

9X9 YARIM DİALLEL MELEZ MISIR POPULASYONLARINDA BAZI TARIMSAL ÖZELLİKLERİN KALITIMI

Hüseyin BAŞAL¹, Aydın ÜNAY¹, Cahit KONAK¹

ÖZET

Dokuz kendilenmiş mısır hattı ve bunların 36 F₁ melez genotipine ait veriler Jinks-Hayman diallel analiz yöntemine göre değerlendirilmiştir. Koçan uzunluğu ve koçanda dane sayısı için dominant; koçan çapı ve bin dane ağırlığı için ise hem dominant hem de eklemeli gen etkilerinin önemli olduğu saptanmıştır. W_r, V_r grafikleri ve (H_r/D)^{0.5} değerlerinden, incelenen tüm özellikler için üstün dominantlığın söz konusu olduğu görülmüştür. Kalıtım dereceleri ve diğer genetik parametre tahminleri dikkate alındığında, koçan çapı ve bin dane ağırlığı için erken generasyonlarda uygulanacak seleksiyonun daha etkili olabileceği sonucuna varılmıştır. Bitki boyu ve bin dane ağırlığı için DNB, koçan çapı, koçan uzunluğu ve koçanda dane sayısı için W 552 hatlarının uygun anaçlar olduğu belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Mısır (*Zea mays* L.), diallel analiz ve kalıtım derecesi.

Inheritance of Some Agronomical Characters in A 9x9 Half-Diallel Maize Populations

ABSTRACT

Data obtained from 9 inbred maize lines and their 36 F₁ crosses were analyzed by using Jinks-Hayman diallel analysis method. Dominance gene effect was significant for plant height, ear length and the number of kernel per ear; and both additive and dominance gene effects were found to be significant for ear diameter and 1000-kernel weight. W_r, V_r graphics and the values of (H_r/D)^{0.5} showed that over-dominance was present for all investigated characters. Estimation of inheritance and the other genetic parameters from diallel analysis indicated that early generation selection for ear diameter and 1000-kernel weight would be effective. It was concluded that DNB for plant height and 1000-kernel weight; W 552 for ear diameter, ear length and the number of kernel per ear would be suitable parents in the future breeding programme.

Key Words: Maize (*Zea mays* L.), diallel analyses and heritability.

GİRİŞ

Aydın ve Denizli illeri tarım topraklarının önemli bir bölümünü oluşturan Büyük Menderes Havzası, mısırın tüm kullanım amaçları için yetiştirildiği bir bölgedir. Özellikle, Aydın ilinde uygun iklim ve sulama olanakları nedeniyle hem ana hem de ikinci ürün mısır tarımı yapılmaktadır. Bölgede mısır üretiminin artırılması, ileri yetiştirme tekniği uygulamaları ile birlikte adaptasyon yeteneği ve verimi yüksek mısır çeşitlerine bağlıdır. Mısır tarımının yapıldığı bir çok ülkede olduğu gibi, ülkemizde de klasik ıslah çalışmaları ile yeni melez mısır çeşitlerini geliştirme çalışmaları devam etmektedir. Yapılan ıslah çalışmalarında, seleksiyonda kullanılacak özelliğin kalıtımı ve uygun anaç seçimi büyük önem taşımaktadır.

Mısırdaki kalıtıma ve anaç seçimine yönelik yapılan diallel analiz çalışmalarında; Turgut *vd.* (1995) koçan çapı, koçan uzunluğu ve bin dane ağırlığı yönünden hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin önemli olduğunu, ancak koçan çapı ve koçan uzunluğu için dominant gen etkisinin eklemeli etkiden daha yüksek olduğunu belirlemişlerdir. Dehghanpour *vd.* (1996) ise bitki boyu ve koçanda dane sayısı için eklemeli olmayan gen etkilerinin daha yüksek olduğunu saptamışlardır. Kalla *vd.* (2001) koçan uzunluğu ve bin dane ağırlığı için eklemeli

olmayan gen etkileri bulmuşlardır.

