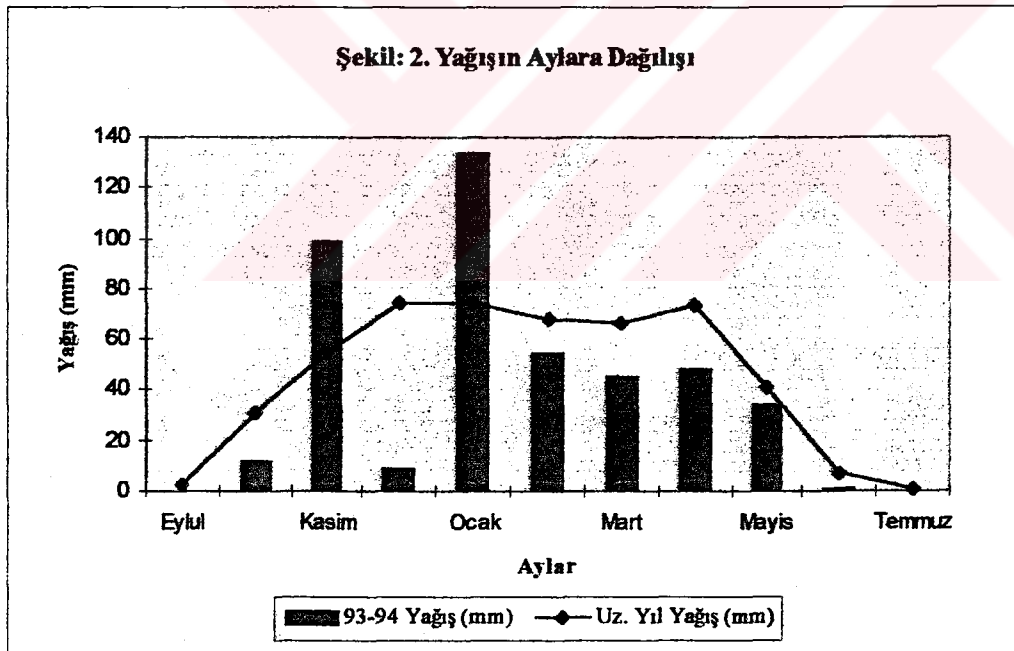
Çizelge 1. Diyarbakır ilinde 1993-94 yılı ile uzun yıllar ortalama sıcaklık, en yüksek ve en düşük sıcaklık, ortalama oransal nem ve aylık toplam yağış değerleri.

Aylar	Sıcaklık									
	Ortalama		En yüksek		En düşük		Nem		Yağış	
	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	1993-94 Uz.Yıl	
	(°C)	(°C)	(°C)	(°C)	(%)	(mm)				
Eylül-93	24.8	24.9	37.0	33.3	10.7	15.9	26	31	---	2.6
Ekim-93	17.4	17.1	30.6	25.2	0.2	9.8	35	48	11.6	30.8
Kasım-93	6.4	9.8	21.2	16.3	-4.6	4.3	77	68	99.1	54.6
Aralık-93	5.0	4.1	14.4	9.2	-6.2	0.0	83	77	8.7	74.4
Ocak-94	4.7	1.6	13.8	6.4	-5.2	-2.5	82	77	133.6	74.6
Şubat-94	4.2	3.6	10.1	8.9	-0.4	-1.0	78	73	54.2	68.4
Mart-94	9.3	8.3	21.4	14.2	-3.0	2.4	74	66	45.2	66.2
Nisan-94	15.6	13.9	28.4	20.3	3.0	7.1	72	63	48.1	73.5
Mayıs-94	19.4	19.3	37.0	26.5	5.2	11.3	62	56	33.7	40.8
Haziran-94	26.6	25.9	38.4	33.2	12.4	16.4	40	30	1.0	7.2
Temmuz-94	31.8	31.0	42.0	38.2	17.2	21.6	39	27	---	0.7

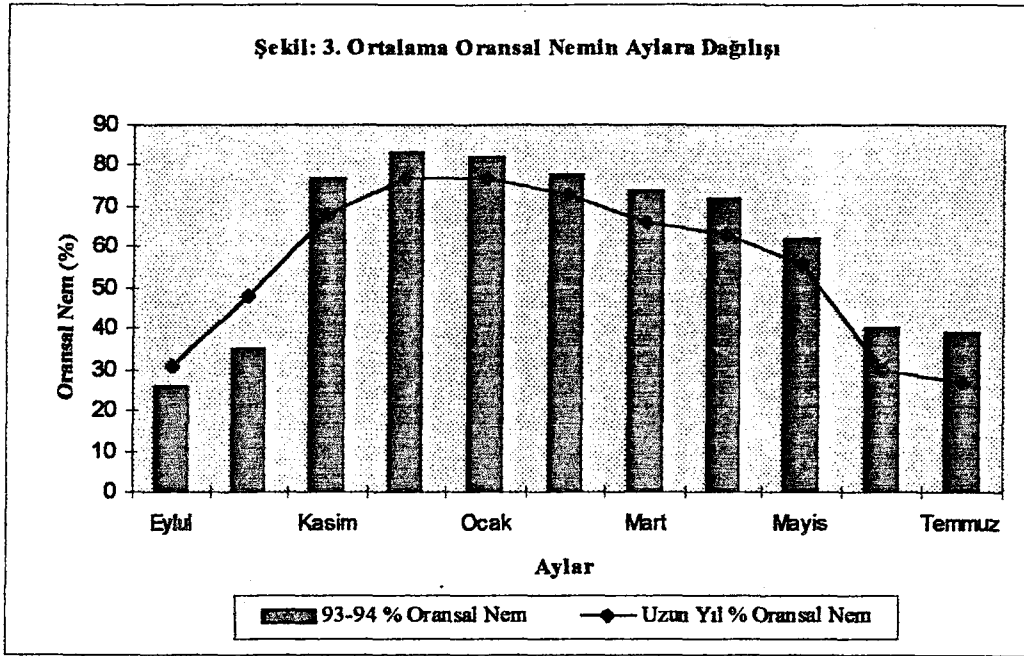
Şekil 1. Sıcaklık Ortalamalarının Aylara Dağılışı



Şekil 2. Yağışın Aylara Dağılışı



Şekil 3. Oransal Nemin Aylara Dağılışı



Çizelge 1 ile Şekil 1 ve 2'den görüldüğü gibi deneme yılındaki ortalama sıcaklık değeri uzun yıllar ortalamasına hemen hemen benzer, yağış ise uzun yıllar ortalamasının altında seyretmiştir. Yağışın dağılımı deneme yılında düzensiz olup, 435.2 mm. toplam yağış alınmıştır (Şekil 2). Oransal nem ise uzun yıllar ortalamasına göre daha fazladır (Şekil 3).

Deneme yılında, deneme sağlığını olumsuz etkileyecek bir iklim olayı ile karşılaşılmamıştır.

3.1.1.2. Toprak Özellikleri

Enstitü toprakları bölge topraklarının çoğunluğunu oluşturan kırmızı-kahverengi büyük toprak grubuna dahildir. Derin ve orta derin yapıda düz ve düze yakın meyilde ABC profilli zonal topraklardır.

Deneme yeri ile ilgili toprak özellikleri Çizelge 2'de verilmiştir.

Çizelge 2. Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü
Deneme Alanında Saptanan Bazı Toprak Özellikleri

Horizon	Derinlik (cm)	Tekstür	ph	Kireç (%)	Tuzluluk 250C	Yararlı P ₂ O ₅ (kg/da)	Org. Madde (%)	Geçirgenlik (cm/sa)
A	0.20	Killi-Tınlı	7.51	----	-----	2	0.5	---

Kaynak: Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü Toprak Lab. 1994

Çizelge 2 ve daha önceki yıllarda yapılan toprak analizlerinden enstitü topraklarının ana maddesi ince bünyeli alüvyal materyal ve kireç taşından ibarettir. Bu topraklar, 0-150 cm.profil boyunca % 49-67 oranında illit ve montmorillonit kil mineralli içerirler. Yüksek orandaki kil yazın topraklarda derin çatlaklara neden olur. Genellikle tuzluluk sorunu yoktur. Organik maddece fakirdirler (Anonim, 1970).

3.1.2. Denemede Yer Alan Bitki Materyali

Denemede ebeveyn olarak kullanılan Dicle-74 makarnalık buğday çeşidi Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü tarafından geliştirilen ABD orijinli, yazlık gelişme tabiatlı ve yüksek verimli bir çeşittir. Sahil kuşağı ve Güneydoğu Anadolu'da güvenle yetiştirilir. Son yıllara kadar Türkiye'de en fazla tohumluğu üretilen çeşit olmasına karşın yüksek oranda dönme göstermesi nedeniyle yavaş yavaş üretimi azalmaktadır. Dicle-74'ün bu zayıf karakteri daha sonra aynı enstitü tarafından geliştirilen Diyarbakır-81 çeşidi ile giderilmiştir. Halen bölgede çok geniş bir alanda üretilen bu çeşit bölgeye yerleşmiştir. Dicle-74'e göre daha verimli, kışa daha dayanıklı ve daha az dönme göstermektedir.

1991-92 ve 1992-93 üretim yıllarında Dicle-74 ve Diyarbakır-81 melezinden temel generasyonlar (F₁, F₂, BC₁ ve BC₂) türetilmiştir. Ana ve baba ile birlikte altı temel generasyonun bazılarında anaya bağlı etkileri de araştırmak için resiprokal melezlemeler yapılmış ve böylece RF₁, RBC₁ ve

RBC₂ generasyonları da türetilerek ebeveynlerle birlikte toplam 9 aile detaylı Biometrikal Genetik arařtırmaları için hazırlanmıřtır (Çizelge 3).

Çizelge 3. Denemede Yer Alan Temel Generasyonlar ve Ebeveynlere Ait Bilgiler

Aile No	Generasyon	Bitki sayısı	Aile Sayısı
1.	Dicle-74 = P ₁	15	1
2.	Diyarbakır-81 = P ₂	15	1
3.	Dicle-74/Dyb.-81 = F ₁	5	1
4.	Dyb.-81/Dicle-74 = RF ₁	5	1
5.	F ₁ /F ₁ = F ₂	15	1
6.	F ₁ / Dicle-74 = BC ₁	15	1
7.	Dicle-74/ F ₁ = RBC ₁	15	1
8.	F ₁ / Dyb.-81 = BC ₂	15	1
9.	Dyb.81/ F ₁ = RBC ₂	5	1
	Melezi		Orijini:
Dicle-74	⇒ RAE-TC ⁴ xSTW63/AA"s"		D.27617-18M-6Y-0M
Dyb.81	⇒ LD.393xBELL _E -TC ² /CIT.71		SE.0364-1S-4S-0S

İki zamanlı kurulan melez bahçeleriyle uzun süreli polen temini ve böylece istenilen melezlerin yapılması mümkün olmuřtur. Her generasyon için 7 adet başak emasküle edilmiř ve bundan 2-3 gün sonra "Twirl" (CIMMYT Wheat Training Manual, 1976) metoduyla tozlamalar yapılmıřtır. Dane tutan melez başaklar tek başak harman makinesi ile harman edilmiřlerdir.

3.2. METOD

3.2.1. Deneme Deseni, Ekim, Bakım ve Ölçümler

Deneme 30 Ekim 1994 tarihinde nadas araziye kurulmuřtur. Temel generasyonlara ait 9 ailenin tohumları ekim öncesi tohumla geçen hastalıklara karşı Vitavax-200 ile ilaçlanmıřlardır. Deneme tesadüf blokları deneme desenine göre 6 tekerrürlü olarak kurulmuřtur. Aileler doğrudan tarlaya randomizasyon planına göre ekilmiřtir.

Ekim çizilere 5-7.5 cm. derinlikte ve elle yapılmıştır. Bitkiler arası rekabeti önlemek ve sıra aralarında çalışmayı kolaylaştırmak amacıyla sıra üzeri 25 cm. ve sıra arası 50 cm. olarak ekilmiştir. Ekimle beraber tohum yatağına dekara 6 kg. P_2O_5 ve N gelecek şekilde tabana 20-20-0 ticari gübre formunda verilmiştir.

Kenar tesiri bitkiler aynı ekim sıklığında tüm denemenin etrafına ekilmiştir. Bu amaç için ekmeleklik Kop çeşidi kullanılmıştır. Çıkmayan bitkilerin yerine aşılama yapmak için her aileden yeteri kadar tohum, denemenin tarlaya ekildiği gün küçük saksılara ekilmiş ve çıkmayanların yerine gerektiğinde kullanılmıştır.

Üst gübreleme AN (Amonyum Nitrat) formunda kardeşlenmenin sonuna doğru dekara 3 kg. saf madde hesabıyla serpmeye olarak uygulanmıştır. Üst gübre miktarının düşük tutulması dönmedeki gerçek genetik varyasyonu daha iyi tespit etmek içindir. Denemede tarla faresi gibi kemirgenlere karşı erken ilkbaharda ilaçlı mücadele yapılmıştır. Ayrıca dar ve geniş yapraklı yabancı otlara karşı uygun herbisitlerle ilaçlı mücadele yapılmıştır.

Çevresel varyasyonu azaltmak ve dönmenin ortaya çıkma şansını artırmak için gebeleşme (karınlanma) döneminde 1 defa ve süt olum devresinde 2 defa olmak üzere toplam 3 defa salma sulama yapılmıştır. Hasatlar elle tek bitkilerin biçilmesi ve tek bitki harman makinesinde harmanlanması yoluyla yapılmıştır.

Yapılan bu çalışmada bitki boyu, bitkide başak sayısı, başak boyu, başakta başakçık sayısı, başakta dane sayısı, başakta dane ağırlığı, dane verimi, sap verimi, 1000 dane ağırlığı, protein oranı ve camsılık (dönme) oranı gibi ölçüm, tartım ve analizler Kırtok (1982) ve Kafa'ya (1991) göre aşağıdaki şekilde yapılmıştır.

1. Başaklanma Gün Sayısı: 1 Ocak tarihinden başlamak üzere her bitkinin başağının kından tamamı çıkıncaya kadar geçen süre gün olarak sayılmıştır.

2. Bitki Boyu: Kök boğazından kılçıklar hariç, başaktaki en üst başakçık ucuna kadar olan uzunluk cm. olarak tüm bitkilerde ölçülmüş ve ortalaması alınmıştır.

3. Bitkide Başak Sayısı: Herbir aileye ait tek bitkilerin tüm fertil başak sayısı sayılmış ve ortalaması alınmıştır.

4. Başak Boyu: Kılçıklar hariç başak uzunluğu cm. olarak ölçülmüş ve ortalaması alınmıştır.

5. Başakta Başakcık Sayısı: Her bir aileye ait tek bitkilerden tesadüfi alınan beş adet başaktaki başakcık sayıları sayılmış ve ortalaması alınmıştır.

6. Başakta Dane Sayısı: 4. maddede seçilen başaklardaki daneler ayrı ayrı sayılıp ortalaması alınmıştır.

7. Başakta Dane Ağırlığı: 5. maddede sayılan danelerin ağırlığı gr. olarak tespit edilmiştir.

8. Tek Bitki Dane Verimi: Her aileye ait tek bitkilerin başakları harman edilmiş ve dane ağırlıkları gr. olarak tespit edilmiştir.

9. Tek Bitki Sap Verimi: Her aileye ait tek bitkiler başakları alındıktan sonra geri kalan kısımları tartılmış ve sap verimi gr. olarak tespit edilmiştir.

10. 1000 Dane Ağırlığı: Herbir aileye ait tek bitkilerden alınan tohumlar karıştırılıp tesadüfi seçilen 100 danesi tartılıp 1000 dane ağırlığı hesaplanmıştır.

11. % Protein Oranı: Her aileye ait tek bitkilerin tohum örnekleri Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Kalite Laboratuvarında protein içeriği bakımından analiz edilmiş, sonuçlar % olarak tespit edilmiştir (Anonymus, 1960).

12. % Camsılık: Herbir aileye ait tek bitkilerden elde edilen yeter miktarda tohum örneği Kalite Merkez Laboratuvarında analiz edilmek üzere Ankara'ya gönderilmiş ve % camsılık oranları Uluöz'e (1965) göre tespit edilmiştir.

3.2.2. Denemede Kullanılan Biometrikal Genetik Metodlar

3.2.2.1. Varyans Analizleri

Ölçülen her karakter için tesadüf blokları deneme desenine göre her bir aile için varyans analizleri yapılmıştır (Steel and Torrie, 1981). Bu analizler ile;

- i) Aileler arasında genetik farklılık olup olmadığı,
 ii) Anaya ve babaya bağlı olarak resiprokaller arasında fark olup olmadığı,
 iii) Ailelerin dış çevresel faktörlere olan cevaplarında farklılık olup olmadığı belirlenmeye çalışılmıştır.

Ölçülen çeşitli karakterler için varyans analiz tabloları ailelere bağlı olarak aşağıdaki şekillerde değişebilir.

