

ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

GENOTİP × ÇEVRE ETKİLEŞİMİNİN BELİRLENMESİNDE
KULLANILAN KARARLILIK ANALİZİ YÖNTEMLERİ VE
ARALARINDAKİ İLİŞKİNİN ARAŞTIRILMASI

Mehmet TOPAL

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

ERZURUM
2004

Her hakkı saklıdır

Prof. Dr. NECATİ YILDIZ danışmanlığında, MEHMET TOPAL tarafından hazırlanan bu çalışma 11.10.2004 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Zootekni Anabilim Dalında Doktora Tezi olarak kabul edilmiştir.

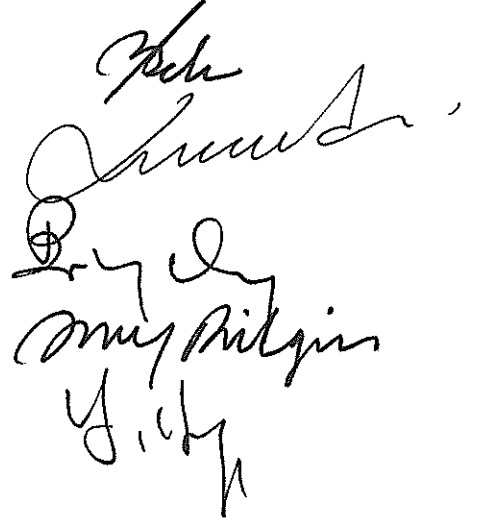
Başkan: Prof. Dr. Yüksel BEK İmza:

Üye :Prof. Dr. Necati YILDIZ İmza:

Üye :Doç. Dr. Erkan OKTAY.....İmza:

Üye :Yrd. Doç. Dr. Ömer Cevdet BİLGİN..... İmza:

Üye :Yrd. Doç. Dr. Ünsal DOĞRU.....İmza:



Yukarıdaki sonucu onaylarım

Prof. Dr. Mehmet ERTUĞRUL


Enstitü Müdürü

ÖZET
Doktora Tezi

**GENOTİP × ÇEVRE ETKİLEŞİMİNİN BELİRLENMESİNDE KULLANILAN KARARLILIK
ANALİZİ YÖNTEMLERİ VE ARALARINDAKİ İLİŞKİNİN ARAŞTIRILMASI**

Mehmet TOPAL

Atatürk Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Necati YILDIZ

Bitki ve hayvanların verimi çevre ile genotipin birlikte etkisinin sonucudur. Fenotipik varyasyon genotip, çevre ve Genotip × Çevre etkileşiminden meydana gelmektedir. Bitki ve hayvan ıslahında Genotip × Çevre etkileşimiyle geniş bir şekilde ilgilenilmektedir. Genotip × Çevre etkileşiminin tespitinde kullanılan parametrik ve parametrik olmayan yöntemler genotiplerin her bir çevredeki verim değerlerine ve bunların ranklarına dayanmaktadır. Kararlılık yöntemleri ile genotiplerin çevrelerden etkileşimleri bireysel olarak tespit edilmektedir.

Bu araştırmada normal ve kesikli üniform dağılışa göre türetilen verilerde etkileşimi tespit etmek için ilk önce varyans analizi uygulandı daha sonra parametrik yöntemlerden Çevresel Varyans, Shukla'nın Kararlılık Varyansı, Varyasyon Katsayısı, Ecovalence, Lin ve Binns'in P_i yöntemi, Finlay ve Wilkinson'un regresyon katsayısı, Perkins ve Jinks'in regresyon katsayısı ve Eberhart ve Russel yöntemi ve parametrik olmayan yöntemlerden $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$, $S_i^{(6)}$, L_i , R_i ve Kang yöntemi uygulandı. Yöntemlerin normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilere uygulanmasında yöntemler arasında ilişki yönünden dağılışlar arasında bir fark olmadığı gözlemlendi. Her iki dağılıшта varyans analizine göre Genotip × Çevre etkileşiminin önemsiz olduğu durumda parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerine göre elde edilen katsayı değerleri önemsiz bulunurken Genotip × Çevre etkileşiminin önemli olduğu durumlarda kararlılık katsayı değerleri arasındaki fark önemli bulunmuştur.

Normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilerde parametrik yöntemlerde en yüksek korelasyonlar CV, VK, EV, SSV ve ERSKT yöntemleri arasında görülürken bu yöntemlerin FWbi ve PJbi yöntemleriyle olan ilişkisi düşük bulunmuştur. Ayrıca en yüksek korelasyonlar SSV ile EV, CV ile VK ve FWbi ile PJbi yöntemleri arasında bulundu. Parametrik olmayan yöntemlerde en yüksek ilişki S1 ile S2, S3 ile S6 ve L, R, S1 ile S2 yöntemleri arasında bulundu. KSM yöntemi S3 ve S6 yöntemleri ile yüksek ve önemli ilişki göstermiştir. KSM yöntemi genotip ortalama değerleriyle negatif yönde önemli ilişki göstermiştir. Parametrik ve parametrik olmayan yöntemler arasında en yüksek korelasyonlar CV, VK, EV ve SSV yöntemleri ile S1, S2, L ve R yöntemleri arasında bulunmuştur. Regresyon yöntemleri ile parametrik olmayan yöntemler arasında önemli ilişki tespit edilememiştir. Genotip × Çevre etkileşiminin tespitinde aralarında korelasyonun yüksek olduğu yöntemlerden herhangi biri kullanıldığında benzer sonuçların alınabileceği gözlenmiştir. Sonuç olarak Genotip × Çevre etkileşim değerini genotiplere bireysel olarak parçalayan EV ve SSV yöntemlerinden birisinin veya bu yöntemlerle yüksek sıra korelasyona sahip yöntemlerden herhangi biri tercih edilebilir.

2004, 97 sayfa

Anahtar Kelimeler: Genotip × Çevre etkileşimi, kararlılık yöntemleri, sıra korelasyon

ABSTRACT
PhD. Dissertation

**A STUDY ON RELATIONSHIP AMONG STABILITY ESTIMATION METHODS USED IN
DETERMINATION OF GENOTYPE × ENVIRONMENT INTERACTION**

Mehmet TOPAL

Atatürk University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Animal Sciences

Supervisor: Prof. Dr. Necati YILDIZ

Plant and animal yields are result of the effect of genotype and environment. Phenotypic variation originates from genotype, environment and Genotype × Environment interaction. Worldwide interests in Genotype × Environment interaction for animal and plant breeding. Parametric and nonparametric methods used in determination of Genotype × Environment interaction are based on the yield values of genotypes and their ranks in each environment. Genotype × Environment interactions are individually established by stability methods.

At the beginning, variance analysis was applied to determine the interactions related to data simulated according to normal and discrete uniform distribution, and then environmental variance, Shukla's stability variance, variation coefficient, ecovalance, Lin and Bins' P_i method, Finlay and Wilkison's regression coefficient, Perkins and Jinks' regression coefficient and Eberhart and Russell's deviation parameter from parametric methods, $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$, $S_i^{(6)}$, L_i , R_i and Kang's yield – stability statistics from nonparametric methods were applied to present data. Differences among the methods applied for data displayed normal and discrete uniform distribution were not significant. When the interactions obtained according to variance analysis in both normal and discrete uniform distribution were insignificant, coefficient values from parametric and nonparametric stability estimation methods were also found insignificant. In addition, when interaction was determined to be significant, difference among the coefficient values was significant.

While the highest correlation in parametric methods for normal and discrete uniform distributions was established among CV, VK, EV, SSV and ERSKT, the correlation of these methods with FWb_i and PJb_i methods were found to be very low. Also, the highest correlations were determined between SSV and EV, CV and VK, FWb_i and PJb_i methods. The highest correlation in nonparametric methods were found between S1 and S2, S3 and S6, L, R, S1 and S2 methods. KSM method showed high and significant correlation with S3 and S6. KSM method had significant and negative correlation with average of genotype values. The highest correlations were found among the CV, VK, EV, SSV with S1, S2, L and R methods from parametric and nonparametric. A significant correlation was not determined between regression and nonparametric methods. It was observed that similar results may be obtained when any method showing high correlation with other methods was used to determine the Genotype × Environment interaction. It was concluded that one of EV and SSV methods individually partitioning Genotype × Environment interaction values to genotype or any method showing high rank correlation with these methods is preferable to other methods.

2004, 97 pages

Keywords: Genotype × Environment interaction, stability methods, rank correlation

TEŞEKKÜR

Doktora tezi olarak sunduğum bu çalışmanın her aşamasında destek, yardım ve teşvikleri ile bana yol gösteren danışman hocam Sayın Prof. Dr. Necati YILDIZ'a,

Zootekni Bölüm Başkanı Sayın Prof. Dr. Hakkı EMSEN ile diğer bölüm hocalarıma ve mesai arkadaşlarıma,

Çalışmalarım esnasında yardımlarını esirgemeyen Sayın Doç. Dr. Erkan OKTAY, Sayın Yrd. Doç. Dr. Ömer Cevdet BİLGİN, Sayın Doç. Dr. Muhlis MACİT, Sayın Doç. Dr. Nurnisa ESENBUĞA, Sayın Yrd. Doç. Dr. Mevlüt KARAOĞLU, Sayın Yrd. Doç. Dr. Ömer GÜNDOĞDU, Sayın Arş. Gör. Recep ÖZ'e,

Manevi desteklerini veren Annem, Babam, Eşim ve Oğluma şükran ve minnetlerimi sunarım.

Mehmet TOPAL

Eylül 2004

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	v
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	vi
SİMGELER DİZİNİ.....	viii
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	8
3. MATERYAL ve YÖNTEM.....	16
3.1. Materyal.....	16
3.2. Yöntem.....	18
3.2.1. Tek Değişkenli Parametrik Yöntemler.....	19
3.2.2. Çevresel Varyans Yöntemi.....	19
3.2.3. Shukla Yöntemi.....	20
3.2.4. Varyasyon Katsayısı Yöntemi.....	22
3.2.5. Ecovalence Yöntemi.....	23
3.2.6. Lin ve Binns'in P_i Yöntemi.....	23
3.2.7. Regresyon Yöntemi.....	26
3.2.8. Finlay ve Wilkinson Regresyon Katsayısı Yöntemi.....	27
3.2.9. Perkins ve Jinks'in Regresyon Katsayısı Yöntemi.....	29
3.2.10. Eberhart ve Russel Yöntemi.....	33
3.2.11. Faktöriyel Regresyon.....	35
3.3.1. Tek Değişkenli Parametrik Olmayan Yöntemler.....	43
3.3.2. Hühn ve Nassar $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ ve $S_i^{(6)}$ Yöntemleri.....	44
3.3.3. Piepho ve Lotito Yöntemleri (L_i ve R_i istatistikleri).....	47
3.3.4. Kang Yöntemi.....	48
4. ARAŞTIRMA BULGULARI	50
4.1. Normal Dağılıştan Simülasyonla Elde Edilen Verilere Ait Sonuçlar	51
4.2. Kesikli Üniform Dağılıştan Simülasyonla Elde Edilen Verilere Ait Sonuçlar.....	64
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	75
KAYNAKLAR.....	82
EKLER.....	85
EK-1. Simülasyon Çalışması İçin Yazılan Bilgisayar Programı.....	85
ÖZGEÇMİŞ	

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Genotip Çevre Etkileşiminin Grafiği