Benzer çalışmalarda, incelenen özellikler için saptanan kalıtım dereceleri farklılık göstermektedir. Singh *vd.* (1998) bitki boyu, koçan uzunluğu ve bin dane ağırlığı için orta; Hema *vd.* (1999) bin dane ağırlığı ve koçan çapı için yüksek, koçan uzunluğu için ise düşük düzeyde dar anlamda kalıtım derecesi saptamışlardır. Kalla *vd.* (2001) koçanda dane sayısı için yüksek, koçan uzunluğu için orta ve bin dane ağırlığı için düşük kalıtım dereceleri belirlemişlerdir. Yapılan çalışmalarda, koçan çapı (cm), koçan uzunluğu (cm), koçanda dane sayısı gibi özelliklerin mısır verimini doğrudan etkileyen komponentler olduğu saptanmıştır (Konak *vd.*, 1997).

Bu çalışmada; 9 kendilenmiş mısır hattının yarım diallel melezlenmesi ile oluşturulan populasyonlarda bazı tarımsal özellikler için kalıtım parametrelerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

MATERYAL VE YÖNTEM

Çalışmada, Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsünden sağlanan at dişi dane grubuna ait H 96, A 619, N 7A, W 552, IDRN Cornell, ALKD 222, ALKD 90-1, A 632 ve DNB kendilenmiş mısır hatları anaç olarak kullanılmıştır. Bu anaçların Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünde, yarım diallel eşleşme desenine göre

¹Adnan Menderes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, AYDIN

melezlenmeleri ile 2000 yılında 36 F₁ populasyonu oluşturulmuştur. Anaçlar ve melez kombinasyonları olmak üzere toplam 45 genotip 5 m uzunluğunda 4 sıralı parsellere tesadüf blokları deneme deseninde 4 tekrarlamalı olarak 10/05/2001 tarihinde ekilmiştir. Tarla denemelerinde bölge mısır tarımı için önerilen ekim normu ve kültürel işlemler uygulanmıştır.

Bu çalışmada, koçan çapı (cm), koçan uzunluğu (cm), koçanda dane sayısı (adet/koçan), bitki boyu (cm) ve bin dane ağırlığı (g) özellikleri incelenmiştir. Her parselden rasgele seçilen 10 bitki ortalamasından elde edilen veriler Jinks-Hayman tipi diallel melez analizinin veri tabanını oluşturmuştur (Jinks ve Hayman, 1953). Analizlerin yapılması ve (Wr, Vr) grafiklerinin oluşturulmasında Özcan ve Açıkgoz (1999) tarafından hazırlanan "Tarpoggen" bilgisayar programından yararlanılmıştır.

BULGULAR VE TARTIŞMA

Dokuz kendilenmiş mısır hattının incelenen özelliklere ilişkin ortalama değerleri Çizelge 1'de verilmiştir. Ebeveyn ortalamalarının bitki boyunda 127.90 (8) ile 175.07 cm (9), koçan çapında 2.95 (8) ile 4.64 cm (4), koçan boyunda 11.53 (8) ile 15.13 cm (2), koçanda dane sayısında 218.5 ile (2) 480.28 adet (4) ve bin dane ağırlığında ise 201.03 (6) ile 334.50 g (9) arasında değiştiği belirlenmiştir (Çizelge 1).

Dokuz kendilenmiş mısır hattı ve bunların yarım-diallel melezlenmeleri ile oluşturulan F₁ populasyonunda varyans analizi yapılmıştır. Analiz sonucunda, incelenen bütün özellikler için genotipler arasındaki farkın önemli, dizi kovaryansları (Wr) ile

dizi varyansları (Vr) arasındaki farkın ise önemsiz olduğu saptanmıştır (Çizelge 2). Bu sonuç, diallel melez analizinin yapılabilişliği için varsayımların geçerli olduğunu göstermektedir.

