

**MAKARNALIK BUĞDAYDA (*Triticum durum* Desf.) BOY
YÖNÜNDEN GENETİK VARYASYONUN DİALLEL ANALİZ
METODUYLA ARAŞTIRILMASI**

Vehbi ESER¹
İmren BARAN¹

Nusret ZENCİRCİ¹
Kenan YALVAÇ¹

ÖZET : Makarnalık buğdayda (*Triticum durum* Desf.) 3 çeşit ve 3 hat kullanılarak yapılan diallel melezleme programıyla elde edilen 30 adet F₁ dölü ve bunların ebeveynleri Jinks-Hayman tipi diallel analiz yöntemiyle bitki boyu açısından değerlendirilmiştir.

Elde edilen sonuçlar, bitki boyunun aditif ve dominant gen etkilerinin kontrolündedir. Dominantlık derecesi 0.48 olup dominant etkinin kısmi olduğunu göstermektedir. Kalıtım dereceleri $KD_D=0.89$ ve $KD_G=0.94$ olarak hesaplanmıştır. Gen frekansları için hesaplanan uv değeri 0.17 ve dağılım yönlerini tesbit temek için hesaplanan F ise negatif bir değer vererek resesif etkili (kısa boyluluk) genlerin frekansının dominant etkili (uzun boyluluk) genlerden daha yüksek olduğunu göstermektedir.

Kısa boyluluk açısından ANK-01 hattının en kısa boylu döllerini verdiğini ve en fazla resesif etkili gene sahip olduğu bulunmuştur. En az sayıda resesif etkili gen ise KUNDURU-1149 çeşidinde tesbit edilmiştir. ÇAKMAK-79 çeşidi ise daha kısa boylu olmasına rağmen, kendisinden daha uzun boylu olanlardan daha az resesif etkili gen taşımaktadır.

**A STUDY ON GENETIC VARIATION OF HEIGHT IN DURUM
WHEAT (*Triticum durum* Desf.) BY DIALLEL ANALYSIS**

SUMMARY : In durum wheat (*Triticum durum* Desf.), a 6x6 diallel crossing program were carried out by using 3 varieties and 3 advanced lines. 30 F₁s produced out of this diallel program were

1. Tarla Bitkileri Merkez Araş. Enst. ANKARA

evaluated for plant height.

The results show that plant height is under the control of additive and dominant gene actions. Mainly additive effect is responsible for plant height while dominance effect remains partial. This is also proved by dominance ratio which is estimated as 0.48. Heritabilities are estimated as 0.89 for h^2_N and 0.94 for h^2_B . Gene frequency (=uv) is estimated as 0.17, and F gives negative value showing recessive alleles are more common than dominant alleles.

When the results are evaluated for the parents, the advanced line ANK-01 has the highest number of recessive alleles, while KUNDURU-1149, the tallest variety among the parents, has the highest number of dominant alleles. ÇAKMAK-79, a short variety, is found to have less recessive gene than the taller ones.

GİRİŞ

Diğer ürünlerde olduğu gibi buğdayda da yüksek verimli ve üstün vasıflı çeşit geliştirmek, her zaman öncelikli bir konumdadır. Ancak ıslah çalışmaları zaman alıcı ve pahalı uygulamalar olduğu için, planlamanın doğru ve hedeflerin isabetli seçilmesi gerekir. Bir ıslah programının başlangıç noktalarından birisi olan melezlemede kullanılacak ebeveynlerin doğru seçiminin başarıya ulaşmakta ne derece önemli olduğu bilinmektedir. Zira, ana-babanın genetik yapıları ve aralarında iyi bir kombinasyon oluşturabilme kabiliyetlerinin olması, kendilerinde mevcut karakterlerin döllere aktarılmasında takip edilecek yöntemleri belirlemede önemli bir fonksiyona sahiptir.

Buğday ıslahı çalışmalarında genellikle üzerinde ağırlıklı olarak durulan karakterler, ekonomik öneme haiz kantitatif karakterlerdir. Ancak kantitatif karakterlerin çevre şartlarından fazlaca etkilenmeleri ve çok gen tarafından idare edilen karakterler olmaları bakımından dölden dölle aktarılmalarında büyük zorluklarla karşılaşılmaktadır.

Herhangi bir karakterin kalıtım özelliklerini belirlemek amacıyla kullanılabilir birden fazla metod mevcuttur. Bunlar, ebeveyn ve döller arasındaki regresyon, korelasyon (Güler, 1991), varyans analizinde hesaplanan Hata Kareler Ortalaması (HKO) kullanılarak tahmin edilen kalıtım dereceleri (Falconer, 1989) ve ayrıca Diallel yöntemidir. Yukarıda bahsedilen metodlar içinde en çok genetik bilgi üretecek olanının diallel analiz metodu olduğu bilinmektedir.

