

**MISIR HETEROTİK GRUPLARINDA  
GENETİK ANALİZLER**

**Mesut ESMERAY**

**Doktora Tezi**

**Tarla Bitkileri Anabilim Dalı**

**Danışman: Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT**

**2016**

**T.C.**  
**NAMIK KEMAL ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**DOKTORA TEZİ**

**MISIR HETEROTİK GRUPLARINDA GENETİK ANALİZLER**

**Mesut ESMERAY**

**TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

**DANIŞMAN: PROF. DR. KAYIHAN Z. KORKUT**

**TEKİRDAĞ-2016**

**Her hakkı saklıdır**

Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT danıřmanlıęında, Mesut ESMERAY tarafından hazırlanan “Mısır Heterotik Gruplarında Genetik Analizler” isimli bu alıřma ařaęıdaki jüri tarafından Tarla Bitkileri Anabilim Dalı’nda doktora tezi olarak oybirlięi ile kabul edilmiřtir.

Danıřman: Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT

*İmza :*

Üye : Prof. Dr. Bayram SADE

*İmza :*

Üye : Prof. Dr. İsmet BAŐER

*İmza :*

Üye : Prof. Dr. Süleyman SOYLU

*İmza :*

Üye : Do. Dr. Oęuz BİLGİN

*İmza :*

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu adına

Prof.Dr. Fatih KONUKCU  
**Enstitü Müdürü**

## ÖZET

Doktora Tezi

### MISIR HETEROTİK GRUPLARINDA GENETİK ANALİZLER

**Mesut ESMERAY**

Namık Kemal Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman : Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT

Melez mısır ıslahında başarı, kendilenmiş hatların elde edilmesi ve uygun melez kombinasyonlarının oluşturulması ile doğrudan ilişkilidir. Başarılı melez kombinasyonlarının oluşturulması ancak eldeki kendilenmiş hatların çok iyi tanımlanması ile mümkündür. Bu amaçla çalışmada Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından ıslah edilmiş 100 kendilenmiş mısır hattı, 34 UPOV (The International Union for the Protection of New Varieties of Plants) özelliği ile morfolojik olarak ve 25 SSR [Simple Sequence Repeats (basit dizi tekrarları)] primeri kullanılarak da moleküler olarak incelenmiştir. Morfolojik özelliklerde yapılan temel bileşenler analizi (TBA) sonucunda öne çıkan 16 UPOV özelliği ile mevcut varyasyonun açıklanabileceği görülmüştür. Moleküler analizler sonucu, her SSR lokusu için ortalama allel sayısı 5.56 bulunmuş olup, allel sayısı 2 ile 12 arasında değişmiştir. PIC değeri SSR lokusları için ortalama 0.54 hesaplanmış olup, 0.13 ile 0.76 arasında değişmiştir. Hem morfolojik ve hem de moleküler veriler yardımıyla kümeleme analizi yapılmıştır. Her iki dendogramda da iki ana grup oluşmuştur. Kendilenmiş mısır hatlarının, bir bölümünün FRB73 (Stiff Stalk) ve diğer bölümünün FRMo17 (Lancaster) hatlarıyla aynı grupta bulunmaları sebebiyle iki grup altında toplandığı görülmüştür. Fakat bazı hatlar morfolojik dendogramda Lancaster grubu altındayken, moleküler dendogramda Stiff Stalk grubunda veya tam tersi şekilde olduğu görülmüştür. Moleküler benzerlik matrislerine göre birbirlerine en uzak 10 hat biyometrik genetik değerlendirmeler yapılmak üzere yarım diallel mezelemeye tabi tutulmuşlardır. Melezlerin ve anaçların yer aldığı deneme, 2013 yılında Sakarya koşullarında 3 tekerrürlü olarak tesadüf blokları deneme deseninde kurulmuştur. Ön varyans analizi sonuçlarına göre incelenen tüm özellikler yönünden varyasyonun yeterli olduğu saptanmıştır. Bu çalışmada bitki boyu, koçanda sıra sayısı, sırada tane sayısı, bin tane ağırlığı, çiçeklenme süresi, hasatta tane nemi ve tane verimi özellikleri incelenmiştir. Bu özelliklerin yarım diallel tabloları varyans analizleri, genetik parametrelerinin tahmin edilmesi, kombinasyon yeteneklerinin analizleri ile heterosis ve heterobeltiosis değerlerinin analizleri yapılmıştır. Genetik varyans komponentleri arasındaki oranlar incelendiğinde, sadece koçanda sıra sayısı özelliğinin de kısmi dominantlık diğer özelliklerde ise üstün dominantlığın etkili olduğu görülmüştür. Genel kombinasyon yeteneği (GKY) incelenen tüm özelliklerde önemli çıkmıştır. Özel kombinasyon yeteneği (ÖKY) ise tane nemi özelliği hariç diğer tüm özelliklerde önemli bulunmuştur. Bitki boyu, sırada tane sayısı, bin tane ağırlığı ve tane verimi özelliklerinde heterosis ve heterobeltiosis değerleri pozitif olarak hesaplanmıştır. Genetik uzaklık (GU) ile tane verimi, heterosis, heterobeltiosis ve özel kombinasyon yeteneği arasındaki korelasyon katsayısı (r) sırasıyla 0.390\*\*, 0.303\*, 0.372\* ve 0.426\*\* olarak bulunmuştur. Melez kombinasyonuna alınan anaçlar arasındaki genetik benzerlik ne kadar fazlaysa verim ile korelasyonu (r = -0.390\*\*) negatif ve önemli; anaçlar arasındaki genetik uzaklık ne kadar fazlaysa verim ile korelasyonu (r = 0.390\*\*) pozitif ve önemli olduğu görülmektedir. Sonuç olarak mısır ıslah programlarında başarılı melez kombinasyonları için SSR moleküler markörlerden de verimli bir şekilde yararlanılabileceği görülmüştür.

**Anahtar kelimeler:** Mısır, kendilenmiş hat, heterotik grup, SSR, diallel analiz, genetik analiz

**2016, 183 sayfa**

## **ABSTRACT**

Ph.D. Thesis

### **GENETIC ANALYSIS OF MAIZE HETEROTIC GROUPS**

**Mesut ESMERAY**

Namık Kemal University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Field Crops

Supervisor : Prof. Dr. Kayhan Z. KORKUT

Success in hybrid maize breeding is directly related to development of inbred lines and appropriate hybrid combinations. Creating successful hybrid combinations is possible with very good identification of available inbred lines. With this study, 100 inbred maize line which were improved by Maize Research Institute were characterized for morphologically for 34 UPOV's characters and molecularly for 25 SSRs primers. Sixteen UPOV characters were sufficient to explain present variation according to the results of Principal Component Analysis (PCA). According to the results of molecular analysis the mean allele number found 5.56 and the number of alleles ranged from 2 to 12. The mean Polymorphism Information Content (PIC) value of the SSR loci was calculated as 0.54 and they ranged from 0.13 to 0.76. Cluster analysis were conducted with the help of both morphological and molecular data. Two main groups were formed in both dendrograms. Inbred maize lines were divided into two heterotic groups as Stiff Stalk and Lancaster. The 10 maize inbred lines which the most distant to each other according to their molecular similarity matrix were subjected to half diallel crossing for biometric genetic evaluations. The experiment was conducted in randomized complete blocks design with three replications at Sakarya conditions in 2013. According to the results of preliminary analysis of variance the variation of all the features were sufficient. In this study, plant height, number of kernels in ear row, number of rows in ear, 1000 kernel weight, flowering time, grain moisture and grain yield were investigated. Analysis of variance, estimation of genetic parameters, combining ability heterosis and heterobeltiosis analysis of this features were performed. When analyzed the ratios of the genetic variance among the components analysed only the number of kernel rows trait indicated partial dominance, for all other traits superior dominance were observed. General combining ability (GCA) were significant in all features. Specific combination abilities (SCA) were significant in all features except grain moisture. Heterosis and heterobeltiosis values were calculated as positive for plant height, kernel row number, 1000 kernel weight and grain yield. Genetic similarity based on SSR data was significantly correlated with hybrid yield, heterosis, heterobeltiosis and SCA the correlation coefficient (r) being 0.390\*\*, 0.301\*, 0.371\* and 0.426\*\*, respectively. The greater the genetic similarity between parents the correlation with yield is negative and significant ( $r=-0.390^{**}$ ); the greater the genetic dissimilarity the correlation with yield is positive and significant ( $r=0.390^{**}$ ). As a result, SSR molecular markers can be utilized in an efficiently for the successful combination of hybrid maize breeding program.

**Keywords :** Maize, inbred line, heterotic group, SSR, diallel analysis, genetic analysis

**2016, 183 pages**

Bu tez çalışması; Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü'nün TAGEM/TBAD/12/A12/P03/01-001 no'lu aynı isimli projesi ile desteklenmiştir.

## TEŞEKKÜR

Doktora eğitimim boyunca, araştırmamın düzenlenmesi, gerçekleştirilmesi ve değerlendirilmesi sırasında bana yol gösteren ve destekleyen, Danışman Hocam Sayın Prof. Dr. Kayhan Z. KORKUT'a teşekkürlerimi sunarım.

Doktora tez çalışmam boyunca her türlü desteği esirgemedi sunan tez izleme komitesi ve doktora tez jürimde yer alan hocalarım; Sayın Prof. Dr. Bayram SADE'ye, Sayın Prof. Dr. İsmet BAŞER'e, Sayın Prof. Dr. Süleyman SOYLU'ya ve Sayın Doç. Dr. Oğuz BİLGİN'e yaptığı değerli katkılarından dolayı teşekkür ederim.

Moleküler analiz çalışmalarımında laboratuvarlarındaki imkanlardan faydalanmamı sağlayan Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü'nden Sayın Prof. Dr. Ali ERGÜL'e ve yardımlarından dolayı Dr. Canan YÜKSEL'e teşekkür ederim.

Çalışmam boyunca her türlü kurumsal desteği sağlayan Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürü Sayın Yavuz AĞI'ya, her türlü bilgi birikimini paylaşan ve yol gösteren İslah Genetik Bölüm Başkanı Sayın Rahime CENGİZ'e ve Sıcak İklim Tahılları Şubesi çalışanlarına ayrıca teşekkür ederim.

Çalışmam süresince manevi desteğini benden esirgemeyen değerli eşim Aynur'a ve oğullarım Semih ve Yusuf'a teşekkür ederim.

# İÇİNDEKİLER

## Sayfa

<b>ÖZET</b> .....	i
ABSTRACT .....	ii
TEŞEKKÜR .....	iv
İÇİNDEKİLER .....	v
<b>ÇİZELGELER DİZİNİ</b> .....	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	xi
<b>SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ</b> .....	xii
1. GİRİŞ .....	1
<b>2. KAYNAK ÖZETLERİ</b> .....	4
2.1. Moleküler Çalışmalar .....	4
2.2. Heterotik Gruplar .....	9
2.3. Biyometrik Genetik Değerlendirmeler .....	10
<b>3. MATERYAL ve YÖNTEM</b> .....	22
3.1. Materyal .....	22
3.2. Morfolojik Çalışmalar .....	23
3.2.1. Kendilenmiş hatların ekimi, yetiştirilmesi ve gözlem alınması .....	23
3.2.2. Morfolojik özellikler bakımından varyasyonun belirlenmesi .....	27
3.3. Moleküler Çalışmalar .....	28
3.3.1. DNA izolasyonu ve ölçümleri .....	29
3.3.2. PCR reaksiyonlarının hazırlanması ve PCR .....	30
3.3.3. Kapillar elektroforez ve allel görüntülerinin alınması .....	32
3.3.4. Moleküler genetik analizler .....	32
3.4. Biyometrik Genetik Değerlendirmeler .....	33
3.4.1. Deneme yerinin özellikleri .....	33
3.4.2. Deneme yerinin toprak özellikleri .....	34
3.4.3. Deneme yerinin iklim özellikleri .....	34
3.4.4. Diallel melez için seçilen materyal .....	35
3.4.5. Melezleme, ekim-bakım ve hasat .....	37
3.4.6. Gözlem ve ölçümler .....	38
3.4.7. İstatistiki değerlendirmeler .....	39
3.3.7.1. Ön varyans analizi .....	39
3.3.7.2. Diallel varyans analizi .....	40
3.3.7.3. Diallel melez analizi .....	42
3.3.7.4. $W_r$ - $V_r$ grafiği ve yorumlanması .....	45
3.3.7.5. Kombinasyon yeteneklerinin analizi .....	47
3.3.7.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	49
3.3.7.7. Korelasyon analizi .....	51
<b>4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA</b> .....	52
4.1. Morfolojik Çalışmalar .....	52
4.1.1. Morfolojik özelliklerin değerlendirilmesi .....	52
4.1.2. Morfolojik varyasyonun saptanması .....	57
4.1.3. Temel bileşen analizi .....	57
4.1.4. Morfolojik karakterlere göre kümeleme analizi .....	60
4.2. Moleküler Çalışmalar .....	65
4.2.1. Moleküler markörlere göre kümeleme analizi .....	71
4.3. Biyometrik Genetik Değerlendirmeler .....	73
4.3.1. Bitki boyu (cm) .....	73



4.3.1.1. Ön varyans analizi .....	73
4.3.1.2. Diallel varyans analizi .....	76
4.3.1.3. Genetik parametreler .....	77
4.3.1.4. $W_r$ - $V_r$ grafiđi .....	79
4.3.1.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi .....	80
4.3.1.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	82
4.3.2. Koçanda sıra sayısı .....	84
4.3.2.1. Ön varyans analizi .....	85
4.3.2.2. Diallel varyans analizi .....	87
4.3.2.3. Genetik parametreler .....	87
4.3.2.4. $W_r$ - $V_r$ grafiđi .....	89
4.3.2.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi .....	90
4.3.2.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	91
4.3.3. Sırada tane sayısı .....	94
4.3.3.1. Ön varyans analizi .....	94
4.3.3.2. Diallel varyans analizi .....	97
4.3.3.3. Genetik parametreler .....	97
4.3.3.4. $W_r$ - $V_r$ grafiđi .....	99
4.3.3.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi .....	100
4.3.3.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	101
4.3.4. Tane nemi (%) .....	104
4.3.4.1. Ön varyans analizi .....	104
4.3.4.2. Diallel varyans analizi .....	107
4.3.4.3. Genetik parametreler .....	107
4.3.4.4. $W_r$ - $V_r$ grafiđi .....	109
4.3.4.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi .....	110
4.3.4.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	111
4.3.5. Bin tane ađırlıđı (g).....	114
4.3.5.1. Ön varyans analizi .....	114
4.3.5.2. Diallel varyans analizi .....	117
4.3.5.3. Genetik parametreler .....	118
4.3.5.4. $W_r$ - $V_r$ grafiđi .....	119
4.3.5.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi .....	121
4.3.5.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	123
4.3.6. Çiçeklenme gün sayısı .....	125
4.3.6.1. Ön varyans analizi .....	125
4.3.6.2. Diallel varyans analizi .....	128
4.3.6.3. Genetik parametreler .....	128
4.3.6.4. $W_r$ - $V_r$ grafiđi .....	130
4.3.6.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi .....	131
4.3.6.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	134
4.3.7. Tane verimi (kg/da) .....	136
4.3.7.1. Ön varyans analizi .....	136
4.3.7.2. Diallel varyans analizi .....	139
4.3.7.3. Genetik parametreler .....	139
4.3.7.4. $W_r$ - $V_r$ grafiđi .....	141
4.3.7.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi .....	143
4.3.7.6. Heterosis ve heterobeltiosis .....	145
5. SONUÇ.....	148
5.1. Hatlar Arasındaki Farklılıđın Morfolojik Özelliklere Göre Deđerlendirilmesi.....	148

5.2. Hatlar Arasındaki Farklılıđın Moleküler Özelliklere Göre Deđerlendirilmesi.....	150
5.3. Biyometrik Genetik Deđerlendirmeler .....	151
5.4. En Uygun Anaçların Seçimi .....	157
5.5. Ümitvar Melezlerin Seçimi.....	160
5.6. Melezlerde Verim ve Verim Komponentleri, Genetik Benzerlik (GB), Genetik Uzaklık (GU), Özel Kombinasyon Yeteneđi (ÖKY) ve Heterotik Gruplarının Karşılaştırması ..	163
<b>6. KAYNAKLAR</b> .....	171
<b>ÖZGEÇMİŞ</b> .....	183

## ÇİZELGELER DİZİNİ

	<u>Sayfa</u>
Çizelge 2.1. Bitki ıslahında kullanılan markör sistemlerinin karşılaştırılması.....	7
Çizelge 3.1. Materyal olarak kullanılan kendilenmiş mısır hatlarının isimleri.....	22
Çizelge 3.2. Materyal olarak kullanılan kullanıma açık (public) mısır hatları ve heterotik grupları .....	23
Çizelge 3.3. Kendilenmiş mısır hatlarında alınan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme karakterleri .....	24
Çizelge 3.4. Kullanılan SSR lokuslarına ait primerlerin bazı özellikleri .....	31
Çizelge 3.5. Deneme yeri topraklarının bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri.....	34
Çizelge 3.6. Sakarya İli'nin uzun yıllar (1960–2012) ve 2013 yılı ana ürün mısır yetiştirme sezonuna ait iklim verileri .....	34
Çizelge 3.7. Benzerlik matrisine göre genetik uzaklık dikkate alınarak seçilen hatlar .....	35
Çizelge 3.8. Araştırmada kullanılan kendilenmiş mısır hatlarına ait bazı özellikler.....	36
Çizelge 3.9. Oluşturulan 10x10 yarım diallel melez kombinasyonları .....	37
Çizelge 3.10. Tesadüf blokları ön varyans analizinde; varyasyon kaynakları, serbestlik dereceleri ve kareler ortalamaları ile kareler ortalamalarının beklenen değerleri.....	40
Çizelge 3.11 Yarım diallel varyans analiz tablosu .....	41
Çizelge 3.12. Genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin saptanmasında beklenen kareler ortalamasının varyans analizi.....	49
Çizelge 4.1. Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklerine göre dağılımı .....	52
Çizelge 4.2. Kendilenmiş mısır hatlarında morfolojik özelliklerin ait oldukları faktör gruplarına karşılık gelen temel bileşen eksenleri .....	58
Çizelge 4.3. Genotiplerin TBA sonuçları .....	59
Çizelge 4.4. TBA sonucu öne çıkan morfolojik özellikler .....	60
Çizelge 4.5. Çalışılan lokuslardaki allel sayıları, allel büyüklükleri (bç), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) değeri, ve polimorfizm bilgi içeriği (PBI) değeri .....	66
Çizelge 4.6. Kendilenmiş mısır hatları arasındaki genetik benzerlik katsayıları .....	68
Çizelge 4.7. Bitki boyu (cm) verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri .....	74
Çizelge 4.8. Anaçlar ve F <sub>1</sub> 'lerin ortalama bitki boyu (cm) ve önemlilik grupları.....	75
Çizelge 4.9. Bitki boyu için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları.....	76
Çizelge 4.10. Bitki boyu özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri.....	78
Çizelge 4.11. Bitki boyu değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı.....	80
Çizelge 4.12. Bitki boyu özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri (g <sub>i</sub> ) ve F <sub>1</sub> kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri (s <sub>ij</sub> ).....	81
Çizelge 4.13. Bitki boyuna (cm) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri .....	83
Çizelge 4.14. Koçanda sıra sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri .....	85
Çizelge 4.15. Anaçlar ve F <sub>1</sub> 'lerin ortalama koçanda sıra sayısı ve önemlilik grupları .....	86
Çizelge 4.16. Koçanda sıra sayısı için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları .....	87

Çizelge 4.17. Koçanda sıra sayısı özelliğinde genetik varyans bileşenleri, ilgili oranlar ve varyasyonların geçerlilik testleri .....	88
Çizelge 4.18. Koçanda sıra sayısı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı.....	90
Çizelge 4.19. Koçanda sıra sayısı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve $F_1$ kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ ).....	92
Çizelge 4.20. Koçanda sıra sayısına ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri .....	93
Çizelge 4.21. Sırada tane sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri.....	95
Çizelge 4.22. Anaçlar ve $F_1$ 'lerin ortalama sırada tane sayısı ve önemlilik grupları .....	96
Çizelge 4.23. Sırada tane sayısı için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları .....	97
Çizelge 4.24. Sırada tane sayısı özelliğinde genetik varyans bileşenleri, ilgili oranlar ve varyasyonların geçerlilik testleri.....	98
Çizelge 4.25. Sırada tane sayısı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı.....	100
Çizelge 4.26. Sırada tane sayısı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve $F_1$ kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ ).....	102
Çizelge 4.27. Sırada tane sayısı ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri .....	103
Çizelge 4.28. Tane nemi (%) verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri.....	105
Çizelge 4.29. Anaçlar ve $F_1$ 'lerin ortalama tane nemi (%) ve önemlilik grupları.....	106
Çizelge 4.30. Tane nemi (%) için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları .....	107
Çizelge 4.31. Tane nemi (%) özelliğinde genetik varyans bileşenleri, ilgili oranlar ve varyasyonların geçerlilik testleri.....	108
Çizelge 4.32. Tane nemi (%) değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı.....	110
Çizelge 4.33. Tane nemi (%) özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve $F_1$ kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ ).....	112
Çizelge 4.34. Tane nemine (%) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri .....	113
Çizelge 4.35. Bin tane ağırlığı (g) verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri.....	115
Çizelge 4.36. Anaçlar ve $F_1$ 'lerin ortalama bin tane ağırlığı (g) ve önemlilik grupları .....	116
Çizelge 4.37. Bin tane ağırlığı (g) için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları .....	117
Çizelge 4.38. Bin tane ağırlığı özelliğinde genetik varyans bileşenleri, ilgili oranlar ve varyasyonların geçerlilik testleri.....	119
Çizelge 4.39. Bin tane ağırlığı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı.....	121
Çizelge 4.40. Bin tane ağırlığı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve $F_1$ kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ ).....	122

Çizelge 4.41.	Bin tane ağırlığına (g) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri .....	124
Çizelge 4.42.	Çiçeklenme gün sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri .....	126
Çizelge 4.43.	Anaçlar ve F <sub>1</sub> 'lerin ortalama çiçeklenme gün sayısı ve önemlilik grupları .....	127
Çizelge 4.44.	Çiçeklenme gün sayısı için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları .....	128
Çizelge 4.45.	Çiçeklenme gün sayısı özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri .....	130
Çizelge 4.46.	Çiçeklenme gün sayısı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı.....	132
Çizelge 4.47.	Çiçeklenme gün sayısı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri (g <sub>i</sub> ) ve F <sub>1</sub> kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri (s <sub>ij</sub> ) .....	133
Çizelge 4.48.	Çiçeklenme gün sayısına ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri .....	135
Çizelge 4.49.	Tane verimi verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri.....	136
Çizelge 4.50.	Anaçlar ve F <sub>1</sub> 'lerin ortalama tane verimi ve önemlilik grupları .....	138
Çizelge 4.51.	Tane verimi için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları.....	139
Çizelge 4.52.	Tane verimi özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri.....	140
Çizelge 4.53.	Tane verimi değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı.....	143
Çizelge 4.54.	Tane verimi özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri (g <sub>i</sub> ) ve F <sub>1</sub> kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri (s <sub>ij</sub> ).....	144
Çizelge 4.55.	Tane verimine ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri .....	146
Çizelge 5.1.	İncelenen tüm özellikler için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları.....	153
Çizelge 5.2.	İncelenen tüm özellikler için genetik varyans komponentleri ve varsayımların geçerlilik testleri.....	154
Çizelge 5.3.	İncelenen tüm özellikler için genetik varyans komponentlerine ilişkin çeşitli oranlar.....	155
Çizelge 5.4.	İncelenen tüm özellikler için kombinasyon yeteneklerinin önemlilikleri ve GKY/ÖKY oranları .....	156
Çizelge 5.5.	İncelenen tüm özellikler için ortalama heterosis ve heterobeltiosis değerleri .....	156
Çizelge 5.6.	İncelenen tüm özellikler için anaçların ortalama gözlem değerleri (OGD) ve genel kombinasyon yetenekleri etkilerine (g <sub>i</sub> ) göre karşılaştırılması.....	159
Çizelge 5.7.	İncelenen tüm özellikler için melezlerin ortalama gözlem değerleri (OGD) ve özel kombinasyon yetenekleri etkilerine (s <sub>i</sub> ) göre karşılaştırılması.....	161
Çizelge 5.8.	Melez kombinasyonlarından elde edilen verim değerleri, grupları, genetik benzerlik (GB), uzaklık (GU) oranları, heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb), özel kombinasyon yeteneğinin (ÖKY) karşılaştırılması.....	164
Çizelge 5.9.	Melez kombinasyonlarından elde edilen ortalama verilere göre hesaplanan, verim ve verim komponentleri arasındaki korelasyon .....	167
Çizelge 5.10.	Verim, genetik uzaklık (GU), genetik benzerlik (GB), heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve özel kombinasyon yeteneği (ÖKY) arasındaki korelasyon .....	169

## ŞEKİLLER DİZİNİ

### Sayfa

Şekil 3.1.	Bir diallel melez $W_r$ , $V_r$ çizgesinde iki gen çifti arasındaki komplementer ve duplikatif tip interaksiyonların etkileri .....	46
Şekil 3.2.	Bir diallel melezde çevre varyansı dikkate alınmadığında çeşitli dominantlık dereceleri için $W_r$ 'nin $V_r$ üzerine olan kuramsal regresyon hatları .....	47
Şekil 4.1.	Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklere göre oluşturulmuş dendogram.....	64
Şekil 4.2.	UPGMA analizine göre oluşturulmuş dendogram.....	72
Şekil 4.3.	Bitki boyu için $W_r/V_r$ grafiği.....	79
Şekil 4.4.	Koçanda sıra sayısı için $W_r/V_r$ grafiği .....	89
Şekil 4.5.	Sırada tane sayısı için $W_r/V_r$ grafiği.....	99
Şekil 4.6.	Tane nemi için $W_r/V_r$ grafiği.....	109
Şekil 4.7.	Bin tane ağırlığı (g) için $W_r/V_r$ grafiği.....	120
Şekil 4.8.	Çiçeklenme gün sayısı için $W_r/V_r$ grafiği .....	131
Şekil 4.9	Tane verimi için $W_r/V_r$ grafiği .....	142

## SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

°C	Santigrat derece
a	Eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi
A.B.D.	Amerika Birleşik Devletleri
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism (çoğaltılan parça uzunluğu farklılığı)
AO	Anaç ortalaması
b	Dominant gen etkileri varyansı
b <sub>1</sub>	Ortalama dominantlık varyansı
b <sub>2</sub>	Bir anaçtaki dominant allellerin toplanması
b <sub>3</sub>	Dominant allellerin anaçlardaki dağılış yönü ve özel kombinasyon yeteneği tahminleyicisi
bç	Baz çifti
bp	Base pair (baz çifti)
BSSS	Iowa Stiff Stalk Synthetic
C	Standart hataların hesaplanmasında kullanılan kovaryans katsayısı
CIMMYT	The International Maize and Wheat Improvement Center
cm	Santimetre
CTAB	Cetyltrimethylammonium bromide
D	Eklemeli gen etkileri varyansı
da	Dekar
DH	Dar anlamda kalıtım derecesi
D-H <sub>1</sub>	Eklemeli ile dominant gen etkileri farkı
DNA	Deoksiribonükleik asit
dNTP	Deoksi-nükleotit trifosfat
dk	Dakika
E	Çevre koşullarının varyansı
EDTA	Ethylenediaminetetraacetic acid
EKÖF	En küçük önemli fark
F	Forward
F	Genlerin Dağılış Yönü
FAO	Food Agricultural Organization
g	Gram
g <sub>i</sub>	Genel kombinasyon yeteneği etkileri
GB	Genetik benzerlik (Genetic Similarity)
GKY	Genel kombinasyon yeteneği
GU	Genetik uzaklık (Genetic Distance)
H <sub>1</sub>	Genlerin dominant etkilerinin varyansı
H <sub>1</sub> /D <sup>1/2</sup>	Ortalama dominantlık derecesi
H <sub>2</sub>	Gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı
h <sup>2</sup>	Heterozigot lokusun dominantlık etkisi
H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	Dominant ve resesif allellerin frekansı
H <sub>2</sub> O	Su
ha	Hektar
Hb	Heterobeltiosis
Hd	Dar anlamda kalıtım derecesi
He	Gen çeşitliliği
Hg	Geniş anlamda kalıtım derecesi
HKO	Hata kareler ortalaması

Ht	Heterosis
IBM	International Business Machines; Uluslararası İş Makineleri
K	Etkili gen sayısı
K <sub>2</sub> O	Potasyum oksit
KD/KR	Dominant allellerin resesif allellere oranı
KF	Kritik fark
kg	Kilogram
L	Lancaster
LSD	Least Significant Difference
m	Metre
M	Molar
MgCl <sub>2</sub>	Magnezyum klorür
ml	Mililitre
MLI-MLO	Anaçların ortalamaları ile bunların miktarındaki döllerinin ortalamaları arasındaki fark
mm	Milimetre
mM	Milimolar
N	Azot
n	Anaç sayısı
n	The number of alleles (allel sayısı)
ng	Nanogram
NTSYSpc	Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System
ÖKY	Özel kombinasyon yeteneği
P <sub>2</sub> O <sub>5</sub>	Fosfor pentoksit
PCA	Principal Component Analyser
PCo	Principal Coordinate Analyser
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu-PZR)
pH	Potansiyel hidrojen
PI	Probability of Identity (tanımlama olasılığı)
PIC	Polymorphism Information Content
pmol	Picomole
ppm	Parts per million
PVP	Polyvinylpyrrolidone
QPM	Quality Protein Maize
QTL	Quantitative Trait Loci
r	Korelasyon katsayısı
R	Reverse
r	Tekerrür sayısı
r	The estimated frequency of null allele (tahmin edilen sessiz allel frekansı)
r <sup>2</sup>	Determinasyon katsayısı
r[Yr,(Wr+Vr)]	Kuramsal dominantlık sıra katsayısı
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphisms
RNA	Ribonucleic acid
RNase	Ribonükleaz
rpm	Round per minute (dakikadaki dönüş sayısı)
SD	Serbestlik derecesi
SH	Standart hata
s <sub>ij</sub>	Özel kombinasyon yeteneği etkileri
SNP	Single Nucleotid Polymorphism



SPSS	Statistical Package for the Social Sciences
SRAP	Sequence-Related Amplified Polymorphism
SS	Stiff Stalk
SSR	Simple Sequence Repeats (basit dizi tekrarları)
Sx	İki ortalama arasındaki farkın standart hatası
TAGEM	Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü
TB	Temel Bileşenler
TBA	Temel Bileşenler Analizi
TBE	Tris-Borik Asit-EDTA Çözeltisi
TE	Tris-EDTA Çözeltisi
TİGEM	Tarım İşletmeleri Genel Müdürlüğü
Tm	Melting temperature
TRIS	(hydroxymethyl) Aminomethane
UPGMA	Unweighted Pair-Group Method With Arithmetical Averages
UPOV	The International Union for the Protection of New Varieties of Plants
ÜA	Üstün anaç
v	Anaçta olumsuz genlerin payı
VILI	Dizi varyanslarının ortalaması
VK	Varyasyon kaynağı
VOLI	Dizi ortalamalarının varyansı
VOLO	Anaçların varyansı
Vr	Dizi varyansları
WOLOI	Anaçlarla dizilerdeki melezleri arasında ortalama kovaryans
Wr	Dizi kovaryansları
µl	Mikrolitre

## 1. GİRİŞ

Mısır (*Zea mays* L.;  $2n=20$ ), hem insan ve hayvan beslenmesinde hem de endüstride geniş kullanım alanına sahip bir sıcak iklim tahılıdır. Dünya nüfusunun hızla artmasına paralel olarak yem ve gıda sanayinde mısıra olan talep gün geçtikçe artarak devam etmektedir.

Dünya toplam mısır üretimi 2014 yılında 1021.6 milyon ton olarak gerçekleşmiştir. Türkiye'nin, bu üretimdeki payı 5.95 milyon ton olmuştur (Anonim 2015).

Mısır üretiminde, özellikle yirminci yüzyılın ikinci yarısından itibaren melez mısırın kullanılması ile verim konusunda büyük aşamalar kaydedilmiştir. Bu önemli gelişmelere son yıllardaki biyoteknolojik çalışmaların da dahil olması bu sürecin daha da etkili olmasına katkı sağlamıştır.

Mısır ıslahının en önemli adımlarından biri kendilenmiş mısır hatlarının elde edilmesidir. Elde edilen bu hatlardan verimli melez kombinasyonlarının oluşturulması için o hatların çok iyi tanımlanması ve özelliklerinin bilinmesi gerekmektedir.

Mısır hatlarının tanımlanması morfolojik ve moleküler olarak yapılabilmektedir. UPOV tarafından belirlenmiş olan morfolojik özelliklerin gözlemlenmesi ve moleküler olarak da genetik markörlerin (SSR, SNP v.b.) kullanılması, bizlere o hatların tanımlanması ile ilgili birçok veri sağlayabilmektedir.

Hatların özelliklerinin bilinmesi ıslah programlarında melez kombinasyonlarının oluşturulmasında önemli bir adım olsa da bu hatların gruplandırılması ve heterotik desenlerinin oluşturulması da gerekmektedir. Tüm bu çalışmalardaki asıl amaç hatlar arasındaki heterosisin en yüksek seviyede ortaya çıkarılmasının sağlanmasıdır.

Heterosis mısırdaki yoğun olarak çalışılmaktadır. Çünkü; tane verimi için geniş ifadesi, melez mısır ıslahında yoğun kullanımı ve hem kendine hem de kontrollü melezleme kolaylığı gibi, uygun biyolojik koşullar heterosis çalışmalarını kolaylaştırmaktadır. Birçok hipotez heterosisi açıkladığını iddia etmesine rağmen; genetik, fizyolojik ve biyokimyasal esasları hala geniş bir şekilde açıklanamamıştır (Reif ve ark. 2005).

Heterosisi sistemli olarak melez ıslahında kullanmak için “heterotik grup” ve “heterotik desen” kavramları öne sürüldü. Melchinger ve Gumber (1998) bir heterotik grubu; genetik olarak farklı germplasm gruplarından genotipler ile melezlendiğinde, benzer kombinasyon yeteneği ve heterotik yanıt gösteren genotipler bütünü olarak tanımlamışlardır. Buna karşılık melezlerinde yüksek heterosis ve dolayısıyla yüksek melez performansını ifade eden iki heterotik grubun belirli bir çifti “heterotik desen” (heterotic pattern) anlamına geldiğini belirtmişlerdir.

Bir ıslah programının en önemli unsuru heterotik desenin tanımlanması ve kullanılmasıdır. Bu tanımlama tüm takip eden ıslah faaliyetlerini hem kolaylaştırır ve hem de etkinliğini artırır (Sprague 1984).

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

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

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

Bitki ıslahında diallel analiz metodu; melez döl popülasyonlarının genetik yapılarını arařtırmak, ümitvar melez kombinasyonu ve anaçların genel ve özel kombinasyon yeteneklerini saptamak için yapılmakta (Yıldırım ve ark. 1979), kendine ve yabancı döllen bir çok bitkide geniş bir uygulama alanı olan “Diallel Analiz Yöntemi” Schmidt (1919), Yates (1947), Jinks ve Hayman (1953), Jinks (1954, 1956), Hayman (1954a, 1954b, 1958, 1960) ve Griffing (1956) gibi arařtırmacılar tarafından geliştirilmiştir.

Gen etkileri seleksiyonda önem taşımaktadır. Eklemeli gen etkisi altında bulunan özelliklerde erken generasyonlarda yapılacak seleksiyonlar önem taşımaktadır. Eklemeli olmayan gen etkisi altında bulunan özelliklerde ise, erken generasyonlarda yapılacak seleksiyon bu gen etkilerinin ileri generasyonlara aktarılmasına nedeniyle yanıltıcı olmaktadır.

Çalışmanın yürütüldüğü yer olan Sakarya Mısır Arařtırma Enstitüsü Müdürlüğü, mısır konusunda çalışan arařtırma enstitüleri koordinatörlüğünü yürütmektedir. Türkiye’de 1950 yıllarında ilk mısır ıslahının başlatıldığı kurumdur. Klasik ıslah metodlarıyla kendilenmiş hatların elde edilmesi, diğer enstitüler ile kaynak materyal paylaşımı ve diğer enstitüler tarafından ıslah edilmiş olan kendilenmiş hatlar ile ortak melez çalışmalarını yapılmaktadır. Islah edilen ve tescil ettirilen yeni melez mısır çeşitleri, TİGEM (Tarım İşletmeleri Genel Müdürlüğü) ve özel sektör kuruluşları tarafından üretim hakları satın alınarak çiftçiye ulaştırılmaktadır.

Bu çalışma ile Sakarya Mısır Arařtırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından ıslah edilmiş bazı kendilenmiş mısır hatlarında; morfolojik ve SSR markörleri ile farklılıklarının ortaya çıkarılması, bu verilere dayanılarak bu hatların gruplandırılması, hatlar arası genetik uzaklıklar dikkate alınarak yarım diallel melezleme için hatların seçilmesi ve bu hatlarda diallel analiz yöntemi ile bazı özelliklerin biyometrik genetik değerlendirmelerinin yapılarak incelenen özellikler açısından uygun anaç ve melezlerin belirlenmesi çalışmalarını, halen yürütölmekte olan ıslah çalışmalarına katkı sağlamak amaçlanmıştır.

## 2. KAYNAK ÖZETLERİ

### 2.1. Moleküler Çalışmalar

Bitki DNA polimorfizm analizleri; gen kaynakları ve genetik benzerlikleri araştırmak ve nitelendirmek için güçlü bir araçtır (Powell ve ark. 1996). Son 20 yıldan beri çok farklı moleküler markör tekniği geliştirilmiş olup bunlardan bazıları RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polimorphic DNAs), AFLP (Amplified Fragment Length Polimorphisms), SSR (Simple Sequence Repeats) ve SNP (Single Nucleotid Polymorphism)'dır. Bu markörler birçok bitki türünde başarıyla kullanılmıştır. Moleküler markörler çevresel faktörlerden etkilenmemeleri nedeniyle morfoloji ve pedigrî bilgileriyle kıyaslandığında, genetik kaynaklarda çeşitliliği belirlemek için oldukça yararlı araçlardır. Bir moleküler markör, kalıtımı güvenilir şekilde belirlenebilen, bir protein ve DNA değişkenidir (Jones ve ark. 1997). Pedigrî ve morfolojik bilgilerle kıyaslandığında, moleküler markörler genotipler arasındaki farklılıkları, gen kaynaklarının korunması ve kullanımı için DNA düzeyinde doğrudan güvenilir ve etkili bir araç olarak ortaya koyar. Araştırmacılar moleküler markörleri kullanarak genetik çeşitlilik çalışmalarında birçok bitkiye adapte etmişlerdir.

Mikrosatellitler, ko-dominant kalıtım özelliği göstermeleri Beckman ve Soller (1990), lokusa özgü olmaları Condit ve Hubbel (1991), Röder ve ark. (1995) genom içinde düzgün yayılış göstermeleri Liu ve ark. (1996), Taramino ve Tingey (1996), Röder ve ark. (1998) ve genom hakkında diğer moleküler markörlere göre daha fazla bilgi vermeleri yanında PCR'a dayalı bir teknik olmasından dolayı çok arzu edilen ve birçok bitki türünde kullanılan bir DNA markörüdür.

Genetik çeşitliliğin saptanmasında birçok moleküler markör kullanılmasına rağmen, mikrosatellit (SSR) moleküler markörü mısır bitkisinde çalışılan popülasyonlar hakkında daha detaylı bilgi verdiği için tercih edilmektedir (Matsuoka ve ark. 2002a). Mikrosatellit (SSR) moleküler markörü mısır bitkisinde bağlilik ve QTL haritalarının çıkarılması Ragot ve ark. (1999), genetik çeşitliliğin saptanması Chin ve ark. (1996), Senior ve ark. (1998), Grenier ve ark. (2000), Lu ve Bernardo (2001), Gethi ve ark. (2002) ve mısır bitkisinin evrimi Matsuoka ve ark. (2002b) üzerinde yapılan çalışmalarda yoğun olarak kullanılmıştır.

Senior ve ark. (1998) farklı iki orijinli (Mısır Kuşığı Bölgesi ve Güney Mısır Kuşığı Irkları) 94 kendilenmiş mısır hattıyla genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmada 70 SSR primeri (mısır genomuna dağılmış şekilde) kullanmışlardır. Allel sayısının 2 ile 23 arasında değişim gösterdiğini, lokus başına düşen ortalama allel sayısının 5 olduğunu ve toplam allel sayısının ise 365 olduğunu bildirmişlerdir. SSR lokusları için PIC değerinin 0.17 ile 0.92 arasında değişim gösterdiğini, ortalama PIC değerinin 0.59 olduğunu, allel büyüklüğünün ise 74 bç (baz çifti) ile 266 bç arasında değiştiğini saptamışlardır. Çalıştıkları materyalde, bilinen pedigrilerle genetik uzaklığın uygunluk gösterdiğini bulmuşlardır.

Warburton ve ark. (2002), 7 popülasyon ve 57 kendilenmiş mısır hattında, 85 SSR markörü kullanarak yaptıkları moleküler karakterizasyon çalışmasında, ortalama allel sayısını 4.9 ve toplam allel sayısını 416, popülasyonlarda ise sırasıyla 6.3 ve 531 allel elde etmişlerdir. PIC değerinin 0.46 ile 0.85 arasında değişim gösterdiğini bulmuşlardır. Mısır genotiplerinde 85 SSR içinde 53 adedinin yüksek polimorfizm gösterdiklerini bildirmişlerdir. Yaptıkları kümeleme analizinde popülasyonların üç gruba ayrıldığını ve buna ilave olarak, popülasyon içi genetik varyasyonun, popülasyonlar arasındakinden daha yüksek olduğunu söylemişlerdir.

Kozhukhova ve Sivolap (2004), 17 tek melez ve 23 kendilenmiş mısır hattında 10 SSR primeri kullanmışlardır. Yaptıkları PCR analizlerinde kullanılan lokusların genotipleri ayırmak açısından yeterince bilgi verici olduklarını bildirmişlerdir. SSR lokuslarından elde ettikleri allel sayısının 2 ile 5 arasında değişim gösterdiğini, ortalama allel sayısının ise 2.8 olduğunu bulmuşlardır. Gen çeşitliliğinin ( $H_e$  değeri) 0.40 ile 0.70 arasında değişim gösterdiğini, ortalamanın ise 0.53 olduğunu saptamışlardır. SSR analizinin, tekli melezler arasında her lokusta heterozigotluğu ortaya çıkardığından ebeveynlerin tanımlanmasında ve mısır genotiplerinin kataloglanması, korunması ve ıslahta kullanılması açısından etkili bir yöntem olduğunu bildirmişlerdir.

Le Clerck ve ark. (2005) Fransa'da 50 yıldır yetiştirilmekte olan 123 (tek, çift ve üçlü melez) mısır çeşidi ve 10 popülasyonda, 51 SSR markörü kullanmışlardır. Çalışmada kullandıkları çeşitleri 4 guruba ayırıp (1975 öncesi, 1976-1985 arası, 1986-1995 arası ve 1996 sonrası çeşitler), allelik zenginlik, genetik çeşitlilik ve genetik farklılıkları bakımından, her grubu kendi içinde değerlendirmişlerdir. Toplam 239 allel bulmuşlar ve her grubun lokus başına düşen allel sayısının sırasıyla 4.5, 3.6, 3.9 ve 3.6 olduğunu bildirmişlerdir. Gen çeşitliliğinin ( $H_e$ ) 0.56 ile 0.61 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama gen çeşitliliğinin 0.59 olduğunu

bildirmişlerdir. En yüksek genetik çeşitliliğin 1975 öncesi çeşitlerden elde edildiğini, diğer üç grubun birbirine benzerlik gösterdiğini kaydetmişlerdir. Mısır çeşitlerinin genetik çeşitliliklerini giderek kaybettikleri ve var olan çeşitlerin genetik tabanının birbirine yaklaştığı sonucuna varmışlardır.

Hoxha ve ark. (2004), tarafından 20 Arnavutluk yerel mısır popülasyonu genetik çeşitliliğinin belirlenmesi için 20 SSR primeri ile değerlendirmişlerdir. Her SSR lokusu başına düşen ortalama allel sayısı 9.1 olarak belirlemişlerdir. PIC değerini ortalama 0.71 olarak bulmuşlardır. Moleküler varyans analizinde popülasyon içinde genetik çeşitliliği %59, popülasyonlar arasında %41 olarak bulmuşlardır. Bu sonuçlara göre Arnavutluk yerel mısır popülasyonlarının yüksek genetik çeşitliliği gösterdikleri ve ıslahçılar tarafından kullanılabilir olduğunu söylemişlerdir.

Xia ve ark. (2004), CIMMYT tarafından geliştirilmiş 155 tropikal mısır hattında 79 SSR markör ile genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Lokus başına ortalama allel sayısını 7.4 ve allel sayıları 2 ile 18 arasında değiştiğini bulmuşlardır. PIC 0.13 ile 0.87 arasında değişim göstermiş ve ortalama 0.60 olarak tespit edilmiştir.

Laborda ve ark. (2005) yapmış oldukları bir çalışmada 85 tropik kökenli mısır kendilenmiş hattında SSR primeri kullanmışlardır. SSR lokuslarını genomu en iyi şekilde temsil edecek biçimde mısır kromozomlarının 10'una da dağılmış bir şekilde uygulamışlardır. Toplam 262 allel ve ortalama 5.2 allel bulmuşlardır. SSR için PIC değeri 0.24 ile 0.90 arasında bulunurken ortalama PIC değerini 0.61 olarak bulmuşlardır. Bu markör tekniklerini kullanarak hatlar arasında çeşitliliğin önemli ve polimorfizmin yüksek olduğunu ortaya koymuşlardır. Kümeleme analizini kullanarak grupları ve alt grupları belirlemeye çalışmışlar fakat iyi ayrılmış bir grup oluşturamamışlar ve üç farklı genetik uzaklık katsayısını (Jaccard, değiştirilmiş Roger ve moleküler coancestry katsayısı) kullanarak elde ettikleri gruplarla yine aynı sonucu bulmuşlardır. Farklı araştırmacılar tarafından geliştirilen genetik uzaklık ve genetik yakınlığın hesaplanmasında kullanılan hesap yöntemlerinin kümeleme analiz sonuçlarını etkilemediğini bulmuşlar, fakat farklı DNA markör yöntemlerinin genetik benzerliği hesaplamada büyük bir etkiye sahip olduğunu vurgulamışlardır.

Enoki ve ark. (2005) Japonya'nın soğuk bölgelerine adapte olmuş 88 atdışı ve sert mısır kendilenmiş hattında, daha önce Avrupa mısır kendilenmiş hatlarında kullanılmış ve sonuç alınmış 60 SSR markörünü kullanarak genetik benzerliği araştırmışlardır. Bunun yanında atdışı

ve sert mısır tipleri arasında farklı allel frekansına sahip SSR lokuslarını iki sete ayırıp birinci sette 25 (allel frekansı=0.4) ikinci sette 14 lokus (allel frekansı=0.5) kullanarak çalışmayı yapmışlardır. Set-1 ve Set-2 SSR lokuslarını 88 kendilenmiş hatta uygulayarak sırasıyla toplam 176 ve 99 allel elde etmişlerdir. Set-1 SSR lokuslarının, kullanılan tüm (60 SSR lokusu) SSR lokusuyla benzer doğrulukta sonuç elde etmişler ve bu sette var olan SSR lokuslarının mısır ıslahında etkili bir şekilde kullanılabilceğini bildirmişlerdir.

Bitki ıslahında kullanılan DNA markör sistemlerinin karşılaştırılması Çizelge 2.1’de verilmiştir. Seçilecek markör sistemi çalışılacak konunun amacına, laboratuvarında var olan olanaklara bağlıdır.

**Çizelge 2.1.** Bitki ıslahında kullanılan markör sistemlerinin karşılaştırılması (Beyene 2005)

Özellikleri	RFLP	RAPD	AFLP	SSR	SNP
DNA ihtiyacı (µg)	10	0.02	0.5-1.0	0.05	0.05
DNA kalitesi	Yüksek	Yüksek	Orta	Orta	Yüksek
PCR’a dayanması	Hayır	Evet	Evet	Evet	Evet
Polimorfizm düzeyi	Yüksek	Orta	Yüksek	Çok yüksek	Çok yüksek
Kullanım kolaylığı	Kolay değil	Kolay	Kolay	Kolay	Kolay
Otomasyona uygunluk	Düşük	Orta	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Tekrarlanabilirliği	Yüksek	Güvenilir değil	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Gelişme maliyeti	Düşük	Düşük	Orta	Yüksek	Yüksek
Analiz başına maliyet	Yüksek	Düşük	Orta	Düşük	Düşük

Legesse ve ark. (2006), Etiyopya ve Zimbabve’deki CIMMYT programlarından elde edilen 56 mısır hattında 27 SSR ile çalışmışlardır. Toplam 104 allel ve ortalama allel sayısını 3.85 olarak tespit etmişlerdir. Ortalama PIC değerini 0.58 bulmuşlardır. Genetik çeşitlilik 0.28 ve 0.73 arasında değişmiş ve ortalama 0.59 olarak hesaplamışlardır. UPGMA metoduna göre yapılan kümeleme analizinde hatlar 5 gruba ayrılmıştır.

Okumuş ve ark. (2009), tarafından Ondokuz Mayıs Üniversitesi ve Kradeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü ortaklığı ile yürütülmüş olan projede 50 adet mısır hattında 35 SSR primeri kullanılarak melezlemede muhtemel ebeveyn hatları tespit etmeye çalışmışlardır. Dendogram yardımıyla heterotik grupları tespit edilmiş hatlardan bazıları seçilerek yarım diallel melez programı oluşturmuşlardır. Çalışma sonucunda tescil için 21 genotip tespit etmişlerdir.

Sharma ve ark. (2010), Hindistan’ın Kuzeydoğu Himalaya Dağlarındaki 48 adet yerel mısır popülasyonunu fenotipik ve moleküler karakterizasyon yapmak üzere ele almışlardır.



Kümeleme analizi ve temel bileşen analizi (TBA) kullanılarak 9 morfolojik ve agronomik karakter popülasyonu ayırma yapmak için yeterli olduğunu bulmuşlardır. TBA iki temel bileşenin toplam popülasyonun %90'ını açıklayan özellikleri; yüz tane ağırlığı, koçan uzunluğu, koçan çapı, koçandaki tane sayısı ve çiçeklenme olarak bulmuşlardır. Çalışmada 42 SSR lokusunda ortalama allel sayısını 13.0 ve PIC değerini 0.60 olarak tespit etmişlerdir. Mantel testine göre fenotipik ve moleküler genetik benzemezlik matrisi arasındaki korelasyonun önemli ve pozitif olduğunu belirtmişlerdir.

Cömertpay ve ark. (2012), tarafından yapılan çalışmada 98 Türk yerel mısır popülasyonu, 19 morfolojik ve 28 SSR markörü kullanılarak karakterizasyonunu yapmışlardır. Morfolojik özelliklerden koçan yüksekliği, koçan tane ağırlığı, bitki verimi ve koçan tane sayısı yüksek varyasyon gösterirken; tane oranı, tepe püskülü çıkış süresi ve koçan kalınlığı düşük varyasyon göstermiştir. Her SSR lokusu için ortalama allel sayısını 6.21 olarak bulmuşlardır. Genetik uzaklığı 0.18 ile 0.63 arasında ve ortalama 0.35 olarak tespit etmişlerdir. UPGMA metoduna göre oluşturulan dendogram da popülasyonların iki ana gruba ayrıldığını tespit etmişlerdir.

Zeybekoğlu (2012) tarafından yapılan yüksek lisans çalışmasında, 96 adet atdışi mısır hattı 26 SSR moleküler markör ile genetik çeşitliliğini belirlemiştir. Yapılan çalışma sonucunda 70 adet allel üretilmiş olup, lokus başına düşen allel sayısı 2-4 arasında değerler almış ve ortalama her bir SSR lokusu başına 2.69 allel saptamıştır. Bu çalışmada PIC değeri 0.04-0.43 arasında değişmiş olup, ortalama PIC değeri 0.29 olarak bulunmuştur. UPGMA analizi ile filogenetik ağacı oluşturulmuştur ve mısır hatlarının 2 grup oluşturduğu gözlemlenmiş olup, aynı zamanda hatlar arasındaki genetik uzaklık değerinin 0.56-1.00 katsayıları arasında ve ortalama değerin 0.78 olduğunu tespit etmiştir.

Li ve ark. (2014), ele aldıkları 67 mısır çeşidinde 11 SSR markör kullanarak genetik akrabalıklarını değerlendirmişlerdir. Gözlenen ortalama allel sayısını 3.0 ve etkili ortalama allel sayısını 2.45 olarak bulmuşlardır. Beklenen homozigotluk, heterozigotluk ve Nei'nin heterozigotluk ortalama değerlerini sırasıyla 0.43, 0.56 ve 0.56 şeklinde bulmuşlardır. PIC değerlerini 0.48 ile 0.93 arasında tespit etmişlerdir. UPGMA metoduna göre yapılan dendogramda üç ana gruba ayrıldığını ve bunun PCA ile de desteklendiğini söylemişlerdir.

## 2.2. Heterotik Gruplar

Herhangi bir gen havuzunda genetik çeşitliliğin bilinmesi ıslah programını tasarlamada gerekli olan bir bilgidir. Özellikle melezleme de kullanılacak anaçların mevcut durumunun bilinmesiyle bitki ıslahının etkinlik derecesi arttırılabilir. Mısır gen havuzu içinde genetik çeşitlilik çalışmaları çok yoğun bir şekilde yapılmış ve yapılmaya devam edilmektedir. Örneğin, A.B.D. ticari melez mısır çeşitlerinin orijini açık tozlanan “Reid” ve “Lancaster” isimli iki popülasyondan elde edilen kendilenmiş hatların melezlerine dayanmaktadır (Darrah ve Zuber 1986, Goodman 1990).