Populasyonun genetik yapısını ortaya koymak amacıyla incelenen özellikler için tahmin edilen genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 3'de verilmiştir. Bitki boyu için saptanan parametrelerden dominantlık etkisi (h²) dışındaki tüm parametrelerin önemsiz olduğu gözlenmiştir. Çevre varyansının (E) önemsiz bulunması, incelenen özellik bakımından fenotipik farklılıkların ortaya çıkışında genetik etkenlerin payının daha fazla olduğunu ortaya koymaktadır. Ebeveynde dominant ve resesif allellerin birbirlerine göre oransal dağılımını veren F değeri önemsiz ise pozitif (+) veya negatif (-) işaretli olmasına bakılmaksızın, dominant ve resesif allellerin ebeveynlerde dengeli (eşit) dağıldığı söylenebilir (Verhalen ve Murray, 1967). Ancak, F parametresi ile birlikte ebeveynde dominant ve resesif allellerin oransal dağılımının diğer bir tahmin parametresi olan KD/KR oranının 1'den büyük (1.836) bulunması ebeveynde dominant allellerin resesif allellerden daha fazla olduğu sonucunu ortaya koymaktadır. Melezlerde heterozigot lokuslardaki dominantlık etkilerinin büyüklüğünü tahminde yararlanılan h² parametresinin önemli çıkması, heterotik etkilerin söz konusu olabileceği izlenimini vermektedir. Tüm lokuslar üzerinden ortalama dominantlık derecesinin (H_i/D)^{0.5} 1'den büyük (2.432) olması ise incelenen populasyonda bitki boyu için üstün dominantlığın varlığını göstermektedir. Bu sonuç, Şekil 1'de regresyon doğrusunun Wr eksenini orijinin altında

Çizelge 1. Dokuz kendilenmiş mısır hattının verim ve verim öğelerine ilişkin ortalama değerleri

Sıra no	Hat	Bitki Boyu (cm)	Koçan Çapı (cm)	Koçan Boyu (cm)	Koçanda Dane Sayısı (adet/koçan)	Bin Dane Ağırlığı (g)
1	H 96	168.87	3.88	14.73	434.83	280.18
2	A 619	173.00	3.49	15.13	218.50	256.20
3	N 7A	156.67	3.71	14.80	280.30	278.08
4	W 552	164.50	4.64	13.83	480.28	292.08
5	IDRN CORNELL	146.23	3.39	12.10	338.13	222.50
6	ALKD 222	144.10	3.57	12.73	277.23	201.03
7	ALKD 90-1	137.43	2.97	13.13	287.68	279.98
8	A 632	127.90	2.95	11.53	255.73	244.78
9	DNB	175.07	4.17	11.68	350.08	334.50
	LSD (0.05)	32.04	0.17	1.018	54.72	32.04
	LSD (0.01)	46.95	0.22	1.379	71.10	43.39

Çizelge 2. İncelenen özelliklere ilişkin varyansın ve F₁ populasyonunun (Wr, Vr) varyans analizinde dizilere ilişkin F değerleri

Özellikler	F (Ön Varyans Analizi)	F (Dizi Varyansı)
Bitki Boyu	1.729*	2.078
Koçan Çapı	14.485**	0.692
Koçan Uzunluğu	9.692**	2.511
Koçanda Dane Sayısı	9.874**	2.271
Bin Dane Ağırlığı	5.740**	2.031

*, **, 0.05 ve 0.01 olasılık düzeyinde önemli

kesmesi ile de uyum içindedir. Ebeveynlerde ilgili özelliği kontrol eden genler bakımından dominantlığın olduğu lokuslarda özellik üzerine olumlu ve olumsuz genlerin frekansının bir ölçüsü olan H2/4H1 oranı 0.194 bulunmuştur. Olumlu (dominant) ve olumsuz (resesif) allel frekanslarının birbirine eşit olması durumunda ($u = v = 0.5$) bu oranın 0.25 olması beklenmektedir (Hayman, 1954; Aksel and Johnson, 1963). Bu çalışmada bulunan değerlerin 0.25 değerinden farklı olması ebeveynlerde olumlu ve olumsuz allellerin frekanslarının eşit olmadığını göstermektedir. Bitki boyu için saptanan etkili gen sayısının tahminini veren K değerinin 2.412 olarak bulunması nedeniyle, bu özelliğin en az 2 gen çifti tarafından kontrol edildiğini göstermektedir. Ebeveynlerin kuramsal dominantlık sırasını belirleyen ($W_r + V_r$) değerleri ile ebeveynlerin gözlenen değerleri (Yr) arasındaki korelasyonun (r) negatif çıkması, uzun bitki boyuna sahip ebeveynlerin dominant gen taşıdıklarını göstermektedir.