Diallel analiz yöntemleri ile kantitatif karakterlerin kalıtımları konusunda tahminler üretmek mümkündür. Bu yöntem kullanılarak hesaplanacak parametrelerden faydalanılarak kantitatif karakterlerin tahmini kalıtım dereceleri belirlenebilir. Ebeveynlerin seçimi, üstün vasıflı hatların belirlenmesi ve genotip-fenotip ilişkilerinde beklenen etkileşim için bu tahmini kalıtım gerekli ön bilgileri sağlayabilir.

Halihazırda, ıslah ve genetik çalışmalarında yaygın olarak kullanılmakta olan iki tane temel diallel analiz yöntemi mevcuttur. Bunlar, Jinks-Hayman modeli (Jinks ve Hayman, 1953; Hayman, 1954; Jinks, 1954) ve Griffing modelidir (Griffing 1956). Her iki modelde yaygın olarak kullanılmakta olup tam diallel yöntemi olarak bilinmektedir. Bunların yanında tam diallel yönteminin modifiye edilmesi sonucu ortaya çıkmış diğer yöntemlerde mevcut olup, materyal sayısının fazla olması halinde kullanılabilir olan, 1- Resiproklar hariç 2- Ebeveynler hariç, 3- Resiproklar ve ebeveynler hariç olmak üzere 3 değişik model daha mevcuttur (Griffing, 1956).

Jinks-Hayman modelinin en belirgin özelliği birtakım varsayımlara dayanarak sonuçları yorumlamasıdır. Bu varsayımlar isabetli ise elde edilecek sonuçlar oldukça detaylı olur; ve üzerinde çalışılacak bitki ve karaktere ait bir çok bilginin ayrıntılı bir şekilde elde edilmesine imkan sağlar.

Buna karşın Griffing modelinde varsayımlar asgariye indirilmiş olup; elde edilecek sonuçlar,

sadece bitkilerin üzerinde durulan karakterler açısından genel ve özel kombinasyon kabiliyetlerini ortaya koymakta ve kalıtım derecelerini hesaplamakta kullanılabilir.

Buğdayda bitki boyu nihai verim ve kalite açısından önem arz etmektedir. Zira, uzun boylu bitkilerde başak boyuda uzun olmakta (Güler,1991), bu durumda, yarı taban ve taban arazilerde, yağışın bol olduğu ve dane doldurmanın iyi olduğu hallerde yatmaya sebep olmakta ve verim ve kaliteyi düşürmektedir. Söz konusu mahsurları gidermek amacıyla, ekmeklik buğdayda Norin 10 çeşidinden aktarılan ve daha sonra bir çok alleli diğer çeşitlerde de bulunan Rht genleri boyu kısaltmak ve yatmayı önlemek amacıyla yaygın olarak kullanılmaktadır (Gale ve Gregory, 1977). Rht genleri makarnalık buğdaya transfer edilerek kısa boyluluğun sağlanmasında da kullanılmıştır (Lebsock, 1963). Fakat, ekmeklik ve makarnalık buğdaylar da kromozom sayılarının farklı olması sebebiyle her iki tür arasında kolayca melezleme yapılamamaktadır. Bu nedenle, istenen diğer karakterlerde olduğu gibi, Rht genlerinin transferide zor olmaktadır. Dolayısıyla, mevcut varyasyonun etkin bir şekilde kullanılması için uygun yolların bulunması gerekmektedir.

Makarnalık buğdaya gerek ekmeklik buğdaylardan aktarılan gerekse kendi içinde mevcut olan kısa boyluluk faktörünün etkin olarak kullanılması için melezlemede kullanılacak ebeveynlerin söz konusu karakter yönünden kalıtım özelliklerinin bilinmesine ihtiyaç vardır.

Makarnalık buğdayda bitki boyu ile ilgili olarak çok sayıda çalışma bulunmamakla birlikte, diğer karakterlerle yapılan çalışmalarda bitki boyuda değerlendirilmiştir. Amaya vd. (1972) altı makarnalık buğday çeşidi arasında elde edilen 4 değişik kombinasyona ait F_1 melezlerinde bitki boylarının ebeveyn ortalamalarına göre 5-8 cm daha uzun olduğunu, fakat genel olarak döllerin en uzun ebeveyne göre daha kısa olduklarını belirtmişlerdir.

Özgen (1989) yerel buğday çeşitlerini

melezleyerek elde ettiği 11 ileri kademe hattı arasında oluşturduğu 24 F₁ de yaptığı çalışma sonucunda bitki boyu açısından ebeveynler ortalaması ve en üstün ebeveyne göre negatif melez gücü belirlemiştir.

