

**T.C.
HARRAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

**MAKARNALIK BUĞDAYDA BAZI KALİTE VE VERİM İLE İLİŞKİLİ
KARAKTERLERDE GENETİK ANALİZLER**

Yalçın COŞKUN

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

ŞANLIURFA

2009

İÇENDEKİLER

Sayfa No

ÖZ.....	i
ABSTRACT.....	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	iv
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	v
SİMGELER DİZİNİ.....	vi
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	4
3. MATERYAL ve YÖNTEM.....	11
3.1. Araştırma Materyali ve Tarla Denemeleri.....	11
3.2. İncelenen Özellikler.....	13
3.3. İstatistik – Genetik Analizler.....	15
3.3.1. Varyans analizleri.....	15
3.3.2. Allelik olmayan interaksiyonların testi (Epistazi).....	15
3.3.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testi.....	16
3.3.4. Ortalama ve varyans ögeleri tahminleri.....	17
3.3.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	18
3.3.6. Diğer gen etkileri.....	19
3.3.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri.....	19
3.3.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	19
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA.....	20
4.1. Başaklanma Gün Sayısı (gün).....	20
4.1.1. Varyans analizleri.....	20
4.1.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi).....	21
4.1.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri.....	21
4.1.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması.....	22
4.1.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ile dominanslık oranı.....	22
4.1.6. Diğer gen etkileri.....	22
4.1.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri.....	23
4.1.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	25
4.2. Kanopi Sıcaklığı (°C).....	26
4.2.1. Varyans analizleri.....	26
4.2.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi).....	27
4.2.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri.....	27
4.2.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması.....	28
4.2.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	28
4.2.6. Diğer gen etkileri.....	29
4.2.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri.....	29
4.2.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	31
4.3. Bitki Boyu (cm).....	32
4.3.1. Varyans analizleri.....	32
4.3.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi).....	33
4.3.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri.....	33
4.3.4. Ortalama ve varyans ögeleri hesaplamaları.....	34
4.3.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	34
4.3.6. Diğer gen etkileri.....	34
4.3.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri.....	35
4.3.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	37
4.4. Başakta Tane Sayısı (adet).....	38
4.4.1. Varyans analizleri.....	38
4.4.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi).....	39
4.4.3. Bartlett ve F homojenlik testleri.....	39
4.4.4. Ortalama ve varyans ögeleri hesaplamaları.....	40
4.4.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	40
4.4.6. Diğer gen etkileri.....	40

4.4.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri	41
4.4.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	43
4.5. Başakta Tane Ağırlığı (g).....	44
4.5.1. Varyans analizleri	44
4.5.2. Allelik olmayan interaksyonlar (Epistazi)	45
4.5.3. Bartlett F varyans homojenlik testleri	45
4.5.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması.....	46
4.5.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	46
4.5.6. Diğer gen etkileri	46
4.5.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri	47
4.5.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	49
4.6. Parsel Tane Verimi (g).....	50
4.6.1. Varyans analizleri	50
4.6.2. Allelik olmayan interaksyonlar (Epistazi)	51
4.6.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri.....	51
4.6.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması.....	51
4.6.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	52
4.6.6. Diğer gen etkileri	52
4.6.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri	53
4.6.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	54
4.7. SDS Sedimentasyon (ml).....	55
4.7.1. Varyans analizleri	55
4.7.2. Allelik olmayan interaksyonlar (Epistazi)	56
4.7.3. Bartlett ve F homojenlik testleri.....	56
4.7.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması.....	57
4.7.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	57
4.7.6. Diğer gen etkileri	57
4.7.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri	58
4.7.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	60
4.8. Tane Rengi (kırmada b değeri).....	61
4.8.1. Varyans analizleri	61
4.8.2. Allelik olmayan interaksyonlar (Epistazi)	62
4.8.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri.....	62
4.8.4. Ortalama ve varyans ögeleri hesaplamaları	62
4.8.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı.....	63
4.8.6. Diğer gen etkileri	63
4.8.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri	64
4.8.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri.....	65
5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER.....	67
KAYNAKLAR.....	71
ÖZGEÇMİŞ.....	76
ÖZET	77
SUMMARY	82

ÖZ

Doktora Tezi

MAKARNALIK BUĞDAYDA BAZI KALİTE VE VERİM İLE İLİŞKİLİ KARAKTERLERDE GENETİK ANALİZLER

Yalçın COŞKUN

Harran Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. İrfan ÖZBERK
Yıl: 2009, Sayfa: 85

Bu araştırmada Özberk ve Fırat-93 makarnalık buğdayların melezlenmesinden elde edilen temel generasyonlar [P_1 , P_2 , F_1 (2 aile), F_2 (4 aile), B_1 (4 aile) ve B_2 (4 aile)] yardımıyla bazı agronomik karakterlerdeki genetik varyasyon ve kalıtım araştırılarak elde edilen bilgilerin ıslah programında kullanılması amaçlanmıştır.

Kanopi sıcaklığı ve SDS sedimantasyon değeri dışında anılan tüm karakterler için F_1 ana ve babaya ait değerler dışında yer almıştır. Bu da dominans etkilerin varlığını göstermektedir.

Generasyon ortalamaları üzerindeki genetik etkiler formüller ve bilgisayar programı yardımıyla araştırılmış ve tane verimi ile SDS sedimantasyon dışındaki tüm karakterler için basit eklemeli dominans model (m , d , h) yeterli bulunmamış, iki genli interaksiyon modelleri bu etkileri ifade etmede daha yeterli bulunmuştur. Ölçülen tüm karakterlerde anaya ve cinsiyete bağlı etkiler tespit edilmemiştir. Karakterleri kontrol eden genlerin ana ve babada dağılımları genellikle % 25'in altında bulunmuş, bu da karakter üzerinde bir anacın etkili olduğunu göstermiştir. Formüller yardımıyla bulunan ortalama öğeleri ile en iyi uyumlu modelin ortalama öğeleri kısmen uyuşmuştur.

Ele alınan karakterlerdeki genetik varyasyon bilgisayar ve formüller yardımıyla hesaplanmış ve başakta tane sayısı dışında eklemeli varyans (D) istatistiki olarak önemli fark bulunmamıştır. Genellikle H ve E 'den oluşan dominans ve çevresel varyans tespit edilmiştir. Formüller yardımıyla yapılan hesaplamalarda bulunan D ve H genellikle bilgisayar programı bulgularıyla örtüşmektedir.

Genellikle formüller yardımıyla bulunan h^2_b değerleri % 50'nin altında gerçekleşmiş ve karakter için h^2_n değerleri tahmin edilememiştir. En iyi uyumlu modele ait varyans parametreleri kullanılarak yapılan tespitlerde başakta tane sayısı ($h^2_n = 18.26$) dışında h^2_n değeri tahmin edilememiştir.

Sonuç olarak anaç çeşitlerin anılan karakterler bakımından birbirlerine yakın olmaları, örnekleme sayılarının bazı karakterler için yetersiz olması, mikro çevresel varyasyonlar ve temel generasyonlar modelindeki bazı yetersizlikler anılan karakterler için genetik varyasyon ve kalıtım derecelerinin saptanmasını güçleşmiştir. Ancak anılan karakterler için epistazinin varlığı dikkate alınarak seleksiyonun geciktirilmesi önerilebilir.

ANAHTAR KELİMLER: Buğday, temel generasyonlar, kalıtım derecesi, varyans öğeleri

ABSTRACT

PhD Thesis

GENETIC ANALYSES OF CHARACTERISTICS RELATED WITH YIELD and CERTAIN QUALITY IN DURUM WHEAT

Yalçın COŞKUN

Harran University Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Field Crops

Supervisor : Assoc. Prof. Dr. İrfan ÖZBERK

Year: 2009, Page: 85

This study aimed to assess and use of some genetical factors affecting generation means and variances for some quantitative characteristics of basic generations [P₁, P₂, F₁ (2 family), F₂ (4 family), B₁ (4 family) and B₂ (4 family)] derived from the cross between Ozberk and Firat-93 cultivars of *Triticum durum*.

Except of canopy temperature and SDS sedimentation value, simple additive dominance model (m, [d], [h]) was not found to be adequate to describe generation means indicating the presence of non allelic interactions.

In all characteristics under study, maternal effects and sex linkages were not found significant. "rd" values for all characteristics were found to be lower than 25 % indicating the absence of gene dispersion in both parents. Parameters for means of generations obtained from formulas were found to be overlapping partially those of computer software (MEAN FIT).

Except for number of grain spike⁻¹ D (additive genetic variation) was found to be non significant indicating the absence of genuine genetic variation between parents. H (dominance) and E (environmental) variations turned out to be significant frequency. Variance components obtained from formulas and computer software (VAR FIT) overlapped.

Utilizing from variance components of best fit, h²_n for number of grain spike⁻¹ was only estimated as 18.26 %. h²_b values were found to be less than 50 % for both estimation methods (formulas and computer software).

It was concluded that the similarity of parents for the characteristics under study, limited number of sampling, the presence of micro environmental variations resulted in absence of genuine genetic variations or the presence of some undetected genetic parameters depending on inadequacy of basic generations. Taking into account the presence of epistasis nearly for all characteristics, delay selection is recommended.

KEY WORDS: Wheat, basic generations, heritability, components of variance

TEŐEKKÜR

Tez alıŐmalarım esnasında destek ve katkılarda bulunan Harran Üniversitesi Ziraat Fakóltesi Tarla Bitkileri Bölümü akademik ve idari personeline, tez konusunun belirlenmesinden sonuçlandırılmasına kadar yardımlarından dolayı tez danışmanım Do.Dr. İrfan ÖZBERK'e, tezin yürütülmesinden sonuçlandırılmasına kadar desteklerinden dolayı Prof.Dr. Mehmet Atilla GÜR ile Prof.Dr. Ayhan ATLI'ya, ilk doktora danışmanım Prof.Dr. Mengü GÜLER'e, kalite özelliklerinin ölçülmesinde yardımcı olan AraŐ.Gör. Mehmet KÖTEN'e, ölçümlerin yapılması ve gözlemlerin alınmasında yardımcı olan Tarla Bitkileri Bölümü 2007-2008 yaz dönemi stajyer öğrencilerine, her zaman en büyük desteęim olan eŐim Ziraat Yüksek Mühendisi AyŐe COŐKUN'a sonsuz Őükranlarımı sunarım.

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 4.1. Başaklanma gün sayısı ortalama değerleri (gün).....	24
Şekil 4.2. Kanopi sıcaklığı ortalama değerleri (°C).....	30
Şekil 4.3. Bitki boyu ortalama değerleri (cm).....	36
Şekil 4.4. Başakta tane sayısı ortalama değerleri (adet).....	42
Şekil 4.5. Başakta tane ağırlığı ortalama değerleri (g).....	48
Şekil 4.6. Parsel tane verimi ortalama değerleri (g).....	53
Şekil 4.7. SDS sedimantasyon ortalama değerleri (ml).....	59
Şekil 4.8. Tane rengi (kırmada b değeri) ortalama değerleri.....	64

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan anaçların pedisrgisi ve bazı özellikleri.....	11
Çizelge 3.2. Melezlemeler sonucunda elde edilen aileler ve generasyonlar.....	12
Çizelge 3.3. Şanlıurfa ili uzun yıllar ve deneme yılına (2007-2008) ait iklim verileri.....	13
Çizelge 4.1. Başaklanma gün sayısı için aileler üzerinde yapılan varyans analizi sonuçları.....	21
Çizelge 4.2. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	22
Çizelge 4.3. Başaklanma gün sayısı için ortalama ögeleri tahminlerinde kullanılan veriler.....	23
Çizelge 4.4. Başaklanma gün sayısı için en iyi uyumlu modele ait ortalama ögeleri tahminleri.....	24
Çizelge 4.5. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	25
Çizelge 4.6. Başaklanma gün sayısı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri.....	26
Çizelge 4.7. Kanopi sıcaklığı için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları.....	27
Çizelge 4.8. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	28
Çizelge 4.9. Kanopi sıcaklığı için ortalama ögeleri tahminlerinde kullanılan veriler.....	29
Çizelge 4.10. Kanopi sıcaklığı için en iyi uyumlu modele ait ortalama ögeleri tahminleri.....	30
Çizelge 4.11. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	31
Çizelge 4.12. Kanopi sıcaklığı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri.....	31
Çizelge 4.13. Bitki boyu için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları.....	32
Çizelge 4.14. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	33
Çizelge 4.15. Bitki boyu için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler.....	35
Çizelge 4.16. Bitki boyu için en iyi uyumlu modele ait ortalama ögeleri tahmini değerleri.....	36
Çizelge 4.17. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	37
Çizelge 4.18. Bitki boyu için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri.....	37
Çizelge 4.19. Başakta tane sayısı için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları.....	38
Çizelge 4.20. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	39
Çizelge 4.21. Başakta tane sayısı için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler.....	41
Çizelge 4.22. Başakta tane sayısı için Ortalama ögeleri tahmini değerleri.....	42
Çizelge 4.23. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	43
Çizelge 4.24. Başakta tane sayısı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri.....	43
Çizelge 4.25. Başakta tane ağırlığı için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları.....	44
Çizelge 4.26. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	45
Çizelge 4.27. Başakta tane ağırlığı için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler.....	47
Çizelge 4.28. Başakta tane ağırlığı için en iyi uyumlu modele ait ortalama ögeleri tahminleri.....	48
Çizelge 4.29. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	49
Çizelge 4.30. Başakta tane ağırlığı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri.....	49
Çizelge 4.31. Parsel tane verimi için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları.....	50
Çizelge 4.32. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	51
Çizelge 4.33. Parsel tane verimi için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler.....	52
Çizelge 4.34. Parsel tane verimi için en iyi uyumlu model ait ortalama ögeleri tahminleri.....	54
Çizelge 4.35. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	54
Çizelge 4.36. Parsel tane verimi için en iyi uyumlu model ait varyans ögeleri tahminleri.....	55
Çizelge 4.37. SDS sedimantasyon için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları.....	56
Çizelge 4.38. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	57
Çizelge 4.39. SDS sedimantasyon için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler.....	58
Çizelge 4.40. SDS sedimantasyon için en iyi uyumlu modele ait ortalama ögeleri tahminleri.....	59
Çizelge 4.41. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	60
Çizelge 4.42. SDS sedimantasyon için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri.....	60
Çizelge 4.43. Tane rengi için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları.....	61
Çizelge 4.44. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları.....	62
Çizelge 4.45. Tane rengi (kırmada b değeri) için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler.....	64
Çizelge 4.46. Tane rengi için en iyi uyumlu modele ait ortalama ögeleri tahminleri.....	65
Çizelge 4.47. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler.....	65
Çizelge 4.48. Tane rengi (kırmada b değeri) için varyans ögeleri tahminleri.....	66

SİMGELER DİZİNİ

*	Faktörün karakter üzerine etkisi istatistiki açıdan alfa: % 5 seviyesinde önemli
**	Faktörün karakter üzerine etkisi istatistiki açıdan alfa: % 1 seviyesinde önemli
ød	Faktörün karakter üzerine etkisi istatistiki açıdan alfa: % 5 seviyesinde önemli değil
h_n^2	Dar anlamda kalıtım derecesi
h_b^2	Geniş anlamda kalıtım derecesi
D	Eklemeli varyans
H	Dominans varyans
F	Eklemeli x dominans varyans interaksiyonu
E	Çevresel varyans
m	Ortalama
d	Eklemeli etki
h	Dominans etki
i	Eklemeli x eklemeli etki
j	Dominans x dominans etki
l	Eklemeli x dominans etki
g	Gram
°C	Santigrat Derece
cm	Santimetre
ml	Mililitre
m ²	Metrekare
kg	Kilogram
da	Dekar
SD	Serbestlik Derecesi
χ^2	khi-kare
mp	Anaç Ortalama Değeri
\bar{F}_1	F ₁ ortalaması
$R\bar{F}_1$	RF ₁ ortalaması
\bar{B}_1	B ₁ ortalaması
\bar{B}_2	B ₂ ortalaması
\bar{P}_1	P ₁ ortalaması
\bar{P}_2	P ₂ ortalaması
\bar{F}_2	F ₂ ortalaması
$R\bar{F}_2$	RF ₂ ortalaması
\bar{x}	x ortalama
σ^2	Varyans
KT	Kareler toplamı
SDS	Sodyum Dodesil Sülfat (Sodium Dedocyl Sulfate)

1. GİRİŞ

Dünyada olduğu gibi ülkemizde de buğday geniş adaptasyon kabiliyeti ve temel gıdaların başında yer alması sebebiyle stratejik ürün olma özelliğini korumaktadır. Türkiye’de 2007 yılında toplam buğday üretiminin (17.234 milyon ton) %16’sını (2.709 milyon ton) makarnalık buğday oluşturmuştur (Anonim, 2009a).

Poaceae familyasının triticum cinsi içerisinde yer alan ve *Triticum turgidum* L. ssp. *durum* (Desf.) tür adı ile adlandırılan makarnalık buğday allotetraploid bir tür olup kromozom sayısı 28 (2n)’dir. Buğdayın çeşitlilik ve kültüre alınma merkezi (Zohary ve Hopf, 1993) olan Türkiye’de 8000 yıldan fazla zamandan beri buğday tarımı yapılmaktadır (Brush ve Meng, 1998).

Yüksek tane verimi ve yüksek protein içeriği ile birlikte elverişli öğütülme ve pişme kalitesi buğday ıslahında temel seleksiyon kriteridir (Cho ve ark., 2001). Bitki boyu, başak uzunluğu, başakta başakçık sayısı, başakta tane sayısı ve bin tane ağırlığı diğer seleksiyon kriterlerinden bazılarıdır (Chowdhry ve ark., 1992; Lariak ve ark., 1995). Sıcak çevrelerde saf hatlar arasında verim farklılığı kanopi sıcaklığı ile ilişkilidir ve yüksek verim potansiyeli için seleksiyonda düşük kanopi sıcaklığına sahip hatlar seçilebilir (Reynolds ve ark., 1998). Makarnalık buğdayda protein içeriği ile makarna pişme kalitesi yüksek oranda pozitif ilişkilidir (Autran ve Galterio, 1989; Dexter ve Matsuo, 1980). Protein içeriği çevreden etkilendiği gibi tane verimi ile de negatif ilişki içindedir (Cox ve ark., 1985).

Kardeşlenme ve taslakların oluşumu olaylarını içeren ekimden başaklanmaya kadar olan süre genotipin ışıklanma süresi gereksinimi ve sıcaklığa tepkisine göre değişir (Klaimi ve Qualset, 1973; Flood ve Halloran, 1986). Taslakların oluşumu safhasında en önemli verim unsurlarından ikisi olan başakta başakçık sayısı ve başakta tane sayısı şekillenir (Przuij ve Mladenov, 1999). Buğdayda tane ağırlığı genelde eklemeli gen etkilerinin kontrolü altındadır (Ketata ve ark., 1976).

Makarnalık buğdayda kalite kriterlerinin en önemlileri protein içeriği, gluten kuvveti, pigment miktarı ve oksidatif enzim aktiviteleridir. Glu-B3 lokusunda bulunan LMW-2 glutenin ile Glu-B1 lokusunda bulunan γ -45 gliadin proteinleri

gluten kuvveti ve yüksek pişme kalitesi ile ilgili en önemli proteinlerdir (Yıldırım ve ark., 2008).

İstatistik genetik; ortalamalar, varyanslar, kovaryanslar ve genetik terimler arasındaki korelasyonlar gibi istatistiki kriterleri açıklayarak genetik olayları analiz eder. Analizler genlerin birbiriyle etkileşimi ile ilgili eklemeli etki, baskınlık, allelik olmayan interaksiyon, bağlılık (linkage) gibi genetik olaylar üzerinden yapılır. Bu istatistiki yaklaşım; soy bakımından bir biriyle ilişkili olan farklı açılan ve açılmayan generasyonları incelemeyi mümkün kılar (Özberk ve Kırtok, 2003).

Temel generasyonlarda üzerinde çalışılan özellik için dominans ve eklemeli varyans var ise seleksiyondan beklenen tepkinin tahmini için öncelikle dar anlamda kalıtım derecesinin tahmini gerekmektedir (Collaku ve Harrison, 2005). İki saf hattın melezlemesinden elde edilen ana, baba, F₁, F₂ ve geriye melezlerden oluşan temel generasyonlar detaylı istatistiki genetik analizler için geniş imkanlar sunmakta ve genetik kontrol hakkında büyük miktarda bilgi üretmeye imkan sağlamaktadır (Mather ve Jinks, 1982).

Klasik Mendel analizi çalışmalarında karakterler sınırlı sayıda genden etkilenir (bir, iki ya da daha çok) ve bunları farklı fenotip sınıflarına ayırmak kolaydır. Bir çok karakter farklı derecelerde açılımlar gösterir ve farklı fenotipik sınıflara ayrılamaz ki bu karakterlere kantitatif karakter denilir. Bir fenotip için genetik katkı eklemeli genetik etkiler ve baskın açılımlar olmak üzere iki ana kaynağa bölünebilir (Ammassari ve ark., 1992). Fenotipik varyasyonlar; genotip ve çevredeki varyasyonların toplam etkisiyle ortaya çıktığı için bu iki faktör arasındaki interaksiyon ve kovaryansın toplamıdır (Camhi, 1993).

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde üretilen makarnalık buğdaylar tane rengi, Sodyum Dedosil Sülfat (SDS) sedimantasyon değeri, camsı tane gibi kalite özellikleri bakımından farklılıklar göstermektedir. Amber tane ve bulgur rengi veren yeterli sayıda çeşit mevcut değildir. Yeni geliştirilen çeşitlerin makarnalık buğday piyasasında yer edinebilmesi için çeşit geliştirme çalışmalarında yüksek verim ile birlikte bu durumun da değerlendirilmesi gerekmektedir.

Bu çalışmada; Güneydoğu Anadolu Bölgesi için makarnalık buğday çeşit geliştirme çalışmalarında kullanılmak üzere Fırat-93 ile Özberk makarnalık buğday çeşitleri ve bu anaçlardan elde edilen döller üzerinde bazı karakterlerin kalıtımı

araştırılmıştır. İncelenen özellikler için belirlenen dominans varyans, eklemeli varyans, dar anlamda kalıtım derecesi ve geniş anlamda kalıtım derecesi değerleri aracılığıyla bu özelliklerin buğday ıslahında seleksiyon kriteri olarak uygunluğu araştırılarak tartışılmıştır. İncelenen özelliklerin kalıtımında rol oynayan genetik olaylar araştırılarak hangi özellikler için seleksiyonun daha erken generasyonda yapılabileceği konusunda bilgi üretilmeye çalışılmıştır. Elde edilen veriler devam etmekte olan buğday ıslah çalışmasında kullanılacaktır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Warner (1952), buğdayda protein oranı için dar anlamda kalıtım derecesini yüksek (% 40.6) bulduğunu ve bu karakter için bu oranda bir dar anlamda kalıtım derecesi ile erken generasyonda seleksiyonda başarı sağlanabileceğini bildirmiştir.

Johnson ve ark. (1966), ABD’de buğdayda bitki boyu, tane ağırlığı ve erkencilik üzerine yaptıkları bir çalışmada; bitki boyunun eklemeli etkide üç, tane ağırlığının ve erkenciliğin birer gen çifti tarafından idare edildiğini bildirmişlerdir.

Amaya ve ark. (1972), ABD’ de yürüttükleri bir çalışmada; buğdayda tane veriminde allelik olmayan interaksiyonların varlığını, erkencilik ve bitki boyunda sadece eklemeli etki, dominans etki ve çevresel etki tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Sun ve ark. (1972), ABD’de yaptıkları bir çalışmada; buğdayda tane veriminde allelik olmayan interaksiyonların varlığını, erkencilik ve bitki boyunda sadece eklemeli etki, dominans etki ve çevresel etki tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Ketata ve ark. (1976), ABD’de yürüttükleri bir çalışmada; buğdayda erkencilik için yüksek, bitki boyu ve tane ağırlığı için orta derecede dar anlamda kalıtım derecesi (h^2_n) değeri, tane verimi için ise düşük h^2_n değeri bulduklarını bildirmişlerdir.

Johnston ve ark. (1983), ABD’de yürüttükleri bir çalışmada; buğdayda irmik renginin kalıtımının % 82 eklemeli genetik varyasyon kontrolünde olduğunu, bu karakterin dar anlamda kalıtım derecesinin % 31 olduğunu bildirmişlerdir.