A.B.D. Mısır Kuşağı’nda mısır germplazmın iki grubu kullanılmaktadır. Bunlardan biri uzun bitki yapısı, tam sezon yetiştirilebilen, daha büyük tepe püskülü ve koçanları olan güney atdışi; bir diğeri ise kısa yapılı, daha erken olgunlaşan kuzey sert tipidir. Bu iki grup Reid ve Lancaster germplazm olarak genellenmiştir. Sentetik BSSS, Reid grubundadır. Gruplar arasında önemli heterosis bulunmuş ve Reid ve non-Reid germplazm arasında heterotik pattern oluşturulmuş. Avrupa’da, “A.B.D. atdışi x Avrupa sert tipi” arasında coğrafi köken ve tane tiplerine dayanılarak heterotik pattern oluşturuldu (Vasal ve ark. 1999).

Araştırmacılar tarafından kullanılan bazı önemli heterotik gruplar; Lancaster, Midland, BSSS (Stiff Stalk Synthetic), CBS, Krug, Swan-1, Tuxpeno, Mısır Kuşağı Sentetikleri, Avrupa Sarı Sertleridir.

Mezlemelerde genel tercihler; Lancaster S.C.xReid Yellow Dent, Avrupa SertxMısır Kuşağı Atdışi, Eto CompositexTuxpeno, Suwan 1xTuxpeno’dur. Dünyada en çok bilinen ve ticari melezlerin elde edildiği heterotik model ReidxLancaster modelidir (Soengas ve ark. 2003).

Yirminci yüzyılın başlarında kalıtımda Mendel Kanunları’nın yeniden keşfiyle, kendilenmiş hat-melez kavramı ticari mısır üretiminde kullanımı tercih ve teşvik edilmiş. Ailelerin seçimi melez mısır üretiminde çok önemli bir yere sahiptir. Heterosis ailelerin genetik tabanıyla alakalı bir durumdur. Heterotik gruplama yaparken pedigrı analizleri, kantitatif genetik analizler ve moleküler markörler metot olarak kullanılabilir (Zhang ve ark. 2002).

Zheng ve ark. (2008), tarafından yapılan çalışmada; Çin ve Amerikan popülasyonlarında bilinen heterotik grupları temsil eden hatlar ile birlikte genetik çeşitlilik ve genetik uzaklıklarını değerlendirmişlerdir. Amerika ve Çin'den 18'er hat olmak üzere toplam 36 hat, 109 SSR ile çalışmışlardır. Ortalama PIC değeri 0.66 ve her lokusa düşen ortalama allel sayısını da 6 olarak bulmuşlardır. Hatlar kümeleme analizinde, Reid Yellow Dent, Iowa Corn Borer Syntetic No.1 (BSCB1), Lüda Red Cob, Lancaster Surecrop ve Tangshan Sipingto u olmak üzere beş gruba ayrıldığını tespit etmişlerdir. Amerikan hatlarının çoğu BSSS hatları ile kümelenmiş fakat kompozit BS11 ve CIMMYT popülasyonu (Pool41)'ndan elde edilmiş hatlar bağımsız bir grup oluşturmamıştır. B109 ve B73 hattı ve BSCB1 heterotik grubundan olanlar Çin mısır geliştirme programları için germplasm kaynaklarını genişletme ve heterosisin kullanımında ümitvar olabileceğini açıklamışlardır.

### 2.3. Biyometrik Genetik Değerlendirmeler

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

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

Griffing (1956), diallel melezleme kombinasyonlarının yeteneklerinin detaylı olarak incelenmesi sonucunda sekiz ayrı analiz yöntemi açıklamıştır. Örneklemin şekline göre iki (Random – Fixed) alternatif yaklaşım ve dört farklı diallel şeması ortaya koymuştur. Resiproklu veya resiproksuz melezlenmelerine veya anaçların da popülasyon içinde bulunma durumlarına bağlı olarak aşağıdaki dört analiz şeklini geliştirmiştir;

1- Anaçlar,  $F_1$ 'ler ve resiprokları =  $n^2$  sayıda kombinasyon

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

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

Yüce (1979), İzmir'de on kendilenmiş mısır hattı ve bunların tam diallel melezlerinden oluşan popülasyonun genetik yapısını incelemiş, anaçlarda ve  $F_1$ 'lerinde, bitki boyu, koçan yüksekliği, bitkide koçan sayısı, koçanda sıra sayısı, koçan uzunluğu ve tane verimi özelliklerinde ölçümler yapmıştır. Koçan yüksekliğinin oluşumunda epistatik (örtücü) genlerin etkili olduğunu, bitki boyu özelliği için ise üstün dominantlığın etkili olduğunu bildirmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesini en yüksek oranda (0.35) tane verimi özelliğinde tespit etmiştir.

Demir ve ark. (1980), çeşitli araştırmacılar tarafından yapılan diallel melez çalışmalarını anaç seçimi açısından irdelemişler ve diallel melez analizi yapmadan anaçların gerçek değerlerine göre seçim yapıldığında, çok az istisnalarla isabet sağlanabileceğini ileri sürmüşlerdir.

Hallauer ve Miranda (1988), iki özellik arasında yakın ilişkinin olduğu durumlarda, kalıtım derecesi daha yüksek olana göre yapılacak bir seçimin mısır popülasyonlarında etkili olacağını bildirmişlerdir.

Altınbaş ve Demir (1989), mısırdaki erkenciliğin kalıtımı ve bunun tarımsal özelliklerle olan ilişkilerini belirlemek için yapmış oldukları çalışmada; bitki verimi, koçan uzunluğu ve koçan çapı özelliklerinde, eklemeli ve dominant gen etkilerinin generasyon ortalamalarına önemli düzeyde katkıda bulduklarını belirlemişlerdir. Ayrıca tüm özellikler için epistatik etkilerin önemli olduğunu tahminlemişlerdir.

Nevado ve Cross (1990), mısır ıslahında melezlemede kullanılan anaçların geliştirilmesinin ıslah çalışmalarının en başta gelen amacı olduğunu belirtmişlerdir. Genel ve özel kombinasyon yeteneği tespitinin kendilenmiş hatların potansiyelini belirlemede önemli bir gösterge olduğunu ifade etmişlerdir. 8 anaç ile yürütülen diallel çalışmada, GK/ÖK oranını çiçeklenme gün sayısı, bitkide koçan sayısı ve verim için 1'den küçük bulmuşlardır.

Eyherabide ve Hallauer (1991), 2 sentetik mısır popülasyonu ve buna ait melezler ile yaptıkları çalışmada eklemeli ve dominant gen etkilerinin verim üzerine katkılarını belirlemeye çalışmışlardır. Araştırma sonucuna göre popülasyonlardan birinde eklemeli, diğerinde ise dominant gen etkilerinin hakim olduğu tespit edilmiştir.

Yüce ve Turgut (1991), üzerinde çalıştıkları melez popülasyonda bitki boyu ve bin tane ağırlığı bakımından eklemeli genlerin hakim olduğunu bildirmişlerdir. Bitki başına tane verimi bakımından ÖKY etkisi GKY etkisinden daha büyük bulunmuş olup, bu özelliğin idare edilmesinde dominant genlerin hakim olduğunu belirtmişlerdir.

Altınbaş (1992), İzmir’de 4 kendilenmiş mısır hattı ile oluşturulan 2 kombinasyondan  $F_1$  ve geri melez generasyonlarını içeren 6 generasyon üzerinde çalışmasını yürütmüştür. Çalışmada, her iki  $F_1$ ’e ait bitki boyu, koçan yüksekliği ve koçanda sıra sayısı özellikleri bakımından hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin generasyon ortalamalarına önemli düzeyde katkıda bulduklarını, ayrıca bu özelliklerin oluşumunda epistatik etkinin söz konusu olduğunu belirlemiştir.

Vasal ve ark. (1992), yedi mısır popülasyonu ve bunlara ait 21 melez mısır kombinasyonu arasında verim bakımından istatistiki olarak önemli farkın olduğunu belirlemiştir. Bu çalışmada, anaçlara ait GKY etkisini istatistiki olarak önemli, ÖKY etkisini ise önemsiz olarak değerlendirmişlerdir.

Altınbaş ve Algan (1993), dokuz kendilenmiş mısır hat arasında oluşturulan yarım diallel 36  $F_1$ ’i içeren popülasyonda erkencilik öğeleri ile verim, verim öğeleri ve kalite özellikleri arasında ilişkileri belirleyebilmek amacı ile basit, kısmi ve çoklu korelasyon katsayıları tahminlemiştir. Çalışmada, tepe püskülü görünüm süresi 41.0–52.3 gün, tanede protein oranı %8.4-%12.3 bitki başına tane verimi ise 71.0-188.9 g arasında değişmiştir. Ayrıca, çalışmada tepe püskülü görünüm süresinin uzamasının tane veriminde belli artışlara neden olabileceği bildirmişlerdir.

Vasal ve ark. (1993), CIMMYT’in kaliteli protein içeren mısır gen kaynaklarının (QPM) heterotik modellerini ve kombinasyon yeteneğini belirlemek ve aynı zamanda melez ıslahı için üstün kaynakları tanımlamak amacıyla yürüttükleri çalışmada 10 anaç (4 QPM havuzu, 5 QPM popülasyonu, çeşit Pioneer 7737) arasındaki diallel melezleri 8 lokasyonda denemiştir.

Çalışmada çiçeklenme tarihi, bitki boyu, endosperm sertliği ve tane verimi gibi özellikler üzerinde durulmuştur. GKY etkileri bütün özellikler için önemli, ÖKY etkileri sadece tepe püskülü çıkış zamanı ve bitki boyu için önemli bulunmuştur.

Altınbaş ve ark. (1994), dokuz kendilenmiş mısır hattının diallel melezindeki erkencilik öğelerini, bitki boyunu ve koçan yüksekliklerini inceledikleri çalışmada; bitki boyu, tanede nem oranı ve koçan yüksekliği üzerinde eklemeli ve dominantlık etkilerini önemli bulmuşlardır. Çiçeklenme süresi ve tanede nem oranı için eklemeli gen etkilerin, bitki boyu ve koçan yüksekliği için dominantlık etkilerin genetik varyansa katkılarının daha fazla olduğunu bildirmişlerdir. Popülasyonda erken çiçeklenme ve tanede düşük nem yönünden kısmi dominantlık, uzun boy ve koçan yüksekliği yönünden üstün dominant kalıtım biçimi ortaya çıkmıştır. Araştırmacılar, çiçeklenme süresi ve koçan boyunda en az dört, bitki boyunda ise en az beş gen grubunun etkili olduğunu saptamışlardır.

Altınbaş (1995), ikinci ürün koşullarında erkenci ve yüksek verimli mısır genotipleri geliştirme olanaklarını araştırmak amacıyla, 6 kendilenmiş mısır hattının yarım-diallel melezlerinde; bitki başına tane verimi, koçan püskülü çıkarma süresi, bitki boyu ve koçan yüksekliği için heterosis ve kombinasyon yetenekleri üzerinde durmuştur. Tane verimi ve bitki boyuna ilişkin genotipik varyansın çoğunluğunu heterosis oluşturmaktadır. melezler arasındaki varyansın büyük bir kısmının GKY etkilerinden ileri geldiği çiçeklenme süresi ve koçan yüksekliğinde eklemeli genetik etkilerin daha önemli olduğunu tahminlemiştir. Heterosis oranı bitki başına tane veriminde %72.0 ile %140.7, çiçeklenme süresinde %2.4 ile %18.0 arasında değişmiştir. Ayrıca çalışmada bitki boyu, koçan yüksekliği ve verim bakımından pozitif, çiçeklenme gün sayısı bakımından ise negatif yönde heterosis belirlenmiştir.

Turgut ve ark. (1995), Jinks-Hayman analiz yöntemine göre dokuz kendilenmiş mısır hattı arasında yarım diallel olarak elde ettikleri melez popülasyonunda; tane verimi, koçan çapı, koçan uzunluğu, koçanda sıra sayısı ve yüz tane ağırlığı özelliklerinin kalıtımlarını incelemişlerdir. Tüm özellikler bakımından hem eklemeli hem de dominantlık etkilerinden ileri gelen varyansların önemli olduğunu, ancak yüz tane ağırlığı dışındaki özelliklerde dominantlık etkilerinin eklemeli öğeye göre genetik varyansa önemli düzeyde daha fazla katkıda bulunduğunu bildirmişlerdir. Tane ağırlığı dışındaki özellikler yönünden popülasyonda beliren heterotik etkilerin önemli olduğu gözlenmiştir. Anaçlarda yüksek tane verimi yönündeki dominantlığa karşın verim öğeleri için dominantlığın belirli bir yönünün bulunmadığı

belirlenmiştir. Üstün dominantlığın söz konusu olduğu koçanda sıra sayısı dışındaki özelliklerde tam dominantlığı biraz aşan bir kalıtım tipinin etkili olduğu saptanmıştır. Bitki verimi ve koçan çapının kalıtımlarından en az dört gen grubunun sorumlu olduğu tahmin edilirken, koçan uzunluğu ve koçanda sıra sayısı için hesaplanan etkili gen sayılarının beklenenin altında olduğu yargısına varılmıştır. Heterosisin önemsizliği nedeniyle yüz tane ağırlığına ilişkin genetik etken sayıları belirlenememiştir. Araştırmacılar, diallel melez analizlerinde kalıtım dereceleri ve diğer genetik parametre tahminlerinden elde edilen bulgulara göre, popülasyonun erken generasyonlarında verim öğelerinden koçan uzunluğu ve koçan çapı için uygulanacak seçimlerin etkili olabileceği sonucuna varmışlardır.

Yıldız (1995), popülasyonun genetik yapısını incelemek, uygun anaç ve melez kombinasyonlarını belirlemek için Adana'da, altı atdışı mısır kendilenmiş hatlarındaki tam diallel melezleme sonucunda, tepe püskülü çıkış süresi, koçan uzunluğu, koçan verimi, hektolitre ağırlığı ve tane verimi özellikleri için eklemeli gen etkilerini önemli bulurken, diğer özelliklerde dominantlık etkisini önemli bulmuştur. Bitki boyu, koçan yüksekliği, koçan uzunluğu, koçan kalınlığı, koçanda tane sayısı, koçan verimi, bitkide koçan sayısı, bin tane ağırlığı ve hektolitre ağırlığı gibi özellikler için erken generasyonlarda yapılacak seleksiyonun başarılı olabileceğini bildirmiştir.

Altınbaş (1996), İzmir koşullarında kendilenmiş mısır hatları ile yapılan çalışmada 15 kombinasyon anaçları ile karşılaştırılmıştır. Araştırmada mısır hatları ve onların yarım diallel melezlerinden oluşan popülasyonda bitki başına tane verimi ve yüz tane ağırlığı bakımından anaç hatların ortalama değerleri, GKY etkileri ve melezlerin heterosis düzeylerinin melez performanslarının tahminlenmesindeki etkinlikleri basit korelasyon ( $r$ ) ve determinasyon katsayıları ( $r^2$ ) ile tahmin edilmiştir. İncelenen bütün özellikler bakımından 15 tek melezin gözlenen ortalama değerleri ile heterotik sapmalar (iki kendilenmiş anaç ortalamasına göre), heterosis değerleri, ( $F_1$ -MP) ve anaçların GKY etkilerinden tahminlenen, beklenen ortalama değerleri arasında pozitif ve önemli korelasyonlar saptanmıştır. Ayrıca koçan uzunluğunda hibritlerin gözlenen değerleri ( $F_1$ ) ile iki anaç ortalaması (MP) arasında pozitif ve önemli bir ilişki ( $r=0.735^{**}$ ) olduğu belirlenmiştir. Basit determinasyon katsayıları ( $r^2$ ) bitki başına tane veriminde heterotik sapmaların ( $F_1$ -MP), dört verim ögesinde de anaçların kombinasyon yeteneği etkilerinin, melez performanslarının tahminlenmesinde daha etkili olduğunu ortaya koymuştur. Çalışmada incelenen tüm özelliklerde anaçlar ve kombinasyonlar arasında %1 düzeyinde fark olduğu belirlenmiştir. Genel ve özel kombinasyon yeteneği bitki başına tane

verimi özelliğinde önemli olarak belirlenirken bu özelliğe ait en yüksek heterosis %89.4 olarak belirlenmiştir.

Tüstüz ve Balabanlı (1997), sekiz melez mısır çeşidi kullanılarak çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, koçan yüksekliği bakımından 2 yıllık çalışma sonuçlarına ait ortalama değerleri sırasıyla 52-58 gün, 193-218 cm, 90-104 cm olarak belirlemişlerdir. Geniş anlamda kalıtım derecelerinin de belirlendiği araştırmada çiçeklenme gün sayısı için 0.93, bitki boyu için 0.12, koçan yüksekliği ve tane verimi için 0.31 ve 0.06 olarak bulunmuştur.

Altınbaş ve Tosun (1998), bitki tane verimi, verim öğeleri ve bitki özelliklerine ilişkin kombinasyon yeteneği etkileri arasındaki kovaryansların üstün anaç melezlerinin belirlenmesinde kullanılabilirlik olanaklarını araştırmak amacıyla birinde 6 diğerinde 9 kendilenmiş hat ve onların yarım diallel melezlerinden oluşan 2 mısır popülasyonu kullanmışlardır. Bitki başına tane verimi ile diğer bitki özellikleri arasındaki genel ve özel kombinasyon yeteneği kovaryanslarından elde edilen bulgular, yüz tane ağırlığı ile koçan uzunluğu için hatlar ve melezler arasında kombinasyon yeteneği değerlerine göre yapılacak seçimlerin daha etkili olabileceğini göstermiştir. Kombinasyon yeteneği varyansları ve etkileri yanında kovaryans tahminlerinin de melez mısır geliştirme çalışmalarında yarar sağlayabileceği sonucuna varılmıştır. Ayrıca, bu çalışmada melez popülasyonda bitki boyu, koçan yüksekliği, bin tane ağırlığı ve bitki başına tane verimi değerlerine ait genel ve özel kombinasyon yeteneği değerlerini %1 olasılık düzeyinde önemli bulmuşlardır.

Konak ve ark. (1999), altı kendilenmiş hattı ve dört test edici ile oluşturdukları melez popülasyonlarında bitki boyu hariç incelenen koçan yüksekliği, çiçeklenme gün sayısı, bin tane ağırlığı ve tane verimi özelliklerinde GKY/ÖKY oranını 1'den küçük bulmuşlardır. Çalışmada heterosis ve heterobeltiosis oranları sırasıyla bitki boyunda %-0.3-%36.03 ve %-17.75-%208, koçan yüksekliğinde %-10.27-%69.15 ve %-21.26-%59.5, çiçeklenme gün sayısında %-11.03-%96.11 ve %-14.65-%6.69, bin tane ağırlığında %-1.34-%22.58 ve %-8.25-%15.61, tane veriminde %-5.07-%235.2 ve %-17.75-%208.0 değerleri arasında değiştiğini belirlemişlerdir.

Turgut ve ark. (1999), 13 melez mısır çeşidi ile iki yıl yürütülen araştırmada bitki boyu bakımından geniş anlamda kalıtım derecesi 0.028, koçan yüksekliği için 0.129, koçanda tane sayısı için 0.248 bulmuşlardır. Bin tane ağırlığı ve tane verimi için ise kalıtım dereceleri 0.01 ve 0.138 olarak belirlemişlerdir.



Ünay ve ark. (1999), yedi mısır genotipi ve bunlara ait 12 F<sub>1</sub>'i ile yürüttükleri araştırmada, bitki boyu, koçan yüksekliği, koçanda tane sayısı, bin tane ağırlığı bakımından GKY/ÖKY oranı 1'den büyük bulmuşlardır. Buna karşılık popülasyonda tane verimi bakımından eklemeli olmayan gen etkilerinin hakim olduğu belirtmişlerdir. Melez popülasyona ait heterosis dağılımı bitki boyunda %6.19-%30.56, koçan yüksekliğinde %11.43-%47.59, koçanda tane sayısında %2.48-%19.37, bin tane ağırlığında %2.39-%22.87, tane veriminde ise %90.47-%294.52 bulmuşlardır. Heterobeltiosis dağılımı ise sırası ile %5.47-%29.2, %-1.53-%33.90, %-13.26-%8.53, %-13.97-%20.47, %34.40-%217.85 olarak tespit etmişlerdir.

Şen (1999), altı atdışı mısır kendilenmiş hattının tam diallel melezlerinden oluşan melez popülasyonun genetik yapısını incelemek, verim ve bazı agronomik özellikler bakımından uygun anaçları ve ümitvar melez kombinasyonları belirlemek için Adana'da yapmış olduğu çalışmada, koçan püskülü çıkış süresi, bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, yaprak açısı, koçan uzunluğu ve kalınlığı, tane verimi ve sömek oranı için eklemeli ve dominant gen etkisini, sap kalınlığı ve tane verimi için dominant gen etkisini önemli bulmuştur. Koçan sayısı, koçanda sıra sayısı ve bin tane ağırlığı özelliklerinde ise eklemeli genin yanında eklemeli olmayan gen etkisinin de önemli olduğunu belirtmiştir.

Meriç (1999), beş kendilenmiş atdışı mısır hattı ve bunların 10 yarım diallel melezlerinden oluşan popülasyondaki genetik yapıyı incelemek amacı ile bu çalışmayı yapmıştır. Çeşit ve hatlar arasındaki varyansın, parselde koçan sayısı ve bitki başına koçan sayısı için önemsiz olduğunu bulmuştur. Parselde koçan sayısı, bitki başına koçan sayısı ve tane/koçan oranında olumsuz, diğer özelliklerde olumlu heterobeltiosis saptamıştır.

Nas ve ark. (2000), on kendilenmiş mısır hattı ve diallel melezleri ile birlikte tane verimi bakımından kombinasyon yeteneklerini karşılaştırmışlardır. Çalışmada bu özellik bakımından araştırmanın yürütüldüğü 3 ekolojide ÖKY etkilerini, GKY'ne göre önemli bulmuşlardır.

Sürmeli (2000), altı kendilenmiş mısır hattı ve diallel melez dölleri ile oluşturduğu popülasyonda çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, koçan yüksekliği, koçanda tane sayısı, yüz tane ağırlığı, tane verimi özellikleri bakımından kombinasyon yeteneklerini araştırmıştır. Araştırmada, tane verimi dışındaki özellikler genel ve özel kombinasyon yeteneği etkileri bakımından önemli olarak değerlendirmiştir. Tane verimi özelliğinin kalıtımında dominant gen etkisinin önemli olduğunu vurgulamıştır.

Smith ve ark. (2000), mısır kuşağında yaygın olarak kullanılan 'Stiff Stalk Synthetic' ile 'Lancaster Sure Crop' heterotik gruplarını temsil eden B73 ve Mo17 kendilenmiş hatlar kullanılarak birbirinden uzak tabandan gelen heterotik gruplara ait anaçlar arasında yapılan melezleme işlemi sonucunda elde edilen melezlerde her zaman yüksek heterosis değerinin elde edilip edilemeyeceğini belirlemeye çalışmışlardır. Çalışmanın sonucuna göre, heterotik grupları ayırmada kullanılan hatların heterosis değerinden kısmen sorumlu lokuslar ile ilişkili olabileceği gibi, bu hatların kullanımını sınırlayabilecek etkenlerden birinin de fonksiyonel genlerle doğrudan ilişkili olmama ihtimalinin olduğu şeklinde belirtmişlerdir. Ayrıca, bu araştırmada tane verimi bakımından anaçlar ortalamasına göre %89.5 oranında heterosis değeri elde etmişlerdir.

Dede ve ark. (2001), yedi kendilenmiş hat ile bunların 21 F<sub>1</sub>'ini içeren bir yarım diallel mısır popülasyonunda verim ve verim komponentleri için, genel ve özel kombinasyon yetenekleri ile melez popülasyondaki heterosisi incelemişlerdir. Çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, koçanda tane sayısı ve bin tane ağırlığı özellikleri bakımından GKY/ÖKY etkilerini 1'den büyük olarak bulmuşlardır. Tane veriminde bu oranı 0.47 olarak belirlemişlerdir. Çalışmada ele alınan bütün özelliklerde ortalama heterosis önemli ve tepe püskülü çıkış süresi hariç pozitif yönde olup, çiçeklenme gün sayısı bakımından heterosis %-3.73, bitki boyu için %26.6, koçanda tane sayısı %66.7, tane verimi için ise %88.6 olarak belirlemişlerdir.

Fan ve ark. (2001), on kendilenmiş hat ve 45 diallel melez ile yaptıkları çalışmada tane verimi bakımından anaçlara ait GKY etkisini istatistiki olarak önemli, melez kombinasyonlara ait ÖKY etkisini ise önemsiz olarak değerlendirmişlerdir.

Kara (2001a), altı kendilenmiş mısır hattını (ana) 3 test edici hat (baba) ile melezleyerek 15 F<sub>1</sub> elde etmiş, verim ile verim komponentlerine ilişkin genel, ÖKY etkilerini ve popülasyondaki heterosisi araştırmıştır. Yapılan varyans analizi sonuçlarına göre incelenen tüm özelliklerde anaçlar ve melez kombinasyonlar arasında istatistiki farkın bulunduğunu belirlemiştir. Araştırmada tepe püskülü çıkartma süresi, bitki boyu, koçanda tane sayısı ve bin tane ağırlığı özellikleri bakımından GKY etkilerinin, koçan yüksekliği ve birim alan tane verimi bakımından ÖKY etkilerinin önemli olduğu sonucuna varmıştır. İncelenen bu özellikler bakımından en düşük heterosis değeri %-9.4 ile tepe püskülü çıkartma süresinde, en yüksek heterosis değeri ise %194.3 ile birim alan tane veriminde belirlemiştir. Heterobeltiosis göre

yapılan deęerlendirmede en dūřuk deęeri koan yūkseklide (%-15.9), en yūsek deęeri (%162.5) ise birim alan tane veriminde belirlemiřtir.

Özbay ve ark. (2001), yedi ana hat ile bunların 21 F<sub>1</sub>'ini ieren bir diallel mısır popūlasyonunda verim ve verim komponentleri iin, genel ve özel uyum yetenekleri ve melez popūlasyonlardaki heterosisi incelemiřlerdir. alıřmada ele alınan bütūn özelliklerde ortalama heterosis önemli ve tepe pūskūlü ıkıř süresi hari pozitif yönde olup, melezlerin verimi analar ortalamasından %88.56 oranında daha fazla olmuřtur. Koanda tane sayısı ve sırada tane sayısında da yūsek heterosis gözlemiřlerdir. Uyum yetenekleri analizi, GK Y varyansının tane verimi dıřındaki bütūn özelliklerde; ÖKY varyansının ise koanda sıra sayısı hari bütūn özelliklerde önemli olduęunu göstermiřtir. Koanda sıra sayısının kalıtımında eklemeli gen etkileri, tane veriminin kalıtımında eklemeli olmayan gen etkileri daha önemli rol oynadıęı görūlmüřtür. İncelenen dięer özelliklerde ise hem eklemeli ve hem de eklemeli olmayan gen etkilerini önemli bulmuřlardır.

Turgut (2001), altı kendilenmiř mısır hattı ile yaptıęı melez alıřmasında, ana ve kombinasyonlara ait genel ve özel kombinasyon yeteneklerini incelenen bitki boyu, koan yūkseklide ve bitki bařına tane verimi özellikleri iin %1 olasılık düzeyinde önemli bulmuřtur. Kombinasyona ait heterosis deęerlerinin de incelendięi alıřmada üstūn ana ve standart bir mısır eřidine göre yapılan heterosis deęeri hesaplamasında en yūsek heterosis deęeri sırasıyla bitki boyunda %32.7 ve %10.3, koan yūkseklide %51.4 ve %10.1, koanda tane sayısında %237.5 ve %30.4, bin tane aęırlıęında %61.2 ve %6.3 bitki bařına tane veriminde %410.7 ve %15.6 olarak belirlemiřtir.

Sezer ve Sürmeli (2003), Karadeniz Bölgesi'nde ana ürün melez mısır tohumluęu elde edilmesine uygun kendilenmiř hatların bazı bitkisel özelliklerine ait kombinasyon yeteneklerinin arařtırılması amacıyla 124 adet kendilenmiř hattın yoklama melezlemesi sonucunda, bölge iin üstūn ana olarak beęenilen 19 hat arasından tesadūfi olarak seilen 6 hattı diallel melezlemeye (Griffing, Method-II) almıřlardır. Diallel melez dōllerin oluřturduęu popūlasyona uygulanan sabit model (Model-I) analizi ile anaların GK Y ve ÖKY; tesadūf model (Model-II) analizi ile de hatların bitkisel özelliklerine ait GK Y ve ÖKY arařtırılarak, kalıtım dereceleri tahmin edilmiřtir. Yapılan diallel alıřmada incelenen bitkisel özelliklerden tane/koan oranı ve parselde koan sayısına ait analiz iin yeterli genetik varyasyonun oluřturulamamıř olduęunu belirtmiřlerdir.

Balcı (2004), on kendilenmiş mısır hattı ve bunların yarım diallel melezlerinin genetik yapısını araştırmak, anaçların GKY ve ÖKY ile melez gücü değerlerini belirlemiştir. Denemeyi 3 tekrarlamalı dikdörtgen latis deneme desenine göre kurmuştur. Veri analizlerini Griffing ve Jinks-Hayman tiplerine göre yapmıştır. Griffing'e göre incelenen özellikte GKY ve ÖKY etkilerini önemli bulmuştur. Çalışmada koçan yüksekliği, bitki başına tane verimi ve tane verimi dışındaki tüm özelliklerin kalıtımında eklemeli genlerin hakim olduğu sonucuna varmıştır.

Nay ve ark. (2004), 9 kendilenmiş mısır hattı ve bunların yarım diallel melezlenmesi sonucu oluşturulan popülasyonda tane verimine ilişkin kalıtım parametreleri, heterosis ve uyuşma yeteneklerini incelemişlerdir. Genel ve özel uyuşma yeneceği etkileri yönünden genotipler arasındaki farklılığın istatistikî olarak önemli olduğunu saptamışlardır. Mısırdaki tane veriminin dominant genlerin etkisi altında olduğunu bulmuşlardır.

Cengiz (2006), sekiz kendilenmiş mısır hattı ile yapılan yarım diallel melezlerinde; çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, koçanda sıra sayısı, bin tane ağırlığı ve tane verimi bakımından incelenen özelliklerde eklemeli gen etkilerini, dominant gen etkilerine göre daha etkili bulmuştur. Tane verimi özelliği için yüksek heterosis (%151.8) ve heterobeltiosis (%148.7) değerlerini bulmuştur.

Konuşkan (2006), yaptığı çalışmada altı kendilenmiş mısır hattı ile bunların 30 F<sub>1</sub>'ini içeren tam diallel melez mısır popülasyonunda verim ve verim komponentleri için; genetik yapıyı, GKY ve ÖKY ile melez güçlerini belirlemek için yapmıştır. Melezler 3 tekerrürlü olarak tesadüf blokları deneme desenine göre kurmuştur. Varyans analizi sonuçlarına göre, incelenen tüm özellikler yönünden melezler arasındaki varyasyonun önemli olduğunu bulmuştur. İncelenen özelliklerden genel ve özel uyum yetenekleri önemli bulmuştur. GKY koçan yüksekliği ve koçan uzunluğu hariç diğer tüm özelliklerde ÖKY'nden daha yüksek bulmuştur. Tane veriminde ortalama %60.9 heterosis ve %40.8 heterobeltiosis belirlemiştir.

Balcı ve Turgut (2006), Sakarya Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden temin edilen on mısır hattı ve bunların yarım diallel melezlerinden oluşan popülasyonu kullanarak yaptıkları çalışmada, bin tane ağırlığı özelliği için hem eklemeli hem de dominant gen varyansı istatistikî anlamda önemli bulmuşlardır. Bin tane ağırlığı özelliğinde eksik dominantlık, diğer tüm özelliklerde ise üstün dominantlık tespit etmişlerdir. Araştırmada incelenen özelliklerin tümünde geniş anlamda kalıtım derecesi 0.58 ile 0.83 arasında, dar anlamda kalıtım dereceleri ise 0.09

ile 0.57 arasında deęişim göstermiştir. En yüksek dar anlamda kalıtım derecesi bin tane aęrlıęı özelliğinde tespit etmişlerdir.

Alam ve ark. (2008), 5x5 diallel melezleme ile oluşturdukları mısır popülasyonunda tane verimi ve verim kriterlerinin kalıtımını incelemişlerdir. Araştırmanın sonucunda bin tane aęrlıęı özellięi oluşumunda eklemeli gen etkileri rol oynarken; bitki boyu, koçan yükseklięi ve çiçeklenme gün sayıları özelliklerinde eklemeli olmayan gen etkilerinin etkin olduğunu bildirmişlerdir.

Orhun (2010), yürüttüęü araştırmada sekiz kendilenmiş mısır hattının yarım diallel melezi ile elde edilen 28 F<sub>1</sub> kombinasyonunda diallel analiz yöntemleri uygulanarak; genotiplerin verim ve verim unsurları ile kalite ve yağ özellikleri için genetik yapıyı, genel ve özel uyum yeteneklerini ve melez güçlerini belirlemeyi, uygun anaç ve ümitli kombinasyonları seçmeyi amaçlamıştır. Yapılan istatistiki analizler popülasyonlarda araştırılan özellikler (çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, koçanda sıra sayısı, sırada tane sayısı, tanede nem, bin tane aęrlıęı, tane verimi) bakımından önemli varyasyon olduğunu göstermiştir. Genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin varyansları incelenen özelliklerin tümünde önemli bulunmuştur. İncelenen tüm özellikler için F<sub>1</sub> kombinasyonunda eklemeli ve dominant gen etkilerini önemli olarak bulunmuştur. İncelenen özelliklerden bin tane aęrlıęı özellięi tam dominantlık dięer tüm özellikler ise üstün dominantlık göstermiştir. İncelenen özelliklerden koçan uzunluęu, bitki boyu özelliklerinde heterosis ve heterobeltiosis deęerleri pozitif yönde çıkmıştır.

Haddadi ve ark. (2012), verim ve verimle iliřkili özelliklerin kombinasyon yeteneklerinin belirlenmesi amacıyla sekiz kendilenmiş mısır hattı ve bunların yarım diallel melezleri ile çalışmışlardır. 28 F<sub>1</sub> ve anaçlarını tesadüf blokları deneme desenine göre 4 tekerrür ve 2 lokasyon olarak denemeye almışlardır. Birleştirilmiş varyans analizleri; çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, bin tane aęrlıęı, koçanda tane sayısı, koçanda sıra sayısı, tane uzunluęu, tane-koçan oranı ve tane verimi için genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin önemli olduğunu görmüşlerdir. Melezlerin çoęunda çiçeklenme gün sayısı ve tane veriminde ÖKY önemli bulunmuş, en az bir anacının da aynı özellikler için GKY'ni önemli bulunmuşlardır. Tane verimi ve dięer verim özellikleri (tane aęrlıęı, koçanda tane sayısı ve tane uzunluęu) arasında pozitif korelasyon bulunmuşlar ve bu özelliklerin tohum verimi için seleksiyon kriteri olarak kullanılabileceęini belirtmişlerdir.

Amiruzzaman ve ark. (2013), yedi kendilenmiş mısır hattı ve diallel melezlerinde; heterosis ve kombinasyon yetenekleri, tane verimi, tepe ve koçan püskülü çıkış zamanı, bitki ve koçan yüksekliği özelliklerinde analiz yapmışlardır. Çalışılan özellikler için genel ve özel kombinasyon yetenekleri oldukça yüksek bulmuşlardır. Hem eklemeli ve hem de eklemesiz gen etkileri özellikler için önemli olduğunu belirtmişlerdir. Çalışılan anaçlar arasında heterosisi tane veriminde %-17.60 ile %9.71 arasında hesaplamışlardır.

Denghanpour ve Ehdaie (2013), İran'da ıslah edilmiş dokuz kendilenmiş mısır hattı ile yapılan diallel melezlerde genel ve özel kombinasyonların stabilitesini araştırmışlardır. 36 tek melezde; tane verimi, koçanda sıra sayısı ve sırada tane sayısı 3 lokasyonda 2 yıl denemeye alarak değerlendirmişlerdir. Çevrenin etkisi, melez ve melez x çevre ile genel ve özel kombinasyon yetenekleri etkilerini özellikler için önemli bulmuşlardır.

### 3. MATERYAL ve YÖNTEM

Çalışmada kullanılan materyal ve yöntem aşağıda tanımlanmış ve açıklanmıştır.

#### 3.1. Materyal

Bu araştırmada, Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü tarafından ülkesel mısır ıslah programı kapsamında klasik ıslah metodlarıyla elde edilmiş 92 kendilenmiş mısır hattı (Çizelge 3.1) ve 8 kullanıma açık (public) mısır hattı (Çizelge 3.2) ile toplam 100 mısır hattı materyal olarak kullanılmıştır. Bu çalışma;

1. Morfolojik markörler ile hatların tanımlamalarının yapılması,
2. Moleküler markörler ile hatların tanımlamalarının yapılması,
3. Diallel melezler ile biyometrik ve genetik analizlerinin yapılmasını kapsamaktadır.

Bu hatlar atdışı tane yapısında olup, ortalama 500-700 FAO olum grubu içerisinde dirler. ADK ve MAE kodlu tüm kendilenmiş mısır hatları Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından klasik ıslah metodları ile elde edilmişlerdir. Bu hatlar Enstitünün elindeki hat koleksiyonunun bir kısmını temsil etmektedir. Bu hatların çoğu son yıllarda elde edilmiş olan hatlar arasından seçilmiştir.

**Çizelge 3.1.** Materyal olarak kullanılan kendilenmiş mısır hatlarının isimleri

ADK-900	ADK-931	ADK-825	ADK-845	ADK-872	ADK-897	ADK-735
ADK-902	ADK-941	ADK-826	ADK-847	ADK-875	ADK-898	ADK-737
ADK-903	ADK-972	ADK-828	ADK-848	ADK-879	ADK-700	ADK-739
ADK-907	ADK-808	ADK-829	ADK-849	ADK-880	ADK-706	ADK-651
ADK-908	ADK-809	ADK-930	ADK-850	ADK-881	ADK-707	ADK-659
ADK-910	ADK-811	ADK-831	ADK-852	ADK-882	ADK-713	ADK-528
ADK-911	ADK-812	ADK-834	ADK-855	ADK-884	ADK-716	ADK-448
ADK-912	ADK-813	ADK-836	ADK-859	ADK-886	ADK-719	ADK-455
ADK-913	ADK-815	ADK-837	ADK-861	ADK-887	ADK-720	ADK-310
ADK-918	ADK-816	ADK-841	ADK-862	ADK-888	ADK-723	ADK-317
ADK-919	ADK-819	ADK-842	ADK-866	ADK-892	ADK-725	ADK-818
ADK-922	ADK-821	ADK-843	ADK-869	ADK-893	ADK-727	MAE 9301
ADK-923	ADK-822	ADK-844	ADK-870	ADK-896	ADK-728	ADK-851
ADK-926						

Çalışılacak olan materyalimizin içerisinde daha önceki çalışmalarda heterotik grup tahmini yapılmış mısır hatları da dahil edilerek, heterotik grup tahmini yaparken bu hatlar referans alınacaktır (Çizelge 3.2).

**Çizelge 3.2.** Materyal olarak kullanılan kullanıma açık (public) mısır hatları ve heterotik grupları

Hat adı	Tahmin edilen heterotik grubu
FRMo17	Lancaster (Senior ve ark. 1998)
FRB73	Stiff Stalk (Senior ve ark. 1998)
N192	Stiff Stalk (Anonim 2016)
NC272	Stiff Stalk (Anonim 2016a)
FR632	Stiff Stalk (Anonim 2016b)
Va22	Lancaster (Ajmone-Marsan ve ark. 1992)
A239	-
W182BN	-

### 3.2. Morfolojik Çalışmalar

Çalışmanın ilk tarla çalışmasını oluşturan hatların morfolojik gözlemlerinin alınması aşağıda belirtildiği şekilde alınmış ve değerlendirilmiştir.

#### 3.2.1. Kendilenmiş hatların ekimi, yetiştirilmesi ve gözlem alınması

Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü deneme alanlarında 2010 yılında Çizelge 3.1 ve 3.2.'deki kendilenmiş hatların ekimi gerçekleştirilmiştir. Her parsel, sıra arası 70 cm ve sıra üzeri 20 cm olmak üzere 3 m uzunluğunda 2'şer sıra olarak ekilmiştir. Gözlemlerin homojenliği açısından her sırada 16 ve parselde 32 bitki sıklığı sağlanmaya çalışılmıştır. Gözlem bahçesinde damlama sulama sistemi kullanılarak bitkilerin stres yaşamaması sağlanmıştır. Genel bakım işleri (tekleme, çapalama, gübreleme, sulama v.b.) zamanında yapılmıştır. Gözlemler, UPOV tarafından belirtilen (Çizelge 3.3) gelişme dönemlerinde en az 5 bitkide gözlemlenerek formlara yazılmıştır.



**Çizelge 3.3.** Kendilenmiş mısır hatlarında alınan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme karakterleri

No	Özellik	Gözlemlenen Dönem	Değerler	
<b>MORFOLOJİK ÖZELLİKLER</b>				
1	İlk yaprak kınında antosiyanın renkliliği	Bitki iki yapraklı iken	Yok veya çok az Az Orta Koyu Çok koyu	1 3 5 7 9
2	İlk yaprak ucu şekli	Bitki dört yapraklı iken	Sivri Sivri-yuvarlak Yuvarlak Yuvarlak-kaşık Kaşık	1 3 5 7 9
3	Gövde ile yaprak arasındaki açı	Anterlerin oluşmaya başlama zamanı	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	<5° 5°-50° 50°-75° 75°-90° >90°
4	Yaprak ayası duruşu	Anterlerin oluşmaya başlama zamanı	Düz Hafifçe aşağı doğru Aşağı doğru Kuvvetlice aşağı doğru Çok kuvvetli aşağı doğru	1 3 5 7 9
5	Gövdedeki boğumdan boğuma zigzag derecesi	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Hafif Kuvvetli	1 2 3
<b>KARAKTERİSTİK ÖZELLİKLER</b>				
6	Destek köklerde antosiyanın renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9
7	Tepe püskülü çıkış zamanı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok erken Çok erken-erken Erken Erken-orta Orta Orta-geç Geç Geç-çok geç Çok geç	<45 45-50 51-55 56-60 61-65 66-70 71-75 76-80 >80
8	Tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanın renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9
9	Tepe püskülü kavuzlarında antosiyanın renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9
10	Anterlerde antosiyanın renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9

**Çizelge 3.3.** Kendilenmiş mısır hatlarında alınan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme karakterleri (devam)

11	Başakçık yoğunluğu	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Seyrek Orta Yoğun		3 5 7
12	Ana eksen ile yan dallar arasındaki açı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	<5° 5°-50° 50°-75° 75°-90° >90°	1 3 5 7 9
13	Yan dalların duruşu	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Düz Hafif aşağı doğru Aşağı doğru Kuvvetlice aşağı doğru Çok kuvvetli aşağı doğru		1 3 5 7 9
14	İlk yan dal sayısı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Fazla Çok fazla	0-3 4-10 11-15 16-20 >20	1 3 5 7 9
15	Püskül çıkış zamanı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok erken Çok erken-erken Erken Erken-orta Orta Orta-geç Geç Geç-çok geç Çok geç	<45 45-52 53-57 58-62 63-67 68-72 73-77 78-82 >83	1 2 3 4 5 6 7 8 9
16	Püskül antosiyanın renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok Var		1 9
17	Püskülde antosiyanın yoğunluğu	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli		1 3 5 7 9
18	Yaprak kınındaki antosiyanın renkliliği	Koçanda taneler sulu iken	Yok veya çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli		1 3 5 7 9
19	Tepe püskülü: En alt yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<30 cm 30-35 cm 36-40 cm 41-45 cm >45 cm	1 3 5 7 9
20	Tepe püskülü: En üst yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<20 cm 20-25 cm 26-30 cm 31-35 cm >35 cm	1 3 5 7 9
21	Tepe püskülü: Yan dalların uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<15 cm 15-20 cm 21-25 cm 26-30 cm >30 cm	1 3 5 7 9

**Çizelge 3.3.** Kendilenmiş mısır hatlarında alınan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme karakterleri (devam)

22	Bitki boyu (tepe püskülü dahil)	Süt olumu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<120 cm 120-160 cm 160-200 cm 200-240 cm >240 cm	1 3 5 7 9
23	Üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı	Süt olumu	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	<0.30 0.31-0.40 0.41-0.50 0.51-0.60 >0.60	1 3 5 7 9
24	Yaprak ayası genişliği (üst koçan yaprağı)	Süt olumu	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	<5 cm 6-8 cm 9-11 cm 12-14 cm >14 cm	1 3 5 7 9
25	Koçan sapı uzunluğu	Tane yumuşak hamurumsu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<3 cm 4-6 cm 7-9 cm 10-12 cm >12 cm	1 3 5 7 9
26	Koçan uzunluğu (koçan kavuzu hariç)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<15 cm 16-19 cm 20-23 cm 24-27 cm >27 cm	1 3 5 7 9
27	Koçan çapı (orta kısımda)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	<4 cm 4.1-5 cm 5.1-6 cm 6.1-7 cm >7 cm	1 3 5 7 9
28	Koçan şekli	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Konik Konik-silindirik Silindirik		1 2 3
29	Koçandaki sıra sayısı	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Çok az Az Orta Fazla Çok fazla	<10 10-12 13-14 15-16 >16	1 3 5 7 9
30	Tane tipi (koçan ortası 1/3'lük kısımda)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Sert Sert gibi Orta At dişi gibi At dişi Tatlı Cin mısır		1 2 3 4 5 6 7
31	Tane ucu rengi	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Beyaz Sarımsı beyaz Sarı Sarı-portakal Portakal Kırmızı-portakal Kırmızı Koyu kırmızı Mavi siyah		1 2 3 4 5 6 7 8 9

**Çizelge 3.3.** Kendilenmiş mısır hatlarında alınan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme karakterleri (devam)

32	Tane sırt rengi	Tanelerin tam olumu (taneler tınakla çizilemez)	Beyaz Sarımsı beyaz Sarı Sarı-portakal Portakal Kırmızı-portakal Kırmızı Koyu kırmızı Mavi siyah	1 2 3 4 5 6 7 8 9
33	Koçan kavuzlarında antosiyanın renkliliği	Taneler seyrek ve gevşek iken	Yok Var	1 9
34	Koçan kavuzlarında antosiyanın yoğunluğu	Taneler seyrek ve gevşek iken	Çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9

### 3.2.2. Morfolojik özellikler bakımından varyasyonun belirlenmesi

Kendilenmiş mısır hatları arasında morfolojik özelliklere bağlı gruplandırmaların yapılması ve birbirleri arasındaki genetik yakınlık düzeylerinin belirlenmesi amacıyla birbirini tamamlayan iki farklı istatistik analiz paket programından yararlanılmıştır. Öncelikle alınan morfolojik özellikler (34 özellik) yönünden değerlendirilme yapılmış ve gruplar oluşturulmuştur. Her iki programda da her bir morfolojik özellik için UPOV tarafından verilen puanlama sistemi esas alınarak veri girişi yapılmıştır.

Popülasyonu temsil eden özellikleri ön plana çıkartmak ve karakterize edilen özelliklere göre popülasyonları 2 boyutlu olarak gruplandırmak amacıyla Temel Bileşen Analizi (Principle Component Analysis) yapılmıştır. Temel bileşen analizi, çok boyutlu alan içinde tipler arasındaki ilişkiyi en iyi temsil edecek bir eksen ya da eksenler dizisi üzerindeki tip izdüşümlerinin görüntülenmesi temeline dayanmaktadır.

PCA'nın 3 temel amacı vardır:

1. Verilerin boyutunu azaltmak,
2. Tahminleme yapmak,
3. Veri setini, bazı analizler için görüntülemek.

PCA uyguladığımızda sürecin sonunda bu p boyutlu uzayın gerçek boyutu belirlenir. Bu gerçek boyuta temel bileşenler adı verilir.

Temel bileşenlerin üç özelliği vardır:

1. Korelasyonsuzlardır.
2. Birinci temel bileşen toplam değişkenliği en çok açıklayan değişkendir.
3. Bir sonraki temel bileşen kalan değişkenliği en çok açıklayan değişkendir.

Temel bileşenler analizinde değişkenlerdeki değişim yapısı korelasyon ya da kovaryans matrisleri üzerinden incelenir. Analizin hangi matris üzerinden yapılacağı değişkenlerde birim farklılığı olup olmamasına ve değişken varyanslarının yakın değerler alıp almamasına bağlıdır. Bu çalışma korelasyon matrisleri üzerinden incelenmiştir.

Ana bileşenler çevresinde dağılan örneklerin varyansları her bir bileşen için ayrı ayrı hesaplanmaktadır. Bunlara da öz değer (eigen değeri) adı verilmektedir. Öz değerlerin 1'den büyük olması ele alınan ana bileşen ağırlık değerlerinin güvenilir olduğunu göstermektedir (Mohammadi ve Prasanna 2003). Birden büyük öz değere sahip bileşenler için toplam varyans oranları ve eklemeli gen etkisi varyans değerleri belirlenmiş ve yorumlamalar bu değerler kullanılarak yapılmıştır (Mohammadi ve Prasanna 2003, Ferriol ve ark. 2003, Karaağaç 2006). Bu çalışmada temel bileşen eksenleri içinde (TBE=PCo) mutlak değerce vektör katsayısı 0.50 ve 0.50'den büyük olan değerlerin popülasyonu temsil ettiği kabul edilmiştir.

Temel bileşen analizi ve kümeleme için IBM SPSS programı kullanılmıştır. Kümeleme analizinde Ward's Method ve Squared Euclidean Distance seçilerek veriler analiz edilmiştir.

### **3.3. Moleküler Çalışmalar**

Moleküler çalışmalar 2011 yılında Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü Merkez Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

Çalışmada uygulanan yöntem aşağıdaki aşamalardan oluşmaktadır;

- DNA izolasyonu ve ölçümleri

- PCR reaksiyonlarının hazırlanması ve PCR
- Kapillar elektroforez
- Allel görüntülerin alınması
- Genetik analizler

### 3.3.1. DNA izolasyonu ve ölçümleri

Araştırmada çalışılan 100 kendilenmiş mısır hattının genomik DNA izolasyonları CTAB protokolüne göre yapılmıştır (Saghai-Marooft ve ark. 1984, Doebley ve Stec 1991). CTAB protokolü aşağıdaki şekilde olduğu gibi uygulanmıştır. DNA kalite ve miktar ölçümleri %1'lik jel ve Nanodrop ND-1000 spektrofotometre kullanılarak yapılmıştır.

DNA izolasyonu aşamaları;

- Genç bitki yaprak örnekleri porselen havanlar içerisinde sıvı azotla dondurulduktan sonra ezilerek toz haline getirildi,
- Toz halindeki yaprak örneği 2 µl ependorf tüplere aktarıldı,
- Tüplerin üzerine 1ml DNA ekstraksiyon solüsyonu (CTAB) eklendi,
- Solüsyon eklenen tüpler 65°C'de belli aralıklarla çalkalanarak 15 dk su banyosunda bekletildi ve oda koşullarında soğutuldu,
- Tüplere 0.5 ml kloroform/isoamil alkol (24:1) karışımı eklenerek 20-25 defa çalkalandı ve 30 dk buz üzerinde bekletildi,
- Oda sıcaklığında, 14000 rpm'de 5 dk santrifüj edildi,
- Santrifüj sonrası ortaya çıkan üst sıvı (~0.7 ml), temiz 1.5 ml'lik ependorf tüpe aktarıldı,
- Üzerine ~0.8 ml isopropanol eklenerek DNA'nın çökmesi sağlandı,
- DNA örnekleri, 15-20 dk buz üzerinde tutularak 14000 rpm'de 1 dk santrifüj edilerek dibe çöktürüldü,
- Üst sıvı atıldı,
- Pellet (alt katı) üzerine 1 ml %70'lik ethanol eklenerek, 14000 rpm'de 2 dk santrifüj edildi,
- Ethanol uzaklaştırılarak pellet kurutuldu,
- DNA, 50–100 µl H<sub>2</sub>O (nuclease free)'da çözüldü,
- Her 100 µl için 1 µl RNase-A eklenerek, 37°C'de 15 dk bekletilerek, RNA uzaklaştırıldı.

İzolasyon çözeltisi (50 ml için):

- 2 ml TRIS (50 mM, pH 8.0)
- 4 ml EDTA (50 mM, pH 8.0)
- 10 ml LiCl (4M)
- 1 g CTAB (%1)
- 2 g PVP (%2)
- 0.5 ml TWEEN 20 (%0.5)
- %0.2β-Mercapto Ethanol
- Kloroform/isoamil alkol; (24:1) (hacim:hacim)
- RNase-A; 100 mg/ml

### 3.3.2. PCR reaksiyonlarının hazırlanması ve PCR

PCR reaksiyonu; 15–200 ng DNA, 5 pmol ileri(forward) primer, 5 pmol floresan işaretlenmiş ters (revers) primer, 0.5 mM toplam dNTP, 0.5 ünite Go Taq DNA Polymerase (1,5 mM MgCl<sub>2</sub> içermekte), 3 µl buffer (5x buffer) olmak üzere 15µl'de gerçekleştirilmiştir.

PCR reaksiyonu için kullanılan PCR programı:

1. 94°C'de 3 dk,
2. 94°C'de 1 dk,
3. 48–66°C'de 1 dk,
4. 72°C'de 2 dk,
5. 72°C'de 10 dk olmak üzere toplam 35 döngü olarak uygulanmıştır.