Güler (1991) 5 adet makarnalık buğday çeşit ya da hattıyla yaptığı çalışmada döllerin boylarının ebeveynlere nazaran daha kısa olduğunu ve ebeveynlerle döller arasında negatif bir ilişki olduğunu tesbit etmiştir.

Bu çalışmada 6 makarnalık buğday çeşidi diallel melezlemeye tabii tutularak elde edilen döller F₂ seviyesinde bitki boyu yönünden değerlendirilmek üzere gözlemleri alınmış ve diallel analiz yöntemi ile değerlendirilmiştir.

MATERYAL VE YÖNTEM

6x6 diallel melezleme programında kullanılan çeşit ve hatlar aşağıda verilmiştir:

- 1- Knd-1149: Kunderu-1149
- 2- Çmk-79 : Çakmak-79
- 3- Ank-01 : İleri kademe hattı:
Üvy162/61-130//By²E/TE
- 4- Ç1252 : Üretim izinli hat
- 5- Ç1273: İleri kademe hattı:
Cr"S"/Gn"S"//Apulicum/3/DF-17-72
/4/PI 165137/3/LD 357E/Tc*²//Jo"S"
/5/AA"S/4/QE1621//Tc*²/3/BYE*²/Tcc
- 6- KZT-91: Kızıltan-91

6 adet makarnalık buğday çeşit ve hattı diallel melezleme programına uygun olarak 1990 yılında melezlenmiştir. Elde edilen F₁ tohumları TARM'ın Yenimahalledeki serasında 1990-1991 sezonunda, 2 tekerrürlü tesadüf blokları deneme deseninde ekilmiştir. Bitki boyu ölçümleri, bitkiler başaklanmasını tamamladıktan sonra alınmıştır. Her bitki sırasından tesadüfi olarak 3 ölçüm yapılmış ve ortalaması alınarak tam diallel tabloları her blok için ayrı ayrı oluşturulmuştur.

Hazırlanan tablolar kullanılarak tam diallel analizi Jinks-Hayman metoduna göre yapılmıştır. Bahis konusu metod Jinks ve Hayman (1953), Jinks (1954) ve Hayman (1954) tarafından geliştirilmiş olup, metodun bir bütün olarak uygulaması Mather ve Jinks (1982)' de detaylı bir şekilde verilmiştir. Bu çalışmada Mather ve Jinks (1982)' den bir farklı uygulama, ikinci derecede istatistiklerin kullanılarak D, H_1, H_2 ve F 'nin hesaplanmasında yapılmış olup, bu değerler her blok için ayrı ayrı hesaplanmak yerine, blok toplamları alınarak oluşturulan ve tam diallel için varyans analizinde kullanılan tablodan teşkil edilen yarım diallel tablosundan hesaplanmıştır.

BULGULAR VE TARTIŞMA

Tam diallel analizi uygulanmadan önce, ebeveyn ve döller arasında, ve bloklar arasında istatistikî manada farklılık olup olmadığını tesbit etmek amacıyla, tesadüf blokları deneme desenine uygun iki yönlü bir varyans analizi yapılmış ve sonuçlar tablo-1'de verilmiştir.

Yapılan varyans analizinde bloklar arası farklılık istatistikî manada önemsiz, çeşitler ve döller arası farklılık önemli bulunmuştur. Bu sonuçlara göre, bitki boyu için hazırlanan tam diallel tabloları, tam diallel analiz için kullanılabilir. Bloklar arasında istatistikî olarak bir farklılık olmaması, bloklara ait değerlerin birleştirilerek tam diallel için varyans analizinde kullanılmasına müsaade etmektedir. Bu amaçla hazırlanan tam diallel tablosuna ait değerler tablo-2'de verilmiştir. Çizelge -2'deki değerler kullanılarak yapılan tam diallel için varyans analizi sonuçları tablo-3'de verilmiştir.

Çizelge -1: Bloklar arası ve çeşitler ve dölller arası farklılığı tesbit etmek amacıyla yapılan varyans analizine ait tablo.

VK	SD	HKO	F	P
Bloklar arası	1	112.300	1.69	-
Ebeveyn ve Dölller arası	35	515.000	7.68	≤0.01
Hata	35	67.065		

Çizelge -2: Hesaplamalarda kullanılan tam diallel değerleri. Her iki blok'a ait değerler toplanarak oluşturulmuştur.