Koçan çapına ilişkin elde edilen çevre varyansı (E) dışındaki, parametrelerin tümü önemli bulunmuştur. D, H1, H2 ve h^2 komponentlerinin önemli bulunması hem dominant hem de eklemeli gen etkilerinin önemli olduğunu göstermektedir. Ancak, dominantlık etkisinin (h^2) önemli; eklemeli ve dominant gen etkileri farkının (D-H1) negatif ve önemli; ortalama dominantlık derecesinin, $(H1/D)^{0.5}$, ise 1.278 gibi l'den büyük bir değer alması populasyonda üstün dominantlığın daha etkin olduğunu göstermektedir. Regresyon doğrusunun W_r ekseninin orijinin altında kesmesi bu sonucu destekler niteliktedir (Şekil 2). Genlerin dağılışı yönünün gösteren F değerinin pozitif ve önemli bulunması, dominant ve resesif genlerin eşit oranda dağılmadığını ve populasyonda dominant genlerin daha fazla olduğunu göstermektedir. Bu sonuç, KD/KR oranının

l'den büyük (2.02) bir değer alması ile de desteklenmektedir. H2/4H1 oranının 0.25 değerine çok yakın olması (0.243) ise, ebeveyn populasyonunda koçan çapını etkileyen olumlu ve olumsuz allel gen frekanslarının birbirlerine eşit olduğuna işaret etmektedir. K değerinin ($h^2/H2$ oranının) 2.902 olarak saptanması koçan çapının en az üç gen çifti tarafından kontrol edildiğini göstermektedir. h^2 parametresinin önemli olması (Çizelge 3), tahmin edilen K değerinin koçan çapını yöneten gen sayılarını gerçek anlamda tahminleyebileceğini göstermektedir. İncelenen populasyonda dominantlığın yönünü belirleyen kuramsal dominantlık katsayısının ($r = -0.930$) negatif ve önemli bulunması, koçan çapı yüksek olan ebeveynlerin dominant gen taşıdıklarını göstermektedir.

Koçan uzunluğu ve koçanda dane sayısına ilişkin H1, H2, D-H1 ve h^2 parametreleri önemli bulunmuştur. Populasyonda eklemeli gen etkisinin (D) önemsiz, dominant gen etkileri (H1 ve H2) ile birlikte h^2 komponentinin de önemli bulunması, söz konusu özelliklerin dominant gen etkilerinin altında olduğunu göstermektedir. Eklemeli ve dominant gen etkilerinin farkının (D-H1) her iki özellik için negatif ve önemli, ortalama dominantlık derecesini gösteren $(H1/D)^{0.5}$ oranlarının l'den büyük bulunması da bu sonucu desteklemektedir. Ayrıca, ele alınan her iki özelliğe ilişkin regresyon hattının W_r ekseninin orijinin altında kesmesi söz konusu özellikler yönünden üstün dominantlığın olduğunu göstermektedir. Ebeveynlerde olumlu ve olumsuz allel frekanslarının eşit olmadıkları, koçan uzunluğu ve koçanda dane sayısı için H2/4H1 oranlarının sırasıyla, 0.216 ve 0.223 gibi 0.25 değerinden farklı olmasından anlaşılmaktadır. Genlerin dağılışı yönünü gösteren F değerinin pozitif fakat önemsiz, KD/KR

Çizelge 3. 9 x 9 yarım diallel mısır populasyonunda incelenen özellikler için saptanan genetik parametreler ve oranlar