Bhatiya ve ark. (1987), Hindistan’da yaptıkları çalışma sonucunda; buğdayda tane verimi ve verimle ilişkili bazı karakterler için eklemeli ve eklemeli olmayan genetik etkiler tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Merrit (1988), tek saplı ve çok saplı iki ekmeklik buğdayı melezleyerek elde ettiği temel generasyonlar üzerinde sap sayısının kalıtımı çalışmasında; F_1 ’in anaç ortalamasından belirgin şekilde sapmasının önemli derecede eklemeli olmayan gen etkilerini gösterdiğini, Mather (1949)’in skala testi ve birleşik skala testi ile epistazinin varlığını belirlediğini, eklemeli x eklemeli ve eklemeli x dominans gen

etkileri oldukça önemli iken Hayman (1960)'ın 6 parametre modeli ile sap sayısındaki varyansa en çok katkıda bulunan negatif dominans etkiyi açıkladığını bildirmiştir.

Özberk ve Özberk (1993), Diyarbakır'da yaptıkları bir çalışmada; makarnalık buğdayda verim ve verim öğeleri arasındaki ilişkilerin doğrusaldan ziyade parabolik olduğunu bildirmişlerdir.

Dhaliwal ve ark. (1994), Suriye'de yaptıkları bir çalışmada buğdayda protein içeriğinin eklemeli etki ile birlikte iki baskın gen tarafından kontrol edildiğini tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Simon (1999), buğdayda 4 farklı melezen elde ettiği temel generasyonlar üzerinde yaptığı bir çalışmada her hangi bir kantitatif özellik için dominans ve epistatik etkilerin varlığı durumunda bu özellik için seleksiyonun geciktirilmesinde fayda olduğunu bildirmiştir.

Ayeneh ve ark. (2002), New Mexico'da 13 buğday çeşidi ile yürüttükleri bir çalışmada; bayrak yaprağı, başak, başak sapı yüzeyi ve kanopi sıcaklığını ölçtüklerini bayrak yaprağı yüzey sıcaklığı ve kanopi sıcaklığı ile tane verimi arasında pozitif ilişkiler tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Kaya ve ark. (2002), Konya koşullarında makarnalık buğdayda 4x4 tam diallel melezlemesinden elde ettikleri bir makarnalık buğday popülasyonu ile yürüttükleri çalışmada; bitki boyu, başak boyu, başak ağırlığı, başakta tane sayısı, başakta tane ağırlığı, başakta başakçık sayısı, en üst boğum arası (peduncle) uzunluğu ve başaklanma süresi ile tane verimi arasında pozitif ilişkiler tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Tosun ve Altınbaş (2002), yabani makarnalık buğday ile makarnalık buğday çeşitlerini melezleyerek elde ettikleri döller aracılığıyla yaptığı bir çalışmada; tane protein içeriği, bin tane ağırlığı ve sedimantasyon değerinin kalıtımının dominantlık etkilerinin eklemeli etkilerden daha önemli olduğunu, tane protein içeriği ve kalitesi için F₃ ve F₄ generasyonlarında yapılacak seleksiyonların pek başarılı olmayacağını bildirmişlerdir.

Özberk ve Kırtok (2003), buğdayda temel generasyonlar üzerinde yürüttükleri bir çalışmada; bitki boyu için düşük, başak boyu için orta derecede yüksek, bin tane ağırlığı için yüksek dar anlamda kalıtım derecesi tespit ettiklerini bildirmişlerdir. Bitki boyu seleksiyonunun geciktirilmesinde fayda olduğunu, başak boyu ve bin tane ağırlığı için seleksiyonun erken yapılmasında sakınca olmadığını belirtmişlerdir.

Sharma ve ark. (2003), makarnalık buğdayda temel generasyonlar ve ikinci geri melezlerle yaptıkları çalışmada; başak boyunun genetik kontrolünde eklemeli olmayan gen etkilerinin önemli derecede rol oynadığını bildirmişlerdir.

Novoselović ve ark. (2004), iki ekmeklik buğday melezinden elde ettikleri temel generasyonlarda bazı kantitatif karakterlerin genetik varyasyonlarını ve gen etkilerini belirlemek için yürüttükleri bir çalışmada; bazı özellikler için generasyon ortalamalarındaki varyasyonu açıklamada iki genli epistatik modelin yeterli bulunduğunu, bitki boyu ve en uzun sapa ait başakta tane ağırlığı için eklemeli dominans modelin yeterli olduğunu, bitki başına tane verimi ve tek tane ağırlığı için ilişkili lokuslar arasındaki interaksiyonlar ya da daha yüksek dizide interaksiyonlar içeren generasyon ortalamalarındaki varyasyonu açıklamada her iki modelinde yetersiz kaldığını, dominans etkiler ve eklemeli x eklemeli epistazinin eklemeli etkilerden ve başka epistatik öğelerden daha önemli bulunduğunu, sadece epistazinin eklemeli tipinin ortaya çıktığını, dar anlamda kalıtım derecesinin bitki boyu için % 54-81, bitki başına başak sayısı için % 9-76, başakta tane sayısı için % 11-99.8, başakta tane ağırlığı için % 23-73, bitki başına tane verimi için % 49.7-72, olarak belirlendiklerini bildirmişlerdir. Ayrıca analiz edilecek özellikler için varyansın genetik öğeleri ve gen etkilerinin belirginliği ve kalıtımın belirli bir modelinin yeterliliğinin deneme yeri ve özel melezleme kombinasyonuna bağlı olduğunu bildirmişlerdir.

Oak ve ark. (2004), makarnalık buğdayda yaptıkları bir çalışmada; protein içeriği ve tane kalınlığının geniş anlamda kalıtım derecesi düşük bulunurken gluten gücü, tane boyu, tane eni, bin tane ağırlığı ve hektolitre ağırlığının geniş anlamda kalıtım derecesi nispeten yüksek bulunduğunu bildirmişlerdir.

Sharma ve Sain (2004), makarnalık buğdayda temel generasyonlar ve ikinci geri melezlerle yaptıkları çalışmada; başakta tane sayısının genetik kontrolünde eklemeli gen etkilerinin önemli derecede rol oynadığını bildirmişlerdir.

Collaku ve Harrison (2005), ekmeklik buğdayda su kesmesine toleransın kalıtımı üzerine 4 farklı F₂ açılım generasyonundan elde ettikleri 80 aile ile yürüttükleri bir çalışmada; üzerinde çalıştıkları bütün özelliklerde eklemeli varyans ve dominans varyans mevcut olduğunu, eklemeli varyansın kesin değerinin başak ağırlığı, klorofil içeriği ve bitki boyu için dominans varyanstan yüksek olduğunu, tane verimi ve başak sayısı için eklemeli varyansın dominans varyanstan oldukça düşük olduğunu ve bu özelliklerin dominans etkilerin güçlü kontrolü altında olduğunu, temel generasyonda başak sayısı ya da tane verimi için seleksiyonun başak ağırlığı ya da klorofil içeriği için yapılan seleksiyon kadar etkili olmayacağını ve üzerinde çalışılan özellikler için genotip x çevre interaksiyonunun önemli bir varyans ögesi olduğunu, incelenen özellikler arasında bitki boyunun en yüksek dar anlamda kalıtım dercesine (% 54) ve yüksek bir standart hataya sahip olduğunu, tane veriminin kalıtımının da yüksek standart hataya sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Santra ve ark. (2005), makarnalık buğdayda temel generasyonlar ve F₂ populasyonları üzerinde Hindistan'da yaptıkları bir çalışmada; melezlerin çoğunda düşük beta-karoten içeriği yönünde kısmi baskınlık tespit ettiklerini, beta-karoten içeriği için geniş anlamda kalıtım derecesini % 67 ile 93 arasında tahmin ettiklerini, F₂ populasyonlarında frekans dağılımının normal olmayıp düşük ebeveyne doğru bir yönelme olduğunu, 6 F₂ populasyonunda beta-karoten içeriğinin en az 2 majör gen ve 2 ya da 3 minör genin etkisi altında şekillendiğini ve birleşik skala testi sonucunda eklemeli x eklemeli (i), eklemeli x baskın (j), baskın x baskın (l) epistatik gen etkileşimleri tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Clarke ve ark. (2006), makarnalık buğdayda sarı renk pigmentinin kalıtımı üzerine yaptıkları bir çalışmada; sarı renk pigmentinin kalıtımının tek yönlü transgresif açılımı kanıt göstererek çok genli olduğunu, pigment konsantrasyonunun geniş anlamda kalıtım derecesinin çok yıl ve çok lokasyon sonuçlarına göre yüksek (% 88-95) ancak yıl ya da lokasyon tekrarı olmayan bir melezde düşük olduğunu (% 34) bildirmişlerdir.

Yağdı ve ark. (2007), makarnalık buğdayda verim ve kalite ile ilişkili bazı özelliklerin kalıtımı üzerine yaptıkları bir çalışmada; başakta tane sayısı ve başakta tane ağırlığı için çevresel varyans, bitki boyu ve başak boyu için genetik varyans, tohum verimi ve sedimantasyon değeri için genotip x çevre interaksyonu varyans öğelerinin önemli bulunduğunu, geniş anlamda kalıtım derecesini başak boyu için % 35.48, bitki boyu için % 9.07, başakta tane sayısı için % 2.97, başakta tane ağırlığı için % 3.0, tane verimi için % 5.61 ve sedimantasyon değeri için % 13.89 olarak tahmin ettiklerini bildirmişlerdir.

Bilgin ve ark. (2008), 17 farklı makarnalık buğday çeşidi ile 3 lokasyonda (Tekirdağ, Lüleburgaz ve Edirne) ve 2 yıl süreyle (2001-2002 ve 2002-2003) yürüttükleri bir çalışmada; en yüksek varyasyona sahip özelliklerin başakta tane ağırlığı, başakta tane sayısı, başak boyu ve tane verimi olduğunu, tane veriminin öncelikli olarak bin tane ağırlığı, hektolitre ağırlığı, başakta tane ağırlığı ve agroekolojik şartlara bağlı olduğunu, bununla birlikte lokasyon, üretim sezonu ve genotiplerin çeşitlerin potansiyel verimini belirleyen en önemli unsurlar olduğunu bildirmişlerdir.

Patil ve ark. (2008), makarnalık buğdayda sarı renk pigmenti ile ilgili bir majör QTL'in moleküler haritalaması üzerine yaptıkları çalışmada; kromozom 1A, 3B, 5B, 7A ve 7B üzerinde 5 farklı QTL belirlediklerini, bunlardan en güçlüsünün 7A kromozomunun uzun kolu üzerine yerleşmiş *QYp.macs-7A* olduğunu ve sarı renk pigmentindeki varyasyonun % 55.22'sini açıkladığını diğer QTL'lerin ise sarı renk pigmentindeki fenotipik varyasyonun % 5-8.75'ini açıkladığını bildirmişlerdir.

Pehlivan ve ark. (2008), 371 adet makarnalık buğday örneği ile yürüttükleri bir çalışmada; ırmikte sarı renk ile ilgili b değerinin 15.59 ile 26.89 arasında değiştiğini ve çoğunlukla 19 ile 23 arasında yer aldığını bildirmişlerdir.

Reimer ve ark. (2008), makarnalık buğdayda yaptıkları bir kantitatif özellik lokus (QTL) analizi sonucunda; sarı renk pigmenti ile ilişkili markörlerin makarnalık buğday genomunun bütün kromozomlarında bulunduğunu ancak daha çok grup 7 kromozomlarında yoğunlaştığını, birkaç markörün 1, 2 ve 3 no'lu kromozomlarda tespit edildiğini, bir *phytoene synthase* geni olan *Psy1-B1* geninin de sarı renk pigmenti için bir aday gen olduğunu bildirmişlerdir.

Yalvaç ve ark. (2008), 5 ekmeklik ve 5 makarnalık buğday çeşidi ile yaptıkları bir çalışmada; makarnalık buğdayda SDS sedimantasyon değerinin 13.8 ml ile 24.5 ml arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Yıldırım ve ark. (2008) makarnalık kalitesi açısından Türk buğdaylarının genlerini inceledikleri bir çalışma sonucunda; Fırat-93 çeşidinin Glu-B3 lokusunda bulunan LMW-2 glutenin ile Glu-B1 lokusunda bulunan γ -45 gliadin proteinlerini taşıdığını bildirmişlerdir.

Bilgin ve ark. (2009), makarnalık buğday yerel çeşitleri ve güncel çeşitleri ile Tekirdağ'da yaptıkları bir çalışmada geniş anlamda kalıtım derecesini; camsı tane oranı için % 85, hektolitre ağırlığı için % 44 ve tane verimi için % 33 olarak tahmin ettiklerini bildirmişlerdir.

Patil ve ark. (2009), makarnalık buğdayda kalite özellikleri ile ilgili QTL'lerin moleküler haritalaması üzerine yaptıkları bir çalışmada; *Glu-B1* ve *Glu-B2* lokuslarının sedimantasyon için QTL etkisine sahip olduğunu, 1B, 4B, 7A ve 7B kromozomlarının gluten gücü ve tane protein içeriğini artırmak için önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Singh ve ark. (2009), makarnalık buğdayda *Psy1-A1* geni üzerinde yaptıkları bir çalışmada; *Psy1-A1* geninin 7A kromozomun uzun kolu üzerinde ve *Xwmc809* geni yakınlarında haritalandığını, bu kromozom üzerinde sarı renk pigmentiyle ilgili bir QTL tanımlandığını, ikinci bir QTL'in de *Psy1-A1* genine yaklaşık olarak 25 centimorgan (cM) uzaklıkta bulunduğunu, sarı renk pigmentiyle ilgili olan *Psy1* ve başka en az bir genin 7A kromozomunun uzun kolunda yer aldığını bildirmiştir.

Yağdı (2009), makarnalık buğdayda yaptığı path analizi sonucunda; dört yıllık deneme süresince bitki sıklığı, başakta tane ağırlığı ve bin tane ağırlığının verimi artırdığını bitki boyu ve başakta tane sayısının ise tane verimi üzerine negatif etkiye sahip olduğunu bildirmiştir.

Yağdı ve Sözen (2009), makarnalık buğdayda verim ve kalite ile ilişkili bazı özelliklerin kalıtımı üzerine yaptıkları bir çalışmada; başakta tane sayısı, başakta tane ağırlığı, bin tane ağırlığı için çevresel varyansın önemli, tohum verimi, gluten içeriği ve protein içeriği için genotip x çevre interaksiyonu varyans ögesinin önemli ve SDS sedimantasyon değeri için çevresel varyans ve genotip x çevre interaksiyonu varyans

öğesinin önemli bulunduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca geniş anlamda kalıtım derecesi değerlerini % 0.72 ile % 30.43 arasında tahmin ettiklerini ve en düşük geniş anlamda kalıtım derecesinin SDS sedimantasyon değeri için (% 0.72), en yüksek kalıtım derecesinin başak boyu için (% 30.43) tahmin edildiğini bildirmişlerdir.

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Araştırma Materyali ve Tarla Denemeleri

Araştırmada Güneydoğu Anadolu Bölgesi için tescil edilen makarnalık buğday çeşitleri Özberk ve Fırat-93 (Çizelge 3.1) ile bu anaçların melezlemesinden elde edilen döller (P₁, P₂, F₁, RF₁, F₂, RF₂, B₁, RB₁, B₂, RB₂) materyal olarak kullanılmıştır. Tarla çalışmaları ve denemeler Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi deneme alanlarında 2005-2006 ve 2007-2008 üretim sezonlarında yürütülmüştür.

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan anaçların pedigrisi ve bazı özellikleri

Çeşit Adı	FIRAT-93	ÖZBERK
Melez ve Pedigrisi	AA"S"/VOL"S"//FG"S"/3/SHAW CM27807-G-1M-2Y-1Y-0M	FG"S"/GR"S"//CANDEAII/4/GREB E"S"/3/CTFN/FG"S"//PTL"S"/5/AK B.073.44/YERLİ/6/CARC"S" GD.3043.B.2D.0D.0D.5D.0D
Çeşit Sahibi Kuruluş	Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü	Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi
Tescil yılı	2002	2005
Sap ve Yaprak Özelliği	90-95 cm boyunda, sağlam saplı, dar ve dik yapraklıdır.	95-100 cm boyunda, sağlam saplı, dar ve dik yapraklıdır.
Başak Yapısı	Koyu gri veya siyah renkte, kılıçlı 7-9 cm uzunlukta, fusiform başak yapısındadır.	Füme renkli, kılıçlı, 6-7 cm uzunlukta, sık mekik şekillidir.
Tane ve Kalite Özellikleri	Koyu kahverengi, iri. 1000 tane ağırlığı 45-55 g, hektolitre ağırlığı 77-83 kg, Protein içeriği % 13-17, sedimantasyon değeri 12-28, camsılığı % 95- 100	Tane kahverengi renkte, iri. 1000 tane ağırlığı 48-52 g, hektolitre ağırlığı 82-84 kg, Protein içeriği % 12.3-15.5, sedimantasyon değeri 25, ve camsılığı % 90-100
Tarımsal Özelliği	Yazlık yetiştirme tabiatlıdır.	Yazlık yetiştirme tabiatlıdır.
Tane Verimi	Sulanan koşullarda 500-600 kg/da Yağışa dayalı koşullarda 350- 400 kg/da	Sulanan koşullarda 570-600 kg/da Yağışa dayalı koşullarda 350-400 kg/da

(Özberk ve Özberk, 2008)

Araştırmanın birinci yılında bir önceki yıl (2004-2005 sezonunda) hazırlanan F₁ döller (F₁, RF₁) ve anaçlar GAP Eğitim Yayım ve Araştırma Enstitüsü Koruklu İşletmesinde ardışık olarak 2 m uzunluğunda sıralara 50 cm sıra arası mesafe ile melezlemelerde senkronizasyonu sağlamak amacıyla 3 farklı zamanda (15 Kasım,

25 Kasım, 05 Aralık) ekilmiştir. Ekimden hemen önce 20.20.0 kompoze gübre (7 kg da⁻¹ saf azot ve saf P₂O₅ hesabıyla) ve sapa kalkma başlangıcında % 33'lük Amonyum Nitrat (7 kg da⁻¹ saf azot hesabıyla) uygulanmıştır (Coşkun ve Öktem, 2003). Ekim öncesi toprağa tav suyu verilerek ileriki gelişme dönemlerinde yağış durumu ve bitkilerin ihtiyacına göre 2 defa sulama yapılmıştır. Bitkilerin kuş ve benzeri zararlılardan korunması amacıyla melezleme alanına örgülü tel kullanılarak yapılan sera tipi kafes kurulmuştur.

Melezlemeler; F₁ ve RF₁'ler ile anaçları arasında 2006 yılı Nisan-Mayıs aylarında yapılmıştır. Başaklanma başlangıcında (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 50) emaskülasyonlara (erkek organların çiçekten uzaklaştırılması) başlanmış ve emasküle edilen başaklar 3 gün sonra tozlanmıştır. Tozlamadan 1 hafta sonra melezlerde tane tutma kontrol edilmiştir. Melezleme programına göre her birey için en az 20 başak üzerinde melezleme yapılmıştır. Mezlenen başaklar aileler itibarıyla tam olum döneminde hasat edilmiştir. Temel generasyonlar saf çeşit/hat (P₁, P₂) ile bu anaçların melezi (F₁) ve bu melezlerden elde edilen generasyonları (F₂, B₁, B₂) içerir (Çizelge 3.2).

Çizelge 3.2. Melezlemeler sonucunda elde edilen aileler ve generasyonlar

No	Melezleme	Aileler	Generasyonlar
1	Yok	P ₁	P ₁
2	Yok	P ₂	P ₂
3	P ₁ x P ₂	F ₁	F ₁
4	P ₂ x P ₁	RF ₁	
5	F ₁ x F ₁	F ₂	F ₂
6	RF ₁ x RF ₁	F ₂	
7	F ₁ x RF ₁	RF ₂	
8	RF ₁ x F ₁	RF ₂	
9	P ₁ x F ₁	RB ₁	B ₁
10	P ₁ x RF ₁	RB ₁	
11	F ₁ x P ₁	B ₁	
12	RF ₁ x P ₁	B ₁	
13	P ₂ x F ₁	RB ₂	B ₂
14	P ₂ x RF ₁	RB ₂	
15	F ₁ x P ₂	B ₂	
16	RF ₁ x P ₂	B ₂	

Araştırmanın ikinci yılında (30 Kasım 2007) Çizelge 3.2.'de görülen P₁, P₂, F₁, F₂, B₁, B₂ olmak üzere 6 generasyona ait 16 aileden (P₁, P₂, F₁, RF₁, F₂, RF₂, B₁, RB₁, B₂, RB₂) oluşan materyal sera tipi kafes içerisine 3 tekerrürlü tesadüf blokları deneme

desenine göre ekilmiştir. Parseller 1 m uzunluğunda 30 cm sıra arası ve 10 cm sıra üzeri mesafede iki sıra ve sıralara 10'ar adet tohum gelecek şekilde ekilerek blokların baş ve son kısımlarına 2'şer sıra kenar tesiri ekilmiştir.

Çizelge 3.3'de görüldüğü gibi deneme yılında özellikle bitkilerin suya en çok ihtiyaç duyduğu ilkbahar döneminde aylık toplam yağış miktarı değerleri uzun yıllar ortalamalarına göre oldukça düşük ortalama sıcaklıklar da yüksek gerçekleşmiştir.

Çizelge 3. 3. Şanlıurfa ili uzun yıllar ve deneme yılına (2007-2008) ait iklim verileri

İklim elemanı	EKİM	KASIM	ARALIK	OCAK	ŞUBAT	MART	NİSAN	MAYIS
Ortalama sıcaklık (°C)								
Uzun yıllar	20.18	12.48	7.21	5.68	6.86	10.88	16.09	22.15
2007	20.86	13.59	4.86	-	-	-	-	-
2008	-	-	-	3.70	6.60	14.70	20.05	22.20
Aylık toplam yağış (mm)								
Uzun yıllar	24.47	49.13	74.67	73.68	71.52	69.23	47.82	27.12
2007	25.90	15.40	45.60	-	-	-	-	-
2008	-	-	-	57.10	28.30	12.40	1.80	26.70

(Anonim, 2009b)

Deneme alanı toprakları; alüviyal ana materyalli, düz ve düze yakın eğimli derin topraklardır. Tipik kırmızı profilleri killi tekstürlüdür. Tüm profil çok kireçli olup, organik madde içeriği düşük, kation değişim kapasitesi yüksektir (Dinç, 1988).

3.2. İncelenen Özellikler

Araştırmada üzerinde çalışılan özelliklere ait ölçümler aşağıda belirtildiği şekilde yapılmıştır:

Başaklanma Gün Sayısı (gün): Her parselde 10 örnek üzerinde bitkilerin çıkışından (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 10) başakların % 50'sinin bayrak yaprağından çıktığı güne (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 55) kadar geçen süre gün olarak belirlenmiştir.

Kanopi Sıcaklığı (°C) : Bitkilerin çiçeklenme döneminde (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 65) her parsel için 5 örnek üzerinde kızılötesi termometre (Fluke 62 mini IR Thermometer) kullanılarak saat 12:³⁰-13:³⁰ arasında bayrak yaprağı sıcaklık değerleri ölçümü ile belirlenmiştir.

Bitki Boyu (cm) : Tam olum döneminde (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 92) her parselde 10'ar bitkide kök boğazından itibaren kılçık hariç en üst başakçık ucuna kadar olan kısım ölçülerek belirlenmiştir.

Başakta Tane Sayısı (adet) : Tam olum döneminde (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 92) her parselde 10 bitkiden birer başak ayrı ayrı harmanlandıktan sonra elde edilen taneler sayılarak belirlenmiştir.

Başakta Tane Ağırlığı (g) : Tam olum döneminde (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 92) her parselde 10 bitkiden birer başak ayrı ayrı harmanlandıktan sonra elde edilen taneler tartılarak belirlenmiştir.

Parsel Tane Verimi (g): Tam olum döneminde (Zadoks ve ark., 1974; Gelişim Safhası 92) her parseldeki bitkiler orakla hasat edilip harmanlanarak tartılmış ve daha önceki örneklemelemlerde kullanılan tanelerin ağırlıkları da ilave edilerek parsel verimi olarak belirlenmiştir.