277.21	252.50	257.25	267.92	257.00	244.50
208.17	180.84	170.25	188.75	188.50	197.75
260.50	213.00	175.22	185.92	185.84	205.75
262.25	209.25	195.50	200.75	191.05	207.00
250.75	173.00	196.42	184.50	173.50	212.21

Varyans analizi tablosundaki her bir parametre kendi blok interaksyonuna karşı test edilmiştir.

Varyans analizi sonuçlarına göre (c) ve (d) hariç bütün parametreler istatistiki olarak önemli çıkmaktadır. Buradan da bitki boyu açısından (a) aditif etkiyi, (b) aditif olmayan etkiyi, (b₁) ebeveynlerle dölller arasında istatistiki manada bir farklılığın olduğu ve bu farklılığın tek yönde dominans etkiden kaynaklandığını, (b₂) gen dağılımının ebeveynler arasında asimetric olduğunu, (b₃) ebeveyn özel dominans etkisinin varlığını göstermektedir ki belli bazı melezlerde dominant etki diğerlerinden daha fazladır. İstatistiki olarak önemsiz çıkan (c) ve (d) değerleri ise resiprokal farklılık ve cinsiyete bağlı kalıtımın olmadığını göstermektedir.

Yukarıda yapılan değerlendirmeler, genotip x çevre interaksiyonunun olmadığı, resiprokal farklılığın bulunmadığı, epistatik etkinin olmadığı, diploid gen açılımının olduğu, genlerin dağılımının ebeveynlerde birbirlerinden bağımsız olduğu ve bitki boyu kalıtımının çok gen tarafından kontrol edilmediği varsayımına dayandırılmıştır. Fakat bu varsayımların doğruluğunun kontrol edilmesi gerekmektedir.

Çizelge -3: Tam diallel için varyans analizi tablosu.

VK	SD	HKO	F	P
a	5	2910.9215	22.41	≤0.01
b	15	114.3994	3.24	≤0.05
b ₁	1	197.7284	428.54	$\frac{3}{4}$ 0.01
b ₂	5	532.9996	11.73	$\frac{3}{4}$ 0.01
b ₃	9	4236.4206	18.77	$\frac{3}{4}$ 0.01
c	5	231.2583	2.64	-
d	10	68.4913	0.78	-
Bxa	5	129.8882		
Bxb	15	35.2625		
Bxb ₁	1	0.4614		
Bxb ₂	5	45.4326		
Bxb ₃	9	225.6432		
Bxc	5	59.7343		
Bxd	10	87.5236		
Blok				
İnt.	35	67.0645		

Resiproklar arasında istatistikî anlamda farklılık olmadığı için, resiprokların ortalamaları alınarak yarım diallel tabloları oluşturulmuş (Çizelge -4, 5, 6) ve ikinci derece istatistikler bu tablolar kullanılarak hesaplanmıştır.

Varyans analiz tablosundaki (b) değeri istatistikî olarak önemli bulunduğunda, bu değer alt komponentlerine b₁, b₂, b₃'e bölünerek daha detaylı olarak irdelenebilir. Fakat, b değeri ve

alt komponentleri tarafından ifade edilen aditif olmayan etkinin kaynağının dominant etki mi yoksa epistatik etki mi olduğunun belirlenebilmesi ve diğer değerlendirmelerin doğrulanması için daha detaylı testlere ihtiyaç vardır. Bu testler ikinci derecede istatistikler kullanılarak yapılabilir. Bunlardan ilki her sırada tekrarlanmayan ebeveynlerle her bir sıra arasındaki kovaryans (W_r), ve her bir sıraya ait varyans değeri (V_r)dir. Bu değerler yarım diallel tablolarından hesaplanarak, ebeveyn ortalamaları (P) ve sıra ortalamaları (Y_r) ile birlikte tablo-7,8 ve 9 da ikinci derece istatistikler adı altında verilmiştir.

Çizelge -4: Birinci tekerrüre ait yarım diallel tablosu.

138.59	124.00	124.50	129.75	129.75	129.13
	95.20	103.38	105.13	103.50	89.38
		90.02	94.00	93.59	99.59
			96.24	96.63	96.75
				101.21	99.38
					98.21

Regresyon hattını kullanarak ortalama dominans etkiyi tespit etmeden önce, regresyon hesaplamalarında kullanılan W_r ve V_r değerlerinin istatistikî anlamda birbirlerinden farklı olup olmadığının kontrol edilmesi gerekmektedir. Bu kontroller için kullanılacak değerler W_r ve V_r 'ın toplamları ve farklarıdır. Her iki blok'a ait söz konusu değerler basit varyans analizi yapılarak test edilmiş ve varyans analizlerine ait sonuçlar Çizelge -10'de verilmiştir.

Çizelge -5: İkinci tekerrüre ait yarım diallel tablosu.