PCR sonrası lokuslara ait PCR ürünleri %2'lik agaroz jelde kontrol edildikten sonra, amplifikasyonu gerçekleşmiş örneklerde kapilleri elektroforez aşaması gerçekleştirilmiştir.

Bu çalışmada toplam 25 adet SSR primeri kullanılmıştır. Bu primerler daha önceki çalışmalarda kullanılmış ve polimorfizm göstermiş primerlerdir. Bu primerlere ait baz dizileri [www.maizegdb.org](http://www.maizegdb.org) adresinden alınmıştır. Her forward primer D4 (mavi), D3 (yeşil) ve D2 (siyah) floresan renklerde işaretlenmiştir. Primerlere ait baz dizileri, kullanılan floresan boya ve Tm değerleri Çizelge 3.4'de verilmiştir.

**Çizelge 3.4.** Kullanılan SSR lokuslarına ait primerlerin bazı özellikleri

No	Primer adı	Forward	Reverse	Tekrar bölgesi	Bulunduğu kromozom	İşaretleme boyası	Tm (C°)
1	phi002	CATGCAATCAATAACGATGGCGAGT	TTAGCGTAAACCCTTCTCCA GTCA GC	AACG	1.07	D4 (mavi)	65
2	phi011	TGTTGCTCGGTCA CCATA CC	GCACACACACA GGACGACAGT	AGC	1.09	D2 (siyah)	65
3	phi033	ATCGAAATGCAGGCGATGGTTCTC	ATCGAGATGTTCTA CGCCCTGAA GT	AAG	9.01	D3 (yeşil)	65
4	phi034	TAGCGACA GGATGGCCTCTTCT	GGGGA GCACGCCTTCGTTCT	CCT	7.02	D3 (yeşil)	55
5	phi041	TTGGCTCCCA GCGCCGCAAA	GATCCAGA GCGATTT GA CGGCA	AGCC	10.00	D4 (mavi)	58
6	phi213984	GTGACCTAAACTTG GCA GACCC	CAAGAGGTACCTGCATGGC	ACC	4.01	D4 (mavi)	65
7	phi085	AGCAGAACGGCAA GGGCTA CT	TTTGGCACA CCACGACGA	AACGC	5.06	D2 (siyah)	58
8	phi053	CTGCCTCTCA GATTCA GA GATTGAC	AACCCAACTACTCCGGCA G	ATAC	3.05	D2 (siyah)	60
9	phi070	GCTGA GCGATCA GTTCA TCCAG	CCATGGCA GGGTCTCTCAAG	AGCTG	6.07	D4 (mavi)	63
10	phi109642	CTCTCTTCCCTTCCGACTTTCC	GAGCGA GCGA GA GA GATCG	ACGG	2.03-2.04	D4 (mavi)	65
11	phi402893	GCCAAGCTCA GGGTCAAG	CACGAGCGTTATTGCTGT	AGC	2.00	D4 (mavi)	63
12	phi420701	GATGTTTCAA AACCACCA GA	ATGGCACGAATA GCAACA GG	CCG	8.00	D2 (siyah)	63
13	phi328175	GGGAA GTGCTCCTTGCA G	CGGTA GGTGAACGCGTA	AGG	7.04	D2 (siyah)	60
14	phi299852	GATGTGGGTGCTACGA GCC	AGATCTCGGA GCTCGGCTA	AGC	6.07	D3 (yeşil)	65
15	phi233376	CCGGCA GTCGATTACTCC	CGAGACCA A GA GAA CCCTCA	CCG	8.09	D4 (mavi)	55
16	phi015	ACGCTGCATTCAATTACCGGGAAG	GCAACGTACCGTACCTTTCCGA	AAAC	8.08	D3 (yeşil)	55
17	phi032	CTCCAGCAA GTGATGCGTGAC	GACACCCGGATCAATGATGGAAC	AAAG	9.04	D2 (siyah)	55
18	phi050	TAACATGCCAGACA CATACGGACA G	ATGGCTCTA GCGAA GCGTA GAG	AAGC	10.03	D2 (siyah)	60
19	phi064	CCGAATTGAAATAGCTGCGA GAA CCT	ACAATGAACGGTGGTTATCAA CACGC	ATCC	1.11	D4 (mavi)	55
20	phi072	ACCGTGATGATTAATTTCTCCA GCCTT	GACAGCGCGCAAATGGATTGAACT	AAAC	4.01	D3 (yeşil)	55
21	phi093	AGTGCGTCA GCTTCATCGCCTA CAA G	AGGCCATGCATGCTTGCAACAATGGATACA	AGCT	4.08	D3 (yeşil)	55
22	phi96100	AGGAGGACCCCAACTCCTG	TTGCACGA GCCATCGTAT	ACCT	2.00	D2 (siyah)	55
23	phi96342	GTAATCCCACGTCCTATCA GCC	TCCA ACTTGAACGAACTCCTC	ATCC	10.02	D4 (mavi)	55
24	phi109188	AAGCTCAGAAGCCGGA GC	GGTCATCAA GCTCTCTGATCG	AAAG	5.03	D4 (mavi)	55
25	phi109275	CGGTTTATGCTA GCTCTGC	GTTGTGGCTGTGGTGGTG	AGCT	1.03	D2 (siyah)	58



### 3.3.3. Kapillar elektroforez ve allel görüntülerinin alınması

Bu çalışmada kapillar elektroforez amacıyla Beckman CEQ™ 8800 Genetik Analiz Sistemi kullanılmıştır. Kendilenmiş mısır hatlarına ait PCR ürünleri işaretlemeye kullanılan floresan (Proligo, wellred işaretli primerler, Fransa) boyalara göre değişik oranlarda (1:5, 1:10 gibi) 20 µl SLS (Sample Loading Solution) ile seyreltilmiştir. Üzerlerine 0.2-0.4 µl size standart-400 eklendikten sonra CEQ™ 8800 Genetik Analiz Sistemi'nde elektroforez edilmiştir. Daha sonra her bir lokusa ait pikler, tipleri ve renkleri göz önüne alınarak heterozigot ve homozigot olarak görüntülenmiştir. Verilerin doğruluğundan emin olmak için reaksiyonlar iki kez tekrar edilmiştir.

### 3.3.4. Moleküler genetik analizler

Araştırmadaki toplam 100 kendilenmiş mısır hatlarına ait genetik analizleri Şelli ve ark. (2007)'de belirtildiği şekilde gerçekleştirilmiştir. Buna göre; genetik parametreler [her lokusa ait allel sayısı, allel frekansı, beklenen ve gözlenen heterozigotluk oranı, allel frekansı ve tespit olasılığı (PI, Probability of Identity)] IDENTITY 1.0 Wagner ve Sefc (1999) yazılım programı ile benzerlik oranı indeksi ise Microsat Minch ve ark. (1995) programı kullanılarak tespit edilmiştir. Genotiplere ait dendogram NTSYS (versiyon 2.02g, Exeter Software, Setauket, NY) yazılım programıyla oluşturulmuş ve görüntülenmiştir. Dendogram için UPGMA yöntemi kullanılmıştır.

Polimorfizm Bilgi İçeriği (PBI) her SSR markör için aşağıdaki formül kullanılarak hesaplanmıştır (Smith ve ark. 1997).

$$PBI = 1 - \sum_{i=1}^n (f_i^2 \quad i = 1,2,3, \dots \dots n, )$$

i = allel frekansı

Genotiplerin genetik benzerlikleri (GB) Jaccard katsayısına göre ařağıdaki formüle göre tahminlenmiřtir (Rohlf 2000).

$$GB = \frac{m}{(n + u)}$$

m = aynı aralıktaki DNA allellerin sayısı

n = DNA allellerin toplam sayısı

u = aynı aralıkta olmayan DNA allellerin sayısı

Genetik uzaklık (GU) matrisinin analizi genetik benzerlik analizine dayanarak ařağıdaki formüle göre hesaplanmıřtır (Lee 1998).

$$GU = 1 - GB$$

### **3.4. Biyometrik Genetik Deęerlendirmeler**

Moleküler alıřmalar sonucunda genetik uzaklık matrisine bakılarak seilen on adet kendilenmiř mısır hattı, 2012 yılında yarım diallel melezleri yapılmıř ve melezleri ile ebeveynleri biyometrik genetik deęerlendirmeleri yapılmak üzere 2013 yılında tarla denemelerine alınarak gözlemler ve ölçümler diallel melez analizlerine tabi tutulmuřtur.

#### **3.4.1. Deneme yerinin özellikleri**

Bu arařtırma, Sakarya İli'nde yer alan Tarımsal Arařtırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüęü'ne (TAGEM) baęlı Mısır Arařtırma Enstitüsü Müdürlüęü Kirazca İřletmesi arazisinde yürütölmüřtür. Denemenin yürütöldüęü yer 40° 42' kuzey boylamları ile 30° 22' doęu enlemleri arasında yer almakta olup, denizden yükseklięi 41 metredir.

### 3.4.2. Deneme yerinin toprak özellikleri

Araştırmanın yürütüldüğü deneme alanının toprak analizi GÜBRETAS (Gübre Fabrikaları Türk Anonim Şirketi) tarafından yapılmıştır. Analiz sonuçlarına göre deneme yeri toprağı; organik maddece az, alkali, tuzsuz, kireçli sınıfta ve tınlı bir yapıya sahiptir. Deneme yerinin kimyasal ve fiziksel özellikleri Çizelge 3.5'te verilmiştir.

**Çizelge 3.5.** Deneme yeri topraklarının bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri\*

Toprak derinliği (cm)	Tekstür	pH	Tuz %	Kireç (CaCO <sub>3</sub> ) %	Organik madde %	K (K <sub>2</sub> O) (kg/da)	P (P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> ) (kg/da)	N (kg/da)
0-30	Tınlı	7.88	0.011	4.97	1.76	159.51	26.03	0.088

\*GÜBRETAS tarafından yapılmıştır.

### 3.4.3. Deneme yerinin iklim özellikleri

Denemenin yürütüldüğü 2013 yılı ana ürün mısır üretim sezonuna ve uzun yıllar ortalamalarına ait yağış, sıcaklık ve nispi nem değerleri Çizelge 3.6'te verilmiştir. Çizelge 3.6'da görüldüğü gibi, vejetatif gelişme döneminde aylara göre 2013 yılı ortalama sıcaklıklarının uzun yıllar ortalama sıcaklıklarından fazla olduğu, 2013 yılı aylara göre toplam yağış miktarının uzun yıllara göre düşük olduğu, paralel olarak da oransal nemin de 2013 yılında uzun yıllara göre daha az ölçüldüğü görülmektedir.

**Çizelge 3.6.** Sakarya İli'nin uzun yıllar (1960–2012) ve 2013 yılı ana ürün mısır yetiştirme sezonuna ait iklim verileri\*

Aylar	Ortalama sıcaklık (°C)		Toplam yağış (mm)		Oransal nem (%)	
	Uzun yıllar ort.	2013	Uzun yıllar ort.	2013	Uzun yıllar ort.	2013
Mays	17.2	20.6	48.1	44.8	71.1	67.1
Haziran	21.4	23.0	67.7	58.7	69.2	69.3
Temmuz	23.3	24.2	50.1	13.8	71.5	69.1
Ağustos	23.0	25.0	46.7	29.4	73.3	69.0
Eylül	19.5	20.4	50.5	48.3	73.7	67.4
Ekim	15.5	14.2	80.3	146.7	76.9	82.2

\*Sakarya Meteoroloji Müdürlüğü'nden alınmıştır.

### 3.4.4. Diallel melez için seçilen materyal

Benzerlik matrislerine göre bir hattın diğer tüm hatlara olan uzaklıkları matematiksel olarak hesaplanmış ve ortalamaları alınarak en uzak hatlar belirlenmiştir. Çizelge 3.7’de hatlar genetik uzaklıklarına göre dizilmişlerdir. Hatların genetik uzaklıkları 0.29 ile 0.54 arasında değişmiştir. Hatların seçiminde öncelikle genetik uzaklıkları dikkate alınmasına rağmen ıslah programlarında yoğun olarak kullanılan hatlar da seçimde etkili olmuştur. Bunun sonucu olarak da ya sıra atlanmış ya da genetik uzaklığı 0.41 (ADK-848) ve 0.42 (ADK-893) olan hatlar da seçilmiştir.

**Çizelge 3.7.** Benzerlik matrisine göre genetik uzaklık dikkate alınarak seçilen hatlar\*

Genetik uzaklık	Hat adı	Genetik uzaklık	Hat adı	Genetik uzaklık	Hat adı	Genetik uzaklık	Hat adı
<b>0.29</b>	<b>ADK-913</b>	0.36	ADK-972	0.40	ADK-828	0.44	ADK-825
0.30	ADK-739	0.36	ADK-719	0.40	ADK-727	0.44	ADK-851
<b>0.31</b>	<b>ADK-720</b>	0.36	ADK-922	0.40	ADK-448	0.44	ADK-455
0.31	Va22	0.36	ADK-872	0.41	W182BN	0.45	ADK-850
<b>0.32</b>	<b>ADK-713</b>	0.36	ADK-706	0.41	ADK-829	0.45	ADK-822
0.32	ADK-716	0.37	ADK-811	0.41	ADK-812	0.45	ADK-886
0.33	ADK-659	0.37	ADK-926	0.41	ADK-897	0.45	ADK-862
<b>0.33</b>	<b>ADK-908</b>	0.37	ADK-875	0.41	ADK-900	0.45	ADK-834
0.34	N192	0.37	ADK-700	0.41	ADK-847	0.45	ADK-836
0.34	FRB73	0.38	ADK-735	<b>0.41</b>	<b>ADK-848</b>	0.46	ADK-844
0.34	A239	0.38	ADK-728	0.41	ADK-816	0.46	ADK-861
0.34	ADK-912	0.38	ADK-866	0.42	ADK-910	0.46	ADK-896
<b>0.34</b>	<b>ADK-707</b>	0.38	ADK-879	0.42	ADK-831	0.46	ADK-845
0.34	ADK-528	0.38	ADK-317	0.42	ADK-837	0.46	ADK-826
0.34	FRMo17	0.38	ADK-818	<b>0.42</b>	<b>ADK-893</b>	0.46	ADK-892
<b>0.34</b>	<b>ADK-859</b>	0.38	ADK-808	0.42	ADK-882	0.47	ADK-884
0.34	ADK-918	0.38	NC272	0.42	ADK-725	0.47	ADK-855
<b>0.34</b>	<b>ADK-310</b>	0.39	ADK-931	0.42	ADK-651	0.47	ADK-887
0.35	ADK-898	0.39	ADK-907	0.43	ADK-941	0.47	ADK-849
<b>0.35</b>	<b>ADK-819</b>	0.39	ADK-830	0.43	ADK-888	0.47	ADK-870
0.35	ADK-919	0.39	ADK-813	0.43	ADK-881	0.48	ADK-852
0.35	ADK-723	0.40	ADK-821	0.43	ADK-815	0.48	ADK-869
0.36	ADK-902	0.40	FR632	0.43	ADK-809	0.48	ADK-842
0.36	ADK-841	0.40	ADK-737	0.43	ADK-911	0.49	ADK-843
0.36	ADK-923	0.40	ADK-880	0.44	ADK-903	0.54	MAE9301

\*Kalın yazılan ve gölgelendirme yapılan hatlar diallel melezleme için seçilmiştir.

Bu çalışmanın diallel melezleme kısmında materyal olarak moleküler analizler sonucu genetik uzaklıklarına göre seçilen Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından geliştirilmiş 10 kendilenmiş atdışi mısır (*Z. mays* var. *indentata*) hattı kullanılmıştır. Bu hatlara ait bazı özellikler Çizelge 3.8’de verilmiştir.

**Çizelge 3.8.** Diallel melezlemede kullanılan kendilenmiş mısır hatlarına ait bazı özellikler

Hat adı	Tane tipi	Çiçeklenme süresi (gün)	Bin tane ağırlığı (g)	Bitki boyu (cm)	Heterotik grup*
ADK-310	Atdışi gibi	64	297	197	Lancaster
ADK-707	Atdışi gibi	62	296	195	Stiff Stalk
ADK-713	Atdışi	69	331	187	Lancaster
ADK-720	Atdışi gibi	70	373	207	Lancaster
ADK-819	Atdışi gibi	67	333	203	Stiff Stalk
ADK-848	Atdışi gibi	67	338	207	Lancaster
ADK-859	Atdışi gibi	70	307	200	Stiff Stalk
ADK-893	Atdışi gibi	71	337	227	Lancaster
ADK-908	Atdışi gibi	64	314	213	Stiff Stalk
ADK-913	Atdışi gibi	72	307	247	Stiff Stalk

\*Moleküler karakterizasyondan elde edilen kümeleme analizi sonucuna göre tahmin edilen grup ismi

Benzerlik matrislerine göre bir hattın diğer tüm hatlara olan uzaklıkları matematiksel olarak hesaplanmış ve ortalamaları alınarak en uzak hatlar arasından diallel meleze girecek hatlar belirlenmiştir. Seçilen hatların özellikleri incelendiğinde; tane tipleri atdışi gibi (ADK-713 hariç), çiçeklenme süreleri 62 ile 72 gün arasında, bin tane ağırlıkları 297 g ile 373 g arasında ve bitki boyu 187 cm ile 247 cm arasında değişmektedir (Çizelge 3.8). Moleküler karakterizasyon sonucu yapılan kümeleme analizi sonucunda tahmin edilen heterotik gruplara göre de beş adet Lancaster ve beş adet de Stiff Stalk heterotik grubunda hattın seçildiğini görmekteyiz.

Bu hatlar ile aşağıdaki formül kullanılarak yarım diallel (resiprosuz) melezleme ile 45 F<sub>1</sub> kombinasyonu elde edilmiştir.

$$n = 10$$

$$n(n-1)/2 = 10(10-1)/2 = 45$$

Oluşturulan melez kombinasyonları Çizelge 3.9’da verilmiştir.

**Çizelge 3.9.** Oluşturulan 10x10 yarım diallel melez kombinasyonları

♀ \ ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310		X	X	X	X	X	X	X	X	X
ADK-707			X	X	X	X	X	X	X	X
ADK-713				X	X	X	X	X	X	X
ADK-720					X	X	X	X	X	X
ADK-819						X	X	X	X	X
ADK-848							X	X	X	X
ADK-859								X	X	X
ADK-893									X	X
ADK-908										X
ADK-913										

### 3.4.5. Melezleme, ekim-bakım ve hasat

Anaçlar 2012 yılında Sakarya koşullarında yetiştirilmiş ve resiproksuz olarak melezlenmiştir. Melezlemeler, Russel ve Eberhart (1975) tarafından önerilen teknik kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Ekim işlemi bir ana ve bir baba şeklinde ikişer sıralı parseller oluşturularak yapılmıştır. Parseller arasında birer sıra boşluk bırakılarak melezleme işleminin daha rahat yapılabilmesine olanak verilmiştir. Her sıranın uzunluğu 5 m olup, 70 cm sıra arası ve 20 cm sıra üzeri mesafe sağlanarak elle ekim işlemi yapılmıştır. Böylece her sırada 26 bitkinin yetişmesi sağlanmıştır. Bu bitkilerden her kombinasyon için en az beş bitkide melezleme yapılmıştır.

Anaçların ekimi öncesi melezleme bahçesinin toprak hazırlığı yapılmıştır. Toprak analiz raporları da göz önünde bulundurularak ekimden önce 10 kg saf azot (N), 8 kg saf fosfor (P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>), 8 kg saf potasyum (K<sub>2</sub>O) toprağa verilmiştir. İkinci çapa ile beraber (bitkiler 30–40 cm) 12 kg saf azot (N) verilmiştir. Vejetasyon süresince gerektiğinde damlama sulama yöntemiyle su verilmiştir.

Melezleme işleminde, önce ana olarak seçilen hattın koçan nüveleri görüldüğünde (koçan püskülü çıkmadan) beyaz kraft kâğıttan yapılan kese kâğıdıyla kapatılarak izole edilmiştir. Baba olarak ekilmiş hattın da tepe püskülleri (ana eksenin yaklaşık %50'sinde anterlerin açıldığı zaman) özel hazırlanmış kese kâğıdıyla kapatılarak izole edilmiştir. Baba hatların çiçek tozları izole edilen ana hatlara (koçan püsküllerinin boyu yaklaşık 3–5 cm olunca) verilmiştir. Böylece melezleme işlemi gerçekleştirilmiştir.

Melezlenmiş koçanlar, kraft kese kâğıdı ile hasada kadar izole edilmiştir. Koçanlar hasat olgunluğuna geldiğinde her kombinasyon el ile hasat edilerek F<sub>1</sub> tohumluğu oluşturulmuştur.

Melezlemelerden elde edilen F<sub>1</sub>'ler ve anaçları 13.05.2013 tarihinde Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü deneme arazisinde ekilmiştir. Denemede, 10 anaç hat ve 45 genotipin tohumları tesadüf blokları deneme desenine göre 3 tekrarlamalı olarak elle ekimi yapılmıştır. Her parsel 3 sıra olup, parsel boyu 5 m, sıra arası 70 cm ve sıra üzeri 20 cm olarak ayarlanmıştır. Her sırada 26 bitki dolayısıyla her parselde 78 bitki elde edilmiştir. Kenar tesirini ortadan kaldırmak için parseller arasında boşluk bırakılmamış ve blok başlarına ve sonlarına birer sıra melez mısır ekilmiştir. Gerekli bakım ve gübreleme işlemleri yapılmıştır. Hasat 2 sıra üzerinden elle 09.10.2013 tarihinde her sıranın ilk ve son bitkileri hariç yapılmıştır.

#### **3.4.6. Gözlem ve ölçümler**

Gözlemler veya ölçümler, her parselden rastgele seçilen 10 bitkiden alınmış ve ortalamaları üzerinden değerlendirilmiştir (Anonim 2010).

Çiçeklenme süresi (gün) : Parseldeki bitkilerin %50'sinin, ekim tarihinden itibaren tepe püskülleri, salkımının 1/3 kısmında çiçek tozu dökme tarihine kadar geçen süre gün olarak çiçeklenme gün sayısı olarak belirlenmiştir.

Bitki boyu (cm) : Döllenme sonrası toprak seviyesinden tepe püskülünün en uçtaki noktasına kadar olan yüksekliktir.

Koçanda sıra sayısı (adet) : Koçanın üzerindeki tüm sıralar sayılarak ortalamaları alınmıştır.

Sırada tane sayısı (adet) : Koçanın 3 sırasındaki taneler sayılarak ortalamaları alınmıştır.

Bin tane ağırlığı (g) : Parsel tane veriminin belirlendiği üründen rastgele dört defa 100 tane sayılıp tartılmış ve bu da oranlanarak g cinsinden hesap edilmiştir.

Hasatta tane nemi (%) : Denemede hasat sırasında tanenin nemini ifade eder. Koçanın somaklarından ayrılan taneler karıştırılarak taşınabilir nem ölçme aleti ile üç kez nem ölçümü yapılmıştır. Nem değerlerinde herhangi bir ekstrem değer yoksa ortalaması alınarak kaydedilmiştir.

Tane verimi (kg/da) : Her parselde 2 sıra üzerindeki (her sıranın ilk ve son bitkisi hariç) 48 bitkinin tüm koçanları hasat edilerek tarla koçan ağırlığı belirlenmiştir. Daha sonra parsel verimleri %15 nem temeline göre aşağıdaki formül uygulanarak düzeltilmiş ağırlık bulunmuştur.

$$\text{Düzeltilmiş Ağırlık} = \text{Parsel Ağırlığı} \times ((100 - \% \text{Nem}) / 85) \times (\text{Tane} / \text{Koçan}) / 100$$

Dekara verim ise aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır.

$$\text{Dekara Verim} = (\text{Düzeltilmiş Ağırlık} \times 1000) / \text{Parsel Hasat alanı (m}^2\text{)}$$

### **3.4.7. İstatistiki değerlendirmeler**

Tarla denemelerinden alınan gözlem ve ölçümler öncelikle ön varyans analizine tabi tutulmuştur. Ön varyans analizinde genotipler arasında fark önemli çıktığı takdirde biyometrik genetik değerlendirmelere devam edilmiştir (Hayman 1954a; Aksel ve Johnson 1963).

#### **3.4.7.1. Ön varyans analizi**

Alınan gözlem ve ölçümlerin diallel analizine başlamadan önce genotipler arasında varyansın bulunup bulunmadığını saptamak amacıyla ön varyans analizi ile önem kontrolleri yapılmıştır. Tesadüf bloklarına göre ön varyans analizinde genotipler arasında fark önemli çıktıktan sonra her blok için ayrı ayrı diallel tablo yapıp analiz edilmiştir (Hayman 1954a, Aksel ve Johnson 1963). Tesadüf blokları varyans analizi MSTAT-C paket programından yararlanılarak gerçekleştirilmiştir.



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

Yukarıdaki modelde;

$x_{ij}$  = j inci blokta i inci bloktaki fenotipik değeri

$u$  = popülasyonun ortalama etkisi

$v_i$  = i inci genotipin etkisi

$b_j$  = j inci blok etkisi

$e_{ij}$  = Hata varyansı, çevre varyansı olarak kabul edilir (Aksel ve Johnson 1963).

Tesadüf blokları deneme deseninin varyans analizini tanımlayan bu model Çizelge 3.10'daki varyasyon kaynaklarından oluşmaktadır (Steel ve Torrie, 1960). Burada,

$\sigma_e^2$  = hata varyansı,

$\sigma_b^2$  = bloklar arası varyans komponenti,

$\sigma_v^2$  = genotipler arası varyans komponentidir.

Ön varyans analizi sonunda genotipler arası varyans komponenti istatistiki olarak önemli bulunan özellikler için biyometrik genetik analizlere geçilmiştir (Griffing 1956).

**Çizelge 3.10.** Tesadüf blokları ön varyans analizinde; varyasyon kaynakları, serbestlik dereceleri ve kareler ortalamaları ile kareler ortalamalarının beklenen değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik dereceleri	Kareler ortalamaları	Kareler ortalamalarının beklenen değerleri
Tekrarlamalar	b-1	$M_b$	$\sigma_e^2 + v\sigma_b^2$
Genotipler	v-1	$M_v$	$\sigma_e^2 + b\sigma_b^2$
Hata	(b-1)(v-1)	$M_e$	$\sigma_e^2$
Genel	(bv-1)		
$\sigma$ = genotip sayısı		b = blok sayısı	

### 3.4.7.2. Diallel varyans analizi

Yarım diallel tabloların varyans analizleri (Jones 1965) tarafından önerilen yöntemle göre DIAL98 (Ukai 2006) programı kullanılarak yapılmıştır.

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

Yarım diallel tablonun varyans analizinde, kareler toplamlarına ve serbestlik derecelerine ilişkin eşitlikler ile elde edilen istatistikler Çizelge 3.11’de verilmiştir.

Çizelge 3.11’de yer alan simgelerin neleri belirlediği aşağıda açıklanmıştır.

a : Eklemeli gen etkisi varyansını tahminleyen olup, genel kombinasyon yeteneğini (GKY) de açıklar,

b : Dominant gen etkisi varyansının tahminleyicisi olup; “b<sub>1</sub>”, “b<sub>2</sub>”, ve “b<sub>3</sub>” olmak üzere üç alt bileşene ayrılır,

b<sub>1</sub> : Melezlerin kendi anaçlarının ortalama değerlerinden olan ortalama sapmaların önemli olup olmadığını belirler ve genlerin teksele dominant etkileri bir yönlü olduğu zaman önemli olur,

b<sub>2</sub> : Gen dağılımındaki bakışsızlığı (asimetri) gösterir,

b<sub>3</sub> : b<sub>1</sub> ve b<sub>2</sub> tarafından yorumlanamayan dominantı açıklar, aynı zamanda özel uyuşma yeteneğinin tahminleyicisidir.

U<sub>r</sub> : Y<sub>r</sub>+Y<sub>rr</sub>

Y<sub>r</sub> : r inci dizi toplamı

Y<sub>rr</sub> : r inci anaç değeri

n : Anaç sayısı

Y<sub>..</sub> : Yarım diallel tablo toplamı

Y : Anaç değerleri toplamı

Tr : 2Y<sub>r</sub>–nY<sub>rr</sub>

GKT : Genel kareler toplamı

**Çizelge 3.11.** Yarım diallel varyans analiz tablosu (Jones 1965)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı
a	(n-1)	$(\sum U_r^2 - (\sum U_r)^2/n)/(n+2)$
b	(b <sub>1</sub> +b <sub>2</sub> +b <sub>3</sub> )	b <sub>1</sub> +b <sub>2</sub> +b <sub>3</sub>
b <sub>1</sub>	(1)	$(2Y_{..} - (n+1Y_{..})^2/(n^2-1)n)$
b <sub>2</sub>	(n-1)	$(\sum Tr^2 - (\sum Tr)^2/n)/(n^2-4)$
b <sub>3</sub>	(n(n-3)/2)	GKT-(a+b <sub>1</sub> +b <sub>2</sub> )
Hata	(b-1) (v-1)	Me
Genel	$((n(n-1)/2)+n-1)$	$(\sum Y_{rs}^2 - \sum Y_{rs})^2/(n(n+1)/2)$

### 3.4.7.3. Diallel melez analizi

Bu çalışmada, diallel melez analizi ile genetik varyans komponentlerinin tahmin edilmesi (Jinks ve Hayman 1953, Jinks 1954, Hayman 1954b, Hayman 1958)'in önerdikleri yönteme göre, (Özcan 1999) tarafından geliştirilen TARPOGEN paket programı kullanılarak yapılmıştır.

Diallel melez analizi ile tahminlenen parametrelere güvenilirlik, (Hayman 1954b) tarafından ileri sürülen varsayımların doğruluğuna göre yapılmıştır.

Bu varsayımlar;

- Anaçların homozigot oldukları,
- Diploid bir açılımın olduğu,
- Resiprok melezlerin birbirinden farksız olduğu,
- Genlerin anaçlar arasında birbirinden bağımsız olarak dağıldığı,
- Çoklu allelliğin bulunmadığı,
- Epistasinin olmadığı,
- Genotip x çevre interaksiyonunun bulunmadığıdır.

Bu varsayımlardan birinin geçersizliği, değerlendirme sonuçlarına güvenilirliği azaltır. Açıklanacak biyometriksele genetik yöntemlerle yapılacak değerlendirmelerden elde edilen sonuçların güvenilirliği bu varsayımların geçerliliğine bağlıdır.

Çoklu allelizmin yokluğu, genlerin anaçlar arasında birbirlerinden bağımsız olarak dağıldıkları ve epistatik etkinin yokluğu varsayımların geçerli olup olmadıkları, her blok için ayrı ayrı elde edilen her bir dizi için bulunmuş  $W_r$  değerinin, o diziye ilişkin  $V_r$  değeri üzerine olan regresyon katsayısının 1 değerine eşit olması ( $b=1$ ) hipotezine göre kontrolleri yapılmıştır.

Her blok ve bloklar ortalaması için ayrı ayrı hesaplanan regresyon katsayısının 1'den önemli sapma göstermesi durumunda; varsayımların geçerliliği sağlanıncaya kadar en büyük ( $W_r - V_r$ ) değerlerine sahip diziler önce birer birer, gerektiğinde sonra ikişer ikişer değerlendirme dışı tutulmuşlardır (Hayman 1954b).

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

$V_r$	= Dizi varyansı
$W_r$	= Dizi kovaryansı
$VOLO$	= Anaçların varyansı
$VILI$	= Dizi varyanslarının ortalaması
$WOLOI$	= Anaçlarla dizilerdeki melezleri arasında ortalama kovaryans
$VOLI$	= Dizi ortalamalarının varyansı
$MLI-MLO$	= Anaçların ortalamaları ile bunların $n^2$ miktarındaki döllerin ortalamaları arasındaki fark
$E$	= Çevre koşullarının varyansı
	$(\text{Hata } KT + \text{Tekerrür } KT) / (\text{Hata } SD + \text{Tekerrür } SD) / \text{Tekerrür Sayısı}$

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

$D$	= Eklemeli gen etkilerinin varyansı = $VOLO - E$
$H_1$	= Genlerin dominant etkilerinin varyansı = $VOLO - 4WOLOI + 4VILI - (3n-2)E/n$
$H_2$	= Gen dağılımına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı = $H_1(1-(u-v)^2) = 4VILI - VOLI - 4(n^2-n-1)E/n^2$
$u$	= Anaçta olumlu genlerin payı
$v$	= Anaçta olumsuz genlerin payı
$n$	= Anaç sayısı
$F$	= Dominant ve resesif allellerin dağılım yönü = $2VOLO - 4WOLOI - 2(n-2)E/n$
$h^2$	= Dominantlık etkisi = $4(MLI - MLO)^2 - 4(n-1)E/n^2$

Genetik varyansların önem kontrolleri t testi ile incelenmiş, standart hataları ise hata varyansı ve kovaryans katsayısı aracılığı ile saptanmıştır (Hayman 1954a, Aksel ve Johnson 1963, Yıldırım 1974).

$$\text{Standart Hata} = (\text{Hata Varyans} \times \text{Kovaryans Katsayısı})^{0.5}$$

Formüle kullanılan hata varyansı, diallel tablodan elde edilen varyansların beklenen değeri ile deneysel olarak bulunan değerler arasındaki farkın karesinin serbestlik derecesine bölünmesi ile elde edilmiştir (Hayman 1954b, Aksel ve Johnson 1963, Korkut 1981). Varsayımların beklenen değerleri aşağıdaki formüllere göre hesap edilmiştir.

$$W_r = (W_{LOI} - V_{LI} + W_r + V_r) / 2$$

$$V_r = (V_{LI} - W_{LOI} + W_r + V_r) / 2$$

Standart hatanın hesaplanmasında kullanılan kovaryans katsayıları ise her genetik komponent için aşağıda verilen kovaryans matrisinden hesaplanmıştır (Hayman 1954b).

$$C_D = n^5 + n^4 / n^5$$

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

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

$$C_{H2} = 36n^4 / n^5$$

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

$$C_E = n^4 / n^5$$

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

Popülasyona ait genetik yapı hakkında daha fazla bilgi edinmek için bazı genetik parametrelerin oransal ilişkileri de incelenmiştir (Hayman 1954a, Hayman 1954b, Mather ve Jinks 1971, Singh ve Chaudhary 1985).

$(H_1/D)^{1/2}$  = Ortalama dominantlık derecesi. Bu oran 1'e eşit olduğunda tam dominantlık, birden küçük olduğunda eksik dominantlık, birden büyük olduğunda üstün dominantlık etkisinin varlığı kabul edilir.

$H_2/4H_1$  = Dominant ve resesif allellerin oranı.  $u \times v = 0.25$  olduğunda dominant ve resesif allellerin eşit frekansta oldukları kabul edilir ve bu değere yakın oranların bulunması seleksiyonda başarılı olunabileceğini gösterir.

$KD/KR$  =  $[(4DH_1)^{0.5} + F] / [(4DH_1)^{0.5} - F]$  = Anaçlardaki dominant gen sayısının resesif gen sayısına oranıdır. Eğer bu 1'e eşit ise anaçların dominant ve resesif gen sayıları eşit,

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

$$K = h^2/H_2 = \text{Etkili alel çifti sayısı.}$$

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

$$H = \text{Kalıtım derecesi. Crumpacker ve Allard (1962) tarafından verilmiş;}$$

$$H = 0.25D/0.25(D+H_1-F)+E \text{ formülüne göre dar anlamlı olarak tahmin edilmiştir.}$$

$r[\text{yr},(W_r-V_r)]$  = Anaçların gözlenen gerçek değerleri ile  $W_r-V_r$  değerlerinin büyüklüklerine göre bulunmuş olan korelasyon katsayısı (r), dominantlığın yönü hakkında bilgi verir. Korelasyon katsayısı değerinin pozitif bulunması, yüksek değerli anaçlarda resesif genlerin, negatif bulunması ise özelliğin yüksek olduğu anaçlarda dominant genlerin bulunduğunu göstermektedir.

#### 3.4.7.4. $W_r-V_r$ grafiği ve yorumlanması

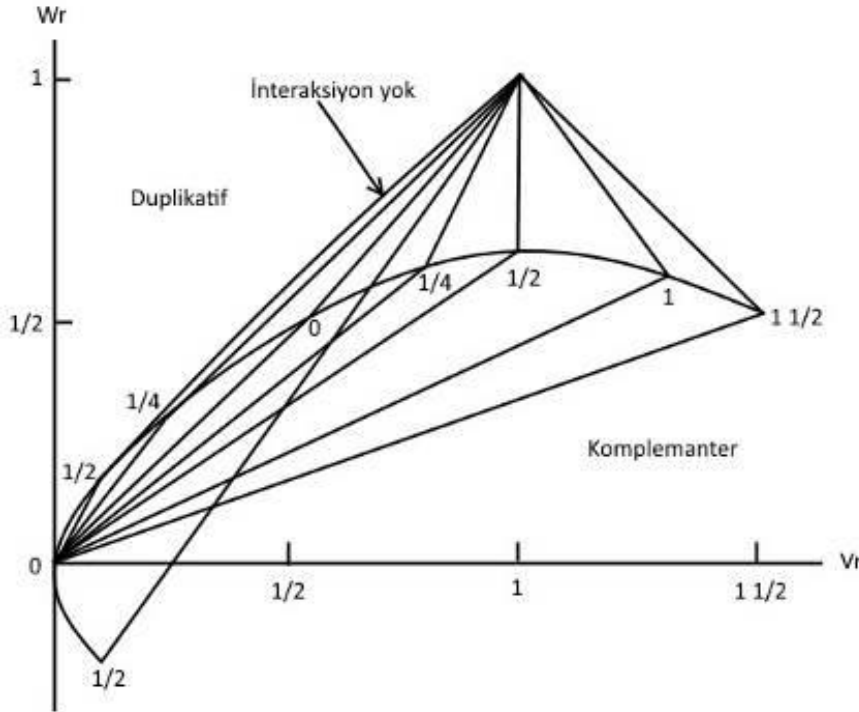
Dizi varyans ve kovaryansları arasındaki ilişkiden yararlanılarak çizilecek grafikten yola çıkılarak anaçlar için genetik bilgiler tahmin edilebilir (Hayman 1954b, Aksel ve Johnson 1963, Mather ve Jinks 1971) (Şekil 3.1, 3.2). Diallel tablolarda dizilerdeki kombinasyon değeriyle kombinasyonlarda tekrarlanmayan anaç değerleri arasındaki kovaryans ( $W_r$ ) ile dizilerin varyanslarından ( $V_r$ ) elde edilen regresyondan yararlanılarak genetik yorumlar yapılabilir.  $W_r-V_r$  grafiği çizilirken  $W_r$  değeri bağımlı değişken gibi kabul edilerek Y ekseninde;  $V_r$  değeri ise bağımlı değişken gibi kabul edilerek X ekseninde gösterilir. Grafiğin çiziminde  $W_r$  değerlerinin  $V_r$  değerleri üzerinde regresyon katsayısı, grafikteki eğimi belirlemek için kullanılır. Regresyon hattına ve  $W_r-V_r$  noktalarına bakılarak varılabilecek yargılar şunlardır:

Regresyon hattına göre bakıldığında; regresyon hattının Y eksenini kesme durumuna göre popülasyondaki dominantlık durumu hakkındaki yorumlar yapılabilir. Regresyon hattı Y eksenini orijinde keserse dominantlık derecesinin tam dominant olduğu yani " $h=1$ "

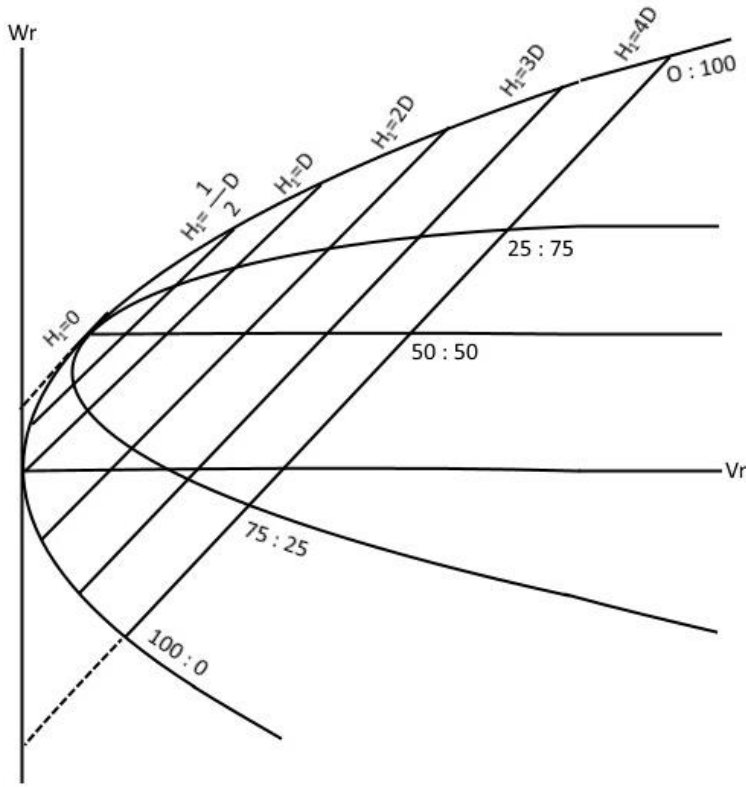
olduğu kararına varılır. Regresyon hattı Y eksenini orijinden yukarıda keserse, bu kesim noktası “ $a = 1/4(D-H_1)$ ” olmakta ve böylece kısmi dominantlıktan söz edilebilmektedir. Regresyon hattı Y eksenini negatif tarafta keserse, “ $h > 1$ ” üstün dominantlık durumu bulunur. Anaçlara ait noktalar parabol üzerinde toplanmış ise dominantlığın olmadığı, eklemeli gen etkisinin bulunduğu varsayılır.

$W_r-V_r$  noktalarına göre bakıldığında; grafik üzerinde anaçların değerlerine ait noktaların ( $W_r-V_r$ ) durumları da popülasyon hakkında yorum yapmada kullanılır. Anaçlara ait  $W_r-V_r$  noktalarının sınırlayıcı parabol eğrisinin regresyon hattının kesim noktalarına göre parabolün başlangıç noktasından uzaklıkları anaçların dominant ve resesif genleri taşıyıp taşımadıkları hakkında yargıda bulunmayı sağlar. Parabolün başlangıç noktasına yakın olan anaçların dominant genleri taşıdıkları ve parabolün başlangıç noktasından uzakta yer alan anaçların resesif genleri taşıdıkları kabul edilir. Anaçlara ait  $W_r-V_r$  noktalarının regresyon hattının üzerinde buldukları beklendiği halde bu noktaların regresyon hattından uzakta yer almaları epistatik etkinin var olması olarak yorumlanabilir.

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



**Şekil 3.1.** Bir diallel melez  $W_r, V_r$  çizgesinde iki gen çifti arasındaki komplemanter ve duplikatif tip interaksiyonların etkileri (Mather ve Jinks, 1971)



**Şekil 3.2.** Bir diallel melezde çevre varyansı dikkate alınmadığında çeşitli dominantlık dereceleri için  $W_r$ 'nin  $V_r$  üzerine olan kuramsal regresyon hatları (Hayman, 1954b)

### 3.4.7.5. Kombinasyon yeteneklerinin analizi

Griffing (1956) tarafından geliştirilmiş olan anaçları da içine alan Metot II ve bilinçli olarak seçilen ebeveylere dolaylı Model I'e göre yapılan analizde, özellikler için genel ve özel kombinasyon yetenekleri incelenmiştir.

Bir genotipin bir melezleme dizisindeki performansının üstünlüğü, "genel kombinasyon yeteneği" ve belirli iki genotip arasındaki melezin üstün olması da "özel kombinasyon yeteneği" olarak tanımlanır ve genel kombinasyon yeteneği yüksek olan özellikler, eklemeli genlerin; özel kombinasyon yeteneği ise, eklemeli olmayan gen etkisi ya da dominant ve epistatik genlerin etkisini yansıtmaktadır (Falconer 1980).

Kombinasyon yeteneklerinin analizi, Griffing (1956) Metot II Model I'e göre düzenlenmiş MSTAT-C paket programında yapılmıştır. Analizin ilk aşamasında anaçlar ve kombinasyonlar arasında genotipik varyasyonun bulunup bulunmadığının kontrol edilmesi gerekmektedir (Yıldırım ve ark. 1979).



Seçilen 10 adet anaç ve bunların melezlerini içeren “ $n(n-1)/2$ ” sayıda kombinasyonun yer aldığı bu çalışmada, diallel analizler Griffing (1956) tarafından belirtildiği şekilde aşağıdaki matematiksel modelle yapılmıştır.

$$x_{ij} = u + g_i + g_j + s_{ij} + 1/bc \sum_k \sum_l e_{ijkl}$$

Burada;

$x_{ij}$  = i'inci ve j'inci anaçlar arasındaki  $F_1$ 'inin değerlerini,

$u$  = Popülasyon ortalamasını,

$g_i$  ve  $g_j$  = i'inci ve j'inci anaçların genel kombinasyon etkileri,

$s_{ij}$  = i'inci ve j'inci melezlerin özel kombinasyon yetenekleri etkilerini,

$1/bc \sum_k \sum_l e_{ijkl}$  = ortalama hata etkisini tanımlamaktadır.

Bu yönteme ilişkin varyans analizi ve bunların kareler ortalaması Çizelge 3.12'de verilmiştir.

Çizelge 3.12'de sunulan kareler toplamlarının bulunmasında aşağıdaki formüller kullanılmıştır. Kareler ortalamaları kareler toplamının ilgili serbestlik derecesine bölünmesiyle elde edilmiştir.

Genel kombinasyon yeteneği kareler toplamı

$$Sg = \frac{1}{2} p_i \sum (x_{i.} + x_{.i})^2 - 2/p^2 x_{..}^2$$

Özel kombinasyon yeteneği kareler toplamı

$$Ss = \frac{1}{2} \sum \sum x_{ij} (x_{ij} + x_{ij}) - \frac{1}{2} p_i \sum (x_{.i} + x_{i.})^2 + 1/p^2 x_{..}^2$$

Genel ve özel kombinasyon yetenekleri etkilerinin saptanmasında aşağıdaki formüller kullanılmıştır.

$$g_i = \frac{1}{2} p \sum (x_{i.} + x_{.i}) - 1/p^2 x_{..}$$

$$s_{ij} = \frac{1}{2} (x_{ij} + x_{ij}) - \frac{1}{2} p (x_{i.} + x_{.i} + x_{.j} + x_{j.}) + 1/p^2 x_{..}$$

Genel ve özel kombinasyon yeteneği etkilerinin varyanslarının hesaplanmasında ise aşağıdaki formüller kullanılmıştır.

$$\text{Var} (g_i) = (p-1/2p^2)Me$$

$$\text{Var} (s_{ij}) = \frac{1}{2} p^2 (p^2 - 2p + 2)Me$$

**Çizelge 3.12.** Genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin saptanmasında beklenen kareler ortalamasının varyans analizi (Griffing 1956)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	Beklenen kareler ortalaması
Genel kombinasyon yeteneği	p-1	Sg	Mg	$S^2+2p(1/p-1)\sum g_i^2$
Özel kombinasyon yeteneği	p(p-1)/2	Ss	Ms	$S^2+2/p(p-1)\sum_i \sum_j s_{ij}^2$
Hata	m	Se	Me	$S^2$

Hesaplanan varyansların kareköklerinin alınmasıyla standart hataları bulunmuş ve bulunan standart hatanın da t cetvel değerleriyle çarpılması sonucu hesaplanan kritik farklılıklara göre önemlilik kontrolleri yapılmıştır. Tabloda karşılaştırma yapılacak değerler farklı kritik farktan büyük ise önemlidir. Genel ve özel kombinasyon yeteneği değerleriyle oluşturulan diallel tabloda diagonaldeki değerler genel kombinasyon yeteneği etkilerini, diagonal üstündeki değerler özel kombinasyon yeteneği etkilerini göstermektedir (Özcan 1999, Tulukçu 2004).

#### 3.4.7.6. Heterosis ve heterobeltiosis

Heterosis; farklı özellikteki anaçlar arasında yapılan melezlerin, çeşitli tarımsal ve morfolojik özellikler bakımından, anaçlara oranla üstünlük göstermesidir (Genç ve Yağbasanlar 1994, Falconer ve Mackay 1996). Heterosis değerinin hesaplanması F<sub>1</sub> generasyonunun anaç ortalamasına olan (%) artışı olarak bilinmektedir (Chiang ve Smith 1967, Yıldırım 1974).

F<sub>1</sub> kombinasyonunun yapısında anaç olarak yer alan kendilenmiş hatlar ortalama performansına göre hesaplanan heterosis (Ht) değeri, anaçlardan üstün olana göre hesaplanan heterobeltiosis (Hb) değeri ile karşılaştırıldığında ıslah tekniği açısından üstün anaca göre hesaplanan heterobeltiosis daha değerlidir. Çünkü heterobeltiosis her iki anaç performansını da aşan performansın göstergesidir.

$$Ht(\%) = (F_1 - AO/AO) \times 100$$

$$AO = (A_1 + A_2)/2$$

Burada;

Ht = Heterosis

AO = Anaç ortalaması

A<sub>1</sub> ve A<sub>2</sub> = F<sub>1</sub>'i oluşturan anaçlardır.

Heterosis için önemlilik kontrolü t testi ile aşağıdaki formüllerden yararlanılarak yapılmıştır (Cochran ve Cox 1957).

$$z = 2F_1 - (P_1 + P_2)$$

$$th = z/Sz$$

$$c^2 = 2^2 - (1^2 + 1^2)$$

$$= 2(\text{standart})$$

$$Sz = [(c^2 HKO)/r]^{0.5}$$

HKO = Ön varyans analizindeki hata kareler ortalaması

Denemede incelenen her bir özellik için, F<sub>1</sub> generasyonunda elde edilen verilerin, üstün anaca göre oransal (%) artışı olarak aşağıdaki formül yardımıyla heterobeltiosis değerleri hesaplanmıştır (Fonseca ve Patterson 1968).

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

Burada;

Hb = Heterobeltiosis

ÜA = Üstün anaçlardır.

Heterobeltiosisün önemliliğinde ön varyans analiz tablosundaki hata kareler ortalamasından faydalanarak iki ortalama arasındaki farkın standart hatası ve en küçük önemli fark (EKÖF) değerleri hesaplanmıştır.

$$Sx = (2HKO/r)^{0.5}$$

$$LSD = Sx.t$$

Sx = İki ortalama arasındaki farkın standart hatası

HKO = Ön varyans analizinden elde edilen hata kareler ortalaması

r = Tekerrür sayısı

Heterobeltiosisün önemlilik kontrolü, 0.01 ve 0.05 önem seviyesine göre EKÖF değerleri ( $F_1 - \bar{U}A$ ) farkıyla karşılaştırılarak yapılmıştır (Fonseca ve Patterson 1968).

Heterosis ve heterobeltiosis değerleri ve istatistiki olarak önemlilik düzeyleri Microsoft Office Excel bilgisayar programında oluşturulan formülasyonlarla hesaplanmıştır.

### 3.4.7.7. Korelasyon analizi

Moleküler markörler sonucunda seçilen anaçlar ile yapılan yarım diallel melezlerin tohum verimleri ile anaçların genetik benzerlikleri, heterosis, heterobeltiosis ve özel kombinasyon yetenekleri arasındaki korelasyonlar hesaplanmıştır.

Yine melezlerin tane verimleri ile araştırılan diğer özellikleri arasında da ortalamalar üzerinden korelasyon hesaplaması yapılmıştır.

Bulunan korelasyonun derecesi bulunduğu aralığa göre;

0.90-1.00	çok kuvvetli
0.70-0.89	kuvvetli
0.50-0.69	orta
0.30-0.49	düşük
0.00-0.29	zayıf olarak belirtilir (Anonim 2016c).

Korelasyon hesaplamasında, “Bivariate Correlations” analizi ve “Correlation Coefficients” olarak da “Pearson” metodu kullanılarak IBM SPSS paket programı kullanılmıştır (Xu ve ark. 2004).

#### 4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

Bu çalışmanın bulguları; morfolojik, moleküler ve biyometrik genetik analizler başlıkları altında incelenmiş ve tartışılmıştır.

##### 4.1. Morfolojik Çalışmalar

Çalışmada ele alınan toplam 100 kendilenmiş mısır hattı, morfolojik özellikler bakımından karakterizasyonu yapılmış ve değerlendirilmiştir.

##### 4.1.1. Morfolojik özelliklerin değerlendirilmesi

Araştırma başlangıç materyalini oluşturan 100 adet kendilenmiş mısır hattının, 34 UPOV özelliğine ait dağılımı hem sayı hem de oransal olarak Çizelge 4.1'de verilmiştir.