SDS Sedimentasyon (ml): Sedimentasyon testleri her parselden elde edilen tane ürününden "AACC 56-70" metodu kullanılarak yapılmıştır. Metoda göre; 1 milimetre gözenekli kırma değirmeninde öğütülen örnekten nem esasına göre (% 14) 6.3 g tartılarak içerisinde 50 ml destile su bulunan sedimentasyon silindirlerine konulmuştur. Topaklanma oluşmaması için silindirler 15 sn hızlıca çalkalanmıştır. Daha sonra yatay konumda 12 defa (5 sn) çalkalanmıştır ve tezgah üzerinde yatay konumda bekletilmiştir. 2., 4. ve 6. dakikalarda 10 defa (15 sn) çalkalanmıştır. 6. sn çalkalamasından hemen sonra silindirler tezgah üzerine dik konumda bırakılıp kapakları açılarak üzerine 50 ml SDS çözeltisi ilave edilmiştir. Zaman tutularak silindir içeriği ters yüz edilmiş ve daha sonra 10 defa (15 sn) ters yüz edilerek tezgah üzerinde yatay konumda beklemeye konulmuştur. 2. ve 4. dakikalarda tekrar 10 defa ters yüz edilerek dik konumda beklemeye bırakılmıştır. 20. dakikadan sonra okuma yapılarak ml cinsinden SDS sedimentasyon değerleri belirlenmiştir (Anonymous, 1983).

Tane Rengi: kırmada b değeri HunterLab ColorQuest XE (HCL-405) ile okuma yapmak suretiyle (D65/%10) belirlenmiştir (Anonymous, 2001).

3.3. İstatistik – Genetik Analizler

3.3.1. Varyans analizleri

Ölçülen her bir karakter için aileler üzerinden hiyerarşik varyans analizleri JMP 5 bilgisayar programı (Anonymous, 2002) kullanılarak yapılmıştır. Bu analizler; aileler arasındaki genetik farklılıklar, resiproklar arasında ana veya babadan kaynaklanan farklılıklar, dış çevre şartlarına tepkideki farklılıkların tespitine imkan sağlamıştır.

F₁, F₂, B₁ ve B₂ generasyonlarının resiprokları, anneye ve babaya dayalı etkileri test ederek karşılaştırmak için türetilmektedir. Resiproklu aileler arasındaki anaya bağlı etkilerin varlığını tespit için “t” testi kullanılmıştır. “t” testi normal ve resiprokal generasyon ortalamaları (\bar{F}_1 , $R\bar{F}_1$) arasındaki farklılıkları tespit etmek üzere uygulanmış ve aşağıdaki şekilde formüle edilmiştir:

$$t_{(SD)} = (\bar{F}_1 - R\bar{F}_1) \div \sqrt{\delta^2 F_1 + \delta^2 R F_1} \quad (3.1)$$

$$SD = SDF_1 + SDRF_1$$

“t” testi için ortalamalar ve aile içi varyans değerleri kullanılmıştır (denklem 3.1).

3.3.2. Allelik olmayan interaksiyonların testi (Epistazi)

Ortalama öğeleri ve allelik olmayan interaksiyonların tespiti için “Birleşik Skala Testi” kullanılmıştır (denklem 3.2). İlk kez Cavalli (1952) tarafından uygulanan test, parametrelerin maksimum olasılık tahminleri yoluyla tahmin edilemesine olanak vermiştir.

$$\hat{M} = J^{-1}S \quad (3.2)$$

\hat{M} = parametreleri belirleyen vektör sütun
 S= Sonuçların matrixi (normal denklemin sağ tarafı)
 J= bilgisel matrix
 J⁻¹= J'nin tersi (varyans-kovaryans matrixi)

Generasyon sayısı yeterli olduğu zaman (ortalama sayısı > generasyon sayısı) modelin yeterliliği, n-p serbestlik dereceli, generasyon ortalamalarının beklenen değerleri ile gözlenen değerleri arasında ağırlıklı sapmaların karşılaştırılması olan khi kare (χ^2) testi ile test edilir (denklem 3.3).

$$\chi^2_{(n-p)} = \sum (\bar{O}_i - \bar{E}_i) W_i \quad (3.3)$$

n: istatistik sayısı

p: parametre sayısı

\bar{O}_i : i. generasyonun gözlenen ortalaması

\bar{E}_i : i. generasyonun beklenen ortalaması

W_i : i. generasyonun ağırlıklı değeri = $1/Se^2 = 1/V\bar{x}$

$V\bar{x}$: i. generasyonun ortalamasının varyansı

Se: i. generasyonun ortalamasının standart hatası

3.3.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testi

Açılmayan generasyonlarda (P_1 , P_2 , ve F_1) varyansların homojenliği F testi ve Bartlett testi yapılarak belirlenmiştir (denklem 3.4, 3.5 ve 3.6). Eğer bu varyanslar homojen değilse en iyi uyumlu modelin tespiti için ayrı E ögeleri (P_1 için E_1 , P_2 için E_2 ve F_1 için E_3) gereklidir. Bartlett testi M/C şeklinde hesaplanan (a-1) serbestlik dereceli bir χ^2 değeridir.

$$M = 2.3026 \left[\sum^n (df_i) \log s_i^2 \right] - \sum^n df_i \log \bar{s}^2 \quad (3.4)$$

$$\bar{s}^2 = \left(\sum^n df_i \cdot s_i^2 \right) / \left(\sum^n df_i \right) \quad (3.5)$$

$$C = 1 + 1/3(a-1) \left(\sum^n 1/df_i - 1/\sum^n df_i \right) \quad (3.6)$$

s_i^2 = i. varyans

a = varyans sayısı

df_i = i. varyansın serbestlik derecesi

3.3.4. Ortalama ve varyans öğeleri tahminleri

Ortalama öğelerinin hesaplanmasında Mather ve Jinks (1982)'in belirttiği şekilde \bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{F}_1 ve anaç ortalama değeri (mp) kullanılmış olup ($\bar{P}_1 = m-d$, $\bar{P}_2 = m+d$, $\bar{F}_1 = m+h$) sonuçta “d” ve “h” değerleri tespit edilmiştir.

Kalıtımsal ve kalıtımsal olmayan ikinci derece istatistikler (varyanslar) Mather ve Jinks (1982) tarafından açıklanmıştır. Buna göre;

D = eklemeli genetik varyans: Bir karakter bakımından anne ve babanın farklılık gösterdiği tüm lokuslarda olan eklemeli sapmaların kareleri toplamı olarak ifade edilir. $D = \sum_{i=1}^k di^2$ şeklinde formüle edilir.

H = Dominant genetik varyans: Bir karakter bakımından anne ve babanın farklılık gösterdiği tüm lokuslarda olan dominant sapmaların kareleri toplamı olarak ifade edilir. $H = \sum_{i=1}^k hi^2$ şeklinde formüle edilir.

F = İnteraksiyon varyansı: Eklemeli ve daminant lokuslar arasındaki interaksiyon olarak ifade edilir. $F = \partial^2 B_2 - \partial^2 B_1$ olarak formüle edilir.

E (E_w) = Kalıtımsal olmayan varyans: $1/3 (\partial^2 P_1 + \partial^2 P_2 + \partial^2 F_1)$ şeklinde formüle edilir.

E_b = Aile ortalamaları arasındaki kalıtımsal olmayan varyans.

Varyans öğelerinin (D, H, F, E) hesaplanmasında Hayman (1960)'ın belirttiği “*ağırlıklı en küçük kareler*” yöntemi (denklem 3.7) kullanılmıştır.

$$W_i = df_i / 2V_i^2 \quad (3.7)$$

W_i : i. kareler ortalamasının (varyans) ağırlığı

V_i : i. kareler ortalaması

df_i : i. kareler ortalamasının serbestlik derecesi

Bu metotta aile varyansları arasında ve içerisindeki parametrelerin katsayıları ve bu ailelerin serbestlik dereceleri kullanılmıştır.

3.3.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

Dominanslık oranı ölçülen her karakter için ayrı hesaplanmıştır (denklem 3.8).

$$\text{Dominanslık oranı; } \sqrt{H/D} \quad (3.8)$$

H: dominans varyans
D: eklemeli varyans

Dominanslık oranı >1 olduğunda açılan lokuslarda over dominans olduğuna karar verilir.

Mather ve Jinks (1982)'e göre yapılan hesaplamalarda hem formülle bulunan (mükemmel uyumlu model) D, H ve E değerleri, hem de bilgisayar programı yardımıyla bulunan (en iyi uyumlu model) D, H ve E değerleri kullanılarak kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Warner (1952)'a göre olan hesaplamalarda ise generasyon varyans değerleri ($\partial^2 B_1$, $\partial^2 B_2$ ve $\partial^2 F_2$) kullanılarak dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilmiştir. Kalıtım dereceleri tahminleri aşağıda belirtildiği şekilde yapılmıştır (denklem 3.9, 3.10 ve 3.11):

Dar anlamda kalıtım derecesi (Mather ve Jinks, 1982):

$$h_n^2 = (1/2 D) / (1/2 D + 1/4 H + E) \quad (3.9)$$

Geniş anlamda kalıtım derecesi (Mather ve Jinks, 1982):

$$h_b^2 = (1/2 D + 1/4 H) / (1/2 D + 1/4 H + E) \quad (3.10)$$

Dar anlamda kalıtım derecesi (Warner, 1952):

$$h_n^2 = [2\partial^2 F_2 - (\partial^2 B_1 + \partial^2 B_2)] / \partial^2 F_2 \quad (3.11)$$

3.3.6. Diğer gen etkileri

Ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla anaya bağlı etki, cinsiyet bağıllığı, heterosis, F_1 ekstremeleri yoluyla 'rd' gibi bazı gen etkileri hesaplanmıştır.

3.3.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama öğeleri tahminleri

Denemelerden elde edilen veriler GENSIM (Anonymous, 1991) bilgisayar programı yardımı ile analiz edilerek ortalama öğeleri tahmin edilmiş ve basit eklemeli dominans modelin yeterliliği test edilmiştir (MEAN FIT analizi).

Öncelikle mükemmel uyumlu model denenmiş (m, [d], [h], [i], [j], [l]), istatistiki olarak önemli bulunmayan parametreler sırasıyla çıkarılarak en iyi uyumlu model (best fit) bulunmuştur. Bu modelde yer alan tüm parametrelerin istatistiki olarak önemli olması ve $(\chi^2)_{(n-p)}$ değerinin istatistiki olarak önemli olmaması dikkate alınmıştır.

3.3.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans öğeleri tahminleri

GENSIM (Anonymous, 1991) bilgisayar programı yardımıyla D, H, F ve E'den oluşan mükemmel uyumlu model test edilmiştir (VAR FIT analizi). İstatistiki olarak önemli bulunmayan parametreler sırasıyla çıkarılarak en iyi uyumlu model (best fit) bulunmuştur. Bu modelde yer alan tüm parametrelerin istatistiki olarak önemli olması ve $(\chi^2)_{(n-p)}$ değerinin istatistiki olarak önemli olmaması dikkate alınmıştır. Dar ve geniş anlamda kalıtım dereceleri buradan elde edilen D, H, F ve E değerleri aracılığıyla bir kez daha tahmin edilmiştir.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

Bu çalışmada Güneydoğu Anadolu Bölgesi için ıslah edilmiş iki makarnalık buğday çeşidinin melezlenmesi ile elde edilen temel generasyonlar üzerinde ölçülen bazı tarımsal karakterlerdeki ortalama ve varyans öğeleri ile kalıtım dereceleri tahmin edilmeye çalışılmıştır. Elde edilen sonuçlar incelenen her bir özellik için aşağıda verilmiştir.

4.1. Başaklanma Gün Sayısı (gün)

4.1.1. Varyans analizleri

Başaklanma gün sayısı için aileler üzerinde yapılan varyans analizi sonuçları Çizelge 4.1'de verilmiştir.

Başaklanma gün sayısı generasyonlara göre ortalama 114.47 gün (\bar{P}_1) ile 115.93 gün (\bar{B}_2) arasında değişmiştir. Çizelge 4.3'de görüldüğü gibi başaklanma gün sayısı için B_1 hariç bütün generasyonlarda aileler arasında istatistiki öneme sahip fark bulunmamıştır. Bu durum bu özellik için anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir. Tekerrürlerin B_1 hariç bütün generasyonlarda istatistiki öneme sahip olmayışı başaklanma gün sayısı bakımından mikro çevresel etkilerin önemli olmadığını göstermektedir. Aile x tekerrür interaksiyonları B_1 ve B_2 generasyonlarında istatistiki öneme sahip iken diğer generasyonlarda (P_1 , P_2 , F_1 ve F_2) istatistiki öneme sahip olmaması ailelere farklı etkide bulunan büyük etkide bir çevresel etkinin veya ölçme hatasının olmadığına işaret etmektedir.

Çizelge 4.1. Başaklanma gün sayısı için aileler üzerinde yapılan varyans analizi sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	0.3399	0.1697	0.1981 ^{öd}
Bireyler/Blok (Hata)	27	23.1273	0.8566	
P₂ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	4.7838	2.3919	2.105 ^{öd}
Bireyler/Blok (Hata)	27	30.6828	1.1364	
F₁ Generasyonu				
Aileler	1	0.0667	0.0667	0.007 ^{öd}
Tekerrürler	2	4.6333	1.1467	2.219 ^{öd}
Aile*tekerrür İnteraksiyonu (Hata)	2	1.0333	0.5167	0.524 ^{öd}
Örnekleme Hatası	54	53.2000	0.9852	
F₂ Generasyonu				
Aileler	3	5.5583	1.1117	2.066 ^{öd}
Tekerrürler	2	12.0167	6.0083	1.673 ^{öd}
Aile*tekerrür İnteraksiyonu (Hata)	6	21.9167	3.5902	6.673**
Örnekleme Hatası	108	58.1000	0.5380	
B₁ Generasyonu				
Aileler	3	17.5583	5.8528	13.970**
Tekerrürler	2	26.1500	13.0750	26.330**
Aile*tekerrür İnteraksiyonu (Hata)	6	10.9167	4.9659	11.839**
Örnekleme Hatası	108	45.3000	0.4194	
B₂ Generasyonu				
Aileler	3	4.0250	1.3417	1.622 ^{öd}
Tekerrürler	2	6.9500	3.4750	2.930 ^{öd}
Aile*tekerrür İnteraksiyonu (Hata)	6	2.0500	1.1841	1.432 ^{öd}
Örnekleme Hatası	108	89.3000	0.8269	

4.1.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan “birleşik skala testi” sonuçları başaklanma gün sayısı için epistazinin olmadığını göstermiştir ($t_{CETVEL(207)} > t_{A(207)} = 0.386$, $t_{B(207)} = 0.298$ ve $t_{C(207)} = 0.109$).

4.1.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri

Anaçların ve F₁'in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett ve F testi sonucunda açılmayan generasyonların varyanslarının homojen olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Bu varyansların ortalaması $[E=(\sigma^2P_1+\sigma^2P_2+\sigma^2F_1)/3=0.9927]$ olan çevresel varyans (E) değerinin varyans öğelerinin tahminleri için

kullanılmasının uygun olduğu anlaşılmıştır. E için birey sayısı (n değeri) ise bu üç ailenin toplam birey sayısı olan 120 olarak alınmıştır.

Çizelge 4.2. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları

Aile	Varyans (σ^2)	n	$F_{\text{hesap}(27,27)}$	$F_{\text{cetvel}(27,27)}$	χ^2	Önemlilik seviyesi
P ₁	0.8566	30	1.33	1.7		Önemli değil
P ₂	1.1364	30				
F ₁	0.9852	60			0.576	Önemli değil

4.1.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 değerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda ($\bar{P}_1 = m-d$ $\Rightarrow 114.47 = 114.80-d \Rightarrow d=0.33$; $\bar{F}_1 = m+h \Rightarrow 115.13 = 114.80+h \Rightarrow h= 0.33$ olarak bulunmuştur. Potens oranı; $|h|/|d|=0.33/0.33=1$ olarak bulunmuştur. Ailelere ait varyanslar üzerinden yapılan hesaplamalar sonucunda ($\frac{1}{2}D=2\sigma^2F_2-(\sigma^2B_1+\sigma^2B_2)=0$; $\frac{1}{4}H=(\sigma^2B_1+\sigma^2B_2)-\sigma^2F_2-E=0$) negatif rakamlar elde edildiği için D ve H değerleri 0 olarak değerlendirilmiş ve tahmin edilememiş olarak yorumlanmıştır.

4.1.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ile dominanslık oranı

D ve H değerleri tahmin edilemediği için başaklanma gün sayısı için dominanslık oranı hesaplanamamıştır. Aynı sebepten dar anlamda ve geniş anlamda kalıtım dereceleri de tahmin edilememiştir.

4.1.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): \bar{F}_1 ve $R\bar{F}_1$ ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan t testi sonucunda ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmamıştır ($t_{60} = (\bar{F}_1 - R\bar{F}_1) / \sqrt{(\sigma^2F_1 + \sigma^2RF_1)} = 0.033 < 1.67 t_{\text{CETVEL}(60)}$). Bu sonuç başaklanma gün sayısı için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir.

Cinsiyet bağıllığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba ($2 F_2$ ailesi) ve RF_1 'lerin baba ($2 F_2$ ailesi) olarak kullanıldığı 4 F_2 ailesinin ortalama ve varyans değerleri üzerinden yapılan t testi sonucunda $(t_{120} = (\overline{RF_2} - \overline{F_2}) / \sqrt{(\partial^2 RF_2 + \partial^2 F_2)}) = 0.308 / 1.63 = 0.189 < 1.98$ $t_{CETVEL(120)}$ aileler arasında istatistiksel olarak önemli fark olmaması başaklanma gün sayısı için cinsiyet bağıllığı olmadığına işaret etmektedir.

Heterosis: Başaklanma gün sayısı için yapılan gözlemlerde $\overline{F_1}$ değerinin $\overline{P_1}$ değerinden yüksek ama $\overline{P_2}$ değeri ile aynı çıkması [Anaçların ortalaması (mp) = 114.80, $\overline{F_1} = \overline{P_2} = 115.13$; $\overline{F_1} > mp = 115.13 > 114.80$] geççilik yönünde bir tam dominanslığın varlığını göstermektedir.

F_1 ekstremleri ve 'rd' : En yüksek F_1 ve en düşük F_1 değeri ile anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\sum d = 2$ ve 'rd' = %16.5 olarak bulunmuştur. Bu durum başaklanma gün sayısını kontrol eden genlerin anaçlardan birinden kaynaklandığını göstermektedir.

4.1.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama öğeleri tahminleri

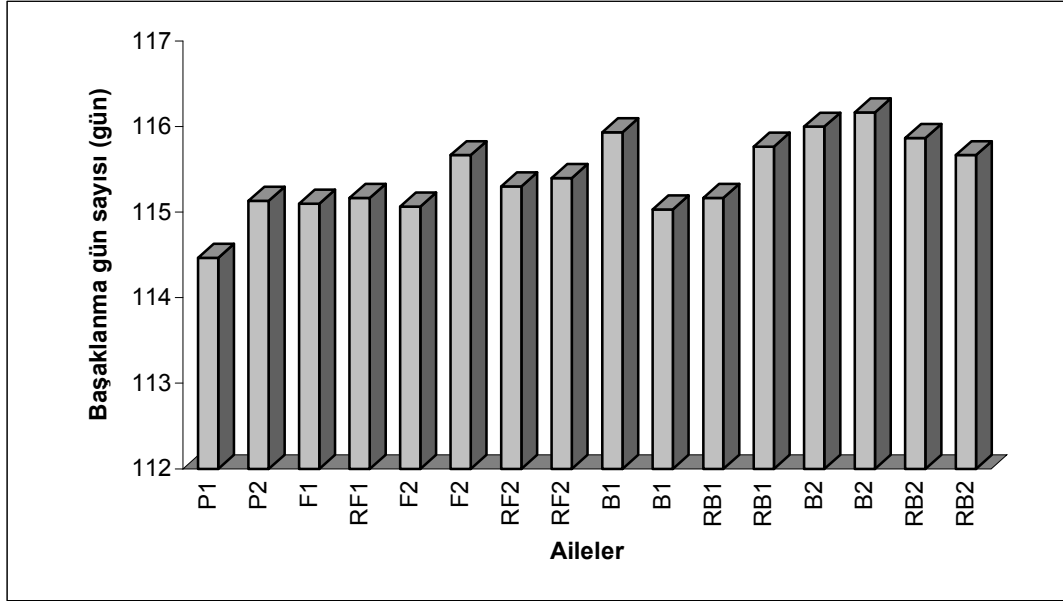
Başaklanma gün sayısı için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler Çizelge 4.3'te verilmiştir.

Çizelge 4.3. Başaklanma gün sayısı için ortalama öğeleri tahminlerinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans (σ^2)	n	$V\bar{x} = \sigma^2/n$	$W = 1/V\bar{x}$
P_1	114.47	0.8566	30	0.0286	35.022
P_2	115.13	1.1364	30	0.3788	26.400
F_1	115.13	0.9852	60	0.0164	60.901
F_2	115.36	0.5380	120	0.0045	223.048
B_1	115.48	0.4194	120	0.0035	286.123
B_2	115.93	0.8269	120	0.0069	145.120

Başaklanma gün sayısı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.1.'de verilmiştir. F_2 'de ana ve babaya göre daha geççi tiplerin ortaya çıkması transgresif açılımlardan kaynaklanmaktadır. Ayrıca genel

olarak B₂'de geççiliğin ortaya çıkması bu özelliğin P₂'den kaynaklandığını göstermektedir.



Şekil 4.1. Başaklanma gün sayısı ortalama değerleri (gün)

Başaklanma gün sayısı için ortalama öğeleri tahminleri bilgisayar programında MEAN FIT analizi ile yapılmış olup elde edilen değerler Çizelge 4.4'te verilmiştir.

Çizelge 4. 4. Başaklanma gün sayısı için en iyi uyumlu modele ait ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
M	113.4606	+/- 0.3561	318.627
[d]	-0.4038	+/- 0.0799	-5.052
[h]	5.9283	+/- 0.8939	6.632
[i]	1.3498	+/- 0.3340	4.041
[j]	-	-	-
[l]	-4.2589	+/- 0.5981	-7.121

² değeri: 0.5335^{od} Serbestlik derecesi: 1

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 karakter için eklemeli ve dominans etkilerin yanında epistatik etkinin de olduğu tespit edilmiştir. Bulgularımız farklı araştırmacıların (Johnson ve ark., 1966; Amaya ve ark., 1972; Sun ve ark., 1972) bildirdikleri ile örtüşmektedir. Ketata ve ark. (1976) ile Özberk ve Kırtok (2003)'ün de belirttiği gibi; [h]'nin pozitif olması yüksek değer veren allel genlere doğru bir yöneliş

olduğunu, [h] ve [l]'nin işaretlerinin zıt olması epistazinin tamamlayıcı tip olduğuna işaret etmektedir.

4.1.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri

Başaklanma gün sayısı için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği Bartlett ve F testi aracılığıyla kontrol edilmiş ve varyansların homojen olduğu anlaşılmıştır. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.5'de verilmiştir.

Çizelge 4.5. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler

Generasyon	Varyans(σ^2)	n
$E = (\sigma^2P_1 + \sigma^2P_2 + \sigma^2F_1)/3$	0.9927	120
F ₂	0.5380	120
B ₁	0.4194	120
B ₂	0.8269	120

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla başaklanma gün sayısı için elde edilen varyans ögeleri tahminleri Çizelge 4.6'da verilmiştir.

Mükemmel uyumlu model denemesinde D ve H parametreleri istatistiki açıdan önemsiz bulunurken, F ve E parametreleri önemli bulunan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. D'nin istatistiki olarak önemli olmayışı başaklanma gün sayısı yönünden anaçlar arasında gerçek genetik farklılık olmadığını göstermektedir. H'nin istatistiki olarak önemli olmayışı ise bu karakter için dominans etkilerin olmadığına işaret etmektedir. Sonuç olarak farklılıkların "eklemeli x dominans varyans" (F) ve çevresel varyanstan (E) kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bulgularımız farklı araştırmacıların (Johnson ve ark., 1996; Amaya ve ark., 1972; Sun ve ark., 1972) bildirdikleri ile örtüşmektedir.

Çizelge 4.6. Başaklanma gün sayısı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	-	-	-
H	-	-	-
F	0.3646	+/- 0.1104	3.302
E	0.9927	+/- 0.1282	7.746

χ^2 değeri: 0.8625^{öd} Serbestlik derecesi: 1

Başaklanma gün sayısı için kalıtım dereceleri D ve H tespit edilemediği için tahmin edilememiştir. Bilgisayar programında elde edilen bulgular ile formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucu elde edilen bulgular örtüşmektedir.

4.2. Kanopi Sıcaklığı (°C)

Kanopi sıcaklığı için temel generasyonlar aracılığıyla elde edilen veriler ve analizlerin sonuçları aşağıda verilmiştir.

4.2.1. Varyans analizleri

Kanopi sıcaklığı generasyonlara göre ortalama 18.22 °C (\bar{F}_2) ile 18.85 °C (\bar{P}_2) arasında bulunmuştur. Varyans analizleri sonucunda B₁ ve B₂ hariç tüm generasyonlarda aileler arasında istatistiki öneme sahip fark bulunmayışı anaya bağlı etkilerin olmadığına işaret etmektedir.