138.62	106.34	134.38	134.25	129.88	118.50
	85.64	88.25	99.00	95.38	96.00
		85.20	93.59	97.09	101.50
			92.72	101.25	92.63
				89.78	90.88
					114.00

Çizelge -6: Blokların toplamları üzerinden oluşturulan yarım diallel tablosu.

227.21	230.34	258.88	264.00	259.63	247.63
	180.84	191.63	204.13	198.88	185.38
		175.22	187.59	190.67	201.09
			188.96	197.75	189.25
				191.05	190.25
					212.21

Çizelge -7: Birinci tekerrüre ait ikinci derece istatistikler.

W_r	V_r	W^F+V_r	W_r-V_r	Y_r	P
86.26	27.54	113.84	58.69	130.71	138.59
170.55	138.26	308.80	32.29	97.45	95.20
205.51	156.86	362.36	48.65	105.41	90.02
227.76	185.29	413.05	42.48	102.60	96.24
226.47	171.07	397.55	55.40	107.25	101.27
230.66	189.96	420.11	32.33	99.31	98.21

Çizelge -8: İkinci tekerrüre ait ikinci derece istatistik değerleri.

W_r	V_r	W_r+V_r	W_r-V_r	$Y_r.$	P
87.05	149.91	236.96	-62.86	128.69	138.62
130.50	55.75	186.25	74.76	91.59	85.64
361.59	317.93	679.52	43.66	98.97	85.20
271.41	258.87	530.29	12.54	105.20	92.72
245.55	221.71	467.26	23.84	103.71	89.78
215.85	132.76	348.61	83.09	99.08	114.00

Çizelge -9: Bloklar toplamı kullanılarak oluşturulan yarım diallel tablosundan hesaplanan ikinci derece istatistikler ve ebeveynler ve sıralar ortalamaları.

W_r	V_r	W_r+V_r	W_r-V_r	$Y_r.$	P
365.60	252.73	618.33	112.87	256.28	277.21
548.05	315.33	863.38	232.72	198.53	180.84
1106.51	877.71	1984.22	228.81	200.84	175.22
1009.45	867.70	1877.15	141.75	196.97	188.96
944.48	738.19	1682.67	206.29	204.67	191.05
834.80	545.65	1380.45	289.14	204.26	212.21

Çizelge -10: Her blok için ayrı ayrı hesaplanan (W_r+V_r) ve (W_r-V_r) değerlerinin farklılık kontrollerine ait varyans analizi.

VK		SD	HKO	F	P
(Wr+Vr) fark		5	36028	2.80	0.10
(Wr+Vr) hata		6	12789		
(Wr-Vr) fark		5	964	0.55	0.70
(Wr-Vr) hata		6	1756		

(W_r+V_r) ve (W_r-V_r) arasındaki fark istatistikî manada önemsiz bulunmuştur. Ayrıca, her iki değerin istatistikî manada farksız olması, bitkiler arasındaki aditif olmayan etkinin epistatik olmayıp dominans etkiden kaynaklandığını göstermektedir. Bu durumda söz konusu grafik kullanılarak dominant etkinin yönü hakkında da karar vermek mümkün olabilecektir.

W_r , V_r arasındaki ilişkinin değerlendirilmesi için kullanılan bir diğer metod ise, Mather ve Jinks (1982) tarafından tanımlandığı gibi, birleşik regresyon analizinin kullanılmasıdır.

Birleşik regresyon analizi sonuçlarına (Çizelge -11) bakıldığında, birleşik regresyon HKO'nun istatistikî olarak önemli olduğu görülmektedir. Her bir blok için hesaplanan regresyon değerlerinin farkı ise önemsiz çıkmıştır. Bu durumda birleşik regresyon için hesaplanan b (regresyon katsayısı) varsayımların doğruluğunu test etmek için kullanılabilir. $b=0.90\pm 0.272$ değeri $t_{(4)}$ de 1 den farksız olduğundan varsayımların doğru olduğu ve mevcut aditif olmayan etkinin dominans etkiden kaynaklandığı tezinin doğruluğu kuvvet kazanmış olmaktadır.

Çizelge -11: Birleşik regresyon analizi tablosu.