**Çizelge 4.1.** Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklerine göre dağılımı

No	Özellik	Değerler	Genotip sayısı	Oran (%)
1	İlk yaprak kımında antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	27	27
		Az	17	17
		Orta	40	40
		Koyu	16	16
		Çok koyu	0	0
2	İlk yaprak ucu şekli	Sivri	0	0
		Sivri-yuvarlak	38	38
		Yuvarlak	48	48
		Yuvarlak-kaşksı	14	14
		Kaşksı	0	0
3	Gövde ile yaprak arasındaki açı	Çok dar	0	0
		Dar	99	99
		Orta	0	0
		Geniş	1	1
		Çok geniş	0	0
4	Yaprak ayası duruşu	Düz	9	9
		Hafifçe aşağı doğru	1	1
		Aşağı doğru	62	62
		Kuvvetlice aşağı doğru	26	26
		Çok kuvvetli aşağı doğru	2	2
5	Gövdedeki boğumdan boğuma zigzag derecesi	Yok veya çok az	22	22
		Hafif	62	62
		Kuvvetli	16	16

**Çizelge 4.1.** Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklerine göre dağılımı (devam)

6	Destek köklerde antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	58	58
		Az	15	15
		Orta	15	15
		Kuvvetli	12	12
		Çok kuvvetli	10	10
7	Tepe püskülü çıkış zamanı	Çok erken	0	0
		Çok erken-erken	0	0
		Erken	0	0
		Erken-orta	6	6
		Orta	20	20
		Orta-geç	39	39
		Geç	34	34
		Geç-çok geç	1	1
		Çok geç	0	0
8	Tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	90	90
		Az	5	5
		Orta	3	3
		Kuvvetli	1	1
		Çok kuvvetli	1	1
9	Tepe püskülü kavuzlarında antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	25	25
		Az	41	41
		Orta	28	28
		Kuvvetli	6	6
		Çok kuvvetli	0	0
10	Anterlerde antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	65	65
		Az	9	9
		Orta	11	11
		Kuvvetli	15	15
		Çok kuvvetli	0	0
11	Başakçık yoğunluğu	Seyrek	51	51
		Orta	46	46
		Yoğun	3	3
12	Ana eksen ile yan dallar arasındaki açı	Çok dar	2	2
		Dar	92	92
		Orta	6	6
		Geniş	0	0
		Çok geniş	0	0
13	Yan dalların duruşu	Düz	33	33
		Hafif aşağı doğru	44	44
		Aşağı doğru	19	19
		Kuvvetlice aşağı doğru	4	4
		Çok kuvvetli aşağı doğru	0	0
14	İlk yan dal sayısı	Yok veya çok az	4	4
		Az	67	67
		Orta	27	27
		Fazla	2	2
		Çok fazla	0	0

**Çizelge 4.1.** Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklerine göre dağılımı (devam)

15	Püskül çıkış zamanı	Çok erken Çok erken-erken Erken Erken-orta Orta Orta-geç Geç Geç-çok geç Çok geç	0 0 0 3 24 28 41 4 0	0 0 0 3 24 28 41 4 0
16	Püskül antosiyanin renkliliği	Yok Var	47 53	47 53
17	Püskülde antosiyanin yoğunluğu	Çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	47 32 13 7 1	47 32 13 7 1
18	Yaprak kımındaki antosiyanin renkliliği	Yok veya çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	66 17 12 5 0	66 17 12 5 0
19	Tepe püskülü: En alt yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	23 68 9 0 0	23 68 9 0 0
20	Tepe püskülü: En üst yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	32 51 16 1 0	32 51 16 1 0
21	Tepe püskülü: Yan dalların uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	69 29 1 0 1	69 29 1 0 1
22	Bitki boyu (tepe püskülü dahil)	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	0 22 55 22 1	0 22 55 22 1
23	Üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	6 61 33 0 0	6 61 33 0 0
24	Yaprak ayası genişliği (üst koçan yaprağı)	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	1 57 39 2 1	1 57 39 2 1

**Çizelge 4.1.** Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklerine göre dağılımı (devam)

25	Koçan sapı uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	5 31 35 22 7	5 31 35 22 7
26	Koçan uzunluğu (koçan kavuzu hariç)	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	48 46 6 0 0	48 46 6 0 0
27	Koçan çapı (orta kısımda)	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	40 60 0 0 0	40 60 0 0 0
28	Koçan şekli	Konik Konik-silindirik Silindirik	0 78 22	0 78 22
29	Koçandaki sıra sayısı	Çok az Az Orta Fazla Çok fazla	0 11 23 35 31	0 11 23 35 31
30	Tane tipi (koçan ortası 1/3'lük kısımda)	Sert Sert gibi Orta At dişi gibi At dişi Tatlı Cin mısır	1 1 20 23 55 0 0	1 1 20 23 55 0 0
31	Tane ucu rengi	Beyaz Sarımsı beyaz Sarı Sarı-portakal Portakal Kırmızı-portakal Kırmızı Koyu kırmızı Mavi siyah	9 90 1 0 0 0 0 0 0	9 90 1 0 0 0 0 0 0
32	Tane sırt rengi	Beyaz Sarımsı beyaz Sarı Sarı-portakal Portakal Kırmızı-portakal Kırmızı Koyu kırmızı Mavi siyah	0 0 7 90 2 1 0 0 0	0 0 7 90 2 1 0 0 0
33	Koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliği	Yok Var	25 75	25 75



**Çizelge 4.1.** Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklerine göre dağılımı (devam)

34	Koçan kavuzlarında antosiyanin yoğunluğu	Çok zayıf	7	7
		Zayıf	60	60
		Orta	25	25
		Kuvvetli	7	7
		Çok kuvvetli	1	1

Çizelge 4.1 incelendiğinde, materyal olarak kullanılan kendilenmiş mısır hatları arasında geniş bir fenotipik varyasyonun olduğu görülmektedir. Bu da ıslah programlarının daha verimli ve başarılı olarak yürütülebileceği anlamına gelmektedir.

Gövde ile yaprak arasındaki açı %99 oranında dar olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik mısır ıslahında özellikle sık ekim için ve bitkinin maksimum olarak gün ışığından faydalanmasını sağlayan bir özelliktir.

Tepe püskülü çıkış zamanı incelendiğinde materyal daha çok orta, orta-geç ve geç olarak tanımlanmıştır. Ülkemiz yoğun mısır ekimi alanları dikkate alındığında yaklaşık FAO 600-750 grubu mısır çeşitleri kullanıldığından, incelenen materyalin de bu grup aralığında toplanmış olduğunu görmekteyiz.

Bitki boyu kısa, orta ve uzun olarak gözlemlenmiştir. Özellikle silajlık mısır ıslahında uzun boylu materyallerin kullanılması bitki biyokütlesini (biyomas) arttırması yönüyle fayda sağlayacağından, bu materyallerin aynı zamanda silajlık mısır ıslahı çalışmalarında da kullanılabilmesi anlamına gelmektedir.

Koçandaki sıra sayısının orta, fazla ve çok fazla gruplarında toplanması tane verimi ile ilgili yapılacak melez çalışmalarında daha fazla ümitvar melezlerin elde edilebileceği düşünülebilir.

Tane tipi özelliğine baktığımızda materyalin atdışi grubunda yoğunlaştığını görmekteyiz. Tane sırt renginin de yoğun olarak sarı-portakal grubunda yer alması, ıslah çalışmalarında sarı atdışi ağırlıklı çalışıldığı hakkında da bilgi vermektedir.

#### 4.1.2 Morfolojik varyasyonun saptanması

Çalışmada yer alan 100 kendilenmiş mısır hattı materyalinde 34 morfolojik özellik için gözlem ve ölçümler yapılmış ve elde edilen verilerin Temel Bileşen Analizi (TBA) (Principal Component Analysis) ve kümeleme (cluster) Analizi IBM SPSS V20 bilgisayar paket programı ile yapılmıştır. Gruplandırılacak özellikler arasında rakamsal olmayan veriler (şekil, büyüklük, renk vb.) UPOV'daki rakamsal değerlendirmeler esas alınarak kodlanmıştır.

#### 4.1.3. Temel bileşen analizi

Karakterizasyon sonucu elde edilen verilere öncelikle Temel Bileşen Analizi (Principle Component Analysis) uygulanmıştır. Daha önce de belirtildiği gibi, Temel Bileşen Analizi (TBA), çok boyutlu alan içinde tipler arasındaki ilişkiyi en iyi temsil edecek bir eksen ya da eksenler dizisi üzerindeki tip izdüşümlerinin görüntülenmesi temeline dayanmaktadır. Temel bileşenler çevresinde dağılan örneklerin varyansları her bir bileşen için ayrı ayrı hesaplanmaktadır. Öz (eigen) değerlerinin 1'den büyük olması ele alınan temel bileşen ağırlık değerlerinin güvenilir olduğunu göstermektedir (Mohammadi ve Prasanna 2003). 1'den büyük öz değerlerine sahip bileşenler için toplam varyans oranları ve kümülatif (eklemeli) varyans değerleri belirlenmiş ve yorumlamalar bu değerler kullanılarak yapılmıştır (Mohammadi ve Prasanna 2003, Düzyaman 2005, Karaağaç 2006, Keleş 2007).

TBA sonucunda genotiplerde hesaplanan öz değerler, varyans, toplam varyans oranları, incelenen özellikler bazında ortaya çıkan temel bileşen (TB) eksenleri ve bunlara karşılık gelen faktör katsayıları Çizelge 4.2'de verilmiştir. İncelenen özellikler yönünden öz değerleri 1'den büyük birbirinden bağımsız 11 adet TB eksenini elde edilmiştir. İlk 11 adet TB ekseninin öz değerleri 1.05-5.14 arasında değişmekte olup, genotiplere ait toplam varyasyonun %67.8'ini tanımlamaktadır.

TBA'nin etkin kullanılabilmesi ve doğru yorumlanabilmesi için toplam varyasyonun ilk iki veya üç bileşen oranının %25'den büyük olması gerekir (Mohammadi and Prasanna 2003). Elde ettiğimiz bileşen eksenlere ait ilk üç eksen değeri %25'den büyük olup, toplam varyansın %32.74'ünü tanımlamıştır. Ancak ilk üç bileşen değeri (%32.74) toplam varyansın %50'sini

(%33.9) açıklamaya yeterli olmadığı görülmüştür. Dolayısıyla, temel bileşen sayısını belirlemede ilk üç bileşen değeri yerine, toplam varyansın 2/3'ü esas alınmıştır (Özdamar 2004). Toplam varyansımızın 2/3'ü yani %45.2'sini aşan ilk 6 TB eksen değeri (%49.57) dikkate alınarak yorumlamalar yapılmıştır (Çizelge 4.2).

**Çizelge 4.2.** Kendilenmiş mısır hatlarında morfolojik özelliklerin ait oldukları faktör gruplarına karşılık gelen temel bileşen eksenleri

Faktörler	Eigen value (Ozdeğerler)	Açıkladığı varyasyon (%)	Kümülatif varyasyon (%)
1	5.141	15.121	15.121
2	3.194	9.393	24.514
3	2.797	8.227	32.741
4	2.064	6.071	38.812
5	1.881	5.532	44.344
6	1.777	5.227	49.571
7	1.458	4.288	53.859
8	1.316	3.871	57.730
9	1.241	3.649	61.379
10	1.133	3.332	64.711
11	1.051	3.091	67.803

TB eksenlerinde incelenen morfolojik özellikler bakımından bileşenlerdeki ağırlık değerleri 0.5 ve üzeri ile -0.5 ve üzeri olduğu takdirde önemli ağırlığa sahip oldukları kabul edilmiştir (Çizelge 4.3).

TB1 ekseninde; ilk yaprak kımında antosiyanin renkliliği, destek köklerde antosiyanin renkliliği, tepe püskülü çıkış zamanı, tepe püskülü kavuzlarında antosiyanin renkliliği, püskül çıkış zamanı, püskülde antosiyanin yoğunluğu, yaprak kımında antosiyanin renkliliği, bitki boyu ve yaprak ayası genişliği özellikleri,

TB2 ekseninde; anterlerde antosiyanin renkliliği, başakçık yoğunluğu ve koçan sapı uzunluğu özellikleri,

TB3 ekseninde; püskül antosiyanin renkliliği ve püskülde antosiyanin yoğunluğu özellikleri,

TB4 ekseninde; tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliği özelliği,

TB5 ekseninde; yan dalların uzunluğu özelliği,

TB6 ekseninde ise tane tipi özelliği öne çıkmıştır (Çizelge 4.1, 4.3).

**Çizelge 4.3.** Genotiplerin TBA sonuçları

Özellikler	Faktör katsayıları										
	TB1	TB2	TB3	TB4	TB5	TB6	TB7	TB8	TB9	TB10	TB11
1	0.792	0.209	0.302	-0.154	0.027	0.122	-0.018	-0.022	-0.006	-0.021	0.050
7	-0.695	0.105	0.320	-0.168	-0.097	-0.190	0.344	0.067	0.035	0.038	0.155
15	-0.638	0.127	0.392	-0.113	-0.005	-0.175	0.432	0.040	0.007	0.071	0.119
6	0.613	-0.036	0.229	-0.046	-0.300	0.214	0.074	0.180	0.142	-0.356	-0.080
9	0.599	0.430	0.381	0.119	0.238	-0.060	-0.044	-0.083	0.144	0.122	0.027
22	-0.595	-0.091	0.324	-0.021	0.165	-0.002	0.077	-0.271	0.249	-0.108	-0.114
18	0.533	-0.026	-0.271	-0.208	0.164	0.096	0.080	-0.089	0.314	0.189	-0.308
24	-0.518	0.201	0.104	-0.067	0.429	0.290	0.145	0.043	0.140	-0.273	0.024
20	-0.428	-0.175	0.280	-0.074	0.009	0.148	-0.256	0.272	-0.001	0.391	-0.222
10	0.178	0.592	0.182	-0.059	0.392	-0.008	-0.058	0.003	0.048	-0.032	0.030
25	0.177	-0.534	0.279	-0.001	-0.047	0.238	-0.031	0.310	0.217	0.090	0.168
11	0.210	0.515	-0.112	0.035	-0.250	0.304	-0.174	-0.043	-0.276	-0.029	0.199
27	-0.424	0.496	0.054	0.204	-0.174	0.188	-0.187	-0.223	-0.071	0.162	-0.044
34	0.078	0.484	-0.173	0.167	-0.022	-0.084	0.144	0.271	-0.161	-0.260	-0.284
29	-0.408	0.479	-0.002	0.190	-0.311	0.227	0.036	0.169	0.101	0.168	0.133
28	-0.326	0.441	-0.182	0.186	-0.180	0.138	-0.102	0.220	0.415	0.223	-0.109
33	0.271	0.396	-0.168	0.118	0.381	0.081	0.361	0.290	-0.044	-0.022	0.002
16	0.488	0.286	0.618	-0.150	0.003	-0.185	-0.033	-0.043	-0.094	0.123	0.170
17	0.512	0.189	0.570	-0.203	0.101	-0.199	-0.148	-0.086	0.042	0.128	0.081
13	0.134	-0.291	0.485	0.363	-0.275	-0.073	0.103	0.027	0.130	-0.215	0.012
19	-0.429	0.004	0.458	-0.067	0.155	0.019	-0.438	0.267	-0.031	0.153	-0.019
8	0.269	-0.256	0.080	0.632	0.245	0.000	0.063	-0.067	-0.147	0.281	-0.216
12	0.132	-0.188	0.346	0.484	-0.097	-0.161	0.160	-0.049	-0.004	0.044	-0.467
14	-0.110	0.403	0.071	0.445	0.044	-0.429	-0.173	0.291	-0.006	-0.125	0.006
3	0.179	-0.247	-0.219	0.437	0.350	0.036	0.050	-0.143	-0.045	0.283	0.344
21	-0.234	-0.171	0.272	-0.164	0.562	0.215	-0.209	0.107	0.044	-0.297	-0.193
4	-0.039	-0.245	-0.286	0.212	0.393	0.110	-0.228	0.091	0.261	-0.075	0.300
30	0.220	0.091	0.041	0.229	0.011	0.603	0.140	0.152	-0.095	-0.044	0.059
32	0.032	0.026	-0.334	-0.274	0.185	-0.499	0.120	0.040	-0.044	0.102	0.027
23	0.091	-0.063	-0.044	0.417	0.012	-0.421	0.022	0.251	0.283	-0.134	0.264
31	0.114	-0.124	0.083	-0.188	0.175	0.186	0.544	0.351	-0.216	0.307	-0.007
2	-0.332	0.381	0.027	0.231	0.300	0.064	0.099	-0.431	-0.022	-0.034	-0.071
26	-0.285	-0.322	0.343	0.270	0.061	0.141	-0.019	-0.071	-0.506	-0.166	0.151

Genetik çeşitliliğin açıklanabilmesi için 16 morfolojik özelliğin, 34 morfolojik özellik kadar başarılı olduğu görülmüştür (Çizelge 4.4). Bu özellikler genetik çeşitliliğin %67.8'ini açıklayabildiği görülmektedir. Ayrıca bitkide karakteristik bir özellik olan antosiyaninin, TBA sonucu kalan 16 morfolojik özelliğin 8 tanesinde geçtiğini görmekteyiz. UPOV 34 karakteri arasında 10 karakterde geçen antosiyanin, TBA sonucunda 8 antosiyanin karakterinin geçmesi bu karakterin gerçekten fenotipik olarak önemli bir özellik olduğunu söyleyebiliriz.

**Çizelge 4.4.** TBA sonucu öne çıkan morfolojik özellikler

No	Morfolojik özellik
1	İlk yaprak kısmında antosiyanin renkliliği
6	Destek köklerde antosiyanin renkliliği
7	Tepe püskülü çıkış zamanı
8	Tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliği
9	Tepe püskülü kavuzlarında antosiyanin renkliliği
10	Anterlerde antosiyanin renkliliği
11	Başakçık yoğunluğu
15	Püskül çıkış zamanı
16	Püskül antosiyanin renkliliği
17	Püskülde antosiyanin yoğunluğu
18	Yaprak kısmında antosiyanin renkliliği
21	Yan dalların uzunluğu (tepe püskülü)
22	Bitki boyu
24	Yaprak ayası genişliği
25	Koçan sapı uzunluğu
30	Tane tipi

#### 4.1.4. Morfolojik karakterlere göre kümeleme analizi

Öz değerlerinin 1'den büyük olması ele alınan ana bileşen ağırlık değerlerinin güvenilir olduğunu ve kümeleme analizinin uygulanabilir olduğunu göstermektedir (Mohammadi ve Prasanna 2003, Karaağaç 2006). Çalışmada yer alan tüm hatların birbirlerine yakınlık düzeylerinin belirlenmesi amacıyla morfolojik özellikleri çoklu karşılaştırma analizlerinden olan "kümeleme analizi" kullanılmıştır. Buna göre hatların birbirleri ile benzerlik ve farklılıklarını gösteren dendrogram oluşturulmuştur (Şekil 4.1). Dendrogramların değerlendirilirken hatların birleşme noktalarının sol tarafta yer alan ve hatların isimlerinin bulunduğu yere yakınlığı dikkate alınmıştır. Buna göre birleşme noktası ne kadar yakınsa hatlar

arasında o kadar fazla, birleşme noktası ne kadar uzaksa hatlar arasında o kadar az benzerlik bulunmaktadır.

Mısır kendilenmiş hatlarına ait morfolojik verilerin korelasyon matrisine göre çizilen dendogram (Şekil 4.1) incelendiğinde, genotiplerin iki ana grupta toplandığı bu ana grupların altında da üçer alt grup oluşmuştur.

Grupların altında toplanan genotip sayılarına baktığımızda; 1. ana grupta 47, 2. ana grupta 53, 1-1 alt grubunda 15, 1-2 alt grubunda 13, 1-3 alt grubunda 19, 2-1 alt grubunda 11, 2-2 alt grubunda 17 ve 2-3 alt grubunda da 25 genotipin yer aldığını görmekteyiz.

1-1 alt grubundaki genotiplerin (ADK-822, ADK-825, ADK-831, ADK-834, ADK-843, ADK-844, ADK-852, ADK-855, ADK-862, ADK-870, ADK-892, ADK-896, ADK-903, ADK-911, ADK-941) morfolojik özelliklerine baktığımızda, bu gruptaki tüm kendilenmiş mısır hatlarında; ilk yaprak kımında antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az, gövde ile yaprak arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), destek köklerde antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az, tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az, anterlerde antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az, tepe püskülü ana eksen ile yan dallar arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ) (ADK-855 hariç), püskül antosiyanin renkliliğinin yok, püskülde antosiyanin yoğunluğunun çok zayıf, yaprak kımındaki antosiyanin renkliliğinin yok veya çok zayıf, tane sırt renginin sarı-portakal (ADK-843 hariç), koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliğinin var olduğu anlaşılmaktadır.

1-2 alt grubundaki genotiplerin (ADK-455, ADK-739, ADK-818, ADK-845, ADK-847, ADK-872, ADK-882, ADK-893, ADK-897, ADK-900, ADK-910, MAE9301, Va22) morfolojik özelliklerine baktığımızda; gövde ile yaprak arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az, anterlerde antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az (MAE9301 hariç), tepe püskülü ana eksen ile yan dallar arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), püskül antosiyanin renkliliğinin yok, püskülde antosiyanin yoğunluğunun çok zayıf, yaprak kımındaki antosiyanin renkliliğinin yok veya çok zayıf (ADK-739 hariç), koçan çapı küçük (4.1-5 cm) (Va22 hariç), tane sırt rengi sarı-portakal, koçan kavuzlarında antosiyanin rengi yok, koçan kavuzlarında antosiyanin yoğunluğu zayıf olduğunu görmekteyiz.

1-3 alt grubundaki genotiplerin (ADK-310, ADK-528, ADK-700, ADK-713, ADK-720, ADK-723, ADK-735, ADK-816, ADK-902, ADK-908, ADK-919, ADK-922, ADK-923, ADK-931, A239, FR632, FRB73, N192, W182BN) morfolojik özelliklerine baktığımızda; gövde ile yaprak arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ) (W182BN hariç), tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az (A239 ve W182BN hariç), püskül antosiyanin renkliliğinin yok, püskülde antosiyanin yoğunluğunun çok zayıf (ADK-908 ve ADK-923 hariç), tane ucu renginin sarımsı-beyaz, koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliği var (ADK-923 hariç) olduğu anlaşılmaktadır.

2-1 alt grubundaki genotiplerin (ADK-317, ADK-448, ADK-808, ADK-813, ADK-828, ADK-837, ADK-866, ADK-880, ADK-898, ADK-913, ADK-972,) morfolojik özelliklerine baktığımızda; gövde ile yaprak arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliğinin yok veya çok az (ADK-866 ve ADK-880 hariç), anterlerde antosiyanin renkliliği yok veya çok az (ADK-813 ve ADK-913 hariç), tepe püskülü ana eksen ile yan dallar arasındaki açı dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ) (ADK-866 ve ADK-880 hariç), tepe püskülü ilk yan dal sayısı püskül antosiyanin renkliliği var, yaprak kımndaki antosiyanin renkliliği çok zayıf (ADK-448 ve ADK-913 hariç), tepe püskülü yan dalların uzunluğu kısa ( $<15$  cm) (ADK-317 ve ADK-808 hariç), bitki boyu orta (160-200 cm) (ADK-808, ADK-913 ve ADK-972 hariç), yaprak ayası genişliği orta (6-8 cm) (ADK-448 ve ADK-972 hariç), koçan uzunluğu orta (16-19 cm) (ADK-813, ADK-913 ve ADK-972 hariç), koçan şeklinin konik-silindirik, tane ucu renginin sarımsı beyaz (ADK-317 ve ADK-837 hariç), koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliğinin yok, koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliğinin zayıf olduğunu görmekteyiz.

2-2 alt grubundaki genotiplerin (ADK-809, ADK-815, ADK-821, ADK-826, ADK-836, ADK-842, ADK-848, ADK-849, ADK-850, ADK-851, ADK-859, ADK-861, ADK-869, ADK-884, ADK-886, ADK-887, ADK-888) morfolojik özelliklerine baktığımızda; gövde ile yaprak arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), yaprak ayası duruşunun hafifçe aşağı doğru (ADK-809 ve ADK-836 hariç), tepe püskülü kavuzundaki antosiyanin renkliliğinin yok ve ya çok az (ADK-842 hariç), tepe püskülü ana eksen ile yan dallar arasındaki açı orta ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), püskül antosiyanin renkliliğinin var, bitki boyu uzun (200-240 cm) (ADK-809, ADK-826 ve ADK-851 hariç), üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı küçük (0.31-0.40) (ADK-884 ve ADK-888 hariç), yaprak ayası genişliğinin orta (9-11 cm) (ADK-809, ADK-836 ve ADK-886 hariç), koçan çapının küçük (4.1-5 cm) (ADK-809, ADK-842 ve ADK-888 hariç), tane ucu renginin sarımsı beyaz (ADK-859 hariç), tane sırt renginin sarı-portakal

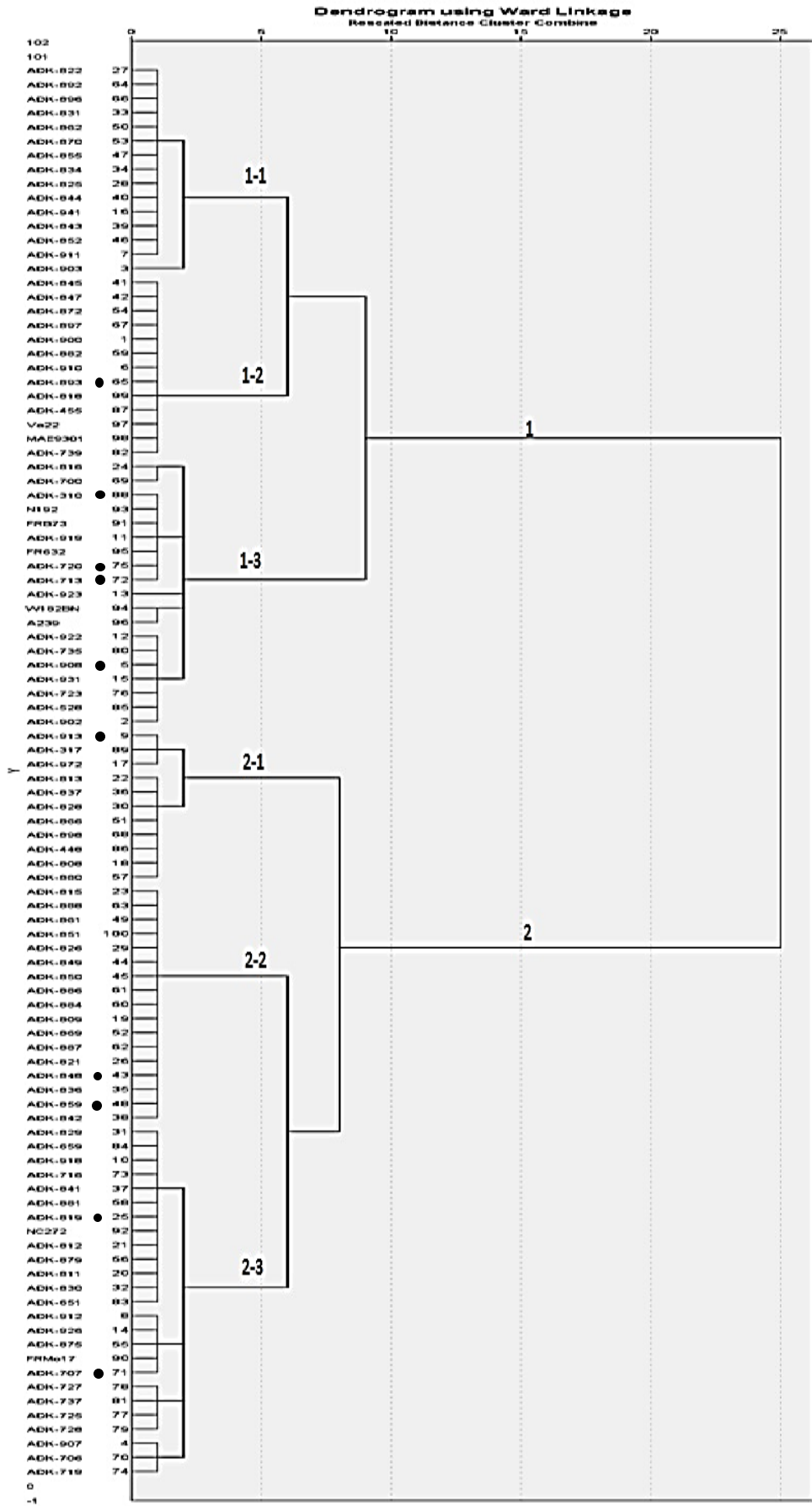
(ADK-821 ve ADK-848 hariç), koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliğinin var olduğu anlaşılmaktadır.

2-3 alt grubundaki genotiplerin (ADK-651, ADK-659, ADK-706, ADK-707, ADK-716, ADK-719, ADK-725, ADK-727, ADK-728, ADK-737, ADK-811, ADK-812, ADK-819, ADK-829, ADK-830, ADK-841, ADK-875, ADK-879, ADK-881, ADK-907, ADK-912, ADK-918, ADK-926, FRMo17, NC272) morfolojik özelliklerine baktığımızda; gövde ile yaprak arasındaki açının dar ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), tepe püskülü ana eksen ile yan dallar arasındaki açı orta ( $5^{\circ}$ - $50^{\circ}$ ), (ADK-716 ve ADK-728 hariç), püskül antosiyanin renkliliğinin var, koçan şeklinin konik-silindirik (ADK-841, ADK-881 ve ADK-727 hariç), tane ucu renginin sarımsı beyaz, tane sırt renginin sarı-portakal, koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliğinin var olduğunu görmekteyiz.

Dendogram incelendiğinde, 1. ana grup altında 47 hat, 2. ana grup altında da 53 hat yer almaktadır. 1. ve 2. ana grupların 3'er alt gruplara ayrıldığını görmekteyiz. 1. ana grubun altında bulunan Stiff Stalk heterotik grubunu temsil eden FRB73 hattı bu grubun Stiff Stalk heterotik grubuna yakın hatlardan oluştuğunu; 2. ana grubun altında bulunan Lancaster heterotik grubunu temsil eden FRMo17 hattı ise bu grubun Lancaster heterotik grubuna yakın hatlardan oluştuğunu söyleyebiliriz.

Diallel analiz için yapılacak melezlerde kullanılacak 10 adet hat dendogram üzerinde kalın noktalarla işaretlenmişlerdir. FRB73 hattının bulunduğu Stiff Stalk heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen 1. ana grupta ADK-893, ADK-310, ADK-720, ADK-713 ve ADK-908 hatları yer almıştır. FRMo17 hattının bulunduğu Lancaster heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen 2. ana grupta da ADK-913, ADK-848, ADK-859, ADK-819 ve ADK-707 hatları yer almıştır.





Şekil 4.1. Kendilenmiş mısır hatlarının morfolojik özelliklere göre oluşturulmuş dendrogram

## 4.2. Moleküler Çalışmalar

Çalışmada 100 kendilenmiş mısır hattını moleküler olarak karakterizasyonu ve genotipler arası genetik ilişkiyi tanımlamak için DNA moleküler markörü olarak Simple Sequence Repeat (SSR) kullanılmıştır. Toplam 25 adet SSR primeri kullanılmış ve bu primerler <http://www.maizegdb.org> (Maize Genome Data Bank) web sitesinden seçilmiştir. SSR primerlerinin mısır genomunun tamamını temsil etmesi için 10 kromozomunun her birinden SSR lokuslarına ait SSR primerleri seçilmiş ve kullanılmıştır.

Çalışılan lokuslardaki allel sayıları, allel büyüklükleri (baz çifti, bç) (base pair, bp), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) (probability of identity, PI) değeri, ve polimorfizm bilgi içeriği (PBİ) (polymorphism information content, PIC) değerleri Çizelge 4.5'te verilmiştir. 100 kendilenmiş mısır hattı için kullanılan 25 SSR primeri toplam 139 allel üretmiş olup, ortalama SSR lokusu başına 5.56 allel saptanmıştır. Çizelge incelendiğinde en az allelin 2 ile phi213984 lokusundan, en fazla allelin ise 12 ile phi299852 lokusundan elde edildiği görülmektedir. Kullanılan SSR primerlerinde allel uzunluğu, 71 bp (phi002) ile 316 bp (phi420701) arasında değişmektedir.

Cömertpay (2008), 13 SSR primeri ile incelenen 20 yerel mısır popülasyonunda ortalama allel sayısını 4.03 bulmuş ve allel sayıları 2 ile 5 arasında değişim gösterdiğini bildirmiştir. Senior ve ark. (1998) 94 kendilenmiş hatta 70 SSR kullanarak yapmış oldukları çalışmada toplam bant sayısının 365 olduğunu, lokus başına düşen allel sayısının 2 ile 23 arasında değiştiğini ve ortalama allel sayısının 5 olduğunu bildirmişlerdir. Laborda ve ark. (2005) yapmış oldukları çalışmada 85 tropik kökenli mısır hattında 50 SSR primeri kullanarak, toplam 262 bant ve ortalama 5.2 allel bulmuşlardır.

PBİ değeri genellikle farklı moleküler markörlerin karşılaştırılmasında kullanılan etkin bir parametre olmakla beraber, herhangi bir DNA marköründe kullanılan primerlerin etkinlik derecelerinin saptanmasında da kullanılabilecek değerlendirme kriteridir (Hongtrakul ve ark. 1997, Lübberstedt ve ark. 2000, Manifesto ve ark. 2001, Garcia ve ark. 2004). Bu çalışmada ortalama PBİ değeri 0.54 olup, en düşük phi033 (0.13) lokusundan, en yüksek ise phi085 (0.76), phi070 (0.70) ve phi299852 (0.69) lokuslarından elde edilmiştir. En yüksek PBİ değerine sahip lokuslar aynı zamanda sırasıyla 0.79, 0.74 ve 0.74 ile en yüksek GÇİ'ne sahip olan primerlerdir.

Senior ve ark. (1998) 70 SSR kullandıkları çalışmada, PBI değerinin 0.17 ile 0.92 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PBI değerinin 0.59 olduğunu bildirmişlerdir. Warburton ve ark. (2002) 85 SSR lokusu kullandıkları araştırma sonucunda, PBI değerinin 0.46 ile 0.85 arasında değişim gösterdiğini saptamışlardır. Laborda ve ark. (2005) 50 SSR primeri kullandıkları çalışmada PBI değerinin 0.24 ile 0.90 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PBI değerinin 0.61 olduğunu saptamışlardır.

Tespit olasılığı (TO) değeri en düşük phi085 (0.12) ve en yüksek phi033 (0.75) primerlerinde tespit edilmiştir.

Çalışmada 100 kendilenmiş mısır hattının genetik benzerlik değerleri Çizelge 4.5’de verilmiştir.

**Çizelge 4.5.** Çalışılan lokuslardaki allel sayıları, allel büyüklükleri (bç), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) değeri, ve polimorfizm bilgi içeriği (PBI) değeri

Sıra no	SSR lokus	Allel sayıları	Allel büyüklüğü (bç)	Genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ)	Heterozigotluk oranı (HtO)	Tespit olasılığı (TO) değeri	PBI değeri
1	phi015	6	83-105	0.6426	0.05	0.2719	0.5945
2	phi032	3	233-241	0.5669	0.07	0.4375	0.4836
3	phi050	5	77-93	0.6682	0.09	0.3053	0.6031
4	phi064	8	73-97	0.6651	0.06	0.2726	0.6116
5	phi072	5	140-160	0.6854	0.04	0.2673	0.6293
6	phi093	4	279-287	0.6072	0.03	0.3182	0.5526
7	phi109188	5	163-175	0.6519	0.01	0.3103	0.5889
8	phi109275	7	120-154	0.6933	0.60	0.2215	0.6508
9	phi96100	7	251-295	0.6852	0.04	0.2575	0.6324
10	phi96342	3	241-249	0.5548	0.01	0.3996	0.4877
11	phi402893	7	207-239	0.5664	0.04	0.3170	0.5234
12	phi420701	6	290-316	0.7031	0.56	0.2301	0.6558
13	phi328175	6	99-131	0.7061	0.04	0.2127	0.6640
14	phi299852	12	102-158	0.7417	0.13	0.1983	0.6978
15	phi233376	6	136-152	0.4541	0.02	0.3627	0.4325
16	phi085	8	228-258	0.7918	0.06	0.1245	0.7647
17	phi053	5	167-193	0.7070	0.04	0.2392	0.6559
18	phi070	4	75-81	0.7484	0.27	0.2044	0.7014
19	phi109642	4	133-147	0.4840	0.01	0.5392	0.3930
20	phi002	4	71-93	0.4587	0.14	0.5820	0.3624

**Çizelge 4.5.** Çalışılan lokuslardaki allel sayıları, allel büyüklükleri (bç), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) değeri, ve polimorfizm bilgi içeriği (PBİ) değeri (devam)

Sıra no	SSR lokus	Allel sayıları	Allel büyüklüğü (bç)	Genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ)	Heterozigotluk oranı (HtO)	Tespit olasılığı (TO) değeri	PBİ değeri
21	phi041	7	195-211	0.5613	0.27	0.2656	0.5369
22	phi011	4	215-227	0.4990	0.04	0.4999	0.4160
23	phi033	7	203-255	0.1338	0.03	0.7570	0.1316
24	phi034	4	120-140	0.6339	0.04	0.3568	0.5596
25	phi213984	2	287-305	0.4950	0.00	0.6225	0.3725
Ortalama		5.56		0.6041	0.1076	0.3429	0.5481

Çizelge 4.6 incelendiğinde hatlar arası benzerlik oranlarının 0.94 (Va22 ile FR632) ile 0.02 (ADK-713 ile ADK-913) arasında değiştiğini görmekteyiz. Bu benzerlik oranları çalışmada yer alan hatların genetik tabanlarının çok farklı olduğunu da göstermektedir. İslahçı, hatların diğer özellikleri ile beraber bu verilerden de faydalanarak ümitvar melez kombinasyonlarının oluşturulmasında faydalanabilir.







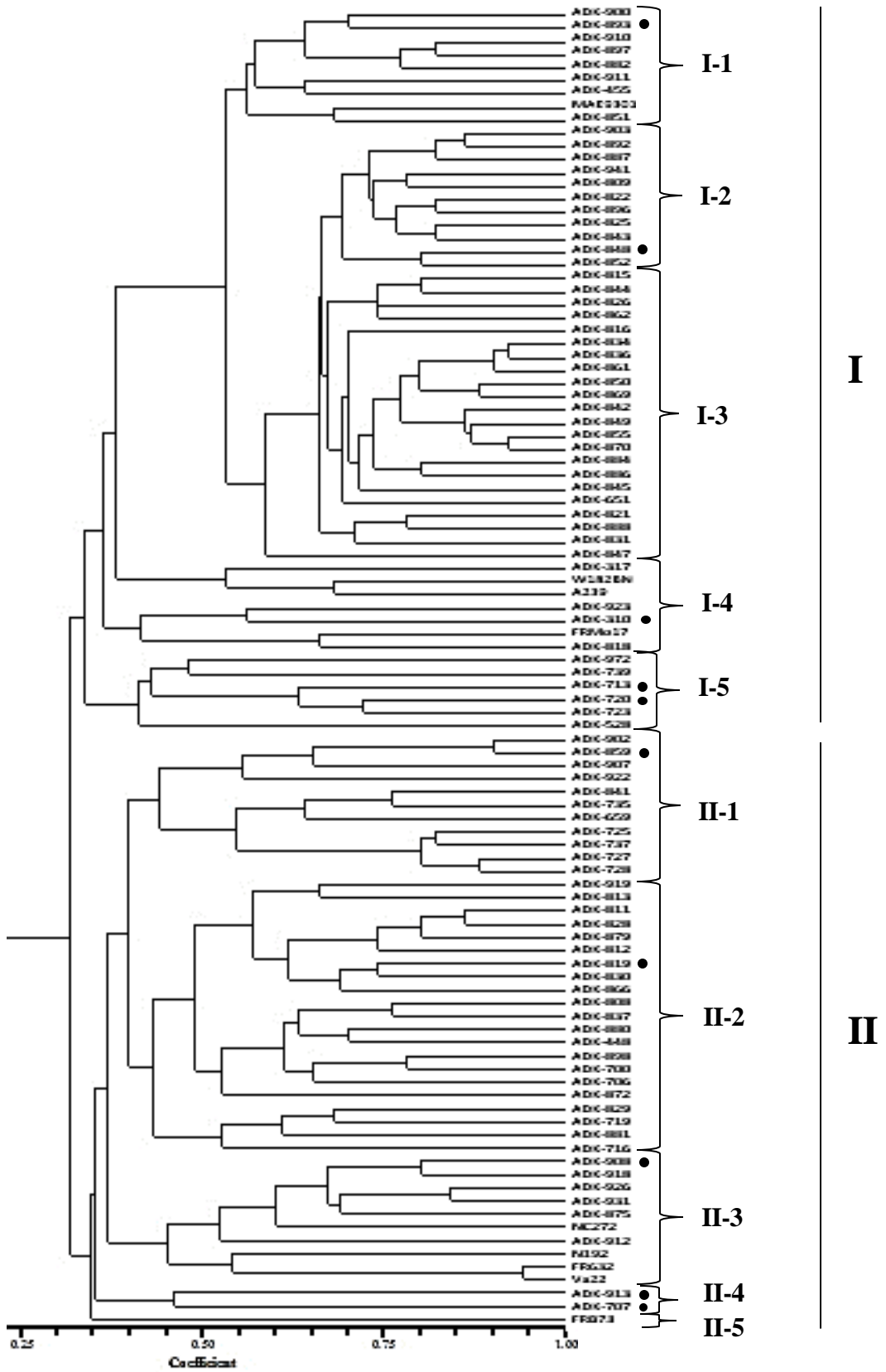
#### 4.2.1. Moleküler markörlere göre kümeleme analizi

UPMGA yöntemine göre yapılan dendogram Şekil 4.2’de verilmiştir. Dendogram incelendiğinde çalışmada kullanılan 100 kendilenmiş mısır hattının esas olarak I ve II olmak üzere iki ana gruba ayrıldığını görmekteyiz. I. ana grubun Lancaster heterotik grubuna yakın, II. ana grubun ise Stiff Stalk heterotik grubuna yakın olduğunu söyleyebiliriz.

Materyal bölümünde kullanıma açık (public) olan 8 hattın heterotik grupları Çizelge 3.2’de verilmişti. Bizim oluşturduğumuz kümeleme analizi sonucunda da; NC272, N192 ve FR632 hatları Stiff Stalk heterotik grubunu temsil eden FRB73 hattıyla aynı grupta olduğu görülmüştür. Sadece Va22 hattı Çizelge 3.2’de Lancaster heterotik grubunda gözükmese de rağmen bizim çalışmamızda Stiff Stalk grubu içerisinde çıkmıştır. Çizelge 3.2’de A239 ve W182BN hatların heterotik gruplarıyla ilgili herhangi bir kaynak bulunamamıştır. Bizim çalışmamızda bu iki hat Lancaster grubunda bulunmuştur (Şekil 4.2).

I. ana grup altında 55 hat, II. ana grup altında da 45 hat yer almaktadır. I. ana grubun 5 alt gruba ayrıldığını, II ana grubun da 5 alt gruba ayrıldığını görmekteyiz. Kalın noktalarla işaretlenmiş 10 adet hat benzerlik matrisine göre bütün hatlara en uzak hatlar olarak belirlenmiş ve diallel çalışmalar için seçilmiştir. Bu seçilen hatlar; FRB73 hattının bulunduğu Stiff Stalk heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen 1. ana grupta ADK-913, ADK-848, ADK-859, ADK-819 ve ADK-707 hatları ile FRMo17 hattının bulunduğu Lancaster heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen 2. ana grupta da ADK-893, ADK-310, ADK-720, ADK-713 ve ADK-908 hatlarıdır.





Şekil 4.2. UPGMA analizine göre oluşturulmuş dendrogram

### **4.3. Biyometrik Genetik Deęerlendirmeler**

Mısır kendilenmiş hatları arasında 10x10 yarım diallel melezleme ile elde edilen 45 F<sub>1</sub> kombinasyonu ve anaçları olan 10 kendilenmiş hattın oluşan toplam 55 genotip ile yapılan denemede bitki boyu, koçanda sıra sayısı, sırada tane sayısı, hasatta tane nemi, bin tane ağırlığı, çiçeklenme gün sayısı ve tane verimi özellikleri için elde edilen verilere ayrı ayrı uygulanan ön varyans analizi deęerlendirmeleri ve biyometrik genetik deęerlendirmelerden elde edilen tahminler ile heterosis ve heterobeltiosis bulguları, bunlarla ilgili yorumlar ve tartışmalar her özellik için ayrı ayrı aşığıda verilmiş ve tartışılmıştır.

#### **4.3.1. Bitki boyu (cm)**

Bitki boyu verilerine uygulanan; ön varyans analizi, diallel varyans analizi, genetik parametrelerin tahminlenmesi, W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafięinin çizilmesi, genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin analizi ile heterosis ve heterobeltiosis deęerlerinden elde edilen sonuçlar aşığıda ayrı ayrı sunulmuş, yorumlanmış ve tartışılmıştır.

##### **4.3.1.1. Ön varyans analizi**

Bitki boyu özellięi için ön varyans analizine ilişkin sonuçlar Çizelge 4.7'de verilmiştir.

Bitki boyu verilerine uygulanan ön varyans analizinde genotipler kareler ortalamasınının 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş olması, denemenin genetik materyalinde yeterli genetik varyabilitenin bulunduęuna işaret etmektedir. Bu durum, bitki boyu özellięi için biyometrik genetik deęerlendirmelerin yapılabileceęini göstermektedir.

**Çizelge 4.7.** Bitki boyu (cm) verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
Tekerrür	2	32.88	
Çeşit	54	3297.15	25.13**
Hata	108	131.18	
Toplam	164		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli  
Varyasyon Katsayısı : %4.27

Bitki boyu özelliği için varyasyon katsayısının %4.27 gibi düşük bir değer olarak tahmin edilmiş olması ise bu denemeden elde edilen verilerin deneme tekniği ilkeleri açısından sağlıklı olarak elde edildiğini ve güvenilebileceğini vurgulamaktadır.

Denemede yer alan genotiplerin bitki boyu (cm) ve önemlilik grupları Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4.8’de görüldüğü gibi, bitki boyları 187 cm ile 310 cm arasında değişmiştir. Melezler içinde en düşük bitki boyu 245 cm ile ADK-859xADK-893 kombinasyonunda, en yüksek bitki boyu 310 cm ile ADK-720xADK-848 ve ADK-893xADK-913 kombinasyonlarında gözlenmiştir (Çizelge 4.8).

F<sub>1</sub> kombinasyonları (ADK-859xADK-893 kombinasyonu hariç) en uzun bitki boyuna sahip anaçtan daha uzun bitki boyuna sahiptir. Bu sonuç, melez mısır ıslahında uygun genetik potansiyele sahip kendilenmiş hatlar arasında yapılan melezleme çalışmaları ile daha uzun bitki boyuna sahip F<sub>1</sub>’lerin elde edilebileceğini göstermektedir.

**Çizelge 4.8.** Anaç ve F<sub>1</sub>'lerin ortalama bitki boyu (cm) ve önemlilik grupları

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Dizi Ort.
ADK-310	197 pq	273 f-k	255 k-m	258 k-m	267 h-l	250 lm	263 i-m	280 e-j	270 g-k	280 e-j	259.3
ADK-707		195 pq	263 i-m	285 c-h	280 e-j	293 a-e	283 d-h	290 b-f	262 j-m	297 a-e	272.1
ADK-713			187 q	270 g-k	280 e-j	293 a-e	283 d-h	303 a-c	283 d-h	280 e-j	269.7
ADK-720				207 p	300 a-d	310 a	303 a-c	303 a-c	283 d-h	293 a-e	281.2
ADK-819					203 pq	290 b-f	282 d-i	293 a-e	267 h-l	300 a-d	276.2
ADK-848						207 p	250 lm	263 i-m	287 c-g	307 ab	275.0
ADK-859							200 pq	245 mn	267 h-l	298 a-e	267.4
ADK-893								227 no	293 a-e	310 a	280.7
ADK-908									213 op	273 f-k	269.8
ADK-913										247 m	288.5
Melez Ort.	281.3										
Anaç Ort.	208.3										
Genel Ort.	268										
EKÖF (0.05)	18.54										

#### 4.3.1.2. Diallel varyans analizi

Bitki boyuna ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri, kareler toplamı, kareler ortalamaları ve F değerleri Çizelge 4.9'da verilmiştir.

Çizelge 4.9'da görüldüğü gibi, yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi (a), dominant gen etkisi (b), ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen "b<sub>1</sub>" değeri, bir anaçtaki dominant allellerin toplanmasını belirleyen "b<sub>2</sub>" değeri, dominant allellerin anaçlarda dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen "b<sub>3</sub>" değeri istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Hem "a" hem de "b" komponentinin önemli bulunması bitki boyu özelliğinin kontrolünde hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin önemli olduğunu ifade eder.

Çizelge 4.9'da biyometrik olarak önemli olarak belirlenen "b<sub>1</sub>" alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. "b<sub>2</sub>" alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

**Çizelge 4.9.** Bitki boyu için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
a	9	2362.5	18.01**
b	45	3496.17	26.65**
b <sub>1</sub>	1	129941.4	990.55**
b <sub>2</sub>	9	415.83	3.17**
b <sub>3</sub>	35	675.53	5.15**
Hata	108	131.18	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.1.3. Genetik parametreler

Bitki boyu için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan “ $t=1-b/SHb$ ” değeri Çizelge 4.10’da verilmiştir.

Çizelge 4.10’da bitki boyu açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “ $t$ ” değeri istatistiksel olarak 0.01 düzeyinde önemli (4.03) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için bitki boyu özelliğini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük  $W_r-V_r$  değerine sahip dizileri oluşturan anaçlar (ADK-310, ADK-913 ve ADK-908) ve melezleri önce teker teker çıkartılmış “ $t$ ” değeri yine önemli çıktığı için ADK-310 ve ADK-913 anaçları birlikte analiz dışı bırakılmıştır. Değerlendirme 8x8 diallel şeması üzerinden yapıldığında “ $t$ ” değeri önemsiz (1.98) çıkmış ve bitki boyu özelliği açısından varsayımın 8x8 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur.

Bitki boyu fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansının (E) katkısı biyometrik olarak önemsizdir. Bu durum, fenotipik varyansın genetik varyanstan oluştuğuna işaret etmektedir. Yani bitki boyu özelliği üzerinde genetik etkenlerin payının, çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.10’da ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1’den büyük (4.51) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir (Hayman 1957). Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın  $(D-H_1)$  negatif olması, dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının  $(H_2/4H_1)$  0.25’e çok yakın (0.24) bulunması, popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olduğu ve bitki boyu özelliği bakımından yapılacak seleksiyonun başarı oranının yüksek olacağı sonucuna varmak mümkündür. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen “ $F$ ” değerinin pozitif bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve  $F_1$ ’lerin anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, “ $H_1$ ”in “ $H_2$ ”den büyük olması ve “ $b_2$ ” alt parametresinin de önemli bulunması genlerin dağılımında bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir.

“H<sub>1</sub>” ve “H<sub>2</sub>”nin önemli bulunması ve “D-H<sub>1</sub>” değerinin negatif ve önemli çıkması, bitki boyu özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığını ortaya koymaktadır.

Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den büyük (1.34) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. Bitki boyu özelliği açısından, etkili gen çifti sayısının (K=4.49) en az 4 olduğu anlaşılmaktadır. İncelenen özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesi (H<sub>g</sub>) 0.54 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H<sub>d</sub>) ise 0.05 olarak bulunmuştur. Dar anlamda kalıtım derecesinin düşük olmasının nedeni olarak eklemeli gen etkisinin küçük ve önemsiz olması düşünülebilir. Kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının [ $r_{yr, (W_r+V_r)}$ ] negatif (-0.87) olması, bitki boyu yüksek olan anaçların dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir. Bu değer -1’e oldukça yakın olması dominant allel etkisinin bitki boyu için arttırıcı yönde etki yaptığını söylemek mümkündür.

Bitki boyunun dominant gen etkisinde olduğu ile ilgili bulgular, Yüce (1979), Rood ve Major (1981), Altınbaş ve ark. (1994), Konuşkan (2006) ve Orhun (2010) çalışmaları ile uyum içerisindedir.

**Çizelge 4.10.** Bitki boyu özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri

Genetik parametre	Tahmin (10x10)	Standart hata	Tahmin (8x8)	Standart hata
E	43.13	±114.68	37.27	±124.67
D	366.96	±380.33	209.61	±374.02
F	265.58	±877.54	277.06	±883.78
H <sub>1</sub>	3262.96	±809.58	4261.95**	±859.82
H <sub>2</sub>	3223.14	±688.05	4105.74**	±748.04
D-H <sub>1</sub>	-2895.99	±680.46	-4052.34**	±737.74
h <sup>2</sup>	17346.93	±460.55	18420.24**	±501.67
(H <sub>1</sub> /D) <sup>1/2</sup>	2.98		4.51	
H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	0.25		0.24	
KD/KR	1.28		1.34	
K	5.38		4.49	
H <sub>g</sub>	0.62		0.54	
H <sub>d</sub>	0.10		0.05	
Y <sub>r</sub> , W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> için r	-0.84		-0.87	
t=(1-b)/SH <sub>b</sub>	4.03**		1.98	

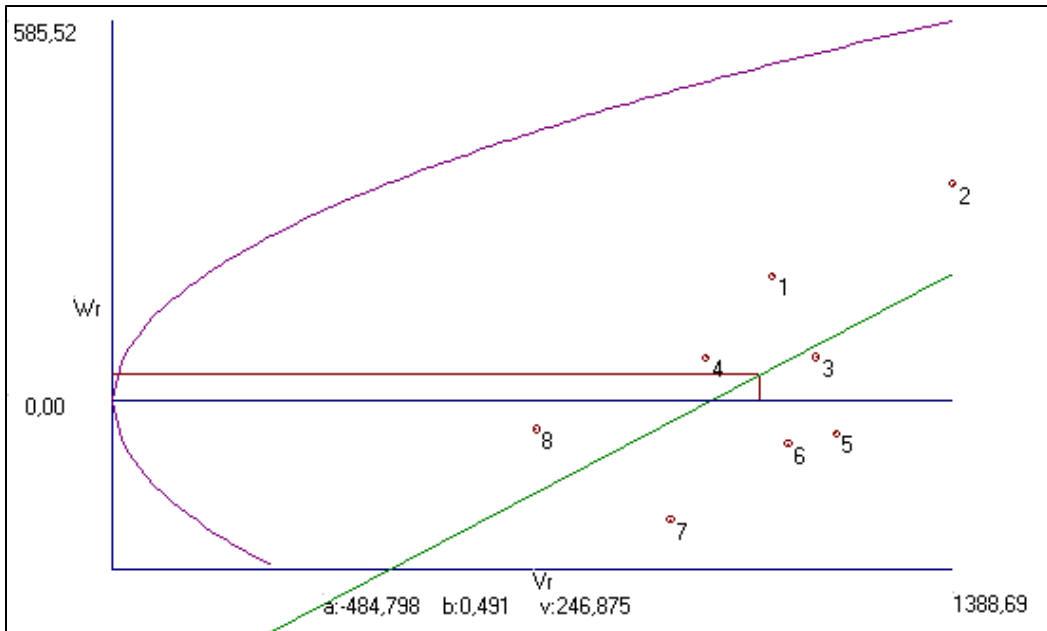
\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.1.4. Wr-Vr grafiđi

Bitki boyu özelliđi için varsayımın 8x8 diallel şeması üzerinden incelendiđinden dolayı, 8 genotipe ait yarım diallel F<sub>1</sub> generasyonlarının oluřturduđu popülasyonda bitki boyu bakımından hesaplanan varyans (V<sub>r</sub>) ve kovaryans (W<sub>r</sub>) deđerlerine ait Wr-Vr grafiđi Şekil 4.3'de verilmiřtir.