P₁ ve P₂ Generasyonları (15'er Bitki)

<u>VARYASYON KAYNAĞI</u>	<u>SD</u>	<u>KO</u>	<u>BKO</u>
Tekerrür	5	KO1	$\delta^2 + 6\delta^2_T$
Bireyler/Tek.	84	KO2	$\delta\epsilon^2$

F₁ ve RF₁ generasyonu (5'er Bitki)

<u>VARYASYON KAYNAĞI</u>	<u>SD</u>	<u>KO</u>	<u>BKO</u>
Aileler	1	KO1	$\delta^2 + 5\delta\epsilon^2 + 30\delta^2_T$
Tekerrür	5	KO2	$\delta^2 + 5\delta\epsilon^2 + 10\delta^2_B$
Aileler/Tek.	5	KO3	$\delta^2 + 5\delta\epsilon^2$
Örnekleme hatası	48	KO4	δ^2

F₂ Generasyonu (15 Bitki)

<u>VARYASYON KAYNAĞI</u>	<u>SD</u>	<u>KO</u>	<u>BKO</u>
Tekerrür	5	KO1	$\delta^2 + 6\delta^2_T$
Bireyler/Tek.	84	KO2	$\delta\epsilon^2$

BC₁, RBC₁ ve BC₂, RBC₂ Generasyonları (15'er Bitki)

<u>VARYASYON KAYNAĞI</u>	<u>SD</u>	<u>KO</u>	<u>BKO</u>
Aileler	1	KO1	$\delta^2 + 15\delta\epsilon^2 + 90\delta^2_T$
Tekerrür	5	KO2	$\delta^2 + 15\delta\epsilon^2 + 30\delta^2_B$
Aileler/Tek.	5	KO3	$\delta^2 + 15\delta\epsilon^2$
Örnekleme hatası	168	KO4	δ^2

Her karakter için varyans analizi aileler üzerinden yapılmıştır. Sayılarak elde edilen bazı karakterlere ait veriler için logaritmik transformasyonlar yapılmıştır. Normal dağılım kontrolü da yapılmış ve transforme edilen veriler ile transforme edilmemiş veriler kullanılarak yapılan varyans analizlerinde bir farklılık görülmediği için değerlendirme kolaylığı bakımından analizlerde transformasyon yapılmayan veriler dikkate alınmıştır.

Ayrıca denememizde aileler sabit etki, tekerrürler tesadüfi etki kabul edilmiştir (Steel ve Torrie, 1982). Buna göre örnekleme varyansının da varlığı dikkate alındığında iki hata terimi olduğundan (interaksiyon ve örnekleme hatası), yanılığa meydan vermemek için % CV değerleri verilmemiştir.

3.2.2.2. Ortalama Komponentleri ve Tahminleri

Generasyon ortalamalarını etkileyen genetik parametreler bir model içinde ifade edilir. Bu modele Basit Eklemeli-Üstünlük modeli denir. Bulunan ortalama komponentlerin geçerliliği için belirtilen modelin bazı varsayımlarını dikkate almalıyız. Bu varsayımlar;

- i) Eşit etkide ve bir adet ana ve babaya ait gen çiftinin varlığı,
- ii) Anaya bağlı maternal etkilerin (resiprokal farklılıkların) olmaması,
- iii) Allellik olmayan interaksiyonların olmaması,
- iv) Genotip x Çevre interaksiyonunun olmamasıdır.

Basit eklemeli-üstünlük modelinin ortalama komponentleri m , $[d]$ ve $[h]$ 'dir. Bunlar aşağıdaki gibi tanımlanırlar.

m : Anaya ve babaya ait kaydedilen bir karakterin ortalamasıdır. Orta nokta olarak ifade edilir.

$$m = 1/2 (P_1 + P_2)$$

$[d]$: P_1 ve P_2 olarak ifade edilen iki homozigot ebeveyn arasındaki fenotipik farklılığı ifade etmede kullanılır.

$$[d] = 1/2 (P_1 - P_2)$$

[d] ayrıca; $rd \Sigma d$ olarak da ifade edilir. rd ölçülen karakteri kontrol eden genlerin ana ve babadaki dağılımlarını gösteren katsayıdır. Σd ise ana ve babaya ait olan ve ölçülen karaktere etki eden eklemeli etkideki gen etkilerinin toplam değeridir.

[h]: Bu komponent de heterozigot F_1 'e ait fenotipik değer in doğal sıfır (m) değerinden ne kadar ayrıldığı nın bir ölçüsüdür. Aşağıdaki gibi ifade edilir.

$$[h] = \Sigma h$$

[h] değeri, ölçülen karakteri kontrol eden genlerin ana ve babada dağı nık veya birinde toplanmış olmasından etkilenmez. Fakat birbirine zıt yönlü sapma denen ambidirectional dominans hareketlerden etkilenir.

m, [d] ve [h]'den oluşan basit eklemeli-üstünlük modeli generasyon ortalamaları üzerindeki genetik etkileri açıklamada yetersiz kalırsa (bu en küçük kareler metodunun significant Ki kare (χ^2) değeri vermesi ile anlaşılır) bu defa iki genli interaksiyonların varlığından (epistasi) söz edilir. Bu tür interaksiyonlar [i] (eklemeli x eklemeli), [j] (eklemeli x dominans) ve [l] (dominans x dominans) olarak ifade edilir (Mather ve Jinks, 1982).

3.2.2.3. Epistasi Testi

Birleşik Skala Testi (Joint Scaling Test)

Bu test epistasinin olup olmadığı ve ortalama komponentlerinin tahmininde kullanılır. Cavalli (1952) tarafından geliştirilmiştir. Bu yöntem ölçümü alınan her karaktere ait verilere uygulanmış ve ortalama komponentlerinin maksimum olasılık (likelihood) tahminleri elde edilmiştir.

Yöntemin genel formülü aşağıdadır;

$$\hat{M} = J^{-1} \cdot S \text{ Burada,}$$

$$\hat{M} = \text{Parametre tahminlerinin kolon vektörü,}$$

$$S = \text{Ölçüm değerleri matrixi (Normal eşitliklerin sağ tarafı),}$$

$$J = \text{İnformasyon matrixi,}$$

$$J^{-1} = \text{Varyans-Kovaryans Matrixi.}$$

Yeterli sayıda generasyon olduğundan (ortalama sayısı > generasyon sayısı) Eklemeli-Üstünlük modelinin yeterliliği generasyon ortalamalarının gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ağırlıklı (weighted) sapmaların kıyaslanması ile test edilir. Bu "Ki kare" (χ^2) testidir. [(n-p) s.d]. Burada;

n: İstatistik sayısı,

p: Parametre sayısı,

ve;

$\chi^2(n-p) = \sum(O_i - E_i)W_i$, Burada;

O_i : ith generasyonun gözlenen değeri,

E_i : ith generasyonun beklenen değeri,

$W_i = 1/S_e^2 = 1/W_x$: ith generasyonun ağırlıklı değeri,

$V_x = i^{\text{th}}$ generasyonun ortalamasının varyansı,

S_e : ith generasyonun ortalamasının standard hatası.

Bu amaç için Birmingham Üniversitesi tarafından geliştirilen "Meanfit" programı yardımıyla her bir karakter için temel generasyonların ortalamaları üzerinde etkili çeşitli parametrelerin büyüklük ve önemi araştırılmıştır.

İlk önce m, [d], [h], [i], [j] ve [l]'den oluşan "Mükemmel Uyumlu Model" (Perfect Fit Model) denenmiş, daha sonra istatistiki olarak önemli bulunmayan parametreler çıkarılarak en yüksek önemsiz χ^2 (n-p) değeri veren model "En İyi Uyumlu Model" (= Best Fit) olarak bulunmuştur.

3.2.2.4. Varyans Komponentleri ve Tahminleri

İkinci Derece İstatistikler

Basit eklemeli- üstünlük modelinin varyans komponentleri de "D", "H" ve "E" dir. Bu modelde varyansların bilgisel içeriği istatistiki ve genetik olarak ortalamalardan elde edilen bilgilerden farklıdır ve onlardan elde edilen bilgilerin tamamlayıcısıdır. Özellikle varyans düzeyinde tespit edilen bağıllıkta (linkage) bu oldukça önemlidir. Çünkü (epistasi) allelik olmayan interaksiyonlar yoksa bağıllık (linkage) generasyon ortalamalarını etkilemediği için kolayca tespit edilemez (Mather and Jinks, 1982).

Dominanslık oranı ve kalıtım derecesi gibi diğer ikinci derece istatistikler sadece varyans düzeyinde tespit edilirler. Çünkü varyanslar ebeveynler arası gen dağılımları (assosiation/dispertion) veya zıt yönlü gen hareketlerinden (ambidirectionality) etkilenmezler.

İkinci derece istatistiklerin kalıtsal ve kalıtsal olmayan parametreleri Mather ve Jinks (1982) tarafından aşağıdaki gibi açıklanmıştır.

D: Ana ve babada herhangi bir karakteri kontrol eden "k" sayıdaki lokusun tümündeki eklemeli genetik sapmaların (d_i) kareleri toplamıdır. Bu da eklemeli genetik varyans olarak ifade edilir.

$$D = \sum_{i=1}^k d_i^2$$

H: Ana ve babada herhangi bir karakteri kontrol eden "k" sayıdaki lokusun tümündeki dominans etkilerin (h_i) kareleri toplamıdır.

$$H = \sum_{i=1}^k h_i^2$$

E_w = Ana, baba ve F_1 generasyonlarının aynı genetik yapıdaki bireyleri arasındaki kalıtsal olmayan varyasyondur.

$$E_w = 1/3 (VP_1 + VP_2 + VF_1) \text{ olarak hesaplanır.}$$

E_b = Denemede ailelerin bir arada buldukları ortak çevreden kaynaklanan ve aile ortalamaları arasındaki kalıtsal olmayan varyasyondur (Mather, 1949; Falconer, 1989).

Eğer basit eklemeli-üstünlük modelinin varyans komponentleri temel generasyonları oluşturan aileler üzerinde varyans düzeyindeki etkileri açıklamada yetersiz kalırsa iki genli interaksiyonların varlığına hükmedilir.

İstatistiki önemli bulunan F parametresi, I eklemeli-eklemeli, J eklemeli-dominans ve L dominans-dominans varyans interaksiyonlarından oluşan tüm interaksiyonları temsil eder.

3.2.2.4.1. Bartlett'in homojenlik testi

Genotip x Çevre interaksiyonlarının varlığı söz konusu olduğunda bunun homojenliği P₁, P₂ ve F₁ gibi generasyonların varyansları sayesinde tespit edilebilir. Bu generasyonlarda bireyler arasındaki varyasyon tamamen mikro çevresel varyasyondur. Eğer bu varyanslar homojen değilse bu durumda eklemeli-üstünlük modeli test edilirken bu generasyonlar için ayrı ayrı "E" çevresel varyans komponentleri dikkate alınmalıdır.

Bu test bir "Ki Kare" testidir. (Varyans sayısı "a"-1) serbestlik derecesine göre M/C olarak hesaplanır. Burada;

$$M = 2.3026 \left[\left(\sum_{i=1}^n s_{d_i} \right) \log S_i^{-2} \right] - \sum_{i=1}^n s_{d_i} \log S_i^2$$

$$S^{-1} = \left(\sum_{i=1}^n s_{d_i} \cdot S_i^2 \right) / \left(\sum_{i=1}^n s_{d_i} \right)$$

$$C = 1 + 1/3(a-1) \left[\left(\sum_{i=1}^n 1 / s_{d_i} \right) - \left(1 / \sum_{i=1}^n s_{d_i} \right) \right]$$

$$S_i^2 = i. \text{ varyans}$$

a : Varyans sayısı,

S_{d_i} : i. varyansa ait serbestlik derecesi.

3.2.2.4.2. Varyans komponentleri tahminleri.

Hayman'ın (1960) Ağırlıklı En Küçük Kareler (Weighted Least Squares) metodu bu komponentlerin tahminlerinin hesaplanmasında kullanılır.

$$W_i = s_{d_i} / 2V_i^2 . \text{ Burada;}$$

j : i. kareler ortalamasının ağırlıklı değeri,

V_i : Örnekleme varyansı dikkate alınan i. kareler ortalamasının değeri,

s_{d_i} : i.kareler ortalamasının serbestlik derecesi.

Varyans komponentleri (D, H, F, E), genotip x mikro çevre interaksiyonlarının Bartlett testine göre önemsiz olmasının ışığında temel generasyonların aile içi kareler ortalama varyans değerleri kullanılarak tahmin edilmiştir. Önemli bulunan bazı genotip x mikro çevresel interaksiyonlar varyans komponentleri tahminlerini bazı karakterler için beklenenden biraz yukarıda veya aşağıda gerçekleşmesine neden olmuşlardır.

Ağırlıklı en küçük kareler (Weighted Least Squares) metodu izlenerek D, H, F, E tahmin edilmiştir. Çeşitli modeller "Varfit" bilgisayar programı yardımıyla test edilmiştir. Önce "mükemmel model" denenmiş, istatistiki olarak önemli olmayan parametreler çıkarıldıktan sonra en yüksek önemsiz "Ki Kare" değeri veren ve parametreleri istatistiki olarak önemli bulunan model "en iyi uyumlu model" olarak tespit edilmiştir. En iyi model ile herhangi bir karakter üzerine etkili genetik varyansların büyüklük ve önemini tespit etmek mümkün olmuştur.

3.2.2.5. Kalıtım Dereceleri Tahminleri

Kalıtım tahminleri (Mather ve Jinks, 1982) ile (Warner, 1952)'ye göre aşağıdaki gibi hesaplanmıştır.

Mather ve Jinks Metodu:

$$h^2(n) = \frac{\frac{1}{2}D}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H + E}$$

$$h^2(b) = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H + E}$$

$$h^2(n) = \frac{\frac{1}{2}D}{VF_2}$$

$$h^2(b) = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H}{VF_2}$$

Warner Metodu:

$$h^2(n) = \frac{[2VF_2 - (VBC_1 + VBC_2)]}{VF_2}$$

Burada;

- h_2n :** Dar Anlamda Kalıtım Derecesi
- h_2b :** Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi
- D :** Eklemeli Varyans Tahmini Değeri
- H :** Dominans Varyans Tahmini Değeri
- E :** Çevresel Varyans Tahmini Değeri
- VF_2 :** F_2 Generasyonu Aile İçi Varyansı
- VBC_1 :** BC_1 Generasyonu Aile İçi Varyansı
- VBC_2 :** BC_2 Generasyonu Aile İçi Varyansı

4. SONUÇLAR VE TARTIŞMA

Bu çalışmada Güneydoğu Anadolu Bölgesinin iki önemli makarnalık buğdayı melezlenmiş, elde edilen temel generasyonlar yoluyla ölçülen bazı kantitatif karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtım belirlenmeye çalışılmıştır. Elde edilen sonuçlar aşağıda verilmiştir.

4.1. Başaklanma Gün Sayısı

Başaklanma gün sayısı için aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 4' te verilmiştir.

Çizelge 4. Aileler Üzerinde Yapılan Varyans Analizleri Sonuçları.

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	706.93	141.387	27.049**
Bireyler/Blok (Hata)	84	439.06	5.226	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	368.50	73.70	25.413**
Bireyler/Blok (Hata)	84	243.60	2.90	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	13.050	13.05	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	134.60	26.92	13.53**
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	26.950	5.99	3.01*
Örnekleme Hatası	48	95.974	1.99	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	176.40	35.280	4.559**
Bireyler/Blok (Hata)	84	650.0	7.738	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	19.35	19.35	8.062**
Tekerrürler (Blok)	5	521.4	104.28	14.67**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	12.0	2.40	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	1194.11	7.107	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	21.511	21.511	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	497.50	99.50	21.37**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	27.455	5.491	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	502.734	4.654	

Çizelge 4'te de görüleceği gibi resiprokallerin bulunduğu generasyonlarda BC₁'de aileler arasında istatistiki önemde bir farklılık bulunmuş, diğer generasyonlarda bulunmamıştır. Bu da BC₁'de anaya bağlı bazı etkilerin varlığına işaret etmektedir.

Tekerrürler tüm generasyonlarda varyasyon kaynağı olarak istatistiki önemdedir. Bu da bu karakter yönünden mikro çevresel etkilerin önemini göstermektedir.

Tekerrür x generasyon interaksiyonları F₁'de % 5 düzeyinde önemli bulunurken diğer generasyonlarda önemsiz olması hatanın blok seçici olmadığını göstermektedir.

Başaklanma gün sayısı için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 5' te verilmiştir.

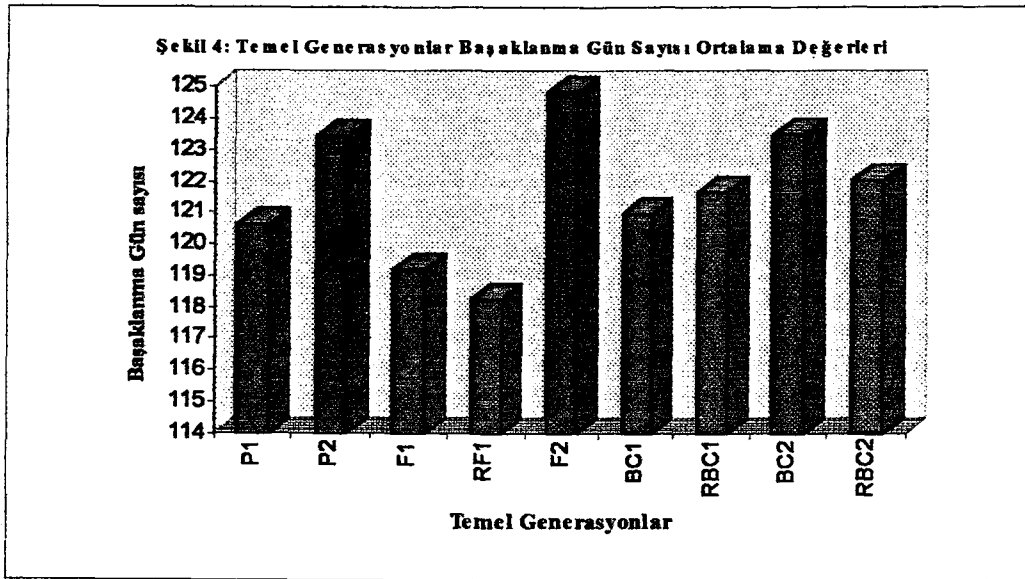
Çizelge 5. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W_x	(n)	$V_x = W_x/n$	$W = 1/V_x$
P ₁	120.667	5.226	90	0.058	17.22
P ₂	123.433	2.900	90	0.032	31.03
F ₁	118.700	1.990	60	0.033	30.15
F ₂	124.867	7.738	90	0.086	11.63
BC ₁	121.317	7.107	180	0.039	25.32
BC ₂	122.800	4.654	120	0.038	25.784

Bu karakter için yapılan gözlemlerde F₁ ortalama değerinin ana ve babaya göre daha düşük bir değer vermesi erkencilik yönünde bir üstün dominanslığın varlığını işaret etmektedir.