4

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. i. Genotip İçin Regresyon Analizindeki Varyasyon Kaynakları.....	31
Çizelge 3.2. Birleşik Regresyon Analiz Çizelgesi.....	32
Çizelge 4.1. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Duruma Göre Elde Edilen Verilerin Varyans Analizi	51
Çizelge 4.2. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları.....	53
Çizelge 4.3. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları.....	54
Çizelge 4.4. Normal Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik ve Parametrik Olmayan Kararlılık Değerleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları.....	56
Çizelge 4.5. Normal Dağılışa Göre Türetilen Ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerden Elde Edilen Varyans Analiz Sonuçları...	58
Çizelge 4.6. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları.....	59
Çizelge 4.7. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları	60
Çizelge 4.8. Normal Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik ve Parametrik Olmayan Kararlılık Değerleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları.....	62
Çizelge 4.9. Kesikli Üniform Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olmadığı Verilerin Varyans Analiz Sonuçları	64
Çizelge 4.10. Kesikli Üniform Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları.....	65
Çizelge 4.11. Kesikli Üniform Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları.....	66
Çizelge 4.12. Kesikli Üniform Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik ve Parametrik Olmayan Yöntemler Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları.....	67
Çizelge 4.13. Kesikli Üniform Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerden Elde Edilen Varyans Analiz Sonuçları.....	69
Çizelge 4.14. Kesikli Üniform Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları	70
Çizelge 4.15. Kesikli Üniform Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları	71
Çizelge 4.16. Kesikli Üniform Dağılışa Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik ve Parametrik Olmayan Kararlılık Yöntemleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları.....	72

Çizelge 4. 17. Normal Ve Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Ve Önemsiz Olduğu Durumlarda Kararlılık Yöntemlerine Göre En Kararlı Ve En Az Kararlı Genotipler.....	74
Çizelge 4. 18. Parametrik Ve Parametrik Olmayan Kararlılık Yöntemlerin Gruplandırılması.....	74
Çizelge 5.1. Lin et al. (1995)'e Göre Parametrik Yöntemlerin Sınıflandırılması...	78

SİMGELER DİZİNİ

σ_p^2	Fenotipik varyans
σ_G^2	Genetik varyans
σ_E^2	Çevre varyansı
Kov(GE)	Genotiple çevre arasındaki kovaryans
Y_{ijk}	i. genotipin j. çevredeki k. verimi
μ	Genel ortalama
g_i	i. genotipin etki payı
e_j	j. çevrenin etki payı
$(ge)_{ij}$	i. genotip ile j. çevrenin etkileşimine ait etki payı
ε_{ijk}	i. genotipin j. çevredeki k. tekrarlanmasıyla oluşan hata payı
t	Genotip sayısı
s	Çevre sayısı
r	Tekerrür sayısı (i. Genotipin j. çevredeki tekrarlama sayısı)
S_i^2	Çevresel varyans
d_{ij}	j. çevrede, i. genotipin regresyondan sapması
S_{di}^2	Regresyondan sapmaların hata kareler ortalaması
σ_i^2	Shukla'nın kararlılık varyansı
F	F dağılışı
χ^2	Ki-kare dağılışı
VK	Varyasyon katsayısı
W_i	Ecovalance katsayısı
P_i	Lin ve Binns'in P_i katsayı değerleri
β_0	Regresyon doğrusunun Y eksenini kestiği nokta
β_i	i. genotipin çevresel indeks üzerindeki regresyon katsayısı
$\bar{Y}_i$	i. genotipin ortalama değeri
$\bar{Y}_j$	j. çevrenin ortalama değeri
$\bar{Y}_{ij.}$	i. genotipin j. çevredeki r tekrarının ortalaması
$\bar{Y}_{..}$	Genel ortalama
M_j	j. çevredeki tüm genotipler arasındaki maksimum verim
C_{mi}	j. çevredeki m. Kontrol genotipin verimi
T_{ij}	j. çevredeki i. Test genotipin verimi
δ_{ij}	j. çevrede i. genotipin regresyon doğrusundan sapmasıdır
$S_i^{(1)}$	s çevre üzerinden bir genotipin sıra puanları farklarının mutlak değer ortalamasıdır
$S_i^{(2)}$	s çevre üzerindeki düzeltilmiş sıra puanların varyansı
$S_i^{(3)}$	Düzeltilmemiş sıra puanlarının s çevre üzerindeki varyansı
$S_i^{(6)}$	Düzeltilmemiş sıra puanları mutlak sapmasından hesaplanan varyasyon katsayısı
r_{ij}^*	Düzeltilmiş $\bar{Y}_{ij.}^* = \bar{Y}_{ij.} - (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})$ ortalama verimlerine dayandırılmış her bir çevredeki genotiplerin sıra puanları

r_{ij}	$\bar{Y}_{ij}$. ortalama verimlerine dayandırılmış her bir çevredeki genotiplerin sıra puanları
AMMI	Toplamlı Ana Etkiler ve Çarpımlı Etkileşim modeli
MM	Çarpımlı model
CV	Çevresel varyans yöntemi
SSV	Shukla yöntemi
VK	Varyasyon katsayısı yöntemi
EV	Ecovalance yöntemi
FWbi	Finley ve Wilkinson yöntemi
PJbi	Perkins ve Jink yöntemi
ER	Eberhatr ve Russel yöntemi
S1	$S_i^{(1)}$ yöntemi
S2	$S_i^{(2)}$ yöntemi
S3	$S_i^{(3)}$ yöntemi
S6	$S_i^{(6)}$ yöntemi
L ve R	Piepho ve Lotito yöntemleri
KSM	Kang Yöntemi

1. GİRİŞ

Genel manada genotip, organizmanın fenotipini belirlemesine rağmen çevre faktörleri bu organizmanın fenotipini önemli bir şekilde değiştirebilir. Canlının performansı çevre ile genotipin birlikte etkisinin bir sonucudur. Fenotip, canlının herhangi bir şekilde tespit ve ifade edilen özelliğidir. Canlılarda genlerin ve çevre faktörlerinin müşterek tesirleri altında meydana gelen dış görünüş veya canlının tanınabilen çeşitli karakterleri fenotipi oluşturur. Fenotip, kalitatif (boynuzlu - boynuzsuz, esmer – alaca, kılçıklı – kılçıksız buğday, sarı – beyaz patates gibi) ve kantitatif (hayvanlarda süt, et, yapağı, yumurta verimi, bitkilerde dönüm başından elde edilen verim gibi) olmak üzere ikiye ayrılır.

Bir canlıdaki mevcut fenotipten sorumlu kalıtsal özelliklerin tümü genotiptir. Genotip gen etkilerinden oluşmakta ve kalıtsaldır. Gen, gözle görülebilir bir karakteri veya fenotipik görünüşü etkileyen kromozomlar üzerine yerleşmiş ve ölçülebilir bir yer tutan en küçük genetik madde parçasıdır (Dayıoğlu ve Doğru 1994). Mather ve Jones (1958)'e göre genotip, bir diploid organizmadaki tek bir otosomaldaki allellerin birleşimidir. Homozigot ve heterozigot genotipler tek bir allelin değişimine göre ayırt edilirler. Yüksek organizmalarda ise, genlerin farklı dizilişleri özel bir genotipi oluşturabilir.

Çevre canlının içinde yaşadığı bakım, besleme, barınma, iklim ve bölge koşulları gibi faktörlerdir. Fenotipte varyasyona neden olan çevre faktörleri makro ve mikro çevre faktörleri olmak üzere ikiye ayrılır. Makro çevre faktörleri, bir populasyonun tüm bireyleri arasındaki büyük değişimleri sağlar. Makro çevre faktör değişiklikleri populasyon yoğunluğu, iklim, yer, yıl v.b değişimlerle bulunabilir. Mikro çevre faktörleri populasyonun yalnız bazı bireylerinde değişimlere yol açar.

Genotip Çevre İlişkileri

Çevre fenotipik karakterin ortaya çıkmasında hem doğrudan hem de dolaylı etkide bulunur. Çevrenin dolaylı etkileri, genotipin yapısındaki çevre ve genotipin ortalama etkilerinden tahminlenemeyen değişimleri aksettirir. Çevre koşullarının bütün genotiplere eşit etkide bulunması mümkün değildir. Bazı genotiplere olumsuz etki yapan çevre koşulları diğer bazı genotiplere olumlu yönde etki yapabilir. Bu durum doğrudan genotip çevre etkileşmesi olarak ifade edilebilir. Bu nedenle bazı durumlarda genotiple çevre arasında düz ve bazı durumlarda da ters ilişki bulunabilir. Dolayısıyla genotiple çevre arasındaki ilişkileri düz ilişki ve ters ilişkiler (Genotip $\times$ Çevre etkileşimi) olmak üzere iki kısma ayırabiliriz.

Düz İlişkiler

Eğer populasyonda yüksek genotipik değerli fertler çevre faktörleri ile olumlu veya olumsuz yönde daha büyük sapmalar (fenotipik değişimler) gösteriyorlarsa, daha düşük genotipik değerlilerde ise çevre faktörlerinin etkisi genotipik değerlerle paralel (uyumlu) olarak, olumlu veya olumsuz yönde daha az sapmaya sebep oluyorsa, o zaman bu iki varyasyon kaynağı arasında düz bir ilişki vardır (Düzgüneş vd 1987).

Her genotip aynı çevre faktörlerine aynı reaksiyonu göstermez. Genotipleri birbirlerinden ayırmada bu temel prensipten faydalanılır. Her genotipin en uygun reaksiyon göstereceği özel çevre faktörleri düşünülebilir. Ancak yapılan çalışmalar herhangi bir verim yönünden herhangi bir populusyona ortalama olarak uygunluk sağlayacak çevresel koşulları sağlayıp uygulamak yönündedir. Bireysel olarak her birey için uygun özel çevre koşullarını bilmek ve bilinse dahi bunu bir populusyona uygulamak pratikte mümkün değildir. Çünkü mevcut şartlara populusyon içerisinde hangi bireylerin iyi, hangi bireylerin az reaksiyon göstereceği önceden bilinmez. Uzun ömürlü bitki ve hayvanlarda önceki dönemdeki verime göre sonraki dönemler için uygun çevre koşulları düzenlenebilir. Ancak bir birini takip eden yıllarda aynı bireyin verim seviyeleri arasında tam bir fenotipik benzerlik bulunmayabilir (Tuncel1994).

Herhangi bir karakter yönünden üstün genotipli bireylere daha iyi, düşük genotipli bireylere daha kötü çevre koşulları sağlandığında, genotip çevre arasında doğrusal bir ilişki meydana gelir (Hartmann 1990).

Eğer genotiple çevre arasında bir kovaryans mevcut ise fenotipik varyans

$$\sigma_p^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + 2Kov(GE) \quad (1.1)$$

eşitliği ile elde edilir. Burada,

σ_p^2 : Fenotopik varyans

σ_G^2 : Genetik varyans

σ_E^2 : Çevre varyansı

Kov(GE) : Genotiple çevre arasındaki kovaryansdır.

Buna göre gözlenen fenotipik varyansta genetik varyans ve çevresel varyansa ek olarak genotip çevre arasındaki doğrusal ilişkiden kaynaklanan varyansın etkiside söz konusudur (Tuncel 1984). $Kov(GE) = r_{GE} \sqrt{V(G).V(E)}$ dir, r_{GE} ; genotiple çevre arasındaki düz ilişkiyi ifade eder ve r_{GE} 'nin sıfır olmaması halinde Kov(GE) fenotipik varyasyon kaynaklarından birini oluşturur. Bununla birlikte uygulamada bir çok özellik için fenotipik varyasyon hesaplanırken genotip çevre korelasyonu yok sayılır.

Hayvancılıkta her popülasyonda var olan bireyler için tek tek en uygun çevre koşullarını bulma ve uygulama yerine popülasyonun tümü için uygun olabilecek optimal koşulları sağlamanın ve bu koşullara en iyi tepkiyi verenlerin seçimine özen gösterilmesi ıslahta önemli bir husustur (Tuncel 1984). Bu yapıldığı takdirde $\sigma_p^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + 2Kov(GE)$ eşitliğindeki kovaryans terimi sıfır olmaktadır. Üzerinde çalışılan popülasyon çeşitli seviyelerde ıslah edilmiş sürülerden (alt popülasyonlardan) oluşmakta ve bu sürülerde ıslah seviyesine uyan bir bakım ve besleme uygulanmakta ise , o zaman genotip çevre kovaryansı önemli bir fenotipik varyasyon unsurudur. Fakat bu unsurun değeri ve toplam fenotipik varyans içindeki payı kolay hesaplanamaz. Bu sebeple etkileşimin payı ya σ_E^2 içinde bırakılır yada varyans unsurları seviyeler içi (alt popülasyonlar içi) olarak bulunur (Düzgüneş vd 1987).