Şekil 4.3'de bitki boyu ađısından Wr-Vr grafiđi incelendiđinde, regresyon dođrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde keřtiđi görülmektedir (a:-484.798). Bu durum, incelenen özelliđin kalıtımında üstün dominantlıđın etkili olduđunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ((H<sub>1</sub>/D)<sup>1/2</sup>) 1'den büyük (4.51) olması (Çizelge 4.9) da üstün dominantlıđın varlıđını desteklemektedir.

Grafik üzerinde anaçlara ait noktaların dađılımında 7 (ADK-893) ve 8 (ADK-908) numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu özellik ađısından daha çok dominant genleri tařıdıđı ve yaklařık 75:25 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduđu, 1 (ADK-707), 3 (ADK-720), 4 (ADK-819), 5 (ADK-848) ve 6 (ADK-859) numaralı anaçların 50:50 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduđu, 2 (ADK-713) numaralı anacın ise 25:75 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduđu ve orijinden en uzakta olması nedeniyle resesif gen tařıdıđı anlařılmaktadır (Şekil 4.3).



1-ADK-707, 2-ADK-713, 3-ADK-720, 4-ADK-819, 5-ADK-848, 6-ADK-859, 7-ADK-893, 8-ADK-908

Şekil 4.3. Bitki boyu için Wr/Vr grafiđi



#### 4.3.1.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneği

Çizelge 4.11’de görüldüğü gibi, hem genel kombinasyon yeteneği hem de özel kombinasyon yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel kombinasyon yeteneğinin özel kombinasyon yeteneğine oranı 1’den küçük olmuştur. Bu oranın 1’den küçük olması, özel kombinasyon yeteneğinin ve dolayısıyla dominant gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen (D-H<sub>1</sub>)’in negatif olması (Çizelge 4.10) ile de desteklenmektedir.

Bitki boyunda GK Y ve ÖKY’nin önemli bulunmasıyla ilgili bulgular, Vasal ve ark. (1993), Altınbaş ve Tosun (1998), Sürmeli (2000), Turgut (2001), Turgut (2003), Balcı (2004), Cengiz (2006) ile Orhun (2010) çalışmaları ile uyum içerisindedir.

**Çizelge 4.11.** Bitki boyu değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GK Y/ÖKY oranı

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	F değeri	GKY / ÖKY
GKY	9	20852.5	2316.94	17.66**	0.66
ÖKY	45	157193.56	3493.19	26.63**	
Hata	108	14167.58	131.18		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.12 incelendiğinde, en yüksek GK Y etkisinin negatif yönde ADK-310 (-44.95) anacından, en düşük GK Y etkisinin ADK-720 (-73.28) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GK Y etkisine sahip ADK-310 anacı fenotipik olarak 197 cm ve en düşük GK Y etkisine sahip ADK-720 anacı fenotipik olarak 207 cm bitki boyuna sahip olmuşlardır (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.12’de görüldüğü gibi, en yüksek ÖKY etkisi 35.47 ile ADK-720xADK-859 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer 303 cm olmuştur. En düşük ÖKY etkisi gösteren melez ise -24.12 ile ADK-859xADK-893 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait bitki boyu 245 cm bulunmuştur (Çizelge 4.8). Her anacın girdiği diziye ait ortalama özel kombinasyon yeteneği değerlerine göre, ADK-720 (16.28) ve ADK-713 (15.73) genotiplerinin dahil olduğu diziler en yüksek, ADK-310 (9.99) genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük değeri almıştır.

**Çizelge 4.12.** Bitki boyu özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve  $F_1$  kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ )

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310	-44.95**	21.16**	5.47	-2.45	10.47*	-5.51	14.63**	17.97**	18.25**	9.91
ADK-707		-67.73**	3.25	13.66*	13.25*	27.27**	24.08**	17.41**	-0.64	16.02**
ADK-713			-70.78**	1.30	15.88**	29.91**	26.72**	33.38**	23.66**	2.00
ADK-720				-73.28**	24.63**	35.33**	35.47**	22.13**	12.41*	4.08
ADK-819					-67.45**	19.91**	18.38**	16.72**	0.33	15.33**
ADK-848						-62.73**	-12.59*	-12.59*	21.02**	22.69**
ADK-859							-55.78**	-24.12**	7.83	21.16**
ADK-893								-55.78**	21.16**	19.50**
ADK-908									-48.56**	-6.89
ADK-913										-51.89**
ÖKY Dizi Ort.	9.99	15.05	15.73	16.28	14.99	13.94	12.40	12.40	10.79	11.53
ÖKY Genel Ort.	13.31									
SH( $g_i$ ) = 1.81, KF 0.05= 3.00, KF 0.01: 4.27										
SH( $s_{ij}$ ) = 6.09, KF 0.05= 10.10, KF 0.01: 14.36										

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.1.6. Heterosis ve heterobeltiosis

Bitki boyu özelliğinde heterosis %14.75 ile %49.76 arasında değişmiş, ortalama heterosis değeri %35.23 olmuştur (Çizelge 4.13). F<sub>1</sub> kombinasyonlarının tümünde heterosis değerleri pozitif yönde ve 0.01 düzeyinde önemli bulunmuştur. Bitki boyu bakımından melezlerin tamamının pozitif yönde heterosis değeri göstermesi bu kombinasyonların uzun boyluluk yönünden önemli potansiyele sahip olduğunu ve bu özellik için melez çeşit ıslahı çalışmasının başarı şansının yüksek olduğunu göstermektedir.

Heterobeltiosis değerlerine bakıldığında, %7.93 ile %49.76 arasında değişim göstermekte ve ortalama heterobeltiosis değeri %29.58 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.13). Tüm melez kombinasyonlarında heterobeltiosis değerleri pozitif yönde ve önemli bulunmuştur.

F<sub>1</sub> kombinasyonunun yapısında anaç olarak yer alan kendilenmiş hatlar ortalama performansına göre hesaplanan heterosis (Ht) değeri, anaçlardan üstün olana göre hesaplanan heterobeltiosis (Hb) değeri ile karşılaştırıldığında ıslah tekniği açısından üstün anaca göre hesaplanan heterobeltiosis daha değerlidir. Çünkü, heterobeltiosis her iki anaç performansını da aşan performansın göstergesidir.

Çizelge 4.13 incelendiğinde, ADK-720 kendilenmiş hattın girdiği melez kombinasyonlarının ortalama heterobeltiosis değeri %35.42 ile en yüksek olmuştur. Bu sonuç, bu hattın melez mısır ıslah programlarında bitki boyunu arttırıcı anaç olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

Bitki boyu ile ilgili ortalama heterosis ve heterobeltiosisün pozitif çıkması ile ilgili bulgular, Yıldız (1995), Altınbaş (1995) ve Dede ve ark. (2001) çalışmaları ile desteklenmektedir.

**Çizelge 4.13.** Bitki boyuna (cm) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeliosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri

♀ / ♂		ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Ort.
ADK-310	Ht		39.29**	32.81**	27.72**	33.50**	23.76**	32.49**	32.08**	31.71**	26.13**	31.05
	Hb		38.58**	29.44**	24.64**	31.53**	20.77**	31.50**	23.35**	26.76**	13.36**	26.66
ADK-707	Ht			37.70**	41.79**	40.70**	45.77**	43.29**	37.44**	28.43**	34.39**	38.76
	Hb			34.87**	37.68**	37.93**	41.55**	41.50**	27.75**	23.00**	20.24**	33.68
ADK-713	Ht				37.06**	43.59**	48.73**	46.25**	46.38**	41.50**	29.07**	40.34
	Hb				30.43**	37.93**	41.55**	41.50**	33.48**	32.86**	13.36**	32.82
ADK-720	Ht					46.34**	49.76**	48.89**	39.63**	34.76**	29.07**	39.45
	Hb					44.93**	49.76**	46.38**	33.48**	32.86**	18.62**	35.42
ADK-819	Ht						41.46**	39.95**	36.28**	28.37**	33.33**	38.17
	Hb						40.10**	38.92**	29.07**	25.35**	21.46**	34.14
ADK-848	Ht							22.85**	21.20**	36.67**	35.24**	36.16
	Hb							20.77**	15.86**	34.74**	24.29**	32.15
ADK-859	Ht								14.75**	29.30**	33.33**	34.57
	Hb								7.93*	25.35**	20.65**	30.50
ADK-893	Ht									33.18**	30.80**	32.42
	Hb									29.07**	25.51**	25.06
ADK-908	Ht										18.70**	31.40
	Hb										10.53**	26.72
ADK-913	Ht											30.01
	Hb											18.67

Ort. Ht: %35.23, Ort. Hb: %29.58

$t_{0.05}=1.658$ ,  $t_{0.01}=2.358$

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b<sub>1</sub>, b<sub>2</sub>, b<sub>3</sub>) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.9). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları (H<sub>1</sub> ve H<sub>2</sub>) ile D-H<sub>1</sub>'in negatif ve önemli olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.10). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirmede de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GK<sub>Y</sub> hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖKY önemli bulunmuştur (Çizelge 4.11). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954a)'ya göre yapılan analiz esas alındığında, bitki boyu yönünden dominantlık varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz.

Ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den büyük (4.51) olması, W<sub>r</sub>/V<sub>r</sub> grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile anaçların ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması (-0.87), bitki boyu uzun olan genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez popülasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.05 olarak düşük bulunması eklemeli gen etkisinin küçük ve önemsiz olduğu anlamına geldiğinden bitki boyu özelliği için dominant gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz.

#### **4.3.2. Koçanda sıra sayısı**

Koçanda sıra sayısı verilerine uygulanan; ön varyans analizi, diallel varyans analizi, genetik parametrelerin tahminlenmesi, W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiğinin çizilmesi, genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin analizi ile heterosis ve heterobeltiosis değerlerinden elde edilen sonuçlar aşağıda ayrı ayrı sunulmuş, yorumlanmış ve tartışılmıştır.

#### 4.3.2.1. Ön varyans analizi

Koçanda sıra sayısı için ön varyans analizine ilişkin sonuçlar Çizelge 4.14'de verilmiştir.

Koçanda sıra sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizinde genotipler kareler ortalamasının 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş olması, denemenin genetik materyalinde yeterli genetik varyabilitenin bulunduğu işaret etmektedir. Bu durum, koçanda sıra sayısı özelliği için biyometrik genetik değerlendirmelerin yapılabileceğini göstermektedir.

Koçanda sıra sayısı özelliği için varyasyon katsayısının %5.37 gibi düşük bir değer olarak tahmin edilmiş olması ise bu denemeden elde edilen verilerin deneme tekniği ilkeleri açısından sağlıklı olarak elde edildiğini ve güvenilebileceğini vurgulamaktadır.

**Çizelge 4.14.** Koçanda sıra sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
Tekerrür	2	0.70	
Çeşit	54	6.85	9.54**
Hata	108	0.72	
Toplam	164		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli  
Varyasyon Katsayısı : %5.37

Denemede yer alan genotiplerin koçanda sıra sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.15'de verilmiştir.

Çizelge 4.15'de görüldüğü gibi, koçanda sıra sayıları 12.67 ile 18.33 sıra arasında değişmiştir. Melezler içinde en az sıra sayısı 13.33 sıra ile ADK-720xADK-908 ve ADK-720xADK-913 kombinasyonlarında, en fazla sıra sayısı 18.33 sıra ile ADK-707xADK-819, ADK-707xADK-859 ve ADK-819xADK-859 kombinasyonlarında gözlenmiştir (Çizelge 4.15).

**Çizelge 4.15.** Anaç ve F<sub>1</sub>'lerin ortalama koçanda sıra sayısı ve önemlilik grupları

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Dizi Ort.
ADK-310	14.33 i-l	16.33 c-g	15.00 g-k	15.00 g-k	17.00 a-e	15.67 e-i	16.67 b-f	17.67 a-c	14.33 i-l	15.33 f-j	15.73
ADK-707		16.33 c-g	17.00 a-e	15.00 g-k	18.33 a	16.33 c-g	18.33 a	17.00 a-e	15.00 g-k	16.33 c-g	16.60
ADK-713			15.67 e-i	14.67 h-l	15.67 e-i	16.67 bf	18.00 ab	16.00 d-h	14.33 i-l	16.00 d-h	15.90
ADK-720				13.33 lm	13.37 k-m	14.67 h-l	16.00 d-h	14.67 h-l	13.33 lm	13.33 lm	14.34
ADK-819					17.33 a-d	17.33 a-d	18.33 a	17.67 a-c	15.00 g-k	16.67 b-f	16.67
ADK-848						14.00 j-m	16.67 bf	15.67 e-i	14.67 h-l	15.33 f-j	15.70
ADK-859							18.33 a	17.33 a-d	17.67 a-c	16.00 d-h	17.33
ADK-893								17.00 a-e	14.67 h-l	16.33 c-g	16.40
ADK-908									12.67 m	13.67 k-m	14.53
ADK-913										13.67 k-m	15.27
Melez Ort.	15.91										
Anaç Ort.	15.27										
Genel Ort.	15.79										
EKÖF (0.05)	1.44										

#### 4.3.2.2. Diallel varyans analizi

Koçanda sıra sayısına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri, kareler ortalamaları ve F değerleri Çizelge 4.16’da verilmiştir.

Çizelge 4.16’da görüldüğü gibi, yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi (a), dominant gen etkisi (b), ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b<sub>1</sub>” ve dominant allellerin anaçlarda dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b<sub>3</sub>” istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli, bir anaçtaki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b<sub>2</sub>” komponenti ise önemsiz bulunmuştur.

Burada hem “a”, hem de “b” komponentinin önemli bulunması koçanda sıra sayısının kontrolünde hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin önemli olduğunu ifade etmektedir. Diğer taraftan “b<sub>1</sub>”in önemli olması, F<sub>1</sub>’lerin anaçlardan farkının önemli olduğunu göstermektedir.

**Çizelge 4.16.** Koçanda sıra sayısı için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
a	9	33.42	40.25**
b	45	1.64	1.97**
b <sub>1</sub>	1	11.65	14.03**
b <sub>2</sub>	9	1.53	1.84
b <sub>3</sub>	35	1.38	1.66**
Hata	108	0.83	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.2.3. Genetik parametreler

Koçanda sıra sayısı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan “ $t=1-b/SHb$ ” değeri Çizelge 4.17’de verilmiştir.



Koçanda sıra sayısı fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansının (E) katkısı biyometrik olarak önemsizdir. Bu durum, fenotipik varyansın genetik varyanstan oluştuğuna işaret etmektedir. Yani koçanda sıra sayısı özelliği üzerinde genetik etkenlerin payının, çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.17’de ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1’den küçük (0.99) olması kısmi dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli gen varyansının (D) önemli bulunması ve eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın (D- $H_1$ ) pozitif olması eklemeli gen varyansının, dominant gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının ( $H_2/4H_1$ ) 0.25’den farklı (0.36) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığını göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (1.02) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve  $F_1$ ’lerin anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir.

**Çizelge 4.17.** Koçanda sıra sayısı özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri

Genetik parametre	Tahmin	Standart hata
E	0.24	±0.27
D	4.06**	±0.88
F	1.02	±2.03
$H_1$	3.95	±1.88
$H_2$	5.7**	±1.6
D- $H_1$	0.11	±1.58
$h^2$	1.22	±1.07
$(H_1/D)^{1/2}$	0.99	
$H_2/4H_1$	0.36	
KD/KR	1.29	
K	0.21	
Hg	0.73	
Hd	0.51	
$Y_r, W_r+V_r$ için r	-0.05	
$t=(1-b)/SHb$	2.31	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1’den büyük (1.29) olması dominant allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir. İncelenen özellik açısından, etkili gen çifti sayısının 1’in altında ( $K=0.21$ ) olduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesi (Hg) 0.73 ve dar anlamda kalıtım derecesi (Hd) ise

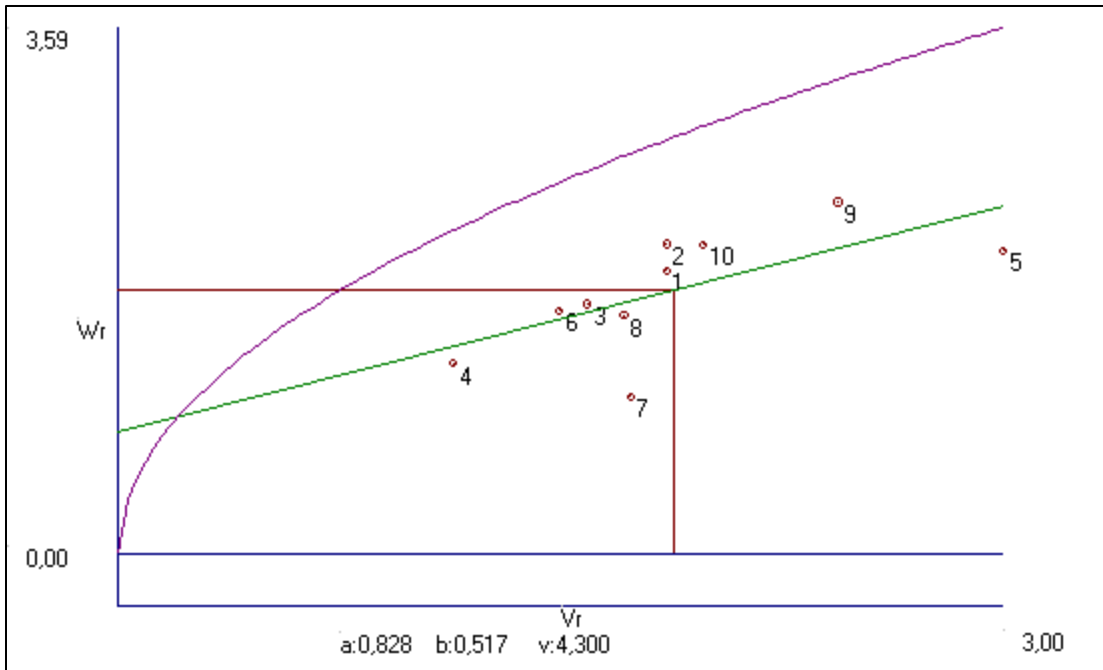
0.51 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının  $[r_{yr}, (W_r+V_r)]$  negatif (-0.05) bulunması koşunda sıra sayısının yüksek olan anaçların dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

Koçanda sıra sayısı eklemeli gen varyansının büyük olduğu sonucu, Dede ve ark. (2001), Cengiz (2006) ve Orhun (2010) tarafından da desteklenmektedir.

#### 4.3.2.4. $W_r-V_r$ grafiği

Seçilen 10 genotipe ait yarım diallel  $F_1$  generasyonlarının oluşturduğu popülasyonda koçanda sıra sayısı bakımından hesaplanan varyans ( $V_{rx}$ ) ve kovaryans ( $W_{ry}$ ) değerlerine ait  $W_r-V_r$  grafiği Şekil 4.4'te verilmiştir.

Şekil 4.4'te koçanda sıra sayısı açısından  $W_r-V_r$  grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ( $a:0.828$ ). Bu durum, incelenen özelliğin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den küçük (0.99) olması (Çizelge 4.17) da kısmi dominantlığın varlığını desteklemektedir.



1-ADK-310, 2-ADK-707, 3-ADK-713, 4-ADK-720, 5-ADK-819, 6-ADK-848, 7-ADK-859, 8-ADK-893, 9-ADK-908, 10-ADK-913

Şekil 4.4. Koçanda sıra sayısı için  $W_r/V_r$  grafiği

Grafik üzerinde anaçlara ait noktaların dağılımında 4 (ADK-720) numaralı genotipin orijine yakın olması nedeniyle bu özellik açısından daha çok dominant genleri taşıdığı ve yaklaşık 75:25 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 1 (ADK-310), 2 (ADK-707) 3 (ADK-713), 6 (ADK-848), 7 (ADK-859), 8 (ADK-893) ve 10 (ADK-913) numaralı anaçların 50:50 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 5 (ADK-819) ve 9 (ADK-908) numaralı anaçların ise 25:75 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu ve orijinden en uzakta olmaları nedeniyle resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca 7 (ADK-859) numaralı anacın regresyon hattından uzak olması epistatik gen etkisinin mevcut olabileceğini göstermektedir (Şekil 4.4).

#### 4.3.2.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneği

Çizelge 4.18’de görüldüğü gibi, hem genel kombinasyon yeteneği hem de özel kombinasyon yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel kombinasyon yeteneğinin özel kombinasyon yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel kombinasyon yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulguyu, diallel melez analizinden elde edilen (D-H<sub>1</sub>)’in pozitif olması (Çizelge 4.17) bulgusu da desteklemektedir.

**Çizelge 4.18.** Koçanda sıra sayısı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	F değeri	GKY / ÖKY
GKY	9	298.58	33.18	46.23**	21.01
ÖKY	45	71.07	1.58	2.2**	
Hata	108	77.5	0.72		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.19 incelendiğinde, en yüksek GKY etkisinin ADK-720 (0.4) anacından, en düşük GKY etkisinin ADK-848 (-1.37) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GKY etkisine sahip ADK-720 anacı fenotipik olarak 13.33 sıra ve en düşük GKY etkisine sahip ADK-848 anacı fenotipik olarak 14 koçanda sıra sayısına sahip olmuşlardır (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.19’da görüldüğü gibi, en yüksek ÖKY etkisi 2 ile ADK-859xADK-908 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer 17.67 koçanda sıra sayısı olmuştur. En düşük ÖKY etkisi gösteren melez ise -1.53 ile ADK-720xADK-819 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait koçanda sıra sayısı 13.37 bulunmuştur (Çizelge 4.15). Her anacın girdiği diziye ait ortalama özel kombinasyon yeteneği değerlerine göre, ADK-819 (0.29) genotipin dahil olduğu dizi en yüksek, ADK-893 (-0.17) genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük değeri almıştır.

#### **4.3.2.6. Heterosis ve heterobeltiosis**

Koçanda sıra sayısı özelliğinde heterosis %-12.79 ile %14.00 arasında değişmiş, ortalama heterosis değeri %4.31 olmuştur (Çizelge 4.20). Heterobeltiosis değerlerine bakıldığında, %-22.85 ile %9.50 arasında değişim göstermekte ve ortalama heterobeltiosis değeri %-2.77 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.20).

F<sub>1</sub> kombinasyonunun yapısında anaç olarak yer alan kendilenmiş hatlar ortalama performansına göre hesaplanan heterosis (Ht) değeri, anaçlardan üstün olana göre hesaplanan heterobeltiosis (Hb) değeri ile karşılaştırıldığında ıslah tekniği açısından üstün anaca göre hesaplanan heterobeltiosis daha değerlidir. Çünkü, heterobeltiosis her iki anaç performansını da aşan performansın göstergesidir.

Çizelge 4.20 incelendiğinde, ADK-848 kendilenmiş hattın girdiği melez kombinasyonlarının ortalama heterobeltiosis değeri %1.99 ile en yüksek olmuştur. Bu sonuç, bu hattın melez mısır ıslah programlarında koçanda sıra sayısını arttırıcı anaç olarak kullanılabilceğini göstermektedir.

**Çizelge 4.19.** Koçanda sıra sayısı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve  $F_1$  kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ )

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310	-1.01**	-0.12	-0.73	0.71	0.55	0.36	-0.46	1.42**	-0.05	0.36
ADK-707		-0.63**	0.36	-0.20	0.78*	-0.08	0.20	-0.16	-0.09	0.56
ADK-713			-0.25*	0.09	-0.97*	0.88*	0.69	-0.43	-0.23	0.85*
ADK-720				0.40**	-1.53**	0.51	0.13	-0.43	0.31	-0.38
ADK-819					-0.13	1.02*	0.20	0.31	-0.49	0.39
ADK-848						-1.37**	-0.43	-0.35	0.42	0.40
ADK-859							-0.58**	-0.50	2.00**	-0.65
ADK-893								-0.05	-0.32	0.56
ADK-908									-0.65**	-0.24
ADK-913										-0.93**
ÖKY Dizi Ort.	0.08	0.14	-0.04	0.09	0.29	0.12	-0.10	-0.17	-0.09	0.13
ÖKY Genel Ort.	0.05									
SH( $g_i$ ) = 0.13, KF 0.05= 0.22, KF 0.01: 0.31										
SH( $s_i$ ) = 0.45, KF 0.05= 0.75, KF 0.01: 1.06										

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

**Çizelge 4.20.** Koçanda sıra sayısına ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri

♀ / ♂		ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Ort.
ADK-310	Ht		6.52*	0	8.46*	7.39*	10.62**	2.08	12.80**	6.15	9.50**	7.06
	Hb		0	-4.28	4.68	-1.90	9.35*	-9.06**	3.94	0	6.98*	1.08
ADK-707	Ht			6.25*	1.15	8.91**	7.68*	5.77*	2.01	3.45	8.87**	5.62
	Hb			4.10	-8.14*	5.77*	0	0	0	-8.14*	0	-0.71
ADK-713	Ht				1.17	-5.03	12.37**	5.88*	-2.05	1.13	9.07**	3.20
	Hb				-6.38*	-9.58**	6.38*	-1.80	-5.88*	-8.55*	2.11	-2.65
ADK-720	Ht					-12.79**	7.35*	1.07	-3.26	2.54	-1.26	0.49
	Hb					-22.85**	4.79	-12.71**	-13.71**	0	-2.49	-6.31
ADK-819	Ht						10.63**	2.80	2.94	0	7.55*	2.49
	Hb						0	0	1.96	-13.44**	-3.81	-4.87
ADK-848	Ht							3.12**	1.10	10.01**	10.81**	8.19
	Hb							-9.06	-7.82*	4.79	9.50*	1.99
ADK-859	Ht								-1.90	14.00**	0	3.65
	Hb								-5.46*	-3.60	-12.71**	-6.04
ADK-893	Ht									-1.11	6.49*	1.89
	Hb									-13.71**	-3.94	-4.96
ADK-908	Ht										3.8	4.44
	Hb										0	-4.74
ADK-913	Ht											6.09
	Hb											-0.48

Ort. Ht: %4.31 Ort. Hb: %-2.77

$t_{0.05}=1.658, t_{0.01}=2.358$

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyondan yarım diallel varyans analiz tablosu, diallel melez analizi ve uyum yetenekleri varyans analizi yöntemlerine göre değerlendirmede eklemeli ve dominant gen varyansları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.16, 4.17, 4.18). Üç değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, D, GKY) ve dominant (b, H<sub>2</sub>, ÖKY) gen etkisi komponentlerinin önemlilikleri arasında bir benzerlik vardır.

Koçanda sıra sayısı için ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den küçük (0.99) olması ve  $W_r/V_r$  grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile anaçların ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması (-0.05), koçanda fazla sıra sayısına sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir.

#### **4.3.3. Sırada tane sayısı**

Sırada tane sayısı verilerine uygulanan; ön varyans analizi, diallel varyans analizi, genetik parametrelerin tahminlenmesi,  $W_r-V_r$  grafiğinin çizilmesi, genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin analizi ile heterosis ve heterobeltiosis değerlerinden elde edilen sonuçlar aşağıda ayrı ayrı sunulmuş, yorumlanmış ve tartışılmıştır.

##### **4.3.3.1. Ön varyans analizi**

Sırada tane sayısı için ön varyans analizine ilişkin sonuç çizelgesi (Çizelge 4.21) aşağıda verilmiştir.

Sırada tane sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizinde genotipler kareler ortalamasının 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş olması, denemenin genetik materyalinde yeterli genetik varyabilitenin bulunduğuna işaret etmektedir. Bu durum, sırada tane sayısı özelliği için biyometrik genetik değerlendirmelerin yapılabileceğini göstermektedir.

Sırada tane sayısı özelliği için varyasyon katsayısının %6.95 gibi düşük bir değer olarak tahmin edilmiş olması ise bu denemeden elde edilen verilerin deneme tekniği ilkeleri açısından sağlıklı olarak elde edildiğini ve güvenilebileceğini vurgulamaktadır.

**Çizelge 4.21.** Sırada tane sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
Tekerrür	2	18.09	
Çeşit	54	75.14	9.77**
Hata	108	7.69	
Toplam	164		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli  
Varyasyon Katsayısı : %6.95

Denemede yer alan genotiplerin sırada tane sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.22’de verilmiştir.

Çizelge 4.22’den görüldüğü gibi, sırada tane sayısı 24.33 ile 50.67 arasında değişmiştir. Melezler içinde en az sırada tane sayısı 34 ile ADK-707xADK-713 kombinasyonunda, en fazla sırada tane sayısı 50.67 ile ADK-893xADK-908 kombinasyonlarında gözlenmiştir (Çizelge 4.22).



**Çizelge 4.22.** Anaçlar ve F<sub>1</sub>'lerin ortalama sırada tane sayısı ve önemlilik grupları

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Dizi Ort.
ADK-310	35.67 p-s	39.00 k-q	39.67 hp	37.00 m-r	44.00 b-h	46.33 a-c	40.67 f-n	46.00 b-d	46.67 a-c	44.33 b-g	41.93
ADK-707		24.33 u	34.00 q-t	37.33 l-r	34.33 q-t	41.67 d-l	42.33 c-k	41.67 d-l	37.67 l-r	39.00 j-p	37.13
ADK-713			32.00 st	36.67 n-r	41.33 e-m	41.67 d-l	41.67 d-l	38.00 k-q	43.00 c-j	37.33 l-r	38.53
ADK-720				30.67 t	42.67 c-j	41.67 d-l	39.33 i-p	43.33 c-j	39.67 h-p	39.00 j-p	38.73
ADK-819					32.00 st	43.67 b-i	48.00 ab	44.33 b-g	45.67 b-e	39.00 j-p	41.50
ADK-848						36.00 o-s	40.33 g-o	41.00 f-n	43.00 c-j	46.33 a-c	42.17
ADK-859							33.33 r-t	39.33 i-p	40.00 g-p	44.33 b-g	40.93
ADK-893								39.67 h-p	50.67 a	45.00 b-f	42.90
ADK-908									30.67 t	43.00 c-j	42.00
ADK-913										31.67 st	40.90
Melez Ort.	41.57										
Anaç Ort.	32.60										
Genel Ort.	39.94										
EKÖF (0.05)	4.55										

#### 4.3.3.2. Diallel varyans analizi

Sırada tane sayısına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri, kareler ortalamaları ve F değerleri Çizelge 4.23'te verilmiştir.

Çizelge 4.23'te görüldüğü gibi, yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi (a), dominant gen etkisi (b), ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen "b<sub>1</sub>", bir anaçta dominant allellerin toplanmasını belirleyen "b<sub>2</sub>", dominant allellerin anaçlarda dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen "b<sub>3</sub>" parametresi istatistiki olarak önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.23'de biyometrik olarak önemli belirlenen "b<sub>1</sub>" alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. "b<sub>2</sub>" alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir. Burada hem "a" ve hem de "b" parametresinin önemli bulunması sırada tane sayısının kontrolünde hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin önemli olduğunu ifade etmektedir.

**Çizelge 4.23.** Sırada tane sayısı için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
a	9	116.01	15.09**
b	45	65.31	8.49**
b <sub>1</sub>	1	1958.84	254.78**
b <sub>2</sub>	9	19.69	2.56*
b <sub>3</sub>	35	22.94	2.98**
Hata	108	7.69	

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.3.3. Genetik parametreler

Sırada tane sayısı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan " $t=1-b/SHb$ " değeri Çizelge 4.24'te verilmiştir.

Sırada tane sayısı fenotipik varyansı oluşumunda çevre varyansının (E) katkısı biyometrik olarak önemsizdir. Bu durum, fenotipik varyansın genetik varyanstan oluştuğuna işaret etmektedir. Yani sırada tane sayısı özelliği üzerinde genetik etkenlerin payının, çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.24'te ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den büyük (1.97) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın  $(D-H_1)$  negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının  $(H_2/4H_1)$  0.25'e yakın (0.24) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olduğu ve o özellik için seleksiyonun başarılı olabileceği anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (15.76) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve  $F_1$ 'lerin, anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, " $H_1$ "ın " $H_2$ "den büyük olması ve " $b_2$ " alt parametresinin de önemli bulunması genlerin dağılımında bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir.

" $H_1$ " ve " $H_2$ "nin önemli bulunması ve " $D-H_1$ " değerinin negatif ve önemli çıkması sırada tane sayısı özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığını söyleyebiliriz.

**Çizelge 4.24.** Sırada tane sayısı özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri

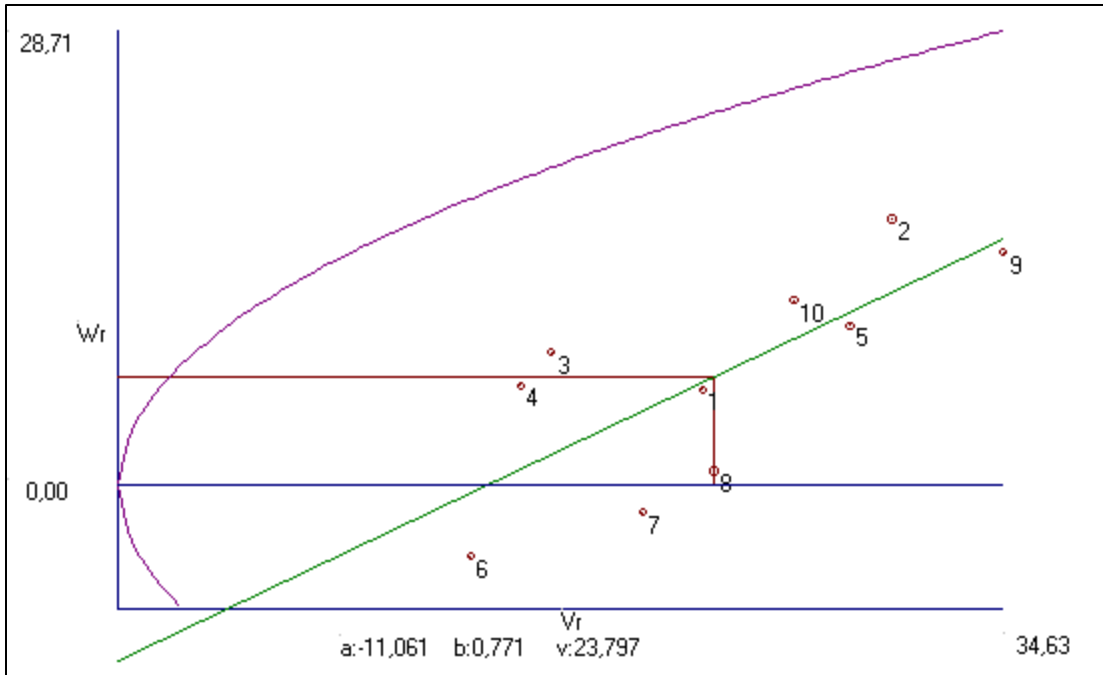
Genetik parametre	Tahmin	Standart hata
E	2.63	±3.26
D	21.17	±10.8
F	15.76	±24.92
$H_1$	82.05**	±22.99
$H_2$	79.72**	±19.54
$D-H_1$	-60.88*	±19.32
$h^2$	258.29**	±13.08
$(H_1/D)^{1/2}$	1.97	
$H_2/4H_1$	0.24	
KD/KR	1.47	
K	3.24	
Hg	0.60	
Hd	0.22	
$Y_r, W_r+V_r$ için r	-0.64	
$t=(1-b)/SHb$	0.95	

\* :0.05 düzeyinde önemli, \*\* :0.01 düzeyinde önemli

Dominant ve resesif allellerin oranının ( $KD/KR$ ) 1'den büyük (1.47) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen özellik açısından, etkili gen çifti sayısının ( $K=3.24$ ) en az 3 olduğu anlaşılmaktadır. İncelenen özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesi ( $H_g$ ) 0.6 ve dar anlamda kalıtım derecesi ( $H_d$ ) ise 0.22 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının [ $r_{yr}, (W_r+V_r)$ ] negatif olması (-0.64) sırada tane sayısı yüksek olan anaçların dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

#### 4.3.3.4. $W_r-V_r$ grafiği

Seçilen 10 genotipe ait yarım diallel  $F_1$  generasyonlarının oluşturduğu popülasyonda sırada tane sayısı bakımından hesaplanan varyans ( $V_{rx}$ ) ve kovaryans ( $W_{ry}$ ) değerlerine ait  $W_r-V_r$  grafiği Şekil 4.5'de verilmiştir.



1-ADK-310, 2-ADK-707, 3-ADK-713, 4-ADK-720, 5-ADK-819, 6-ADK-848, 7-ADK-859, 8-ADK-893, 9-ADK-908, 10-ADK-913

Şekil 4.5. Sırada tane sayısı için  $W_r/V_r$  grafiği

Şekil 4.5’de sırada tane sayısı açısından Wr-Vr grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir (a:-11.061). Bu durum, incelenen özelliğin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1’den büyük (1.97) olması (Çizelge 4.24) da üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir.

Grafik üzerinde anaçlara ait noktaların dağılımında 6 (ADK-848) numaralı genotipin orijine yakın olması nedeniyle bu özellik açısından daha çok dominant genleri taşıdığı ve yaklaşık 75:25 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 1 (ADK-310), 3 (ADK-713), 4 (ADK-720), 7 (ADK-859) ve 8 (ADK-893) numaralı anaçların 50:50 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 2 (ADK-707), 5 (ADK-819), 9 (ADK-908) ve 10 (ADK-913) numaralı anaçların ise 25:75 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu ve orijinden en uzakta olmaları nedeniyle resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır.

#### 4.3.3.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneği

Çizelge 4.25’de görüldüğü gibi, hem genel kombinasyon yeteneği hem de özel kombinasyon yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel kombinasyon yeteneğinin özel kombinasyon yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması, genel kombinasyon yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

**Çizelge 4.25.** Sırada tane sayısı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	F değeri	GKY / ÖKY
GKY	9	1097.35	121.93	15.85**	1.85
ÖKY	45	2960.36	65.79	8.55**	
Hata	108	830.96	7.69		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.26 incelendiğinde, en yüksek GKY etkisinin ADK-713 (-4.23) anacından, en düşük GKY etkisinin ADK-908 (-11.19) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GKY etkisine sahip ADK-713 anacı fenotipik olarak sırada 32 tane sayısına ve en düşük GKY etkisine sahip ADK-908 anacı fenotipik olarak sırada 30.67 tane sayısına sahip olmuştur (Çizelge 4.22).

Çizelge 4.26'da görüldüğü gibi, en yüksek ÖKY etkisi 7.25 ile ADK-893xADK-908 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer 50.67 olmuştur. En düşük ÖKY etkisi gösteren melez ise -3.28 ile ADK-859xADK-893 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait sırada 39.33 tane sayısı bulunmuştur (Çizelge 4.22). Her anacın girdiği diziyeye ait ortalama özel kombinasyon yeteneği değerlerine göre, ADK-893 (1.15) ve ADK-848 (0.94) genotiplerinin dahil olduğu diziler en yüksek, ADK-859 (-0.59) genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük değeri almıştır.

#### **4.3.3.6. Heterosis ve heterobeltiosis**

Sırada tane sayısı özelliğinde heterosis %6.04 ile %46.95 arasında değişmiş, ortalama heterosis değeri %27.87 olmuştur (Çizelge 4.27). Heterobeltiosis değerlerine bakıldığında, %4.21 ile %44.01 arasında değişim göstermekte ve ortalama heterobeltiosis değeri %19.66 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.27).

Çizelge 4.27 incelendiğinde, ADK-908 kendilenmiş hattın girdiği melez kombinasyonlarının ortalama heterobeltiosis değeri %29.23 ile en yüksek olmuştur. Bu sonuç, bu hattın melez mısır ıslah programlarında sırada tane sayısını arttırıcı anaç olarak kullanılabilirliğini göstermektedir.

**Çizelge 4.26.** Sırada tane sayısı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve  $F_1$  kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ )

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310	-6.61**	0.51	0.31	-2.47*	2.12	3.74**	-0.64	2.42*	4.45**	2.78*
ADK-707		-8.17**	-0.27	3.05*	-2.66*	3.85**	5.51**	2.97*	0.64	2.73*
ADK-713			-4.23**	0.22	2.68*	1.99	3.18**	-2.56*	3.81**	-0.90
ADK-720				-5.69**	3.80**	2.08	0.94	2.56*	0.46	0.75
ADK-819					-9.18**	1.37	7.19**	1.15	4.45**	-1.76
ADK-848						-7.12**	-1.30	-2.90*	0.56	4.85**
ADK-859							-7.20**	-3.28**	-1.35	4.15**
ADK-893								-5.12**	7.25**	2.64*
ADK-908									-11.19**	2.10
ADK-913										-8.67**
ÖKY Dizi Ort.	0.58	0.29	0.27	0.89	0.72	0.94	-0.59	1.15	0.48	0.05
ÖKY Genel Ort.	0.48									
SH( $g_i$ ) = 0.44, KF 0.05= 0.73, KF 0.01: 1.04										
SH( $s_i$ ) = 1.32, KF 0.05= 2.19, KF 0.01: 3.11										

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

**Çizelge 4.27.** Sırada tane sayısına ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri

♀ / ♂		ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Ort.
ADK-310	Ht		30.00**	17.25**	11.55*	30.04**	29.29**	17.88**	22.11**	40.70**	31.66**	25.61
	Hb		9.34*	11.21*	3.73	23.35**	28.69**	14.02**	15.96**	30.84**	24.28**	17.94
ADK-707	Ht			20.72**	35.75**	21.89**	38.14**	46.83**	30.22**	36.98**	39.29***	33.31
	Hb			6.25	21.72**	7.28	15.75**	27.00**	5.04	22.82**	23.14**	15.37
ADK-713	Ht				17.03**	29.16**	22.56**	27.57**	6.04	37.23**	17.26**	21.65
	Hb				14.59**	29.16**	15.75**	25.02**	-4.21	34.38**	16.66**	16.53
ADK-720	Ht					36.17**	25.00**	22.91**	23.20**	29.34**	25.12**	25.12
	Hb					33.34**	15.75**	18.00**	9.23*	29.34**	23.14**	18.76
ADK-819	Ht						28.44**	46.95**	23.71**	45.75**	22.51**	31.62
	Hb						21.31**	44.01**	11.75**	42.72**	21.88**	26.09
ADK-848	Ht							16.34**	8.37*	28.99**	36.93**	26.01
	Hb							12.03*	3.35	19.44**	28.69**	17.86
ADK-859	Ht								7.75*	25.00**	36.40**	27.51
	Hb								-0.86	20.01**	33.00**	21.36
ADK-893	Ht									44.07**	26.16**	21.29
	Hb									27.73**	13.44**	9.05
ADK-908	Ht										37.95**	36.22
	Hb										35.78**	29.23
ADK-913	Ht											30.36
	Hb											24.45

Ort. Ht: %27.87 Ort. Hb: %19.66

$t_{0.05}=1.658$ ,  $t_{0.01}=2.358$

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli



İncelenen popülasyonda yarım diallel varyans analiz tablosu ve kombinasyon yetenekleri varyans analizi yöntemlerine göre değerlendirmede eklemeli ve dominant gen varyansları önemli bulunmuştur (Çizelge 4.23, 4.24, 4.25). Üç değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, GKY) ve dominant (b, H<sub>2</sub>, ÖKY) gen etkisi komponentlerinin önemlilikleri arasında bir benzerlik vardır.

Sırada tane sayısı için ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den büyük (1.97) olması ve W<sub>r</sub>/V<sub>r</sub> grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile anaçların ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması (-0.64), sırada fazla tane sayısına sahip genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez popülasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.22 olarak düşük bulunmuştur.

#### **4.3.4. Tane Nemi (%)**

Tane nemi verilerine uygulanan; ön varyans analizi, diallel varyans analizi, genetik parametrelerin tahminlenmesi, W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiğinin çizilmesi, genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin analizi ile heterosis ve heterobeltiosis değerlerinden elde edilen sonuçlar aşağıda ayrı ayrı sunulmuş, yorumlanmış ve tartışılmıştır.

##### **4.3.4.1. Ön varyans analizi**

Tane nemi özelliği için varyans analizine ilişkin sonuç çizelgesi (Çizelge 4.28) aşağıda verilmiştir.

Tane nemi verilerine uygulanan ön varyans analizinde genotipler kareler ortalamasınının 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş olması; denemenin genetik materyalinde yeterli genetik varyabilitenin bulunduğuna işaret etmektedir. Bu durum, tane nemi özelliği için biyometrik genetik değerlendirmelerin yapılabileceğini göstermektedir.

Tane nemi özelliği için varyasyon katsayısının %9.57 olarak tahmin edilmiş olması bu denemeden elde edilen verilerin deneme tekniği ilkeleri açısından sağlıklı olarak elde edildiğini ve güvenilebileceğini vurgulamaktadır.

**Çizelge 4.28.** Tane nemi (%) verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
Tekerrür	2	5.63	
Çeşit	54	15.44	5.06**
Hata	108	3.05	
Toplam	164		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli  
Varyasyon Katsayısı : %9.57

Denemede yer alan genotiplerin tane nemi ve önemlilik grupları Çizelge 4.29'da verilmiştir.

Çizelge 4.29'dan görüldüğü gibi, tane nemi %14.23 ile %24.27 arasında değişmiştir. Melezler içinde en düşük tane nemi %14.23 ile ADK-819xADK-908 kombinasyonunda, en yüksek tane nemi %22.5 ile ADK-859xADK-893 kombinasyonlarında gözlenmiştir (Çizelge 4.29).

**Çizelge 4.29.** Anaç ve F<sub>1</sub>'lerin ortalama tane nemi (%) ve önemlilik grupları

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Dizi Ort.
ADK-310	14.83 t-w	18.00 g-q	16.30 l-w	18.87 d-l	15.40 q-w	18.77 e-m	15.73 p-w	18.77 e-m	14.40 vv	15.93 n-w	16.70
ADK-707		18.63 e-o	19.03 d-l	20.13 b-g	15.87 o-w	17.73 g-s	18.70 e-n	21.30 b-e	16.23 l-w	20.00 b-h	18.56
ADK-713			16.50 l-w	17.80 g-r	14.93 s-w	17.00 j-w	17.63 g-t	18.97 d-l	15.03 r-w	18.63 e-o	17.18
ADK-720				21.33 b-e	17.27 h-u	17.23 h-u	18.77 e-m	21.00 b-f	18.23 f-p	18.47 f-p	18.91
ADK-819					16.33 l-w	19.57 c-j	18.73 e-n	20.93 b-f	14.23 w	16.63 k-w	16.99
ADK-848						18.20 f-q	19.03 d-l	20.27 b-g	17.17 i-v	21.60 a-d	18.66
ADK-859							19.87 b-i	22.50 ab	21.33 b-e	20.17 b-g	19.25
ADK-893								24.27 a	19.43 c-k	22.00 a-c	20.94
ADK-908									14.47 u-w	16.03 m-w	16.66
ADK-913										18.37 f-p	18.78
Melez Ort.	18.26										
Anaç Ort.	18.28										
Genel Ort.	18.26										
EKÖF (0.05)	2.83										

#### 4.3.4.2. Diallel varyans analizi

Tane nemine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri, kareler ortalamaları ve F değerleri Çizelge 4.30'da verilmiştir.

Çizelge 4.30'da görüldüğü gibi, yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi (a) istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunurken, dominant gen etkisi (b) ve özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen "b<sub>3</sub>" parametresi istatistiki açıdan %5 düzeyinde önemli bulunurken; ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen "b<sub>1</sub>" ve bir anaçta dominant allellerin toplanmasını belirleyen "b<sub>2</sub>" parametresi ise istatistiki açıdan önemsiz bulunmuştur.

**Çizelge 4.30.** Tane nemi (%) için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
a	9	65.95	21.07**
b	45	4.9	1.56*
b <sub>1</sub>	1	0.35	0.11
b <sub>2</sub>	9	2.56	0.82
b <sub>3</sub>	35	5.63	1.8*
Hata	108	3.13	

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.4.3. Genetik parametreler

Tane nemi için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan " $t=(1-b)/SHb$ " değeri Çizelge 4.31'de verilmiştir.

Çizelge 4.31'de tane nemi açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede " $t=(1-b)/SHb$ " değerinin (1.36) önemsiz saptanmış olması önceden kabullenilen varsayımların bu özellik açısından geçerli olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, tane nemi özelliğini etkileyen genler arasında allellik bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. Tane nemi için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen etkilerinin

varyansı (D) %5 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.31’de ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1’den büyük (1.05) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın  $(D-H_1)$  negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının  $(H_2/4H_1)$  0.25’den farklı (0.28) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen ‘F’ değerinin pozitif (7.43) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve  $F_1$ ’lerin anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir.

Dominant ve resesif allellerin oranının  $(KD/KR)$  1’den büyük (1.8) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesi  $(H_g)$  0.63 ve dar anlamda kalıtım derecesi  $(H_d)$  ise 0.55 olarak bulunmuştur.

**Çizelge 4.31.** Tane nemi (%) özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri

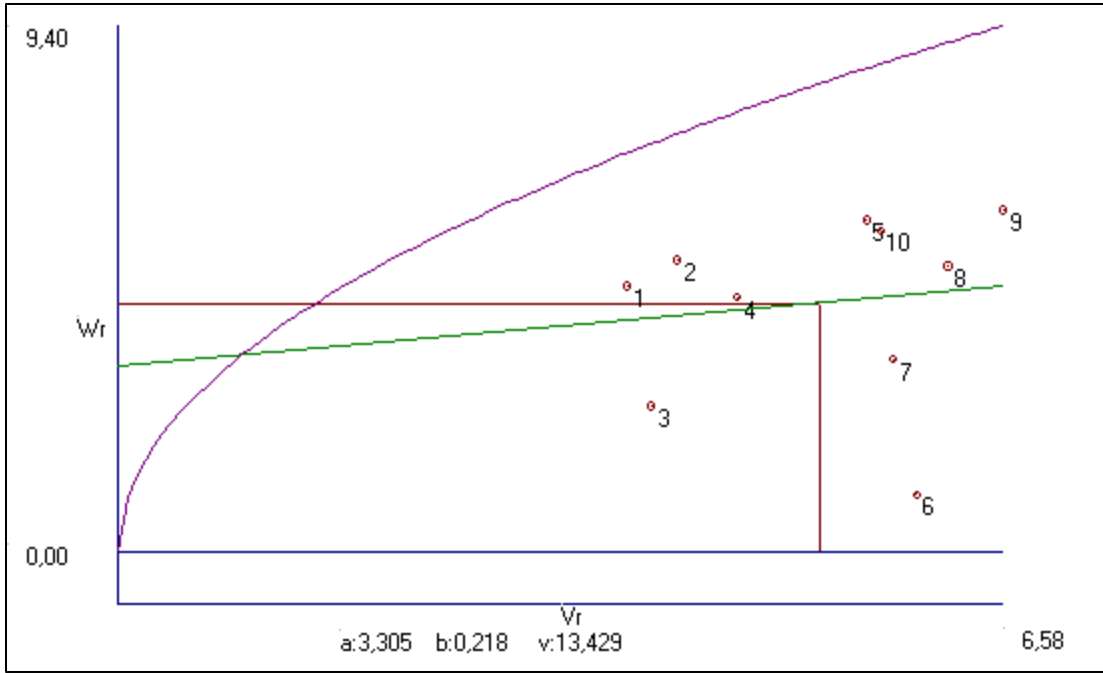
Genetik parametre	Tahmin (10x10)	Standart hata
E	1.03	±1.21
D	12.4*	±4
F	7.43	±9.22
$H_1$	13.64	±8.51
$H_2$	15.07	±7.23
$D-H_1$	-1.25	±7.15
$h^2$	-0.37	±4.84
$(H_1/D)^{1/2}$	1.05	
$H_2/4H_1$	0.28	
$KD/KR$	1.8	
K	-0.03	
$H_g$	0.63	
$H_d$	0.55	
$Y_r, W_r+V_r$ için r	0.04	
$t=(1-b)/SHb$	1.36	

\* : 0.05 düzeyinde önemli

#### 4.3.4.4. Wr-Vr grafiđi

Seçilen 10 genotipe ait yarım diallel F<sub>1</sub> generasyonlarının oluşturduđu popülasyonda bitki boyu bakımından hesaplanan varyans (V<sub>r</sub>) ve kovaryans (W<sub>r</sub>) değerlerine ait Wr-Vr grafiđi Şekil 4.6'da verilmiştir.

Şekil 4.6'da tane nemi açısından Wr-Vr grafiđi incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiđi görülmektedir (a:3.305). Bu durum, incelenen özelliđin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduđunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ((H<sub>1</sub>/D)<sup>1/2</sup>) 1'den büyük (1.05) olması (Çizelge 4.31) çelişki göstermektedir. Fakat bu durum da bu özelliđin epistatik gen etkisinde olduđu söylenebilir.