Başaklanma gün sayısı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri aşağıda Şekil 4'de verilmiştir.

Şekil 4. Temel Generasyonlarda Başaklanma Gün Sayısı Ortalama Değerleri



Şekil 4'den görüldüğü üzere F_1 ve RF_1 ortalama değerleri ana ve babaya göre daha düşüktür. Bu da erkenciliğin dominant genlerin kontrolünde olduğunu göstermektedir. F_2 'de transgresif açılmalarından dolayı anaya ve babaya göre daha geççi tiplerin seçilebileceği görülmektedir. BC_2 ve RBC_2 ortalama değerleri geççiliğin P_2 (Dyb.81)'den geldiğine işaret etmektedir.

Ortalama komponentlerin tahmini değerleri Çizelge 6'de verilmiştir.

Çizelge 6. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	133.276	-1.405	-19.060	-11.232	-	4.484
Stan.hata:	1.307	0.132	2.924	1.299	-	1.687
c değeri:	101.896	-10.618	-6.518	-8.644	-	2.657
serbestlik derecesi:	1					
(χ^2) Ki Kare değeri:	0.0992					
P değeri:	ö.d.					

Mükemmel uyumlu model denemesinde [j] parametresi önemsiz bulunmuş, m, [d], [h], [i] ve [l]' den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Bu karakterde tamamlayıcı (complementary) tip epistasi söz konusudur. Bu karakter için epistasinin varlığı Ketata ve ark. (1976b)'nın daha önce yaptıkları çalışmadan elde ettikleri bulguları teyid etmektedir.

Başaklanma gün sayısı üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için önce aile içi varyansların homojen olup olmadığı Bartlett testi yardımıyla tespit edilmiştir.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett Testi (χ^2) değerleri Çizelge 7'de verilmiştir.

Çizelge 7. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	3.604	240	15.346 2	***
F ₂	7.738	90		
BC ₁	7.107	180		
BC ₂	4.654	120		

Yukardaki çizelgenin incelenmesinden açılmayan generasyonlar olarak bilinen P₁, P₂ ve F₁ generasyonlarının aile içi varyansların homojen olmadığı istatistiki olarak önemli bulunan χ^2 değerinden anlaşılmaktadır. Bu durumda tahmin edilen varyans komponentleri biraz daha az inanılır olacaktır. Bu durum tip dışı varyansın elemine ederek aşılmıştır

Bu karakter üzerine etkili varyans komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 8'de sunulmuştur. Ayrıca tip dışı varyansın elemine edildiği alternatif varyans komponentleri tahminleri Çizelge 9'da verilmiştir.

Çizelge 8. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-	10.820	-2.640	3.604
Stand.Hata:	-	2.235	1.024	0.328
c değeri:	-	4.840	-2.577	10.954
Serbestlik derecesi:	1			
Ki Kare değeri (χ^2):	3.003			
P değeri:	ö.d.			

Çizelge 9. Alternatif Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-	14.948	-2.640	2.572
Stand.Hata	-	2.107	1.024	0.271
c değeri	-	7.092	-2.577	9.487
Serbestlik derecesi:	1			
Ki Kare değeri (χ^2):	3.003			
P değeri:	ö.d.			

Bu karakter için çeşitli modeller denenmiş, en iyi model H, F, E'den oluşan model olarak bulunmuştur. Bu modelde (χ^2 1Sd.) = 3.0003 dür. Bu modelde dominans varyans yüksek bulunurken negatif F değeri (varyans düzeyinde bir parametre olduğu için normalde daima pozitif olmalı) eklemeli-dominans interaksiyonunun olmadığını göstermektedir. Bu modelin genotip x mikroçevre interaksiyonlarının varlığının bu karakter için önemi düşünüldüğünde parametrelerin biraz tarafgir olarak tespit edildiğini kabul etmek gerekir. Alınan sonucun Amaya ve ark. (1972) ve Bhatt (1972) ile uyuşmamasının nedeni ebeveynlerin bu karakter yönünden benzer olmalarıdır.

Ancak daha homojen çevresel varyans değerleri veren P₂ ve F₁'in varyanslarının değerlendirildiği ikinci denemede en iyi model yine aynı parametrelerden oluşan model olarak bulunmuştur.

Başaklanma gün sayısı için dar anlamda kalıtım dereceleri Warner (1952) metoduna göre % 48 ± 0.68 bulunurken, Mather ve Jinks (1982) metoduna göre tespit edilememiştir. İkinci metotda geniş anlamda kalıtım değerleri % 42.8 ile % 48.2 arasında değişmiştir. Bu karakter için erken generasyonlarda yapılacak seleksiyonun nisbeten başarılı olabileceği görülmektedir.

4.2. Bitki Boyu

Bitki boyu için aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 10'da verilmiştir.

Çizelge 10. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	1808.2	361.604	13.987**
Bireyler/Blok (Hata)	84	2171.63	25.852	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	202.41	40.83	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	2605.2	31.014	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	97.55	97.55	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	120.0	24	ö.d.
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	146.40	29.28	
Örnekleme Hatası	48	1192.52	24.84	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	3691.40	738.28	3.657**
Bireyler/Blok (Hata)	84	16954.6	201.840	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	18.3	18.3	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	2177.1	435.42	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	1228.5	245.7	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	32582.3	193.94	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	297.934	297.934	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	4904.294	980.858	4.985**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	1440.532	288.106	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	21250.07	196.75	

Çizelge 10'da da görüleceği gibi F_1 , BC_1 ve BC_2 generasyonlarında resiprokal aileler arasında istatistiki anlamda önemli bir fark bulunmamıştır. Bu da anılan karakter üzerinde anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir.

Tekerrürler ise P_1 , F_2 ve BC_2 generasyonlarında % 1 düzeyinde istatistiki olarak önemli bulunurlarken, diğer generasyonlarda önemsiz bulunmuştur. İstatistiki olarak önemli bulunan farklılıklar, deneme alanındaki mikro çevresel etkilerin varlığına işaret etmektedir.

Tekerrür x generasyon interaksiyonları (Hata 1) resiprokallerin bulunduğu generasyonlarda istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur. Bu da hatanın blok seçici olmadığını ve tesadüfü dağıldığını göstermektedir.

Bitki boyu için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 11'de verilmiştir.

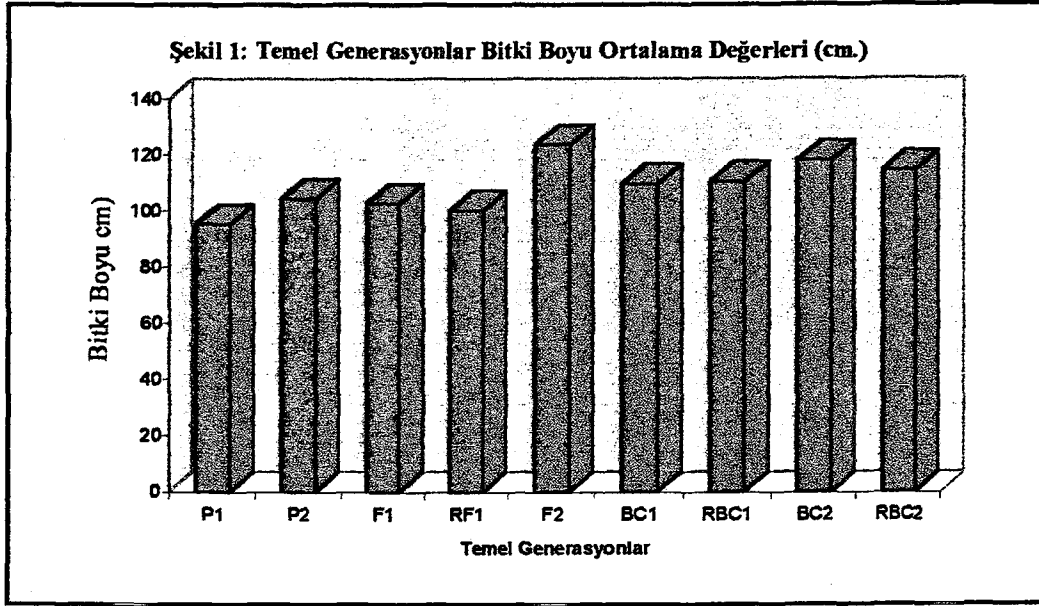
Çizelge 11. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W_x	(n)	$V_x = W_x/n$	$W = 1/V_x$
P_1	95.178	25.852	90	0.287	3.481
P_2	104.461	31.014	90	0.344	2.901
F_1	101.442	22.260	60	0.371	2.695
F_2	123.667	201.84	90	2.241	0.445
BC_1	110.075	193.94	180	1.077	0.928
BC_2	115.288	196.75	120	1.639	0.609

P_1 , P_2 ve F_1 ortalama değerlerine bakıldığında F_1 değerinin ana ve babaya ait değerlerin arasında yer aldığı görülmektedir. Bu da anılan karakter için bir heterosis'in söz konusu olmadığını işaret etmektedir (Mather ve Jinks, 1982)

Bitki boyu için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 5'te verilmiştir.

Şekil 5. Temel Generasyonlarda Bitki Boyu Ortalama Değerleri (cm)



F₂ generasyon ortalama değerinin oldukça yüksek olması, bu melezden bitki boyu bakımından transgrasif açılmaya bağlı olarak ana ve babayı geçen hatların seçilebileceğini işaret etmektedir. BC₂ ve RBC₂ generasyon ortalamalarının BC₁ ve RBC₁'e göre yüksek olması uzun boyluluk geninin P₂ (Dyb.81) ebeveyninden geldiğini göstermektedir.

Ortalama Komponentleri Tahmini değerleri Çizelge 12'de verilmiştir.

Çizelge 12. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	146.714	-4.668	45.273	-46.877	-	-
Stan.hata:	2.373	0.386	2.657	2.433	-	-
c değeri:	61.801	-12.086	-17.022	-19.260		
serbestlik derecesi:	2					
(χ^2) Ki Kare değeri:	0.295					
P değeri:	ö.d.					

Çizelge 12'de görüldüğü gibi daha önce belirtilen mükemmel model denenmiş [j] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuştur. m, [d] ve [h]'den oluşan basit eklemeli-üstünlük modeli yetersiz kalmıştır. İki genli (digenic) interaksiyonların varlığı söz konusudur. Bu karakterde ortalamaları en iyi ifade eden model m, [d], [h], [i]'den oluşan model olarak bulunmuştur. Ancak negatif [d] değeri eklemeli genetik etkinin olmadığını göstermektedir. Bu karakterde allelik olmayan interaksiyonlar (epistasi) söz konusudur. Chapman ve Mcneal (1971) ve Ketata ve ark. (1976a) yaptıkları çalışmalarda benzer sonuçlar almışlardır.

Bitki boyu üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için önce aile içi varyansın homojen olup olmadığı Bartlett testi yardımıyla tespit edilmiştir.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi Ki kare (χ^2) değeri Çizelge 13'de verilmiştir.

Çizelge 13. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	27.062	240	0.1855	2 ö.d.
F ₂	201.84	90		
BC ₁	193.94	180		
BC ₂	196.75	120		

Yukardaki çizelgenin incelenmesinden açılmayan generasyonlar olarak bilinen P₁, P₂ ve F₁ generasyonlarının aile içi varyanslarının homojen olduğu, χ^2 değerinin (=0.1855) istatistiki olarak önemsiz olmasından anlaşılmaktadır.

Bu karakter üzerinde etkili 2.derece istatistiklerin tahmininin analiz sonuçları Çizelge 14'de gösterilmiştir.

Çizelge 14. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler:	D	H	F	E
Değeri:	-	678.041	-	27.062
Stand.Hata:	-	57.167	-	2.470
c değeri:	-	11.861	-	10.954
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):	0.0485			
P değeri:	ö.d.			

İlk olarak mükemmel uyumlu model (perfect fit) denenmiştir. İstatistiki olarak önemsiz bulunan D ve F parametreleri çıkarıldıktan sonra H ve E'den oluşan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Bu model anılan karakterin dominans ve çevresel varyasyonunun kontrolünde olduğunu göstermektedir. Alınan sonuçlar Ketata ve ark. (1976b) tarafından yürütülen çalışmadan elde edilenler ile benzerlik taşımaktadır. Ancak anılan karakter yönünden her ikisi de yarı cüce olan ebeveynlerin, birbirlerine benzerlikten dolayı tesbit edilememiş bir eklemeli gen etkisi sakladıklarını da dikkate almak gerekir.

Bu karakter için dar anlamda kalıtım derecesi (h^2n) Mather ve Jinks (1982) metoduna göre tesbit edilememiş, Warner(1952) metoduna göre ise % 6.4 ± 0.37 olarak tespit edilmiştir. Geniş anlamda kalıtım derecesi ise Mather ve Jinks (1982) metoduna göre % 83.olarak bulunmuştur. Düşük h^2n değeri ebeveynlerin anılan karakter yönünden benzer olmasından kaynaklanmaktadır.

4.3. Bitkide Başak Sayısı

Bu karakter için aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 15'de gösterilmiştir.

Çizelge 15. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	1189.66	237.931	5.090**
Bireyler/Blok (Hata)	84	3926.0	46.738	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	354.62	70.924	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	5125.2	61.014	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	91.25	91.25	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	1782.15	356.43	9.655**
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	843.55	168.71	4.570**
Örnekleme Hatası	48	1772.0	36.916	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	1176.36	235.271	5.919**
Bireyler/Blok (Hata)	84	3338.8	39.747	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	46.95	46.95	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	598.35	119.67	3.132*
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	437.85	87.57	2.29*
Örnekleme Hatası	168	6417.12	38.197	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	30.0440	30.044	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	868.9 0	173.78	4.71**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	425.958	85.190	2.31*
Örnekleme Hatası	108	3981.89	36.860	

Varyans Analiz Tablosunda da görüldüğü gibi, resiprokallerin bulunduğu generasyonlarda aileler istatistiki olarak birbirlerinden farklı bulunmuşlardır. Bu da anaya bağlı maternal etkilerin olmadığını ortaya koymaktadır.

Tekerrürler varyasyon kaynağı olarak P₂ dışında önemli bulunmuşlardır. Bu da mikro çevresel faktörlerin önemini göstermektedir. Ayrıca örnekleme varyasyonunun düşük olması tekerrürleri istatistiki olarak önemli kılmaktadır.

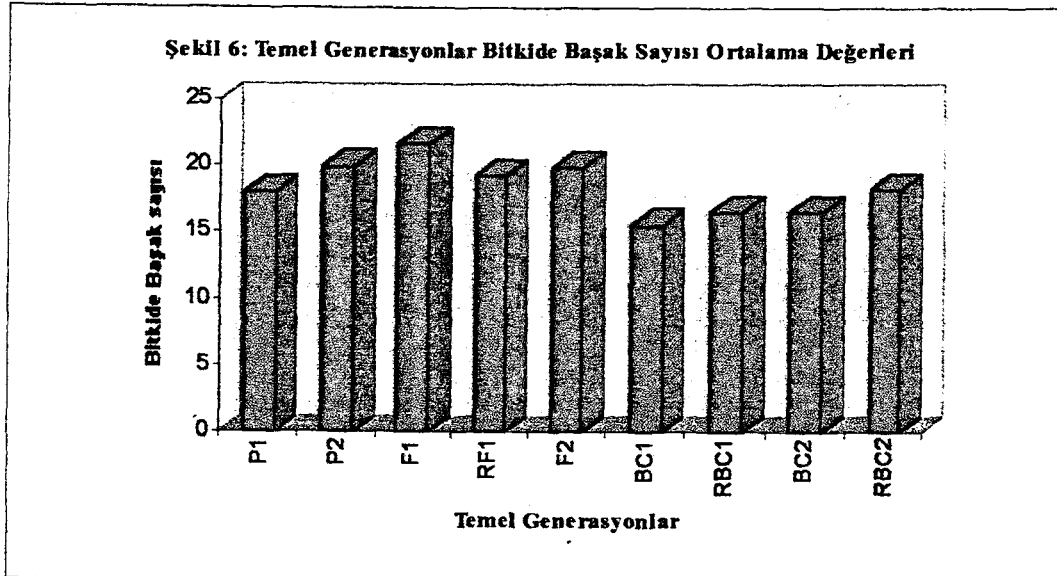
Bitkide başak sayısı için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 16'da verilmiştir.

Çizelge 16. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W _x	(n)	V _x =W _x /n	W=1/V _x
P ₁	18.122	46.738	90	0.519	1.925
P ₂	19.956	61.014	90	0.667	1.475
F ₁	20.467	36.916	60	0.615	1.625
F ₂	19.822	39.747	90	0.441	2.264
BC ₁	16.100	38.197	180	0.212	4.712
BC ₂	17.400	36.860	120	0.307	3.255

Bitkide başak sayısı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri aşağıda Şekil 6'da sunulmuştur.