P₂, B₁ ve B₂ generasyonları dışında bütün generasyonlarda tekerrürler arasında istatistiki olarak önemli fark çıkması kanopi sıcaklığı için mikro çevresel etkilerin önemli olduğunu göstermektedir.

Ayrıca B₁ ve B₂ generasyonlarında aile x tekerrür interaksiyonlarının istatistiki önemli bulunması aileler üzerine farklı etkiye sahip çevresel etkinin olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.7. Kanopi sıcaklığı için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	4.3680	2.1840	8.713**
Bireyler/Blok (Hata)	12	3.0080	0.2507	
P₂ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	0.1973	0.0987	0.322 ^{öd}
Bireyler/Blok (Hata)	12	3.6800	0.3067	
F₁ Generasyonu				
Aileler	1	0.0013	0.0013	0.005 ^{öd}
Tekerrürler	2	9.5387	4.7694	11.419**
Aile*tekerrür interaksiyonu	2	0.8347	0.4174	1.550 ^{öd}
Örnekleme Hatası	24	6.4640	0.2693	
F₂ Generasyonu				
Aileler	3	0.9938	0.3313	1.049 ^{öd}
Tekerrürler	2	22.7303	11.3652	15.838**
Aile*tekerrür interaksiyonu	6	4.3057	0.7176	2.272 ^{öd}
Örnekleme Hatası	48	15.1600	0.3158	
B₁ Generasyonu				
Aileler	3	1.9992	0.6664	3.990*
Tekerrürler	2	7.8343	3.9172	4.537 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksiyonu	6	5.1803	0.8634	5.170**
Örnekleme Hatası	48	8.0160	0.1670	
B₂ Generasyonu				
Aileler	3	4.0800	1.3600	5.683**
Tekerrürler	2	1.1573	0.5787	0.431 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksiyonu	6	8.0640	1.3440	5.616**
Örnekleme Hatası	48	11.4880	0.2393	

4.2.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan “birleşik skala testi” sonuçları kanopi sıcaklığı için epistazinin olmadığını göstermiştir ($t_{(102)} = A/\partial^2 A = -0.09 < 1.7 t_{CETVEL(102)}$, $t_{(102)} = B/\partial^2 B = -0.235 < 1.7 t_{CETVEL(102)}$, $t_{(116)} = C/\partial^2 C = -0.274 < 1.7 t_{CETVEL(116)}$).

4.2.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri

Anaçların ve F₁'in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett testi ($\chi^2=0.148$; $P<0.05$) ve açılmayan generasyonlarda en büyük varyansın en küçük varyansa bölünmesi ile yapılan F testi ($F_{hesap(12,12)} = \partial^2 P_2/\partial^2 P_1=1.22<2.7 F_{CETVEL(12,12)}$) sonucunda varyansların homojen olduğu tespit edilmiştir. P₁, P₂ ve F₁ ailelerinin

varyanslarının ortalaması aracılığıyla hesaplanan çevresel varyans (E) değerinin ($E=(\hat{\sigma}^2P_1+\hat{\sigma}^2P_2+\hat{\sigma}^2F_1)/3=0.5726$) varyans ögelerinin tahminleri için kullanılmasının uygun olduğuna karar verilmiştir. E için birey sayısı (n değeri) ise bu üç ailenin toplam birey sayısı olan 60 olarak alınmıştır (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları

Aile	Varyans ($\hat{\sigma}^2$)	n	F _{hesap(27,27)}	F _{cetvel(27,27)}	χ^2	Önemlilik seviyesi
P ₁	0.2507	15	1.22	2.48		Önemli değil
P ₂	0.3067	15				
F ₁	0.2693	30			0.1484	Önemli değil

4.2.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 değerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda ($\bar{P}_1 = m-d \Rightarrow 18.64=18.75-d \Rightarrow d=0.105$, $\bar{F}_1 = m+h \Rightarrow 18.61=18.75+h \Rightarrow h=0.135$) $d=0.105$ ve $h= -0.135$ ve potens oranı ($|h|/|d|=0.135/0.105$) 1.29 olarak bulunmuştur. D= 0.2253 olarak hesaplanırken H hesaplanamamıştır.

4.2.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

Ailelere ait ortalama varyanslar üzerinden yapılan hesaplamalar sonucunda H değeri tahmin edilemediği için dominanslık oranı tespit edilememiştir.

Kanopi sıcaklığı için dar anlamda ve geniş anlamda kalıtım dereceleri Mather ve Jinks (1982) metoduna göre % 44.98 olarak tahmin edilirken, Warner (1952) metoduna göre dar anlamda kalıtım derecesi % 71.34 olarak tahmin edilmiştir. Warner (1952) metodu epistazi olmadığı durumlarda etkili tahminler sunabilir. Bulunan değerler bu karakter için nispeten erken seleksiyon yapılabileceği yönündedir.

4.2.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): \bar{F}_1 ve $R\bar{F}_1$ ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan t testi ($t_{30} = (\bar{F}_1 - R\bar{F}_1) / \sqrt{(\hat{\sigma}^2 F_1 + \hat{\sigma}^2 R F_1)} = 0.08 < 2.04 = t_{CETVEL(30)}$) sonucunda ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmamıştır. Bu sonuç kanopi sıcaklığı için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir.

Cinsiyet bağıllığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba (2 F_2 ailesi) ve $R F_1$ 'lerin baba (2 F_2 ailesi) olarak kullanıldığı 4 F_2 ailesi ortalama ve varyans değerleri üzerinden yapılan t testi sonucunda ($t_{30} = \bar{F}_{1BABA} - R\bar{F}_{1BABA} / \sqrt{(\hat{\sigma}^2 F_{1BABA} + \hat{\sigma}^2 R F_{1BABA})} = 0.02 < 1.7 = t_{CETVEL(60)}$) aileler arasında istatistiki olarak önemli fark olmayışı kanopi sıcaklığı için cinsiyet bağıllığı olmadığını işaret etmektedir.

Heterosis : \bar{F}_1 (18.61) < Anaç ortalaması: mp (18.75) ve $\bar{F}_1 < \bar{P}_1$ düşük değerli anaç ($\bar{P}_1 = 18.64$) olduğu için düşük kanopi sıcaklığı yönünde bir üstün-dominanslık durumu olduğu tespit edilmiştir.

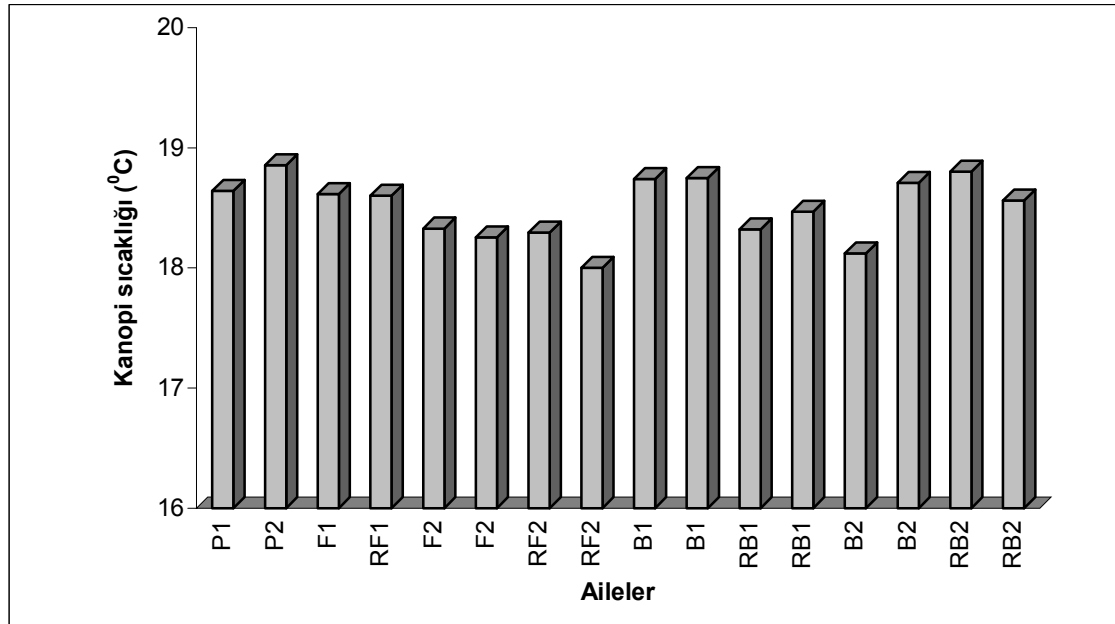
F_1 ekstremleri ve 'rd' : En yüksek ve en düşük F_1 değeri ile anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\Sigma d = 1.3$ ve 'rd' = %8 olarak bulunmuştur. Düşük 'rd' değeri kanopi sıcaklığını kontrol eden genlerin anaçlar arasında dağılımının yetersiz olduğunu ve bir anaçta toplandığını göstermektedir.

4.2.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri

Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögelerin tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.9'da verilmiştir.

Çizelge 4.9. Kanopi sıcaklığı için ortalama ögeleri tahminlerinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans ($\hat{\sigma}^2$)	n	$V\bar{x} = \hat{\sigma}^2/n$	$W = 1/V\bar{x}$
P_1	18.64	0.2507	15	0.0167133	59.832
P_2	18.85	0.3067	15	0.0204467	48.908
F_1	18.61	0.2693	30	0.0089767	111.400
F_2	18.22	0.3158	60	0.0052633	189.994
B_1	18.57	0.1670	60	0.0027833	359.281
B_2	18.55	0.2393	60	0.0039883	250.731



Şekil 4.2. Kanopi sıcaklığı ortalama değerleri (°C)

Kanopi sıcaklığı için yapılan gözlemlerde \bar{F}_1 'in \bar{P}_1 ve \bar{P}_2 'den düşük çıkması düşük kanopi sıcaklığı yönünde bir üstün dominanslığın varlığını göstermektedir. Ayrıca F_2 ve geri melez generasyonlarında düşük kanopi sıcaklığında transgresif açılmalar söz konusudur. Kanopi sıcaklığı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.10. Kanopi sıcaklığı için en iyi uyumlu modele ait ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
M	17.915	0.167	107.446
[d]	-	-	-
[h]	0.758	0.238	3.180
[i]	0.884	0.198	4.471
[j]	-	-	-
[l]	-	-	-
χ^2 değeri: 4.516	Serbestlik derecesi: 3	P: önemli değil	

Kanopi sıcaklığı için ortalama öğelerinin tahmini amacıyla MEAN FIT programı kullanılarak yapılan analizlerde önce mükemmel uyumlu model denenmiş ve [d], [j] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m, [h] ve [i]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Dominans ve “eklemeli x eklemeli” gen etkilerinin varlığı tespit edilmiştir (Çizelge 4.10).

4.2.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri

Kanopi sıcaklığı için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği Bartlett ve F testleri aracılığıyla tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.11’de verilmiştir.

Çizelge 4.11. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler

Generasyon	Varyans(σ^2)	n
$E = (\sigma^2P_1 + \sigma^2P_2 + \sigma^2F_1)/3$	0.2756	60
F_2	0.3158	60
B_1	0.1670	60
B_2	0.2393	60

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla kanopi sıcaklığı için elde edilen varyans ögeleri tahminleri çizelge 4.12’de verilmiştir.

Çizelge 4.12. Kanopi sıcaklığı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	-	-	-
H	-	-	-
F	-	-	-
E	0.2494	0.0202	12.325
χ^2 değeri: 7.317 ^{0d}		Serbestlik derecesi: 3	

Mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, E parametresi önemli bulunan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Buradan kanopi sıcaklığı için farklılıkların çevresel varyanstan (E) kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Çevresel koşullardan (ışık, sıcaklık, bulutluluk, rüzgar gibi) çok etkilenen bu karakter için anaçlar arasında genetik fark tespit edilememesi normal karşılanmalıdır. Ayrıca mikro çevresel varyasyonların varlığı da bu sonucu pekiştirmektedir.

Novaselovic ve ark. (2004)’ın bildirdiği gibi analiz edilecek özellikler için varyansın genetik ögeleri, gen etkileri ve kalıtımın belirli bir modelinin yeterliliği deneme yeri ve özel melezleme kombinasyonları içeren daha detaylı çalışmalarla araştırılması gerekmektedir. Ayrıca düşük kanopi sıcaklığına sahip generasyonlarda

tane verimi yüksek bulunmuştur. Bulgumuz Reynolds ve ark. (1998) ile Ayeneh ve ark. (2002)'ın bildirdikleri ile uyum içerisindedir.

4.3. Bitki Boyu (cm)

Bitki boyu için temel generasyonlar aracılığıyla elde edilen veriler ve analizlerin sonuçları aşağıda verilmiştir.

4.3.1. Varyans analizleri

Çizelge 4.13. Bitki boyu için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	67.4000	33.7000	6.194**
Bireyler/Blok (Hata)	27	146.9000	5.4407	
P₂ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	169.2667	84.6333	9.007**
Bireyler/Blok (Hata)	27	253.7000	9.3963	
F₁ Generasyonu				
Aileler	1	22.8167	22.8167	3.712 ^{öd}
Tekerrürler	2	384.9333	192.4667	3.151 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksyonu	2	122.1333	61.0667	7.259**
Örnekleme Hatası	54	454.3000	8.4130	
F₂ Generasyonu				
Aileler	3	43.8333	14.6111	1.390 ^{öd}
Tekerrürler	2	1977.2667	988.6334	17.320**
Aile*tekerrür interaksyonu	6	342.4667	57.0778	5.461**
Örnekleme Hatası	108	1128.8000	10.4519	
B₁ Generasyonu				
Aileler	3	19.7583	6.5861	0.632 ^{öd}
Tekerrürler	2	490.0667	245.0333	3.460 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksyonu	6	424.2667	70.7111	6.789**
Örnekleme Hatası	108	1124.9000	10.4158	
B₂ Generasyonu				
Aileler	3	26.4917	8.8306	0.479 ^{öd}
Tekerrürler	2	449.5167	224.7583	4.145 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksyonu	6	325.2833	54.2139	2.940*
Örnekleme Hatası	108	1991.3000	18.4380	

Bitki boyu generasyonlara göre ortalama 64.30 cm (\bar{P}_1) ile 70.14 cm (\bar{B}_2) arasında değişmiştir. Çizelge 4.13'te görüldüğü gibi bitki boyu için resiprokları içeren generasyonlarda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmamıştır.

Bu durum bu özellik için anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir. Tekerrürlerin P₁, P₂ ve F₁ generasyonlarında istatistiki olarak önemli bulunması bitki boyu bakımından mikro çevresel etkilerin önemli olduğunu göstermektedir. Aile x tekerrür interaksiyonlarının bütün generasyonlarda istatistiki öneme sahip olması aileler üzerine farklı etkilere sahip çevresel etkilerin varlığına işaret etmektedir. Ayrıca anaçların normal şartlarda sahip oldukları bitki boylarına (90-100 cm) göre denemelerde daha kısa bitki boyu değerleri elde edilmesinin sebebi deneme yılında ilkbahar aylarında yaşanan yüksek sıcaklık ve kuraklıktan kaynaklanmış olabilir.

4.3.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan “birleşik skala testi” sonuçları bitki boyu için epistazinin olmadığını göstermiştir ($t_{CETVEL(207)} > t_{A(207)} = 0.069$, $t_{B(207)} = 0.074$ ve $t_{C(236)} = 0.027$).

4.3.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri

Anaçların ve F₁'in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett ($\chi^2 = 2.35$, $P > 0.05$) ve F testi ($F_{(27,27)} = \frac{\partial^2 P_2}{\partial^2 P_1} = 1.73 < 1.8 F_{CETVEL(27,27)}$) sonucunda açılmayan generasyonlarda varyansların homojen olduğu tespit edilmiştir. Çevresel varyansın (E) bu varyansların ortalaması ($E = (\partial^2 P_1 + \partial^2 P_2 + \partial^2 F_1)/3$) alınarak hesaplanması varyansların homojen olması nedeniyle uygun görülmüştür.

Çizelge 4.14. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları

Aile	∂^2	n	$F_{hesap(27,27)}$	$F_{cetvel(27,27)}$	χ^2	P
P ₁	5.4407	30	1.73	1.8		Önemli değil
P ₂	9.3963	30				
F ₁	8.4130	60			2.35	Önemli değil

4.3.4. Ortalama ve varyans ögeleri hesaplamaları

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 değerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda ($\bar{P}_1 = m - d \Rightarrow 64.30 = 64.965 - d \Rightarrow d = 0.665$, $\bar{F}_1 = m + h \Rightarrow 67.88 = 64.965 + h \Rightarrow h = 2.915$) $l = 0.635$ ve $h = 2.92$ olarak bulunmuştur. Potens oranı $= h/l = 2.915/0.665 = 4.38$ olarak bulunmuştur. D değeri tahmin edilemezken ($\frac{1}{2} D = 2\sigma^2 F_2 - (\sigma^2 B_1 + \sigma^2 B_2)$, $D = 0$), H değeri 42.75 ($\frac{1}{4} H = (\sigma^2 B_1 + \sigma^2 B_2) - \sigma^2 F_2 - \sigma^2 E$, $H = 42.7508$) olarak hesaplanmıştır.

4.3.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

Ailelere ait ortalama varyanslar üzerinden yapılan hesaplamalar sonucunda bitki boyu için dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi Mather ve Jinks (1982)'e göre % 57.97 olarak tahmin edilmiştir. D değerinin hesaplanamayışı nedeniyle dominanslık oranı da hesaplanamamıştır.

4.3.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): \bar{F}_1 ve $R\bar{F}_1$ ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan t testi ($t_{60} = (\bar{F}_1 - R\bar{F}_1) / \sqrt{(\sigma^2 F_1 + \sigma^2 RF_1)} = 0.2136 < 1.67 t_{CETVEL(60)}$) sonucunda ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmamıştır. Bu sonuç bitki boyu için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir.

Cinsiyet bağıllığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba (2 F_2 ailesi) ve RF_1 'lerin baba (2 F_2 ailesi) olarak kullanıldığı 4 F_2 ailesi ortalama ve varyans değerleri üzerinden yapılan t testi ($t_{120} = (\bar{F}_{1BABA} - R\bar{F}_{1BABA}) / \sqrt{(\sigma^2 F_{1BABA} + \sigma^2 RF_{1BABA})} = 0.75/7.191 = 0.1055 < 1.66 t_{CETVEL(120)}$) sonucunda aileler arasında istatistiki olarak önemli olmayışı bitki boyu için cinsiyet bağıllığı olmadığına işaret etmektedir.

Heterosis: Bitki boyu için yapılan gözlemlerde \bar{F}_1 değerinin üstün anaç olan \bar{P}_2 değerinden yüksek çıkması [Anaçların ortalaması (mp)= 64.96, $\bar{F}_1=67.88$, $\bar{P}_1=64.30$, $\bar{P}_2=65.63$ ve $\bar{F}_1 > \bar{P}_2 = 67.88 > 65.63$] uzun bitki boyu yönünde bir üstün dominanslığın varlığını göstermektedir.

F_1 ekstremleri ve 'rd': En yüksek F_1 değeri, en düşük F_1 değeri ve anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\sum d=9$ ve 'rd' = % 7.1 olarak bulunmuştur. Düşük 'rd' değeri bitki boyunu kontrol eden genlerin anaçlar arasında dağılımının yetersiz olduğunu ve bir anaçta yığıldığını göstermektedir.

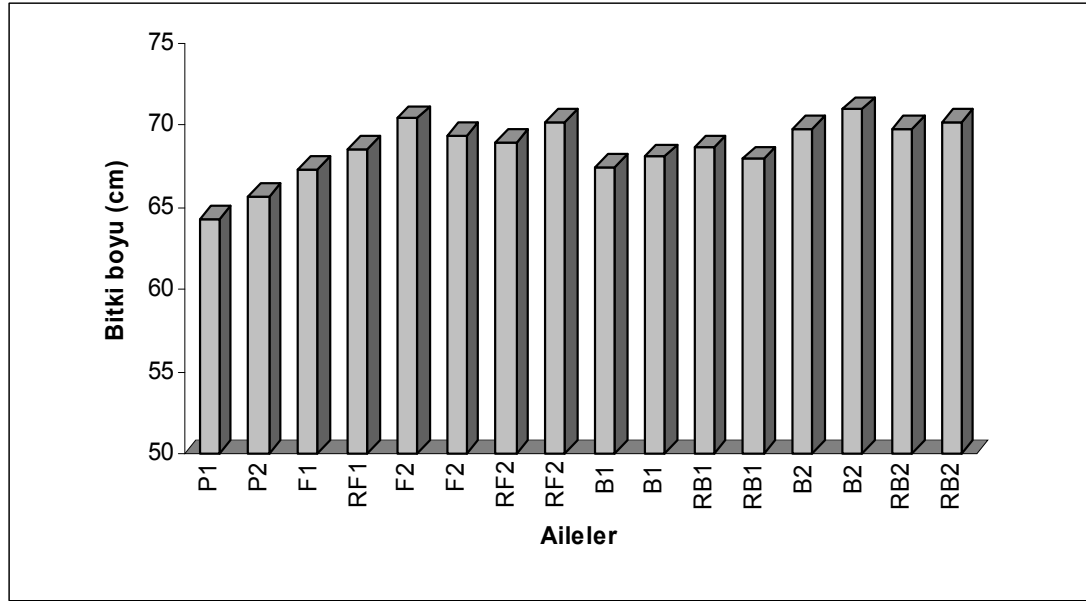
4.3.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama ögeleri tahminleri

Bitki boyu için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler Çizelge 4.15'de verilmiştir.

Çizelge 4.15. Bitki boyu için ortalama ögeleri analizinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans (σ^2)	N	$V\bar{x} = \sigma^2/n$	$W=1/V\bar{x}$
P ₁	64.30	5.4407	30	0.1814	5.5140
P ₂	65.63	9.3963	30	0.3132	3.1928
F ₁	67.88	8.4130	60	0.1402	7.1318
F ₂	69.72	10.4519	120	0.0871	11.4812
B ₁	68.01	10.4516	120	0.0871	11.4815
B ₂	70.14	18.4380	120	0.1537	6.5083

Bitki boyu için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.3'de verilmiştir. Görüldüğü gibi F_1 'lerin anaçlara göre daha uzun boylu olması bitki boyu açısından bir üstün dominanslığın varlığına işaret etmektedir. F_2 'de ana ve babaya göre daha uzun boylu tiplerin ortaya çıkması ise transgresif açılımlardan kaynaklanmaktadır. Ayrıca B_2 'de B_1 'e göre daha uzun boylu tiplerin ortaya çıkması bu özelliğin P_2 'den kaynaklandığını göstermektedir.



Şekil 4.3. Bitki boyu ortalama değerleri (cm)

Bitki boyu için ortalama öğelerinin tahmini bilgisayar programında MEAN FIT analizi ile yapılmış olup değerler Çizelge 4.16'da verilmiştir.

Çizelge 4.16. Bitki boyu için en iyi uyumlu modele ait ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
m	64.7870	0.3390	191.1730
[d]	-	-	-
[h]	15.1110	1.3200	11.4450
[i]	-	-	-
[j]	-2.2760	0.4830	-4.7120
[l]	-12.0190	1.2610	-9.5320

χ^2 değeri: 6.401^{od} Serbestlik derecesi: 2

Mükemmel uyumlu model denemesinde [d] ve [i] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m, [h], [j] ve [l]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Bu karakter için eklemeli etki önemsiz iken dominans etkilerin yanında epistatik etkinin de olduğu tespit edilmiştir. Bulgularımız farklı araştırmacıların (Johnson ve ark., 1996; Amaya ve ark., 1972; Sun ve ark., 1972; Bhatiya ve ark., 1987; Collaku ve Harrison, 2005) bildirdikleri ile örtüşmektedir. Ketata ve ark. (1976) ile Özberk ve Kırtok (1993)'un de bildirdiği gibi [h]'nin pozitif olması yüksek değer veren allel genlere doğru bir yöneliş olduğunu, [h] ve [l]'nin işaretlerinin zıt olması epistazinin tamamlayıcı tip olduğuna işaret etmektedir.

4.3.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri

Bitki boyu için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği F testi aracılığıyla kontrol edilmiştir. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.17’de verilmiştir.

F ve Bartlett testleri sonucunda P₁, P₂ ve F₁ aileleri içinde varyansların homojen olduğu tespit edilmiş olup çevresel varyans (E) bu üç varyansın ortalaması olarak hesaplanmıştır. E için birey sayısı (n değeri) ise bu üç ailenin toplam birey sayısı olan 120 olarak alınmıştır.