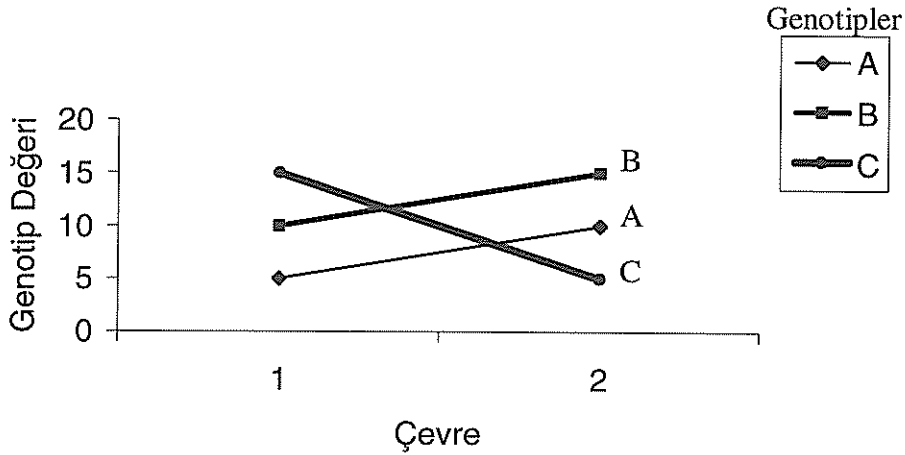
Ters İlişkiler (Genotip X Çevre Etkileşimi)

A ile B faktörleri arasındaki etkileşim, A faktörünün her bir seviyesinde B faktörünün seviyeleri arasındaki fark ($b_0 - b_1$) aynı sonucu vermemesi veya B faktörünün her bir seviyesinde A faktörünün seviyeleri arasındaki fark ($a_0 - a_1$) da aynı sonucu vermemesi olarak bilinir. Yani eğer faktörler bir birlerinden tümüyle bağımsız ise, aralarında etkileşim yoktur, aksi halde önemli bir etkileşim vardır (Yıldız ve Bircan 2003).

Çevre faktörlerinin sebep oldukları fenotipik farklar genotipe bağlı olarak değişmekte, veya tersine genotipik değerler arası farklar çevreden çevreye değişmekte iseler, çevre ile genotip arasında ters bir ilişkiden söz edilir. Bu ters ilişkiye Genotip $\times$ Çevre etkileşimi denir (Düzgüneş vd 1987). Genotip $\times$ Çevre etkileşimi, herhangi bir karakter yönünden iki veya daha fazla genotipin iki veya daha fazla çevre koşulunda birbirlerine göre nisbi olarak farklı performans göstermeleridir şeklinde de tanımlanabilir (Tuncel 1994).

Genotip $\times$ Çevre etkileşimi şematik olarak şekil 1.1'deki gibi gösterilebilir. Şekilde A, B ve C gibi boğaların farklı iki çevredeki döl verimleri grafikte gösterilmiş olsun.

Şekil 1.1. Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Grafiği



Şekilde görüldüğü gibi A ve B genotipleri 1. ve 2. çevrede nisbi olarak aynı performansı gösterdikleri için A ve B genotipleri ile çevre arasında bir etkileşim yoktur. Ancak 2. çevre koşulu 1. çevre koşuluna göre A ve B genotiplerine olumlu yönde etki yapmıştır yani A ve B genotiplerinin 2. çevredeki performansları 1. çevreden daha iyidir. C genotipi 1. çevrede A ve B genotiplerinden daha yüksek performansa sahip olmasına karşılık 2. çevrede A ve B genotiplerinden daha düşük performansa sahip olmuştur. Bu durum C, A ve B genotipleri ile çevre arasında bir Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin varlığını işaret eder. Bu durum rakamsal olarak aşağıdaki gibi açıklanabilir

$$1. \text{ Çevrede } A-B = -5$$

$$2. \text{ Çevrede } A-B = -5$$

A ve B genotiplerinin performans değerlerinin değişim oranı 1. ve 2. çevrede eşit olduğu için A ve B genotipleri ile çevre arasında bir Genotip $\times$ Çevre etkileşimi söz konusu değildir. Fakat

$$1. \text{ Çevrede } A-C = -10$$

$$2. \text{ Çevrede } A-C = +5$$

olduğu için A ve C genotiplerinin 1. ve 2. çevrelerdeki değişim oranları farklı olduğundan A ve C genotipleri ile çevre arasında bir Genotip $\times$ Çevre etkileşimi vardır. Aynı şekilde

$$1. \text{ Çevrede } B-C = -5$$

$$2. \text{ Çevrede } B-C = +5$$

olduğundan B ve C genotipleri ile çevre arasında da bir Genotip $\times$ Çevre etkileşimi vardır. Genotip $\times$ Çevre etkileşimi genotiplerin verim performanslarındaki varyasyonda artma veya azalma yönünde bir değişiklik yapabilir.

Populasyonda Genotip $\times$ Çevre etkileşimi istatistik olarak önemli ise eşitlik 1. 1 populasyondaki mevcut fenotipik varyasyonu açıklamada yetersiz kalır. Bu durumda eşitliğin sağ tarafına Genotip $\times$ Çevre etkileşiminden kaynaklanan varyasyon unsurunu (σ_{GE}^2) eklemek gereklidir. σ_{GE}^2 , çevre faktörlerinin etkileri ile genotipik değer arasında doğrusal olmayan her çeşit ilişkiyi belirten bir matematik ifadedir. Buna göre genotiple çevre arasında doğrusal ilişkinin var olduğu varsayımı da dikkate alınarak bir populasyonda gözlenen fenotipik varyasyon,

$$\sigma_p^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + 2Kov(GE) + \sigma_{GE}^2 \quad (1.2)$$

eşitliği ile ifade edilir (Tuncel 1984, Düzgüneş vd 1987).

t adet genotip ve s adet çevre mevcut olmak üzere iki yönlü tablolardan Genotip × Çevre etkileşiminin tespitinde kullanılan matematik model,

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (i=1,...,t; j=1,...,s; k=1,...,r) \quad (1.3)$$

şeklinde dir. Bu modelde k her bir genotipin her bir çevredeki tekrarlanma sayısıdır,

Y_{ijk} : i . genotipin j . çevredeki k . verimi

μ : genel ortalama

g_i : i . genotipin etki payı

e_j : j . çevrenin etki payı

$(ge)_{ij}$: i . genotip ile j . çevrenin etkileşimine ait etki payı

ε_{ijk} : i . genotipin j . çevredeki k . tekrarlanmasıyla oluşan hata payıdır.

Genotip × Çevre etkileşiminde genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerin tespit edilebilmesi için parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemleri geliştirilmiştir. Kararlılık, genotiplerin çevre şartlarına göstermiş oldukları reaksiyondur. Genotipler çevre şartlarının değişmesinden etkilenmiyorsa kararlı, etkileniyorsa kararsız genotip olarak adlandırılırlar. Kararlılık yöntemleri genellikle kantitatif fenotipik özelliklere uygulanırlar.

Ülkemizde Genotip × Çevre etkileşimini tahmin etmek için yapılmış bir çok araştırmada uygulanan yöntemler eskiden beri kullanılagelen klasik yöntemlerdir. Genotip × Çevre etkileşimini tahmin etmek için kullanılan başlıca yöntem varyans analizi (ANOVA) dir. Varyans analizine göre Genotip × Çevre etkileşimi önemsiz çıktığında genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerinin önemsiz olduğu ifade edilir. Fakat araştırmacılar Genotip × Çevre etkileşimi önemsiz olsa dahi genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerini incelemek isterler. Böylece Genotip × Çevre etkileşiminin bütün genotiplerdeki bireysel payı kararlılık analizleri sonucunda daha detaylı ve hassas bir şekilde tahmin edilmiş

olur. Dolayısıyla bu çalışmada hangi genotipin kararlı olup olmadığını tespit etmek için geliştirilmiş bir çok kararlılık analiz yöntemleri üzerinde duruldu.

Bu araştırmada Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tahmin etmek amacıyla geliştirilmiş olan tek değişkenli parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerinin özellikle daha yaygın kullanılanları incelenerek sayısal uygulamalarla aralarındaki ilişkiler araştırılacaktır. Sonuçta, bu yöntemlerin hangi durumlarda bitki ve hayvan ıslah çalışmalarında faydalı bir şekilde kullanılabileceği tartışıldı.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Bitki yetiştiricileri iyi genotipleri tespit etmek ve çiftçilere daha uygun önerilerde bulunabilmek için verim denemeleri yaparlar. Bu çalışmalarda başarının seviyesi iki faktöre bağlıdır. Gauch (1988)'e göre bu faktörler verim tahminlerinin doğruluğu ve Genotip $\times$ Çevre etkileşimlerinin büyüklüğüdür. Esas olarak bu iki faktör deneme içindeki doğruluğu ve tahminlenebilirliği yansıtır. Gauch (1988), verim denemelerinin analizi için birkaç istatistik yöntemi tartışmış ve Toplamlı Ana Etkiler ve Çarpımlı Etkileşim (AMMI) modeli üzerinde durmuştur. AMMI modelini,

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{n=1}^q \lambda_n \alpha_{in} \gamma_{jn} + \varepsilon_{ij} \quad (i=1, \dots, t; j=1, \dots, s)$$

şeklinde tarif etmiştir. Modelde, Y_{ij} : i . genotipin j . çevredeki r tekrarının ortalaması, μ : genel ortalama, g_i : i . genotipin etki payı, e_j : j . çevrenin etki payı, λ_n : n . anabileşenler ekseninin özdeğeri, α_{in} : n . anabileşen için i . genotipin anabileşen analizi puanları, γ_{jn} : n . anabileşen için j . çevrenin anabileşen analizi puanları, ε_{ij} : hata, q : anabileşenlerin maksimum sayısıdır ve $(t-1)$, $(s-1)$ değerlerinden en küçük olanına eşit veya küçük olur.

Westcott (1986) yapmış olduğu araştırmada Genotip $\times$ Çevre etkileşim analiz yöntemlerinden doğrusal regresyon yaklaşımı, kümeleme analizi, anabileşenler analizi yöntemleri hakkında kısaca bilgi vermiş ve bu yöntemler hakkında yapılan araştırmaların geniş bir literatür özetini vererek kümeleme analizi ve ana bileşenler analizinin Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tespit etmekte yeni yöntemler olduklarını ifade etmiştir.

Zobel et al. (1988) bir soya fasülyesi verim denemesinin analizinde Çarpımlı ve Toplamlı Etkileşim modeli (AMMI) ile Varyans Analizi (ANOVA), Anabileşenler Analizi, Doğrusal regresyon modelini karşılaştırmışlardır ve AMMI modelini önermişlerdir. Verim denemeleri için alışımlı olarak uygulanan varyans analizi, anabileşenler analizi ve doğrusal regresyon modellerinin karmaşık veri yapısını etkili olarak açıklamada yetersiz olduklarını ifade etmişler ve bu yöntemlerle ilgili önemli problemlerin bazılarını aşağıdaki gibi özetlemişlerdir.

- i) ANOVA bir toplamalı modeldir. Bu nedenle yalnız ana etkiler etkili olarak belirlenir. ANOVA ile Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin önemliliği test edilebilir fakat bu test yanıltıcı olabilir. ANOVA etkileşime neden olan çevreler veya genotiplerle ilgili ayrıntıyı vermez. Genotip $\times$ Çevre etkileşimi uygulamacı açısından gerçekte önemli olduğu halde ANOVA testi sonucu önemsiz bulunabilir. Genotip (t) adet ve çevre (s) adet ise, Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin serbestlik derecesi (t-1)(s-1) olur. Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin serbestlik derecesi büyüdükçe etkileşim kareler ortalaması küçülür ve hata kareler ortalamasına yaklaşacağı için önemli etkileşimler önemsiz çıkabilir.
- ii) Bir çarpımlı model olan anabileşenler analizi, toplamalı ana etkileri belirleyemeyen bir modeldir.
- iii) Çarpımlı ve toplamalı etkilerin bir arada yer aldığı doğrusal regresyon modelleri etkileşim ve ana etkileri birlikte analiz ederler. Etkileşimlerin parçalı tahmini en küçük karelerle sağlanamadığı için genelde kullanılan doğrusal regresyon modellerini uydurmada bazı zorluklarla karşılaşılır. Genelde ana etkiler ile etkileşimi birlikte test eden doğrusal regresyon modelinde önemlilik testinin gücü azalır.