Şekil 6. Temel Generasyonlarda Bitkide Başak Sayısı Ortalama Değerleri



Şekil 6'da da görüldüğü gibi F_1 ortalama değeri ana ve babaya ait değerlerden daha yüksek bulunmuştur. Bu da heterotik etkilerin varlığını göstermektedir.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 17'de verilmiştir.

Çizelge 17. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	31.205	-	-34.795	-12.288	-1.300	24.057
Stan.hata:	3.072	-	7.087	3.024	0.720	4.360
c değeri:	10.157	-	-4.910	-4.063	-1.804	5.517
serbestlik derecesi:	1					
(χ^2) Ki Kare değeri:	2.808					
P değeri:	ö.d.					

Bu karakter için F_1 ortalama değeri ana ve babaya ait ortalama değerlerden daha yüksek değer vererek üstün dominanslık etkilerinin varlığına işaret etmiştir.

Mükemmel uyumlu model denemesinde [d] önemsiz bulunmuş, m, [h], [i], [j] ve [l] den oluşan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Bu karakter için de tamamlayıcı tip epistasis söz konusudur.

Bitkide başak sayısı üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit için öncelikle aile içi varyansların homojen olup olmadığı Bartlett testi yardımıyla tespit edilmiştir.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değerleri Çizelge 18'de verilmiştir.

Çizelge 18. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	W _x	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)		P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	50.100	240	3.942	2	ö.d.
F ₂	39.747	90			
BC ₁	38.197	180			
BC ₂	36.860	120			

Yukardaki çizelgenin incelenmesinden açılmayan generasyonlara ait aile içi varyansların homojen olduğu Bartlett testindeki önemsiz χ^2 değerinden anlaşılmaktadır.

Bu karakter üzerinde etkili varyans komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 19'da sunulmuştur.

Çizelge 19. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler:	D	H	F	E
Değeri:	-	-	-	42.698
Stand.Hata:	-	-	-	2.405
c değeri:	-	-	-	17.748
Serbestlik derecesi:	3			
Ki Kare Değeri (χ^2)	5.940			
P değeri:	ö.d.			

Bu karakter için Warner (1952) metoduna göre tespit edilen dar anlamda kalıtım derecesi % 11.1 ± 0.45 'dir. Mather ve Jinks'e (1982) göre dar ve geniş anlamda kalıtım dereceleri eklemeli ve dominans varyans tahmini değerlerinin düşük olması nedeniyle tesbit edilememiştir. Bu da bu karakterin büyük ölçüde çevreye bağlı olduğunu göstermektedir.

4.4. Başak Boyu

Başak boyu için aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 20'de verilmiştir.

Çizelge 20. Aileler Üzerinde Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	9.16	1.831	2.653*
Bireyler/Blok (Hata)	84	58.0	0.69	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	4.99	0.998	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	61.74	0.735	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	3.250	3.25	7.558*
Tekerrürler (Blok)	5	1.950	0.39	ö.d.
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	2.150	0.43	ö.d.
Örnekleme Hatası	48	36.369	0.75	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	14.63	2.927	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	125.46	1.49	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	0.450	0.45	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	15.450	3.09	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	21.150	4.23	3.071*
Örnekleme Hatası	168	231.45	1.37	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	6.669	6.669	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	23.675	4.735	3.810**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	11.296	2.259	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	134.685	1.240	

Varyans Analiz Tablosundan da görüldüğü gibi F_1 de resiprokal generasyonlar istatistiki anlamda birbirlerinden farklı bulunurken BC_1 ve BC_2 de aileler arasında bir farklılığa rastlanmamıştır. Bu da F_1 de anaya bağlı bazı etkilerin olabileceğini göstermektedir.

Tekerrürler BC_2 dışında tüm generasyonlarda istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur. Bu da bu karakter yönünden blokların homojenliğine işaret etmektedir.

Tekerrür x generasyon (Hata 1) interaksyonları resiprokallerin bulunduğu BC_1 de istatistiki önemde bulunmuş F_1 ve BC_2 de ise önemsiz bir F değeri vermişlerdir.

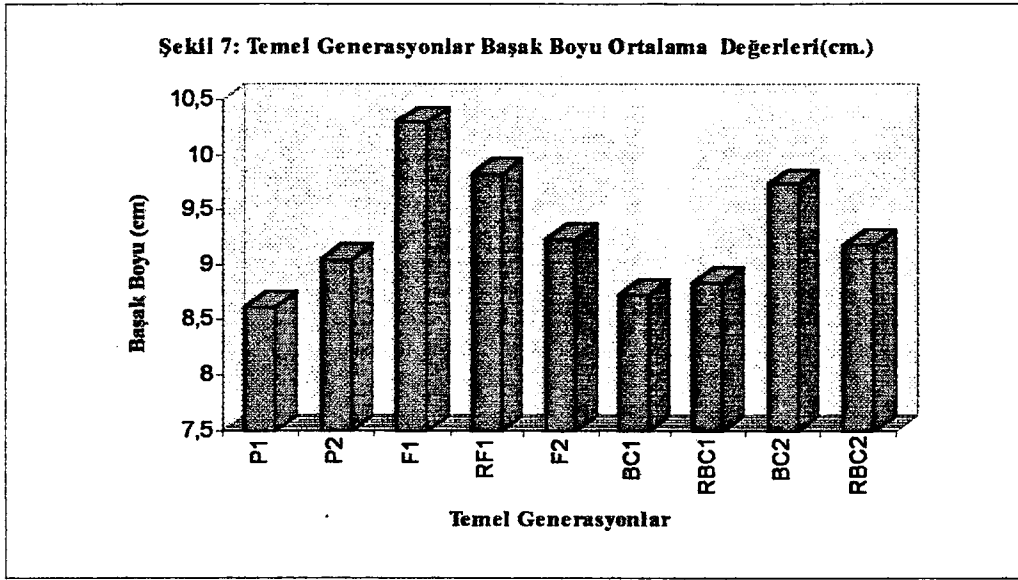
Başak boyu için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 21'de verilmiştir.

Çizelge 21. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W_x	(n)	$V_x = W_x/n$	$W = 1/V_x$
P ₁	8.622	0.690	90	0.00736	130.434
P ₂	9.056	0.735	90	0.0081	122.448
F ₁	10.067	0.750	60	0.0125	80.000
F ₂	9.233	1.490	90	0.0165	60.402
BC ₁	8.783	1.370	180	0.0076	131.386
BC ₂	9.325	1.240	120	0.0103	96.774

Başak boyu için temel generasyonlar oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri aşağıda Şekil 7'de verilmiştir.

Şekil 7. Temel Generasyonlarda Başak Boyu Ortalama Değerleri



Şekil 7'den de görüldüğü gibi F_1 ve RF_1 ortalama değerleri başak boyu yönünden ana ve babayı geçmişlerdir. Bu da bu karakterde heterosisin varlığına işaret etmektedir. BC_2 ve RBC_2 ortalama değerleri uzun başaklı olma özelliğinin P_2 (Dyb.81) ebeveyninden geldiğini ortaya koymaktadır.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 24'de verilmiştir.

Çizelge 22. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	8.814	-0.216	-	-	-0.346	1.226
Stan.hata:	0.051	0.062	-	-	0.146	0.128
c değeri:	172.529	-3.437	-	-	-2.355	9.563
serbestlik derecesi:	2					
(χ^2) Ki Kare değeri:	1.966					
P değeri:	ö.d.					

Bu karakter için önce m, [d], [h], [i], [j] ve [l]'den oluşan mükemmel model denenmiş, istatistiki olarak önemsiz bulunan parametreler çıkarıldıktan sonra m, [d], [j] ve [l]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli generasyon ortalamalarını en iyi ifade eden model olarak bulunmuştur.

Başak boyu üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit için öncelikle aile içi varyansların homojen olup olmadığı Bartlett testi yardımıyla tespit edilmiştir. Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 23'de verilmiştir.

Çizelge 23. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P	
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	0.772	240	0.1324	2	ö.d.
F ₂	1.490	90			
BC ₁	1.370	180			
BC ₂	1.240	120			

Yukardaki çizelgenin incelenmesinden açılmayan generasyonlara ait aile içi varyansların homojen olduğu, istatistiki olarak önemsiz bulunan χ^2 değerinden anlaşılmaktadır. Bu karakter üzerinde etkili varyans komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 24'te verilmiştir.

Çizelge 24. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	1.835	-	-	0.789
Stand.Hata:	0.390	-	-	0.070
c değeri:	4.700	-	-	11.218
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri: (χ^2)	1.644			
P değeri:	ö.d.			

Bu karakter için en iyi uyumlu model D ve E'den oluşan model olarak tespit edilmiştir. Bu karakterdeki genetik varyasyonun tamamıyla eklemeli gen ve çevresel olduğu bulunmuştur. Alınan sonuçlar Johnson ve ark. (1966) ile çok büyük ölçüde paralellik arz etmektedir.

Başak boyu için Warner (1952) metoduna göre bulunan h^2 'n değeri % 24.8 \pm 1.56'dır. Mather ve Jinks (1982)'e göre h^2 'n değerleri % 36.2 ve % 53.7'dir. Bu da bu karakter için ebeveynler arasında gerçek bir farklılığın olduğunu göstermektedir. Erken generasyonlarda yapılan seleksiyonlar nispeten başarılı olabilir.

4.5 Başakta Başakcık Sayısı

Bu karakter için aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 25'de verilmiştir.

Çizelge 25. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	110.86	22.171	7.882**
Bireyler/Blok (Hata)	84	236.27	2.812	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	70.99	14.198	4.075*
Bireyler/Blok (Hata)	84	292.67	3.484	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	6.0	6	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	104.3	20.86	11.357**
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	49.50	9.9	ö.d.
Örnekleme Hatası	48	214.791	4.478	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	30.22	6.044	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	552.0	6.57	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	0.0	0.0	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	45.3	9.06	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	43.95	8.79	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	855.69	5.093	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	0.625	0.625	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	17.275	3.455	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	40.866	8.173	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	498.458	4.615	

Yapılan varyans analizlerinde resiprokallerin birbirlerinden farklı bulunmaması anaya bağlı etkilerin mevcut olmadığını ortaya koymaktadır.

Tekerrürler P₁, P₂, F₁ generasyonlarında istatistiki olarak birbirlerinden farklı bulunmuşlardır. Bu da mikro çevresel etkilerin önemini göstermektedir. Tekerrür x Generasyon interaksiyonlarının önemli olmaması hatanın bloklar içinde tesadüfi dağıldığını göstermektedir.

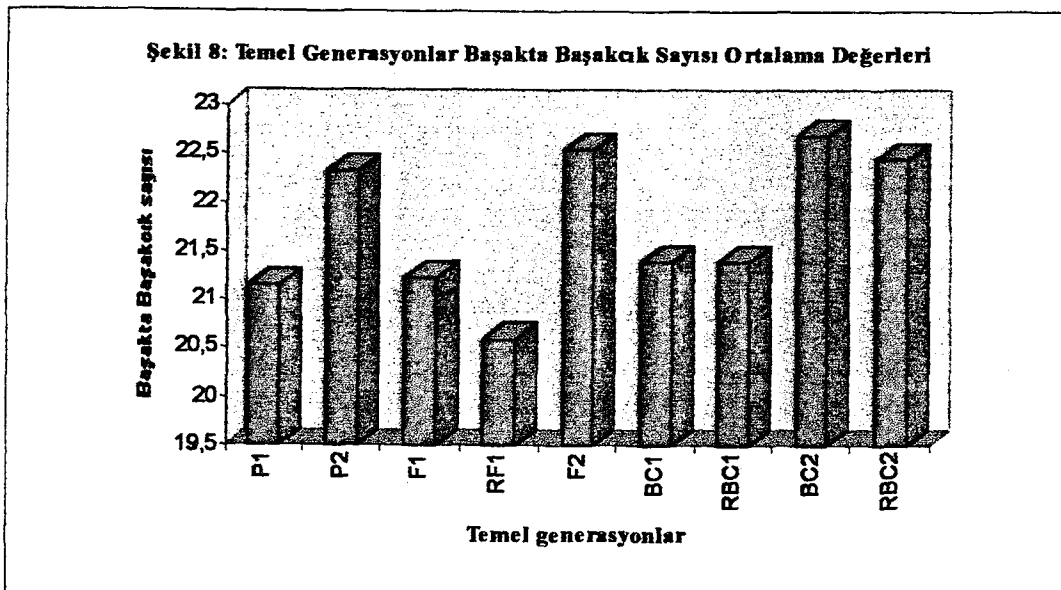
Başakta başakcık sayısı için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 26'da verilmiştir.

Çizelge 26. Ortalama Komponetleri Analizinde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W _x	(n)	V _x =W _x /n	W=1/V _x
P ₁	21.144	2.812	90	0.0312	32.005
P ₂	22.322	3.484	90	0.0387	25.832
F ₁	20.917	4.478	60	0.0746	13.398
F ₂	22.556	6.570	90	0.0730	13.698
BC	21.394	5.093	180	0.0282	35.342
BC ₂	22.575	4.615	120	0.0384	26.002

Başakta başakcık sayısı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri aşağıda Şekil 8'de verilmiştir.

Şekil 8. Temel Generasyonlarda Başakta Başakcık Sayısı Ortalama Değerleri



Şekil 8'den de görüldüğü gibi F_1 ortalama değeri ana va babaya bağlı değerler arasında görülmüş, RF_1 ise düşük değer veren ebevynden daha düşük değer vermiştir. Bu da negatif yönde üstün dominanslık etkilerinin varlığını göstermektedir. F_2 ortalama değeri bu karakterde transgresif açılmaların olduğunu gösterirken, BC_2 ve RBC_2 ortalama değerleri, yüksek başakta başacık sayısı değerlerinin P_2 (Dyb.81) ebeveyninden geldiğini işaret etmektedir.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 27'de verilmiştir.

Çizelge 27. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	24.201	-0.711	-3.282	-2.455	-	-
Stan.hata	0.541	0.117	0.747	0.567	-	-
c değeri	44.678	-6.049	-4.390	-4.327	-	-
serbestlik derecesi:	2					
(χ^2) Ki Kare değeri:	4.160					
P değeri:	ö.d.					

Mükemmel uyumlu model denemesinde [j] ve [l] önemsiz bulunmuştur. m, [d], [h] ve [i] dan oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Bu karakterde eklemeli- eklemeli etkide allelik olmayan interaksiyonlar (epistasi) söz konusudur.

Başakta başacık sayısı üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit için öncelikle aile içi varyansların homojen olup olmadığı Bartlett testi yardımıyla tespit edilmiştir.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değerleri Çizelge 28'de verilmiştir.

Çizelge:28. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P	
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	3.443	240	3.407	2	ö.d.
F ₂	6.570	90			
BC ₁	5.093	180			
BC ₂	4.615	120			

Çizelge 28'de de görüldüğü gibi açılmayan generasyonlara ait aile içi varyansların homojen olduğu istatistiki olarak önemsiz bulunan χ^2 değerinden anlaşılmaktadır.

Bu karakter üzerinde etkili varyans komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 29'da verilmiştir.

Çizelge 29. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler:	D	H	F	E
Değeri:	-	7.375	-	3.443
Stand.Hata:	-	1.968	-	0.314
c değeri:	-	3.747	-	10.954
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):	3.740			
P değeri:	ö.d.			

En iyi uyumlu model bu karakter için H ve E'den oluşan model olarak tespit edilmiştir. 3.74 Ki Kare değeri veren bu modelde genetik varyans etkilerinin dominans olduğu görülmektedir

Başakta başaklık sayısı için Warner (1952) metoduna göre bulunan h^2n değeri % 52 ± 0.72 'dir. Mather ve Jinks'e (1982) göre h^2n değeri eklemeli varyansın istatistiki olarak önemsiz olması nedeniyle bulunmamıştır. Bu metodda h^2b değeri % 28.5 ile % 34.8 olarak tespit edilmiştir. Bu karakter için erken generasyonlarda seleksiyon yapılmasının nisbeten başarılı olacağı görülmüştür.

4.6. Başakta Dane Sayısı

Başakta dane sayısı için aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 30'da verilmiştir.

Çizelge 30. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	771.07	154.213	2.182*
Bireyler/Blok (Hata)	84	5934.54	70.649	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	364.93	72.987	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	6428.67	76.530	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	390.15	390.15	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	2824.3	564.86	10.448**
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	892.95	178.59	3.303*
Örnekleme Hatası	48	2595.17	54.06	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	1577.52	315.504	2.418*
Bireyler/Blok (Hata)	84	10958.13	130.453	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	0.45	0.45	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	304.05	60.81	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	467.7	93.54	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	26932.34	160.31	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	8.711	8.711	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	584.667	116.933	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	545.128	109.025	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	15663.36	145.03	

Aileler üzerinden yapılan varyans analizlerinde resiprokallerin birbirlerinden farklı bulunmamaları anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir.

Tekerrürler ise P₁, F₁ ve F₂ generasyonlarında çeşitli önemlilik düzeylerinde birbirlerinden farklı bulunmuşlardır. Önemli F değerleri veren tekerrürler mikro çevresel faktörlerin önemini göstermektedir.

Tekerrür x generasyon interaksiyonları F₁ de %5 düzeyinde önemli bulunurken diğer generasyonlarda bu komponentin önemli olmaması hatanın bloklara tesadüfî dağıldığını göstermektedir.