Çizelge 4.17. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler

Generasyon	σ^2	n
$E = (\sigma^2 P_1 + \sigma^2 P_2 + \sigma^2 F_1)/3$	7.7500	120
F ₂	10.4519	120
B ₁	10.4516	120
B ₂	18.4380	120

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla bitki boyu için elde edilen varyans ögeleri tahminleri Çizelge 4.18’de verilmiştir.

Çizelge 4.18. Bitki boyu için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	-	-	-
H	21.2305	5.4000	3.7640
F	6.6610	2.3600	2.8220
E	7.7500	1.0005	7.7460

χ^2 değeri: 3.6623^{od} Serbestlik derecesi: 1

Mükemmel uyumlu model denemesinde D parametresi önemsiz bulunurken, H, F ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan bitki boyundaki farklılıkların dominans varyans, epistatik etkiler ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bulgularımız farklı araştırmacıların (Johnson ve ark., 1996; Amaya ve ark., 1972; Sun ve ark., 1972; Bhatiya ve ark., 1987; Collaku ve Harrison, 2005) bildirdikleri ile örtüşmektedir. En uyumlu modelden elde edilen D, H ve E değerleri kullanılarak dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.65 olarak tespit edilmiştir.

Bulgularımız bitki boyu için seleksiyonun geciktirilmesinde fayda olacağını bildiren Özberk ve Kırtok (2003) ile uyumludur.

Bitki boyu normalde 2-3 gen ile kontrol edildiğinden kalıtımının yüksek çıkması gerekir, ancak böyle bir sonuca ulaşamamıştır. Temel generasyonları oluşturan anaçların hemen hemen aynı boyda olması D'nin tespit edilememesine neden olmuş olabilir. D tespit edilemediği için dar anlamda kalıtım derecesi de tahmin edilememiştir.

4.4. Başakta Tane Sayısı (adet)

Başakta tane sayısı için temel generasyonlar aracılığıyla elde edilen veriler ve analizlerin sonuçları aşağıda verilmiştir.

4.4.1. Varyans analizleri

Çizelge 4.19. Başakta tane sayısı için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	199.2667	99.6333	2.6963 ^{öd}
Bireyler/Blok (Hata)	27	997.7000	36.9519	
P₂ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	81.6667	40.8333	0.6787 ^{öd}
Bireyler/Blok (Hata)	27	1624.5000	60.1667	
F₁ Generasyonu				
Aileler	1	360.1500	360.1500	6.6600*
Tekerrürler	2	571.4333	285.7167	2.6200 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksyonu	2	217.9000	108.9500	2.0170 ^{öd}
Örnekleme Hatası	54	2917.1000	54.0200	
F₂ Generasyonu				
Aileler	3	283.2250	94.4083	1.9540 ^{öd}
Tekerrürler	2	1963.1167	981.5584	6.6940*
Aile*tekerrür interaksyonu	6	879.7500	146.6250	3.0650**
Örnekleme Hatası	108	5165.7000	47.8310	
B₁ Generasyonu				
Aileler	3	32.8333	10.9444	0.1230 ^{öd}
Tekerrürler	2	72.8667	36.4333	1.1250 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksyonu	6	533.0667	88.8445	2.7430*
Örnekleme Hatası	108	3497.6000	32.3852	
B₂ Generasyonu				
Aileler	3	27.4917	9.1639	0.3300 ^{öd}
Tekerrürler	2	180.4667	90.2333	2.2700 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksyonu	6	239.5333	39.9222	1.5110 ^{öd}
Örnekleme Hatası	108	2853.1000	26.4176	

Başakta tane sayısı generasyonlara göre ortalama 38.97 adet (\bar{P}_1) ile 58.42 adet (\bar{F}_1) arasında değişmiştir. Çizelge 4.19'da görüldüğü gibi başakta tane sayısı için resiprokları içeren F_1 generasyonunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmuştur. Bu durum bu özellik için anaya bağlı etkilerin olduğunu göstermektedir.

Tekerrürlerin F_2 dışında tüm generasyonlarda istatistiki olarak önemli bulunmaması başakta tane sayısı bakımından mikro çevresel etkilerin önemli olmadığını göstermektedir. Aile x tekerrür interaksiyonlarının iki generasyonda (F_2 ve B_1) istatistiki öneme sahip olması çevrenin aileler üzerine farklı etkilerde bulunduğuna işaret etmektedir.

4.4.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan “birleşik skala testi” sonuçları ($t_{CETVEL(207)}=1.6 > t_{A(207)}= 0.069$, $t_{B(207)}=0.037$ ve $t_{CETVEL(236)}=1.6 > t_{C(236)}=0.016$) başakta tane sayısı için epistazinin olmadığını göstermiştir.

4.4.3. Bartlett ve F homojenlik testleri

Anaçların ve F_1 'in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett testi ($\chi^2=1.86$ $P<0.05$) ve F testi ($F_{(27,27)} = \hat{\sigma}^2 P_2 / \hat{\sigma}^2 P_1 = 1.63 < 1.9 F_{CETVEL(27,27)}$) sonucunda varyansların homojen olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.20).

Çizelge 4.20. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları

Aile	Varyans($\hat{\sigma}^2$)	N	F _{hesap}	F _{cetvel(57,27)}	χ^2	Önem Seviyesi
P ₁	41.2747	30	1.67	1.7		Önemli değil
P ₂	58.8333	30				
F ₁	68.9251	60			1.86	Önemli değil

4.4.4. Ortalama ve varyans ögeleri hesaplamaları

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 değerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda ($\bar{P}_1 = m - d \Rightarrow 38.97 = 40.07 \Rightarrow d = 1.1$, $\bar{F}_1 = m + h \Rightarrow 58.42 = 40.07 + h \Rightarrow h = 18.35$) $d = 1.1$ ve $h = 18.35$ olarak bulunmuştur. Potens oranı $= |h|/|d| = 18.35/1.1 = 16.68$ olarak bulunmuştur. $D = 73.72$ ve $H = 0$ olarak hesaplanmıştır.

4.4.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

Ailelere ait ortalama varyanslar üzerinden yapılan hesaplamalar sonucunda başakta tane sayısı için dar anlamda kalıtım derecesi ile geniş anlamda kalıtım derecesi Mather ve Jinks (1982)'e göre eşit ve % 42.25 olarak tahmin edilmiştir. Bu özellik 1-2 gen tarafından idare edildiği için dar anlamda kalıtım derecesinin daha yüksek olması gerekirdi, ancak melezlemede kullanılan anaçların bu özellik bakımından benzer olması böyle bir sonuç çıkmasına sebep olabilir. Dar anlamda kalıtım derecesi Warner (1952)'a göre % 77.06 olarak tahmin edilmiştir. Dominanslık oranı, H hesaplanamadığı için belirlenememiştir. Bulgularımız başakta tane sayısı için dar anlamda kalıtım derecesinin % 11 ile % 99.8 arasında değiştiğini bildiren Novoselovic ve ark. (2004) ile uyumludur.

4.4.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): \bar{F}_1 ve $R\bar{F}_1$ ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan t testi ($t_{60} = \bar{F}_1 - R\bar{F}_1 / \sqrt{(\partial^2 F_1 + \partial^2 R F_1)} = 0.4334 < 1.67 t_{CETVEL(60)}$) sonucunda ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmamıştır. Bu sonuç başakta tane sayısı için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir.

Cinsiyet bağlılığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba (2 F_2 ailesi) ve $R F_1$ 'lerin baba (2 F_2 ailesi) olarak kullanıldığı 4 F_2 ailesi ortalama ve varyans değerleri üzerinden

yapılan t testi ($t_{120} = (\bar{F}_{1BABA} - R\bar{F}_{1BABA}) / \sqrt{(\sigma^2 F_{1BABA} + \sigma^2 R F_{1BABA})} = 1.233/9.072 = 0.136 < 1.66 t_{CETVEL(120)}$) sonucunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmayışı başakta tane sayısı için cinsiyet bağıllığı olmadığına işaret etmektedir.

Heterosis: Başakta tane sayısı için yapılan gözlemlerde \bar{F}_1 değerinin üstün anaç olan \bar{P}_2 değerinden yüksek çıkması [Anaçların ortalaması (mp)= 40.07, $\bar{F}_1=58.42$, $\bar{P}_1=38.97$, $\bar{P}_2=41.17$ ve $\bar{F}_1 > \bar{P}_2 = 58.42 > 41.17$], başakta tane sayısı bakımından artan yönde bir üstün dominanslığın varlığını göstermektedir

F_1 ekstremleri ve 'rd': En yüksek ve en düşük F_1 değeri ile anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\sum d=17$ ve 'rd' = % 6.5 olarak bulunmuştur. Düşük 'rd' değeri başakta tane sayısını kontrol eden genlerin anaçlar arasında dağılımının yetersiz olduğunu göstermektedir.

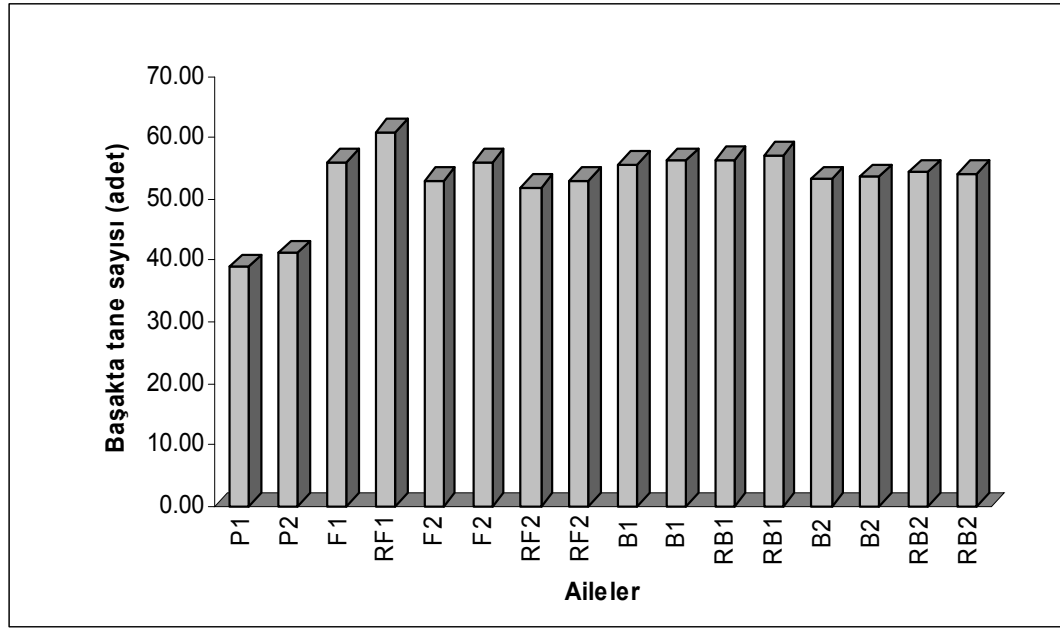
4.4.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama öğeleri tahminleri

Başakta tane sayısı için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler Çizelge 4.21'de verilmiştir.

Çizelge 4.21. Başakta tane sayısı için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans (σ^2)	N	$V\bar{x} = \sigma^2/n$	$W=1/V\bar{x}$
P_1	38.97	41.27471	30	1.37582	0.72684
P_2	41.17	58.83333	30	1.96111	0.50992
F_1	58.42	68.92514	60	1.14875	0.87051
F_2	53.54	69.67892	120	0.58066	1.72219
B_1	56.38	34.75938	120	0.28966	3.45231
B_2	53.81	27.73606	120	0.23113	4.32650

Başakta tane sayısı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.4'de verilmiştir. Şekil 4.4'de görüldüğü gibi F_1 'lerin anaçlara göre yüksek değerde bulunması başakta tane sayısı açısından bir üstün dominanslığın varlığına işaret etmektedir. F_2 'de ana ve babaya göre daha yüksek değerli tiplerin ortaya çıkması transgresif açılımlardan kaynaklanmaktadır.



Şekil 4.4. Başakta tane sayısı ortalama değerleri (adet)

Başakta tane sayısı için ortalama öğelerinin tahmini bilgisayar programında MEAN FIT analizi ile yapılmış olup değerler Çizelge 4.22’de verilmiştir.

Çizelge 4.22. Başakta tane sayısı için ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
M	39.8771	0.8992	44.3470
[d]	-	-	-
[h]	41.1896	3.1824	12.9430
[i]	-	-	-
[j]	2.5060	0.7208	3.4770
[l]	-22.6466	3.0872	-7.3360

χ^2 değeri: 4.852^{0d} Serbestlik derecesi: 2 P: önemli değil

Mükemmel uyumlu model denemesinde [d] ve [i] parametreleri önemsiz bulunmuş olup en iyi uyumlu modelin m, [h], [j] ve [l]’ yi içeren model olduğu tespit edilmiştir. Bu karakter için eklemeli etki önemsiz iken, dominans etki, eklemeli x dominans ve dominans x dominans etkilerin önemli olduğu tespit edilmiştir. Bulgularımız farklı araştırmacılar (Bhatiya ve ark., 1987; Sharma ve Sain, 2004; Collaku ve Harrison, 2005) ile uyumludur. Ketata ve ark. (1976) ve Özberk ve Kırtok (1993)’un de bildirdiği gibi [h]’nin pozitif olması yüksek değer veren allel genlere doğru bir yöneliş olduğuna işaret etmektedir. [h] ve [l]’nin zıt işaretli olması epistazinin tamamlayıcı tip olduğunu göstermektedir.

4.4.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri

Başakta tane sayısı için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği F testi aracılığıyla kontrol edilmiştir. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.23’de verilmiştir.

F testi sonucunda P_1 , P_2 ve F_1 aileleri içinde varyansların homojen olduğu tespit edilmiş olup $(F_{(57,27)} = \hat{\sigma}^2 F_1 / \hat{\sigma}^2 P_1 = 68.92514 / 41.27471 = 1.67 < 1.7 F_{\text{cetvel}(57,27)})$ çevresel varyans (E) ortalama alınarak hesaplanmıştır. E için birey sayısı (n değeri) ise bu üç ailenin toplam birey sayısı olan 120 olarak alınmıştır.

Çizelge 4.23. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler

Generasyon	Varyans($\hat{\sigma}^2$)	n
$E = (\hat{\sigma}^2 P_1 + \hat{\sigma}^2 P_2 + \hat{\sigma}^2 F_1) / 3$	56.3444	120
F_2	69.6789	120
B_1	34.7594	120
B_2	27.7361	120

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla başakta tane sayısı için elde edilen varyans ögeleri tahminleri Çizelge 4.24’te verilmiştir.

Çizelge 4.24. Başakta tane sayısı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	18.9244	17.1356	1.1040
H	-	-	-
F	-	-	-
E	42.3690	5.0332	8.4180

χ^2 değeri: 28.0054^{0d} Serbestlik derecesi: 2

Mükemmel uyumlu model denemesinde H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, D ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan başakta tane sayısındaki farklılıkların eklemeli varyans ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bulgularımız farklı araştırmacılar (Bhatiya ve ark., 1987; Collaku ve Harrison, 2005; Yağdı ve ark., 2007) ile uyumludur. En uyumlu modelden elde edilen D, H ve E değerleri kullanılarak hesaplanan dar anlamda kalıtım derecesi ile geniş anlamda kalıtım derecesi H değeri

0 olduğu için bir birine eşit ve % 18.26 olarak tespit edilmiştir. 1-2 genle idare edilen bu karakter için kalıtım derecesinin daha yüksek çıkması beklenir ancak bu çalışmada düşük çıkmıştır. Bu durum anaçların bu özellik bakımından birbirine çok benzerlik göstermesinden kaynaklanabilir.

4.5. Başakta Tane Ağırlığı (g)

Başakta tane ağırlığı için temel generasyonlar aracılığıyla elde edilen veriler ve analizlerin sonuçları aşağıda verilmiştir.

4.5.1. Varyans analizleri

Başakta tane ağırlığı generasyonlara göre ortalama 2.00 g (\bar{P}_1) ile 3.55 g (\bar{F}_1) arasında değişmiştir.

Çizelge 4.25. Başakta tane ağırlığı için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	2.1740	1.0870	7.711**
Bireyler/Blok (Hata)	27	3.8060	0.1410	
P₂ Generasyonu				
Tekerrürler (Blok)	2	1.0807	0.5403	5.431*
Bireyler/Blok (Hata)	27	2.6860	0.0995	
F₁ Generasyonu				
Aileler	1	2.2042	2.2042	10.710**
Tekerrürler	2	2.3530	1.1765	0.920 ^{öd}
Aile*tekerrür interaksyonu	2	2.5523	1.2762	6.198**
Örnekleme Hatası	54	11.1190	0.2059	
F₂ Generasyonu				
Aileler	3	2.3389	10.9444	54.450 ^{öd}
Tekerrürler	2	18.1727	9.0863	30.850**
Aile* tekerrür interaksyonu	6	1.7673	0.2946	1.466**
Örnekleme Hatası	108	21.7070	0.2001	
B₁ Generasyonu				
Aileler	3	0.6116	0.2039	0.960 ^{öd}
Tekerrürler	2	1.6355	0.8178	4.350**
Aile* tekerrür interaksyonu	6	1.1292	0.1882	0.883**
Örnekleme Hatası	108	23.0230	0.2132	
B₂ Generasyonu				
Aileler	3	0.1033	0.0344	0.120**
Tekerrürler	2	2.5252	1.2626	8.360**
Aile* tekerrür interaksyonu	6	0.9062	0.1510	0.520**
Örnekleme Hatası	108	31.3640	0.2904	

Çizelge 4.25’de görüldüğü gibi başakta tane ağırlığı için resiprokları içeren F₁ generasyonunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmuştur. Bu durum bu özellik için anaya bağlı etkilerin olduğunu göstermektedir.

Tekerrürlerin F₁ hariç bütün generasyonlarda istatistiki olarak önemli bulunması başakta tane ağırlığı bakımından mikro çevresel etkilerin önemli olduğunu göstermektedir. Aile x tekerrür interaksyonlarının tüm generasyonda istatistiki olarak önemli bulunması çevrenin aileler üzerine farklı etkilere sahip olduğuna işaret etmektedir. Bu bulgumuz bazı araştırmacılar ile (Yağdı ve Sözen, 2009; Yağdı ve ark., 2007) ile uyumludur.

4.5.2. Allelik olmayan interaksyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan “birleşik skala testi” sonuçları başakta tane ağırlığı için epistazinin olmadığını göstermiştir ($t_{CETVEL(207)}=1.7 > t_{A(207)}= 0.825$, $t_{B(207)}= 0.177$ ve $t_{C(236)}= 0.301$).

4.5.3. Bartlett F varyans homojenlik testleri

Anaçların ve F₁’in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett testi ($\chi^2=5.022$ $P>0.05$) F testi ($F_{57,27} = \partial^2 F_1 / \partial^2 P_2 = 2.070 > 1.7 F_{CETVEL(57,27)}$). sonucunda varyansların homojen olmadığı tespit edilmiştir. Varyanslar homojen olmadığı için varyans öğeleri hesaplamalarında kullanılacak çevresel varyans (E) kareler toplamı ($[KTF_1 + KTP_1 + KTP_2] / [(n_1 + n_2 + n_3) - 3] = [17.611 / 117] = 0.15052$) yardımıyla hesaplanmıştır. E için birey sayısı (n değeri) ise bu üç ailenin toplam birey sayısı olan 120 olarak alınmıştır.

Çizelge 4.26. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları

Aile	Varyans(∂^2)	n	F _{hesap(57,27)}	F _{cetvel(57,27)}	χ^2	Önemlilik Seviyesi
P ₁	0.1410	30	2.07	1.70		*
P ₂	0.0995	30				
F ₁	0.2059	60			5.02	*

4.5.4. Ortalama ve varyans ögelerinin hesaplanması

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 değerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda ($P_1=m-d \Rightarrow 2.00=2.185 -d \Rightarrow d=0.185$, $F_1=m+h \Rightarrow 3.55=2.185 +h \Rightarrow h= 1.365$) $d=0.185$ ve $h= 1.365$ olarak bulunmuştur. Potens oranı= $|h|/|d| = 3.165/0.185 = 1.15$ olarak bulunmuştur. Varyans değerleri aracılığıyla [$\frac{1}{2}D=2\sigma^2F_2-(\sigma^2B_1+\sigma^2B_2)=\frac{1}{2}D=-1.1016 \Rightarrow D=0$, $\frac{1}{4}H=(\sigma^2B_1+\sigma^2B_2)-\sigma^2F_2-\sigma^2E=\frac{1}{4}H=0.152073 \Rightarrow H=0.608292$] $D=0$ ve $H=0.608292$ olarak hesaplanmıştır.

4.5.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

Ailelere ait ortalama varyanslar üzerinden yapılan hesaplamalar sonucunda başakta tane ağırlığı için dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi Mather ve Jinks (1982)'e göre % 50.26 olarak tahmin edilmiştir. Bu bulgumuz Ketata ve ark. (1976) ve Novoselovic ve ark. (2004) ile uyumludur. D değeri tahmin edilemediği için dominanslık oranı hesaplanamamıştır.

4.5.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): \bar{F}_1 ve $R\bar{F}_1$ ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan t testi sonucunda ($t_{60} = (\bar{F}_1 - R\bar{F}_1) / \sqrt{(\sigma^2F_1 + \sigma^2RF_1)} = 0.5247 < 2.0$ $t_{CETVEL(60)}$) ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunamamıştır. Bu sonuç başakta tane ağırlığı için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir.

Cinsiyet bağıllığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba (2 F_2 ailesi) ve RF_1 'lerin baba (2 F_2 ailesi) olarak kullanıldığı 4 F_2 ailesi ortalama ve varyans değerleri üzerinden yapılan t testi ($t_{120} = (\bar{F}_{1BABA} - R\bar{F}_{1BABA}) / \sqrt{(\sigma^2F_{1BABA} + \sigma^2RF_{1BABA})} = 0.0032 < 1.98 = t_{CETVEL(120)}$) sonucunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark çıkmayı başakta tane ağırlığı için cinsiyet bağıllığı olmadığına işaret etmektedir.

Heterosis: Başakta tane ağırlığı için yapılan gözlemlerde \bar{F}_1 değerinin üstün anaç olan \bar{P}_2 değerinden yüksek olması [$\bar{P}_2=2.19$, $\bar{F}_1=3.55$, $3.55>2.19$] başakta tane ağırlığı artışı yönünde bir üstün dominanslığın varlığını göstermektedir.

F_1 ekstremleri ve 'rd': En yüksek ve en düşük F_1 değeri ile anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\sum d=1.1$ ve 'rd' = %17 olarak bulunmuştur.

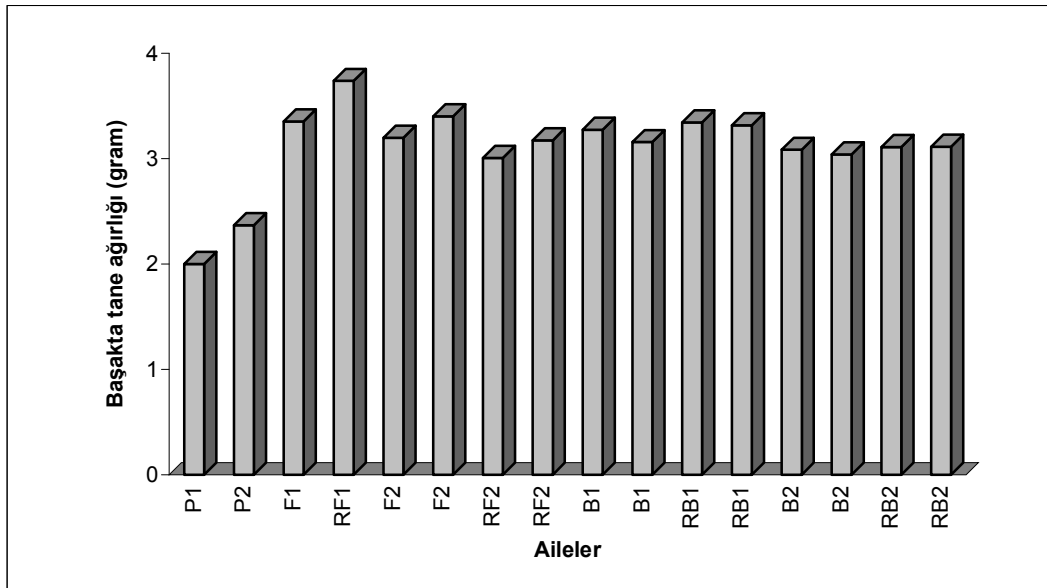
4.5.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama öğeleri tahminleri

Başakta tane ağırlığı için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler Çizelge 4.27'de verilmiştir.