Cornelius et al. (1993) bir çok çevrede yapılan bitki genotip denemelerinde verim modellerinin çıkarılması veya özel çevrelerdeki genotip verim seviyelerinin tahminlerinin elde edilmesinde çarpımlı modellerin (MM) yararlı olabileceğini ifade etmişler ve yaygın olarak kullanılan çarpımlı modellerin; tam çarpımlı model, kaydırılmış (Shifted) çarpımlı model, genotip regresyon modeli, çevre regresyon modeli ve ana etkilerin toplamalı ve çarpımlı etkileşim modelinin (AMMI) olduğunu belirterek bu modeller hakkında kısaca bilgi vermişlerdir. Cornelius ve ark. (2001), bitki genotip performans verilerinin çarpımlı model analizinin teorisini vermişler ve uygulamasını yapmışlardır.

Francis ve Kannanberg (1978a) genotiplerin verim ortalamalarını ve varyasyon katsayılarını birlikte kullanarak genotipleri gruplandırmış ve bu yöntemi regresyon analizi ve kararlılık varyans analiz yöntemleriyle karşılaştırmıştır. Francis ve Kannanberg (1978b) geliştirmiş oldukları varyasyon katsayısına göre genotiplerin gruplandırılması yöntemini değişik özellikteki verilere uygulamışlardır.

Seyedsadr ve Cornelius (1992) $Y_{ij} = \beta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + e_{ij}$ formuna kaydırılmış çarpımlı modeli kullanarak iki yönlü verilerin analizini açıklamışlardır. Çarpımlı terimlerin en küçük kareler tahmincilerini $Z=[Z_{ij}]$ ($Z_{ij} = y_{ij} - \hat{\beta}$) matrisinin tekil değere ayrışımından elde etmişler, fakat kaydırma parametresinin en küçük kareler tahmincisi $\hat{\beta}$, çarpımlı terimlerde bulunan parametrelerin tahminlerine bağımlı olduğunu ifade etmişlerdir.

Seyedsadr ve Cornelius (1993) $Y_{ij} = \beta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \delta_{ik} \gamma_{jk} + e_{ij}$ modelinden verilen bir $r \times c$ ($c \leq r$) çizelgesi için bir kaydırılmış çarpımlı modelde çarpımlı unsurların sayısını belirlemek için $H_a: \lambda_t \neq 0, \lambda_{t+1}=0$ hipotezine karşı $H_0: \lambda_t=0$ 'ın olabilirlik oran (likelihood ratio) testlerini geliştirmişlerdir.

Vargas et al. (1998) Genotip $\times$ Çevre etkileşimini hesaplama yöntemlerinden biri olan kısmi en küçük kareler regresyon yöntemini açıklamışlar ve bu yöntemi buğday denemelerinden elde ettikleri verilere uygulamışlardır. Buğday denemesinde; makarnalık ve ekmeklik buğdayların 7'şer genotipinin 6 yıl süre ile denemesini kurarak denemede aylık sıcaklıkları bir çevre faktörü olarak almışlardır.

Vargas et al. (1999) 7 çeşit makarnalık buğdayı 6 yıl süre ile denemesini kurarak çevre faktörü olarak her yıl nisan ayından aralık ayına kadar her ayın minimum, maksimum ve ortalama sıcaklıklarını almışlardır. Bu çalışmada makarnalık buğdayın çeşitli verim özellikleri ölçülmüş ve bu verilere kısmi en küçük kareler regresyonu, faktöriyel regresyon ve AMMI modellerini uygulayarak Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tespit etmişlerdir. Kullanılan modellerle ilgili ayrıntılı bilgide vermişlerdir.

Vargas et al. (2001) toprak işleme yöntemleri ile çevre etkileşiminin önemine değinerek 10 yıl boyunca 24 farklı toprak işleme yönteminde toprağa uygulanan farklı muamelelerle, çevre arasındaki etkileşimi belirleyen en iyi hesaplama yöntemini bulmaya çalışmışlardır. Ayrıca faktöriyel regresyon, kısmi en küçük kareler regresyonu, AMMI modelleri arasındaki farkları da kısaca açıklamışlardır. Etkileşimin belirlenmesi

için faktöriyel regresyon ve AMMI gibi çarpımlı modeller varyans analizinden daha az serbestlik derecesi kullandıkları için daha faydalı olacaklarını ifade etmişlerdir.

Flores et al. (1998) Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin hesaplanması için kullanılan 22 farklı yöntemi 12 çevrede yetiştirilen 15 fiğ genotipi ve 16 çevrede yetiştirilen 11 bezelye genotipinden elde ettikleri veri gruplarına uygulayarak karşılaştırmışlardır. Bu 22 yöntemi tek değişkenli parametrik yöntemler, tek değişkenli parametrik olmayan yöntemler ve çok değişkenli yöntemler olmak üzere üç gruba ayırmışlardır.

Aastveit ve Martens (1986) 9 yıl süre ile 15 arpa genotipinde üç iklim faktörünün (yağmur, sıcaklık ve radyasyon) bitki boyuna olan etkisini incelemişlerdir. Genotip $\times$ Çevre etkileşimini ilk önce iki yönlü varyans analizi yöntemi ile daha sonra anabileşenler analizi ve kısmi en küçük kareler regresyon yöntemleriyle incelemişlerdir.

Piepho (1999)'a göre, bitki çeşit denemelerinin analizi Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin bulunmasıyla karmaşıklaşır. Önerilen yöntemler ve modeller bu sorunu çözmeye yöneliktir. En yaygın kullanılan yöntemlerden biride regresyon yaklaşımıdır. Regresyon modeli bir genotip bir de çevre için bilinmeyen iki parametrelili bir çarpımlı terim içerir. Bu araştırmada model, çevreler ve genotiplerin rolünün değiştirilmesiyle değiştirilmiştir. Şayet genotipler sabitken çevreler şans faktörü gibi düşünülürse model doğrusal olmayan karışık modeller sınıfına girer. Araştırmacı model parametrelerinin tahmini için maksimum olabilirlik yöntemi, kısıtlanmış maksimum olabilirlik yöntemi, çarpımlı model ve doğrusal olmayan sabit modellerin uygulamasını tartışmıştır.

Lin ve Thompson (1975) kümeleme analizi ve genel regresyon analizinin birleşmesiyle oluşmuş bir yöntem önermişlerdir. Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin analizi için regresyon yaklaşımını genotip grupların ilave edilmesiyle genişletmişlerdir. Ağırlıksız eş grup kümeleme analizi, regresyonlar arasındaki farklılıklar için test istatistiğinden türemiş bir özel fark ölçüsüne uygulanmıştır. Ortaya çıkan grupların çeşitli çevreler için verimlerin genel biçimini yansıttığını ifade etmişlerdir.

Lin ve Binns (1985) test genotipleri ve kontroller arasında Genotip $\times$ Çevre etkileşim kareler ortalaması çiftlerine dayalı genotip çevre verilerini belirlemek için bir kararlılık yöntemi önermişlerdir. Yöntem, birlikte kurulmuş denemelerden elde edilen bir veri setine uygulanmış ve karşılaştırmaları bölgesel ortalamaların sıralanması yöntemi ile yapmışlardır. Veriler Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin benzerliğine göre çevreler için gruplandırıldığı gibi genotipler için de gruplandırılmışlardır. Bu gruplar ve önerdikleri yaklaşım arasındaki ilişkiyi tartışmışlardır.

Lin ve Binns (1988) Genotip $\times$ Çevre verileri için genotipin genel üstünlüğünün bir ölçüsünü, tüm çevreler üzerinde ortalama maksimum verim ve genotipin verimi arasındaki ortalama kare mesafesi olarak tanımlamışlardır. Herbir çevredeki maksimum verim en üst sınır olduğu için küçük bir ortalama kare farkı test genotipinin genel üstünlüğünü göstermektedir. Yöntem, gerekli kontroller olmaksızın tüm test genotiplerinin çevreler üzerinde dengelenmesini gerektirir. Önerilen yöntemin avantajları;

i) Kontrol genotipler her bir çevre için yalnız maksimum verimliliği sağlar ve test genotiplerinin değerlendirilmeleri için gereksizdirler. Kontrol genotipler tüm çevrelerde bulunmak zorunda değildirler. Bu bir bölgesel denemenin büyüklüğünü gereğinden fazla artırmaksızın kontrol ettiği için genel olarak bir yetiştiricinin büyük bir esneklikle adapte edilmiş genotipleri seçebilmesine olanak sağlar.

ii) Genel üstünlük ölçüsü yalnız bir parametre içerir, bu ayırma işlemini oldukça kolaylaştırır. Etkileşim için bir yardımcı parametre genel adaptasyonun eksikliğini belirlemek için kullanılabilir.

iii) En iyi genotipin ortalaması ile tüm çevreler üzerinden alınmış ortalamanın maksimum verimin ortalaması arasındaki fark bir bölgede optimum verimliliğe ulaşmak için kaç genotipe ihtiyaç duyulduğunu bulmada faydalı bilgi sağlar.

iv) Bir genotipin özel adaptasyonu, X eksenine çevre ortalama değerleri ve Y eksenine maksimum verime sahip genotiple test genotipin değerleri yazılarak birlikte çizilen grafikte belirlenebilir.

Huehn (1990 a) farklı çevrelerde yetiştirilen genotiplerin fenotipik kararlılıklarının tahmini için her bir çevredeki genotiplerin sıra puanlarına dayandırılmış üç kararlılık yöntemi önermişlerdir. s sütunlu (çevreler) ve t sıralı (genotipler) iki yönlü çizelgelerde orijinal veri Y_{ij} (Y_{ij} : j. çevredeki i. genotipin fenotipik değeri $i:1,2,...,t$; $j:1,2,...,s$) ayrı ayrı s çevrenin her biri için derecelenmeye çevrilmiş. Normal dağılışa dayandırılmış önemliliğin yaklaşık testleri 1) bir genotipin kararlılığının testi ve 2) farklı genotiplerin kararlılıklarının karşılaştırılması için iki nonparametrik ölçümü “ortalama mutlak sıra puanları farkı” ve “sıra puanlarının varyansı” nı tartışmışlardır.

Huehn (1990 a)’a göre, fenotipik kararlılık için genotiplerin her bir çevredeki verim değerlerinin sıra puanlarına dayanan parametrik olmayan yöntemler, genotiplerin verim değerlerine dayanan parametrik yöntemlere alternatiflerdir. Parametrik kararlılık yöntemleriyle karşılaştırıldığında parametrik olmayan kararlılık yöntemlerinin bazı avantajları şunlardır;

- i) Anormal değerler tarafından sebep olunan ön yargının önlenmesi veya azaltılması
- ii) Fenotipik değerlerin dağılışı hakkında varsayımlara ihtiyaç duyulmaması
- iii) Derecelemeye dayandırılmış kararlılık ölçütlerinin kullanımı ve yorumlamasının kolaylığı
- iv) Bir veya birkaç genotipin veya materyalle ilgili başka bir grubun çıkarımları veya eklenmelerinin parametrik kararlılık ölçütlerindeki değişim kadar parametrik olmayan ölçütlerde büyük değişimlere sebep olmaması
- v) Yetiştirme ve test programlarındaki örneklerin seçimleri ve uygulaması için genotiplerin sıra puanlarının kullanılması.