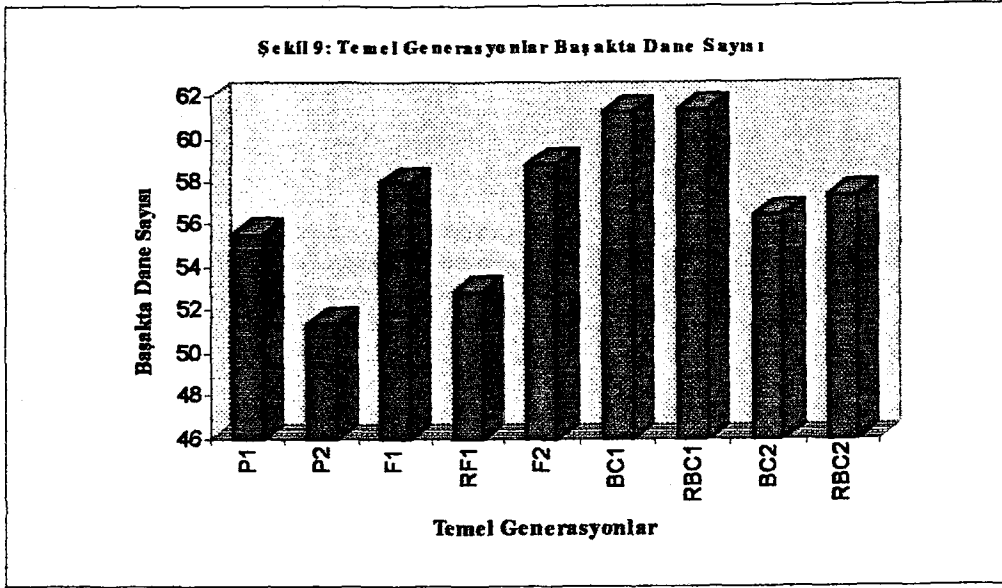
Başakta dane sayısı için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 31'de verilmiştir.

Çizelge 31. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W _x	(n)	V _x =W _x /n	W=1/V _x
P ₁	55.600	70.649	90	0.784	1.273
P ₂	51.400	76.530	90	0.850	1.176
F ₁	55.417	54.060	60	0.901	1.109
F ₂	58.878	130.453	90	1.449	0.689
BC ₁	61.314	160.310	180	0.890	1.122
BC ₂	56.867	145.030	120	1.208	0.827

Anılan karakter için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 9'da verilmiştir.

Şekil 9. Temel Generasyonlarda Başakta Dane Sayısı Ortalama Değerleri



Şekil 9'dan da görüldüğü gibi F₁ ortalama değeri ana ve babadan daha yüksek bir değer vermiştir. Bu da bu karakter için üstün dominanslık etkilerinin varlığını göstermektedir. F₂ ortalama değeri transgresif açılmaları gösterirken BC₁ ve RBC₁ generasyonlarının ortalama değerleri yüksek başakta dane sayısı özelliğinin P₁ (Dicle 74)'den geldiğini işaret etmektedir.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri Birleşik Skala Testi yardımıyla bulunmuş ve aşağıda Çizelge 32'de verilmiştir.

Çizelge 32. Generasyon Ortalamalarının Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	59.019	-2.692	-19.464	19.322	-	-
Stan.hata:	0.722	0.630	3.260	3.518	-	-
c değeri:	81.674	-4.271	-5.970	5.492	-	-
serbestlik derecesi:	2					
(χ^2) Ki Kare değeri:	4.526					
Pdeğeri: ö.d.						

Mükemmel uyumlu model denemesinde önemsiz parametreler çıkarıldıktan sonra m, [d], [h] ve [i] dan oluşan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Epistasi'nin söz konusu olduğu bu modelin Ki Kare değeri (χ^2 2sd.)= 4.526 olarak bulunmuştur.

Başakta dane sayısı üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit için öncelikle açılmayan aile içi varyanslarının homojenliği Bartlett testi yardımıyla anlaşılmıştır.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 33'te verilmiştir.

Çizelge 33. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P	
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	69.251	240	0.654	2	ö.d.
F ₂	130.453	90			
BC ₁	160.310	180			
BC ₂	145.030	120			

Çizelge 33'ten de görüldüğü gibi istatistiki olarak önemsiz bulunan χ^2 değeri açılmayan generasyonların aile içi varyansların homojen olduğunu göstermektedir.

Bu karakter üzerinde etkili varyans komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 34'de verilmiştir.

Çizelge 34. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-	317.869	-	69.251
Stand.Hata:	-	49.539	-	6.321
c değeri:	-	6.416	-	10.954
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):	1.262			

H ve E'den oluşan model en iyi model olarak tespit edilmiştir. Başakta dane sayısı için Warner (1952), Mather ve Jinks (1982) metodlarına göre h^2n değerleri tesbit edilmemiştir.

Mather ve Jinks (1982) metoduna göre % 54.3 ve % 60.9 olarak tesbit edilen h^2b değerleri bu karakterin büyük ölçüde dominans etkilerin kontrolunda olduğunu göstermektedir.

Bu karakter için bulunan sonuçlar Ketata ve ark.'nın (1976a) yaptıkları çalışma ile kısmen paralellik arz etmektedir.

4.7. Başakta Dane Ağırlığı

Bu karakter için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri Çizelge 35'de verilmiştir.

Çizelge 35. Aileler Üzerinde Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	4.15	0.830	4.243*
Bireyler/Blok (Hata)	84	16.43	0.195	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	1.53	0.306	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	24.69	0.293	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	1.25	1.25	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	11.45	2.29	6.542*
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	3.20	0.64	ö.d.
Örnekleme Hatası	48	17.081	0.35	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	6.81	1.363	2.759*
Bireyler/Blok (Hata)	84	41.49	0.493	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	0.0	0.0	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	2.25	0.45	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	2.40	0.48	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	99.17	0.59	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	0.004	0.004	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	3.064	0.612	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	3.763	0.752	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	56.684	0.524	

Aileler resiprokallerin bulunduğu generasyonlarda istatistiki olarak birbirlerinden farklı bulunmamışlardır. Bu da anaya bağlı etkilerin olmadığına bir göstergesidir.

Tekerrürler P_1 , F_1 ve F_2 generasyonlarında istatistiki önemde bulunmuşlar, diğer generasyonlarda ise homojen görünmüşlerdir. Mikro çevresel etkilerin varlığının bazı generasyonlarda deneme sağlığını az da olsa etkilediği aşikardır.

Tekerrür x Generasyon interaksiyonları tüm generasyonlarda önemsiz bulunmuştur. Bu da hatanın blok seçici olmadığını tesadüfi olduğunu göstermektedir.

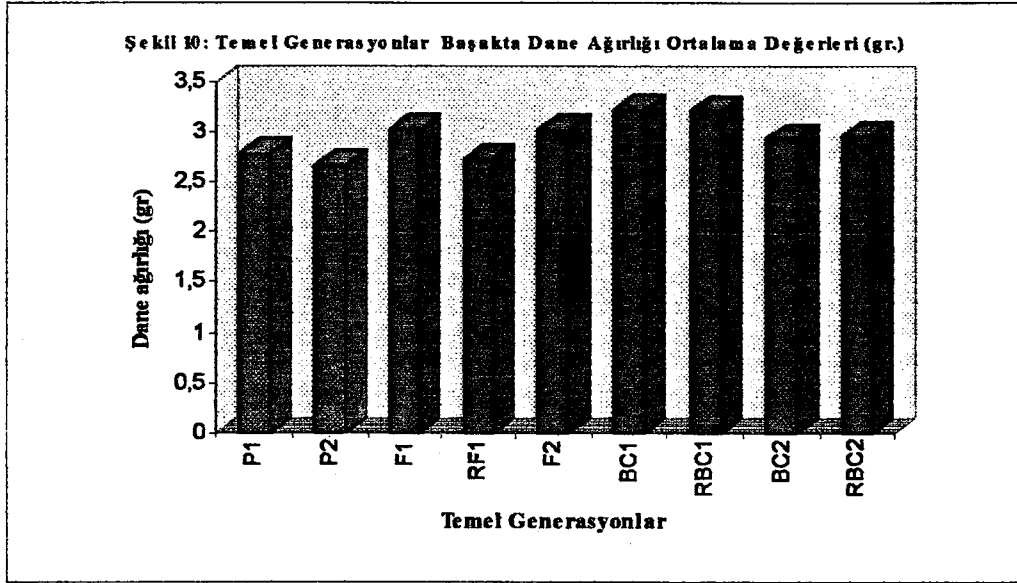
Başakta dane ağırlığı için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları çizelge 36'da verilmiştir.

Çizelge 36. Ortalama Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W_x	(n)	$V_x = W_x/n$	$W = 1/V_x$
P_1	2.779	0.195	90	0.0021	461.538
P_2	2.662	0.293	90	0.0032	307.167
F_1	2.872	0.350	60	0.0058	171.428
F_2	3.020	0.493	90	0.0055	182.555
BC_1	3.212	0.590	180	0.0033	305.084
BC_2	2.943	0.524	120	0.0044	229.000

Bu karakter için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 10'da verilmiştir.

Şekil 10. Temel Generasyonlarda Başakta Dane Ağırlığı Ortalama Değerleri



Şekil 10'dan da görüldüğü gibi F₁ ortalama değeri ana ve babaya göre daha yüksektir. Bu da bu karakter için dominans etkilerin önemini işaret etmektedir. BC₁ ve RBC₁ generasyonlarının ortalama değerleri, yüksek başakta dane ağırlığı değerlerinin P₁ (Dicle-74) ebeveyninden geldiğini ortaya koymaktadır.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri birleşik skala testi yardımıyla bulunmuş ve çizelge 37'de verilmiştir.

Çizelge 37. Generasyon Ortalamaları Üzerindeki Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[I]
Değeri:	2.684	0.116	1.357	-	-	-1.170
Stan.hata:	0.036	0.033	0.200	-	-	0.225
c değeri:	73.147	3.433	6.782	-	-	-5.186
serbestlik derecesi:	2					
(χ^2) Ki Kare değeri:	4.256					
Pdeğeri: ö.d.						

Mükemmel uyumlu modelde istatistiki önemde olmayan parametreler çıkarıldıktan sonra ortalamalar üzerindeki genetik etkileri en iyi ifade eden modelin m, [d], [h] ve [l]' den oluşan model olduğu tespit edilmiştir. Bu model de epistatik etkilerin varlığını teyid etmektedir. Bu modelin Ki Kare değeri (χ^2 2sd.)= 4.256 dır.

Başakta dane ağırlığı üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle açılmayan generasyonların aile içi varyanslarının homojenliği Bartlett testi yardımıyla araştırılmıştır.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 38'de verilmiştir.

Çizelge 38. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	0.269	240	6.007	2 *
F ₂	0.493	90		
BC ₁	0.590	180		
BC ₂	0.524	120		

Çizelge 38'den de görüldüğü gibi % 5 düzeyinde önemli bulunan χ^2 değeri açılmayan generasyonların aile içi varyanslarının homojen olmadığını göstermektedir. Bu da varyans komponentlerinin biraz daha hatalı tahmin edilmesine neden olmuştur.

Bu karakter üzerinde etkili varyans komponentlerinin tahmini değerleri Çizelge 39 a'da verilmiştir.

Çizelge 39a. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-	1.113	-	0.269
Stand.Hata:	-	0.185	-	0.024
c değeri:	-	6.017	-	10.954
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2)		1.099		
P değeri:	ö.d.			

Mükemmel modelde önemsiz parametreler çıkarıldıktan sonra H ve E'den oluşan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. χ^2 (2Sd.)= 1.099 dur.

F₁'e ait aile içi varyansın değerlendirilmediği sadece P₁ ve P₂'nin aile içi varyanslarının değerlendirildiği varyans komponentleri tahminleri de aşağıda Çizelge 39 b'de verilmiştir.

Çizelge 39.b. Varyans Parametreleri Tahminleri (Alternatif Model)

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-	1.213	-	0.244
Stand.Hata:	-	0.287	-	0.025
c değeri:	-	6.470	-	9.487
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):		1.099		
P değeri:	ö.d.			

Bu metodla da en iyi uyumlu model H ve E'den oluşan model olarak bulunmuştur. Bu karakter için Warner (1952), Mather ve Jinks'e (1982) göre h²n değerleri tespit edilememiştir. İkinci metodla bulunan h²b değerleri sırasıyla % 55 ve % 61.4'dür. Bu da karakterin büyük ölçüde dominans varyans kontrolunda olduğunu, seleksiyonun geciktirilmesinin gerektiğini ortaya koymaktadır.

4.8. Tek Bitki Dane Verimi

Dane verimi karakteri için temel generasyonları oluşturan aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 40'da verilmiştir.

Çizelge 40. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	3971.88	794.375	2.503*
Bireyler/Blok (Hata)	84	26655.74	317.330	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	1488.71	297.743	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	30482.2	362.895	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	683.45	683.45	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	11348.0	2269.6	5.840**
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	7552.35	1510.47	3.886**
Örnekleme Hatası	48	18652.92	388.60	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	5105.05	1021.010	2.426*
Bireyler/Blok (Hata)	84	35338.28	420.69	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	941.250	941.25	7.230**
Tekerrürler (Blok)	5	10022.4	2004.48	5.50**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	650.70	130.14	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	61187.09	364.20	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	254.958	254.958	ö.d.
Tekerrürler.(Blok)	5	2589.608	517.921	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	2032.072	106.414	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	39527.90	365.99	

Generasyonlar üzerinden yapılan varyans analizlerinde BC₁ dışında resiprokaller birbirlerinden istatistiki olarak farklı bulunmamışlardır. BC₁'de anaya bağlı etkilerin varlığı söylenebilir.

Tekerrürler P₂, F₂ ve BC₂ de varyasyon kaynağı olarak istatistiki önemde bir farklılık gösterirken diğer generasyonlarda önemsiz bulunmuşlardır. Bu karakter için de deneme alanında bir tekdüzeliğin olmadığı görülmektedir.

Tekerrür x generasyon interaksyonları F₁ dışında önemsiz bulunmuştur. Bundan ailelerin blok seçici olmadığı anlaşılmaktadır.

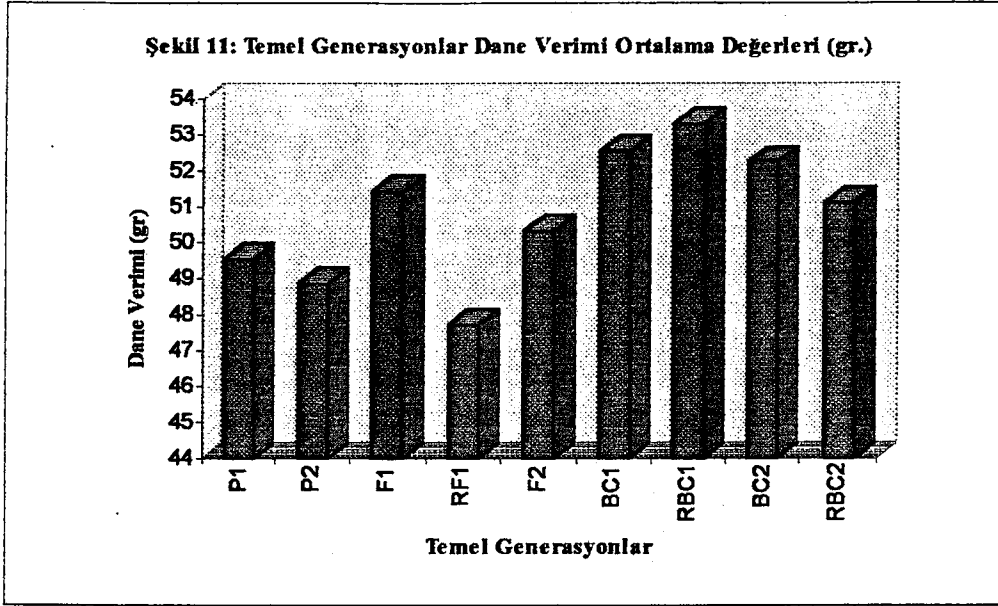
Dane verimi için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 41'de verilmiştir.

Çizelge 41. Ortalama Komponentlerinin Tahmininde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W _x	(n)	V _x =W _x /n	W=1/V _x
P ₁	41.442	317.330	90	3.525	0.283
P ₂	42.659	362.895	90	4.032	0.248
F ₁	48.542	388.600	60	6.476	0.154
F ₂	47.189	420.690	90	4.674	0.213
BC ₁	44.244	364.200	180	2.023	0.494
BC ₂	41.557	365.990	120	3.049	0.327

Dane verimi için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 11'de verilmiştir.

Şekil 11. Temel Generasyonlarda Dane Verimi Ortalama Değerleri



Şekil 11'den de görüldüğü gibi F_1 ortalama değeri verim bakımından ana ve babayı geçerken RF_1 ortalama değeri ise ana ve babadan daha düşük bir değer vermiştir. Bu karakter için zıt yönlü dominans etkilerin varlığı söz konusudur. Yüksek BC_1 ve RBC_1 ortalama değerleri P_1 (Dicle-74)'in verim üzerinde daha etkili ebeveyn olduğunu göstermektedir.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri Birleşik Skala Testi yardımıyla bulunmuş ve Çizelge 42'de verilmiştir.

Çizelge 42. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	41.618	-	5.571	-	-	-
Stan.hata:	1.262	-	2.577	-	-	-
c değeri:	32.968	-	2.162	-	-	-
serbestlik derecesi:	4					
(χ^2) Ki Kare değeri:	4.874					
P değeri:	ö.d.					

Bu karakter için m ve [h] den oluşan eksik eklemeli-üstünlük modeli yeterli bulunmuştur. Bu modelin Ki Kare değeri (χ^2 4sd.)= 4.874 dür.

Dane verimi üzerinde varyans düzeyinde önemli genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle açılmayan generasyonların aile içi varyans değerlerinin homojenliği Bartlett testi yardımıyla araştırılmıştır.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 43'de verilmiştir.