Çizelge 4.27. Başakta tane ağırlığı için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans (σ^2)	N	$V\bar{x} = \sigma^2/n$	$W=1/V\bar{x}$
P_1	2.00	0.1410	30	0.0047	212.8263
P_2	2.37	0.0995	30	0.0033	301.5682
F_1	3.55	0.2059	60	0.0034	291.3894
F_2	3.19	0.2010	120	0.0017	597.0446
B_1	3.27	0.2132	120	0.0018	562.9151
B_2	3.09	0.2905	120	0.0024	413.2132

Başakta tane ağırlığı için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.5'te verilmiştir. Şekil 4.5'te görüldüğü gibi F_1 'lerin anaçlara göre yüksek değerde çıkması başakta tane ağırlığı açısından bir üstün dominanslığın varlığına işaret etmektedir. F_2 'de ana ve babaya göre daha yüksek değerli tiplerin ortaya çıkması transgresif açılımlardan kaynaklanmaktadır.



Şekil 4.5. Başakta tane ağırlığı ortalama değerleri (g)

Başakta tane ağırlığı için ortalama öğelerinin tahmini bilgisayar programında MEAN FIT analizi ile yapılmış olup değerler Çizelge 4.28’de verilmiştir.

Çizelge 4.28. Başakta tane ağırlığı için en iyi uyumlu modele ait ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
M	2.1850	+/-0.0448	48.813
[d]	-0.1850	+/-0.0448	-4.133
[h]	2.6304	+/-0.1783	14.754
[i]	-	-	-
[j]	0.3638	+/-0.0785	4.635
[l]	-1.2654	+/-0.1791	-7.067

χ^2 değeri: 0.0367^{od} Serbestlik derecesi: 1

Mükemmel uyumlu model denemesinde [i] parametresi önemsiz bulunmuş olup m, [d], [h], [j] ve [l]’ yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Bu karakter için eklemeli, dominans, dominans x dominans ve eklemeli x dominans etkilerin önemli olduğu tespit edilmiştir. Bulgularımız farklı araştırmacıların bulguları (Johnson ve ark., 1966; Bhatiya ve ark., 1987; Collaku ve Harrison, 2005) ile uyumludur. Ketata ve ark. (1976) ile Özberk ve Kırtok (1993)’un de bildirdiği gibi [h]’nin pozitif olması yüksek değer veren allel genlere doğru bir yöneliş olduğuna işaret etmektedir.

4.5.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri

Başakta tane ağırlığı için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği Bartlett ve F testi aracılığıyla kontrol edilmiştir. Varyanslar homojen olmadığı için varyans ögeleri hesaplamalarında kullanılacak çevresel varyans (E) kareler toplamı aracılığıyla hesaplanmıştır Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.29'da verilmiştir.

Çizelge 4.29. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler

	Generasyon	Varyans(σ^2)	n
E = (KTP ₁ +KTP ₂ +KTF ₁)/117]		0.1505	120
	F ₂	0.2059	120
	B ₁	0.2132	120
	B ₂	0.2904	120

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla başakta tane ağırlığı için elde edilen varyans ögeleri tahminleri Çizelge 4.30'da verilmiştir.

Çizelge 4.30. Başakta tane ağırlığı için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	-	-	-
H	0.3439	+/-0.1029-	3.342-
F	-	-	-
E	0.1505	+/-0.0194	7.746

χ^2 değeri: 5.146^{od} Serbestlik derecesi: 2

Mükemmel uyumlu model denemesinde D ve F parametreleri önemsiz bulunurken, H ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan başakta tane ağırlığındaki farklılıkların dominans varyans, ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bulgularımız farklı araştırmacılar (Johnson ve ark., 1966; Bhatiya ve ark., 1987; Collaku ve Harrison, 2005; Yağdı ve ark., 2007) ile uyumludur. En iyi uyumlu modelden elde edilen değerler aracılığıyla geniş anlamda kalıtım derecesi Mather ve Jinks (1982)'e göre % 36.35 olarak hesaplanmıştır.

4.6. Parsel Tane Verimi (g)

Parsel tane verimi için temel generasyonlar aracılığıyla elde edilen veriler ve analizlerin sonuçları aşağıda verilmiştir.

4.6.1. Varyans analizleri

Parsel tane verimi generasyonlara göre ortalama $\bar{P}_1=148.69$ g (495.63 kg da⁻¹) $\bar{P}_2=189.59$ g (631.96 kg da⁻¹) arasında değişmiştir. Çizelge 4.31'de görüldüğü gibi parsel tane verimi için resiprokları içeren F₁ generasyonunda aileler arasında istatistiki öneme sahip fark bulunmamıştır. Bu durum bu özellik için anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir.

Tekerrürlerin bütün generasyonlarda istatistiki öneme sahip bulunmayışı parsel tane verimi bakımından mikro çevresel etkilerin önemli olmadığını göstermektedir. Parsel tane verimi yönünden temel generasyonları oluşturan aileler arasında istatistiki olarak önemli farklılık tespit edilmemiştir.

Çizelge 4.31. Parsel tane verimi için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
P₂ Generasyonu				
F₁ Generasyonu				
Tekerrürler	2	25.4457	12.7229	0.1343 ^{öd}
Aileler	1	10.6934	10.6934	0.1129 ^{öd}
Hata	2	189.4828	94.7414	
F₂ Generasyonu				
Tekerrürler	2	748.5129	374.2565	4.5082 ^{öd}
Aileler	3	25.8481	8.6160	0.1038 ^{öd}
Hata	6	498.0973	83.0162	
B₁ Generasyonu				
Tekerrürler	2	35.9669	17.9834	0.2901 ^{öd}
Aileler	3	165.4078	55.1359	0.8894 ^{öd}
Hata	6	371.9591	61.9932	
B₂ Generasyonu				
Tekerrürler	2	248.3482	124.1741	0.3272 ^{öd}
Aileler	3	65.6341	21.8780	0.0576 ^{öd}
Hata	6	2277.3348	379.5566	

4.6.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla yapılan “birleşik skala testi” sonuçları tane verimi için A, B ve C tipi epistazinin olmadığını göstermiştir ($t_{CETVEL(18)}=2.1 > t_{A(18)}=0.0027$, $t_{B(18)}=-0.00008$ ve $t_{C(20)}=0.038$).

4.6.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri

Anaçların ve F_1 'in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett testi ($\chi^2=2.46961$, $P>0.05$) F testi ($F_{(2,5)} = \partial^2P_1/\partial^2F_1= 5.6 < 5.79 F_{CETVEL(2,5)}$) sonucunda varyansların homojen olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.32). Anaçlar ve F_1 'in varyanslarının ortalaması aracılığıyla hesaplanan çevresel varyans (E) değerinin [$E=(\partial^2P_1+\partial^2P_2+\partial^2F_1)/3$] varyans öğeleri tahminlerinde kullanılabileceğine karar verilmiştir. E için parsel sayısı bu üç ailenin toplam parsel sayısı olan 12 olarak alınmıştır.

Çizelge 4.32. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları

Aile	Varyans (∂^2)	n	$F_{hesap(2,5)}$	$F_{cetvel(2,5)}$	χ^2	Önemlilik seviyesi
P_1	530.6721	3	11.76	5.79		Önemli değil
P_2	382.5166	3				
F_1	94.7414	6			2.4696	Önemli değil

4.6.4. Ortalama ve varyans öğelerinin hesaplanması

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 değerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $d=0.075$ ve $h=40.83$ olarak bulunmuştur. Potens oranı = $|h|/|d|=544.38$ olarak bulunmuştur. D ve H hesaplanamamıştır.

4.6.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

Parsel tane verimi için varyans ögeleri D ve H hesaplanamadığı için ne dar anlamda ne de geniş anlamda kalıtım dereceleri tahmin edilememiştir. Aynı nedenle dominanslık oranı da tespit edilememiştir.

4.6.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): \bar{F}_1 ve $R\bar{F}_1$ ortalama değerleri ve varyansları aracılığıyla yapılan t testi ($t_6 = (\bar{F}_1 - R\bar{F}_1) / \sqrt{(\partial^2 F_1 + \partial^2 R F_1)} = 0.2576 < 2.5 t_{CETVEL(6)}$) sonucunda ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunamamıştır. Bu sonuç parsel tane verimi için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir

Cinsiyet bağıllığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba (2 F_2 ailesi) ve $R F_1$ 'lerin baba (2 F_2 ailesi) olarak kullanıldığı 4 F_2 ailesi ortalama değerleri üzerinden yapılan t testi sonucunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark çıkmayışı ($t_{12} = 0.1114 < 2.2 = t_{CETVEL(12)}$) parsel tane verimi için cinsiyet bağıllığı olmadığına işaret etmektedir.

Heterosis: Parsel tane verimi için yapılan gözlemlerde \bar{F}_1 değerinin üstün anaç olan \bar{P}_2 değerinden yüksek çıkması [$\bar{P}_2 = 148.7617$, $\bar{F}_1 = 189.5900$ $\bar{F}_1 > \bar{P}_2 = 189.5900 > 148.7617$] parsel tane verimi yüksekliği yönünde bir üstün dominanslığın varlığını göstermektedir

F_1 ekstremleri ve 'rd': En yüksek F_1 değeri, en düşük F_1 değeri ve anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\sum d = 5.095$ ve 'rd' = %1.5 olarak bulunmuştur. Bu durum bu özellikle ilgili genlerin analar arasında dağılımının yetersiz olduğunu ve bir anaçta toplandığını göstermektedir.

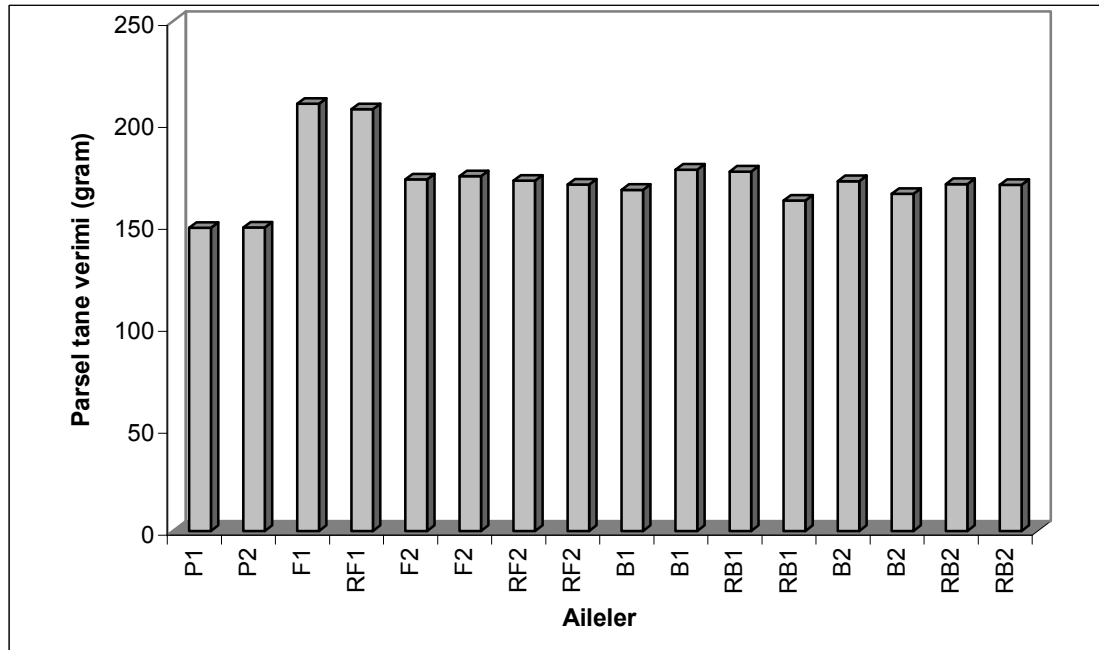
4.6.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama öğeleri tahminleri

Parsel tane verimi için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler Çizelge 4.33'de verilmiştir.

Çizelge 4.33. Parsel tane verimi (g) için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans (σ^2)	n	$V\bar{x} = \sigma^2/n$	$W=1/V\bar{x}$
P ₁	148.687	530.6721	3	176.8907	0.0057
P ₂	148.837	382.5166	3	127.5055	0.0078
F ₁	189.590	94.7414	6	15.7902	0.0633
F ₂	171.986	83.0163	12	6.9180	0.1446
B ₁	170.693	61.9932	12	5.1661	0.1936
B ₂	169.158	379.5566	12	31.6297	0.0316

Parsel tane verimi için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.6'da verilmiştir. Şekil 4.6'da görüldüğü gibi F₁'lerin anaçlara göre yüksek değerde çıkması parsel tane verimi açısından bir üstün dominanslığın varlığına işaret etmektedir. F₂'de ana ve babaya göre daha yüksek değerli tiplerin ortaya çıkması transgresif açılımlardan kaynaklanmaktadır.



Şekil 4.6. Parsel tane verimi ortalama değerleri (g)

Parsel tane verimi için ortalama öğelerinin tahmini bilgisayar programında MEAN FIT analizi ile yapılmış olup değerler Çizelge 4.34'de verilmiştir.

Çizelge 4. 34. Parsel tane verimi için en iyi uyumlu modele ait ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
m	151.5486	4.4250	35.249
[d]	-	-	-
[h]	38.6325	7.4923	5.156
[i]	-	-	-
[j]	-	-	-
[l]	-	-	-

χ^2 değeri: 0.4056^{od} Serbestlik derecesi: 4

Mükemmel uyumlu model denemesinde [d], [j], [i] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m ve [h]' yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Bu karakter için dominans varyans etkili iken eklemeli varyans ve epistatik etkilerin önemsiz olduğu tespit edilmiştir. Bulgularımız farklı araştırmacıların (Johnson ve ark., 1966; Bhatiya ve ark., 1987; Collaku ve Harrison, 2005) bulguları ile uyumludur. [h]'nin pozitif olması yüksek değer veren allel genlere doğru bir yöneliş olduğuna işaret etmektedir.

4.6.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans öğeleri tahminleri

Tane verimi için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği Bartlett ve F testleri aracılığıyla kontrol edilmiştir. Varyanslar homojen bulunmuştur. Varyans öğeleri tahmininde kullanılan veriler Çizelge 4.35'de verilmiştir.

Çizelge 4.35. Varyans öğeleri tahminleri için kullanılan veriler

Generasyon	Varyans(σ^2)	n
$E = (\sigma^2 P_1 + \sigma^2 P_2 + \sigma^2 F_1)/3$	335.9767	12
F ₂	115.6780	12
B ₁	143.0244	12
B ₂	235.5743	12

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla parsel tane verimi için elde edilen varyans öğeleri tahminleri Çizelge 4.36'da verilmiştir.

Çizelge 4.36. Parsel tane verimi için en iyi uyumlu model ait varyans öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	-	-	-
H	-	-	-
F	304.7509	103.2229	2.952
E	213.9954	47.8922	4.468

χ^2 değeri: 4.2057^{od} Serbestlik derecesi: 2

Mükemmel uyumlu model denemesinde D ve H parametreleri önemsiz bulunurken, F ve E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan parsel tane verimine eklemeli varyans ve dominans varyansın etkili olmadığı farklılıkların interaksiyonlar ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bulgularımız farklı araştırmacıların (Amaya ve ark., 1972; Sun ve ark., 1972) bulguları ile uyumludur.

4.7. SDS Sedimentasyon (ml)

SDS sedimentasyon için temel generasyonlar aracılığıyla elde edilen veriler ve analizlerin sonuçları aşağıda verilmiştir.

4.7.1. Varyans analizleri

SDS sedimentasyon değeri generasyonlara göre ortalama 18.14 ml (\bar{P}_1) ile 18.65 ml (\bar{B}_2) arasında değişmiştir. Bulgularımız makarnalık buğdayda SDS sedimentasyon değerinin 13.8 ml ile 24.5 ml arasında değiştiğini bildiren Yalvaç ve ark. (2008) ile uyum içerisindedir.

Çizelge 4.37'de görüldüğü gibi SDS sedimentasyon için resiprokları içeren F_1 generasyonunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark bulunmamıştır. Bu durum bu özellik için anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir. Tekerrürlerin tüm generasyonlarda istatistiki olarak önemli bulunmayışı SDS sedimentasyon bakımından mikro çevresel etkilerin önemli olmadığını göstermektedir.

Çizelge 4.37. SDS sedimantasyon için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
P₂ Generasyonu				
F₁ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.00300	0.00152	1.0000 ^{öd}
Aileler	1	0.00320	0.00324	2.1386 ^{öd}
Hata	2	0.00300	0.00152	
F₂ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.00006	0.00003	0.0140 ^{öd}
Aileler	3	0.00189	0.00063	0.3139 ^{öd}
Hata	6	0.01201	0.00200	
B₁ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.00970	0.00485	0.6503 ^{öd}
Aileler	3	0.05400	0.01800	2.4135 ^{öd}
Hata	6	0.04475	0.00746	
B₂ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.01578	0.00789	1.7313 ^{öd}
Aileler	3	0.04023	0.01341	2.9436 ^{öd}
Hata	6	0.02734	0.00456	

4.7.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans değerleri aracılığıyla tespit edilen A, B ve C değerlerinden yararlanılarak yapılan t testi sonuçları ($t_{CETVEL(18)}=2.1 > t_{A(18)}=0.33$, $t_{B(18)}=0.144$ ve $t_{C(20)}=0.055$) SDS sedimantasyon için epistazinin olmadığını göstermiştir.

4.7.3. Bartlett ve F homojenlik testleri

Anaçlar ve F₁'in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett testi ($\chi^2=0.12374$, $P>0.05$) ve F testi ($F_{(2,5)} = \frac{\partial^2 P_1}{\partial^2 F_1} = 1.53 < 5.79 F_{CETVEL(2,5)}$) sonucunda varyansların homojen olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.38). Anaçlar ve F₁'in varyanslarının ortalaması aracılığıyla hesaplanan çevresel varyans (E) değerinin [$E=(\partial^2 P_1 + \partial^2 P_2 + \partial^2 F_1)/3$] varyans öğeleri tahminlerinde kullanılabileceğine karar verilmiştir. E için parsel sayısı bu üç ailenin toplam parsel sayısı olan 12 olarak alınmıştır.

Çizelge 4.38. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuçları

Aile	Varyans (σ^2)	n	F _{hesap(2,5)}	F _{cetvel(2,5)}	χ^2	Önemlilik seviyesi
P ₁	0.4780	3	1.53	5.79		Önemli değil
P ₂	0.6227	3				
F ₁	0.4081	6			0.1237	Önemli değil

4.7.4. Ortalama ve varyans öğelerinin hesaplanması

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 değerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $d=0.206$ ve $h=-0.153$ olarak, potens oranı= $|h|/|d|= 0.74$ olarak bulunmuştur. Varyanslar üzerinden yapılan hesaplamalar sonucunda $D=0$ ve $H=1.3844$ olarak hesaplanmıştır.

4.7.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

SDS sedimantasyon için Mather ve Jinks (1982)'e göre geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.77 olarak tahmin edilirken, dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilememiştir. D değeri hesaplanamadığı için dominanslık oranı tespit edilememiştir.

4.7.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): F_1 ve RF_1 ortalama değerleri ve varyansları aracılığıyla yapılan t testi sonucunda ($t_6 = (F_1 - RF_1) / \sqrt{(\sigma^2 F_1 + \sigma^2 RF_1)} = 0.4943 < 2.5$ $t_{CETVEL(6)}$) ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunamamıştır. Bu sonuç SDS sedimantasyon için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir.

Cinsiyet bağıllığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba ve RF_1 'lerin baba olarak kullanıldığı F_2 generasyonu ortalama değerleri üzerinden yapılan t testi sonucunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark çıkmayışı ($t_{12} = 0.053 < 2.2 = t_{CETVEL(12)}$) SDS sedimantasyon için cinsiyet bağıllığı olmadığını işaret etmektedir.

Heterosis: SDS sedimantasyon için yapılan gözlemlerde F_1 ortalama değerinin anaç ortalama değerinden düşük ve iki anaç arasında çıkması [Anaçların ortalaması (mp)= 18.34, $\bar{F}_1=18.19$, $\bar{F}_1 < mp = 18.19 > 18.34$] SDS sedimantasyon bakımından heterosis olmadığını göstermektedir.

F_1 ekstremleri ve 'rd': En yüksek ve en düşük F_1 değeri ile anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\sum d=0.8$ ve 'rd' = % 25.75 olarak bulunmuştur. Bu durum SDS sedimantasyon için genlerin anaçlara nispeten dağılmış olduğunu göstermektedir.

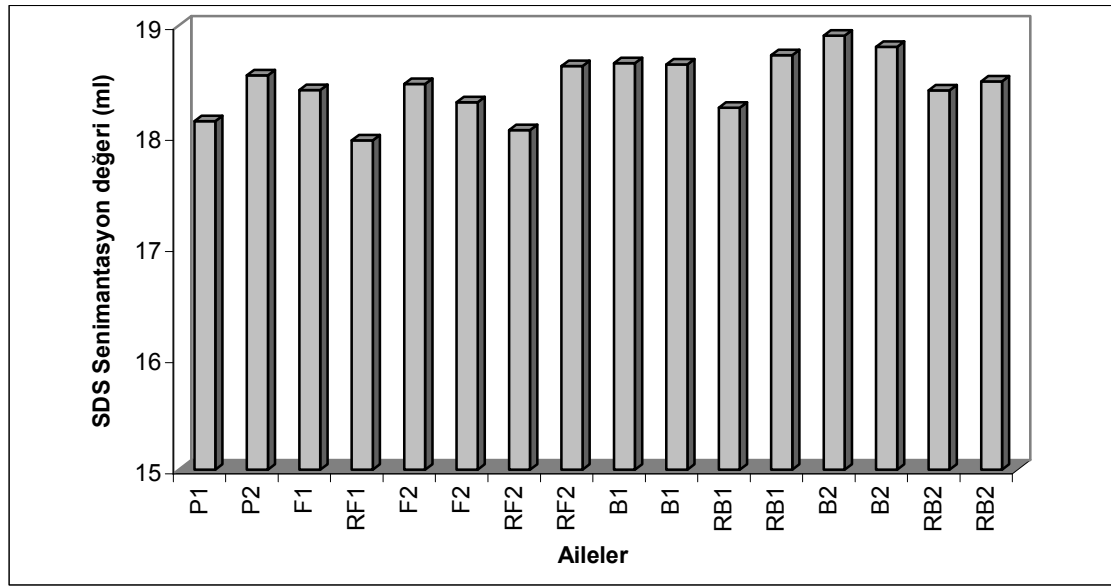
4.7.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama öğeleri tahminleri

SDS sedimantasyon için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler Çizelge 4.39'da verilmiştir.

Çizelge 4.39. SDS sedimantasyon için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans (σ^2)	n	$V\bar{x} = \sigma^2/n$	$W=1/V\bar{x}$
P_1	18.1372	0.4780	3	0.1593	0.8407
P_2	18.5499	0.6227	3	0.2076	0.7924
F_1	18.1907	0.4081	6	0.0680	0.9320
F_2	18.3682	0.2858	12	0.0238	0.9762
B_1	18.5753	0.4027	12	0.0336	0.9664
B_2	18.6559	0.7321	12	0.0610	0.9390

SDS sedimantasyon için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.7'de verilmiştir. Şekil 4.7'de görüldüğü gibi F_1 'lerin anaçlar arasında bir değerde bulunması SDS sedimantasyon açısından heterosisin olmadığına işaret etmektedir. F_2 'de ana ve babaya göre daha yüksek değerli tiplerin ortaya çıkması transgresif açılımlardan kaynaklanmaktadır.



Şekil 4.7. SDS sedimantasyon ortalama değerleri (ml)

SDS sedimantasyon için ortalama öğelerinin tahmini bilgisayar programında MEAN FIT analizi ile yapılmış olup değerler Çizelge 4.40'da verilmiştir.

Çizelge 4.40. SDS sedimantasyon için en iyi uyumlu modele ait ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
m	18.4150	0.4285	42.98
[d]	-	-	-
[h]	-	-	-
[i]	-	-	-
[j]	-	-	-
[l]	-	-	-

χ^2 değeri: 0.2077^{od} Serbestlik derecesi: 5

Mükemmel uyumlu model denemesinde [d], [h], [i], [j] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup 'm' yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Bu karakter için eklemeli varyans, dominans varyans ve epistatik etkilerin önemsiz olduğu veya temel generasyonlar yoluyla tespit edilemediği anlaşılmıştır. Ayrıca anaçların bu karakter açısından benzer olmaları da hesaplamaların yapılamaması açısından önemlidir.