Genetik Parametreler ve Oranlar	Bitki Boyu	Koçan Çapı	Koçan Uzunluğu	Koçanda Dane Sayısı	Bin Dane Ağırlığı
E	154.8 106.7	0.014 0.013	0.878 1.309	173.2 261.9	190.0 218.0
D	277.9 337.5	0.292 0.040**	1.405 4.138	649.5 828.3	1862.6 689.3*
F	398.5 787.3	0.252 0.092*	3.460 9.653	895.0 1932.4	1912.3 1607.9
H1	164.4 74.5	0.477 0.087**	27.164 9.133*	5142.0 1828.3*	4102.9 1521.4*
H2	127.8 64.0	0.465 0.075**	23.469 7.851*	4585.9 1571.7*	3588.7 1307.8**
D-H1	-136.6 63.3	-0.185 0.074*	-25.759 7.755*	-4492.4 1552.4*	-2240.3 1291.8
H^2	308.1 42.9**	1.348 0.050**	90.868 5.260**	17786.9 1052.9**	7289.2 876.1**
$(H1/D)^{0.5}$	2.432	1.278	4.397	2.814	1.484
(H2/4H1)	0.194	0.243	0.216	0.223	0.219
KD/KR	1.836	2.020	1.778	1.649	2.057
K ($h^2/H2$)	2.412	2.902	3.872	3.879	2.031
r ($Y_r, W_r + V_r$)	-0.610	-0.930**	-0.848**	-0.839**	-0.848**
$H^2_{(genis)}$	0.442	0.655	0.483	0.473	0.550
$H^2_{(dar)}$	0.13	0.51	0.05	0.12	0.39

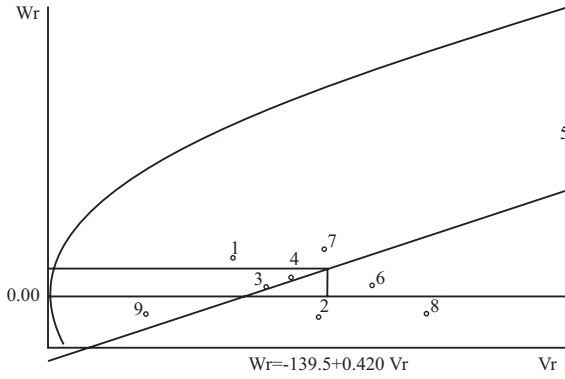
** P 0.01

$t_{0.01} = 3.499$ $t_{0.05} = 2.365$

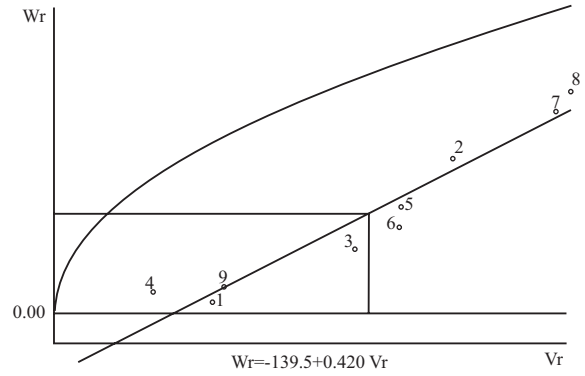
oranının koçan uzunluğu için 1.778 ve koçanda dane sayısı için ise 1.649 gibi 1'den büyük bir değer alması populasyonda dominant genlerin resesif genlerden daha fazla olduğu izlenimini vermektedir. İncelenen özelliğe ilişkin gen sayısı tahminini veren $K (h^2/H^2)$ katsayısının koçan uzunluğu ve koçanda dane sayısı özellikleri için sırasıyla, 3.872 ve 3.879 olarak bulunması her iki özelliğin de en az 4 gen çiftinin etkisi altında olduğunu göstermektedir. Kuramsal

dominantlık katsayılarının her iki özellik için de (koçan uzunluğu için; $r = -0.848$, koçanda dane sayısı için; $r = -0.839$) negatif ve önemli bulunması, bu özellikler bakımından yüksek değerlere sahip ebeveynlerin dominant gen taşıdıklarını göstermektedir.