Çizelge 43. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	350.888	240	0.7127	2 ö.d.
F ₂	420.690	90		
BC ₁	364.200	180		
BC ₂	365.990	120		

Çizelge 43'den de görüldüğü gibi istatistiki olarak önemli bulunmayan χ^2 değeri açılmayan generasyonların aile içi varyansların homojen olduğunu göstermektedir. Dane verimi üzerine etkili olan varyans komponentlerinin tahminleri yapılmış ve Çizelge 44'de verilmiştir.

Çizelge 44. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-	-	-	367.539
Stand.Hata:	-	-	-	20.708
c değeri:	-	-	-	17.748
Serbestlik derecesi:	3			
Ki Kare Değeri (χ^2)	1.195			
P değeri:	ö.d.			

Ancak verim tamamen çevreye bağı bir karakter olmadığından en iyi 2. modelinde Çizelge 45’de verilmesi bu karakter üzerindeki genetik etkileri göstermesi bakımından önemlidir.

Çizelge 45. Varyans Parametreleri Tahminleri (En iyi 2. Model)

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-	-	2.860	367.675
Stand.Hata:	-	-	60.618	20.924
c değeri:	-	-	0.047	17.572
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2)	1.192			
P değeri:	ö.d.			

Çizelge 45’den de görüldüğü gibi F eklemeli dominans interaksyonu da verim üzerinde düşük düzeyde etkili bir varyans komponentidir.

Warner'e (1952) göre % 26.4 ± 0.32 olarak bulunan h^2_n değeri Mather ve Jinks'e (1982) göre tesbit edilememiştir. Bu karakterdeki kalıtımın oldukça düşük olması beklenen bir olgudur. Zira verim çok sayıda genetik ve genetik olmayan etki altındadır. Ayrıca temel generasyonlar bir karakterdeki genetik varyasyonu tespit etmede bazen yetersiz kalmaktadır. Öte yandan ebeveynlerin birbirlerine verim bakımından oldukça yakın olmaları, aralarında büyük verim farkı olmaması bu karakterdeki eklemeli gen etkisinin düşük olması demektir.

Bu karakter için oldukça düşük bulunan h^2_n değerleri, Johnson ve ark.'nın (1966) daha önceki bulgularıyla paralellik arz etmektedir. Bu karakter için erken generasyonlarda yapılacak seleksiyon etkili değildir.

4.9. Tek Bitki Sap Verimi

Sap verimi için temel generasyonları oluşturan aileler üzerinden yapılan varyans analiz sonuçları çizelge 46'da verilmiştir.

Çizelge 46. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	3127.53	625.505	2.983*
Bireyler/Blok (Hata)	84	17611.19	209.657	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	677.32	135.465	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	23964.62	285.293	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	1237.60	1237.60	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	7927.60	1585.52	6.642**
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	3566.00	713.200	2.987*
Örnekleme Hatası	48	11457.73	238.702	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	7183.28	1436.656	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	59891.34	712.992	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	377.70	377.7	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	4431.0	886.2	2.540*
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	1920.0	384.0	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	58432.84	347.81	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	345.744	345.744	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	6166.457	1233.291	3.350*
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	1018.659	203.731	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	39713.66	367.719	

Yapılan varyans analizlerinde bu karakter için resiprokal aileler arasında istatistiki önemde bir farklılığa rastlanmamıştır. Bu da anaya bağlı etkilerin olmadığına işarettir.

Tekerrürler P2 ve F2 dışında istatistiki olarak birbirlerinden farklı bulunmuştur. Bu da bu karakter için tekerrürlerin büyük ölçüde homojen olmadığını işaret etmektedir.

Tekerrür x generasyon interaksiyonları F₁ dışındaki generasyonlarda önemsiz bulunmuştur. Bu da daha önce belirtildiği gibi hatanın blok seçici olmadığını göstermektedir.

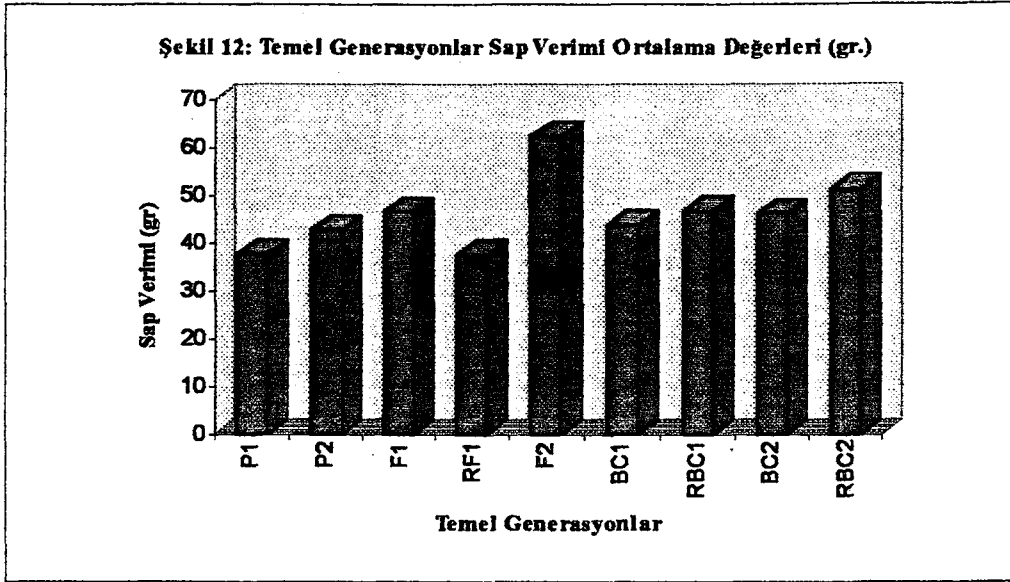
Sap verimi için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 47'de verilmiştir.

Çizelge 47. Ortalama Komponentleri Tahmininde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W_x	(n)	$V_x = W_x/n$	$W = 1/V_x$
P ₁	37.732	209.657	90	2.329	0.429
P ₂	42.777	285.293	90	3.169	0.315
F ₁	41.992	238.702	60	3.978	0.251.
F ₂	62.466	712.992	90	7.922	0.126
BC ₁	45.229	347.810	180	1.932	0.517
BC ₂	49.017	367.719	120	3.064	0.326

Sap verimi için temel genersyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 12'de verilmiştir.

Şekil 12. Temel Generasyonlarda Sap Verimi Ortalama Değerleri



Şekil 12'den de görüldüğü gibi F_1 ortalama değeri ana ve babaya ait değerlerden yüksek bir değer verirken RF_1 daha düşük değer vermiştir. Bu da bu karakterde zıt yönlü dominans etkilerin varlığını göstermektedir.

F_2 ortalama değerleri transgresif açılmalar nedeniyle bu karakter yönünden ana ve babayı geçen hatların elde edilebileceğini göstermektedir.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri Birleşik Skala Testi yardımıyla bulunmuş ve Çizelge 48'de verilmiştir.

Çizelge 48. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	102.118	-2.795	-98.482	-61.821	-	38.356
Stan.hata:	12.141	1.038	26.376	12.090	-	14.986
c değeri:	8.411	-2.691	-3.734	-5.113	-	2.559
serbestlik derecesi:		1				
(χ^2) Ki Kare değeri:		0.251				
P değeri:		ö.d.				

Mükemmel uyumlu model denemesinde sadece [j] eklemeli-üstünlük interaksiyon etkisi önemsiz bulunmuş, bu parametre modelden çıkarılmış ve 5 parametrelili iki genli model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Bu modelde tamamlayıcı tip epistasis söz konusudur. m, [d], [h], [i] ve [l] den oluşan bu modelin Ki Kare değeri (χ^2 1sd.)= 0.251 dir. Bu karakter için daha önce yapılan bir çalışmaya rastlanmamıştır.

Sap verimi üzerinde varyans düzeyinde önemli genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle açılmayan generasyonların aile içi varyans değerlerinin homojenliği Bartlett testi yardımıyla araştırılmıştır. Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 49'da verilmiştir.

Çizelge 49. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	245.525	240	1.995	2 ö.d.
F ₂	712.992	90		
BC ₁	347.810	180		
BC ₂	367.719	120		

Çizelge 49'dan da görüldüğü gibi istatistiki olarak önemli bulunmayan χ^2 değeri, açılmayan generasyonların aile içi varyansların homojen olduğunu göstermektedir.

Sap verimi üzerinde etkili olan varyans komponentlerinin tahminleri En Küçük Kareler Metoduna göre yapılmış ve Çizelge 50'de verilmiştir.

Çizelge 50. Varyans Parametreleri Tahminleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	658.378	-	-	235.821
Stand.Hata:	123.939	-	-	21.119
c değeri:	5.312	-	-	11.166
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):	5.250			
P değeri:	ö.d.			

Bu karakter için en iyi uyumlu model D ve E olarak bulunmuştur. Oldukça yüksek D değeri bu karakter için ebeveynler arasında gerçek bir farklılığın göstergesidir.

Warner (1952) metodunda 99.6 ± 0.18 olarak oldukça yüksek bulunan h^2n değeri Mather ve Jinks'e (1982) göre % 46.1 ile % 58.2 arasında değişmiştir. Mather ve Jinks'de (1982) geniş anlamda kalıtım değerlerinin de aynı olması dominans varyansın istatistiki önemde bir büyüklüğe sahip olmamasındandır. Konu ile ilgili daha önce bu tür bir çalışmaya rastlanmamasına karşın bu karakter bakımından yapılacak seleksiyon etkili görünmektedir.

4.10. 1000 Dane Ağırlığı

1000 dane ağırlığı için temel generasyonlar oluşturan aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 51'de verilmiştir.

Çizelge 51. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	402.50	80.50	4.09**
Bireyler/Blok (Hata)	84	1649.60	19.63	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	647.16	129.431	4.773**
Bireyler/Blok (Hata)	84	2277.73	27.115	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	209.05	209.05	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	69.15	13.830	ö.d.
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	161.75	32.350	ö.d.
Örnekleme Hatası	48	2584.803	53.850	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	800.49	160.98	2.918*
Bireyler/Blok (Hata)	84	4608.13	54.85	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	26.40	26.40	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	261.90	52.38	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	464.85	92.97	ö.d.
Örnekleme Hatası	168	6181.48	36.79	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	13.225	13.225	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	163.342	32.668	ö.d.
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	295.589	59.110	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	3333.436	30.865	

Aileler üzerinden yapılan varyans analizlerinde F₁ ve RF₁ resiprokalleri arasında istatistiki önemde bir farklılık gözlenirken BC₁ ve RBC₁ ile BC₂ ve RBC₂ arasında istatistiki önemde bir farklılığa rastlanmamıştır. F₁ deki farklılık anaya bağlı etkilerin varlığına işaret etmektedir.

P1, P2 ve F2 generasyonlarında tekerrürler istatistiki olarak önemli bulunurken diğer generasyonlarda önemsiz bulunmuştur. Bu da ölçülen karakter için deneme alanında yeknesaklığın olmadığını göstermektedir.

Tekerrür x Generasyon interaksyonları resiprokallerin bulunduğu BC₁ de önemli bulunurken, diğer generasyonlarda önemsiz bulunmuştur. Bu da hatanın blok seçici olmadığını ortaya koymaktadır.

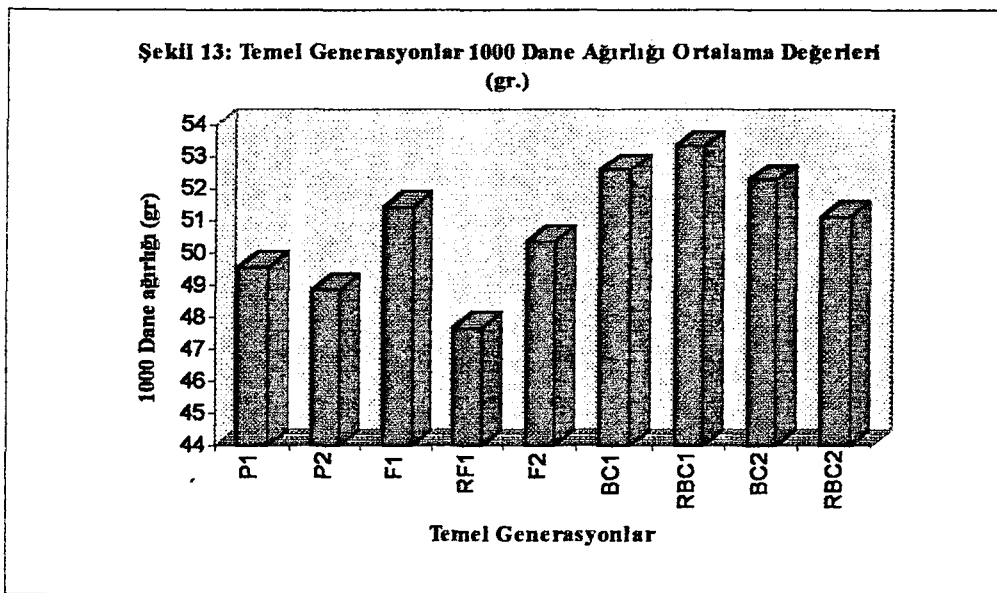
1000 dane ağırlığı için generasyon ortalamaları üzerinde etkili parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 52'de verilmiştir.

Çizelge 52. Ortalama Komponentleri Tahmininde Kullanılan Veriler

GEN	ORT(x)	W_x	(n)	$V_x = W_x/n$	$W = 1/V_x$
P ₁	49.567	19.630	90	0.218	4.584
P ₂	48.889	27.115	90	0.301	3.319
F ₁	49.567	53.850	60	0.897	1.114
F ₂	50.356	54.850	90	0.609	1.640
BC ₁	52.961	36.790	180	0.204	4.892
BC ₂	51.692	30.865	120	0.257	3.887

1000 dane ağırlığı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 13'de verilmiştir.

Şekil 13. Temel Generasyonlarda 1000 Dane Ağırlığı Ortalama Değerleri



Şekil 13'den de görüldüğü gibi F_1 ortalama değeri ana ve babayı geçerken RF_1 ortalama değeri ise ana ve babaya ait değerlerin altında kalmıştır. Bu da bu karakter üzerinde zıt yönlü dominans etkilerin varlığını göstermektedir. F_2 ortalama değeri bu melezden ana ve babayı geçen 1000 dane ağırlığına sahip hatlar elde edilebileceğini göstermekle beraber, BC_1 ve RBC_1 ortalama değerleri P_1 (Dicle-74) ile yapılacak geriye melezleme yoluyla bu karakterde çok büyük ilerlemeler sağlanabileceğini işaret etmektedir.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerleri Birleşik Skala Testi yardımıyla bulunmuş ve Çizelge 53'te verilmiştir.

Çizelge 53. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	41.109	-	28.527	8.172	-	-20.070
Stan.hata:	3.421	-	7.580	3.402	-	4.598
c değeri:	12.016	-	3.763	2.402	-	-4.365
serbestlik derecesi:		2				
(χ^2) Ki Kare değeri:		4.373				
P değeri:		ö.d.				

1000 dane ağırlığı için de iki genli interaksiyon modelleri söz konusudur. Generasyon ortalamaları üzerindeki etkileri en iyi ifade eden model m, [h], [i] ve [l]'den oluşan modeldir. Tamamlayıcı tip epistasis söz konusudur.

Ancak F_1 için aile içi varyansın yüksek olması ve bunun da model tesbitinde bir ağırlık olarak yer alması Birleşik Skala Testi dışında Hayman'ın (1960) 6 parametre modeli de denenerek bulunan ortalama parametrelerinin teyid edilmesini gerektirmiştir.

Hayman (1960) modeline göre tespit edilen ortalama komponentleri Çizelge 54'te verilmiştir.

Çizelge 54. Hayman'ın (1960) 6 Parametre Modeline Göre Tahmin Edilen Ortalama Komponentleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	50.356	1.269	8.222	7.882	0.930	19598
Stan.hata:	± 0.780	± 0.772	± 3.551	± 3.404	± 0.768	± 4.564

Bu karakter için tesbit edilen epistasi, daha önce Sun ve ark. (1966)'nın bulgularını teyid etmiştir.

1000 dane ağırlığı üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametrelerin tesbiti amacıyla öncelikle açılmayan generasyonların aile içi varyanslarının homojenliği Bartlett testi yardımıyla araştırılmıştır.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 55'da verilmiştir.

Çizelge 55. Varyans Komponentleri Analizinde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(X^2)	df	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	30.148	240	16.97	2	***
F ₂	54.850	90			
BC ₁	36.790	180			
BC ₂	30.865	120			

Çizelge 55'den de görüldüğü gibi % 0.1 düzeyinde istatistiki önemde χ^2 değeri açılmayan generasyonların aile içi varyanslarının homojen olmadığını göstermektedir. Bu durumda Ağırlıklı En Küçük Kareler yöntemiyle tahmin edilen varyans parametrelerinin tam objektif olmayacağı anlaşılmaktadır.

Tarafli olarak tespit edilen varyans komponentleri Çizelge 56'da verilmiştir.

Çizelge 56. Varyans Parametrelerinin Tahmini Değerleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	35.140	-	-	28.932
Stand.Hata	12.144	-	-	2.541
c değeri	2.894	-	-	11.384
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):	3.699			
P değeri:	ö.d.			

D ve E'den oluşan model bu karakter için de en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Bu karakterdeki genetik etkilerin büyük ölçüde eklemeli ve çevresel olduğu bulunmuştur.