4.7.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans ögeleri tahminleri

SDS sedimantasyon için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği Bartlett ve F testi aracılığıyla kontrol edilmiştir. Varyansların homojen olduğu anlaşılmıştır. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.41’de verilmiştir.

Çizelge 4.41. Varyans ögeleri tahminleri için kullanılan veriler

Generasyon	Varyans(σ^2)	n
E : $(\sigma^2F_1 + \sigma^2P_1 + \sigma^2P_2)/3$	0.5029	12
F ₂	0.2858	12
B ₁	0.4027	12
B ₂	0.7321	12

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla SDS sedimantasyon için elde edilen varyans ögeleri tahminleri Çizelge 4.42’de verilmiştir.

Çizelge 4.42. SDS sedimantasyon için en iyi uyumlu modele ait varyans ögeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	-	-	-
H	-	-	-
F	-	-	-
E	0.4809	0.0787	6.1130

χ^2 değeri: 4.3543^{od} Serbestlik derecesi: 3

Mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan SDS sedimantasyondaki farklılıkların sadece çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bu bulgumuz Yağdı ve Sözen (2009) ile uyumludur. Örnekleme varyasyonunun olmayışı ve anaçların bu özellik açısından çok benzer olması tahminleri güçleştirmektedir. Çeşitlerin özellik belgelerinde (Çizelge 3.1) verilen SDS sedimantasyon değerlerinden (Fırat-93 için 12-28 ml, Özberk için 25 ml) farklı sonuçlar (Fırat-93 için 18.55 ml, Özberk için 18.13 ml) elde edilmiş olması da bu özelliğin çevreden etkilendiğini, farklı çevre koşullarında farklı değerler elde edilebileceğini göstermektedir.

4.8. Tane Rengi (kırmada b değeri)

Tane rengi için a, b ve L değerleri renk tahin cihazı ile tespit edilmiş olup sarı renk pigmentini içeriği hakkında fikir veren (kırmada b değeri) analizlerde kullanılmıştır. Kırmada b değeri için temel generasyonlar aracılığıyla elde edilen veriler ve analizlerin sonuçları aşağıda verilmiştir.

4.8.1. Varyans analizleri

Tane rengi (kırmada b değeri) generasyonlara göre ortalama 19.35 (\bar{B}_2) ile 20.30 (\bar{P}_1) arasında değişmiştir. Çizelge 4.43'de görüldüğü gibi tane rengi (kırmada b değeri) için resiprokları içeren generasyonlarda aileler arasında istatistiki öneme sahip fark bulunmamıştır. Bu durum bu özellik için anaya bağlı etkilerin olmadığını göstermektedir.

Tekerrürlerin bütün generasyonlarda istatistiki öneme sahip bulunmaması tane rengi (kırmada b değeri) bakımından mikro çevresel etkilerin önemli olmadığını veya ölçüm hatalarının olmadığını göstermektedir.

Çizelge 4.43. Tane rengi (kırmada b değeri) için aileler üzerinde yapılan varyans analizleri sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F değeri
P₁ Generasyonu				
P₂ Generasyonu				
F₁ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.27506	0.13753	2.9012 ^{öd}
Aileler	1	0.21282	0.21282	4.4894 ^{öd}
Hata	2	0.09481	0.04740	
F₂ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.19073	0.09536	1.3163 ^{öd}
Aileler	3	0.13213	0.04404	0.6079 ^{öd}
Hata	6	0.43470	0.07245	
B₁ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.02875	0.01438	0.1256 ^{öd}
Aileler	3	0.45863	0.15288	1.3352 ^{öd}
Hata	6	0.68696	0.11449	
B₂ Generasyonu				
Tekerrürler	2	0.06126	0.03063	0.3066 ^{öd}
Aileler	3	0.25622	0.08541	0.8550 ^{öd}
Hata	6	0.59935	0.09990	

4.8.2. Allelik olmayan interaksiyonlar (Epistazi)

Ailelere ait ortalama ve varyans deęerleri aracılıęıyla tespit edilen A, B ve C deęerlerinden yararlanılarak yapılan t testi sonuları tane rengi (kırmada b deęeri) iin epistazinin olmadıęını gstermiřtir ($t_{CETVEL(18)}=2.1 > t_{A(18)}=-0.66$, $t_{B(18)}=-2.41$ ve $t_{C(20)}=0.039$).

4.8.3. Bartlett ve F varyans homojenlik testleri

Analar ve F_1 'in varyansları dikkate alınarak yapılan Bartlett testi ($\chi^2=5.1171$, $P>0.05$) ve aılamayan generasyonlarda en byk varyansın en kk varyansa blnmesi ile yapılan F testi ($F_{(2,5)}=\hat{\sigma}^2P_1/\hat{\sigma}^2F_1=62.46 > 5.79 F_{CETVEL(2,2)}$) sonucunda varyansların homojen olmadıęı tespit edilmiřtir (izelge 4.44). Analar ve F_1 'in ‘‘Kareler Toplamı’’ aracılıęıyla hesaplanan evresel varyans (E) deęerinin $[E=(KTP_1+KTP_2+KTF_1)/(\{n_1+n_2+n_3\}-3)]$ varyans ęeleri tahminlerinde kullanılabileceęine karar verilmiřtir. E iin parsel sayısı bu  ailenin toplam parsel sayısı olan 12 olarak alınmıřtır.

izelge 4.44. Bartlett ve F varyans homojenlik testlerinde kullanılan veriler ve test sonuları

Aile	Varyans ($\hat{\sigma}^2$)	n	$F_{hesap(2,2)}$	$F_{cetvel(2,2)}$	χ^2	nemlilik seviyesi
P_1	0.0812	3	62.46	19		*
P_2	0.0013	3				
F_1	0.0474	6			5.1171	*

4.8.4. Ortalama ve varyans ęeleri hesaplamaları

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 ve \bar{F}_1 deęerleri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $d=-0.0833$ ve $h=-0.5543$ olarak, potens oranı= $|h|/|d|=6.65$ olarak bulunmuřtur. Varyanslar zerinden yapılan hesaplamalar sonucunda D tespit edilemezken $H=0.2232$ olarak tespit edilmiřtir.

4.8.5. Dar ve geniş anlamda kalıtım derecesi tahminleri ve dominanslık oranı

Tane rengi (kırmada b değeri) için dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken, geniş anlamda kalıtım derecesi Mather ve Jinks (1982)'e göre % 40.17 olarak tahmin edilmiştir. D tespit edilemediği için dominanslık oranı hesaplanamamıştır.

4.8.6. Diğer gen etkileri

Anaya bağlı etki (Maternal etki): \bar{F}_1 ve $R\bar{F}_1$ değerleri aracılığıyla yapılan t testi sonucunda ortalamalar arasında istatistiki olarak önemli fark bulunamamıştır. Bu sonuç tane rengi (kırmada b değeri) için anaya bağlı etkinin (sitoplazmik etki) olmadığını göstermektedir ($t_{(6)} = \frac{R\bar{F}_1 - \bar{F}_1}{\sqrt{(\partial^2 F_1 + \partial^2 R F_1)}} = \frac{0.38}{0.184933} = 2.055 < 2.5 t_{CETVEL(6)}$).

Cinsiyet Bağlılığı (Sex linkage): F_1 'lerin baba ve $R F_1$ 'lerin baba olarak kullanıldığı F_2 generasyonu ortalama değerleri üzerinden yapılan t testi sonucunda aileler arasında istatistiki olarak önemli fark çıkmayışı ($t_{12} = 0.2818 < 2.2 = t_{CETVEL(12)}$) tane rengi (kırmada b değeri) için cinsiyet bağlılığı olmadığına işaret etmektedir.

Heterosis: Tane rengi (kırmada b değeri) için yapılan gözlemlerde F_1 ortalama değerinin anaç ortalama değerinden düşük çıkması [Anaçların ortalaması (mp) = 20.221, $\bar{F}_1 = 19.667$, $\bar{F}_1 < mp = 19.667 < 20.221$] ve ayrıca $\bar{F}_1 < \bar{P}_2$ olduğu için tane rengi (kırmada b değeri) bakımından negatif yönde bir üstün dominanslık vardır.

F_1 ekstremleri ve 'rd': En yüksek F_1 değeri, en düşük F_1 değeri ve anaç ortalama değeri kullanılarak yapılan hesaplamalar sonucunda $\sum d = 0.435$ ve 'rd' = % 25.75 olarak bulunmuştur. Bu durum tane rengi için genlerin anaçlara nispeten düzgün dağılmış olduğunu göstermektedir.

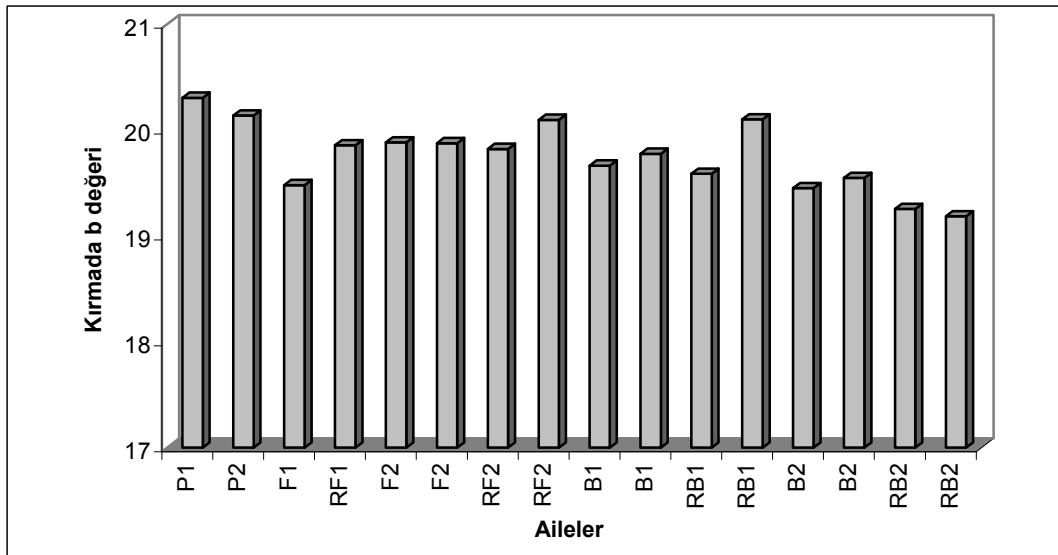
4.8.7. Bilgisayar programı yoluyla ortalama öğeleri tahminleri

Tane rengi (kırmada b değeri) için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler Çizelge 4.45’de verilmiştir.

Çizelge 4.45. Tane rengi (kırmada b değeri) için ortalama öğeleri analizinde kullanılan veriler

Generasyon	Ortalama (\bar{x})	Varyans (σ^2)	n	$V\bar{x} = \sigma^2/n$	$W=1/V\bar{x}$
P ₁	20.3043	0.0812	3	0.0271	36.9458
P ₂	20.1367	0.0013	3	0.0004	2307.6920
F ₁	19.6667	0.4740	6	0.0079	126.5716
F ₂	19.9181	0.0725	12	0.0060	165.6338
B ₁	19.7810	0.1115	12	0.0093	107.6722
B ₂	19.3592	0.0999	12	0.0083	120.1297

Tane rengi (kırmada b değeri) için temel generasyonları oluşturan tüm ailelere ait ortalama değerler Şekil 4.8’de verilmiştir. Şekil 4.8’de görüldüğü gibi F₁’lerin anaçların ortalamasından düşük değerde çıkması tane rengi (kırmada b değeri) açısından negatif yönde heterosisin olduğuna işaret etmektedir.



Şekil 4.8. Tane rengi (kırmada b değeri) ortalama değerleri

Tane rengi (kırmada b değeri) için ortalama öğelerinin tahmini bilgisayar programında MEAN FIT analizi ile yapılmış olup değerler Çizelge 4.46’da verilmiştir.

Çizelge 4.46. Tane rengi (kırmada b değeri) için en iyi uyumlu modele ait ortalama öğeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
M	21.531	0.409	52.614
[d]	-	-	-
[h]	-4.588	1.016	-4.516
[i]	-1.392	0.409	-3.406
[j]	0.422	0.133	3.178
[l]	2.724	0.642	4.245

χ^2 değeri= 1.0214⁰⁰ Serbestlik derecesi= 5

Mükemmel uyumlu model denemesinde [d] parametresi önemsiz bulunmuş olup m, [h], [i], [j] ve [l] 'yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Bu karakter için eklemeli varyans önemsiz iken, dominans varyans ve epistatik etkilerin önemli olduğu tespit edilmiştir.

4.8.8. Bilgisayar programı yoluyla varyans öğeleri tahminleri

Tane rengi (kırmada b değeri) için varyans düzeyinde etkili genetik parametreleri tespit etmek için öncelikle aile içi varyansların homojenliği Bartlett ve F testi aracılığıyla kontrol edilmiştir. Varyansların homojen olmadığı anlaşılmıştır. Çevresel varyansın (E) hesaplanmasında kareler toplamından yaralanılmasının uygun olduğuna karar verilmiştir. Varyans öğeleri tahminleri için kullanılan veriler Çizelge 4.47'de verilmiştir. E için parsel sayısı (n değeri) ise bu üç ailenin toplam parsel sayısı olan 12 olarak alınmıştır.

Çizelge 4.47. Varyans öğeleri tahminleri kullanılan veriler

Generasyon	Varyans(σ^2)	n
$E = (KTF_1 + KTP_1 + KTP_2) / [(6+3+3)-3]$	0.0831	12
F ₂	0.0725	12
B ₁	0.1115	12
B ₂	0.0999	12

Bilgisayar programında VAR FIT analizi aracılığıyla tane rengi (kırmada b değeri) için elde edilen varyans öğeleri tahminleri Çizelge 4.48'de verilmiştir.

Çizelge 4.48. Tane rengi (kırmada b değeri) için varyans ögeleri tahminleri

Parametreler	Değer	Standart Hata	c değeri
D	-	-	-
H	-	-	-
F	-	-	-
E	0.0917	0.0177	5.174

χ^2 değeri: 0.1949^{od} Serbestlik derecesi: 3

Mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan tane rengi'ndeki (kırmada b değeri) farklılıkların sadece çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

Merrit (1988)'in de belirttiği gibi F_1 'lerin anaçların ortalamasından belirgin şekilde sapma göstermesi tane rengi (kırmada b değeri) açısından eklemeli olmayan gen etkilerinin varlığına, epistatik etkilerin ortaya çıkması sarı renk pigmentini kontrol eden birden fazla genin varlığına işaret etmektedir. Makarnalık buğdayda sarı renk pigmentini kontrol eden birden fazla genin olabileceği farklı araştırmacılar (Santra ve ark., 2005; Clarke ve ark., 2006; Reimer ve ark., 2008; Patil ve ark., 2008; Patil ve ark., 2009; Singh ve ark., 2009) tarafından da bildirilmektedir. Johnston ve ark. (1983) ise irmik renginin kalıtımının % 82 oranında eklemeli genetik varyasyon kontrolünde olduğunu bildirmiştir. Bu durum Novoselovic ve ark. (2004)'ün da belirttiği gibi deneme yeri ve melezleme kombinasyonlarındaki farklılıktan kaynaklanabilir.

Melezlemelerde kullanılan anaçlar arasında tane rengi bakımından farklılık olmayışı eklemeli varyans ve dominans varyans değerlerinin tespit edilememesine neden olmuş ve dolayısıyla bu özellik için kalıtım derecesi tahminleri yapılamamıştır. Bazı araştırmacılar (Santra ve ark., 2005; Clarke ve ark., 2006) bu özellik için geniş anlamda kalıtım derecesini yüksek (% 67-93, % 88-95) tahmin ettiklerini bildirmişlerdir.

5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER

Tarla denemelerinden elde edilen veriler ile formüller ve bilgisayar programı yardımıyla yapılan hesaplamaların sonuçları aşağıda verilmiştir:

Başaklanma gün sayısı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda (negatif değerler elde edilememiştir ve 2. derece istatistikler negatif olamaz) D ve H değerleri tahmin edilemediği için dominanslık oranı ile dar anlamda ve geniş anlamda kalıtım dereceleri de tahmin edilememiştir. Başaklanma gün sayısı için anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, erkencilik sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı, geççilik yönünde bir tam dominanslığın varlığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama öğeleri tahminlerinde 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. Varyans öğeleri tahminlerinde F ve E parametreleri önemli bulunan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Farklılıkların “eklemeli x dominans varyans” (F) ve çevresel varyanstan (E) kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

Kanopi sıcaklığı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda ve geniş anlamda kalıtım dereceleri Mather ve Jinks (1982) metoduna göre % 44.98 olarak tahmin edilirken, Warner (1952) metoduna göre dar anlamda kalıtım derecesi % 71.34 olarak tahmin edilmiştir. Bulunan değerler bu karakter için nispeten erken seleksiyon yapılabileceği yönündedir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, düşük kanopi sıcaklığı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı, düşük kanopi sıcaklığı yönünde bir üstün-dominanslık durumu olduğu tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama öğeleri tahminlerinde önce mükemmel uyumlu model denenmiş ve [d], [j] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m, [h] ve [i]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Varyans öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, E parametresi önemli bulunan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Buradan kanopi sıcaklığı için farklılıkların çevresel varyanstan (E) kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

Bitki boyu için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi % 57.97 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, uzun bitki boyu yönünde bir üstün dominanslığın varlığı, uzun bitki boyu sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d] ve [i] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m, [h], [j] ve [l]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Varyans öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D parametresi önemsiz bulunurken, H, F ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan bitki boyundaki farklılıkların dominans varyans, epistatik etkiler ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. En uyumlu modelden elde edilen D, H ve E değerleri kullanılarak dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.65 olarak tespit edilmiştir.

Başakta tane sayısı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi ile geniş anlamda kalıtım derecesi Mather ve Jinks (1982)'ye göre eşit ve % 42.25 olarak tahmin edilirken, dar anlamda kalıtım derecesi Warner (1952)'ye göre % 77.06 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, başakta tane sayısı bakımından artan yönde bir üstün dominanslığın varlığı, başakta tane sayısı artışı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d] ve [i] parametreleri önemsiz bulunmuş olup en iyi uyumlu modelin m, [h], [j] ve [l]'yi içeren model olduğu tespit edilmiştir. Varyans öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, D ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan başakta tane sayısındaki farklılıkların eklemeli varyans ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. En uyumlu modelden elde edilen D, H ve E değerleri kullanılarak hesaplanan dar anlamda kalıtım derecesi ile geniş anlamda kalıtım derecesi H değeri tahmin edilemediği için olduğu için bir birine eşit ve %

18.26 olarak tespit edilmiştir. Anaçlar arasında bu karakter açısından gerçek bir genetik farklılık olduğu kanaati oluşmuştur.

Başakta tane ağırlığı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi % 50.26 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, başakta tane ağırlığı bakımından artan yönde bir üstün dominanslığın varlığı, başakta tane ağırlığı artışı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [i] parametresi önemsiz bulunmuş olup m, [d], [h], [j] ve [l]’ yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D ve F parametreleri önemsiz bulunurken, H ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan başakta tane ağırlığındaki farklılıkların dominans varyans ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. En iyi uyumlu modelden elde edilen değerler aracılığıyla geniş anlamda kalıtım derecesi % 36.35 olarak hesaplanmıştır.

Parsel tane verimi için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda negatif değerler elde edildiği için varyans öğeleri D ve H hesaplanamamıştır. Bu nedenle ne dar anlamda ne de geniş anlamda kalıtım dereceleri tahmin edilememiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, parsel tane verimi bakımından artan yönde bir üstün dominanslığın varlığı, parsel tane verimi bakımından artışı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d], [j], [i] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m ve [h]’ yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D ve H parametreleri önemsiz bulunurken, F ve E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan parsel tane verimine eklemeli varyans ve dominans varyansın etkili olmadığı farklılıkların interaksiyonlar ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

SDS sedimantasyon için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.77 olarak tahmin edilirken, dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilememiştir. Anaya bağlı etki, cinsiyet bağlılığı, heterosis olmadığı SDS sedimantasyon artışı sağlayan genlerin anaçlara göreceli olarak düzgün bir şekilde dağıldığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d], [h], [i], [j] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup 'm' yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan SDS sedimantasyondaki farklılıkların sadece çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

Tane rengi (kırmada b değeri) için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken, geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.17 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağlılığı olmadığı, tane rengi (kırmada b değeri) bakımından negatif yönde bir üstün dominanslığın olduğu ve yüksek tane rengi sağlayan genlerin anaçlara göreceli olarak düzgün bir şekilde dağıldığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d] parametresi önemsiz bulunmuş olup m, [h], [i], [j] ve [l] 'yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan tane rengi (kırmada b değerindeki) farklılıkların sadece çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

İncelenen tüm özellikler dikkate alındığında temel generasyonları elde etmek için kullanılan çeşitlerin birbirine çok benzerlik gösterdiği ve bunun sonucunda da incelenen karakterler üzerinde genetik etkilerden ziyade çevresel etkilerin ortaya çıktığı tespit edilmiştir. Bu tür çalışmalarda üzerinde çalışılacak özellik bakımından birbirinden farklı olan çeşitlerin temel generasyonları elde etmek için kullanılmasının, örnekleme sayısının artırılmasının ve mikro çevresel varyasyonun azaltılmasının daha uygun olabileceği sonucuna varılmıştır.

KAYNAKLAR

- ANONİM, 2009a. Türkiye İstatistik Kurumu (www.tuik.gov.tr).
- ANONİM, 2009b. Şanlıurfa Meteoroloji Bölge Müdürlüğü, Şanlıurfa.
- ANONYMOUS, 1983. Approved Methods of the American Association of Cereal Chemists (Eight edition). American Association of Cereal Chemists, Inc.
- ANONYMOUS, 1991. Genetics simulations for small size populations. GENSIM statistical package. Univ. of Birmingham. UK.
- ANONYMOUS, 2001. The basic of color preception and measurement. HunterLab Presents, Reston VA, p:56, USA.
- ANONYMOUS, 2002. *JMP® Design of Experiments*, Version 5, Copyright by SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. ISBN 1-59047-070-2.
- AMAYA, A.A., BUSCH, R.H. and LEBSOCK, K.L., 1972. Genetic effects in durum wheat. *Crop Science* 12:479-481.
- AMMASSARI, T.M., FAGIOLI, S. and ROSSI, A.C., 1992. Genotype-dependent involvement of limbic areas in spatial learning and postlesion recovery. *Physiol. Behav.* 52: 505-510.
- AUTRAN, J.C. and GALTERIO, G., 1989. Associations between electrophoretic composition of proteins, quality characteristics and agronomic attributes of durum wheats. II. Protein-quality associations. *Journal of Cereal Science* 9: 195–215.
- AYENEH, A., VAN GINKEL M., REYNOLDS, M.P. and AMMAR, K., 2002. Comparison of leaf, spike, peduncle and canopy temperature depression in wheat under heat stress. *Field Crops Research* 79: 173-184.
- BHATIYA, V.J., JADON, B.S. and PITHIA, M.S., 1987. Gene effects for grain yield and it's components in durum wheat. *Madras Agr. Journal* 74(4-5): 258-260.
- BILGIN, O., KORKUT, K.Z., BASER, I., DAGLOGLU, O., OZTURK, I. and KAHRAMAN, T., 2008. Determination of variability between grain yield and yield components of durum wheat varieties (*Triticum durum* Desf.) in Thrace Region. *Jour. of Tekirdag Agr. Fac.* 5(2):101-109.
- BILGIN, O., BASER, I., KORKUT, K.Z., GENCTAN, T., BALKAN, A. and SAGLAM., N., 2009. Variations for grain yield and milling value of durum wheat landraces and obsolete cultivars. *Philippine Agr. Sci.* 92(1):25-32.
- BRUSH,, S.B. and MENG, E. 1998. The value of wheat genetic resources to farmers in Turkey. *Agricultural Values of Plant Genetic Resources*. Edited by Evenson, R.E., Gollin, D. and Santaniello, V.) CABI Publishing Wallingford, UK :97-113
- CAMHI, J.M., 1993. Neural mechanisms of behavior. *Curr Opinion Neurobiol* 3:1011-1019.