1-ADK-310, 2-ADK-707, 3-ADK-713, 4-ADK-720, 5-ADK-819, 6-ADK-848, 7-ADK-859, 8-ADK-893, 9-ADK-908, 10-ADK-913

Şekil 4.6. Tane nemi için Wr/Vr grafiđi

Grafik üzerinde anaçlara ait noktaların dağılımında 1 (ADK-310), 2 (ADK-707), 3 (ADK-713) ve 4 (ADK-720) numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu özellik açısından daha çok dominant genleri taşıdığı ve yaklaşık 75:25 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduđu, 5 (ADK-819), 6 (ADK-848), 7 (ADK-859) ve 10 (ADK-913) numaralı anaçların 50:50 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduđu, 8 (ADK-893) ve 9 (ADK-

908) numaralı anaçların ise 25:75 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu ve orijinden en uzakta olması nedeniyle resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca 6 (ADK-848) nolu genotipin regresyon hattında uzak olması epistatik gen etkisinin mevcut olabileceğini göstermektedir.

#### 4.3.4.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneği

Çizelge 4.32’de görüldüğü gibi, genel kombinasyon yeteneği %1 düzeyinde önemli çıkmasına rağmen özel kombinasyon yeteneği önemsiz bulunmuştur. Genel kombinasyon yeteneğinin özel kombinasyon yeteneğine oranı 1’den büyük olmuştur. Bu oranın 1’den büyük olması tane nemi özelliğinde, genel kombinasyon yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Tane nemi özelliğinin ortaya çıkmasında eklemeli gen varyansının daha hakim olduğu sonucuna Altınbaş ve ark. (1994) tarafından yapılan araştırma da desteklemektedir. Yüce ve ark. (1991) GKY/ÖKY oranını 1’den büyük bulmuşlardır.

Çizelge 4.32 incelendiğinde, en yüksek GKY etkisinin ADK-720 (1.48) anacından, en düşük GKY etkisinin ADK-913 (-0.78) anacından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GKY etkisine sahip ADK-720 anacı fenotipik olarak %21.33 tane nemi ve en düşük GKY etkisine sahip ADK-913 anacı fenotipik olarak %18.37 tane nemine sahip olmuşlardır (Çizelge 4.29).

**Çizelge 4.32.** Tane nemi (%) değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	F değeri	GKY / ÖKY
GKY	9	620.77	68.97	22.6**	14.58
ÖKY	45	213.25	4.74	1.55	
Hata	108	329.66	3.05		

\*\* :0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.33'de görüldüğü gibi, en yüksek ÖKY etkisi 3.77 ile ADK-859xADK-908 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer 17.67 koçanda sıra sayısı olmuştur. En düşük ÖKY etkisi gösteren melez ise -2.15 ile ADK-720xADK-848 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait tane nemi %17.23 bulunmuştur (Çizelge 4.33). Her anacın girdiği diziye ait ortalama özel kombinasyon yeteneği değerlerine göre, ADK-707 (0.14) genotipin dahil olduğu dizi en yüksek, ADK-908 (-0.29) genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük değeri almıştır.

#### **4.3.4.6. Heterosis ve heterobeltiosis**

Tane nemi özelliğinde heterosis %-12.83 ile %24.23 arasında değişmiş, ortalama heterosis değeri %0.04 olmuştur (Çizelge 4.34). Heterobeltiosis değerlerine bakıldığında, %-22.66 ile %17.58 arasında değişim göstermekte ve ortalama heterobeltiosis değeri %-8.30 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.34).

Çizelge 4.34 incelendiğinde, ADK-913 kendilenmiş hattın girdiği melez kombinasyonlarının ortalama heterobeltiosis değeri %-3.20 ile en yüksek olmuştur.

Tane nemi özelliğinde, Misevic ve ark. (1989) da heterosis ve heterobeltiosis ortalama değerlerini negatif olarak bulmuşlardır.



**Çizelge 4.33.** Tane nemi (%) özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve  $F_1$  kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ )

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310	-0.25	1.05*	0.67*	1.40*	-0.05	1.77*	-1.89*	-0.64*	-0.62*	-1.18*
ADK-707		-0.19	1.54*	0.80*	-1.45*	-1.13*	-0.80*	0.02	-0.65*	1.02*
ADK-713			0.33	-0.21	-1.06*	-0.54*	-0.54*	-0.98*	-0.53*	0.98*
ADK-720				1.48**	-0.57*	-2.15**	-1.24*	-0.79*	0.83*	-1.03*
ADK-819					0.52*	2.20**	0.74*	1.16*	-1.15*	-0.85*
ADK-848						-0.71**	-0.50*	-1.05*	0.24	2.57**
ADK-859							-0.30	0.55*	3.77**	0.51*
ADK-893								0.54*	0.09	0.56*
ADK-908									-0.49*	-1.02*
ADK-913										-0.78**
ÖKY Dizi Ort.	0.09	0.14	-0.28	-0.10	-0.40	-0.60	-0.18	-0.12	-0.29	-0.13
ÖKY Genel Ort.	-0.19									
SH( $g_i$ ) = 0.28, KF 0.05= 0.46, KF 0.01: 0.66										
SH( $s_i$ ) = 0.83, KF 0.05= 0.38, KF 0.01: 1.96										

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

**Çizelge 4.34.** Tane nemine (%) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri

♀ / ♂		ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Ort.
ADK-310	Ht		7.59	4.05	4.37	-1.16	13.65*	-9.34	-3.99	-1.71	-4.04	1.05
	Hb		-3.38	-1.21	-11.53*	-5.70	3.13	-20.84**	-22.66**	-2.90	-13.28*	-8.71
ADK-707	Ht			8.34*	0.75	-9.21	-3.72	-2.86	-0.70	-1.93	-0.63	-0.26
	Hb			2.15	-5.63	-14.81*	-4.83	-5.89	-12.24**	-12.88*	7.35	-5.57
ADK-713	Ht				-5.89	-9.05	-2.02	-3.05	-6.94	-2.94	6.85	-1.18
	Hb				-16.55**	-9.52	-6.59	-11.27*	-21.84**	-8.91	1.42	-8.04
ADK-720	Ht					-8.28	-12.83**	-8.88*	-7.89*	1.84	-6.95	-4.86
	Hb					-19.03**	-19.22**	-12.00*	-13.47**	-14.53**	-13.41*	-13.93
ADK-819	Ht						13.35*	3.48	3.10	-7.60	-4.15	-2.17
	Hb						7.53	-5.74	-13.76**	-12.86*	-9.47	-9.26
ADK-848	Ht							-0.03	-4.54	5.11	18.13**	3.01
	Hb							-4.23	-16.48**	-5.66	17.58**	-3.20
ADK-859	Ht								1.95	24.23**	5.49	1.22
	Hb								-7.29	7.35	1.51	-6.49
ADK-893	Ht									0.31	3.19	-1.72
	Hb									-19.94**	-9.35*	-15.23
ADK-908	Ht										-2.38	1.66
	Hb										-12.74*	-9.23
ADK-913	Ht											1.72
	Hb											-3.38

Ort. Ht: %0.04, Ort. Hb: %-8.30

$t_{0.05}=1.658$ ,  $t_{0.01}=2.358$

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda yarım diallel varyans analiz tablosu, diallel melez analizi ve uyum yetenekleri varyans analizi yöntemlerine göre değerlendirmede eklemeli gen varyansları (a, D, GKY) ve dominant gen varyansları (b, H<sub>2</sub>) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.30, 4.31, 4.32).

Tane nemi için ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den büyük (1.05) olması üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile anaçların ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması (0.04), yüksek tane nemine sahip genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez popülasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.55 olarak düşük bulunmuştur.

#### **4.3.4. Bin tane ağırlığı (g)**

Bin tane ağırlığı verilerine uygulanan; ön varyans analizi, diallel varyans analizi, genetik parametrelerin tahminlenmesi, W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiğinin çizilmesi, genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin analizi ile heterosis ve heterobeltiosis değerlerinden elde edilen sonuçlar aşağıda ayrı ayrı sunulmuş, yorumlanmış ve tartışılmıştır.

##### **4.3.5.1. Ön varyans analizi**

Bin tane ağırlığı özelliği için varyans analizine ilişkin sonuç çizelgesi (Çizelge 4.35) aşağıda verilmiştir.

Bin tane ağırlığı verilerine uygulanan ön varyans analizinde genotipler kareler ortalamasının 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş olması; denemenin genetik materyalinde yeterli genetik varyabilitenin bulunduğuna işaret etmektedir. Bu durum, bin tane ağırlığı özelliği için biyometrik genetik değerlendirmelerin yapılabileceğini göstermektedir.

**Çizelge 4.35.** Bin tane ağırlığı (g) verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
Tekerrür	2	422.84	
Çeşit	54	2831.97	3.45**
Hata	108	819.96	
Toplam	164		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Varyasyon Katsayısı : %8.16

Bin tane ağırlığı özelliği için varyasyon katsayısının %8.16 gibi düşük bir değer olarak tahmin edilmiş olması ise bu denemeden elde edilen verilerin deneme tekniği ilkeleri açısından sağlıklı olarak elde edildiğini ve güvenilebileceğini vurgulamaktadır.

Denemede yer alan genotiplerin bin tane ağırlığı (g) ve önemlilik grupları Çizelge 4.36'da verilmiştir.

Çizelge 4.36'dan görüldüğü gibi, bin tane ağırlıkları 286.33 g ile 425 g arasında değişmiştir. Melezler içinde en düşük bin tane ağırlığı 286.33 g ile ADK-310xADK-859 kombinasyonunda, en yüksek bin tane ağırlığı 425 g ile ADK-720xADK-908 kombinasyonunda gözlenmiştir (Çizelge 4.36).

**Çizelge 4.36.** Anaç ve F<sub>1</sub>'lerin ortalama bin tane ağırlığı (g) ve önemlilik grupları

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Dizi Ort.
ADK-310	297.67 r-t	313.00 n-t	390.00 a-e	359.33 d-n	344.33 e-q	371.33 b-k	286.33 t	342.67 f-s	353.67 d-p	345.67 e-q	340.40
ADK-707		296.33 st	339.00 g-s	346.00 e-q	312.00 o-t	337.67 g-s	334.67 h-s	341.33 g-s	343.67 e-r	329.33 j-t	329.30
ADK-713			331.00 i-t	360.33 d-m	412.67 a-c	380.00 a-h	354.00 d-o	375.67 b-j	413.00 a-c	375.67 b-j	373.13
ADK-720				373.00 b-j	414.00 ab	373.00 b-j	339.67 g-s	388.33 a-f	425.00 a	393.00 a-d	377.17
ADK-819					332.67 i-t	376.00 b-i	352.67 d-q	370.67 b-k	331.33 i-t	363.33 d-l	360.97
ADK-848						337.00 g-s	326.00 k-t	338.67 g-s	365.67 d-l	381.67 a-g	358.70
ADK-859							307.00 q-t	341.33 g-s	322.67 l-t	350.00 d-q	331.43
ADK-893								337.00 g-s	367.00 c-l	338.00 g-s	354.07
ADK-908									314.33 m-t	347.00 d-q	358.33
ADK-913										307.33 p-t	353.10
Melez Ort.	357.03										
Anaç Ort.	323.33										
Genel Ort.	350.90										
EKÖF (0.05)	46.34										

#### 4.3.5.2. Diallel varyans analizi

Bin tane ağırlığına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri, kareler toplamı, kareler ortalamaları ve “F” değerleri Çizelge 4.37’de verilmiştir.

Çizelge 4.37’de görüldüğü gibi, yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi (a), dominant gen etkisi (b), ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b<sub>1</sub>” istatistiki olarak %1 düzeyinde önemli bulunmuştur. Bir anaçtaki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b<sub>2</sub>”, dominant allellerin anaçlarda dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b<sub>3</sub>” parametreleri istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur.

Hem “a” hem de “b” komponentinin önemli bulunması bin tane ağırlığı özelliğinin kontrolünde hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin önemli olduğunu ifade eder.

Çizelge 4.37’de biyometrik olarak önemli belirlenen “b<sub>1</sub>” alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir.

**Çizelge 4.37.** Bin tane ağırlığı (g) için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
a	9	8072.24	9.84**
b	45	1783.91	2.18**
b <sub>1</sub>	1	27704.89	33.79**
b <sub>2</sub>	9	1048.26	1.28
b <sub>3</sub>	35	1232.48	1.5
Hata	108	819.96	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.5.3. Genetik parametreler

Bin tane ağırlığı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan “ $t=1-b/SHb$ ” değeri Çizelge 4.38’de verilmiştir.

Çizelge 4.38’de bin tane ağırlığı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “ $t$ ” değeri istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli ( $t=1-b/SHb=3.25$ ) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için bin tane ağırlığı özelliğini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük  $W_r-V_r$  değerine sahip dizileri oluşturan anaçlar (ADK-707, ADK-913 ve ADK-893) ve melezleri sırasıyla teker teker çıkartılmış sadece ADK-893 anacı ve melezleri analiz dışında bırakıldığında 9x9 diallel şeması üzerinden yapıldığında “ $t$ ” değeri önemsiz ( $t=1-b/SHb=2.6$ ) çıkmış ve bin tane ağırlığı özelliği açısından varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur.

Bin tane ağırlığı fenotipik varyansı oluşumunda çevre varyansının (E) katkısı biyometrik olarak önemsizdir. Bu durum, fenotipik varyansın genetik varyanstan oluştuğuna işaret etmektedir. Yani bin tane ağırlığı özelliği üzerinde genetik etkenlerin payının, çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.38’de ortalama dominantlık derecesinin ( $(H_1/D)^{1/2}$ ) 1’den büyük (2.4) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın ( $D-H_1$ ) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının ( $H_2/4H_1$ ) 0.25’e çok yakın (0.23) bulunması, popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olduğu ve bin tane ağırlığı özelliği bakımından yapılacak seleksiyonun başarı oranının yüksek olacağı sonucuna varmak mümkündür. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (489.09) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve  $F_1$ ’lerin anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, “ $H_1$ ”ın “ $H_2$ ”den büyük olması genlerin dağılımında bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir.

Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (1.28) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen özellik açısından, etkili gen çifti sayısının 1'in altında olmasından dolayı ( $K=0.86$ ) etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesi ( $H_g$ ) 0.56 ve dar anlamda kalıtım derecesi ( $H_d$ ) ise 0.13 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının [ $r_{yr}, (W_r+V_r)$ ] pozitif olması (0.13) bin tane ağırlığı fazla olan anaçların resesif genlere sahip olduğunu göstermektedir.

**Çizelge 4.38.** Bin tane ağırlığı özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri

Genetik parametre	Tahmin (10x10)	Standart hata	Tahmin (9x9)	Standart hata
E	270.91	±297.76	296.18	±349.2
D	775.27	±987.57	840.64	±1104.28
F	552.57	±2278.62	489.09	±2576.07
H <sub>1</sub>	4344.47	±2102.13	4839.42	±2437.33
H <sub>2</sub>	3879.03	±1786.58	4441.41	±2095.22
D-H <sub>1</sub>	-3569.2	±1766.87	-3998.77	±2069.56
h <sup>2</sup>	3559.5	±1195.87	3836.97	±1403.61
(H <sub>1</sub> /D) <sup>1/2</sup>	2.37		2.4	
H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	0.22		0.23	
KD/KR	1.35		1.28	
K	0.92		0.86	
H <sub>g</sub>	0.56		0.56	
H <sub>d</sub>	0.14		0.13	
Y <sub>r</sub> , W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> için r	0.01		0.13	
t=(1-b)/SHb	3.25*		2.6	

\* : 0.05 düzeyinde önemli

#### 4.3.5.4. W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği

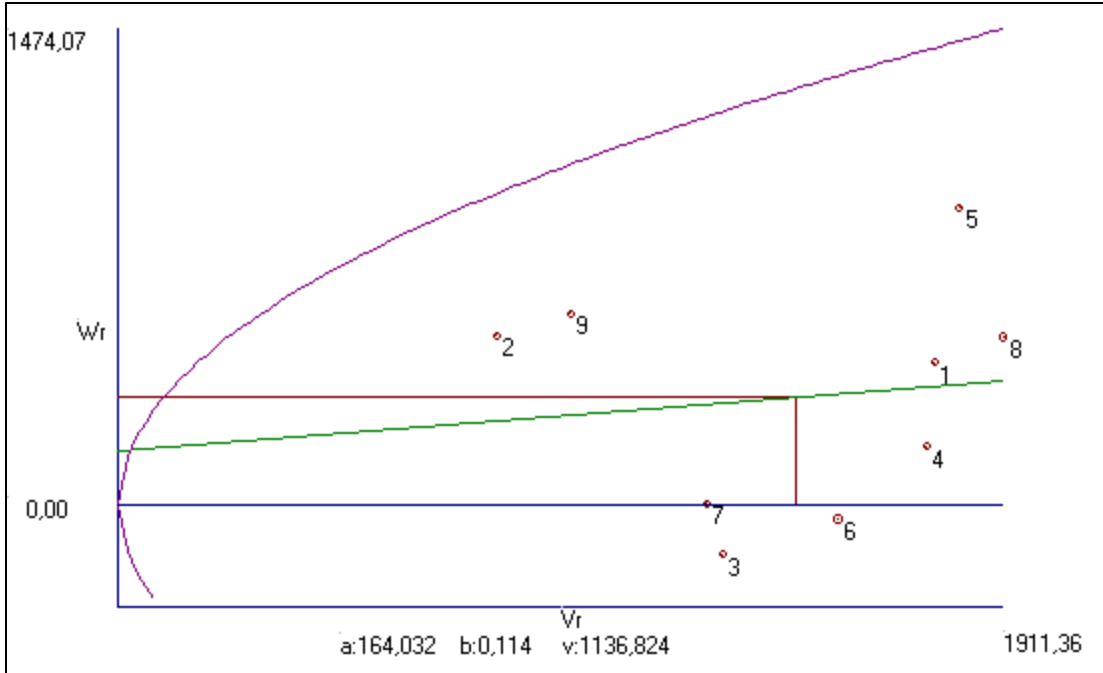
Bin tane ağırlığı özelliği için varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden incelendiğinden dolayı, 9 genotipe ait yarım diallel F<sub>1</sub> generasyonlarının oluşturduğu popülasyonda bin tane ağırlığı bakımından hesaplanan varyans (V<sub>rx</sub>) ve kovaryans (W<sub>ry</sub>) değerlerine ait W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği Şekil 4.7'de verilmiştir.

Şekil 4.7'de bin tane ağırlığı açısından W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir (a:164.032). Bu durum, incelenen özelliğin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir.



Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin  $((H1/D)^{1/2})$  1'den büyük (2.4) olması (Çizelge 4.38) çelişki göstermektedir. Fakat bu durum da bu özelliğin epistatik gen etkisinde olduğu söylenebilir.

Grafik üzerinde anaçlara ait noktaların dağılımında 2 (ADK-707) ve 9 (ADK-913) numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu özellik açısından daha çok dominant genleri taşıdığı ve yaklaşık 75:25 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 3 (ADK-713), 6 (ADK-848) ve 7 (ADK-859) numaralı anaçların 50:50 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 1 (ADK-310), 4 (ADK-720), 5 (ADK-819) ve 8 (ADK-908) numaralı anaçların ise 25:75 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu ve orijinden en uzakta olması nedeniyle resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır. 3 (ADK-713), 6 (ADK-848) ve 5 (ADK-819) numaralı anaçlar regresyon hattından uzak olması epistatik gen etkisinin mevcut olabileceğini göstermektedir.



1-ADK-310, 2-ADK-707, 3-ADK-713, 4-ADK-720, 5-ADK-819, 6-ADK-848, 7-ADK-859, 8-ADK-908, 9-ADK-913

Şekil 4.7. Bin tane ağırlığı (g) için  $W_r/V_r$  grafiği

#### 4.3.5.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi

Çizelge 4.39'da görüldüğü gibi, hem genel kombinasyon yeteneđi hem de özel kombinasyon yeteneđi istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel kombinasyon yeteneđinin özel kombinasyon yeteneđine oranı 1'den büyük olmuştur. Bu oranın 1'den büyük olması, genel kombinasyon yeteneđinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Cengiz (2006), Alam ve ark. (2008) ve Orhun (2010) çalışmalarında da bin tane ağırlığı özelliđi eklemeli gen etkisinde olduğunu söylemişlerdir.

**Çizelge 4.39.** Bin tane ağırlığı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı

Varyasyon kaynađı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	F değeri	GKY / ÖKY
GKY	9	72650.12	8072.24	9.84**	4.51
ÖKY	45	80276.52	1783.92	2.18**	
Hata	108	88555.65	819.96		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.40'da görüldüğü gibi, en yüksek ÖKY etkisi 47.24 ile ADK-720xADK-908 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen değer 425g olmuştur. En düşük ÖKY etkisi gösteren melez ise -31.48 ile ADK-310xADK-859 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait bin tane ağırlığı ise 286.33g bulunmuştur (Çizelge 4.36). Her anacın girdiđi diziyeye ait ortalama özel kombinasyon yeteneđi değerlerine göre, ADK-819 (9.22) ve ADK-913 (6.61) genotiplerinin dahil olduđu diziler en yüksek, ADK-848 (-1.06) genotipinin dahil olduđu dizi ise en düşük değeri almıştır.

**Çizelge 4.40.** Bin tane ağırlığı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve  $F_1$  kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ )

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310	-26.84**	-2.15	35.43**	-2.09	-0.23	28.13*	-31.48*	3.49	12.82	9.77
ADK-707		-9.46*	-6.21	-6.07	-23.21*	3.82	26.21*	11.52	12.18	2.80
ADK-713			-53.62**	-31.15*	38.05**	6.74	6.13	6.43	42.10**	9.71
ADK-720				-25.34**	32.52**	-7.12	-15.07	12.24	47.24**	20.18
ADK-819					-31.96**	12.74	14.80	11.43	-29.57*	7.38
ADK-848						-23.90**	-10.51	-19.21	6.13	27.07*
ADK-859							-4.12	8.85	-11.48	20.80
ADK-893								-16.84**	11.49	-12.57
ADK-908									-42.84**	-5.23
ADK-913										-39.96**
ÖKY Dizi Ort.	3.60	2.27	4.56	0.35	9.22	-1.06	1.93	3.74	4.32	6.61
ÖKY Genel Ort.	3.55									
SH( $g_i$ ) = 4.53, KF 0.05= 7.51, KF 0.01: 10.68										
SH( $s_i$ ) = 13.65, KF 0.05= 22.63, KF 0.01: 32.19										

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.5.6. Heterosis ve heterobeltiosis

Bin tane ağırlığı özelliğinde heterosis %-5.29 ile %28.00 arasında değişmiş, ortalama heterosis değeri %10.41 olmuştur (Çizelge 4.41). Heterobeltiosis değerlerine bakıldığında, %-8.94 ile %24.77 arasında değişim göstermekte ve ortalama heterobeltiosis değeri %6.16 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.41).

Çizelge 4.41 incelendiğinde, ADK-713 kendilenmiş hattın girdiği melez kombinasyonlarının ortalama heterobeltiosis değeri %12.26 ile en yüksek olmuştur. Bu sonuç, bu hattın melez mısır ıslah programlarında bin tane ağırlığını arttırıcı anaç olarak kullanılabilceğini göstermektedir.

**Çizelge 4.41.** Bin tane ağırlığına (g) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeliosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri

♀ / ♂		ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Ort.
ADK-310	Ht		5.39	24.07**	7.16	9.25*	17.02**	-5.29	7.98	15.58**	14.27**	10.60
	Hb		5.15	17.82**	-3.66**	3.50	10.19*	-6.73	1.68	12.52*	12.48*	5.88
ADK-707	Ht			8.08	3.39	-0.79	6.63	10.94*	7.79	12.56*	9.11	7.01
	Hb			2.42	-7.24**	-6.21	0.20	9.01	1.28	9.33	7.16	2.34
ADK-713	Ht				2.37	24.36**	13.77**	10.97*	12.48**	28.00**	17.70**	15.76
	Hb				-3.40	24.05**	12.76*	6.95*	11.47*	24.77**	13.50**	12.26
ADK-720	Ht					17.34**	5.07	-0.10	9.39*	23.67**	15.53**	9.31
	Hb					10.99**	0*	-8.94	4.11**	13.94**	5.36**	1.24
ADK-819	Ht						12.29*	10.27*	10.70*	2.42	13.54**	11.04
	Hb						11.57*	6.01*	9.99*	-0.40	9.22**	7.64
ADK-848	Ht							1.24	0.50	12.28*	18.47**	9.70
	Hb							-3.26	0.50	8.51**	13.26**	5.97
ADK-859	Ht								6.00	3.86	13.95**	5.76
	Hb								1.28	2.65	13.88*	2.32
ADK-893	Ht									12.69**	4.92	8.05
	Hb									8.90**	0.30	4.39
ADK-908	Ht										11.64*	13.63
	Hb										10.39*	10.07
ADK-913	Ht											13.24
	Hb											9.51

Ort. Ht : %10.41, Ort. Hb : %6.16

$t_{0.05}=1.658$ ,  $t_{0.01}=2.358$

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve “b<sub>1</sub>” unsuru önemli bulunmuştur (Çizelge 4.38). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirmede de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GKY hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖKY önemli bulunmuştur (Çizelge 4.38).

W<sub>r</sub>/V<sub>r</sub> grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile anaçların ortalama değerleri arasında pozitif korelasyon bulunması (0.13), bin tane ağırlığı fazla olan genotiplerin resesif genleri taşıdığını göstermiştir. Melez popülasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.13 olarak düşük bulunmuştur.

#### **4.3.6. Çiçeklenme gün sayısı**

Çiçeklenme gün sayısı verilerine uygulanan; ön varyans analizi, diallel varyans analizi, genetik parametrelerin tahminlenmesi, W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiğinin çizilmesi, genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin analizi ile heterosis ve heterobeltiosis değerlerinden elde edilen sonuçlar aşağıda ayrı ayrı sunulmuş, yorumlanmış ve tartışılmıştır.

##### **4.3.6.1. Ön varyans analizi**

Çiçeklenme gün sayısı özelliği için varyans analizine ilişkin sonuç çizelgesi (Çizelge 4.42) aşağıda verilmiştir.

Çiçeklenme gün sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizinde genotipler kareler ortalamasının 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş olması; denemenin genetik materyalinde yeterli genetik varyabilitenin bulunduğuna işaret etmektedir. Bu durum, çiçeklenme gün sayısı özelliği için biyometrik genetik değerlendirmelerin yapılabileceğini göstermektedir.

**Çizelge 4.42.** Çiçeklenme gün sayısı verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
Tekerrür	2	30.56	
Çeşit	54	54.76	121.02**
Hata	108	0.45	
Toplam	164		

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli  
Varyasyon Katsayısı : %1.07

Çiçeklenme gün sayısı özelliği için varyasyon katsayısının %1.07 gibi düşük bir değer olarak tahmin edilmiş olması ise bu denemeden elde edilen verilerin deneme tekniği ilkeleri açısından sağlıklı olarak elde edildiğini ve güvenilebileceğini vurgulamaktadır.

Denemede yer alan genotiplerin çiçeklenme gün sayısı ve önemlilik grupları Çizelge 4.43' de verilmiştir.

Çizelge 4.43'den görüldüğü gibi, çiçeklenme gün sayıları 54 ile 72 gün arasında değişmiştir. Melezler içinde çiçeklenme gün sayısı en az 54 gün ile ADK-720xADK-908 kombinasyonunda, en fazla çiçeklenme gün sayısı 70 gün ile ADK-859xADK-908 kombinasyonunda gözlenmiştir (Çizelge 4.43).

**Çizelge 4.43.** Anaçlar ve F<sub>1</sub>'lerin ortalama çiçeklenme gün sayısı ve önemlilik grupları

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Dizi Ort.
ADK-310	64 hi	57 op	59 mn	59 mn	60 lm	62 jk	61 kl	61 kl	58 no	59 mn	60.0
ADK-707		62 jk	56 pq	56 pq	57 op	62 jk	61 kl	62 jk	56 pq	62 jk	59.1
ADK-713			69 cd	61 kl	62 jk	63 ij	64 hi	64 hi	55 qr	59 mn	61.2
ADK-720				70 bc	59 mn	61 kl	63 ij	63 ij	54 r	63 ij	60.9
ADK-819					67 ef	63 ij	64 hi	66 fg	58 no	63 ij	61.9
ADK-848						67 ef	67 ef	67 ef	62 jk	66 fg	64.0
ADK-859							70 bc	68 de	70 bc	67 ef	65.5
ADK-893								71 ab	64 hi	65 gh	65.1
ADK-908									64 hi	63 ij	60.4
ADK-913										72 a	63.9
Melez Ort.	61.60										
Anaç Ort.	67.60										
Genel Ort.	62.69										
EKÖF (0.05)	1.09										



#### 4.3.6.2. Diallel varyans analizi

Çiçeklenme gün sayısına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri, kareler toplamı, kareler ortalamaları ve F değerleri Çizelge 4.44'te verilmiştir.

Çizelge 4.44'te görüldüğü gibi, yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi (a), dominant gen etkisi (b), ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen "b<sub>1</sub>", bir anaçtaki dominant allellerin toplanmasını belirleyen "b<sub>2</sub>", dominant allellerin anaçlarda dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen "b<sub>3</sub>" parametreleri istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.44'te biyometrik olarak önemli belirlenen b<sub>1</sub> alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. "b<sub>2</sub>" alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

**Çizelge 4.44.** Çiçeklenme gün sayısı için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
a	9	159.01	351.39**
b	45	33.91	74.94**
b <sub>1</sub>	1	883.64	1952.68**
b <sub>2</sub>	9	27.64	61.08**
b <sub>3</sub>	35	11.25	24.86**
Hata	108	0.45	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.6.3. Genetik parametreler

Çiçeklenme gün sayısı için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan "t=1-b/SHb" değeri Çizelge 4.45'de verilmiştir.

Çizelge 4.45’de çiçeklenme gün sayısı açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli (5.23) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için çiçeklenme gün sayısı özelliğini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük  $W_r-V_r$  değerine sahip dizileri oluşturan anaçlar (ADK-848, ADK-893, ADK-310, ADK-819 ve ADK-859) ve melezleri önce teker teker çıkartılmış “t” değeri yine önemli çıkmıştır. Sonrasında bu anaçlar ikişer ikişer, üçer üçer ve dörder dörder çıkartılmış ve hala “t” değerinin önemli olduğu görülmüştür. Son olarak; 1 (ADK-310), 5 (ADK-819), 6 (ADK-848), 7 (ADK-859) ve 8 (ADK-913) numaralı anaçlar beraber çıkartılıp analiz dışı bırakılarak değerlendirme en son 5x5 diallel şeması üzerinden yapıldığında “t” değeri önemsiz (1.07) çıkmış ve çiçeklenme gün sayısı özelliği açısından varsayımın 5x5 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur.

Çiçeklenme gün sayısı fenotipik varyansı oluşumunda çevre varyansının (E) katkısı biyometrik olarak önemsizdir. Bu durum, fenotipik varyansın genetik varyanstan oluştuğuna işaret etmektedir. Yani çiçeklenme gün sayısı özelliği üzerinde genetik etkenlerin payının, çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

Çizelge 4.45’de ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1’den büyük (2.19) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın  $(D-H_1)$  negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının  $(H_2/4H_1)$  0.25’den farklı (0.28) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen “F” değerinin pozitif (2.84) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve  $F_1$ ’lerin anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir.

“ $H_1$ ” ve “ $H_2$ ”nin önemli bulunması ve “ $D-H_1$ ” değerinin negatif ve önemli çıkması çiçeklenme gün sayısı özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığını söyleyebiliriz.

Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (1.07) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen özellik açısından, etkili gen çifti sayısının (K=2.07) en az 2 olduğu anlaşılmaktadır. İncelenen özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesi (H<sub>g</sub>) 0.89 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H<sub>d</sub>) ise 0.16 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının [r<sub>yr</sub>, (W<sub>r</sub>+V<sub>r</sub>)] pozitif (0.78) bulunması çiçeklenme gün sayısı yüksek olan anaçların dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

**Çizelge 4.45.** Çiçeklenme gün sayısı özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri

Genetik parametre	Tahmin (10x10)	Standart hata	Tahmin (5x5)	Standart hata
E	0.33	±3.5	0.33	±4.02
D	11.52	±11.6	18.27	±9.84
F	0.05	±26.77	2.84	±24.58
H <sub>1</sub>	39.8	±24.7	87.91**	±26.58
H <sub>2</sub>	45.66	±20.99	97.99**	±24.1
D-H <sub>1</sub>	-28.28	±20.76	-69.64*	±23.58
h <sup>2</sup>	116.52	±14.05	202.56**	±16.27
(H <sub>1</sub> /D) <sup>1/2</sup>	1.86		2.19	
H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	0.29		0.28	
KD/KR	1		1.07	
K	2.55		2.07	
H <sub>g</sub>	0.89		0.89	
H <sub>d</sub>	0.22		0.16	
Y <sub>r</sub> , W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> için r	0.36		0.78	
t=(1-b)/SHb	5.23**		1.07	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

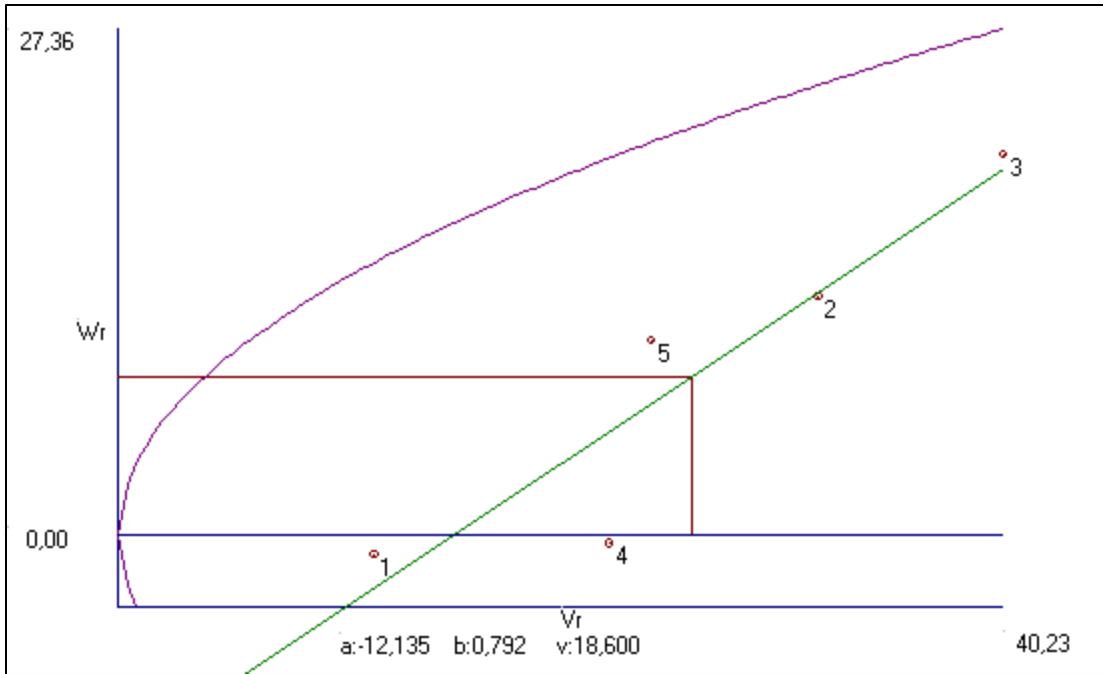
#### 4.3.6.4. W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği

Çiçeklenme gün sayısı özelliği için varsayımın 5x5 diallel şeması üzerinden incelendiğinden dolayı, 5 genotipe ait yarım diallel F<sub>1</sub> generasyonlarının oluşturduğu popülasyonda çiçeklenme gün sayısı bakımından hesaplanan varyans (V<sub>rx</sub>) ve kovaryans (W<sub>ry</sub>) değerlerine ait W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği Şekil 4.8'de verilmiştir.

Şekil 4.8'de çiçeklenme gün sayısı açısından W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir (a:-12.135). Bu

durum, incelenen özelliğin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den büyük (2.19) olması da (Çizelge 4.45) üstün dominantlığı desteklemektedir.

Grafik üzerinde anaçlara ait noktaların dağılımında 1 (ADK-707) ve 4 (ADK-908) numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu özellik açısından daha çok dominant genleri taşıdığı ve yaklaşık 75:25 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 2 (ADK-713) ve 5 (ADK-913) numaralı anaçların 50:50 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 3 numaralı anacın ise 25:75 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu ve orijinden en uzakta olması nedeniyle resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır.



1-ADK-707, 2-ADK-713, 3-ADK-720, 4-ADK-908, 5-ADK-913

Şekil 4.8. Çiçeklenme gün sayısı için  $W_r/V_r$  grafiği

#### 4.3.6.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneği

Çizelge 4.46'da görüldüğü gibi, hem genel kombinasyon yeteneği hem de özel kombinasyon yeteneği istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel kombinasyon yeteneğinin özel kombinasyon yeteneğine oranı 1'den büyük olmuştur. Bu oranın

1'den büyük olması, genel kombinasyon yeteneğinin ve dolayısıyla eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir.

Altınbaş ve ark. (1994), Altınbaş (1995), Cengiz (2006) ve Orhun (2010) tarafından yapılan araştırmada da çiçeklenme gün sayısı eklemeli gen etkilerinin daha fazla olduğunu söylemişlerdir.

Çizelge 4.46 incelendiğinde, en yüksek GK Y etkisinin ADK-720 (9.08) anacından, en düşük GK Y etkisinin ADK-848 (1.41) ve ADK-859 (1.41) anaçlarından elde edildiği görülmektedir. En yüksek GK Y etkisine sahip ADK-720 anacı fenotipik olarak 70 çiçeklenme gün sayısına ve en düşük GK Y etkisine sahip ADK-848 anacı 67 çiçeklenme gün sayısına ve ADK-859 anacı 70 çiçeklenme gün sayısına sahip olmuşlardır (Çizelge 4.43).

**Çizelge 4.46.** Çiçeklenme gün sayısı değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GK Y/ÖKY oranı

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	F değeri	GKY / ÖKY
GKY	9	1431.1	159.01	351.39**	4.69
ÖKY	45	1526.14	33.91	74.94**	
Hata	108	48.87	0.45		

\*\* :0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.47'de görüldüğü gibi, en yüksek ÖKY etkisi 6.16 ile ADK-859xADK-908 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer 70 çiçeklenme gün sayısı olmuştur. En düşük ÖKY etkisi gösteren melez ise -6.01 ile ADK-720xADK-908 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait çiçeklenme gün sayısı 54 bulunmuştur (Çizelge 4.43). Her anacın girdiği diziye ait ortalama özel kombinasyon yeteneği değerlerine göre, ADK-908 (0.13) genotipin dahil olduğu dizi en yüksek, ADK-707 (-0.34) genotipinin dahil olduğu dizi ise en düşük değeri almıştır.

**Çizelge 4.47.** Çiçeklenme gün sayısı özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve  $F_1$  kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ )

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310	5.58**	-0.51	-0.84**	-0.67*	-0.26	-0.01	-2.51**	-2.26**	-0.76**	-3.34**
ADK-707		5.41**	-2.92**	-2.76**	-2.34**	0.91**	-1.59**	-0.34	-1.84**	0.58*
ADK-713			7.74**	-0.09	0.33	-0.42	-0.92**	-0.67*	-5.17**	-4.76**
ADK-720				9.08**	-2.51**	-2.26**	-1.76**	-1.51**	-6.01**	-0.59*
ADK-819					4.91**	-0.84**	-1.34**	0.91**	-2.59**	-1.17**
ADK-848						1.41**	-0.09	0.16	-0.34	0.08
ADK-859							1.41**	-0.34	6.16**	-0.42
ADK-893								2.91**	0.41	-2.17**
ADK-908									4.91**	0.33
ADK-913										5.74**
ÖKY Dizi Ort.	-0.14	-0.34	-0.06	-0.09	0.04	-0.1	-0.28	-0.03	0.13	-0.003
ÖKY Genel Ort.	-0.09									
SH( $g_i$ ) = 0.11, KF 0.05= 0.18, KF 0.01: 0.26										
SH( $s_i$ ) = 0.32, KF 0.05= 0.53, KF 0.01: 0.75										

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.6.6. Heterosis ve heterobeltiosis

Çiçeklenme gün sayısı özelliğinde heterosis %-19.40 ile %4.48 arasında değişmiş, ortalama heterosis değeri %-8.89 olmuştur (Çizelge 4.48). Heterobeltiosis değerlerine bakıldığında, %-22.86 ile %0 arasında değişim göstermekte ve ortalama heterobeltiosis değeri %-10.37 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.48).

Çizelge 4.48 incelendiğinde, ADK-848 kendilenmiş hattın girdiği melez kombinasyonlarının ortalama heterobeltiosis değeri %-7.57 ile en yüksek olmuştur. Bu sonuç, bu hattın melez mısır ıslah programlarında çiçeklenme gün sayısını arttırıcı anaç olarak kullanılabilceğini göstermektedir.

İncelenen popülasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b<sub>1</sub>, b<sub>2</sub>, b<sub>3</sub>) önemli bulunmuştur (Çizelge 4.44). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları “H<sub>1</sub>“ ve “H<sub>2</sub>” ile “D-H<sub>1</sub>”in negatif ve önemli olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.45). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirmede de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GKY hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖKY önemli bulunmuştur (Çizelge 4.46). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954a)'ya göre yapılan analiz esas alındığında, çiçeklenme gün sayısı yönünden dominantlık varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz.

Ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den büyük (2.19) olması, W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Melez popülasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.16 olarak düşük bulunması eklemeli gen etkisinin küçük ve önemsiz olduğu anlamına geldiğinden çiçeklenme gün sayısı özelliği için dominant gen varyansının hakim olduğunu söyleyebiliriz.

**Çizelge 4.48.** Çiçeklenme gün sayısına ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri

♀ / ♂		ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Ort.
ADK-310	Ht		-9.52**	-11.28**	-11.94**	-8.40**	-5.34**	-8.96**	-9.63**	-9.38**	-13.24**	-9.74
	Hb		-10.94**	-14.49**	-15.71**	-10.45**	-7.46**	-12.86**	-14.08**	-9.38**	-18.06**	-12.60
ADK-707	Ht			-14.50**	-15.15**	-11.63**	-3.88**	-7.58**	-6.77**	-11.11**	-7.46**	-9.73
	Hb			-18.84**	-20.00**	-14.93**	-7.46**	-12.86**	-12.68**	-12.50**	-13.89**	-13.79
ADK-713	Ht				-12.23**	-8.82**	-7.35**	-7.91**	-8.57**	-17.29**	-16.31**	-11.58
	Hb				-12.86**	-10.14**	-8.70**	-8.57**	-9.86**	-20.29**	-18.06**	-13.53
ADK-720	Ht					-13.87**	-10.95**	-10.00**	-10.64**	-19.40**	-11.27**	-12.83
	Hb					-15.71**	-12.86**	-10.00**	-11.27**	-22.86**	-12.50**	-14.86
ADK-819	Ht						-5.97**	-6.57**	-4.35**	-11.45**	-9.35**	-8.93
	Hb						-5.97**	-8.57**	-7.04**	-13.43**	-12.50**	-10.97
ADK-848	Ht							-2.19**	-2.90**	-5.34**	-5.04**	-5.44
	Hb							-4.29**	-5.63**	-7.46**	-8.33**	-7.57
ADK-859	Ht								-3.55**	4.48**	-5.63**	-5.32
	Hb								-4.23**	0	-6.94**	-7.59
ADK-893	Ht									-5.19**	-9.09**	-6.74
	Hb									-9.86**	-9.72**	-9.37
ADK-908	Ht										-7.35**	-9.11
	Hb										-12.50**	-12.03
ADK-913	Ht											-9.42
	Hb											-12.5

Ort. Ht : %-8.89, Ort. Hb : %-11.48

$t_{0.05}=1.658$ ,  $t_{0.01}=2.358$

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli



#### 4.3.7. Tane verimi (kg/da)

Tane verimi verilerine uygulanan; ön varyans analizi, diallel varyans analizi, genetik parametrelerin tahminlenmesi, Wr-Vr grafiğinin çizilmesi, genel ve özel kombinasyon yeteneklerinin analizi ile heterosis ve heterobeltiosis değerlerinden elde edilen sonuçlar aşağıda ayrı ayrı sunulmuş, yorumlanmış ve tartışılmıştır.

##### 4.3.7.1. Ön varyans analizi

Tane verimi için varyans analizine ilişkin sonuç çizelgesi (Çizelge 4.49) aşağıda verilmiştir.

Tane verimi verilerine uygulanan ön varyans analizinde genotipler kareler ortalamasınının 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş olması; denemenin genetik materyalinde yeterli genetik varyabilitenin bulunduğuna işaret etmektedir. Bu durum, tane verimi özelliği için biyometrik genetik değerlendirmelerin yapılabileceğini göstermektedir.

Tane verimi özelliği için varyasyon katsayısının %14.37 olarak tahmin edilmiş olması ise bu denemeden elde edilen verilerin deneme tekniği ilkeleri açısından sağlıklı olarak elde edildiğini ve güvenilebileceğini vurgulamaktadır.

**Çizelge 4.49.** Tane verimi verilerine uygulanan ön varyans analizi değerleri

Varyasyon kaynakları	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
Tekerrür	2	152819.51	
Çeşit	54	156225.15	5.36**
Hata	108	29140.44	
Toplam	164		

Varyasyon Katsayısı : %14.37

Denemede yer alan genotiplerin tane verimi ve önemlilik grupları Çizelge 4.50'de verilmiştir.

Çizelge 4.50'den görüldüğü gibi, tane verimleri 467 (kg/da) ile 1574 (kg/da) arasında değişmiştir. Melezler içinde en düşük tane verimi 985.67 (kg/da) ile ADK-707xADK-908 kombinasyonunda, en yüksek tane verimi 1574 (kg/da) ile ADK-720xADK-819 kombinasyonunda gözlenmiştir (Çizelge 4.50).

F<sub>1</sub> kombinasyonları tane verimi en fazla olan anaçtan daha fazla tane verimine sahiptir. Bu sonuç, melez mısır ıslahında uygun genetik potansiyele sahip kendilenmiş hatlar arasında yapılan melezleme çalışmaları ile daha verimli F<sub>1</sub>'lerin elde edilebileceğini göstermektedir.

**Çizelge 4.50.** Anaçlar ve F<sub>1</sub>'lerin ortalama tane verimi ve önemlilik grupları

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Dizi Ort.
ADK-310	838.00 q-t	1162.67 f-p	1222.67 d-n	1131.33 g-p	1352.00 a-j	1428.33 a-f	1081.00 j-s	1247.00 c-n	1278.33 c-m	1249.33 c-n	1199.07
ADK-707		467.00 u	1110.00 h-q	1081.33 j-s	1071.67 k-s	1301.00 a-l	1056.67 l-s	1271.00 c-m	985.67 n-t	1193.33 e-o	1070.03
ADK-713			769.00 t	1109.00 h-q	1556.33 ab	1372.00 a-h	1283.00 b-m	1389.67 a-g	1337.00 a-k	1204.33 e-o	1235.30
ADK-720				916.00 p-t	1574.00 a	1283.00 b-m	1465.67 a-e	1521.67 a-c	1354.67 a-j	1186.00 f-p	1262.27
ADK-819					825.33 r-t	1489.67 a-d	1407.00 a-g	1335.67 a-k	1079.33 j-s	1555.00 ab	1324.60
ADK-848						937.67 o-t	1024.00 m-t	1088.67 i-r	1185.33 f-p	1308.67 a-l	1241.83
ADK-859							979.00 n-t	1075.67 k-s	1144.33 g-p	1492.00 a-d	1200.83
ADK-893								942.00 o-t	1361.33 a-i	1313.33 a-l	1254.60
ADK-908									852.00 q-t	1286.67 b-m	1186.47
ADK-913										806.00 st	1259.47
Melez Ort.	1266.81										
Anaç Ort.	833.20										
Genel Ort.	1187.97										
EKÖF (0.05)	276.09										

#### 4.3.7.2. Diallel varyans analizi

Tane verimine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri, kareler toplamı, kareler ortalamaları ve F değerleri Çizelge 4.51’de verilmiştir.

Çizelge 4.51’de görüldüğü gibi, yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi (a), dominant gen etkisi (b), ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b<sub>1</sub>”, bir anaçtaki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b<sub>2</sub>” parametreleri istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuştur. Dominant allellerin anaçlarda dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b<sub>3</sub>” parametresi ise istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur.

Çizelge 4.51’de biyometrik olarak önemli belirlenen “b<sub>1</sub>” alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. “b<sub>2</sub>” alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

**Çizelge 4.51.** Tane verimi için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler ortalaması	F değeri
a	9	149348.6	5.24**
b	45	157599.9	5.13**
b <sub>1</sub>	1	4608617	5.41**
b <sub>2</sub>	9	41638.34	158.15**
b <sub>3</sub>	35	60246.73	1.43
Hata	108	29140.44	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.7.3. Genetik parametreler

Tane verimi için hesaplanmış genetik parametreler ve bu parametreler arasındaki oranlar ile varsayımların geçerliliğinin tespitinde kullanılan “ $t=1-b/SHb$ ” değeri Çizelge 4.52’de verilmiştir.

Çizelge 4.52’de tane verimi açısından, 10x10 yarım diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede “t” değeri istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli (3.3) bulunmuştur. Bu durum, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kaldığını ve böylece varsayımın geçersiz olduğunu göstermektedir. Bu sonuca göre, 10x10 yarım diallel melez şeması için tane verimi özelliğini etkileyen genler arasında allellik olmayan bir interaksiyonun olduğu anlaşılmaktadır. En büyük  $W_r-V_r$  değerine sahip diziyi oluşturan anaç (ADK-908) ve melezleri çıkartılmış ve analiz 9x9 diallel şeması üzerinden yeniden yapılmıştır. 9x9 diallel melez şemasına göre yapılan değerlendirmede de “t” değeri (1.4) önemsiz çıkmış ve tane verimi açısından varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden geçerli olduğu bulunmuştur.

Tane verimi fenotipik varyansı oluşumunda çevre varyansının (E) katkısı biyometrik olarak önemsizdir. Bu durum, fenotipik varyansın genetik varyanstan oluştuğuna işaret etmektedir. Yani tane verimi özelliği üzerinde genetik etkenlerin payının, çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir.

**Çizelge 4.52.** Tane verimi özelliğinde genetik varyans komponentleri, ilgili oranlar ve varsayımların geçerlilik testleri

Genetik parametre	Tahmin (10x10)	Standart hata	Tahmin (9x9)	Standart hata
E	10452.55	±9884.76	11147.07	±9079.41
D	35787.76	±32784.03	36674.01	±28711.6
F	40547.95	±75642.62	38764.34	±66978.55
H <sub>1</sub>	217898.31	±69783.87	231821.65**	±63371.42
H <sub>2</sub>	191304.43	±59308.55	206479.48**	±54476.44
D-H <sub>1</sub>	-182110.55	±58654.19	-195147.63**	±53809.14
h <sup>2</sup>	605406.93	±39698.84	625653.25**	±36494.33
(H <sub>1</sub> /D) <sup>1/2</sup>	2.47		2.51	
H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	0.22		0.22	
KD/KR	1.6		1.53	
K	3.17		3.03	
H <sub>g</sub>	0.51		0.51	
H <sub>d</sub>	0.14		0.13	
Y <sub>r</sub> , W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> için r	-0.64		-0.76	
t=(1-b)/SHb	3.3**		1.4	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.52’de ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1’den büyük (2.51) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık varyansı arasındaki farkın  $(D-H_1)$  negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının  $(H_2/4H_1)$  0.25’den farklı (0.22) bulunması popülasyonda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (38764.34) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve F<sub>1</sub>’lerin anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, “H<sub>1</sub>”in “H<sub>2</sub>”den büyük olması ve “b<sub>2</sub>“ alt parametresinin de önemli bulunması genlerin dağılımında bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir.

“H<sub>1</sub>“ ve “H<sub>2</sub>”nin önemli bulunması ve “D-H<sub>1</sub>“ değerinin negatif ve önemli çıkması tane verimi özelliğinin fenotipik olarak ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığını söyleyebiliriz.

Dominant ve resesif allellerin oranının  $(KD/KR)$  1’den büyük (1.53) olması da dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir. İncelenen özellik açısından, etkili gen çifti sayısının  $(K=3.03)$  en az 3 olduğu anlaşılmaktadır. İncelenen özelliğin geniş anlamda kalıtım derecesi  $(H_g)$  0.51 ve dar anlamda kalıtım derecesi  $(H_d)$  ise 0.13 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının  $[r_{yr}, (W_r+V_r)]$  negatif (-0.76) bulunması tane verimi yüksek olan anaçların dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

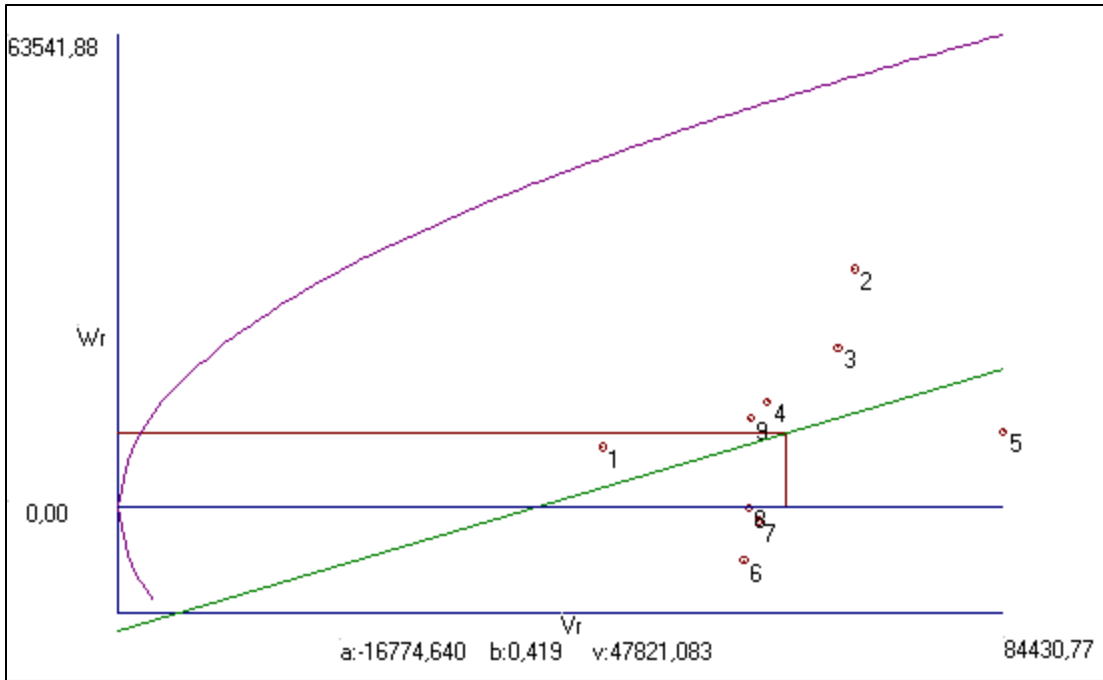
#### **4.3.7.4. W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği**

Tane verimi özelliği için varsayımın 9x9 diallel şeması üzerinden incelendiğinden dolayı, 9 genotipe ait yarım diallel F<sub>1</sub> generasyonlarının oluşturduğu popülasyonda tane verimi bakımından hesaplanan varyans  $(V_{rx})$  ve kovaryans  $(W_{ry})$  değerlerine ait W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği Şekil 4.9’da verilmiştir.