F₁'e ait tip dışı varyansın değerlendirilmediği, sadece P₁ ve P₂'ye ait aile içi varyansların değerlendirildiği alternatif modeldeki varyans komponentleri tahminleri Çizelge 57'de verilmiştir.

Çizelge 57. Varyans Parametreleri Tahmini Değerleri (Alternatif Model)

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	53.350	-	-	22.79
Stand.Hata:	11.880	-	-	2.329
c değeri:	4.491	-	-	9.788
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):	1.896			
P değeri:	ö.d.			

Çizelge 57'den de görüldüğü gibi bu alternatif modelde de aynı varyans parametreleri generasyon varyanslarını etkileyen genetik parametreleri açıklamada yeterli bulunmuştur. Elde edilen sonuçlar Bhatt (1972) ile paralellik arz etmektedir.

Warner (1952) metoduna göre h^2_n değeri % 76.6 ± 0.21 , Mather ve Jinks'e (1982) göre ise % 53.3 ve % 48.6 olarak bulunmuştur. İkinci methoda göre h^2_b değerleri de % 53.3 ve % 48.6 olarak bulunmuştur. Bu karakterde dar anlamda kalıtım değerinin yüksekliği eklemeli gen etkisinin büyük olmasındandır.

Geniş anlamda kalıtım derecelerinin de ikinci methoda dar anlamdakilerle aynı değerde olması istatistiki önemde olmayan çok küçük dominans varyanstan kaynaklanmaktadır. Ebeyenler arasında gerçek bir farklılığa işaret eden yüksek h^2_n değerleri bu karakter için yapılan seleksiyonun etkili olacağını göstermektedir. Elde edilen yüksek h^2_n değerleri Sherma ve Knott (1964), Johnson ve ark. (1966), Sun ve ark. (1972) ve Ketata ve ark. (1976) bulguları ile paralellik arz etmektedir.

4.11. % Protein Oranı

Bu karakter için temel generasyonları oluşturan aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 58'de verilmiştir.

Çizelge 58. Aileler Üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	8.08	1.617	3.323**
Bireyler/Blok (Hata)	84	40.87	0.486	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	14.57	2.914	10.063**
Bireyler/Blok (Hata)	84	23.85	0.283	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	0.8	0.80	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	2.05	0.410	ö.d.
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	2.45	0.490	ö.d.
Örnekleme Hatası	48	20.282	0.422	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	35.59	7.118	7.666**
Bireyler/Blok (Hata)	84	77.99	0.928	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	0.015	0.015	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	25.05	5.01	5.094**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	24.75	4.95	6.021**
Örnekleme Hatası	168	138.135	0.822	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	7.367	7.367	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	33.721	6.744	10.264**
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	12.733	2.546	3.875**
Örnekleme Hatası	108	70.959	0.657	

Yapılan varyans analizlerinde resiprokallerin bulunduğu generasyonlarda resiproklar birbirlerinden farklı bulunmamışlardır. Bu da ölçülen bu karakter üzerinde anaya bağlı etkilerin varlığının söz konusu olmadığını göstermektedir.

Tekerrürler varyasyon kaynağı olarak F_1 ve BC_1 dışındaki generasyonlarda istatistiki olarak birbirlerinden farklı bulunmuşlardır. Bu da deneme alanının yeknesak olmamasının oldukça önemli olduğunu göstermektedir.

Tekerrür x generasyon interaksyonları resiprokallerin bulunduğu F_1 , BC_1 ve BC_2 generasyonlarında araştırılmış, BC_2 de istatistiki önemde F değeri bulunmuştur.

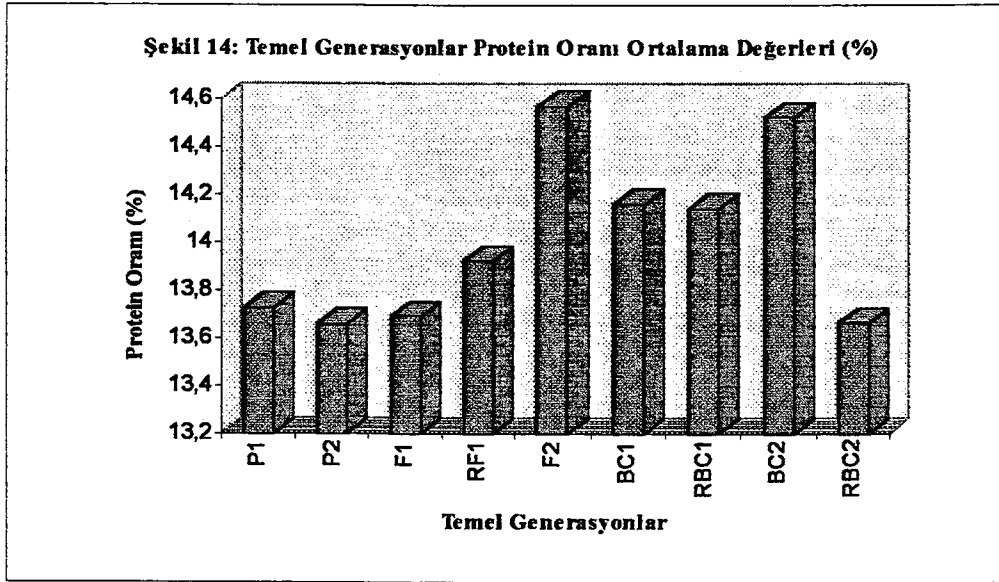
% Protein oranı için generasyon ortalamaları üzerinde etkili genetik parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 59'da verilmiştir.

Çizelge 59. Ortalama Komponentleri Tahmininde Kullanılan Veriler

GEN	ORT(x)	W_x	(n)	$V_x = W_x/n$	$W = 1/V_x$
P_1	13.726	0.486	90	0.0054	185.185
P_2	13.659	0.283	90	0.0031	318.021
F_1	13.803	0.422	60	0.0070	142.180
F_2	14.567	0.928	90	0.0103	96.982
BC_1	14.147	0.822	180	0.0045	218.978
BC_2	14.091	0.657	120	0.0054	182.648

% Protein oranı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 14'de verilmiştir.

Şekil 14. Temel Generasyonlarda % Protein Oranı Ortalama Değerleri



Şekil 14'den de görüldüğü gibi F_1 ve RF_1 'in ortalama değerleri ortalaması ana ve babaya göre biraz daha yüksek değer vermiştir.

Bu karakterde bazı dominans etkilerin olduğu görülmektedir. Yüksek F_2 ortalama değeri transgresif açılmalardan dolayı bu karakter için ana ve babayı geçen hatların türetilebileceğini göstermektedir.

Ortalama komponentleri tahmini değerleri Birleşik Skala Testi yardımıyla bulunmuş ve Çizelge 60'da verilmiştir.

Çizelge 60. Generasyon Ortalamaları Üzerine Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	15.279	-	-1.487	-1.559	-	-
Stan.hata	0.187	-	0.247	0.196	-	-
c değeri	81.340	-	-6.014	-8.125	-	-
serbestlik derecesi:	3					
(χ^2) Ki Karé değeri:	1.038					
P değeri:	ö.d.					

Mükemmel model denemesinde önemsiz olan parametreler çıkarıldıktan sonra en iyi uyumlu model m, [h] ve [i] dan oluşan model olarak bulunmuştur. Bu karakterde eklemeli- eklemeli tip epistasi söz konusudur.

% Protein oranı üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit amacıyla öncelikle P₁, P₂, F₁ generasyonlarının aile içi varyanslarının homojenliği Bartlett testi yardımıyla araştırılmıştır.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 61'de verilmiştir.

Çizelge 61. Varyans Komponentleri Tahmininde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	W _x	Gözlem Sayısı	Ki Kare(χ^2 df)	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	0.393	240	6.190	2 *
F ₂	0.928	90		
BC ₁	0.822	180		
BC ₂	0.657	120		

Çizelge 61'den de görüleceği gibi istatistiki olarak % 5 düzeyinde önemli bulunan χ^2 değeri, varyans komponentleri tahminlerini çok az etkileme özelliğindedir.

% protein oranı üzerinde etkili olan varyans komponentleri tahmini değerleri Çizelge 62'de verilmiştir.

Çizelge 62. Varyans Parametreleri Tahmini Değerleri

Parametreler:	D	H	F	E
Değeri:	-	1.610	-	0.393
Stand.Hata:	-	0.269	-	0.035
c değeri:	-	5.981	-	10.954
Serbestlik derecesi:	2			
Ki Kare Değeri (χ^2):	3.165			
P değeri:	ö.d.			

Mükemmel uyumlu model denemesinde istatistiki olarak önemsiz bulunan D ve F çıkarılmış, H, E' den oluşan model bu karakterdeki varyans etkilerini en iyi ifade eden model olarak tespit edilmiştir. (χ^2 2Sd. = 3.165). % protein içeriği büyük ölçüde dominans etkilerin kontrolü altındadır.

Warner'e (1952) göre 40.6 ± 1.87 olarak bulunan h^2_n değeri Mather ve Jinks'e (1982) göre tespit edilememiş h^2_b değerleri ise bu yöntemde % 28.05-% 34.8 arasında değişmiştir. Mather ve Jinks'e (1982) göre sadece dominans varyansın etkili bulunduğu kalıtım dereceleri tahminlerinde Warner'in (1952) oldukça yüksek h^2_n değeri seleksiyonda kısmen başarılı olunabileceğini işaret etmektedir.

4.12. Camsılık

Bu karakter için aileler üzerinden yapılan varyans analizleri Çizelge 63'de verilmiştir.

Çizelge 63. Aileler üzerinden Yapılan Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynağı	sd	KT	KO	F
P₁ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	70.8	14.160	ö.d.
Bireyler/Blok (Hata)	84	1761.6	20.971	
P₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	374.09	74.818	2.929*
Bireyler/Blok (Hata)	84	2173.87	25.879	
F₁ Generasyonu:				
Aileler	1	15.0	15.0	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	608.55	121.71	9.09*
Aileler/Blok inter.(Hata 1)	5	160.0	33.60	2.511*
Örnekleme Hatası	48	642.386	13.38	
F₂ Generasyonu:				
Tekerrürler (Blok)	5	567.52	113.504	6.284*
Bireyler/Blok (Hata)	84	1517.2	18.06	
BC₁ Generasyonu:				
Aileler	1	375.6	375.6	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	1473.45	294.69	3.092*
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	1186.05	237.21	2.489*
Örnekleme Hatası	48	16010.85	95.302	
BC₂ Generasyonu:				
Aileler	1	116.736	116.736	ö.d.
Tekerrürler (Blok)	5	1222.975	244.595	2.856*
Aile/Blok inter.(Hata 1)	5	376.67	75.334	ö.d.
Örnekleme Hatası	108	9251.545	85.662	

% camsılık bakımından resiprokaller birbirlerinden istatistiki olarak farklı bulunmamışlardır. Bu da anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir. Esasen bu karakter için beklenen geniş genetik varyasyon yılın dönme için uygun olmasına karşın yakalanamamıştır.

Tekerrürler P₁ dışındaki tüm generasyonlarda önemli bulunmuştur. Bu da bu karakter için çevresel faktörlerin önemini göstermektedir.

Tekerrür x Generasyon interaksiyonları BC₁ için % 5 düzeyinde önemli bulunurken diğer generasyonlarda önemsiz olması blok tekdüzeliğini göstermektedir.

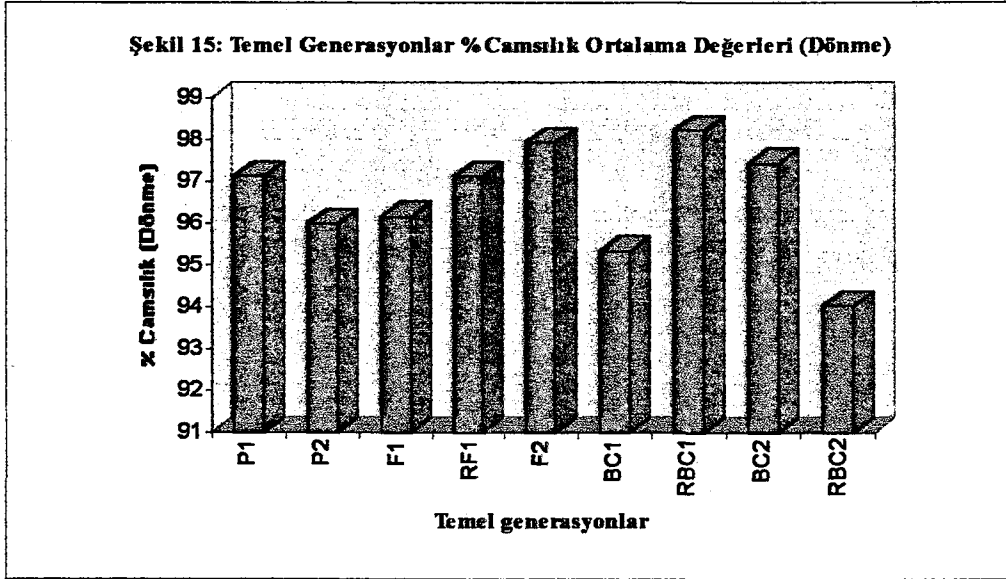
% camsılık için generasyon ortalamaları üzerinde etkili genetik parametreleri tespit etmek amacıyla kullanılan veriler ve yapılan analiz sonuçları Çizelge 64'de verilmiştir.

Çizelge 64. Ortalama Komponentleri Tahmininde Kullanılan Veriler

GEN.	ORT(x)	W _x	(n)	V _x =W _x /n	W=1/V _x
P ₁	97.133	20.971	90	0.233	4.291
P ₂	95.978	25.879	90	0.287	3.477
F ₁	96.633	13.380	60	0.223	4.484
F ₂	97.944	18.060	90	0.200	4.983
BC ₁	96.789	95.302	180	0.529	1.888
BC ₂	95.725	85.662	120	0.713	1.400

% camsılık için temel generasyonları oluşturan tüm ailelerin ortalama değerleri Şekil 15'de verilmiştir.

Şekil 15. Temel Generasyonlarda % Camsılık Oranları Ortalama Değerleri



Şekil 15’de de görüldüğü gibi % camsılık oranı düşük olarak bilinen ebeveyn P₁ (Dicle-74), bu karakter bakımından yüksek olarak bilinen P₂ (Dyb.81)’ye göre daha yüksek % camsılık değeri vermiştir. Bu da deneme yılının bu karakterdeki genetik etkileri tespit etme açısından uygun bir yıl olmadığını göstermektedir.

Bu karakter için ortalama komponentleri tahmini değerleri Birleşik Skala Testi yardımıyla bulunmuş ve bu Çizelge 65’de verilmiştir.

Çizelge 65. Generasyon Ortalamaları Üzerinde Etkili Genetik Parametrelerin Tahmini Değerleri

Parametreler	m	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
Değeri:	98.892	-	-2.398	-2.379	-	-
Stan.hata:	0.984	-	1.293	1.061	-	-
c değeri:	100.411	-	-1.854	-2.242	-	-
serbestlik derecesi:	3					
(χ^2) Ki Karé değeri:	5.754					
P değeri:	ö.d.					

Çizelge 66'da da görüldüğü gibi m, [h] ve [i] dan oluşan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Bu modelde de epistatik etkilerin varlığı tespit edilmiştir. Bu modelin Ki Kare değeri (χ^2 3sd.)= 5.754 olarak bulunmuştur.

% Camsılık üzerinde varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit amacıyla öncelikle açılmayan generasyonların aile içi varyanslarının homojenliği Bartlett testi yardımıyla araştırılmıştır.

Bu test için kullanılan veriler ve Bartlett testi χ^2 değeri Çizelge 66'da verilmiştir.

Çizelge 66. Varyans Komponentleri Tahmininde Kullanılan Veriler ve Bartlett Testi

GEN.	Wx	Gözlem Sayısı	Ki Kare(X^2 df)	P
P ₁ ,P ₂ ,F ₁	21.193	240	6.137	2 *
F ₂	18.060	90		
BC ₁	95.302	180		
BC ₂	85.662	120		

Çizelge 66'da da görüldüğü gibi istatistiki olarak % 5 düzeyinde önemli bulunan χ^2 değeri varyans komponentleri tahminlerini çok az etkileme özelliğindedir.

Açılmayan generasyonların aile içi varyansları homojen kabul edilerek analizlerden elde edilen varyans komponentleri tahmini değerleri Çizelge 67'de verilmiştir.

Çizelge 67. Varyans Parametreleri Tahmini Değerleri

Parametreler	D	H	F	E
Değeri:	-239.544	574.556	-	21.193
Stand.Hata:	31.748	61.186	-	1.934
c değeri:	-9.246	9.390	-	10.954
Serbestlik derecesi:	1			
Ki Kare Değeri (χ^2):	0.4001			
P değeri:	ö.d.			

Bu karakter üzerinde etkili genetik varyansların önem ve büyüklüğü araştırılmış, D, H ve E'den oluşan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Negatif eklemeli gen etkisi tespit edilmesi bu karakterde bu tür genetik etkilerin olmadığını veya tesbit edilemediğini göstermektedir. Karakterin büyük ölçüde dominans etkilerin kontrolünde olduğu anlaşılmaktadır. Ancak F₂ generasyonunda uygun olmayan çevre koşullarına bağlı olarak gözlenen genetik varyansın beklenenin çok altında olması da parametrelerin sağlığını etkilediği söylenebilir.

Her iki motoda da h^2_n değerleri tespit edilememiştir. Mather ve Jinks'e (1982) göre % 87 olarak bulunan h^2_b değeri bu karakterin büyük ölçüde dominans gen etkisinde olduğunu göstermektedir. Erken generasyonlarda seleksiyon başarılı görülmemektedir.