- CAVALLI, L.L., 1952. In quantitative inheritance (E.C.R. Reave and C.V. Waddington, eds) :135-144.
- CHO, N.J., OHM, J.B. and CHUNG, O.K., 2001. Prediction of bread-making properties using intrinsic wheat quality characteristics. Food Sci. Biotechnol. 10: 391-396.
- CHOWDHRY, M.A., RAFIG, M. and ALAM, K., 1992. Genetic architecture of grain yield and certain other traits in bread wheat. Pakistan J. Agric. Res. 13: 215-220.
- CLARKE, F.R., CLARKE, J.M., McCAIG, T.N., KNOX, R.E. and DePAUW, R.M., 2006. Inheritance of yellow pigment concentration in seven durum wheat crosses. Canadian Jour. of Plant Sci. 86(1):133-141.
- COLLAKU, A. and HARRISON, S.A., 2005. Heritability of waterlogging tolerance in wheat. Crop Science 45(2): 722-727.
- COŞKUN, Y. ve ÖKTEM, A., 2003. Farklı Dozlarda ve Zamanlarda Uygulanan Azotun Makarnalık Buğdayın Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi. Hr. Ü. Z. F.D., 7 (3-4): 1-10.
- COX, M.C., QUALSET, C.P. and RAINS, D.W., 1985. Genetic variation for nitrogen assimilation vtranslocation in wheat. I. Dry matter and nitrogen accumulation. Crop Science 25: 430-435.
- DEXTER, J.E. and MATSUO, R.R., 1980. Relationship between durum wheat protein properties and pasta dough rheology and spaghetti contents quality. Journal of Agriculture and Food Chemistry 28: 899-902.
- DHALIWAL, L.S., H. SINGH, NADHA, G.S. and DHALIWAL, H.S., 1994. Inheritance of grain protein content in two high-protein lines of wheat. Rachis 13(1/2): 34-36.
- DİNÇ, U., 1988. Güneydoğu Anadolu Bölgesi Toprakları (GAP) 1. Harran Ovası. TÜBİTAK GÜDÜMLÜ Araştırma Projesi Kesin Sonuç Raporu, Proje NO: TOAG-534, Adana.
- FLOOD, R.G. and HALLORAN, G.M., 1986. Genetics and physiology of vernalization response in wheat. Adv. Argon. 39:87-125.
- HAYMAN, B.I., 1960. Maximum likelihood estimation of genetic components of variation. Biometrics 16: 369-381.
- JOHNSON, V.A., BIEVER, K.J., HAUNOLD, A. and SCHMIDT, J.W., 1966. Inheritance of plant height, yield og grain, other plant and seed chracteristics in a cross of hard red winter wheat. Crop Science 6:336-339.
- JOHNSTON, R.A., QUICK, J.S. and HAMMOND, J.J., 1983. Inherintace of semolina colour in six durum wheat crosses. Crop Science 23:607-610
- KAYA, Y., TOPAL, A., GONULAL, E. and ARISOY, R.Z., 2002. Factor analysis of yield traits in genotypes of durum wheat (*Triticum durum*). Ind. Jour. of Agr. Sci. 72(5):301-303.
- KETATA, H., EDWARDS, L.H. and SMITH, E.L., 1976. Inheritance of eight agronomic characters in a winter wheat cross. Crop Science 16:19-22

- KLAIMI, Y. I. and QUALSET, C.O., 1973. Genetics of heading time in wheat (*Triticum aestivum* L.): The inheritance of photoperiodic response. *Genetics* 74: 139-156.
- LARIEK, A.S., MAHAR, A.R. and HAFIZ, H.M.I., 1995. Heterosis and combining ability estimates in diallel crosses of six cultivars of spring wheat. *Wheat Inform. Serv.* 80: 12-19.
- MATHER, K., 1949. *Biometrical Genetics*. Methuen Co./ London
- MATHER, K. and JINKS, J.L., 1982. *Biometrical Genetics*. Chapman and Hall Co., London.
- MERRIT, R.G., 1988. Inheritance of culm number in two unicum x multicum wheat crosses. *Euphytica* 38(2): 105-111.
- NOVOSELOVIC, D., BARIC, M., DREZNER, G., GUNJACA, J. and LALIC, A., 2004. Quantitative inheritance of some wheat plant traits. *Genetics and Molecular Biology* 27 (1):92-98.
- OAK, M.D., TAMHANKAR, S.A., RAO, V.S. and BHOSALE, S.B., 2004. Assessment of commercial, technological and kernal characteristics of Indian durum wheat (*Triticum durum*). *Ind. Jour. Of Agr. Sci.* 74(2):68-72.
- ÖZBERK, İ. ve ÖZBERK, F., 1993. Makarnalık buğdayda verim öğeleri ve verim arası ilişkiler. Güneydoğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü PK. 72 Diyarbakır.
- ÖZBERK, İ. ve KIRTOK, Y., 2003. Makarnalık Buğdayda (*Triticum durum* L.) Bazı Kantitatif Karakterlerdeki Genetik Varyasyon ve Kalıtımın Araştırılması. *Anadolu J.of AARI* 13(1): 58-74.
- ÖZBERK, İ. ve ÖZBERK, F., 2008. Güneydoğu Anadolu'da Serin İklim Tahılları (Buğday ve Arpa). Ders notları. Hr. Ü. Z.F. Ders notları 87-101, Şanlıurfa.
- PATIL, R.M., OAK, M.D., TAMHANKAR, S.A., SOURDILLE, P. and RAO, V.S., 2008. Mapping and validation of a major QTL for yellow pigment content on 7AL in durum wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. *durum*). *Mol Breeding* 21:485-496.
- PATIL, R.M., OAK, M.D., TAMHANKAR, S.A. and RAO, V.S., 2009. Molecular mapping of QTLs for gluten strength as measured by sedimentation volume and mixograph in durum wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. *durum*). *Journal of Cereal Science* 49:378-386.
- PEHLİVAN, A., EVLİCE, A.K., ŞANAL, T., ÇİNKAYA, N, ÖZDERE, T. ve KEÇELİ, A., 2008. Makarnalık buğdaylarda (*Triticum durum* Desf) irmik rengi ile tane rengi arasındaki ilişkinin incelenmesi. Ülkesel Tahıl Sempozyumu, 2-5 Haziran Konya, 819-823.
- PRZUIJ, N. and MLADENOV, N., 1999. Inheritance of grain filling duration in spring wheat. *Plant Breeding* 118: 517-521.
- REIMER, S., POZNIAK, C.J., CLARKE, F.R., CLARKE, J.M., SOMERS, D.J., KNOX, R.E. and SINGH, A.K., 2008. Association mapping of yellow pigment

- in an elite collection of durum wheat cultivars and breeding lines. *Genome* 51(12):1016-1025.
- REYNOLDS, M.P., SINGH, R.P., IBRAHIM, A., AGEEB, O.A.A., LARQUE SAAVEDRA, A. and QUICK, J.S., 1998. Evaluating physiological traits to complement empirical selection for wheat in warm environments. *Euphytica* 100: 85-94.
- SANTRA, M., SANTRA, D.K., RAO, V.S., TAWARE, S.P. and TAMHANKAR, S.A., 2005. Inheritance of β -carotene concentration in durum wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. *durum*). *Euphytica* 144:215-221.
- SHARMA, S.N., SAIN, R.S. and SHARMA, R.S., 2003. Genetics of spike length in durum wheat *Euphytica* 130(2):155-161.
- SHARMA, S. N. and SAIN, R. S. 2004. Genetics of grains per spike in durum wheat under normal and late planting conditions. *Euphytica*, 139(1): 1 – 7.
- SINGH, A., REIMER, S., POZNIAK, C.J., CLARKE, F.R., CLARKE, J.M., KNOX, R.E. and SINGH, A.K., 2009. Allelic variation at *Psy1-A1* and association with yellow pigment in durum wheat grain. *Theor Appl Genet* 118:1539-1548.
- SIMON, M.R., 1999. Inheritance of flag-leaf angle, flag-leaf area and flag-leaf area duration in four wheat crosses. *Theor. Appl. Genet.* 98: 310-314.
- SUN, P. L. F., SHANDS, H.L. and FORSBERG, R.A., 1972. Inheritance of kernel weight in six spring wheat crosses. *Crop Science* 12:1-5.
- TOSUN, M. Ve ALTINBAŞ, M., 2002. *T. dicoccoides* x *T. durum* melezlerinde bazı verim ve kalite özellikleri için gen etkileri. *Ege Ü. Zir. Fak. Der.* 39(2):49-56.
- WARNER, J.N., 1952. A method for estimating heritability. *Agronomy Journal* 44:427-430.
- YAGDI, K., SOZEN, E. and CIFCI, E.A., 2007. Heritability and correlation and correlation of yield and quality traits in durum wheat (*Triticum durum*). *Ind. Jour. of Agr. Sci.* 77(9):565-568.
- YAGDI, K., 2009. Path coefficient analysis of some yield components in durum wheat (*Triticum durum* Desf.). *Pak. Jour. of Bot.* 41(2):745-751.
- YAGDI, K. and SOZEN, E., 2009. Heritability, variance components and correlations of yield and quality traits in durum wheat (*Triticum durum* Desf.). *Pak. Jour. of Bot.* 41(2):753-759.
- YALVAÇ, K., ATLI, A., ÇETİN, L., DÜŞÜNCELİ, F., TUNCER, T., OZAN, A.N., ALBUSTAN, S., YAZAR, S., ZENCİRCİ, N., EZER, V. ve BARAN, İ., 1999. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü'nün geliştirdiği ekmeklik ve makarnalık buğday çeşitlerinin Orta Anadolu'da verim, kalite ve hastalıklara dayanıklılık durumları. *Hububat Sempozyumu*, 8-11 Haziran Konya, 95-99.
- YILDIRIM, A., SAYASLAN, A., KANDEMİR, N., ESERKAYA, T., KOYUNCU, M. ve SÖNMEZOĞLU, Ö.A., 2008. Makarnalık kalitesini etkileyen genlerin Türk makarnalık buğday çeşitlerindeki durumu. *Ülkesel Tahıl Sempozyumu*, 2-5 Haziran Konya, 381-389.

- ZADOKS, J. C., CHANG, T. T. and KONZAK, C. F., 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. *Weed Res.*14: 415-421.
- ZOHARY, D. and HOPF, M., 1993. *Domestication of Plants in the Old World*, 2nd Edn. Clarendon Press, Oxford.

ÖZGEÇMİŞ

20.04.1975 tarihinde Mersin ili Erdemli ilçesinde dünyaya gelmiştir. İlk, orta ve lise eğitimini Çeşmeli kasabasında tamamlamıştır. 1998 yılında GaziOsmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri bölümünden Ziraat Mühendisi ünvanı ile mezun olmuştur. Lisansüstü eğitimini 2003 yılında Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalında tamamlamıştır. 2000 yılında Araştırma Görevlisi olarak atandığı Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünde görevine devam etmektedir. Evli ve bir çocuk babasıdır.

ÖZET

Araştırmada makarnalık buğday çeşitleri Özberk ve Fırat-93 ile bu anaçların melezlemesinden elde edilen döller materyal olarak kullanılmıştır. Tarla çalışmaları ve denemeleri Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi deneme alanlarında 2005-2006 ve 2007-2008 üretim sezonlarında yürütülmüştür. Araştırmada; başaklanma gün sayısı, kanopi sıcaklığı, bitki boyu, başakta tane sayısı, başakta tane ağırlığı, parsel tane verimi, SDS sedimantasyon, tane rengi (kırmada b değeri) gibi özelliklerin kalıtımı üzerine formüller aracılığıyla ve bilgisayar programı yardımıyla tahminler yapılmıştır. Denemelerden elde edilen verilere varyans analizleri JMP 5, istatistik-genetik analizler GENSIM bilgisayar programları kullanılarak yapılmıştır. Deneme yılında özellikle bitkilerin suya en çok ihtiyaç duyduğu ilkbahar döneminde aylık toplam yağış miktarı değerleri uzun yıllar ortalamalarına göre oldukça düşük ortalama sıcaklıklar da yüksek gerçekleşmiştir. Tarla denemelerinde tüm kültürel uygulamalar tekniğine uygun bir şekilde gerçekleştirilmiştir.

Başaklanma gün sayısı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda negatif değerler elde edildiği için D ve H değerleri tahmin edilemediği için dominanslık oranı ile dar anlamda ve geniş anlamda kalıtım dereceleri de tahmin edilememiştir. Başaklanma gün sayısı için anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, erkencilik sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı, geççilik yönünde bir tam dominanslığın varlığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama öğeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [j] parametresi önemsiz bulunmuş, m, [d], [h], [i] ve [I]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Varyans öğeleri tahminlerinde F ve E parametreleri önemli bulunan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Farklılıkların interaksiyon ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

Kanopi sıcaklığı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda ve geniş anlamda kalıtım dereceleri Mather ve Jinks (1982) metoduna göre % 44.98 olarak tahmin edilirken, Warner (1952) metoduna göre dar anlamda kalıtım derecesi % 71.34 olarak tahmin edilmiştir. Bulunan değerler bu karakter için nispeten erken seleksiyon yapılabileceği yönündedir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet

bağlılığı olmadığı, düşük kanopi sıcaklığı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı, düşük kanopi sıcaklığı yönünde bir üstün-dominanslık durumu olduğu tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde önce mükemmel uyumlu model denenmiş ve [d], [j] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m, [h] ve [i]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, E parametresi önemli bulunan model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Buradan kanopi sıcaklığı için farklılıkların çevresel varyanstan (E) kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

Bitki boyu için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi % 57.97 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağlılığı olmadığı, uzun bitki boyu yönünde bir üstün dominanslığın varlığı, uzun bitki boyu sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d] ve [i] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m, [h], [j] ve [l]'den oluşan iki genli interaksiyon modeli en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D parametresi önemsiz bulunurken, H, F ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan bitki boyundaki farklılıkların dominans varyans, interaksiyon ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. En uyumlu modelden elde edilen D, H ve E değerleri kullanılarak dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.65 olarak tespit edilmiştir.

Başakta tane sayısı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi ile geniş anlamda kalıtım derecesi Mather ve Jinks (1982)'e göre eşit ve % 42.25 olarak tahmin edilirken, dar anlamda kalıtım derecesi Warner (1952)'a göre % 77.06 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağlılığı olmadığı, başakta tane sayısı bakımından artan yönde bir üstün dominanslığın varlığı, başakta tane sayısı artışı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar

sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d] ve [i] parametreleri önemsiz bulunmuş olup en iyi uyumlu modelin m, [h], [j] ve [l]' yi içeren model olduğu tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, D ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan başakta tane sayısındaki farklılıkların eklemeli varyans ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. En uyumlu modelden elde edilen D, H ve E değerleri kullanılarak hesaplanan dar anlamda kalıtım derecesi ile geniş anlamda kalıtım derecesi H değeri tahmin edilemediği için bir birine eşit ve % 18.26 olarak tespit edilmiştir.

Başakta tane ağırlığı için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken geniş anlamda kalıtım derecesi % 50.26 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, başakta tane ağırlığı bakımından artan yönde bir üstün dominanslığın varlığı, başakta tane ağırlığı artışı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [i] parametresi önemsiz bulunmuş olup m, [d], [h], [j] ve [l]' yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D ve F parametreleri önemsiz bulunurken, H ve E parametreleri önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan başakta tane ağırlığındaki farklılıkların dominans varyans ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. En iyi uyumlu modelden elde edilen değerler aracılığıyla geniş anlamda kalıtım derecesi % 36.35 olarak hesaplanmıştır.

Parsel tane verimi için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda negatif değerler elde edildiği için varyans ögeleri D ve H hesaplanamamıştır. Bu sebeple ne dar anlamda ne de geniş anlamda kalıtım dereceleri tahmin edilememiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağıllığı olmadığı, parsel tane verimi bakımından artan yönde bir üstün dominanslığın varlığı, parsel tane verimi bakımından artışı sağlayan genlerin anaçların birinden kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d], [j], [i] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup m ve [h]'

yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D ve H parametreleri önemsiz bulunurken, F ve E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan parsel tane verimine eklemeli varyans ve dominans varyansın etkili olmadığı farklılıkların interaksiyon ve çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

SDS sedimantasyon için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.77 olarak tahmin edilirken, dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilememiştir. Anaya bağlı etki, cinsiyet bağlılığı, heterosis olmadığı SDS sedimantasyon artışı sağlayan genlerin anaçlara göreceli olarak düzgün bir şekilde dağıldığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d], [h], [i], [j] ve [l] parametreleri önemsiz bulunmuş olup 'm' yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken, E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan SDS sedimantasyondaki farklılıkların sadece çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

Tane rengi (kırmada b değeri) için formüller aracılığıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; dar anlamda kalıtım derecesi tahmin edilemezken, geniş anlamda kalıtım derecesi % 40.17 olarak tahmin edilmiştir. Anaya bağlı etki ve cinsiyet bağlılığı olmadığı, tane rengi (kırmada b değeri) bakımından negatif yönde bir üstün dominanslığın olduğu ve yüksek tane rengi sağlayan genlerin anaçlara düzgün bir şekilde dağıldığı tespit edilmiştir. Bilgisayar programıyla yapılan hesaplamalar sonucunda; ortalama ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde [d] parametresi önemsiz bulunmuş olup m, [h], [i], [j] ve [l] 'yi içeren model en iyi uyumlu model olarak tespit edilmiştir. Varyans ögeleri tahminlerinde mükemmel uyumlu model denemesinde D, H ve F parametreleri önemsiz bulunurken E parametresi önemli çıkan model en iyi uyumlu model olarak bulunmuştur. Buradan tane rengi (kırmada b değeri)'ndeki farklılıkların sadece çevresel varyanstan kaynaklandığı anlaşılmaktadır.

İncelenen tüm özellikler dikkate alındığında temel generasyonları elde etmek için kullanılan çeşitlerin birbirine çok benzerlik gösterdiği ve bunun sonucunda da genetik etkilerden ziyade çevresel etkilerin ortaya çıktığı tespit edilmiştir

SUMMARY

The Southeast Anatolia is the origin of durum wheat. The region has abundant of durum wheat germ-plasm resources such as wild wheat and land races. The aim of this study is to assess genetics parameters affecting means and variations and the estimation of heritability of some agronomical characteristics of durum wheat. Ozberk and Firat-93 durum wheat varieties and their crosses (P_1 , P_2 , F_1 , RF_1 , F_2 , RF_2 , B_1 , RB_1 , B_2 and RB_2) were used as plant material. Field trials were carried out in 2005-2006 and 2007-2008 cropping seasons in the experimental field of Harran University. In the study number of days to heading, canopy temperature, plant height, grain number spike⁻¹, grain weight spike⁻¹, grain yield plot⁻¹, SDS sedimentation and grain colour (b value) were scored. In second year of experiment there was lower amount of rain that of last 35 year average. The temperature was higher that of last 35 year average. All experimental measures were practiced. Genetic parameters that affecting generation means and variances. Narrow and broad sense heritability were estimated from variances and means of basic generations by formulas and also computer programs. The analyses of variance were practiced by JMP 5 0 1 statistical software program. The analyses of statistical genetics were practiced by GENSIM computer software program.

Number of days to heading: Dominance ratio, narrow sense heritability (h^2_n) and broad sense heritability (h^2_b) for number of days to heading were not estimated by formulas and computer software due to absence of D and H. Maternal effect and sex linkage were not present for number of days to heading, but complete dominance for late maturity was observed. It was estimated that genes of early maturity accumulated in one of the parents. Estimation of components of mean by computer program, the perfect fit model there were some non significant parameters. But the best fit model was adequate with parameters m, [d], [h], [i] and [I]. Estimation of components of variance by computer program, the best fit model was adequate with F and E, in this model, parameters D and H were not significance statistically.

Canopy temperature: h^2_n and h^2_b for canopy temperature were equal and estimated as 44.98 % referring Mather and Jinks (1982) method. h^2_n was estimated as 71.34 % referring Warner (1952) by formulae. It was concluded that selection for this character may be practiced in early generations. Maternal effect and sex linkage were not present for canopy temperature but over dominance for low canopy temperature was present. It was also estimated that genes of low canopy temperature accumulated in one of the parents. Estimation of components of mean by computer program, the perfect fit model had some non significant parameters. But the best fit model was adequate with parameters m, [h] and [i]. In this model [d], [j] and [l] were not significant statistically. Estimation of components of variance by computer program, the best fit model was adequate with parameter E, in this model parameters D, H and F were not significant statistically.

Plant height: h^2_n for plant height were not estimated but h^2_b was estimated as 57.97 % by formula, 40.65 % by computer software referring of Mather and Jinks (1982) method. Maternal effect and sex linkage were not present for plant height but over dominance for tall plant height was present. It was also estimated that genes of tall plant height accumulated in one of the parents. Estimation of components of mean by computer program, the perfect fit model didn't describe the components of means significantly but the best fit model was adequate with parameters m, [h], [j] and [l], in this model parameters [d] and [i] were not significant statistically. Estimation of components of variance by computer program, the best fit model was adequate with parameter H, F and E, in this model, D was not significant statistically. It was concluded that there was no genuine genetic variation for this characteristic between parents.

Number of grain spike⁻¹: h^2_n and h^2_b for number of grain spike⁻¹ were equal and estimated as 42.25 % by formulas, and 18.26 % by computer software by the method of Mather and Jinks (1982), h^2_n was estimated as 77.06 % by Warner (1952) method. Maternal effect and sex linkage were not present for number of grain spike⁻¹ but over dominance for this characteristic was present. It was also estimated that genes of high number of grain spike⁻¹ accumulated in one of the parents. Estimation of components of mean by computer program, the perfect fit model was not fit due to the presence of some non significant parameters but the best fit model was adequate

with parameters m , $[h]$, $[j]$ and $[l]$ in this model, $[d]$ and $[i]$ were not significant statistically. Estimation of components of variance by computer program, the best fit model was adequate with D and E in this model, H and F were not significant statistically. It was concluded that this characteristics is only affected by additive and environmental variation.

Grain weights spike⁻¹: h^2_n for grain weights spike⁻¹ was not estimated but h^2_b were estimated as 50.26 % by formulae and 36.35 % by computer software by the Mather and Jinks (1982) method. Maternal effect and sex linkage were not present for grain weights spike⁻¹ but over dominance for high grain weights spike⁻¹ was present. It was also estimated that genes of high grain weights spike⁻¹ accumulated in one of the parents. Estimation of components of mean by computer program the perfect fit model was not found to be fit but the best fit model was adequate with parameters m , $[d]$, $[h]$, $[j]$ and $[l]$ in this model, $[i]$ was not significant statistically. Estimation of components of variance by computer program, the best fit model was adequate with parameter H and E in this model, D and F were not significant statistically.

Grain yield plot⁻¹: h^2_n and h^2_b for grain yield plot⁻¹ were not estimated by formulas and computer software. Maternal effect and sex linkage were not present for grain yield plot⁻¹ but over dominance for high grain yield plot⁻¹ was present. It was also estimated that genes of high grain yield plot⁻¹ accumulated in one of the parents. Estimation of components of mean by computer program, the perfect fit model was not fit but the best fit model was adequate with parameters m and $[h]$, in this model $[d]$, $[i]$, $[j]$ and $[l]$, were not significant statistically. Estimation of components of variance by computer program, the best fit model was adequate with parameters F and E , in this model, D and H were not significant statistically. It was concluded that differences of grain yield plot⁻¹ was mainly controlled by F and H .

SDS (Sodium Dodecyl Sulfate) sedimentation: h^2_n for SDS sedimentation was not estimated but h^2_b were estimated as 40.77 % by formulas by the Mather and Jinks (1982) method. Maternal effect, sex linkage and heterosis were not present for SDS sedimentation. It was also estimated that genes for SDS sedimentation were normally distributed in both parents. Estimation of components of mean by computer

program the perfect fit model was not fit but the best fit model was adequate with parameter m, in this model [d], [h], [j], [l] and [i] were not significant statistically. Simple additive-dominance model described generation means adequately. Estimation of components of variance by computer program the best fit model was adequate with parameter E, in this model parameters D, H and F were not significant statistically. It was concluded that SDS sedimentation was controlled by only environmental variance.

Grain colour (cracked grain b value): h^2_n for grain colour was not estimated but h^2_b were estimated as 40.17 % by formulae and by the method of Mather and Jinks (1982). Maternal effect and sex linkage were not present but over dominance for lower b value was present. It was also estimated that genes for b value gathered in one of the parents. Estimation of components of mean by computer program the perfect fit model was not fit but the best fit model was adequate with parameters m, [h], [j], [l] and [i] in this model, [d] was not significant statistically. Indicating absence of genuine genetic variation between parents. Estimation of components of variance by computer program, the best fit model was adequate with parameter E in this model, D, H and F were not significant statistically. It was concluded that grain colour was controlled by only environmental variance.

Due to the similarities of both parents for the characters under study, genuine genetics variation couldn't be detected. Further more, limited sampling size, the presence of micro environmental variations and the some weakness of basic generations model might be resulted in the presence of some genetic variation undetected. The presence of non allelic interactions for many characteristics recommend us to refer delay selection.