VK	SD	HKO	F	P
Birleşik regresyon	1	51025.47	29.62	≤ 0.01
Farklılık	1	10.60	≤ 1	-
Hata	8	1722.57		

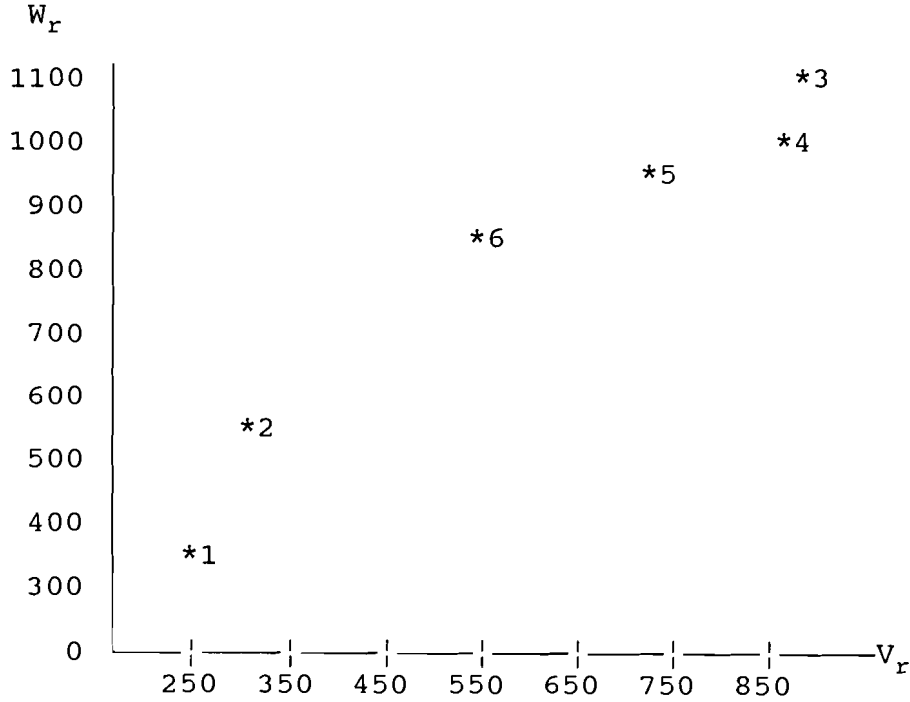
Yukarıda bahsedilen üç testin sonuçları dikkate alındığında W_r, V_r grafiği herhangi bir tereddüde mahal kalmadan yorumlanabilecektir.

Şekil-1'de verilen W_r, V_r ilişkisini incelediğimizde, 1 nolu hat olan Kunduru-1149'un

boy uzunluęu yönünden en çok dominant gene sahip olduęu görölmektedir. 3 numaralı hat ANK-01 ise en çok resesif gene sahip olup en kısa boylu dölller bu bitki ile yapılan melezler arasından seçilebilir. Dięer ebeveynler bu ikisi arasında kalan deęerlere sahiptir.

Ayrıca, regresyon hattının eğimi de dominansın kısmi olduęunu göstermektedir.

Bir dięer bilgi kaynaęı ise W_r+V_r 'ın P (ebeveynler ortalaması) ile olan korelasyonudur. Bu iki deęer için hesaplanan r deęeri -0.688 olarak tahmin edilmiş ve istatitiki manada önemli bulunmuştur. Bu durumda bu iki deęer arasında negatif yönde bir korelasyonun vardır.

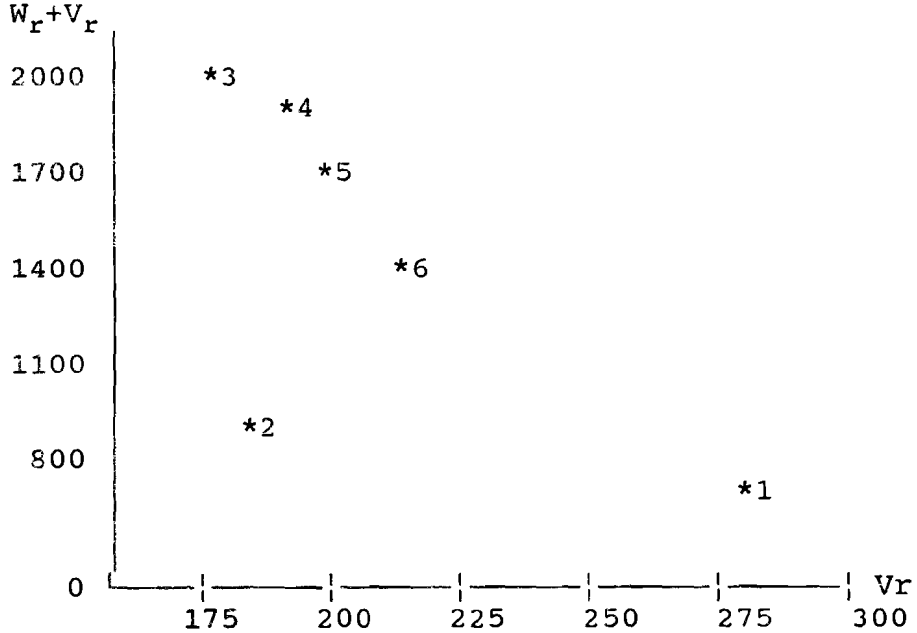


Şekil-1: Sıralara ait Kovaryans(W_r)-Varyans(V_r) ilişkisine ait grafik.