Şekil 4.9’da tane verimi açısından W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir  $(a:-16774.64)$ . Bu durum, incelenen özelliğin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik

parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1'den büyük (2.51) olması (Çizelge 4.52) çelişki göstermektedir. Fakat bu durum da bu özelliğin epistatik gen etkisinde olduğu söylenebilir.

Grafik üzerinde anaçlara ait noktaların dağılımında 1 (ADK-310), 6 (ADK-848), 7 (ADK-859) ve 8 (ADK-893) numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle bu özellik açısından daha çok dominant genleri taşıdığı ve yaklaşık 75:25 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 3 (ADK-713), 4 (ADK-720) ve 9 (ADK-913) numaralı anaçların 50:50 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu, 2 (ADK-707) ve 5 (ADK-819) numaralı anaçların ise 25:75 (dominant allel : resesif allel) bölgesinde olduğu ve orijinden en uzakta olması nedeniyle resesif gen taşıdığı anlaşılmaktadır. 2 (ADK-707) ve 6 (ADK-848) numaralı anaçlar regresyon hattından uzak olması epistatik gen etkisinin mevcut olabileceğini göstermektedir.



1-ADK-310, 2-ADK-707, 3-ADK-713, 4-ADK-720, 5-ADK-819, 6-ADK-848, 7-ADK-859, 8-ADK-893, 9-ADK-913

Şekil 4.9 Tane verimi için  $W_r/V_r$  grafiği

#### 4.3.7.5. Genel ve özel kombinasyon yeteneđi

Çizelge 4.53'te görüldüğü gibi, hem genel kombinasyon yeteneđi hem de özel kombinasyon yeteneđi istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel kombinasyon yeteneđinin özel kombinasyon yeteneđine oranı 1'den küçük olmuştur. Bu oranın 1'den küçük olması, özel kombinasyon yeteneđinin ve dolayısıyla dominant gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu işaret etmektedir. Bu bulgu, diallel melez analizinden elde edilen (D-H<sub>1</sub>)'in negatif olması (Çizelge 4.52) bulgusu ile de desteklenmektedir.

Nevado ve Cross (1990), Konak ve ark. (1999), Dede ve ark. (2001) ve Orhun (2010) çalışmalarında GKY/ÖKY oranını 1'den küçük bulmuşlardır.

**Çizelge 4.53.** Tane verimi değerine ilişkin genel (GKY) ve özel (ÖKY) kombinasyon yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GKY/ÖKY oranı

Varyasyon kaynađı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	F değeri	GKY / ÖKY
GKY	9	1344137.39	149348.6	5.13**	0.95
ÖKY	45	7092020.67	157600.46	5.41**	

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Çizelge 4.54 incelendiğinde, en yüksek GKY etkisinin ADK-859 (-193.56) anacından, en düşük GKY etkisinin ADK-819 (-527.89) anacından elde edildiđi görülmektedir. En yüksek GKY etkisine sahip ADK-859 anacı fenotipik olarak 979kg/da ve en düşük GKY etkisine sahip ADK-819 anacı fenotipik olarak 825.33kg/da tane verimine sahip olmuşlardır (Çizelge 4.50).

Çizelge 4.54'te görüldüğü gibi, en yüksek ÖKY etkisi 264.05 ile ADK-720xADK-819 melezinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değeri 1574kg/da olmuştur. En düşük ÖKY etkisi gösteren melez ise -180.39 ile ADK-848xADK-859 kombinasyonu olmuş ve bu kombinasyona ait tane verimi 1024kg/da bulunmuştur (Çizelge 4.49). Her anacın girdiđi diziye ait ortalama özel kombinasyon yeteneđi değerlerine göre, ADK-893 (45.35) ve ADK-848 (34.22) genotiplerinin dahil olduđu diziler en yüksek, ADK-720 (-44.89) genotipinin dahil olduđu dizi ise en düşük değeri almıştır.



**Çizelge 4.54.** Tane verimi özelliğinde anaçlara ilişkin genel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $g_i$ ) ve  $F_1$  kombinasyonlarına ilişkin özel kombinasyon yetenekleri etkileri ( $s_{ij}$ )

♀ / ♂	ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913
ADK-310	-310.34**	152.77*	49.88	-76.17	101.22	236.05**	-79.45	43.72	139.33*	53.33
ADK-707		-404.45**	75.66	12.27	-40.67	247.16**	34.66	206.16**	-14.89	135.77*
ADK-713			-428.23**	-122.95	281.11**	155.27*	98.11	161.94*	173.55*	-16.12
ADK-720				-350.67**	264.05**	31.55	246.05**	259.22**	156.50*	-69.17
ADK-819					-527.89**	194.94**	130.77	29.94	-162.12*	256.55**
ADK-848						-298.56**	-180.39*	-158.56*	2.38	68.72
ADK-859							-193.56**	-139.73*	-6.78	283.88**
ADK-893								-316.23**	167.38*	62.38
ADK-908									-277.67**	100.00
ADK-913										-437.67**
ÖKY Dizi Ort.	15.42	13.41	16.92	-44.89	30.16	34.22	11.64	45.35	20.18	33.19
ÖKY Genel Ort.	17.56									
SH( $g_i$ ) = 26.99, KF 0.05= 44.75, KF 0.01: 63.64										
SH( $s_i$ ) = 81.38, KF 0.05= 134.93, KF 0.01: 191.89										

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

#### 4.3.7.6. Heterosis ve heterobeltiosis

Tane verimi özelliğinde heterosis %6.85 ile %95.23 arasında değişmiş, ortalama heterosis değeri %53.36 olmuştur (Çizelge 4.55). Tane verimi bakımından melezlerin tamamının pozitif yönde heterosis değeri göstermesi bu kombinasyonların tane verimi yönünden önemli potansiyele sahip olduğunu ve bu özellik için melez çeşit ıslahı çalışmasının başarı şansının çok yüksek olduğunu göstermektedir.

Heterobeltiosis değerlerine bakıldığında, %4.60 ile %88.57 arasında değişim göstermekte ve ortalama heterobeltiosis değeri %39.98 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.55). Tüm melez kombinasyonlarında heterobeltiosis değerleri pozitif yönde bulunmasına rağmen bütün kombinasyonlar istatistiki açıdan önemli bulunmamıştır.

F<sub>1</sub> kombinasyonunun yapısında anaç olarak yer alan kendilenmiş hatlar ortalama performansına göre hesaplanan heterosis (Ht) değeri, anaçlardan üstün olana göre hesaplanan heterobeltiosis (Hb) değeri ile karşılaştırıldığında ıslah tekniği açısından üstün anaca göre hesaplanan heterobeltiosis daha değerlidir. Çünkü, heterobeltiosis her iki anaç performansını da aşan performansın göstergesidir.

Çizelge 4.55 incelendiğinde, ADK-819 kendilenmiş hattın girdiği melez kombinasyonlarının ortalama heterobeltiosis değeri %56.78 ile en yüksek olmuştur. Bu sonuç, bu hattın melez mısır ıslah programlarında tane verimi artırıcı anaç olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

**Çizelge 4.55.** Tane verimine ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltyosis (Hb) değerleri (%) ve önemlilikleri

♀ / ♂		ADK-310	ADK-707	ADK-713	ADK-720	ADK-819	ADK-848	ADK-859	ADK-893	ADK-908	ADK-913	Ort.
ADK-310	Ht		78.19**	52.17**	29.00**	62.57**	60.88**	18.99	40.11**	51.28**	51.99**	49.46
	Hb		38.74**	45.90**	23.51*	61.34**	52.33**	10.42	32.38**	50.04**	49.08**	40.42
ADK-707	Ht			79.61**	56.37**	65.85**	85.24**	46.15**	80.41**	49.46**	87.48**	69.86
	Hb			44.34**	18.05	29.85*	38.75**	7.93	34.93**	15.69	48.06**	30.70
ADK-713	Ht				31.63**	95.23**	60.78**	46.80**	62.44**	64.96**	52.93**	60.73
	Hb				21.07	88.57**	46.32**	31.05**	47.52**	56.92**	49.42**	47.90
ADK-720	Ht					80.78**	38.43**	54.69**	63.80**	53.24**	37.75**	49.52
	Hb					71.83**	36.83**	49.71**	61.54**	47.89**	29.48*	39.99
ADK-819	Ht						68.99**	55.96**	51.15**	28.70*	90.64**	66.65
	Hb						58.87**	43.72**	41.79**	26.68*	88.41**	56.78
ADK-848	Ht							6.85	15.84	32.46**	50.11**	46.62
	Hb							4.60	15.57	26.41*	39.57**	35.47
ADK-859	Ht								11.99	25.00*	67.17**	37.07
	Hb								9.87	16.89	52.40**	25.18
ADK-893	Ht									51.76**	50.27**	47.53
	Hb									44.51**	39.42**	36.39
ADK-908	Ht										55.21**	45.79
	Hb										51.02**	37.34
ADK-913	Ht											60.39
	Hb											49.65

Ort. Ht: %53.36, Ort. Hb: %39.98

$t_{0.05}=1.658$ ,  $t_{0.01}=2.358$

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

İncelenen popülasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurlarından “b<sub>1</sub>” ve “b<sub>2</sub>” önemli bulunmuştur (Çizelge 4.51). Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyansları (H<sub>1</sub> ve H<sub>2</sub>) ile “D-H<sub>1</sub>”in negatif ve önemli olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.52). Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirmede de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GKY hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖKY önemli bulunmuştur (Çizelge 4.53). İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir. Ancak, Hayman (1954a)’ya göre yapılan analiz esas alındığında tane verimi yönünden dominantlık varyansın hakim olduğunu söyleyebiliriz.

Ortalama dominantlık derecesinin  $((H_1/D)^{1/2})$  1’den büyük (2.51) olması, W<sub>r</sub>-V<sub>r</sub> grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Kuramsal dominantlık ile anaçların ortalama değerleri arasında negatif korelasyon bulunması (-0.76), tane verimi yüksek olan genotiplerin dominant genleri taşıdığını göstermiştir. Melez popülasyonda dar anlamda kalıtım derecesi 0.13 olarak düşük bulunmuştur.

## 5. SONUÇ

Bu çalışma ile Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından mısır ıslah çalışmaları sonucunda elde edilmiş olan kendilenmiş mısır hatlarının bir kısmında, morfolojik ve moleküler markörler kullanarak bu hatların tanımlanması, mevcut varyasyonun belirlenmesi ve bu bilgiler ile halen yürütülmekte olan ıslah programlarına bir veri oluşturmak amaçlanmıştır.

### 5.1. Hatlar Arasındaki Farklılığın Morfolojik Özelliklere Göre Değerlendirilmesi

Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne ait 100 adet kendilenmiş mısır hattında, UPOV kriterlerine göre 34 özellik gözlemlenmiş ve bu özelliklere ait veriler değerlendirmeye alınmıştır. Materyal olarak kullanılan kendilenmiş mısır hatları arasında geniş bir varyasyonun olduğu görülmektedir. Bu da bize ıslah edilmiş olan bu hatların geldiği genetik kaynaklarının farklı olduğunu göstermektedir.

Gözlenen özellikler incelendiğinde;

Gövde ile yaprak arasındaki açı %99 oranında dar olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik mısır ıslahında özellikle sık ekim için ve bitkinin maksimum olarak gün ışığından faydalanmasını sağlayan bir özelliktir. Son zamanlarda bitki sıklığının artırılarak verimin de artırılması yönündeki ıslah çalışmalarında tercih edilen bir özelliktir. Araştırmada kullanılan materyalin de bu özellikte olması bu yöndeki ıslah çalışmalarının yapılabileceği anlamına gelmektedir.

Tepe püskülü çıkış zamanı incelendiğinde materyal daha çok orta, orta-geç ve geç olarak tanımlanmıştır. Ülkemiz yoğun mısır ekimi alanları dikkate alındığında yaklaşık FAO 600-750 grubu mısır çeşitleri kullanıldığından, incelenen materyalin de bu grup aralığında toplanmış olduğunu görmekteyiz. Son yıllarda ülkemiz mısır alanlarının genişlemiş olmasından dolayı iklim olarak daha kısa dönemlerde yetiştirilebilen yani FAO olum grubu düşük melez mısır çeşitlerine ihtiyaç duyulmaktadır. Bu yönde yapılacak ıslah çalışmaları için FAO olum grubu daha düşük olan kendilenmiş hatlara ihtiyaç duyulacağından, ıslah programında daha düşük olum grubuna ait genetik materyale de önem verilmesi gerektiği düşünülebilir.

Bitki boyu kısa, orta ve uzun olarak gözlemlenmiştir. Özellikle silajlık mısır ıslahında uzun boylu materyallerin kullanılması bitki biyokütlesini (biyomas) arttırması yönüyle fayda sağlayacağından, bu materyaller ile aynı zamanda silajlık mısır ıslahı çalışmalarında da kullanılabileceği anlamına gelmektedir.

Koçandaki sıra sayısının orta, fazla ve çok fazla gruplarında toplanması tane verimi ile ilgili yapılacak melez çalışmalarında daha fazla ümitvar melezlerin elde edilebileceği düşünülebilir.

Tane tipi özelliğine baktığımızda materyalin at dişi grubunda yoğunlaştığını görmekteyiz. Tane sırt renginin de yoğun olarak sarı-portakal grubunda yer alması; ıslah çalışmalarında sarı at dişi ağırlıklı çalışıldığı hakkında da bilgi vermektedir.

Morfolojik karakterizasyon çalışmaları sonucunda elde edilen verileri kullanarak popülasyonu temsil eden özellikleri öne çıkartmak ve karakterize edilen özelliklere göre gruplandırmak amacıyla istatistik analizlerden “Temel Bileşenler Analizi” gerçekleştirilmiştir. Genotiplerin benzerlik ve farklılık düzeylerinin belirlenmesi amacıyla veriler çoklu karşılaştırma analizlerinden “Kümeleme Analizi” kullanılarak gruplandırılmış ve popülasyondaki genotiplerin birbirlerine yakınlık ve uzaklık dereceleri de değerlendirilmiştir.

Temel bileşenler analizi sonucunda, genetik çeşitliliğin açıklanabilmesi için 16 morfolojik özelliğin, 34 morfolojik özellik kadar başarılı olduğu görülmüştür. Bu 16 özellik genetik çeşitliliğin %67.8’ini açıklayabileceği görülmektedir. Morfolojik olarak yapılacak tanımlama çalışmalarında belirlenen 16 özelliğin yeterli olacağı düşünülmektedir. Bunun hem zaman hem de pratiklik olarak işimizi kolaylaştıracağı düşünülmektedir.

Morfolojik özelliklere göre oluşturulan dendogram incelendiğinde öncelikle iki ana gruba ayrılmış olduğu görülmektedir. Bu gruplarda kendi içlerinde üçer alt gruba ayrılmışlardır. 1. ana grubun altında bulunan “Stiff Stalk” heterotik grubunu temsil eden FRB73 hattı bu grubun “Stiff Stalk” heterotik grubuna yakın hatlardan oluştuğunu; 2. ana grubun altında bulunan “Lancaster” heterotik grubunu temsil eden FRMo17 hattı ise bu grubun “Lancaster” heterotik grubuna yakın hatlardan oluştuğunu söyleyebiliriz.

## 5.2. Hatlar Arasındaki Farklılığın Moleküler Özelliklere Göre Değerlendirilmesi

100 kendilenmiş mısır hattı 25 SSR primeri ile yapılan genetik analizleri sonucu toplam 139 allel elde edilirken, ortalama allel sayısı 5.56 olarak tespit edilmiştir. 25 SSR primeri değerlendirildiğinde; en yüksek allel sayısı phi299852 (12 allel) primerinde, en düşük allel sayısı ise phi213984 (2 allel) primerinde bulunmuştur. Kullanılan SSR primerlerinde allel uzunluğu (bç) 71 bç ile 316 bç arasında değişmiş olup, allel büyüklüğü bakımından en kısa 71 bç uzunluğu ile phi002 lokusunda, en uzun 316 bç uzunluğu ile phi420701 lokusunda tespit edilmiştir. Ortalama PBI değeri 0.54 olup, en düşük phi033 lokusunda, en yüksek ise 0.76 phi085 lokusundan elde edilmiştir.

Genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ) ve heterozigotluk oranı (HtO) ortalamaları sırasıyla 0.60 ve 0.10 olarak bulunmuştur.

Moleküler veriler yardımıyla UPGMA yöntemine göre oluşturulan dendogram incelendiğinde morfolojik özellikler yardımı ile oluşturulan dendogram gibi iki ana gruba ayrıldığını görmekteyiz. Bu gruplar aynı şekilde FRMo17 (Lancaster) ve FRB73 (Stiff Stalk) etrafında toplanarak ayrılmışlardır.

Moleküler veriler yardımıyla oluşturulan dendogram üzerinde, benzerlik matrisi kullanılarak bir hattın diğer hatlara olan uzaklıkları hesaplanmış ve en uzak hatlar diallel melezlerinde kullanılacak anaçlar olarak tespit edilmiştir. Bu anaçlar; ADK-310, ADK-707, ADK-713, ADK-720, ADK-819, ADK-848, ADK-859, ADK-893, ADK-908 ve ADK-913 hatlarıdır.

Diallel melezleme için seçilen hatlar hem morfolojik ve hem de moleküler veriler üzerinden oluşturulan dendogramlar üzerinde incelendiğinde, morfolojik verilerle oluşturulmuş dendogram üzerinde FRB73 hattının bulunduğu yani "Stiff Stalk" heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen hatlar ADK-310, ADK-713, ADK-720, ADK-893 ve ADK-908; FRMo17 hattının bulunduğu yani "Lancaster" heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen ADK-707, ADK-819, ADK-848, ADK-859 ve ADK-913 yer almaktadır.

Moleküler verilerle oluşturulmuş dendogram üzerinde FRB73 hattının bulunduğu yani Stiff Stalk heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen hatlar ADK-707, ADK-819, ADK-859, ADK-908 ve ADK-913; FRMo17 hattının bulunduğu yani "Lancaster" heterotik grubuna yakın olduğu düşünülen ADK-310, ADK-713, ADK-720, ADK-848 ve ADK-893 yer almaktadır.

Her ne kadar dendogramlar üzerinde 2 ana grup altında 5'er hat bulunsa da bu gruplar morfolojik olarak FRB73 hattının bulunduğu yani "Stiff Stalk" heterotik grubuna yakın olan hatlar, moleküler olarak FRMo17 hattının bulunduğu yani "Lancaster" heterotik grubuna yakın; morfolojik olarak FRMo17 hattının bulunduğu yani "Lancaster" heterotik grubuna yakın olan hatlar, moleküler olarak FRB73 hattının bulunduğu yani Stiff Stalk heterotik grubuna yakın olduğu görülmüştür.

Morfolojik ve moleküler veriler arasında tam bir bağlantı bulunamamıştır. Heterotik gruplardaki hatların dağılımı görebileceğimiz iki dendogram incelendiğinde bir çok hattın farklı gruplar altında dağılım gösterdiğini görmekteyiz.

Sonuç olarak; yapılacak mısır ıslah çalışmalarında başarılı olabilmenin şartlarından biri de öncelikle ıslah materyalinin iyi tanımlanabilmesi ile mümkündür. Bu tanımlama hem morfolojik ve hem de moleküler düzeyde olması ıslah materyalinin daha etkin kullanılmasını sağlayacaktır.

### **5.3. Biyometrik Genetik Değerlendirmeler**

Bitki ıslahında başarılı olmak, çalışılan popülasyonlarla ilgili elde edilen verilerin fazlalığıyla doğru orantılıdır. Aynı zamanda bu popülasyonların genetik varyasyonlarının da geniş ve uzak olması da başarı şansını arttırmaktadır. Islah çalışmalarında önemli olan kantitatif karakterler çok genle yönetildikleri ve çevre koşullarından fazla etkilendikleri için kalımları karmaşık bir yapıdadır. Ancak bu karakterlerin ıslahında karakterlerin kalıtımına ve üzerinde çalışılan popülasyonlara ait bazı ön bilgilerin elde edilmesi gerekmektedir.



İstedığımız özelliklere sahip melezleri elde etmek için, uygun anaç ve melez kombinasyonlarının belirlenerek ümitvar popülasyonlar üzerinde çalışılması önemli bir unsurdur. Diallel melez analiz yöntemleri ile popülasyonun genetik yapısı incelenerek, karakterlerin kalıtımına ilişkin güvenilir genetik parametreler aşağıdaki yöntemlere göre tahmin edilebilmektedir;

1- Yarım diallel tabloların varyans analizleri (Jones 1965),

2- Diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi (Jinks-Hayman 1953, Hayman 1954a, b, Jinks 1954, 1956),

3- Kombinasyon yetenekleri analizleri (Griffing 1956).

Bu araştırmada, 10 kendilenmiş mısır hattı arasında yarım diallel melezleme yoluyla elde edilmiş F<sub>1</sub> generasyonu, biyometrik genetik diallel yöntemlerine göre incelenmiş, bunun yanı sıra heterosis ve heterobeltiosis değerleri de saptanmıştır. Bu bulgular yardımıyla;

1. “Diallel tabloların varyans analizi”, “diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi” ve “kombinasyon yetenekleri analizi” değerlendirme yöntemlerinin, F<sub>1</sub> generasyonunda elde edilen genetik bulgulara göre karşılaştırılması,

2. En uygun anaçların seçimi,

3. Ümitvar melezlerin seçimi ayrı ayrı tartışmaya alınmıştır.

Ele alınan popülasyonda, incelenen tüm özellikler bakımından genetik inceleme yapabilmek için yeterli varyasyonun bulunduğu uygulanan ön varyans analiziyle saptanmıştır.

İncelenen özellikler için F<sub>1</sub> generasyonu melez popülasyonlarında diallel analizin doğru uygulanabilmesi için gerekli varsayımların kontrolü, regresyon hattı eğiminin birim regresyon hattı eğiminden olan sapmasının güven sınırları dışında kalıp kalmadığına göre yapılmıştır. İncelenen özelliklerden, bitki boyu, bin tane ağırlığı, çiçeklenme gün sayısı ve tane veriminde “ $t=(1-b)/SHb$ ” değeri önemli çıkmış ve kabul edilen varsayımların bu özellikler açısından geçersiz olduğu gözlenmiştir. Regresyon hattından fazla sapma göstererek güven sınırları dışına çıkan anaç(lar) ve bunların melezleri analiz dışı bırakılarak genetik parametrelerin hesaplamaları yeniden yapılmıştır.

Anaç ve melezlerin ortalama deęerleri incelendięinde, melezlerin ortalama deęerleri bitki boyu, koçanda sıra sayısı, sırada tane sayısı, bin tane aęırlığı ve tane verimi özelliklerinde anaçların ortalama deęerlerinden yüksek; tane nemi ve çiçeklenme gün sayısı özelliklerinde düşük olduęu görülmüştür.

Diallel melez analizi ile tüm özellikler için; F<sub>1</sub> kombinasyonlarından elde edilen verilerin varyans analiz sonuçlarının önemliliklerinin karşılaştırılması Çizelge 5.1’de, genetik varyans komponentleri ve varsayımların geçerlilik testlerinin karşılaştırılması Çizelge 5.2’de, genetik varyans komponentlerine ilişkin çeşitli oranların karşılaştırılması Çizelge 5.3’te, kombinasyon yeteneklerinin önemlilikleri ve GKY/ÖKY oranlarının karşılaştırılması Çizelge 5.4’te ve ortalama heterosis ve heterobeltiosis deęerleri de Çizelge 5.5’de verilmiştir.

Tüm özellikler için yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları karşılaştırmalı olarak incelendięinde; eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneęinin tahminleyicisi (a) ve dominant gen etkisi (b) parametrelerinin önemli bulunması, bu özelliklerin fenotipik olarak ortaya çıkışında eklemeli ve eklemeli olmayan gen etkilerinin birlikte rol oynadığına işaret etmektedir. Tane nemi özellięi haricinde, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b<sub>1</sub>” alt parametresinin önemli bulunması melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu göstermektedir. Koçanda sıra sayısı, tane nemi ve bin tane aęırlığı dışındaki özellikler için allel genlerin anaçlarda simetrik dağılmadığı, bir anaçtaki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b<sub>2</sub>” alt parametresinin önemlilięinden anlaşılmaktadır. Özel kombinasyon yeteneęini belirleyen “b<sub>3</sub>” parametresi bin tane aęırlığı ve tane verimi özellięi hariç önemli bulunmuştur (Çizelge 5.1).

**Çizelge 5.1.** İncelenen tüm özellikler için elde edilen verilere uygulanan yarım diallel tabloların varyans analiz sonuçları

Özellik	Parametre	a	B	b <sub>1</sub>	b <sub>2</sub>	b <sub>3</sub>
Bitki boyu		**	**	**	**	**
Koçanda sıra sayısı		**	**	**	ÖD	**
Sırada tane sayısı		**	**	**	*	**
Tane nemi		**	*	ÖD	ÖD	*
Bin tane aęırlığı		**	**	**	ÖD	ÖD
Çiçeklenme gün sayısı		**	**	**	**	**
Tane verimi		**	**	**	**	ÖD

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli, ÖD : önemsiz

Tüm özelliklerde genetik varyans komponentleri ve varsayımların geçerlilik testleri karşılaştırmalı olarak incelendiğinde; fenotipik varyansın oluşumunda çevre varyansının (E) katkısı biyometrik olarak önemsiz bulunmuştur. Bu durum, fenotipik varyansın genetik varyanstan oluştuğuna işaret etmektedir. Yani tüm özellikler üzerinde genetik etkenlerin payının, çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir. Eklemeli gen etkisi parametresi (D), koçanda sıra sayısı ve tane nemi dışındaki özelliklerde önemsiz bulunması dominant genlerin eklemeli gen etkisinin ortaya çıkışını engellediği şeklinde (Falconer 1980) düşünülebilir. Dominant ve resesif allellerin yönü (F) parametresinin tüm özelliklerde pozitif bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta olduğunu ve F<sub>1</sub>'lerin anaçlarının ortalamalarını aştığını göstermektedir. Bitki boyu, sırada tane sayısı, çiçeklenme gün sayısı ve tane verimi özelliklerinde hem "H<sub>1</sub>" ve hem de "H<sub>2</sub>" parametresinin önemli bulunması ve bununla beraber "D-H<sub>1</sub>" parametresinin de negatif ve önemli çıkması bu özelliklerin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin önemli rol oynadığını söyleyebiliriz. Bu durum, sırada tane sayısı ve çiçeklenme gün sayısı özelliklerinin GKY/ÖKY oranının 1'den büyük bulunmasının eklemeli gen etkilerinin daha etkili olduğu anlamı ile çelişmektedir. Bu tür uyumsuzluklara allelik olmayan gen interaksiyonlarının sebep olduğu bildirilmektedir (Korkut 1981). Bitki boyu, sırada tane sayısı, çiçeklenme gün sayısı ve tane verimi özelliklerinde "h<sup>2</sup>"nin önemli olması heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisinin bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 5.2).

**Çizelge 5.2.** İncelenen tüm özellikler için genetik varyans komponentleri ve varsayımların geçerlilik testleri

Özellik	Parametre	E	D	F	H <sub>1</sub>	H <sub>2</sub>	D-H <sub>1</sub>	h <sup>2</sup>
Bitki boyu		ÖD	ÖD	ÖD(+)	**	**	**(-)	**
Koçanda sıra sayısı		ÖD	**	ÖD(+)	ÖD	**	ÖD(+)	ÖD
Sırada tane sayısı		ÖD	ÖD	ÖD(+)	**	**	*(-)	**
Tane nemi		ÖD	*	ÖD(+)	ÖD	ÖD	ÖD(-)	ÖD
Bin tane ağırlığı		ÖD	ÖD	ÖD(+)	ÖD	ÖD	ÖD(-)	ÖD
Çiçeklenme gün sayısı		ÖD	ÖD	ÖD(+)	**	**	*(-)	**
Tane verimi		ÖD	ÖD	ÖD(+)	**	**	**(-)	**

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli, ÖD : önemsiz

Genetik varyans komponentleri arasındaki oranlar incelendiğinde, sadece koçanda sıra sayısı özelliğinde kısmi dominantlık ( $(H_1/D)^{1/2} < 1$ ), diğer özelliklerde ise üstün dominantlığın ( $(H_1/D)^{1/2} > 1$ ) olduğu görülmektedir. Dominant ve resesif allellerin frekanslarının  $(H_2/4H_1)$  bitki

boyu ve sırada tane sayısı özelliklerinde eşite yakın olduğu görülmüştür. Dominant ve resesif allellerin oranından (KD/KR), incelenen tüm özellikler için dominant allellerin daha fazla olduğu anlaşılmaktadır. Bitki boyu özelliği için 4, sırada tane sayısı ve tane verimi özellikleri için 3, çiçeklenme gün sayısı özelliği için de en az 2 gen çiftinin bu özellikleri yönettiği söylenebilirken, diğer özellikler için bu değer belirlenememiştir. Eklemeli varyansa dayalı olarak tahmin edilen dar anlamda kalıtım derecesi (Hd), orta bulunan (%50 civarında) koçanda sıra sayısı ve tane nemi özelliklerinde erken generasyonlarda seleksiyona başlamak mümkündür. Diğer özelliklerde ise dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması erken dönemde seleksiyonun başarısını azaltacaktır. Bitki boyu, koçanda sıra sayısı, sırada tane sayısı ve tane verimi özelliklerinde, kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyonun ( $Y_r, W_r+V_r$  için  $r$ ) negatif olması, dominant genlerin yüksek değerli anaçlarda toplandığını; tane nemi, bin tane ağırlığı ve çiçeklenme gün sayısı özelliklerinde ise bu değerlerin pozitif bulunması dominant genlerin bu özellikleri azaltıcı yönde etkili olduğunu göstermektedir. Anaçların  $W_r/V_r$  grafiğindeki yerleri göz önünde bulundurularak ilgili özellik için ıslah amacına uygun anaçlar belirlenebilir (Çizelge 5.3).

**Çizelge 5.3.** İncelenen tüm özellikler için genetik varyans komponentlerine ilişkin çeşitli oranlar

Özellik \ Parametre	$(H_1/D)^{1/2}$	$H_2/4H_1$	KD/KR	K	Hg	Hd	$Y_r, W_r+V_r$ için $r$
Bitki boyu	4.51	0.24	1.34	4.49	0.54	0.05	-0.87
Koçanda sıra sayısı	0.99	0.36	1.29	0.21	0.73	0.51	-0.05
Sırada tane sayısı	1.97	0.24	1.47	3.24	0.60	0.22	-0.64
Tane nemi	1.05	0.28	1.80	-0.03	0.63	0.55	0.04
Bin tane ağırlığı	2.40	0.23	1.28	0.86	0.56	0.13	0.13
Çiçeklenme gün sayısı	2.19	0.28	1.07	2.07	0.89	0.16	0.78
Tane verimi	2.51	0.22	1.53	3.03	0.51	0.13	-0.76

Tane nemi hariç (sadece ÖKY önemsiz çıkmıştır) diğer özelliklerin tümünde GKY ve ÖKY 0.01 düzeyinde önemli bulunmuştur. Bitki boyu ve tane verimi özellikleri hariç GKY/ÖKY oranı 1'den büyük olarak hesaplanması bu özelliklerin fenotipik olarak ortaya çıkışında eklemeli gen varyansının daha hakim ve önemli olduğunu göstermektedir (Çizelge 5.4). Ancak sırada tane sayısı, tane nemi, bin tane ağırlığı ve çiçeklenme gün sayısı özelliklerinde negatif değer alarak dominantlık etkisinin önemini ortaya çıkaran "D-H<sub>1</sub>" parametresi ile çelişmektedir. Bu tür uyumsuzluklara allelik olmayan gen interaksiyonlarının sebep olduğu bildirilmektedir (Korkut 1981).

**Çizelge 5.4.** İncelenen tüm özellikler için kombinasyon yeteneklerinin önemlilikleri ve GKY/ÖKY oranları

Özellik	Parametre	GKY	ÖKY	GKY/ÖKY
Bitki boyu		**	**	0.66
Koçanda sıra sayısı		**	**	21.01
Sırada tane sayısı		**	**	1.85
Tane nemi		**	ÖD	14.58
Bin tane ağırlığı		**	**	4.51
Çiçeklenme gün sayısı		**	**	4.69
Tane verimi		**	**	0.95

\*\* : 0.01 düzeyinde önemli, ÖD : önemsiz

İncelenen tüm özellikler için ortalama heterosis ve heterobeltiosis değerleri Çizelge 5.5'te verilmiştir.

**Çizelge 5.5.** İncelenen tüm özellikler için ortalama heterosis ve heterobeltiosis değerleri

Özellik	Parametre	Ortalama heterosis (%)	Ortalama heterobeltiosis (%)
Bitki boyu		35.23	29.58
Koçanda sıra sayısı		4.31	-2.77
Sırada tane sayısı		27.87	19.66
Tane nemi		0.04	-8.30
Bin tane ağırlığı		10.41	6.16
Çiçeklenme gün sayısı		-8.89	-11.48
Tane verimi		53.36	39.98

Tüm özellikler için ortalama heterosis ve heterobeltiosis değerleri incelendiğinde, pozitif değerler alan bitki boyu, sırada tane sayısı, bin tane ağırlığı ve tane verimi özellikleri yönünden pozitif heterosis ve heterobeltiosis değerine sahip melezlerin çoğunlukta olduğunu ve ilgili özelliği arttırıcı yönde bir dominantlığın bulunduğunu göstermektedir (Çizelge 5.5). Ancak bu durum aynı zamanda eklemeli olmayan gen etkilerinin de hakim olduğuna işaret ettiğinden elde edilen bu üstünlüğün ileri generasyonlarda kaybolabileceği de göz önünde bulundurulmalıdır.

#### 5.4. En Uygun Anaç Seçimi

Bitki ıslahçısının yeni çeşit bulmak yolunda yapacağı çalışmalar genellikle melezleme ıslahına dayanmaktadır. Oldukça uzun süreli olan melezleme ıslahında, sonuç vermeyecek popülasyonlar üzerinde çalışmaktan kaçınılmalıdır. Bunun yolu da, anaçları amaca uygun olarak seçmektir. Anaçlarda hakim olan gen mekanizmasının, gen sayılarının ve bunların diğer anaçlarla olan kombinasyonlarından gelecek gen interaksiyonlarının belirlenmesi, ıslahçının çalışmalarında etkili ve yardımcı olacaktır (Karma 1976). Verim ve verim unsurları gibi kantitatif bazı özelliklerde, çevre koşulları varyansı ile genotipik varyans iç içe girmektedir. Bu nedenle, verim artırmaya yönelik ıslah çalışmalarında uygun anaçın seçilmesi güçtür ve özen ister.

Araştırmacılar anaç seçimi için değişik yöntemler önermişlerdir. Kantitatif özellikler için anaç seçiminde, popülasyon genetiği bakımından farklı kökenli olmak kriter olarak alınabilir (Demir ve ark. 1980). Bunun dışında, arzu edilen özellikler yönünden anaçların göstereceği farklılıklar seçim kriteri olarak alınabileceği gibi, anaçların genel kombinasyon yetenekleri etkileri de seçim kriteri olarak kullanılabilir (Ruckenbauer 1977).

Melez ıslah çalışmalarında, kombinasyon yeteneği testleri ile melezi oluşturacak anaçlar seçilebilmektedir. Melez kombinasyonu oluşturacak anaçlar genel ve özel kombinasyon yeteneklerine göre seçilirler. Bir hattın melez dölüne arzulanan performansı aktarabilme yeteneği, o hattın kombinasyon yeteneği olarak tanımlanır (Poehlman 1979).

Bu çalışmada, F<sub>1</sub> generasyonunda saptanan anaç ortalama gözlem değerlerine (OGD) ve genel kombinasyon yetenekleri etkilerine (g<sub>i</sub>) göre yapılan anaç seçimleri karşılaştırılmıştır (Çizelge 5.6).

Anaçların genel kombinasyon yetenekleri göz önüne alındığında; bitki boyu özelliği için ADK-310, ADK-908 ve ADK-913 anaçları uzun boylu, ADK-720 ve ADK-713 ise kısa boylu melezler elde etmek için ümitvar oldukları söylenebilir.

Koçanda sıra sayısını arttırmak için ADK-720 ve ADK-819 anaçları melez kombinasyonlarında anaç olarak değerlendirilebilir.

Sırada tane sayısı özelliğini arttırmak için kullanılacak anaçlar ADK-713 ve ADK-893 kendilenmiş hatları ıslah çalışmalarında kullanılabilir.

Tane nemi özelliđi için ADK-913 ve ADK-848 anaçları tane nemini düşürmek için ümitvar olduđu düşünülebilir.

Bin tane ađırlıđı özelliđi için ADK-859 ve ADK-707 anaçları bin tane ađırlıđını arttırıcı yönde melez kombinasyonlarında kullanılabilir.

Çiçeklenme gün sayısını arttırmak için kullanılacak anaçlar ADK-720 ve ADK-713 melez kombinasyonlarında geçici melezleri elde etmek için kullanılabilir. ADK-848 kendilenmiş hattı ise erkenci melezleri elde etmek için kullanılabilir.

Tane verimi özelliđi için ADK-859, ADK-908 ve ADK-848 anaçları melez kombinasyonlarında yüksek verimli melezlerin elde edilmesi için ümitvar olabileceđi söylenebilir.

**Çizelge 5.6.** İncelenen tüm özellikler için anaçların ortalama gözlem değerleri (OGD) ve genel kombinasyon yetenekleri etkilerine ( $g_i$ ) göre karşılaştırılması

	Bitki boyu		Koçanda sıra sayısı		Sırada tane sayısı		Tane nemi		Bin tane ağırlığı		Çiçeklenme gün sayısı		Tane verimi	
	OGD	$g_i$	OGD	$g_i$	OGD	$g_i$	OGD	$g_i$	OGD	$g_i$	OGD	$g_i$	OGD	$g_i$
ADK-310	197	-44.95**	14.33	-1.01**	35.67	-6.61**	14.83	-0.25	297.67	-26.84**	64	5.58**	838.00	-310.34**
ADK-707	195	-67.73**	16.33	-0.63**	24.33	-8.17**	18.63	-0.19	296.33	-9.46*	62	5.41**	467.00	-404.45**
ADK-713	187	-70.78**	15.67	-0.25*	32.00	-4.23**	16.51	0.33	331.00	-53.62	69	7.74**	769.00	-428.23**
ADK-720	207	-73.28**	13.33	0.40**	30.67	-5.69**	21.33	1.48**	373.00	-25.34**	70	9.08**	916.00	-350.67**
ADK-819	203	-67.45**	17.33	-0.13	32.00	-9.18	16.33	0.52*	332.67	-31.96**	67	4.91**	825.33	-527.89**
ADK-848	207	-62.73**	14.00	-1.37**	36.00	-7.12	18.20	-0.71*	337.00	-23.90**	67	1.41**	937.67	-298.56**
ADK-859	200	-55.78**	18.33	-0.58**	33.33	-7.20**	19.87	-0.30	307.00	-4.12	70	1.41**	979.00	-193.56**
ADK-893	227	-55.78**	17.00	-0.05	39.67	-5.12**	24.27	0.54*	337.00	-16.84**	71	2.91**	942.00	-316.23**
ADK-908	213	-48.56**	12.67	-0.65**	30.67	-11.19**	14.47	-0.49	314.33	-42.84**	64	4.91**	852.00	-277.67**
ADK-913	247	-51.89**	13.67	-0.93**	31.67	-8.67**	18.37	-0.78	307.33	-39.96*	72	5.74**	806.00	-437.67**

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli



## 5.5. Ümitvar Melezlerin Seçimi

Mısır ıslah programlarının temel amacı ticari üretim için iyileştirilmiş melezlerin geliştirilmesidir (Stangland ve ark. 1983). Melez kombinasyonlarında kendilenmiş hatların potansiyel değerini belirten en önemli göstergeleri genel ve özel kombinasyon yetenekleridir. Genel kombinasyon yeteneği (GKY) eklemeli gen etkilerine özel kombinasyon yeteneği (ÖKY) ise genlerin eklemeli olmayan etkilerine dayanmaktadır. (Poehlman 1979, Falconer 1989, Nevado ve Cross 1990).

Anaçlara ilişkin genetik bilgilerden yararlanarak kombinasyonların performansları konusunda varsayımların yapılabileceği Ruckebauer (1977) tarafından belirtilmiştir. Sonraki generasyonlar için ümitli kombinasyonların seçiminde anaç performanslarının yalnız başlarına yeterli olmadığı ise Aksel ve Johnson (1961) tarafından ileri sürülmüştür. Melezlere ait özel kombinasyon yeteneklerinden yararlanılarak üstün kombinasyonlar seçilebilir (Griffing 1956).

Genel olarak heterosisin ortaya çıkışı iki anaç arasındaki genetik farklılığa dayanmaktadır. Heterosis ve heterobeltiosis değerleri kıyaslandığında, üstün anacı da geçen melezin seçilmesi daha da önemlidir. Ancak her koşul ve çevrede bu geçerli olmayacağından ÖKY dikkate alınarak yüksek değerde heterosis ve heterobeltiosis değerine sahip melez kombinasyonlarının seçilmesi en doğru olanıdır (Cengiz 2006).

Çizelge 5.7'deki değerler incelendiğinde; bitki boyu özelliği için ADK-720xADK-848 ve ADK-720xADK-859 melezleri, koçanda sıra sayısı özelliğine göre ADK-859xADK-908 ve ADK-310xADK-893 melezleri, sırada tane sayısı için ADK-893xADK-908 ve ADK-819xADK-859 melezleri, tane nemi için ADK-720xADK-848 ve ADK-707xADK-819 melezleri, bin tane ağırlığı için ADK-720xADK-908 ve ADK-713xADK-908 melezleri, çiçeklenme gün sayısı için erkenci melezler olarak ADK-720xADK-908 ve ADK-713xADK-913; geçici melezler olarak ise ADK-859xADK-908, ADK-819xADK-893 ve ADK-707xADK-848 melezleri, tane verimi özelliği için ADK-859xADK-913, ADK-713xADK-819 ve ADK-720xADK-819 melezleri ümitvar olarak bulunmuştur.

**Çizelge 5.7.** İncelenen tüm özellikler için melezlerin ortalama gözlem değerleri (OGD) ve özel kombinasyon yetenekleri etkilerine ( $s_i$ ) göre karşılaştırılması

	Bitki boyu		Koçanda sıra sayısı		Sırada tane sayısı		Tane nemi		Bin tane ağırlığı		Çiçeklenme gün sayısı		Tane verimi	
	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$
ADK-310xADK-707	273	21.16**	16.33	-0.12	39.00	0.51	18.00	1.05	313.00	-2.15	57	-0.51*	1162.67	152.77**
ADK-310xADK-713	255	5.47	15.00	-0.73	39.67	0.31	16.30	0.67	390.00	35.43**	59	-0.84**	1222.67	49.88
ADK-310xADK-720	258	-2.45	15.00	0.71	37.00	-2.47*	18.87	1.40	359.33	-2.09	59	-0.67**	1131.33	-76.17
ADK-310xADK-819	267	10.47*	17.00	0.55	44.00	2.12	15.40	-0.05	344.33	-0.23	60	-0.26	1352.00	101.22
ADK-310xADK-848	250	-5.51	15.67	0.36	46.33	3.74**	18.77	1.77*	371.33	28.13**	62	-0.01	1428.33	236.05**
ADK-310xADK-859	263	14.63*	16.67	-0.46	40.67	-0.64	15.73	-1.89*	286.33	-31.48**	61	-2.51**	1081.00	-79.45
ADK-310xADK-893	280	17.97**	17.67	1.42**	46.00	2.42*	18.77	-0.64	342.67	3.49	61	-2.26**	1247.00	43.72
ADK-310xADK-908	270	18.25**	14.33	-0.05	46.67	4.45**	14.40	-0.62	353.67	12.82	58	-0.76**	1278.33	139.33*
ADK-310xADK-913	280	9.91	15.33	0.36	44.33	2.78**	15.93	-1.18	345.67	9.77	59	-3.34**	1249.33	53.33
ADK-707xADK-713	263	3.25	17.00	0.36	34.00	-0.27	19.03	1.54*	339.00	-6.21	56	-2.92**	1110.00	75.66
ADK-707xADK-720	285	13.66**	15.00	-0.20	37.33	3.05*	20.13	0.80	346.00	-6.07	56	-2.76**	1081.33	12.27
ADK-707xADK-819	280	13.25*	18.33	0.78	34.33	-2.66*	15.87	-1.45	312.00	-23.21*	57	-2.34**	1071.67	-40.67
ADK-707xADK-848	293	27.27**	16.33	-0.08	41.67	3.85**	17.73	-1.13	337.67	3.82	62	0.91**	1301.00	247.16**
ADK-707xADK-859	283	24.08**	18.33	0.20	42.33	5.51**	18.70	-0.80	334.67	26.21*	61	-1.59**	1056.67	34.66
ADK-707xADK-893	290	17.41**	17.00	-0.16	41.67	2.97*	21.30	0.02	341.33	11.52	62	-0.34	1271.00	206.16**
ADK-707xADK-908	262	-0.64	15.00	-0.09	37.67	0.64	16.23	-0.65	343.67	12.18	56	-1.84**	985.67	-14.89
ADK-707xADK-913	297	16.02**	16.33	0.56	39.00	2.73**	20.00	1.02	329.33	2.80	62	0.58*	1193.33	135.77*
ADK-713xADK-720	270	1.30	14.67	0.09	36.67	0.22	17.80	-0.21	360.33	-31.15**	61	-0.09	1109.00	-122.95
ADK-713xADK-819	280	15.88**	15.67	-0.97*	41.33	2.68*	14.93	-1.06	412.67	38.05**	62	0.33	1556.33	281.11**
ADK-713xADK-848	293	29.91**	16.67	0.88*	41.67	1.99	17.00	-0.54	380.00	6.74	63	-0.42	1372.00	155.27*
ADK-713xADK-859	283	26.72**	18.00	0.69	41.67	3.18*	17.63	-0.54	354.00	6.13	64	-0.92**	1283.00	98.11
ADK-713xADK-893	303	33.38**	16.00	-0.43	38.00	-2.56*	18.97	-0.98	375.67	6.43	64	-0.67**	1389.67	161.94**
ADK-713xADK-908	283	23.66**	14.33	-0.23	43.00	3.81**	15.03	-0.53	413.00	42.1**	55	-5.17**	1337.00	173.55**
ADK-713xADK-913	280	2.00	16.00	0.85*	37.33	-0.90	18.63	0.98	375.67	9.71	59	-4.76**	1204.33	-16.12
ADK-720xADK-819	300	24.63**	13.37	-1.53**	42.67	3.80**	17.27	-0.57	414.00	32.52**	59	-2.51**	1574.00	264.05**
ADK-720xADK-848	310	35.33**	14.67	0.51	41.67	2.08	17.23	-2.15*	373.00	-7.12	61	-2.26**	1283.00	31.55
ADK-720xADK-859	303	35.47**	16.00	0.13	39.33	0.94	18.77	-1.24	339.67	-15.07	63	-1.76**	1465.67	246.05**
ADK-720xADK-893	303	22.13**	14.67	-0.43	43.33	2.56*	21.00	-0.79	388.33	12.24	63	-1.51**	1521.67	259.22**
ADK-720xADK-908	283	12.41*	13.33	0.31	39.67	0.46	18.23	0.83	425.00	47.24**	54	-6.01**	1354.67	156.50*
ADK-720xADK-913	293	4.08	13.33	-0.38	39.00	0.75	18.47	-1.03	393.00	20.18	63	-0.59*	1186.00	-69.17
ADK-819xADK-848	290	19.91**	17.33	1.02*	43.67	1.37	19.57	2.20*	376.00	12.74	63	-0.84**	1489.67	194.94**
ADK-819xADK-859	282	18.38**	18.33	0.20	48.00	7.19**	18.73	0.74	352.67	14.80	64	-1.34**	1407.00	130.77*
ADK-819xADK-893	293	16.72**	17.67	0.31	44.33	1.15	20.93	1.16	370.67	11.43	66	0.91**	1335.67	29.94
ADK-819xADK-908	267	0.33	15.00	-0.49	45.67	4.45**	14.23	-1.15	331.33	-29.57**	58	-2.59**	1079.33	-162.12**
ADK-819xADK-913	300	15.33**	16.67	0.39	39.00	-1.76	16.63	-0.85	363.33	7.38	63	-1.17**	1555.00	256.55**

**Çizelge 5.7.** İncelenen tüm özellikler için melezlerin ortalama gözlem değerleri (OGD) ve özel kombinasyon yetenekleri etkilerine ( $s_i$ ) göre karşılaştırılması (devam)

	Bitki boyu		Koçanda sıra sayısı		Sırada tane sayısı		Tane nemi		Bin tane ağırlığı		Çiçeklenme gün sayısı		Tane verimi	
	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$	OGD	$s_i$
ADK-848xADK-859	250	-12.59*	16.67	-0.43	40.33	-1.30	19.03	-0.50	326.00	-10.51	67	-0.09	1024.00	-180.39**
ADK-848xADK-893	263	-12.59*	15.67	-0.35	41.00	-2.90*	20.27	-1.05	338.67	-19.21	67	0.16	1088.67	-158.56**
ADK-848xADK-908	287	21.02**	14.67	0.42	43.00	0.56	17.17	0.24	365.67	6.13	62	-0.34	1185.33	2.38
ADK-848xADK-913	307	22.69**	15.33	0.40	46.33	4.85**	21.60	2.57**	381.67	27.07**	66	0.08	1308.67	68.72
ADK-859xADK-893	245	-24.12**	17.33	-0.50	39.33	-3.28*	22.50	0.55	341.33	8.85	68	-0.34	1075.67	-139.73*
ADK-859xADK-908	267	7.83	17.67	2.00**	40.00	-1.35	21.33	3.77**	322.67	-11.48	70	6.16**	1144.33	-6.78
ADK-859xADK-913	298	21.16**	16.00	-0.65	44.33	4.15**	20.17	0.51	350.00	20.80	67	-0.42	1492.00	283.88**
ADK-893xADK-908	293	21.16**	14.67	-0.32	50.67	7.25**	19.43	0.09	367.00	11.49	64	0.41	1361.33	167.38**
ADK-893xADK-913	310	19.50**	16.33	0.56	45.00	2.64*	22.00	0.56	338.00	-12.57	65	-2.17**	1313.33	62.38
ADK-908xADK-913	273	-6.89	13.67	-0.24	43.00	2.10	16.03	-1.02	347.00	-5.23	63	0.33	1286.67	100.00

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

## **5.6. Melezlerde Verim ve Verim Komponentleri, Genetik Benzerlik (GB), Genetik Uzaklık (GU), Özel Kombinasyon Yeteneği (ÖKY) ve Heterotik Gruplarının Karşılaştırması**

Moleküler analizler sonucu genetik benzerlik oranlarına göre seçilmiş olan anaçlar arasında yapılan melez kombinasyonlarının verim değerleri, benzerlik oranları, heterotik gruplar ve alt gruplar arasındaki ilişki Çizelge 5.8'de verilmiştir.

Çizelge 5.8 incelendiğinde, melez kombinasyonları arasındaki en düşük genetik benzerlik oranı 0.1 ve en yüksek benzerlik oranı 0.64 bulunmuştur. Yani hatlar arasında oluşturulan benzerlik matris oranı ne kadar düşükse benzemezlik oranı da o kadar yüksek demektir. Melez kombinasyonların verimleri ile genetik benzerlik oranları arasında doğrudan bir ilişki tespit edilememekle beraber istatistiki olarak "a" grubuna giren melez kombinasyonlarının 0.42'den daha büyük benzerlik oranının olmadığını görmekteyiz. Yine "a" grubuna giren melez kombinasyonlarının (toplam 19 kombinasyon) 12 adedi Lancaster x Stiff Stalk veya Stiff Stalk x Lancaster olarak ortaya çıkmıştır. "Stiff Stalk" "Reid" heterotik grubunun altında olan bir heterotik gruptur. A.B.D.'ndeki bir çok ticari mısır çeşitleri "Reid" ve "Lancaster" heterotik gruplarıyla elde edilen mezellere dayanmaktadır (Vasal ve ark. 1999). Diğer "a" grubuna giren melez kombinasyonlarının aynı ana gruba girmesine rağmen farklı alt gruplara ait olduğunu görmekteyiz. Bu durum da aynı heterotik grup altında oluşan alt grupların da yüksek heterosis değerlerine sahip olabileceğini göstermektedir.