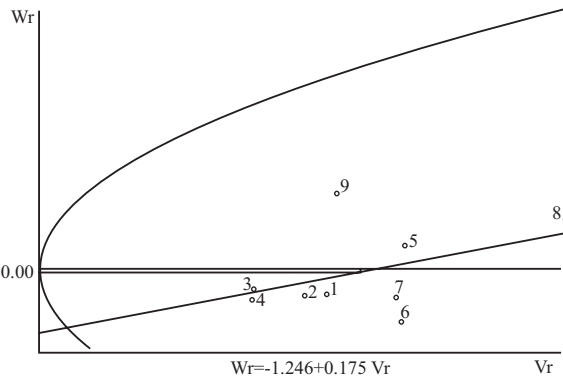
Bin dane ağırlığı için hesaplanan eklemeli gen etkileri (D) ile birlikte H1, H2 ve h^2 parametrelerinin önemli, D-H1'in önemsiz de olsa negatif bulunması ve



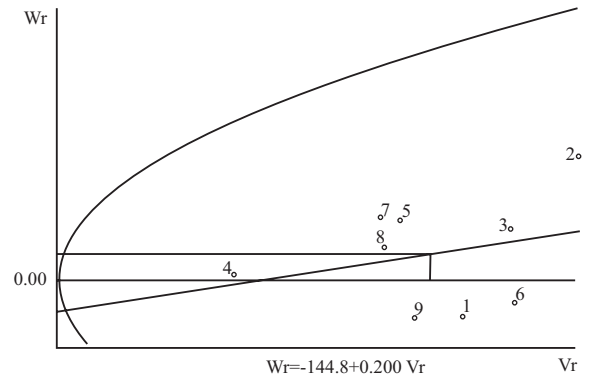
Şekil 1: Bitki boyuna ilişkin (Wr, Vr) grafiği



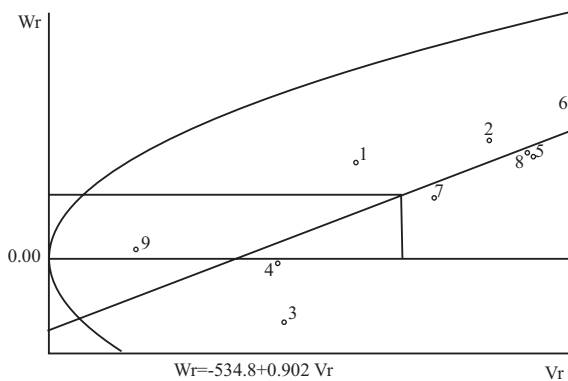
Şekil 2: Koçan çapına ilişkin (Wr, Vr) grafiği



Şekil 3: Koçan uzunluğuna ilişkin (Wr, Vr) grafiği



Şekil 4: Koçanda dane sayısına ilişkin (Wr, Vr) grafiği



Şekil 5: Bin dane ağırlığına ilişkin (Wr, Vr) grafiği

- 1: H 96
- 2: A 619
- 3: N 7A
- 4: W 552
- 5: IDR N CORNELL
- 6: ALKD 222
- 7: ALKD 90-1
- 8: A 632
- 9: DNB

$(H_i/D)^{0.5}$ değerinin 1'den büyük (1.484) olması söz konusu özellik bakımından eklemeli gen etkileri ile birlikte dominant gen etkilerinin de önemli olduğunu ortaya koymaktadır. Regresyon doğrusunun, W_r ekseninin orijinin altında kesmesi bu sonucu destekler niteliktedir (Şekil 5). F değerinin pozitif ve önemsiz, KD/KR oranının 1'den büyük (2.057) bulunması ise dominant ve resesif allellerin eşit oranda dağılmadığını ve populasyonda dominant allellerin daha fazla olduğunu göstermektedir. Ebeveynlerde bulunan olumlu ve olumsuz genlerin frekansının bir ölçüsü olan $H_2/4H_1$ oranının 0.25 değerinden farklı (0.219) olması, ebeveynlerde olumlu ve olumsuz allellerin frekansının eşit olmadığını göstermektedir. İncelenen özelliği yöneten gen sayısını veren K katsayısının 2.031 olarak bulunması, bu özelliğin en az iki gen çifti tarafından kontrol edildiğini ortaya koymaktadır. İncelenen populasyonda dominantlığın yönünü belirleyen kuramsal dominantlık katsayısının ($r = -0.848$) negatif ve önemli bulunması, bin dane ağırlığı yüksek ebeveynlerin dominant gen taşıdıklarını göstermektedir.