W_r+V_r , P ilişkisi Şekil-2'de gösterilmiş olup, regresyon eğrisinin eğimide korelasyonun

W_r+V_r , P ilişkisi Şekil-2'de gösterilmiş olup, regresyon eğrisinin eğimide korelasyonun negatif olduğunu doğrulamaktadır. Ayrıca, bir önceki grafikte olduğu gibi bu grafikte, daha çok dominant gen taşıyan 1 nolu ebeveyn (KUNDURU-1149) orijine daha yakın iken, orijinden en uzakta kalmış olan 3 nolu ebeveyn (ANK-01) en çok resesif geni taşımaktadır. Her iki grafikte de 2 nolu ebeveyn Çakmak-79'un kendinden daha uzun boylu olan 4, 5 ve 6 nolu ebeveynlerden orijine daha yakın olduğu ve dolayısıyla daha fazla dominant gen taşıdığı sonucu çıkmaktadır.

Her iki grafik birlikte incelendiğinde, bitki boyu yönünden kısa boyluluk için en fazla geni sırasıyla 3,4,5,6,2 ve 1 nolu ebeveynlerin taşıdığı görülmektedir.



Şekil-2: Sıralara ait Kovaryans-Varyans toplamları (W_r+V_r) ile, ebeveyn ortalamaları (P) arasındaki ilişki.

Tam diallel için varyans analizi ve W_r , V_r arasındaki ilişki de kullanılarak test edilen ve bu deneme için uygun bulunan aditif-dominans model, diallel analiz metodunun uygulanması için öngörülen varsayımları karşılamaktadır. Dolayısıyla, varyans komponentleri D, H_1 , H_2 , F ve E değerleri, W_r , V_r değerleri kullanılarak tahmin edilebilir.

Varyans komponentlerinin hesaplanmasında Mather ve Jinks (1982) tarafından geliştirilen ve aşağıda verilen formüller kullanılmıştır:

$$\begin{aligned} E &= E \\ D &= V_p - E \\ H_1 &= 4V_r + V_p - 4W_r - [(3n-2)/n]E \\ H_2 &= 4V_r - 4V_r - [2(n^2-1)/n^2]E \\ F &= 2V_p - 4W_r - [2(n-2)/n]E \end{aligned}$$

Burada:

- E: Çevreden kayanaktan varyans,
- D: Aditif etkiden kaynaklanan varyans,
- H_1 : Dominantlık varyansı,
- H_2 : Gen dağılımına bağlı dominantlık varyansı,
- F: Dominant yada resesif allelerin dağılışı yönü,

Bu varyansları hesaplamada kullanılan değerler ise:

- E: Çevre varyansı (Diallel analiz tablosunda kullanılan HKO)
- V_p : Her sıra ve sütun da tekrarlanmayan ebeveynlere ait varyans,
- V_r : Sıra ortalamaları (Yr.)'a ait varyans
- V_r : Yarım diallel analiz tablosundan her sıra için hesaplanan varyansların ortalaması,
- W_r : Yarım diallel analiz tablosundan her sıra için hesaplanan kovaryansların ortalaması,

Yukarıda verilen formüller kullanılarak elde edilen değerler aşağıda verilmiştir:

$$\begin{aligned} E &= 67.065 & E &= 67.065 \\ V_p &= 1437.063 & D &= 1369.999 \\ V_r &= 599.552 & H_1 &= 316.372 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} W_r &= 801.483 & H_2 &= 215.833 \\ V_r &= 517.650 & F &= -421.223 \end{aligned}$$

Yukardaki komponentlerden D'nin kontrol testinin yapılması aditif etkinin bu populasyon için gerçekte var olup olmadığını göstermesi açısından önemlidir. Bu test V_p/E değerinin t cetveliyle önemlilik kontrolü şeklinde yapılmaktadır. $t_4 = 21.42$ değeri 0.001 düzeyinde önemli olup, bitki boyunun aditif gen etkisinin kontrolünde olduğunu göstermektedir.