Huehn (1990 b)’ye göre, pratik uygulamalarda kararlılık tahmin yöntemlerinin etkili kullanılması için aşağıdaki durumların bilinmesi esastır,

- i) Fenotipik kararlılığın farklı parametrik ve parametrik olmayan ölçütleri arasındaki ilişkilerin
- ii) Kararlılık ölçütleri arasındaki ilişkilerin tutarlılığı
- iii) Kararlılık ölçütlerinin tekrarlanması.

Huehn (1990b), Huehn (1990a) tarafından ileri sürülen teorik düşünce ve yaklaşımların bazı uygulamalarını kışlık buğday denemesinden elde ettiği verilere uygulayarak parametrik ve parametrik olmayan kararlılık ölçütleri arasındaki ilişkileri sıra korelasyonu kullanarak incelemiştir.

Nassar ve Hühn (1987) bitki ve hayvan yetiştirme ve üretiminde fenotipik kararlılık ve Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tahmin etmek için her bir çevredeki genotiplerin sıra puanlarına dayanan $S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ parametrik olmayan yöntemleri ve bu kararlılık yöntemlerinin önemlilik testlerini geliştirmişlerdir. $Z_i^{(m)} = [S_i^{(m)} - E(S_i^{(m)})] / \sqrt{Var(S_i^{(m)})}$, ($m=1,2$) istatistiğinin t serbestlik derecesiyle χ^2 dağılışına yaklaştığını ifade etmişlerdir. Hühn ve Nassar (1989) $S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ parametrik olmayan yöntemlerin varyanslarının hesaplanmasını ayrıntılı anlatmışlardır.

Kang ve Pham (1991) Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin hesaplanmasında kullanılan $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$ ve P_i parametrik olmayan kararlılık yöntemleri arasındaki ilişkileri belirlemek için sıra korelasyon katsayısını kullanmışlardır. Kang (1993), verim-kararlılık adını verdiği bir kararlılık hesaplama yöntemi geliştirmiş ve bu yöntemde I. ve II. tip hata seviyelerini incelemiştir. Pham ve Kang (1988), farklı sayıda çevre ve genotipe sahip beş veri setine çeşitli kararlılık yöntemlerini uygulamışlar ve yöntemler arasındaki sıra korelasyon değerlerini incelemiştir. Magari ve Kang (1997) SAS bilgisayar programında Shukla (1972)'nin kararlılık varyansını hesaplayan SAS-STABLE adı verdikleri bir program yazmışlardır. Kang ve Magari (1995), kararlılık varyansı ve verim-kararlılık yöntemlerini hesaplayan STABLE adını verdikleri ve DOS ortamında çalışan bir bilgisayar programı yazmışlardır. Kang ve Gorman (1989) değişik özellikte elde ettiği verilerde genotiplerin çevrelerle etkileşimini hesaplamak için Shukla (1972)'nin kararlılık varyansını uygulamışlar.

Kaya ve Taner (2003) onbir çevrede yetiştirilen dokuz genotipin kararlılıklarını hesaplamak için $S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ yöntemlerini uygulamışlar. Gonçalves et al. (2003) regresyon katsayısı (b_i) ve regresyondan sapmaların kareler ortalaması (S_{di}^2) yöntemlerini kullanarak genotiplerin kararlılıklarını hesaplamışlardır.

Piepho ve Lotito (1992)'e göre, farklı çevrelerdeki genotiplerin kararlılığını hesaplayan bir çok yöntem vardır. Bu yöntemler arasındaki ilişkiler sıra korelasyon katsayısı ile hesaplanabilir. Araştırmacılar L_i ve R_i kararlılık yöntemlerini geliştirerek bu yöntemler ile yaygın olarak kullanılan regresyon katsayısı (b_i), çevresel varyans (S_{yi}^2), ecovalance (W_i), regresyondan sapmaların kareler ortalaması (S_{di}^2), $S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ kararlılık yöntemleri arasındaki ilişkiyi araştırmışlar ve genotiplerin kararlılıklarının hesaplanmasında kullanılan kararlılık varyans (σ_i^2) ve W_i yöntemlerinin alternatifleri olarak $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, L_i ve R_i 'nin kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

Materyal olarak simülasyon tekniği ile normal ve kesikli üniform dağılışa göre türetilen veriler kullanıldı. Türetilen veriler iki yönlü varyans analizine tabi tutularak genotip, çevre ve Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin farklı olasılık seviyesindeki önem durumlarına göre elde edilen verilere kararlılık yöntemleri uygulanarak etkileşimin hesaplanmasında kullanılan parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerin normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilerde nasıl bir ilişki gösterdiği incelendi. Yöntemler arasındaki ilişkinin hesaplanmasında sıra korelasyon katsayısı kullanıldı. Simülasyonla veri türetiminde esas alınan model,

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (i=1,\dots,t; j=1,\dots,s; k=1,\dots,r)$$

dir. Normal dağılıшта veri türetiminde modelde $\mu = 2000$, $g_i \sim N(0, \sigma_g^2)$, $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$, $(ge)_{ij} \sim N(0, \sigma_{ge}^2)$, $\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ olarak kesikli üniform dağılıшта önemli durumda $\mu=2000$, $g_i \sim U(0, 160)$, $e_j \sim U(0, 140)$, $(ge)_{ij} \sim U(0, 115)$, $\varepsilon_{ijk} \sim U(0, 100)$ ve önemsiz durumda $\mu=2000$, $g_i \sim U(0, 100)$, $e_j \sim U(0, 100)$, $(ge)_{ij} \sim U(0, 100)$, $\varepsilon_{ijk} \sim U(0, 110)$ olarak verilmiştir. Veri türetimi MATLAB 6.5 paket programında yapılarak normal dağılış için *normrnd* ve kesikli üniform dağılış için *unidrnd* deyimleri kullanılmıştır. Simülasyonun gerçekleştirilebilmesi için MATLAB 6.5 paket programında yazılan bilgisayar programı Ek-1'de verilmiştir.

Yapılan simülasyon sonucunda, 15 genotip 16 çevre ve her bir üniteye 5 tekerrürlü ($t=15$, $s=16$ ve $k=5$) bir faktöriyel düzenleme sonucu elde edilen 1200 değer genotip ve çevre faktörlerine dağıtılmıştır. Simülasyonla veri türetiminde aşağıdaki sıra takip edildi,

- 1) Genotip, çevre ve her bir hücredeki tekerrür sayıları belirlendi
- 2) Dağılışın şekli belirlendi sürekli dağılışlardan normal, kesikli dağılışlardan kesikli üniform dağılış seçildi

- 3) Her iki dağılışıta varyans analizine göre genotip, çevre ve Genotip $\times$ Çevre varyasyon kaynaklarının önemsiz ve önemli olması durumuna göre veri türetimi yapıldı. Varyasyon kaynaklarının önemsiz ve önemli çıkması için varyasyon kaynaklarının etki paylarının varyansı ve kritik F değerleri verildi
- 4) Elde edilen verilere kararlılık yöntemleri uygulandı.

3.2. Yöntem

Bu bölümde, araştırmada uygulaması yapılarak tartışılacak olan tek değişkenli parametrik ve parametrik olmayan fenotipik kararlılık yöntemleri üzerinde duruldu. Bu yöntemler ,

3.2.1. Tek Değişkenli Parametrik Yöntemler

3.2.2. Çevresel Varyans Yöntemi (CV)

3.2.3. Shukla Yöntemi (SSV)

3.2.4. Varyasyon Katsayısı Yöntemi (VK)

3.2.5. Ecovalence Yöntemi (EV)

3.2.6. Lin ve Binns'in P_i Yöntemi (P)

3.2.7. Regresyon Yöntemi

3.2.8. Finlay ve Wilkinson Regresyon Katsayısı Yöntemi (FWbi)

3.2.9. Perkins ve Jinks Regresyon Katsayısı Yöntemi (PJbi)

3.2.10. Eberhart ve Russel Yöntemi (ER)

2.2.11. Faktöriyel Regresyon Yöntemi

3.3.1. Tek Değişkenli Parametrik Olmayan Yöntemler

3.3.2. Hühn ve Nassar Yöntemleri

a) S_i^1 Yöntemi (S1)

b) S_i^2 Yöntemi (S2)

c) S_i^3 Yöntemi (S3)

d) S_i^6 Yöntemi (S6)

3.3.3. Piepho ve Lotito Yöntemi (L_i ve R_i istatistikleri)

3.3.4. KANG Yöntemi (KSM)

3.2.1. Tek Değişkenli Parametrik Yöntemler

İki yönlü bir doğrusal model aşağıdaki gibi olsun

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (i=1,...,t; j=1,...,s)$$

Y_{ijk} : i . ($i=1,2,...,t$) genotipin j . ($j=1,2,...,s$) çevredeki k . ($k=1,2,...,r$) gözlenen değeri

μ : Genel ortalama

g_i : i . genotipin etkisi

e_j : j . çevrenin etkisi

$(ge)_{ij}$: i . genotip ve j . çevre arasındaki etkileşim

ε_{ijk} : i . genotipin j . çevredeki k . tekrarlanmasıyla oluşan şansa bağlı hata

3.2.2. Çevresel Varyans Yöntemi

Becker and Leon (1988)'a göre, çevresel varyans, çevre şartlarına karşı bir genotipin varyansı olup Roemer 1917 tarafından geliştirilmiş ve daha sonra çeşitli bilim adamları tarafından kullanılmıştır. Çevresel varyans aşağıdaki formüle göre hesaplanır,

$$S_i^2 = \frac{\sum_j (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i..})^2}{s-1} \quad (2. 1)$$

$\bar{Y}_{ij}$: i . genotipin, j . çevredeki, r tekrarının ortalaması

$\bar{Y}_{i..}$: i . genotipin ortalaması

s : Çevre sayısı

Genotiplerin çevresel varyansı genotipik ortalamadan tüm sapmaları belirler. Genotiplerin durumunu belirlemede kullanılan varyanslara klasik önemlilik testleri uygulanabilir. Farklı çevreler altında en küçük varyansa sahip genotip kararlı bir genotiptir (Becker and Leon 1988, Flores at al. 1998). Çevresel varyans kullanıldığında arzu edilen bir genotip, çevre şartlarının değişmesinden etkilenmez. Bir genotipin çevre şartlarına dayanıklı olması kalite özellikleri, hastalıklara karşı korunma, şiddetli kış ve stres gibi çeşitli çevre şartlarından etkilenmemesidir. Yetiştiriciler yüksek verimli ve kararlı genotipleri tercih ederler.