Çizelge 5.8'de verim değerleri, genetik uzaklık matris değerleri ve moleküler veriler ile oluşturulan kümeleme sonucu ortaya çıkan heterotik gruplar bakımından karşılaştırılmıştır. İstatistik olarak "a" grubuna dahil olan melez kombinasyonlarının genetik benzerliklerine bakıldığında en yakın olarak 0.42 değerini görmekteyiz. Yapılacak ıslah çalışmalarında oluşturulacak melez kombinasyonları için seçilecek anaçlar arasında, genetik benzerlik değerinin bu değerden (0.42) daha küçük değerler göz önünde bulundurulmasının verimlilik açısından daha iyi sonuç verebileceği anlaşılmaktadır. Yine heterotik gruplar arasında verimli melez kombinasyonları oluşturulabileceği gibi, aynı grup içindeki alt gruplar arasında da verimli melez kombinasyonları oluşturulabileceği görülmüştür.

**Çizelge 5.8.** Melez kombinasyonlarından elde edilen verim değerleri, grupları, genetik benzerlik (GB), uzaklık (GU) oranları, heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb), özel kombinasyon yeteneğinin (ÖKY) karşılaştırılması

Sıra no	Melez kombinasyonu	Verim (kg)	İstatistik grubu	GB	GU	Ht	Hb	SCA	Gruplar	Alt gruplar
1	ADK-720xADK-819	1574.00	a	0.20	0.80	80.78	71.83	264.05	LxSS	
2	ADK-713xADK-819	1556.33	ab	0.16	0.84	95.23	88.57	281.11	LxSS	
3	ADK-819xADK-913	1555.00	ab	0.34	0.66	90.64	88.41	256.55	SSxSS	II-2xII-4
4	ADK-720xADK-893	1521.67	a-c	0.30	0.70	63.80	61.54	259.22	LxL	
5	ADK-859xADK-913	1492.00	a-d	0.38	0.62	67.17	52.40	283.88	SSxSS	II-1xII-4
6	ADK-819xADK-848	1489.67	a-d	0.20	0.80	68.99	58.87	194.94	SSxL	
7	ADK-720xADK-859	1465.67	a-e	0.38	0.62	54.69	49.71	246.05	LxSS	
8	ADK-310xADK-848	1428.33	a-f	0.26	0.74	60.88	52.33	236.05	LxL	I-4xI-2
9	ADK-819xADK-859	1407.00	a-g	0.34	0.66	55.96	43.72	130.77	SSxSS	II-2xII-1
10	ADK-713xADK-893	1389.67	a-g	0.38	0.62	62.44	47.52	161.94	LxL	I-5xI-1
11	ADK-713xADK-848	1372.00	a-h	0.30	0.70	60.78	46.32	155.27	LxL	I-5xI-2
12	ADK-893xADK-908	1361.33	a-i	0.28	0.72	51.76	44.51	167.38	LxSS	
13	ADK-720xADK-908	1354.67	a-j	0.26	0.74	53.24	47.89	156.50	LxSS	
14	ADK-310xADK-819	1352.00	a-j	0.26	0.74	62.57	61.34	101.22	LxSS	
15	ADK-713xADK-908	1337.00	a-k	0.22	0.78	64.96	56.92	173.55	LxSS	
16	ADK-819xADK-893	1335.67	a-k	0.26	0.74	51.15	41.79	29.94	SSxL	
17	ADK-893xADK-913	1313.33	a-l	0.42	0.58	50.27	39.42	62.38	LxSS	
18	ADK-848xADK-913	1308.67	a-l	0.20	0.80	50.11	39.57	68.72	LxSS	
19	ADK-707xADK-848	1301.00	a-l	0.24	0.76	85.24	38.75	247.16	SSxL	
20	ADK-908xADK-913	1286.67	b-m	0.26	0.74	55.21	51.02	100.00	SSxSS	II-3xII-4
21	ADK-713xADK-859	1283.00	b-m	0.36	0.64	46.80	31.05	98.11	LxSS	
22	ADK-720xADK-848	1283.00	b-m	0.24	0.76	38.43	36.83	31.55	LxL	I-5xI-2
23	ADK-310xADK-908	1278.33	c-m	0.34	0.66	51.28	50.04	139.33	LxSS	
24	ADK-707xADK-893	1271.00	c-m	0.36	0.64	80.41	34.93	206.16	SSxL	
25	ADK-310xADK-913	1249.33	c-n	0.20	0.80	51.99	49.08	53.33	LxSS	

**Çizelge 5.8.** Melez kombinasyonlarından elde edilen verim değerleri, grupları, genetik benzerlik (GB), uzaklık (GU) oranları, heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb), özel kombinasyon yeteneğinin (ÖKY) karşılaştırılması (devam)

Sıra no	Melez kombinasyonu	Verim (kg)	İstatistik grubu	GB	GU	Ht	Hb	SCA	Gruplar	Alt gruplar
26	ADK-310xADK-893	1247.00	c-n	0.28	0.72	40.11	32.38	43.72	LxL	I-4xI-1
27	ADK-310xADK-713	1222.67	d-n	0.40	0.60	52.17	45.90	49.88	LxL	I-4xI-5
28	ADK-713xADK-913	1204.33	e-o	0.40	0.60	52.93	49.42	-16.12	LxSS	
29	ADK-707xADK-913	1193.33	e-o	0.46	0.54	87.48	48.06	135.77	SSxSS	II-4xII-4
30	ADK-720xADK-913	1186.00	f-p	0.42	0.58	37.75	29.48	-69.17	LxSS	
31	ADK-848xADK-908	1185.33	f-p	0.10	0.90	32.46	26.41	2.38	LxSS	
32	ADK-310xADK-707	1162.67	f-p	0.32	0.68	78.19	38.74	152.77	LxSS	
33	ADK-859xADK-908	1144.33	g-p	0.40	0.60	25.00	16.89	-6.78	SSxSS	II-1xII-3
34	ADK-310xADK-720	1131.33	g-p	0.46	0.54	29.00	23.51	-76.17	LxL	I-4xI-5
35	ADK-707xADK-713	1110.00	h-q	0.28	0.72	79.61	44.34	75.66	SSxL	
36	ADK-713xADK-720	1109.00	h-q	0.64	0.36	31.63	21.07	-122.95	LxL	I-5xI-5
37	ADK-848xADK-893	1088.67	r-r	0.62	0.38	15.84	15.57	-158.56	LxL	I-2xI-1
38	ADK-707xADK-720	1081.33	j-s	0.40	0.60	56.37	18.05	12.27	SSxL	
39	ADK-310xADK-859	1081.00	j-s	0.34	0.66	18.99	10.42	-79.45	LxSS	
40	ADK-819xADK-908	1079.33	j-s	0.42	0.58	28.70	26.68	-162.12	SSxSS	II-2xII-3
41	ADK-859xADK-893	1075.67	k-s	0.36	0.64	11.99	9.87	-139.73	SSxL	
42	ADK-707xADK-819	1071.67	k-s	0.34	0.66	65.85	29.85	-40.67	SSxSS	II-4xII-2
43	ADK-707xADK-859	1056.67	l-s	0.26	0.74	46.15	7.93	34.66	SSxSS	II-4xII-1
44	ADK-848xADK-859	1024.00	m-t	0.24	0.76	6.85	4.60	-180.39	LxSS	
45	ADK-707xADK-908	985.67	n-t	0.40	0.60	46.49	15.69	-14.89	SSxSS	II-4xII-3

L: Lancaster, SS: Stiff Stalk

İncelenen özelliklere ait hesaplanan ortalama değerler üzerinden (Çizelge 5.7) yapılan korelasyon analizinde aşağıdaki sonuçlar elde edilmiştir (Çizelge 5.9).

Tane verimi ile bitki boyu arasında pozitif, çok önemli ve orta derecede ( $r = 0.568^{**}$ ) ilişki olduğunu görmekteyiz. Bu sonuç ile Şekeroğlu ve ark. (2000) ( $r = 0.636^{**}$ ) ve Malik ve ark. (2005) ( $0.67^{**}$ ) bulduğu sonuçlar uyum göstermektedir. Babaoğlu (2003) ( $r = 0.359^{**}$ ), Kara (2001b) ( $0.304^*$ ), Wannows ve ark. (2010) ( $r = 0.065$ ) ve Amini ve ark. (2013) ( $r = 0.29$ ) pozitif korelasyonlar bulmuşlardır. Coşkun ve ark. (2013) ( $r = -0.344^{**}$ ) ise tane verimi ile bitki boyu arasında negatif ve çok önemli bir korelasyonun olduğunu tespit etmişlerdir.

Tane verimi ile sırada tane sayısı arasında pozitif, çok önemli ve düşük derecede ( $r = 0.423^{**}$ ) ilişki hesaplanmıştır. Bu değeri, Amini ve ark. (2013) ( $r = 0.82^{**}$ ), Babaoğlu (2003) ( $r = 0.551^{**}$ ), Kara (2001b) ( $r = 0.730^{**}$ ), Şekeroğlu ve ark. (2000) ( $r = 0.621^{**}$ ), Nemati ve ark. (2009) ( $r = 0.275$ ), Malik ve ark. (2005) ( $r = 0.76^{**}$ ) ve Wannows ve ark. (2010) ( $r = 0.589^{**}$ ) olarak bulmuşlardır.

Tane verimi ile bin tane ağırlığı arasında pozitif, çok önemli ve orta derecede ( $r = 0.586^{**}$ ) korelasyon bulunmuştur. Bu ilişkiyi Babaoğlu (2003) ( $r = 0.795^{**}$ ), Kara (2001b) ( $r = 0.363^{**}$ ), Şekeroğlu ve ark. (2000) ( $r = 0.398^{**}$ ) ve Nemati ve ark. (2009) ( $r = 0.055$ ) olarak hesaplamışlardır.

Tane verimi ile çiçeklenme gün sayısı arasında pozitif, önemsiz ve zayıf ( $r = 0.167$ ) ilişki tespit edilmiştir. Bu korelasyon katsayısı, Coşkun ve ark. (2013) ( $r = -0.666^{**}$ ) ve Wannows ve ark. (2010) ( $r = 0.02$ ) olarak bulmuşlardır.

Tane verimi ile koçanda sıra sayısı arasında negatif, önemsiz ve zayıf ( $r = -0.129$ ) korelasyon bulunmuştur. Bu ilişki Babaoğlu (2003) ( $r = -0.138^*$ ), Kara (2001b) ( $r = 0.498^{**}$ ), Şekeroğlu ve ark. (2000) ( $r = 0.421^{**}$ ), Nemati ve ark. (2009) ( $r = 0.493^{**}$ ) ve Wannows ve ark. (2010) ( $r = -0.193$ ) olarak bulmuşlardır.

Tane verimi ile tane nemi arasında negatif, önemsiz ve zayıf ( $r = -0.005$ ) korelasyon hesaplanmıştır. Bu korelasyon katsayısını Coşkun ve ark. (2013) ( $r = -0.561^{**}$ ) ve Malik ve ark. (2005) ( $r = -0.23$ ) bulmuşlardır.

Bu bulgulara göre tane veriminin bitki boyu ile pozitif ve önemli ilişkisi, bitki boyunun sadece silajlık mısır ıslahında seleksiyon kriteri olarak değil aynı zamanda tanelik mısır ıslahında da etkili bir şekilde kullanılabileceğini göstermektedir. Tane verimi ile çiçeklenme gün sayısı arasındaki ilişkinin ( $r = 0.167$ ) pozitif, önemsiz ve zayıf çıkması ele alınan anaçlar ve dolayısıyla melezlerin çiçeklenme gün sayılarının diğer bir ifadeyle bu özelliğe etki eden FAO değerlerinin birbirine yakın olması (500-700) korelasyon değerinin önemsiz ve zayıf çıkmasına sebep olduğu düşünülebilir. Tane verimi ile koçanda sıra sayısı arasındaki ilişkinin ( $r = -0.129$ ) negatif, önemsiz ve zayıf bulunması, aynı zamanda koçan uzunluğu ve koçan çapıyla birlikte değerlendirilmesinin daha uygun olabileceği görülmektedir. Yine tane verimi ile tane nemi arasındaki korelasyonun ( $r = -0.005$ ) negatif, önemsiz ve zayıf bulunması, çiçeklenme gün sayısı ile dolayısıyla FAO değerleriyle ilgili olduğunu söylemek mümkündür. Bu sonuçlardan, tane verimi için bitki boyu yüksek, sırada tane sayısı fazla ve bin tane ağırlığı fazla olan anaç ve melezlerin seçiminin önemli olacağını söylemek mümkündür.

**Çizelge 5.9.** Melez kombinasyonlarından elde edilen ortalama verilere göre hesaplanan, verim ve verim komponentleri arasındaki korelasyon

	Bitki boyu	Koçanda sıra sayısı	Sırada tane sayısı	Tane nemi	Bin tane ağırlığı	Çiçeklenme gün sayısı
Tane verimi	0.568**	-0.129	0.423**	-0.005	0.586**	0.167
Bitki boyu	1	-0.099	0.208	0.209	0.310*	0.129
Koçanda sıra sayısı		1	-0.048	0.272	-0.542**	0.346*
Sırada tane sayısı			1	0.011	0.149	0.296*
Tane nemi				1	-0.080	0.580**
Bin tane ağırlığı					1	-0.157

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

İncelenen özelliklere ait hesaplanan ortalama değerler üzerinden (Çizelge 5.8) yapılan korelasyon analizinde aşağıdaki sonuçlar elde edilmiştir (Çizelge 5.10).

Tane verimi ile genetik benzerlik (GB) arasında negatif, çok önemli ve düşük ( $r = -0.390$ \*\*) korelasyon tespit edilmiştir. Bu korelasyon katsayısı, anaçlar arasındaki genetik benzerlik ne kadar 1'e yakınsa, verimin de azalma eğilimi gösterdiğini ifade etmektedir.



Tane verimi ile genetik uzaklık (GU) arasında pozitif, çok önemli ve düşük ( $r=0.390^{**}$ ) ilişki hesaplanmıştır. Bu korelasyon katsayısı, anaçlar arasında genetik uzaklık ne kadar 1'e yakınsa, verimin de artma eğilimi gösterdiğini ifade etmektedir. Mladenovic Drinic ve ark. (2002, 2012) sırasıyla ( $r = 0.311^*$ ) ve ( $r = 0.22$ ), Xu ve ark. (2004) iki yıl yaptıkları çalışmada sırasıyla ( $r = 0.5432$ ) ve ( $r = 0.4305$ ), Pabendon ve ark. (2009) ( $r = 0.34$ ), Mohammadi ve ark. (2008) ( $r = 0.338$ ) tane verimi ile GU arasındaki korelasyonu hesaplamışlardır.

Tane verimi ile heterosis (Ht) arasında pozitif, çok önemli ve orta derecede ( $r= 0.603^{**}$ ) korelasyon bulunmuştur. Mladenovic Drinic ve ark. (2002, 2012) sırasıyla ( $r = 0.233$ ) ve ( $r = 0.12$ ), Xu ve ark. (2004) iki yıl yaptıkları çalışmada sırasıyla ( $r = 0.4271$ ) ve ( $r = 0.3614$ ) tane verimi ile Ht arasındaki korelasyonu hesaplamışlardır.

Tane verimi ile heterobeltiosis (Hb) arasında pozitif, çok önemli ve kuvvetli ( $r = 0.870^{**}$ ) bir ilişki bulunmuştur. Bu korelasyonu, Mladenovic Drinic ve ark. (2012) ( $r = 0.45$ ) olarak hesaplamışlardır.

Tane verimi ile özel kombinasyon yeteneği (ÖKY) arasında pozitif, çok önemli ve kuvvetli ( $r = 0.851^{**}$ ) bir ilişki tespit edilmiştir. Bu ilişkiyi, Mladenovic Drinic ve ark. (2002) ( $r = 0.306^*$ ) olarak tespit etmişlerdir.

Çalışma sonucunda 45 melez için hesaplanan (Çizelge 5.8) verim ile genetik uzaklık (GU), genetik benzerlik (GB), heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve özel kombinasyon yeteneği (ÖKY) arasındaki tüm korelasyonların pozitif (genetik benzerlik negatif) ve çok önemli çıktığı görülmektedir (Çizelge 5.10). Yani, melez kombinasyonuna alınan anaçlar arasındaki genetik benzerlik ne kadar fazlaysa verim ile korelasyonu ( $r = -0.390^{**}$ ) negatif ve önemli; anaçlar arasındaki genetik uzaklık ne kadar fazlaysa verim ile korelasyonu ( $r = 0.390^{**}$ ) pozitif ve önemli olduğu görülmektedir. Genetik uzaklık ile heterosis ( $r = 0.303^*$ ), heterobeltiosis ( $r = 0.372^*$ ) ve özel kombinasyon yeteneği ( $r = 0.426^{**}$ ) arasında da pozitif ve önemli ilişkiler bulunmuştur. Bu korelasyon katsayıları bize moleküler markörlerle de melez kombinasyonlarında anaçların seçiminde etkili olabileceğini, özellikle çok sayıda anaçla çalışılan ıslah programlarında melez kombinasyonlarının seçiminde kullanılabileceğini göstermiştir.

**Çizelge 5.10.** Verim, genetik uzaklık (GU), genetik benzerlik (GB), heterosis (Ht), heterobeltiosis (Hb) ve özel kombinasyon yeteneği (ÖKY) arasındaki korelasyon

	GU	GB	Ht	Hb	ÖKY
Verim	0.390**	-0.390**	0.603**	0.870**	0.851**
GU	1	-1.000**	0.303*	0.372*	0.426**
GB		1	-0.303*	-0.372*	-0.426**
Ht			1	0.773**	0.828**
Hb				1	0.795**

\* : 0.05 düzeyinde önemli, \*\* : 0.01 düzeyinde önemli

Diallel analiz ile biyometrik genetik değerlendirilmeler seçilen hatlar için detaylı veriler elde etmemizi sağlamakla beraber, büyük ve geniş popülasyonlarla çalışılan ıslah programlarında her hat için gerekli biyometrik genetik verilerin diallel analiz yöntemleri ile elde edilmesi uzun ve zaman alıcı olacaktır. Bu verilerin elde edilmesinde kullanılan yoklama melezi yöntemi ve beraberinde moleküler yöntemlerin kullanılması ıslah programlarının daha pratik değerlendirilmesine imkân verecektir.

Bundan sonra yapılacak bu tür çalışmalarda SSR markörler yerine SNP markörlerinin kullanılması daha net bir ayırımı gerçekleştirmesini sağlayabilir. Eğer SSR kullanılacaksa da daha fazla sayıda SSR markör kullanılması çalışılan popülasyonun daha iyi tanımlanmasına fırsat verebilir. Ayrıca daha fazla heterotik grubu temsil eden hatların çalışmaya dahil edilmesi hatların daha fazla ve farklı gruplar altında toplanmasına sebep olabilir. Morfolojik çalışmalarda antosiyanin özelliğinin daha fazla dikkate alınması ve üzerinde daha fazla durulması ayırım konusunda bize daha fazla yardımcı olabilir.

Bu çalışmada bir hattın diğer hatlara olan genetik benzerliğinin ortalaması üzerinden en uzak hatlar diallel melezleme için seçilmiştir. Bu seçimin yerine benzerlik matrisinde birbirine en uzak hatların seçilmesi ve bu hatlar üzerinden çalışmanın yapılması da farklı bir çalışma konusu olabilir. Hatların benzerlikleri ile verim, heterosis ve heterobeltiosis arasındaki ilişkinin daha fazla irdelenmesi, belki melez verimlerinin önceden tahminlenmesi ile ilgili çalışmaların yapılması, melez ıslah çalışmalarında bize farklı bakış açıları sağlayabilir.

Sonuç olarak, mısır ıslah programlarında başarılı melez kombinasyonları için SSR moleküler markörlerden de verimli bir şekilde yararlanılabileceği görülmüştür. Fakat sadece

moleküler analizlerin ıslah alıřmalarında tek başına yeterli olamayacağı, bu alıřmaların ıslah alıřmalarına destek olarak veri sağlayacağı da anlaşılmaktadır. Melez kombinasyonları oluşturulurken seçilecek anaların, morfolojik özellikleri, biyotik ve abiyotik streslere olan tolerans ve dayanıklılıkları, kalite parametreleri ve bunlarla birlikte moleküler ve morfolojik analizleriyle beraber toplu olarak deęerlendirilmesi ve karar verilmesi ıslah programlarının başarısı için vazgeçilmez unsurlardır.

## 6. KAYNAKLAR

- Ajmone-Marsan P, Livini C, Messmer MM, Melchinger AE, Motto M (1992). Cluster analysis of RFLP data from related maize inbred lines of the BSSS and LSC heterotic groups and comparison with pedigree data. *Euphytica*, 60(2): 139-148.
- Aksel R, Johnson LPV (1961). Genetic studies on sowing-to-heading and heading-to-ripening periods in barley and their relation to yield and yield components. *Canadian Journal of Genetic and Cytology*, 3(3): 242-259.
- Aksel R, Johnson LPV (1963). Analysis of diallel cross: A worked example. *Advancing Frontiers of Plant Sci., India* 2: 37-53.
- Alam AKMM, Ahmed S, Begum M and Sultan MK (2008). Heterosis and combining ability for grain yield and its contributing characters in maize. *Bangladesh J. Agril. Res.*, 33(3): 375-379.
- Altınbaş M, Demir İ, (1989). Mısırdaki erkenciliğin kalıtımı ve bazı tarımsal özellikler ile ilişkileri üzerinde araştırmalar. *Ege Üni. Zir. Fak. Dergisi*, 26 (3): 309-323.
- Altınbaş M (1992). İki mısır melezinde koçan yüksekliği, bitki boyu ve koçanda sıra sayısının kalıtımı. *Anadolu*, 2(1): 1-26.
- Altınbaş M, Algan N (1993). Melez mısırdaki erkencilik öğeleri ile verim, verim öğeleri ve kalite özellikleri arasındaki ilişki. *Anadolu*, 3(1): 40-62.
- Altınbaş M, Turgut İ, Yüce S (1994). Dokuz kendilenmiş mısır hattının diallel melezlerinde bazı tarımsal özelliklerin kalıtımları. I. Erkencilik öğeleri, bitki boyu ve koçan yüksekliği. *Anadolu*, 4(1): 42-60.
- Altınbaş M (1995). Melez mısırdaki dane verimi ve kimi bitki özellikleri bakımından heterosis ve kombinasyon yeteneği. *Anadolu*, 5(2): 35-51.
- Altınbaş M (1996). Mısırdaki tane verimi ve öğeleri bakımından melez performanslarının tahminlenmesinde kimi istatistikî-genetik parametrelerin etkinliği üzerine araştırmalar. *Anadolu*, 6(1): 32-44.
- Altınbaş M, Tosun M (1998). Melez mısır ıslahında kombinasyon yeteneği kovaryanslarından yararlanma olanağı üzerine bir çalışma. *Anadolu*, 8(2): 90-100.
- Amini Z, Khodambashi M, Houshmand S (2013). Correlation and Path Coefficient Analysis of Seed Yield Related Traits in Maize. *International Journal of Agriculture and Crop Sciences*, 5(19): 2217-2220.
- Amiruzzaman M, Islam A, Hasan L, Kadir M, Rohman M (2013). Heterosis and combining ability in a diallel among elite inbred lines of maize. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 25(2): 132.

- Anonim (2010). Tarımsal deęerleri ölçme denemeleri teknik talimatı (Mısır). Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Koruma Kontrol Genel Müdürlüğü T.T.S.M. Ankara.
- Anonim (2015). <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>, (erişim tarihi: 28.01.2015).
- Anonim (2016). <https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/accessiondetail.aspx?accid=PI+550566>, (erişim tarihi: 20.01.2016).
- Anonim (2016a). [http://maizegdb.org/data\\_center/stock?id=71436](http://maizegdb.org/data_center/stock?id=71436), (erişim tarihi:20.01.2016).
- Anonim (2016b). [http://www.maizegdb.org/data\\_center/stock?id=51111](http://www.maizegdb.org/data_center/stock?id=51111), (erişim tarihi: 20.01.2016).
- Anonim (2016c). [https://www.google.com.tr/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=7&ved=0ahUKEwiFjsDYktbKAhWHvXIKHV1rDw8QFghAMAY&url=http%3A%2F%2Fwww.biyostatistik.hacettepe.edu.tr%2Flisans%2Feczacilik%2FKorelasyon\\_Regresyon.pps&usq=AFQjCNF\\_f\\_KfzqftazQykt6Q4XxRBMvXw&sig2=jBmBWs01\\_TW7mM52OksA8g&bvm=bv.113034660,d.bGg&cad=rja](https://www.google.com.tr/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=7&ved=0ahUKEwiFjsDYktbKAhWHvXIKHV1rDw8QFghAMAY&url=http%3A%2F%2Fwww.biyostatistik.hacettepe.edu.tr%2Flisans%2Feczacilik%2FKorelasyon_Regresyon.pps&usq=AFQjCNF_f_KfzqftazQykt6Q4XxRBMvXw&sig2=jBmBWs01_TW7mM52OksA8g&bvm=bv.113034660,d.bGg&cad=rja), (erişim tarihi: 20.01.2016).
- Babaođlu M (2003). Farklı Kökenli Mısır (*Zea mays*) genotiplerinin çeşitli agronomik ve kalite karakterleri bakımından karşılaştırmalı olarak deęerlendirilmesi. Trakya Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü- Tekirdađ Ziraat Fakóltesi, 123 s. Doktora Tezi.
- Balcı A (2004). Kendilenmiş mısır hatlarının diallel melez dölllerinde bazı tarımsal karakterlerin genetik yapısı üzerine araştırmalar. Doktora tezi, Uludađ Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü, Bursa.
- Balcı A, Turgut İ (2006). On kendilenmiş atdışı mısır hattının diallel melezlerinde bazı tarımsal ve kalite özelliklerinin kalıtımı. Uludađ Üni. Ziraat Fakóltesi Dergisi, 20(1): 67-83.
- Beckman JS, Soller M (1990). Toward a unified approach to genetic mapping of eukaryotes based on sequence tagged microsatellite sites. *Biotechnology*, 8: 930-932.
- Beyene Y (2005). Genetic analysis of traditional Ethiopian highland maize (*Zea mays* L.) using molecular markers morphological traits: implication for breeding and conservation. Philosophiae of Doctorate Thesis, Forestry and Agricultural Biotechnology Institute (FABI), Department of Genetics, University of Pretoria.
- Cengiz R (2006). Mısır hatları arasındaki 8x8 yarım diallel melez dölllerinde verim ve verim unsurlarının kalımları üzerine araştırmalar. Yüksek Lisans Tezi, Trakya Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tekirdađ.
- Chiang MS, Smith JD (1967). Diallel analysis of inheritance of quantitative characters in grain sorghum. I. heterosis and inbreeding depression. *Can. J. Genetic Cytology*, 9:44-51.
- Chin EC, Senior ML, Shu H, Smith JS (1996). Maize simple repetitive DNA sequences: abundance and allele variation. *Genome*, Oct, 39(5): 866-73.
- Cochran WG, Cox MC (1957). *Experimental desing*. John Wiley and Sons, Inc. New York.

- Condit R, Hubbell SP (1991). Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes. *Genome*, 34: 66-71.
- Coşkun Y, Coşkun A, Koşar İ (2013). Bazı At Dişi Mısır Çeşitlerinin Yarı-Kurak İklim Koşullarında Verim Performansları. Ulusal KOP Bölgesel Kalkınma Sempozyumu. 14-16 Kasım, Konya.
- Cömertpay G (2008). Yerel Mısır Populasyonlarının Morfolojik ve DNA Moleküler İşaretleyicilerinden SSR Tekniği İle Karakterizasyonu. Doktora Tezi, Çukurova Üni. Fen Bilimleri Ens., Adana, 103 s.
- Cömertpay G, Baloch FS, Kilian B, Ülger AC, Özkan H (2012). Diversity assessment of Turkish maize landraces based on fluorescent labelled SSR markers. *Plant Mol Biol Rep*, 30: 261-274.
- Crumpacker DW, Allard RW (1962). A diallel cross analysis of heading date in wheat. *Hilgardia* 32: 275-218.
- Darrah LL, Zuber MS (1986). United States farm maize germplasm base and commercial breeding. *Crop Sci*, 26: 1109-1113.
- Dede Ö, Kara ŞM, Dede Ş (2001). Bir diallel melez mısır popülasyonunda verim ve verim unsurlarına ilişkin heterosis ve uyum yetenekleri analizi. *Ankara Üni. Zir. Fak. Tar. Bil. Derg.*, 7(1): 41-46.
- Demir İ, Aydem N, Korkut KZ (1980). Kombinasyon ıslahında ebeveyn seçimi. *Bitki Islahı Sempozyumu-Bornova*, Ege Bölge Ziraat Araş. Enst., Yayın No:17/41.
- Denghanpour Z, Ehdai B (2013). Stability of general and specific combining ability effects for grain yield in elite Iranian maize inbred lines. *J. of Crop Improvement*, 27: 137-152.
- Doebley JF, Stec A (1991). Genetic analysis of morphological differences between maize and teosinte. *Genetics*, 129: 285-295.
- Düzyaman E (2005). Phenotypic diversity within a collection of distinct okra (*Abelmoschus esculentus*) cultivars derived from Turkish land races. *Genetic Resources and Crop Evolution* 52: 1019-1030.
- Enoki H, Miki K, Koinuma K (2005). Selection of SSR sets in assignment to dent and flint groups of maize inbred lines derived from European hybrids. *Breeding Science* 55: 135-140.
- Eyherabide GH, Hallauer AR (1991). Reciprocal full-sib recurrent selection maize in contributions of additive dominance and genetic drift effect. *Crop Sci*, 31: 1442-1447.
- FAO (2014). <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>, (erişim tarihi:28.01.2015).
- Falconer DS (1980). *Introduction to Quantitative Genetics*. Oliver and Boyd Ltd., London.
- Falconer DS (1989). *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman, 433 p., London.

- Falconer DS, Mackay TFC (1996). Introduction to Quantative Genetics, Fourth Edition. Longman, 427 p, ISBN: 0582-23302-5.
- Fan XM, Tan J, Huang BH (2001). Analyses of combining ability and heterotic groups of yellow grain quality protein maize inbreds. *Hereditas*, 23: 547-552.
- Ferriol M, Picó B, Nuez F (2003). Genetic diversity of a germplasm collection of cucurbita pepo using SRAP and AFLP markers. *Theor. Appl. Genet.*, 107: 271-282.
- Fonseca SM, Patterson FL (1968). Hybrid vigor in a seven parent diallel cross in common winter wheat (*Triticum aestivum* L.) *Crop. Science*, 8: 85-88.
- Garcia AAF, Benchimol LL, Barbosa AAM, Geraldi IO, Souza Jr. CL, de Souza AP (2004). Comparison of RAPD, RFLP, AFLP and 91 SSR markers for diversity studies in tropical maize inbred lines. *Genet. Mol. Biol.*, 27: 579-588.
- Genç İ, Yağbasanlar T (1994). Bitki Islahı. Çukurova Üni. Zir. Fak. Genel Yayın No: 59, Ders Kitapları Yayın No:13, 149s Adana.
- Gethi JG, Labate JA, Lamkey KR, Smith ME, Kresovich S. (2002). SSR variation in important U.S. maize inbred lines. *Crop Science*, 42: 951-957.
- Glover MA, Willmot DB, Darrah LL, Hibbard BE, Zhu X (2005). Diallel analyses of agronomic traits using Chinese and U.S. maize germplasm. *Crop Science*, 45: 1096-1102.
- Goodman MM, (1990). Genetic and germplasm stocks worth conserving. *J.Hered.*, 81(1):11-6.
- Grenier C, Deu M, Kresovich S, Bramel Cox PJ, Hamon P (2000). Assesment of genetic diversity in three subsets constituted from ICRISAT sorghum collection using random vs non-random sampling procedures: B. Using molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 101(1/2): 197-202.
- Griffing B (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australia J. Bio. Sci.*, 9: 463-493.
- Haddadi MH, Eesmailof M, Choukan R, Rameeh V (2012). Combining ability analysis of days to silking, plant height, yield components and kernel yield in maize breeding lines. *African Journal of Agricultural Research*, 7(33): 4685-4691.
- Hallauer AR, Miranda JB (1988). Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Pres, 468 p, Ames, IA.
- Hayman BI (1954a). The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, 10: 235-244.
- Hayman BI (1954b). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39: 789-809.
- Hayman BI (1957). Interactrion, heterosis and diallel crosses. *Genetics*, 42: 336-355.
- Hayman BI (1958). Theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics*, 43: 63-85.
- Hayman BI (1960). The theory and analysis of diallel crosses. III. *Genetics*, 45: 155-172.

- Hongtrakul V, Huestis GM, Knapp SJ (1997). Amplified fragment length polymorphisms as a tool for DNA fingerprinting sunflower germplasm, genetic diversity among oilseed inbred lines. *Theor. Appl. Genet.*, 95: 400-407.
- Hoxha S, Shariflou M, Sharp P (2004). Evaluation of genetic diversity in Albanian maize using SSR markers. *Maydica*, 49: 97-104.
- Jinks JL, Hayman BI (1953). The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics Coop. News Letter* 27: 48-54.
- Jinks JL (1954). The analysis of continuous variation in a diallel cross of *nicotina rustica* varieties. *Genetics*, 39: 767-788.
- Jinks JL (1956). The F2 and Backcross generation from a set of diallel crosses. *Heredity*, 10: 1-30.
- Jones DF (1965). Analysis of variance of the half diallel table. *Heredity*, 20: 117-121.
- Jones N, Ougham H, Thomas H (1997). Markers and mapping: We are all geneticists now. *New Phytologist*, 137: 165-177.
- Kara ŞM (2001a). Mısır kendilenmiş hatlarında verim ve verim öğelerinin değerlendirilmesi, I. heterosis ve kombinasyon kabiliyetlerinin linextester analizi. *Turk. Agric. For.* 25: 383-391.
- Kara ŞM (2001b). Bir Melez Mısır Populasyonunda Verim ve Verim Unsurları Arasındaki İlişkilerin Korelasyon ve Path Analizi Yoluyla Değerlendirilmesi. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 7(4): 1-4.
- Karaağaç O (2006). Bafra kırmızı biber gen kaynaklarının (*Capsicum annuum var. conoides mill.*) karakterizasyonu ve değerlendirilmesi. Yüksek lisans tezi, Ondokuz Mayıs Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun.
- Karma E (1976). Sekiz ekmeklik buğday çeşidinin diallel melez döllerinde bazı tarımsal karakterlerin kalıtımı üzerinde araştırmalar. Doktora tezi, Ege Üni. Zir. Fak., İzmir.
- Keleş D, Karagül S, Büyükalaca S (2004). Characterization of different pepper genotypes collected from coastal regions of Turkey. 17th International Pepper Conference, Naples, Florida, USA.
- Keleş D (2007). Farklı Biber Genotiplerinin Karakterizasyonu ve Soğuğa Tolerant Genotiplerin Belirlenmesi. Çukurova Üniv. Fen Bilimleri Enst. (Doktora Tezi), 212 s., Adana.
- Konak C, Ünay A, Serter E, Başal H (1999). Estimation of combining ability effects heterosis and heterobeltiosis by line tester method in maize. *The Turkish J. of Field Crops*, 4:1-9.
- Konuşkan Ö (2006). At dişi mısırdaki (*Zea mays indentata Sturt.*) diallel melez analizleri ile bazı tarımsal ve tane kalite özelliklerinin kalıtımı üzerinde araştırmalar. Doktora Tezi, Çukurova Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.



- Korkut KZ (1981). Arpada diallel melez analizleri ile bazı tarımsal özelliklerin kalıtımını üzerinde araştırmalar. Doktora Tezi, Ege Üni. Ziraat Fak. Agroekoloji ve Genel Bitki Islahı Kürsüsü, Bornova, İzmir.
- Kozhukhova NE, Sivolap IuM (2004). Identification and registration of corn genotypes using molecular markers. *Genetika*, Jan, 40(1): 59-66.
- Laborda PR, Oliveira KM, Garcia AAF, Paterniani ME, Souza AP (2005). Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers? *Theoretical and Applied Genetics*, 111(7): 1288-1299.
- Le Clerck V, Bazante F, Baril C, Guiard J, Zhang D (2005). Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 110: 294-302.
- Lee M (1998). DNA markers for detecting genetic relationship among germplasm revealed for establishing heterotic groups. Presented at the Maize Training Course, CIMMYT, Texcoco, Mexico, 25 August 1998.
- Legesse BW, Myburg AA, Pixley KV, Botha AM (2006) Comparative genetic analysis of highland maize inbred lines using AFLP and SSR markers. *South African Journal of Plant and Soil*, 23(2): 99-104.
- Li C, Irfan M, Zhang C, Lin F (2014). Genetic diversity analysis of maize varieties based on SSR markers. *Research Journal of Biotechnology*, 9(6): 48-51.
- Liu KD, Zhou ZQ, Xu CG, Zhang Q, Saghai Maroof MA (1996). An analysis of hybrid sterility in rice using a diallel cross of 21 parents involving indica, japonica and wide compatibility varieties. *Euphytica*, 90: 275-280.
- Lu H, Bernardo R (2001). Molecular marker diversity among current and historical maize inbreds. *Theoretical and Applied Genetics*, 103: 613-617.
- Lübberstedt T, Melchinger AE, Duple C, Vuylsteke M, Kuiper M (2000). Relationships among early European maize inbreds: IV. Genetic diversity revealed with AFLP markers and comparison with RFLP, RAPD and pedigree data. *Crop Sci.*, 40: 783-791.
- Malik HN, Malik SI, Hussain M, Chughtai SR, Javed HI (2005). Genetic Correlation among Various Quantitative Characters in Maize (*Zea mays* L.) Hybrids. *J. Agri. Soc. Sci.*, 1(3): 262-265.
- Manifesto MM, Schlatter AR, Hopp HE, Suarez EY, Dubcovsky J (2001). Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Sci.*, 41: 682-690.
- Mather K, Jinks JL (1971). *Biometrical Genetics*. Second Edition, Chapman and Hall, 213 p, London.
- Matsuoka Y, Vigouroux Y, Goodman MM, Sanchez J, Buckler E, Doebley J (2002a). A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 99: 6080-6084.

- Matsuoka Y, Mitchell SE, Kresovich S, Goodman M, Doebley J (2002b). Microsatellite in *Zea*-variability, patterns of mutations and use for evolutionary studies. *Theor. Appl. Genet.*, 104: 436-450.
- Melchinger AE, Gumber RK (1998). Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. *Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants*, Larnkey KR, Staub JE (ed.). CSSA, Madison, WI, p. 29-44.
- Meriç A (1999). Beş atdışı mısır (*Zea mays indentata Sturt*) hattında yarım diallel analiz metodu uygulamak suretiyle F<sub>1</sub> döllerinde verim ve verim öğelerinin kalıtımı ve bunlar arasındaki ilişkiler. Yüksek lisans tezi, Gebze Yüksek Teknoloji Enstitüsü Mühendislik ve Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmit.
- Minch E, Ruiz-Linares A, Goldstein DB, Feldman M, Cavalli-Sforza LL (1995). Microsat (version 1.4d): a computer program for calculating various statistics on microsatellite allele data. Stanford University, Stanford, California.
- Misevic D, Maric A, Alexander DE, Dumanovic J, Ratkovic S (1989). Population cross diallel among high oil populations of maize. *Crop Sci.*, 29: 613-617.
- Mladenović Drinić S, Trifunović s, Drinić K, Konstantinov K (2002). Genetic Divergence and Its Correlation to Heterosis in Maize as Revealed by SSR-Based Markers. *Maydica*, 47(2002): 1-8.
- Mladenović Drinić S, Kostadinović M, Ristić D, Stevanović M, Čamdžija Z, Filipović M, Kovačević D (2012). Correlation of Yield and Heterosis of Maize Hybrids and Their Parental Lines With Genetic Distance Based on SSR Markers. *Genetika*, 44(2): 399-408.
- Mohammadi SA, Prasanna BM (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Sci.*, 43: 1235-1248.
- Mohammadi SA, Prasanna BM, Sudan C, Singh NN (2008). SSR Heterogenic Patterns of Maize Parental Lines and Prediction of Hybrid Performance. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 22(1): 541-547.
- Nas L, Lima M, Vencovsky R, Gallo PB (2000). Combining ability of maize inbred lines evaluation in the three environment in Brazil. *Scientia-Agricola*, 57: 129-134.
- Nay A, Basal H, Konak C (2004). Inheritance of grain yield in a half-diallel maize population. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 28: 239-244.
- Nemati A, Sedghi M, Sharifi RS, Seiedi MN (2009). Investigation of Correlation between Traits and Path Analysis of Corn (*Zea mays* L.) Grain Yield at the Climate of Ardabil Region (Northwest Iran). *Not. Bot. Hort. Agrobot. Cluj*, 37(1): 194-198.
- Nevado ME, Cross HZ (1990). Diallel analysis of relative growth in maize syntecics. *Crop Sci.*, 30: 549-552.
- Okumuş A, Öz A, Mercan L, Kapar H (2009). Kendilenmiş At Dişi Mısır Hatlarında Moleküler Genetik Analiz (SSR) Yöntemi İle Yüksek Verimli Muhtemel Hibrit Anaçlarının Belirlenmesi. TÜBİTAK Projesi, Proje No: 105O504.

- Orhun GE (2010). Mısırdaki (*Zea mays*) yağ kalitesi ve tane verimi ile ilgili özelliklerde kalıtım analizleri. Doktora tezi, Namık Kemal Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tekirdağ.
- Özbay A, Kara ŞM, Dere Ş (2001). Bir diallel melez mısır popülasyonunda verim ve verim unsurlarına ilişkin heterosis ve uyum yetenekleri analizi. Ankara Üni. Zir. Fak. Tarım Bilimleri Dergisi, 7(1):41-46.
- Özcan K (1999). Popülasyon genetiği için bir istatistik paket geliştirilmesi. Ege Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü. Doktora Tezi, İzmir.
- Özdamar K (2004). Paket programlar ile istatistiksel veri analizleri-2. Kaan kitabevi, 528 s., Eskişehir.
- Pabendon MB, Mejaya MJ, Kosrawa J, Aswidinnoor H (2009). SSR-Based Genetic Diversities Among Maize Inbred Lines and Their Relationships With F1 Phenotypic Data of MR4 and MR14 Testcrosses. Indonesian Journal of Agriculture 2(1): 41-48.
- Poehlman JM (1978). Breeding corn. Breeding Field Crops, U.S.A., p. 241-277.
- Poehlman JM (1979). Breeding field crops. Avi Publishing Company, Inc. Westport, Connecticut. p. 277-320.
- Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tingey S, Rafalski A (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding, 2: 225-238.
- Ragot M, Gay G, Muller JP, Durovray J (1999). Efficient selection for adaptation to the environment through QTL mapping and manipulation in maize. Workshop on Molecular Approaches for the Genetic Improvement of Cereals for Stable Production in Water-Limited Environments, CIMMYT, Mexico, June 21-25, 1999 Preliminary papers.
- Reif JC, Hallauer AR, Melchinger AE (2005). Heterosis and heterotic patterns in maize. Maydica, 50: 215-223.
- Rohlf FJ (2000). NTSYSpc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1. Applied Biostatistics Inc.
- Rood SB, Major DJ (1981). Diallel analysis of leaf number, leaf development rate and plant height of early maturing maize. Crop Sci., 21(6): 867-873.
- Röder MS, Plaschke J, König SU, Börner A, Sorrells ME, Tanksley SD, Ganai MW (1995). Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. Mol. Gen. Genet., 246: 327-333.
- Röder MS, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier MH, Leroy P, Ganai MW (1998). A microsatellite map of wheat. Genetics, 149: 2007-2023.
- Ruckenbauer P (1977). Vergleichende untersuchungen über die einsetzungsmöglichkeiten neuer biometrischer methoden in der kreuzungszüchtung bei winterweizen. I. Teil: Die Wahl der kreuzungspartner und die prüfung ihrer genetischen eignung für den aufbau von züchterisch "ergiebigen" kreuzungspopulationen mit hilfe biometrischgenetischen Methoden. Die Bodenkultur, 28: 58-93.

- Russel WA, Eberhart SA (1975). Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and testcross selection programs. *Crop Sci.*, 15: 1-4.
- Saghai-Marooft MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW (1984). Ribosomal DNA Spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, Chromosomal location, and population Dynamics. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 81: 8014-8018.
- Schmidt J (1919). La Valuer de L'indidu a Titre de Generatuer Appreciee Suivant la Method du Croisement Diallele. *Compt. Rend. Lab. Carlsberg*, 14: 1-33.
- Senior ML, Murphy JP, Goodman MM, Stuber CW (1998). Utility of SSRs for determining genetic similarities and relationships in maize using an agarose gel system. *Crop Science*, 38(4): 1088-1098.
- Sezer İ, Sürmeli A (2003). Karadeniz Bölgesinde ana ürün melez mısır (*Zea mays* L.) tohum elde edilmesine uygun, kendilenmiş hatların bazı bitkisel özelliklerine ait kombinasyon yeteneklerinin araştırılması. *Ondokuz Mayıs Üni. Zir. Fak. Dergisi*, 18(2): 24-31.
- Sharma L, Prasanna BM, Ramesh B (2010). Analysis of phenotypic and microsatellite-based diversity of maize landraces in India, especially from the North East Himalayan region. *Genetica*, 138(6): 619-631.
- Singh RK, Chaudhary BD (1985). Biometrical methods in quantative genetic analysis. Kalyami Publishers, New Delhi-Ludhiana.
- Smith JSC, Chin ECL, Shu H, Smith OS, Wall SJ, Senior ML (1997). An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.) - Comparisons with data from RFLPs and pedigree. *Theor. Appl. Genet.*, 95: 163-173.
- Smith OS, Sullivan H, Hobart B, Wall SJ (2000). Evaluation of a divergent set of SSR markers to predict F<sub>1</sub> grain yield performance and yield heterosis in maize. *Maydica*, 45: 235-241.
- Soengas P, Ordas B, Malvar RA, Revilla P, Ordas A (2003). Heterotic patterns among flint maize populations. *Crop Sci.*, 43: 844-849.
- Sprague GF (1984). Organization of breeding programs. *Illinois Corn Breeders School*, 16: 20-31.
- Stangland GR, Russell WA, Smith OS (1983). Evaluation of performance and combining ability of selected lines derived from improved maize populations. *Crop Sci.*, 23: 647-651.
- Steel RGD, Torroë JH (1960). Principles and procedures of statistics. Mc Graw-Hill Book Company Inc., New York.
- Sürmeli A (2000). Karadeniz Bölgesi'nde ana ürün melez mısır yapımına uygun, kendilenmiş hatların bazı bitkisel özelliklerine ait kombinasyon yeteneklerinin araştırılması. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun.

- Şekeroğlu N, Dede Ö, Deveci M, Kara ŞM (2000). Melez Mısır Populasyonlarında Verim Ve Verim Unsurları Arasındaki İlişkilerin Path Analizi ile Belirlenmesi. GOÜ Ziraat Fakültesi Dergisi, 17(1): 79-82.
- Şelli F, Bakır M, İnan G, Aygün H, Boz Y, Yaşasın AS, Özer C, Akman B, Söylemezoğlu G, Kazan K, Ergül A (2007). Simple sequence repeat-based assessment of genetic diversity in Dimrit and Gemre grapevine accessions from Turkey. Vitis, 46(4): 182-187.
- Şen HM (1999). Altı at dişi mısır saf hattının diallel melez döllerinde verim ve bazı agronomik özelliklerin kalıtımı. Doktora tezi, Çukurova Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Adana.
- Taramino G, Tingey S (1996). Simple sequence repeats for germplasm analysis and mapping in maize. Genome, 39: 277-287.
- Tulukçu E (2004). Diallel melezleme yöntemiyle bor içeriği düşük topraklara uygun ekmeklik buğday anaç ve melezlerinin belirlenmesi ile verim ve verim öğelerinin kalıtımı. Doktora tezi, Selçuk Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Konya.
- Turgut İ, Yüce S, Altınbaş M (1995). Dokuz kendilenmiş mısır hattının diallel melezlerinde bazı tarımsal özelliklerin kalımları, dane verimi ve verim öğeleri. Anadolu, 5(1): 74-92.
- Turgut, İ, Çakmak F, Balcı A (1999). Bursa koşullarında mısırın verim ve verim unsurlarına etkili başlıca karakterler ve bunların kalıtımı üzerine araştırmalar. Türkiye 3. Tarla Bitkileri Kongresi, 1:269-274, Adana.
- Turgut İ (2001). At dişi mısırdaki (*Zea mays indentata* sturt.) üstün melez kombinasyonların belirlenmesi üzerine çalışmalar. Anadolu, 11(1): 23-35.
- Turgut İ (2003). Mısırdaki (*Zea mays indentata* Sturt.) Line x Tester Analiz Yöntemiyle Uyum Yeteneği Etkilerinin ve Heterosisin Belirlenmesi. Uludağ Üni. Zir. Fak. Der., 17(2):33-46.
- Tüsüz MA, Balabanlı C (1997). Bazı mısır çeşitlerinin verime etkili başlıca karakterlerinin kalıtımı ile bunlar arasındaki ilişkilerin tespiti. Anadolu, 7(1): 123-134.
- Ukai Y (2006). DIAL98, A package of programs for the analyses of a full and half diallel table with the methods by Hayman (1954), Griffing (1954) and others. <http://lbm.ab.a.u-tokyo.ac.jp/~ukai/dial98.html>.
- Ünay A, Konak C, Serter E, Basal H, Zeybek A (1999). Mısırdaki bazı özelliklerin çoklu dizi analizi ile belirlenmesi. Türkiye III. Tarla Bitkileri Kongresi, 1:444-449, Adana.
- Vasal SK, Srinivasan G, Crossa J, Beck DL (1992). Heterosis and combining ability of CIMMYT's subtropic and temperate Early-Maturity maize germplasm. Crop Sci., 32: 884-890.
- Vasal SK, Srinivasan G, Pandey S, Gonzalez F, Crossa J, Beck D (1993). Heterosis and combining ability of CIMMYT's Quality Protein Maize germplasm. Crop Sci., 33:46-51.

- Vasal SK, Cordova HS, Pandey S, Srinivasan G (1999). Tropical maize and heterosis. In J.G. Coors and S. Pandey (ed.) The genetics and exploitation of heterosis in crops. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI, 363-373.
- Wagner HW, Sefc KM (1999). Identity 1.0. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sci., Vienna.
- Wannows AA, Azzam HK, Al-Ahmet SA (2010). Genetic variances, heritability, correlation and path coefficient analysis in yellow maize crosses (*Zea mays* L.). Agric. Biol. J. N. Am., 1(4): 630-637.
- Warburton ML, Xia XC, Crossa J, Franco J, Melchinger AE, Frisch M, Bohn M, Hoisington D (2002). Genetic characterization of CIMMYT maize inbred lines and open-pollinated populations using large scale fingerprinting methods. Crop Sci., 42: 1832-1840.
- Xia XC, Reif JC, Hoisington DA, Melchinger AE, Frisch M, Warburton ML (2004). Genetic diversity among CIMMYT maize inbred lines investigated with SSR markers: I. lowland tropical maize. Crop Sci., 44(6): 2230-2237.
- Xu S-X, Liu J, Liu GS (2004). The use of SSRs for predicting the hybrids yield and yield heterosis in 15 key inbred lines of Chinese Maize. Hereditas, 141: 207-215.
- Yates F (1947). Analysis of Data From All Possible Reciprocal Crosses Between a Set of Parental Lines. Heredity, 1: 287-301.
- Yıldırım MB (1974). Beş ekmeklik buğday çeşidinin diallel melez döllerinde bazı tarımsal karakterlerin popülasyon analizleri. Doçentlik tezi, Ege Üni. Zir. Fak. Argon. Gen. Kürsüsü, Bornova, İzmir.
- Yıldırım MB, Öztürk A, İkiz F, Püskülcü H (1979). Bitki ıslahında istatistik genetik yöntemler. Ege Bölge Ziraat Araştırma Enstitüsü, Yayın No:20, 174s, Menemen, İzmir.
- Yıldırım MB, Çakır S (1986). LinexTester Analizi. E.Ü. Bilgisayar Araştırma ve Uygulama Merkezi Dergisi, 9 (1).
- Yıldız G (1995). Altı atdışı mısır saf hattının diallel melez döllerinde verim ve bazı agronomik özelliklerin kalıtımı. Doktora tezi, Çukurova Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Adana.
- Yüce S (1979). On mısır kendilenmiş hattının diallel melez döllerinde bazı tarımsal karakterlerin genetik analizleri. Doçentlik tezi, Ege Üniv. Zir. Fak., İzmir.
- Yüce S, Turgut İ (1991). Ege Bölgesinde 2. ürün melez mısır ıslahı. Doğa, Türk Tarım ve Ormancılık Derg., 15: 520-532.
- Zeybekoğlu B (2012). Mısırdaki SSR moleküler markörler ile genetik çeşitliliğin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üni. Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Konya.
- Zhang SH, LI XH, PENG ZB, YUAN LX (2002). Heterotic groups and exploitation of heterosis-The methodology, strategy, and its use in hybrid maize breeding. The 8th Regional Maize Conference, Bangkok.

Zheng, DH, Van K, Lee SH (2008). Molecular diversity and relationships among elite maize inbreds from US and CIMMYT populations and current heterotic groups in China. *Hereditas*, 145: 182-193.

## ÖZGEÇMİŞ

1976 yılında Balıkesir’de doğdu. İlk ve ortaokulu Balıkesir’de lise öğrenimini ise 1994 yılında Bursa Ziraat Meslek Lisesi’nde tamamladı. 1995 yılında Ziraat Teknisyeni olarak Kahramanmaraş’ta göreve başladı. Aynı yıl Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünü kazandı ve 1999 yılında mezun oldu. 2005 yılında Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı’ndan Yüksek Lisans derecesini aldı. 2008 yılından beri Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü’nde çalışmaktadır. Evli ve iki çocuk babasıdır.