Ebeveyn hatların W_r (kovaryans) ile V_r (varyans) değerleri arasındaki regresyona ilişkin grafikler her bir özellik için ayrı ayrı Şekil 1, 2, 3, 4 ve 5'de verilmiştir. Bu grafikler yardımıyla, regresyon doğrusunun W_r eksenini kestiği konuma göre populasyonda incelenen özelliklere ilişkin dominantlık biçimleri hakkında, ebeveynlerin regresyon doğrusu üzerinde sıralanışları ve orijine olan uzaklıkları ise ebeveynlerin incelenen özellikler bakımından içerdikleri dominant ve resesif allel düzeyleri hakkında bilgi vermektedir. Regresyon doğrusu tam orijinden geçerse tam dominant, orijinin üstünden geçerse kısmi, altından geçerse üstün dominant kalıtım olduğu varsayılır (Hayman, 1954). İncelenen tüm özelliklere ilişkin grafik analizlerinde, regresyon doğrusunun W_r eksenini orijinin altında (negatif bölgede) kesmesi, tüm özellikler için üstün dominant kalıtım göstermektedir. Bu sonuç, $(H_i/D)^{0.5}$ parametresinin tüm özellikler için 1'den büyük çıkması ile de desteklenmektedir (Çizelge 3). Grafik analizlerinde, parabolün regresyon doğrusunu orijine en yakın konumda kestiği nokta söz konusu özellik bakımından tüm allellerin dominant, en uzak konumda kestiği nokta da bütün allellerin resesif olduğunu göstermektedir (Hayman, 1954 ve Jinks 1954). Bulunan sonuçlar incelendiğinde; DNB hattının bitki boyu (Şekil 1) ve bin dane ağırlığı (Şekil 5); W 552, H.96 ve DNB hatlarının koçan çapı (Şekil 2); N 7A ve W 552 hatlarının koçan uzunluğu (Şekil 3); W 552 hattının da koçanda dane sayısı (Şekil 4) bakımından diğer ebeveynlere göre daha fazla dominant allel taşıdığı ortaya çıkmaktadır. İncelenen özellikler bakımından dominant gen taşıdıkları saptanan genotiplerin aynı zamanda söz konusu özellikler bakımında en yüksek değerler almaları (Çizelge 1), bu ebeveynlerde incelenen özelliklerin daha çok dominant genler tarafından belirlendiği

sonucunu ortaya koymaktadır. Koçan çapı, koçan uzunluğu, koçanda dane sayısı ve bin dane ağırlığı özellikleri bakımından sırasıyla; A 632, ALKD 90-1 (Şekil 2); A 632 (Şekil 3); A 619 (Şekil 4) ve ALKD 222 (Şekil 5) ebeveynlerinin hem resesif gen taşımaları hem de ilgili özellikler bakımından en düşük değer almaları (Çizelge 1) üzerinde durulan özelliklerin dominant genler tarafından belirlendiği yargısını desteklemektedir.

Dar anlamda en yüksek kalıtım derecesi koçan çapı (0.51) ve bin dane ağırlığı (0.39) için, en düşük kalıtım derecesi ise bitki boyu (0.13), koçanda dane sayısı (0.12) ve koçan uzunluğu (0.05) için tahmin edilmiştir. Yüce (1979) koçan boyu için 0.27, Rood ve Major (1981) bitki boyu için 0.12 gibi dar anlamda kalıtım dereceleri hesaplamışlardır. Turgut vd (1995) koçan çapı, koçan uzunluğu ve bin dane ağırlığı için dar anlamda kalıtım derecesini sırasıyla 0.41, 0.58 ve 0.42 olarak saptamışlardır. Araştırmalar sonucunda tahmin edilen dar anlamdaki kalıtım dereceleri arasındaki farkların, üzerinde çalışılan populasyonlardan ve çalışmaların yürütüldüğü çevreden kaynaklanmış olabileceği söylenebilir.