3.2.3. Shukla Yöntemi

Shukla (1972) her bir genotipe takabul eden Genotip $\times$ Çevre etkileşimini hesaplamak için kararlılık varyans olarak adlandırılan bir yöntem geliştirmiştir.

t genotip, s çevre ve r tekrarlar için matematik model aşağıdaki gibi olsun

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (i=1,...,t; j=1,...,s; k=1,...,r)$$

μ : Populasyon ortalaması

g_i : i. genotipin toplamı genetik etki payı

e_j : j. çevrenin toplamı çevresel etki payı

$(ge)_{ij}$: j. çevredeki i. genotipin genotip çevre etkileşimi

ε_{ijk} : j. çevredeki i. genotipin k. tekrarlanmasıyla oluşan hata varyansı payı

tüm i ve j ler için

$$E(\bar{\varepsilon}_{ij}) = 0; \quad V(\bar{\varepsilon}_{ij}) = \sigma_0^2 \text{ olduğu varsayılmıştır.}$$

Burada

$\bar{\varepsilon}_{ij} = r$ tekrarda ε_{ijk} 'nin ortalaması

$\sigma_0^2 = r$ tekrarın ortalamasının çevreler içi hata varyansı

Çevresel etkilerin (e_j) populasyon ortalamasının 0 ve varyanslarının σ_e^2 olan şansa bağlı etkiler olduğu varsayılmıştır. s çevrenin şansa bağlı örneği çevrelerin bir sınırsız populasyonundan seçilir. $\hat{\sigma}_0^2$ ile σ_0^2 tahmin edilebilir yani $\hat{\sigma}_0^2$, σ_0^2 'nin bir tahmincisidir ve $\hat{\sigma}_0^2$ aşağıdaki formüle göre bulunur

$$\hat{\sigma}_0^2 = \sum_i \sum_j \sum_k (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.})^2 / st(r-1) \quad (2. 2)$$

burada

$\bar{Y}_{ij.}$: j. çevrede, i. genotipin, r tekrarının ortalaması

st(r-1) : serbestlik derecesi

(G $\times$ E) etkileşim kareler toplamının küçük bir kısmı regresyonlar arasındaki heterojenliğe mal edilebildiğinde regresyon katsayılarıyla genotiplerin karakterize edilmesi çok etkili olmayabilir. Shukla (1972), i. genotip için $(ge)_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$ 'nin

varyansının bir sapmasız tahminini önermiş ve bu tahmini kısaca aşağıdaki gibi özetlemiştir;

$$(ge)_{ij} + \bar{e}_{ij} = v_{ij} \quad \text{olsun.}$$

$$E(v_{ij}) = 0; \quad V(v_{ij}) = \sigma_i^2; \quad E(v_{ij}, v_{i'j'}) = 0 \quad i \neq i' \text{ ve } j \neq j';$$

$$V((ge)_{ij}) = \sigma_i'^2; \quad E((ge)_{ij} \bar{e}_{ij}) = 0; \quad i=1,2,\dots,t.$$

olduğu varsayılırsa

$$\sigma_i^2 = \sigma_i'^2 + \sigma_0^2 \quad \text{olur.}$$

Yukarıdaki eşitlikte σ_i^2 , i . genotipin çevreler arası varyansı ($\sigma_i'^2$) ile çevreler içi varyansın (σ_0^2) toplamı olarak alınabilir ve buda i . genotipin kararlılık varyansı olarak adlandırılır. $\sigma_i'^2=0$ olduğunda i . genotipin kararlılık varyansı (σ_i^2) çevreler içi varyansa (σ_0^2) eşitse i . genotipin kararlı bir genotip olduğu ifade edilir. σ_i^2 'nin büyük değerleri genotipin diğer genotiplere göre daha kararsız olduğuna işaret eder (Shukla 1972). Kararlılık varyansı aşağıdaki gibi hesaplanır,

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{1}{(s-1)(t-1)(t-2)} \left[t(t-1) \sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...})^2 - \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...})^2 \right] \quad (2.3)$$

veya

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{1}{(s-1)(t-1)(t-2)} \left[t(t-1) \sum_{j=1}^s (u_{ij} - \bar{u}_{i.})^2 - \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s (u_{ij} - \bar{u}_{i.})^2 \right]$$

burada

$$u_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{.j.} \quad \text{ve} \quad \bar{u}_{i.} = \sum_{j=1}^s \frac{u_{ij}}{s}$$

yukarıdaki formüllere dikkat edilirse hata karelerin doğrusal kombinasyonundan elde edilmişlerdir. Genotiplerin kararlılık varyanslarının toplamı Genotip $\times$ Çevre etkileşim kareler toplamına eşit olur yani Genotip $\times$ Çevre etkileşimi t parçaya ayrılmıştır ve her bir kararlılık varyansın serbestlik derecesi $(t-1)(s-1)/t$ dir. Kararlılık varyansı iki kareler toplamı arasındaki fark olduğu için negatif olabilir. Fakat $\hat{\sigma}_i^2$, negatif veya $\hat{\sigma}_0^2$ 'dan küçük olduğunda $\sigma_i'^2$ genellikle sıfır alınabilir (Shukla 1972).

Genotip sayısı (t) büyük olduğunda, $(s-1)\hat{\sigma}_i^2/\sigma_i^2$ yaklaşık olarak (s-1) serbestlik dereceli bir χ^2 dağılışı gösterir. Her bir genotip için σ_0^2 ile σ_i^2 'nin karşılaştırması F dağılışına göre yapılır. F^* (s-1) ve $st(r-1)$ serbestlik dereceli yaklaşık bir F dağılışına sahip olur ve F^* aşağıdaki gibi hesaplanır (Shukla 1972)

$$F^* = \frac{\hat{\sigma}_i^2}{\hat{\sigma}_0^2}.$$

3.2.4. Varyasyon Katsayısı Yöntemi

Francis ve Kannenberg (1978a,b) genotiplerin varyasyon katsayısı ve verim ortalaması değerlerinin birlikte kullanılmasının bir fenotipik kararlılık ölçütü olarak kullanılabileceğini önermişlerdir. Her bir genotip için her bir çevrede hesaplanmış verim ortalaması ile varyasyon katsayısı arasındaki grafik çizilir. Grafikte X eksenine varyasyon katsayısı ve Y eksenine verim ortalamaları yazılır ve her bir genotipin verim ortalaması ile varyasyon katsayısı değerlerinin birleşim noktası işaretlenir. Varyasyon katsayılarının ve verimlerin genel ortalaması alınır. Verimlerin genel ortalama değerinden Y eksenine ve varyasyon katsayılarının ortalamasından X eksenine birer dik doğru çizilir. Varyasyon katsayılarının ortalaması ve verimlerin genel ortalaması grafiği dört gruba ayırır. Bu gruplar,

Grup I- Yüksek verim, küçük varyasyon

Grup II- Yüksek verim, büyük varyasyon

Grup III- Düşük verim, küçük varyasyon

Grup IV- Düşük verim, büyük varyasyon

Yüksek verimli ve küçük varyasyon katsayısına sahip genotipler en çok arzu edilen genotiplerdir. Bir genotipin kararlı olması için yüksek verimli ve tutarlı olması gerekir. Bu tarife göre grup I'deki genotiplerin kararlı olduğu ifade edilebilir. Grup III'deki genotipler tutarlı olmasına rağmen bir çok çevrede performansları zayıf olduğu için kararlı değildirler. Varyasyon katsayısı (VK) aşağıdaki gibi hesaplanır (Francis and Kannenberg 1978a),

$$VK = \frac{S_i}{\bar{Y}_i} 100 \quad (2. 4)$$

$$S_i^2 = \frac{\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i..})^2}{s-1}$$

$$S_i = \sqrt{S_i^2}$$

$\bar{Y}_{ij}$ = j . çevredeki, i . genotipin r tekrarının ortalaması

$\bar{Y}_{i..}$ = i . genotipin ortalama değeri.

3.2.5. Ecovalance Yöntemi

Becker and Leon (1988)'a göre, Wricke (1962) tüm çevre faktörlerine karşı, karesi alınmış ve toplanmış Genotip $\times$ Çevre etkileşim değerlerinin her bir genotip için kullanılmasını bir kararlılık ölçütü olarak önermiştir. Ecovalance olarak adlandırılan bu istatistiğin hesaplanması çok kolaydır ve Genotip $\times$ Çevre etkileşimiyle doğrudan ilişkili olup aşağıdaki şekilde hesaplanabilir (Lin et al. 1986);

$$W_i = \sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})^2 \quad (2. 5)$$

Ecovalence, Genotip $\times$ Çevre etkileşimine genotipin katkısını ölçtüğü için ecovalence değeri sıfır ($W_i=0$) veya en küçük olan bir genotipin kararlı olduğu ifade edilir (Becker and Leon 1988).

3.2.6. Lin ve Binns'in P_i Yöntemi

Lin ve Binns (1988) Genotip $\times$ Çevre etkileşim verileri için i . test genotipinin bir üstünlük ölçüsü olan P_i katsayısını geliştirmişlerdir. P_i değerini, tüm çevreler üzerinden i . test genotipinin verimleri ile maksimum verimler arasındaki farkın kareler ortalaması olarak tarif etmişlerdir. s çevre ve t genotip için i . test genotipinin üstünlük ölçüsü olan P_i , aşağıdaki gibi hesaplanır,

$$P_i = \sum_{j=1}^s (Y_{ij} - M_j)^2 / (2s) \quad (j=1, 2, ..., s \text{ ve } i= 1, 2, ..., t) \quad (2. 6)$$

burada

Y_{ij} : i . genotipin j . çevredeki verimi

M_j : j . çevredeki tüm genotipler arasındaki maksimum verim.

Yukarıdaki eşitlik

$$P_i = \left[s(\bar{Y}_i - \bar{M})^2 + \sum_{j=1}^s (Y_{ij} - \bar{Y}_i - M_j + \bar{M})^2 \right] / (2s) \quad (2. 7)$$

şeklinde de yazılabilir. Burada

$$\bar{Y}_i = \sum_{j=1}^s Y_{ij} / s,$$

$$\bar{M} = \sum_{j=1}^s M_j / s .$$

Dikkat edilirse iki genotip karşılaştırıldığı zaman, M_j 'nin bir farazi değişken olduğu varsayılırsa o zaman ikinci eşitliğin ilk terimi genotip (G) etkisinin kareler toplamını ve ikinci terimi Genotip $\times$ Çevre (G $\times$ E) etkileşiminin kareler toplamını verir. Böylece P_i ; (GE) etkileşimin ve genotip etkisinin birleştirilmiş kareler ortalaması olarak ifade edilir. Lin ve Binns (1988), her bir genotip için Genotip $\times$ Çevre etkileşim kareler ortalamasını,

$$MS(GE) = \sum_{j=1}^s (Y_{ij} - \bar{Y}_i - M_j + \bar{M})^2 / 2(s-1) \quad (2. 8)$$

formülüne göre hesaplamışlardır. Fakat Lin ve Binns (1985), yeni geliştirilmiş test genotipler ile daha önce mevcut olan kontrol genotipleri arasındaki G $\times$ E etkileşim kareler ortalamasına dayandırılmış Genotip $\times$ Çevre verilerini tespit etmek için MS(GE) yaklaşımını aşağıdaki gibi ifade etmişlerdir,

$$MS(GE) = \sum_{j=1}^s (C_{mj} - C_m - T_{ij} + T_i)^2 / 2(s-1) \quad (j=1, 2, \dots, s) \quad (2. 9)$$

s: çevre m: kontrol genotip i: test genotip

$$C_m = \sum_{j=1}^s C_{mj} / s, \quad T_i = \sum_{j=1}^s T_{ij} / s.$$

burada

C_{mj} : j . çevredeki m . kontrol genotipin verimi

T_{ij} : j . çevredeki i . test genotipin verimi

$(s-1)$: serbestlik derecesi.

Genotip seçimi ilk olarak P_i değerine göre yapılır. P_i , maksimum verim olan M_j 'den kareler ortalaması uzaklığı olduğu için P_i değeri ne kadar küçük olursa genotip o kadar karalı olur. Bununla birlikte P_i değeri tüm çevreler üzerinden hesaplandığı için genel uyumdaki üstünlüğü tanımlar. Seçim yalnız P_i 'ye dayandırılırsa sınırlı olarak adapte edilmiş genotip yani özel uyumda iyi genel uyumda zayıf olan genotip atılabilir. Bu durumdan kaçınmak için her bir test genotipi ve en yüksek verim arasındaki Genotip $\times$ Çevre etkileşim kareler ortalaması hesaplanır. Şayet kareler ortalaması tahmin edilen hatadan yeteri kadar büyük değilse her iki verimin paralelliğini ifade eder, yani en yüksek verimlerden farklılıklar tüm çevreler için aynıdır. Bu koşullar altında P_i değeri üstünlüğün uygun bir göstergesidir (Lin and Binns 1985, Lin and Binns 1988, Kang and Pham 1991).

3.2.7. Regresyon Yöntemi

Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin hesaplanmasında kullanılan yöntemlerden birisi de regresyon analizidir. Regresyon, üzerinde durulan değişkenlerden birinin bağımlı (Y) ve diğerlerinin bağımsız ($X_1, X_2, \dots, X_k$) olması halinde Y'nin ($X_1, X_2, \dots, X_k$)'nın bir fonksiyonu olarak ifade edilmesi ve bu fonksiyona göre $X_1, X_2, \dots, X_k$ 'dan Y'nin tahmin edilmesini sağlar. Dolayısıyla bir fonksiyonel bağıntı olan regresyon; bağımsız değişkenlerdeki değişmelerin bağımlı değişkeni hangi yönde ve ne miktarda etkilediğini belirler.

Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin hesaplanmasında farklı regresyon modelleri geliştirilmiştir. Finlay ve Wilkinson (1963) genotip değerleri bağımlı çevre indekslerini (çevre indeksi=çevre ortalaması- genel ortalama) bağımsız değişken kabul ederek regresyon analizi yapmıştır daha sonra Perkins ve Jinks (1968) gözlenen genotip değerleri çevre etkilerine göre düzelterek, genotip değerleri bağımlı çevre değerlerini bağımsız değişken olarak regresyon analizi yapmıştır. Finlay ve Wilkinson'un regresyon katsayılarının (b_i değerleri) ortalaması 1 bulunurken Perkins ve Jinks'in regresyon katsayıları (β_i değerleri) ortalaması 0 bulunmuştur yani ($\beta_i = b_i - 1$) (Becker ve Leon 1988). Eberhart ve Russell (1966) regresyondan sapmanın kareler ortalamasının (S_{di}^2) Genotip $\times$ Çevre etkileşimi için i . genotipin katkısını tanımladığını ifade etmişlerdir (Francis and Kannenberg 1978, Becker ve Leon 1988).

Araştırmanın bu kısmında Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin hesaplanmasında kullanılan geliştirilmesi basit ve çoklu doğrusal regresyon analiz yöntemlerine dayandırılan regresyon yöntemleri üzerinde duruldu.

3.2.8. Finlay ve Wilkinson Regresyon Katsayısı Yöntemi

Lin ve Bins (1986)'in bildirdiğine göre, Finlay ve Wilkinson (1963) basit regresyon modelini kullanarak yedi çevrede yetiştirilen 277 arpa varyetesi denemesinde Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tahmin etmişler ve kullandıkları modelde tüm çevrelerdeki i . genotipin değerlerini bağımlı ve çevre indekslerini de bağımsız değişken olarak kabul etmişlerdir. Çevre indeksleri, her bir çevrenin ortalamasından genel ortalama çıkarılarak elde edilmişlerdir yani çevre indeksleri çevrelerin etki payları olarak da ifade edilir.

i . genotipin j . çevredeki verim değerleri (Y_{ij}) bağımlı ve çevre indeksleri (X_i) bağımsız değişken olarak alınması durumunda doğrusal regresyon denklemi;

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_i X_i + \varepsilon_i \quad (2. 10)$$

şeklinde yazılır denklemde;

Y_{ij} : i . denemedeki cevap değişkeninin değeri veya i . genotipin j . çevredeki değeri (bağımlı değişken)

X_i : i . denemedeki bağımsız değişkenin değeri veya j . çevrenin indeks değeri (bağımsız değişken)

β_0 : Regresyon doğrusunun Y eksenini kestiği noktayı (kesim noktası)

β_i : Y 'nin X 'e göre regresyonu ile ilgili veya i . genotipin çevre indekslerine göre regresyon katsayısı (β_i katsayısı bağımsız değişkende bir birimlik değişme olduğunda, bağımlı değişkende meydana gelecek ortalama değişiklik miktarını verir)

ε_i : i . genotipe ait regresyon doğrusunda dağılışı normal ortalaması 0 ve varyansı σ_e^2 olan şansa bağlı hatalardır.

Sing and Chaudhary (1979)'a göre, Finlay ve Wilkinson (1963) kullandıkları basit regresyon modelinde regresyon doğrusunun kesim noktası olan b_0 değerini her bir genotip için hesaplanan modelde o genotipin bütün çevrelerdeki ortalama ($b_0 = \bar{Y}_i$) değerini almışlardır. Yani i . genotip için basit doğrusal regresyon modeli uydurulduğunda modelin kesim noktası i . genotipin tüm çevrelerdeki ortalama değeri olur. Finlay ve Wilkinson (1963) kullandıkları regresyon modelinde b_i ve b_0 katsayıları,

$$b_i = \frac{\sum_{j=1}^s Y_{ij} (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})}{\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \quad (2. 11)$$

$$b_0 = \bar{Y}_{i.} - b_i \sum_{j=1}^s (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}) \quad (2. 12)$$

eşitliklerine göre hesaplamışlardır (Sing Chaudhary 1979). Burada,

Y_{ij} : i . genotipin j . ($j=1,2,...,s$) çevredeki gözlenen değeri

$\bar{Y}_{i.}$: i . genotipin ortalama değeri

$\bar{Y}_j$: j . çevrenin ortalama değeri

$\bar{Y}_{..}$: genel ortalama

olarak ifade edilirler (Lin et al. 1986).

Finlay ve Wilkinson (1963) çevre indeksleri üzerine genotiplerin regresyon analizinde genotiplerin çevrelerdeki etkileşimini elde ettikleri regresyon katsayısını (b_i) kullanarak belirlemişlerdir (Sing Chaudhary 1979). Buna göre yüksek ortalama verimli ve regresyon katsayısı 1 olan genotipi kararlı genotip olarak kabul etmişlerdir (Francis and Kannenberg 1978a). Başka bir ifadeyle;

$b_i = 1.0$ kararlı genotip,

$b_i > 1.3$ ise genotipin iyi çevreye duyarlı olduğu yani yüksek verimli çevrelere iyi uyum gösterdiği,

$b_i < 0.7$ ise genotipin kötü çevreye duyarlı olduğu yani düşük verimli çevrelerde adaptasyon kabiliyetinin iyi olduğu ifade edilmiştir (Lin ve Binns 1988).

3.2.9. Perkins ve Jinks'in Regresyon Katsayısı Yöntemi

Perkins ve Jinks (1968a), Genotip $\times$ Çevre etkileşimini hesaplamak için gözlenen (Y_{ij}) değerlerini çevre değerlerine göre düzeltip basit regresyon modelini uygulayarak hangi genotipin hangi çevreyle ilişkili olduğunu araştırmışlardır. Araştırmacılar j . çevredeki i . genotipin verimini (Y_{ij}) aşağıdaki gibi modellemişlerdir

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (2. 13)$$

modelde,

Y_{ij} : j . çevrede, i . genotipin verimi

μ : genel ortalama

g_i : i . genotipin etki payı ($i=1,2,...,t$)

e_j : j . çevrenin etki payı ($j=1,2,...,s$)

$(ge)_{ij}$: j . çevredeki, i . genotipin genotip çevre etkileşimi

ε_{ij} : j . çevredeki, i . genotipin deneme hatası

modelde yer alan g_i , e_j ve $(ge)_{ij}$ sabit etkilerdir ve $\sum_i g_i = 0$, $\sum_j e_j = 0$ ve

$$\sum_{ij} (ge)_{ij} = 0 \text{ dir.}$$

Yukarıdaki eşitlik daha açık bir şekilde aşağıdaki gibi yazılabilir

Genotip	Çevre				Toplam	Ortalama
	1	2	...	s		
1	$\mu + g_1 + e_1 + (ge)_{11}$	$\mu + g_1 + e_2 + (ge)_{12}$	...	$\mu + g_1 + e_s + (ge)_{1s}$	$Y_{1.}$	$Y_{1.}/s = \mu + g_1$
2	$\mu + g_2 + e_1 + (ge)_{21}$	$\mu + g_2 + e_2 + (ge)_{22}$	...	$\mu + g_2 + e_s + (ge)_{2s}$	$Y_{2.}$	$Y_{2.}/s = \mu + g_2$
.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.
t	$\mu + g_t + e_1 + (ge)_{t1}$	$\mu + g_t + e_2 + (ge)_{t2}$	...	$\mu + g_t + e_s + (ge)_{ts}$	$Y_{t.}$	$Y_{t.}/s = \mu + g_t$
Toplam	$Y_{.1}$	$Y_{.2}$	...	$Y_{.s}$	$Y_{..}$	
Ortalama	$Y_{.1}/t = \mu + e_1$	$Y_{.2}/t = \mu + e_2$	...	$Y_{.s}/t = \mu + e_s$		$Y_{..}/ts = \mu$

Genelde

$$Y_{.j}/t = \mu + e_j$$

$$Y_{.i}/s = \mu + g_i$$

$$Y_{.}/ts = \mu$$

Bu formüllere göre e_j ve g_i kolayca tahmin edilebilir ve Genotip $\times$ Çevre etkileşimi,

$$(ge)_{ij} = Y_{ij} - \mu - g_i - e_j$$

eşitliğine göre hesaplanabilir. Herhangi bir genotipin Genotip $\times$ Çevre etkileşimleri çevresel değerlerin bir doğrusal fonksiyonudur yani

$$(ge)_{ij} = \beta_i e_j + \delta_{ij} \quad (2.14)$$

olur. Eşitlikte

β_i : i . genotipin doğrusal regresyon katsayısı

δ_{ij} : j . çevrede i . genotipin regresyon doğrusundan sapmasıdır.

Buna göre eşitlik 2.13 aşağıdaki gibi yazılabilir

$$Y_{ij} = \mu' + g'_i + (I + \beta'_i)e'_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (2.15)$$

veya

$$Y_{ij} = \mu' + g'_i + e'_j + \beta'_i e'_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Eşitlik 2. 15' deki $(\mu' + g'_i)$ ve $(I + \beta'_i)$ 'nin tahminleri en küçük kareler yöntemine göre elde edilir. $(\mu' + g'_i)$ ve $(I + \beta'_i)$ 'nin en küçük kareler tahminleri eşitlik 2. 16 ve 2. 17 de verilmiştir,

$$\mu' + g'_i = \frac{\sum_j Y_{ij}}{s} = \frac{Y_{i.}}{s} \quad (2.16)$$

$$I + \beta'_i = \frac{\sum_j Y_{ij} e'_j}{\sum_j (e'_j)^2} \quad (2.17)$$

I : birim matristir

Her bir genotip için e_j üzerinden $(g'_i + (ge)'_{ij})$ 'nin doğrusal regresyonu hesaplanır. i . genotip için regresyon analizindeki varyasyon kaynakları çizelge 3. 1'de verilmiştir (Perkins and Jink 1968a, b).

Çizelge 3.1. *i*. Genotip İçin Regresyon Analizindeki Varyasyon Kaynakları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi (SD)	Kareler Ortalaması (KO)
Regresyon	1	$\frac{(\sum_j (ge)_{ij}' e_j')^2}{\sum_j (e_j')^2} = \beta_i'^2 \sum_j (e_j')^2$
Doğrusal regresyondan sapma	s-2	$\frac{\sum_j \delta_{ij}^2}{s-2}$

Farklı genotipler için hesaplanan β_i' değerleri birleşik (joint) regresyon analizi kullanılarak hesaplanabilir. Birleşik regresyon analizinde Genotip $\times$ Çevre etkileşimi $(t-1)$ serbestlik dereceli regresyon heterojenliği ve $(t-1)(s-2)$ serbestlik dereceli doğrusal regresyondan sapma olmak üzere iki kısma ayrılır (Freeman 1973). $(1 + \beta_i')$ değerlerinin karşılaştırılmasına dayalı birleşik regresyon analizinde regresyon kareler toplamı;

$$\sum_i (\text{Regresyon Kareler Toplamı})_i = \sum_i (1 + \beta_i')^2 \sum_j (e_j')^2 \quad (2.18)$$

burada $\sum \beta_i' = 0$ olduğu için eşitlik 2. 18 aşağıdaki gibi yazılabilir

$$t \sum_j (e_j')^2 + \sum_i (\beta_i')^2 \sum_j (e_j')^2 \quad (2.19)$$

eşitlikte

$$t \sum_j (e_j')^2 : \text{birleşik regresyon kareler toplamı}$$

$$\sum_i (\beta_i')^2 \sum_j (e_j')^2 : \text{regresyon kareler toplamı arasındaki heterojenliktir.}$$