5. ÖZET

Dicle-74 ve Diyarbakır-81 makarnalık buğdayların melezinden oluşturulan temel generasyonlar yardımıyla bazı kantitatif karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtımın araştırıldığı bu çalışmada farklı kaynaklardan alınan sonuçlar şöylece değerlendirilebilir.

Ölçülen ve gözlenen tüm karakterlerde aileler üzerinden yapılan varyans analizlerinde ailelerin tümünde olmasa da en az bir veya birkaçında tekerrürler varyasyon kaynağı olarak istatistiki önemde bulunmuşlardır. Bu da bu tür detaylı çalışmaların yapılacağı deneme alanlarının mümkün olduğunca homojen olması gerektiğini ortaya koymaktadır.

Resiprokallerin bulunduğu F_1 , BC_1 ve BC_2 generasyonlarında aileler birkaç istisna dışında istatistiki olarak birbirlerinden farklı bulunmamışlardır. Bu da anaya bağlı (maternal) etkilerin karakterler üzerinde önemli olmadığını göstermektedir.

Aile x tekerrür interaksiyonları (Hata 1) birkaç karakterde önemli bulunmuş, çoğunda ise istatistiki önemde bulunmamışlardır. Bu da hatanın tesadüfi dağıldığını, blok seçici olmadığını göstermektedir.

Ölçülen veya gözlenen Başak Boyu, 1000 Dane Ağırlığı, Dane Verimi, Başaklanma Gün Sayısı, % Protein Oranı, Bitkide Başak Sayısı, Başakta Başakcık Sayısı ve Başakta Dane Ağırlığı gibi karakterlerde F_1 generasyonuna ait ortalama değeri ana ve babaya ait en yüksek değerden daha yüksek veya en düşük değerden daha düşük değerler vermiştir. Bu da anılan karakterlerde dominans etkilerin oldukça önemli olduğunu göstermektedir.

Ortalama komponentlerinin tahmini değerlerinin tespit edildiği analizlerde m tüm karakterler için önemli bulunmuştur.

m, [d] ve [h]'den oluşan basit eklemeli-baskınlık veya üstünlük olarak ifade edilen model (Aditif-Dominans Model) birçok karakter için generasyon ortalamalarını ifade etmede yetersiz kalmıştır. Çoğu kez iki genli interaksiyon modelleri yeterli bulunmuştur. Ölçülen tüm karakterlerde [d] istatistiki olarak çoğu kez önemsiz bulunmuş ve değer olarak çok küçük kalmıştır.

Hemen bütün karakterlerde büyüklük ve önemlilik bakımından öne çıkan [h] çoğu kez negatif değer almıştır. Bu da dominans etkilerin karakterin tezahürünü azaltıcı yönde olduğunu göstermektedir. [i] ve [I] tipi epistatik etkiler tüm karakterlerde görülmektedir. Eklemeli-eklemeli [I], dominans-dominans [I] interaksiyonları generasyon ortalamalarının iki genli interaksiyon modelleri ile daha iyi ifade edilebileceğini göstermektedir. [i] ve [I]' in aldığı işaretler çoğunlukla birbirinin zıttıdır. Bu da allelik olmayan interaksiyonların "tamamlayıcı tip" olduğunu göstermektedir.

Bartlett testi P_1 , P_2 ve F_1 gibi genetik açılma olmayan generasyonlarda aile içi varyansların homojen olup olmadığını tespit için yapılmıştır. Bazı karakterlerde aile içi varyansların homojen olmadığı anlaşılmıştır. Bu da denemede genotip x mikro çevresel interaksiyonların önemli olduğunu ortaya koymaktadır.

En iyi uyumlu modellerin tespitinde çevresel varyans için açılmayan generasyonlarda tip dışı varyans varsa değerlendirilmemiş böylece tahmin hataları azaltılmıştır.

Çoğu kez H ve E, bazen de D ve E ve bir karakter için de sadece E'den oluşan modeller karakterler üzerinde etkili genetik ve genetik olmayan varyansları en iyi ifade eden modeller olarak bulunmuşlardır.

Başak Boyu, 1000 Dane Ağırlığı ve Sap Verimi gibi karakterlerde D ve E'den oluşan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Bu da ebeveynler arasında bu karakterler yönünden gerçek genetik farklılığa işaret etmektedir.

Dane Verimi ve Bitkide Başak Sayısı gibi karakterlerde sadece çevresel etkilerin varlığı söz konusuysa diğer karakterlerde dominans (H) etkilerin önemli olduğu anlaşılmıştır. Bazı negatif D değerleri anılan karakterde eklemeli varyansın olmadığını göstermektedir.

Tüm karakterlere ait kalıtım dereceleri dar ve geniş anlamda tespit edilmiştir. Warner (1952) metodunda aile içi varyans değerleri, Mather ve Jinks (1982) metodunda ise karakterler için tespit edilen varyans tahmini değerleri kullanılmıştır. Buna göre yüksek h^2 'n değerleri veren Başak Boyu, 1000 Dane Ağırlığı, Sap Verimi ve Başaklanma Gün Sayısı gibi karakterlerde erken

generasyonlardaki seleksiyonun nispeten başarılı olabileceđi, diđer karakterlerde seleksiyonun geciktirilmesinin yerinde olacađı sonucuna varılmıřtır.

Temel Generasyonlar deneme metodu 2. derece istatistiklerin tahmininde genel olarak yüksek standart hata deđerleri vermektedir. Bu da parametrenin dođru olarak tahminini gúçleřtirmektedir. Ayrıca allelik olmayan interaksiyonlar da "Triple Test Cross" metoduyla daha sađlıklı arařtırılabilir.



6. SUMMARY

In this study, genetic variation and inheritances of some quantitative characteristics were investigated through basic generations derived from crosses between Dicle-74 and Diyarbakır-81 cultivars of *T. Durum*.

Results, obtained from different sources can be summarized as follows;

Family wise analyses of variance were performed for all characteristics. Blocks, as a source of variation were found to be significant, indicating heterogeneity of experimental field. In addition to this major effects, scoring mistakes and lower sampling size were other secondary effects on significance of blocks.

Except for a few cases, families in F_1 , BC_1 and BC_2 generations were not found to be significant indicating absence of maternal effect.

Family x Block interactions were found non-significant in most cases. This was concluded that error was randomly distributed into blocks.

The means of F_1 generations fell out of parental range either giving even higher or lower values in many characteristics such as Spike Length, 1000 Kernel Weight, Days to Heading, % Protein, Number of Spike Per Plant, Spikelet per Spike and Kernel Weight per Spike.

This was concluded the presence of dominance effects. In the analyses of components of means, simple additive-dominance model failed to describe generation means. Digenic interaction models were found to be adequate in most cases, suggesting the presence of non-allelic interactions.

m (mid parent value) was found to be significant for almost all characteristics. $[d]$ was not significant, indicating the absence of an overall additive genetic effects. $[h]$, when significant, took a negative sign in most cases. This was concluded that overall dominance effects were in decreasing direction.

[i] and [l] type non-allelic interactions were found to be significant for many characteristics. The signs of [i] and [l] were always opposite of each other. This indicated the presence of complementary type of epistasis.

Bartlett test was performed to test homogeneity of "Within Family Variances" of non-segregating generations. Results have indicated the presence of some genotype x micro environmental interactions. This was interpreted that such studies had to be carried out as much as homogenous experimental field.

Non-homogeneous variances resulted in the bias estimates of second degree statistics. In most cases, H (Dominance Variation), E (Environmental Variation), sometimes D (Additive Variation), E and rarely E were found to be adequate to describe "Within Family Variances".

Best fit models for Spike Length, 1000 Kernel Weight and Culm Weight consisted of D and E. This was concluded the presence of genuine genetic variation between parents.

In some characteristics such as Grain Yield and Spike per Plant variation was totally attributed to E (Environmental).

In the rest of the characteristics, H, E were found to be adequate to describe variations. Some of negative H values indicated the absence of any dominance effects or the presence of ambidirectional dominance effects.

Narrow and broad heritability estimates of all characteristics were carried out. Higher h^2_n values indicated that required genotypes could be selected in early generations easily.

Spike Length, 1000 Kernel Weight and Culm Weight and Heading Date gave relatively higher h^2_n values. Selection must be delayed for the rest of characteristics until homogeneity.

Narrow heritability estimates for plant height was lower than expected value. This was concluded that similar dwarfing genes might be controlling plant height in both parents.

The h^2_n value was found moderate for protein ratio (%) in Warner method, but this could not be estimated in Mather and Jinks method due to undetected additive variation. This was concluded that such studies must be carried out under controlled environmental conditions.

Although both parents seemed to be different in terms of kernel vitreousness, we could not detect genuine additive genetics variation between parents due to unfavourable environmental conditions.

Genetics variation and inheritance of this character must be investigated in different biometrical genetics methods and growing conditions.

Basic generations gave higher "Standard errors" for estimates of variance components. This is the disadvantage of this biometrical genetics method. Non-allelic interactions can also be detected accurately employing "Triple Test Cross" method.



7. KAYNAKLAR

- ANONYMOUS, (1960).** International Association for Cereals Chemistry, ICC Standart No: 105 .(Confirmation by NIR).
- ANONYMOUS, (1970).** Orta Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü 1970-77 Araştırmaları. Orta An. Tar. Arş..Ens. Yayın no: 1977-1.
- AMAYA, A.A., BUSCH, R.H., LEBSOCK, K.L.(1972).** Genetic Effects in Durum Wheat. Crop Science, 12: 479-481.
- BHAT, G.M. (1972).** Inheritance of Heading Date, Plant Height, and Kernel Weight in Two Spring Wheat Crosses. Crop Science, 12: 95-97.
- BHATIYA, V.J., JADON, B.S., PITHIA, M.S. (1987).** Gene Effects for Grain Yield and It's Components in Durum Wheat. Madras Agr. Journal.74(4-5): 258-260.
- CAVALLI, L.L. (1952).** In quantitative inheritance in: (E.C.R. Reeve and C.V.Waddington) pp. 135-144. H.M.S.O.
- CHAPMAN, S.R., McNEAL, F.H. (1971).** Gene Action For Yield Components and Plant Height in Spring Wheat Cross. Crop Science, 12: 95-98
- CIMMYT (Supplement 1995).** Wheat Facts and Trends. Apdo. Postal. 6-641. Col . Juarez. Mexico,D.F. Mexico.

CIMMYT (1976). Wheat Training Manual. Apdo. Postal, 6-641 Col. Juarez. Mexico, D.F. Mexico.

FABRANI, G. and LINTAS, C. (1988). Durum Wheat Chemistry and Technology. American Association of Cereal Chemists, Inc. St. Poul, Minnesota, USA.

FALCONER, D.S. (1989). Estimating the components of the continuous variation. *Heredity* 17: 115-133.

GENÇ, İ., KIRTOK, Y., YAĞBASANLAR, T., KOÇ, M., KILINÇ, M., ÖZKAN, H. (1992). Güneydoğu Anadolu Bölgesinde Sulu Koşullara Uygun Ekmeklik ve Makarnalık Buğday Çeşitlerinin Geliştirilmesi Üzerine Çalışmalar. Kesin Sonuç Raporu. Ç.Ü. Z. F. Adana.

HAYMAN, B.I. (1960). Maximum likelihood estimation of genetic components of variation. *Biometrics* 16: 369-381.

JOHNSON, V.A., BIEVER, K.J., HAUNOLD, A., SCHMIDT, J.W. (1966). Inheritance of Plant Height, Yield of Grain, and Other Plant and Seed Characteristics in a Cross of Hard Red Winter Wheat. *Crop Science* 6: 336-338

JOHNSTON, R.A., QUICK, J.S., and HAMMOND, J.J. (1983). Inheritance of Semoline Color in Six Durum Wheat Crosses. *Crop Science* 23: 607-610.

KAFA, İ., (1991). Çukurova Koşullarında 10 Yazlık Buğday Çeşidinin Genotip x Çevre İnteraksiyonları ve Adaptasyon Yetenekleri Üzerine Araştırmalar. Ç.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Doktora Tezi, 145 Sayfa. Adana.

KETATA, H., EDWARDS, L.H., SMITH, E.L. (1976a). Inheritance of Eight Agronomic Characters in a Winter Wheat Cross. *Crop Science* 16: 19-22

KETATA, H., SMITH, E.L., EDWARDS, L.H., McNEW, R.W. (1976b) Detection of Epistatic, Additive and Dominance Variation in Winter Wheat. *Crop Science* 16: 1-4.

KHER, H.R., ZAVERI, P.P., PATEL, J.R., PATHAK, A.R. (1990). Genetic Analysis in Wheat. *Gujarat Agr. Univ. Res. Journal.* 15(2): 23-27. India.

KIRTOK, Y. (1982). Çukurova Koşullarında Arpada Ekim Zamanı, Gübreleme ve Ekim Sıklığının Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi Üzerinde Bir Araştırma. Doçentlik Tezi. Ç.Ü.Z.F. Tarla Bitkileri AnaBilim Dalı. Adana

MATHER, K. (1949). Biometrical Genetics, Methuen, London.

MATHER, K. and JINKS, J.L. (1982). Biometrical Genetics. Chapman and Hall, London.

MATSUO, R.R. and DEXTER, J.E. (1980). Relationship Between Some Durum Wheat Physical Characteristics and Some Semolina Milling Properties. *Canadian Journal of Plant Science* 60: 49...

ÖZBERK, I. ve ÖZBERK, F. (1993a). Gap Bölgesi Ekmeklik, Makarnalık Buğday ve Arpa Çeşit Geliştirme Projesi Sonuç Raporu. Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü, Diyarbakır.

- ÖZBERK, I. ve ÖZBERK, F. (1993b).** Makarnalık Buğdayda Verim Komponentleri ve Verim Arası İlişkiler. Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü, Diyarbakır.
- PAWAR, I.S., PARODA, R.S., SINGH, S. (1988).** Gene effects for Six Metric Traits in Four Spring Wheat Crosses. Indian Journal of Genetic and Plant Breeding 48(2): 195-199.
- SHARMA, D. and KNOTT, D.R. (1964).** The Inheritance of Seed Weight in a Wheat Cross. Can. J. Genet. Cytol. 6: 419-425
- SRIVASTAVA, J.P. (1984).** Durum Wheat- Its World Status and Potential in the Middle East and North Africa. Rachis 3(1): 1-8.
- SRIVASTAVA, J.P. (1987).** Wheat and Barley Improvement: An Overview of the Cereal Improvement Programme of ICARDA. Rachis 6(2): 5-10.
- STEEL, R.G.D. and TORRIE, J.H. (1981).** Principles and Procedures of Statistics. Mc.Graw - Hill Book Company.
- SUN, P.L.F., SHANDS, H.L., FORSBERG, R.A. (1972).** Inheritance of Kernel Weight in Six Spring Wheat Crosses. Crop Science 12: 1-5.
- ULUÖZ, M. (1965).** Buğday, Un ve Ekmek Analiz Metodları. Ege Üniv. Zir. Fak. Yayınları No: 57 . Sayfa 95. Ege Üniv. Matbaası, İZMİR.
- WARNER, J. N. (1952).** A Method for Estimating Heritability Agron. J. 44: 427-430.

8. TEŞEKKÜR

Bu çalışmada bana her türlü desteği sağlayan hocam Prof.Dr. Yusuf Kırtok'a, dersler aşamasında ilgilerini esirgemeyen başta bölüm başkanı Prof.Dr. İbrahim Genç olmak üzere tüm Ç.Ü.Ziraat Fakültesi Tarla Bölümü öğretim üyelerine, çalışma konusu materyalin hazırlanması, tezin yazılması ve teşvikleriyle başta eşim Fethiye Özberk olmak üzere G.D. Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü Buğday ve Arpa Islah Projesi elemanlarına, bu çalışmayı tasvip ederek yürütülmesine imkan veren Tarım ve Köyişleri Bakanlığına, araştırılan bazı karakterlerde kalite analizlerini yürüten Kalite Merkez Laboratuvarı şefi Doç.Dr.Ayhan Atlı ve ekibine, grafiklerin bilgisayarda çıkarılmasına katkıda bulunan Ersin Akkaya'ya, Biometrikal Genetik konusunda beni bilgilendirerek bitki ıslahına yeni bir bakış açısı kazanmama vesile olan başta Dr. H.S.Pooni ve Prof. Dr. P.D.S.Caligari olmak üzere Birmingham ve Reading Üniversitesi hocalarına, bu yorucu çalışmada küçük yüreğiyle büyük sabır gösteren oğlum Fırat Özberk'e şükran ve teşekkürlerimi sunarım.

9. ÖZGEÇMİŞ

1958 yılında Nazilli'de doğmuşum. İlk, Orta ve Lise öğrenimimi Nazilli'de tamamladım. 1976 yılında Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesini kazandım. 1981 yılı haziran ayında Tarla Bitkileri Yetiştirme ve Islahı Bölümünden iyi derece ile mezun oldum. 1982-1986 yılları arasında T.C Ziraat Bankasında mühendis olarak çalıştım. 1986 yılında Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsüne geçtim. 1987 yılında 8.5 aylığına Mexico'da Buğday Islahı eğitimine katıldım. 1990-92 yılları arasında İngiltere'nin Birmigham ve Reading Üniversitesinde Bitki Islahı konusunda "Master of Philosophy" eğitimi yaptım. Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsünde Buğday ve Arpa Islahçısı olarak çalışırken 1994 yılında aynı Enstitüye müdür olarak atandım. Halen bu göreve devam etmekteyim. Evli ve 1 çocuk babasıyım. Kamu Personeli Yabancı Dil sınavı standartları içinde "A" seviyesinde ingilizce biliyorum.