Bu çalışmada incelenen dokuz kendilenmiş hattın yarım diallel melezlerine ilişkin veriler topluca incelendiğinde; koçan uzunluğu ve koçanda dane sayısına ilişkin dominantlık, koçan çapı ve bin dane ağırlığı için ise dominantlık ile birlikte eklemeli genetik varyansın önemli olduğu belirlenmiştir. Melezlerde heterozigot lokuslardaki dominantlık etkilerin büyüklüğünün tahminini veren h^2 parametresinin incelenen tüm özelliklerde önemli bulunması heterotik etkilerin olduğunu göstermektedir. Üzerinde durulan özellikler bakımından kendilenmiş hatların genetik yapıları gözönüne alındığında; bitki boyu ve bin dane ağırlığı bakımından DNB, koçan çapı, koçan uzunluğu ve koçanda dane sayısı için ise W 552 hatlarının dominant alleller taşıması, bu genotiplerin daha sonra yapılacak ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak kullanılabilirliği sonucuna varılmıştır.

KAYNAKLAR

- Aksel, R. and L.P.V. Johnson. 1963. The analysis of diallel cross: A worked example. *Advancing Frontiers of Plant Science*.2:37-53.
- Dehghanpour, Z., B. Ehdaie, and M. Moghaddam. 1996. Diallel analysis of agronomic characters in white endosperm maize. *Journal of Genetics and Breeding*. 50 (4):357-365.
- Hayman, B. I. 1954 . The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*. 39:789-809.
- Hema, D., K. Soonkwon, T. Toure and S.K. Kim. 1999. Genetic analyses of maize yield components in dry area of Burkina-Faso. *Cahire-Agriculture*. 8 (1): 64-66.
- Jinks, J.L. and B. I. Hayman. 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 *Nicotina rustica* Varieties. *Genetics*. 39:767-788.

- Kalla, V., R. Kumar and A.K. Basandrai. 2001. Combining ability analysis and gene action estimates of yield and yield contributing characters in maize. *Crop Research Hisar*. 22(1): 102-106.
- Konak, C., A. Ünay, A. Zeybek and E. Serter. 1997. Correlation and path analyses in maize (*Zea mays* L.). *Turk J. of Field Crops*. 2: 47-52.
- Özcan, K. and N. Açıkğöz. 1999. A statistical analysis program for population genetics. 3th. The symposium of computer application for agriculture. 3-6 October 1999. Çukurova University, Adana-Turkey.
- Rood, S.B. and D.J. Major. 1981. Diallel analyses of leaf number, leaf development rate, and plant height of early maturing maize. *Crop. Sci.* 21: 867-873.
- Singh, A.K., J.P. Shai, J.K. Singh and R.N. Singh. 1998. Heritability and genetic advance for maturity and yield attributes in maize. *Journal of Applied Biology*. 8(1): 42-45.
- Turgut, İ., S. Yüce ve M. Altınbaş. 1995. Dokuz kendilenmiş mısır hattının diallel melezlerinde bazı tarımsal özelliklerin kalıtları. II. Dane verimim ve verim ögeleri. *Anadolu, J. of AARI*. 5(1): 74-92.
- Verhalen, L.M. and J.C. Murray. 1967. A diallel analysis of several fiber property traits in upland cotton. *Crop Sci.* 7: 501-505.
- Yüce, S. 1979. On mısır kendilenmiş hattının diallel melez döllerinde bazı tarımsal karakterlerin genetik analizleri. Doçentlik Tezi. Ege Üni. Zir. Fak. Bornova İzmir.

Geliş Tarihi : 25.12.2003

Kabul Tarihi : 24.02.2004