Varyans komponentleri kullanılarak dominantlık derecesi, dominant ve resesif allellerin frekansı, ve kalıtım dereceleri hesaplanabilir. Bu hesaplamalarda kullanılacak formüller Mather ve Jinks (1982) tarafından aşağıdaki gibi verilmiştir:

$$\begin{aligned} \text{Dominantlık derecesi: } \sqrt{(H_1/D)} &= 0.48 \\ \text{Gen frekansı: } 1/4H_2/H_1 &= 0.17 \\ \text{Kalıtım derecesi (KD)} &: \end{aligned}$$

$$\text{i-KD}_D: \text{Dar anlamda} = \frac{1/2D + 1/2H_1 - 1/2H_2 - 1/2F}{1/2D + 1/2H_1 - 1/4H_2 - 1/2F + E} = 0.89$$

$$\text{ii-KD}_G: \text{Geniş anlamda} = \frac{1/2D + 1/2H_1 - 1/4H_2 - 1/2F}{1/2D + 1/2H_1 - 1/4H_2 - 1/2F + E} = 0.94$$

Dominantlık derecesi 0.48 olarak tahmin edilmiş olup, bitki boyu açısından kısmi dominantlık mevcuttur. Aynı sonuç W_r , V_r grafiğinde regresyon eğrisinin orijinden yukarda olması ile de tesbit edilmişti.

Gen frekansı 0.17 olarak tahmin edilmiş olup, dominant ve resesif genlerin frekanslarının birbirine eşit olduğu zaman elde edilen $uv = 0.25$ değerinden daha küçük olduğundan, ayrıca F'in negatif bir değere sahip olması sebebiyle de resesif yada kısa boyluluk geninin frekansının daha yüksek olduğu kabul edilebilir.

Esasen, tam diallel için analiz tablosunda hesaplanan (b_2) deęerinin önemli çıkmasında gen frekanslarının birbirinden farklı olduğunu göstermektedir. Böylece, resesif etkili genlerin frekansının daha fazla olduğu kesinlik kazanmış olmaktadır.

Kalıtım dereceleri, $KD_D=0.89$ ve $KD_G=0.94$, olarak tahmin edilmiştir. KD_D deęeri bu karakter için aditif etkinin yüksek olduğunu, KD_D ile KD_G arasındaki farkın küçük olması ise dominant etkinin küçük ve kısmi olduğunu göstermektedir.

Yukarda yapılan deęerlendirmeler göz önüne alındığında 6x6 diallel mezellere ait dölller arasında yapılacak bir seleksiyonda kısa boylu bitkilerin seçilmesi, bu karakterin aditif gen etkisinin kontrolünde olduğundan, kolaylıkla fikse edilmesini ve seleksiyonda başarıya kısa sürede ulaşılmasını sağlayacaktır. Ayrıca, kısa boyluluk karakteri nesilden nesile kolaylıkla aktarılacaktır.

Bu çalışmada elde edilen sonuçlar ebeveyn olarak kullanılan bitkiler açısından deęerlendirildiğinde; en kısa boylu döllerin ANK-01 hattı ile yapılan mezellere elde edilebileceęi görülmektedir. Daha sonra, sırasıyla Ç1252, Ç1273, KIZILTAN-91, ÇAKMAK-79 ve KUNDURU 1149 ile yapılacak mezellere elde edilebileceęi anlaşılmaktadır.

KAYNAKLAR

AMAYA, A.A., BUSCH, R.H. ve LEBSOCK, K.L. (1972): Estimates of genetic effects of heading date, plant height and grain yield in durum wheat. Crop Sci.,12: 478-481.

FALCONER, D.S. (1989): Introduction to Quantitative Genetics (Third edition). Longman Scientific & Technical, New York. pp:438

- GALE, M.D. ve GREGORY, R.S. (1977): Arapid method for early generation selection of dwarf genotypes in wheat. *Euphytica*, 26: 733-738.
- GRIFFING, B. (1956): Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust.Jour. Biol. Sci.*, 9: 463-493.
- GÜLER, M. (1991): Kışlık makarnalık buğday (*Triticum durum* Desf.) anaç ve melezlerinde bazı morfolojik ve agronomik karakterler arası ilişkiler. Yüksek Lisans Tezi, Ank. Üni. Zir. Fak. Tarla Bitkileri Anabilim Dalı.
- HAYMAN, B.I. (1954): The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39: 789-809.
- JINKS, J.L., ve HAYMAN, B.I. (1953): The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*. 27: 48-54.
- JINKS, J.L. (1954) : The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. *Genetics*, 39: 767-788.
- LEBSOCK, K.L. (1963): Transfer of Norin 10 genes for dwarfness to durum wheat. *Crop Sci.*, 3: 450-451.
- MATHER, K. ve JINKS, J.L. (1982): *Biometrical Genetics* (Third edition). Chapman and Hall, London. pp: 427.
- ÖZGEN, M. (1989): Kışlık ekmeçlik buğdayda (*Triticum aestivum* L.) melez gücü. *Doğa TU., Tar. ve Or. D.*, 1190-1202.