Buna göre regresyon analiz çizelgesi çizelge 3.2'de özet olarak verilmiştir

Çizelge 3.2. Birleşik Regresyon Analiz Çizelgesi

Varyasyon Kaynakları	SD	KO
Genotip	t-1	$s \sum_i (g'_i)^2 / (t-1)$
Çevre	s-1	$t \sum_j (e'_j)^2 / (s-1)$
Genotip × Çevre Etkileşimi	(t-1)(s-1)	
Regresyonlar arasındaki heterojenlik	t-1	$\sum_i (\beta'_i)^2 \sum_j (e'_j)^2 / (t-1)$
Doğrusal regresyondan sapma	(t-1)(s-2)	$\sum_{ij} \delta_{ij}^2 / (t-1)(s-2)$

Regresyonlar arasındaki heterojenlik ve doğrusal regresyondan sapma önemli ise Genotip × Çevre etkileşimi vardır. Genotip × Çevre etkileşiminin her iki kaynağı olan regresyonlar arasındaki heterojenlik ve doğrusal regresyondan sapma, σ_e^2 ye göre test edilir. Eğer sadece heterojenlik kareler ortalaması önemli ise çevresel indeksler üzerine yapılan doğrusal regresyonlardan her bir genotipin çevrelerle etkileşimleri tahmin edilebilir. Sadece doğrusal regresyondan sapma önemli ise çevre değerleri ve Genotip × Çevre etkileşimleri arasında herhangi bir ilişki yoktur ve dolayısıyla mevcut yaklaşımla Genotip × Çevre etkileşimleri tahmin edilemez. Eğer regresyonlar arasındaki heterojenlik ve doğrusal regresyondan sapmanın her ikisi de önemli ise her hangi bir tahmincinin pratik faydalılığı regresyonlar arasındaki heterojenlik kareler ortalaması ve doğrusal regresyondan sapma kareler ortalamasının nisbi büyüklüğüne bağlı olacaktır. Heterojenlik kareler ortalaması sapma kareler ortalamasına karşı test edildiğinde önemli olursa doğrusal regresyona bağlı Genotip × Çevre etkileşimlerinin tahminleri göz ardı edilmeyecek değere sahip olur. Gerçekten heterojenlik kareler ortalaması regresyondan sapma kareler ortalamasına karşı test edildiğinde önemli olmasa bile, regresyondan sapma kareler ortalamasına karşı test edildiğinde oldukça önemli olabilecek ferdi olarak alınan bazı genotiplerle ilgili e'_j üzerine $(g'_i + (ge')'_{ij})$ nin regresyonu kural dışı değildir (Perkins ve Jinks 1968a).

Herhangi bir i . genotip ve j . çevreye ait etkileşim

$$\mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} = Y_{ij} \quad (2. 20)$$

eşitliğine göre hesaplanır. $(ge)_{ij}$ ve e_j arasındaki ilişkiyi araştırmak için Y_{ij} değerlerinden bu değerlere karşılık gelen $(\mu + e_j) = Y_{ij} / t$ değerlerinin çıkarılmasıyla elde edilen $(g_i + (ge)_{ij})$ değerlerinin bilinmesi gerekir. e_j 'ler üzerinde $(g_i + (ge)_{ij})$ 'nin regresyon sabiti g_i olduğu için e_j , e_j üzerinden oluşturulan $(ge)_{ij}$ regresyonuna eşittir.

Perkin ve Jinks (1968a) tarafından geliştirilen regresyon katsayısı (β_i) aşağıdaki gibi yazılabilir

$$\beta_i = \frac{\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{.j})(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{...})}{\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{...})^2} \quad (2. 21)$$

Regresyon doğrusunun kesim noktası olan β_0 ise genotip değerlerin etki paylarına eşittir.

3.2.10. Eberhart ve Russel Yöntemi

Lin et al. (1986) bildirdiğine göre, Eberhart ve Russel (1966) Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin tespitinde regresyon katsayısı ve verim ortalamalarına ilaveten bir kararlılık parametresi olarak regresyondan sapmayı önermişler ve aşağıdaki modeli tarif etmişler

$$Y_{ij} = \bar{Y}_i + \beta_i e_j + d_{ij} \quad (2. 22)$$

modelde

Y_{ij} : j . çevredeki i . genotipin ortalaması ($j=1,2,\dots,s$ ve $i=1,2,\dots,t$)

e_j : çevresel indeks (j . çevredeki tüm genotiplerin ortalaması – genel ortalama)

$\bar{Y}_i$: tüm çevreler üzerinden i . genotipin ortalaması

β_i : i . genotipin çevresel indeks üzerindeki regresyon katsayısı

d_{ij} : j . çevrede, i . genotipin regresyondan sapması

Regresyondan sapmaların kareler ortalaması aşağıdaki gibi hesaplanır

$$S_{di}^2 = \left[\sum_j \hat{d}_{ij}^2 / (s-2) \right] - S_e^2 / r \quad (2.23)$$

S_e^2 / r : genel ortak hata

sapmanın önemliliği Eberhart ve Russel (1966) tarafından önerilen yaklaşık F testiyle test edilir (Francis ve Kannenberg, 1978)

$$F \approx \left(\sum_j \hat{d}_{ij}^2 / (s-2) \right) / \text{genel ortak hata} \quad (2.24)$$

Becker ve Leon (1988) bildirdiğine göre, regresyon katsayısı ve Eberhart ve Russel (1966)'ın regresyondan sapma kareler toplamı aşağıdaki gibi hesaplanır. Regresyon katsayısı,

$$b_i = 1 + \frac{\sum_j (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..}) (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})}{\sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \quad (2.25)$$

regresyondan sapma kareler toplamı

$$S_{di}^2 = \frac{1}{s-2} \left[\sum_j (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2 - (b_i - 1)^2 \sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2 \right] \quad (2.26)$$

veya

$$S_{di}^2 = \frac{1}{s-2} \left[\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i)^2 - \beta_i^2 \sum_{j=1}^s (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2 \right]$$

eşitliklerine göre hesaplanır.

Regresyon katsayısı 1 ve Eberhart ve Russel (1966)'ın regresyondan sapma kareler toplamı sifıra yakın olan genotipler kararlı genotip olarak kabul edilir (Becker ve Leon 1988).

3.2.11. Faktöriyel Regresyon

Genotip $\times$ Çevre etkileşimini açıklayan genel doğrusal regresyon modellerinden biri de faktöriyel regresyondur. Faktöriyel regresyonda parametrelerin tahmini, çoklu doğrusal regresyon modeline dayanmaktadır. Çoklu doğrusal regresyon modelinde etkileşimleri tespit etmek için regresyon modelinde çarpımlı terimlerin (etkileşim) ve ana etkilerin birlikte bulunduğu modeller faktöriyel regresyon modelleri olarak adlandırılmıştır. Faktöriyel regresyona veya çoklu doğrusal regresyonda etkileşimlerin tespitine geçmeden önce çoklu doğrusal regresyon modeli kısaca özetlenecektir. Çoklu doğrusal regresyon modeli;

$$Y = b_0 + b_1 X_{i1} + b_2 X_{i2} + \dots + b_p X_{ip} + e_i \quad (2. 27)$$

olarak verilir. Eşitlik 2. 27'deki $b_0, b_1, \dots, b_p$ bilinmeyenleri kısmi regresyon katsayıları veya kısaca regresyon katsayılarıdır. Yukarıdaki eşitlik

$$Y_i = b_0 + \sum_{k=1}^p b_k X_{ik} + e_i$$

şeklinde de yazılabilir (Neter et al. 1989). Çoklu regresyon denklemi matris notasyonunda

$$Y = X\beta + e \quad (2. 28)$$

şeklinde yazılır. Eşitlik 2. 28'de

Y : $n \times 1$ boyutlu bağımlı değişken vektörü

X : $n \times (p+1)$ boyutlu girdi matrisi (bağımsız değişken matrisi)

β : $(p+1) \times 1$ boyutlu katsayılar vektörü

e : $n \times 1$ boyutlu hata vektörü

Eşitlik 2. 28 daha açık bir şekilde aşağıdaki gibi yazılır

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \vdots \\ Y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1p} \\ 1 & X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & X_{n1} & X_{n2} & \dots & X_{np} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_0 \\ b_1 \\ \vdots \\ b_p \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_n \end{bmatrix}$$

Çoklu regresyon denkleminde regresyon katsayılarının en küçük kareler tahmincisi

$$b = (X'X)^{-1} X'Y \quad (2. 29)$$

eşitliğine göre hesaplanır (Alpar, 1997). $X'X$ çarpımı matris notasyonunda aşağıdaki gibi yazılabilir;

$$X'X = \begin{bmatrix} 1 & 1 & \dots & 1 \\ X_{11} & X_{21} & \dots & X_{n1} \\ X_{12} & X_{22} & \dots & X_{n2} \\ \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ X_{1p} & X_{2p} & \dots & X_{np} \end{bmatrix}_{(p+1) \times n} \begin{bmatrix} 1 & X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1p} \\ 1 & X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2p} \\ 1 & X_{31} & X_{32} & \dots & X_{3p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ 1 & X_{n1} & X_{n2} & \dots & X_{np} \end{bmatrix}_{n \times (p+1)}$$

$$= \begin{bmatrix} n & \sum X_1 & \sum X_2 & \dots & \sum X_p \\ \sum X_1 & \sum X_1^2 & \sum X_1 X_2 & \dots & \sum X_1 X_p \\ \sum X_2 & \sum X_1 X_2 & \sum X_2^2 & \dots & \sum X_2 X_p \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ \sum X_p & \sum X_p X_1 & \sum X_p X_2 & \dots & \sum X_p^2 \end{bmatrix}_{(p+1) \times (p+1)}$$

Eşitlik 2. 29 daha açık bir şekilde aşağıdaki gibi yazılabilir ve çoklu regresyon modelindeki regresyon katsayıları tahmin edilir.

$$\begin{bmatrix} b_0 \\ b_1 \\ \vdots \\ b_p \end{bmatrix}_{(p+1) \times 1} = \begin{bmatrix} n & \sum X_1 & \sum X_2 & \dots & \sum X_p \\ \sum X_1 & \sum X_1^2 & \sum X_1 X_2 & \dots & \sum X_1 X_p \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ \sum X_p & \sum X_p X_1 & \sum X_p X_2 & \dots & \sum X_p^2 \end{bmatrix}_{(p+1) \times (p+1)} \begin{bmatrix} \sum Y_i \\ \sum X_1 Y_i \\ \vdots \\ \sum X_p Y_i \end{bmatrix}_{(p+1) \times 1}$$

Regresyon katsayıları olan b değerlerinin varyansları;

$$S^2(b) = HKO(X'X)^{-1}$$

$(p+1) \times (p+1)$

eşitliğine göre bulunur ve regresyon katsayılarının varyans kovaryans matrisi,

$$S^2(b) = \begin{bmatrix} S^2(b_0) & S(b_0, b_1) & \dots & S(b_0, b_p) \\ S(b_1, b_0) & S^2(b_1) & \dots & S(b_1, b_p) \\ \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ S(b_p, b_0) & S(b_p, b_1) & \dots & S^2(b_p) \end{bmatrix}_{(p+1)(p+1)}$$

şeklinde yazılabilir ve $S^2(b)$ 'nin varyans kovaryans matrisinin köşegen elamanları regresyon katsayılarının varyansını köşegen dışı elemanlar ise regresyon katsayıları arasındaki kovaryansı vermektedir (Neter et al. 1989).

Etkileşimi içeren modeller çoklu doğrusal regresyon yöntemleriyle analiz edilebilirler. Çoklu doğrusal regresyon modelinin en basit şekli olan bir bağımlı Y ve iki bağımsız X ve Z değişken durumunu göz önüne alalım. Buna göre X ve Z den Y 'nin tahmini en küçük kareler regresyon eşitliği ile tahmin edilir, burada populasyon modeli

$$Y = \alpha + \beta_1 X + \beta_2 Z + \varepsilon \quad (2.30)$$

olur. Eşitlik 2. 30, Z ve X değerleri üzerine Y değerinin regresyonunu içerir. Eşitlik 2. 30 sadece ana etkilerin bulunduğu regresyon modelini göstermektedir. Araştırmacı X ve Y arasında bir etkileşimin olup olmadığıyla ilgilenebilir. Özellikle araştırmacı Z tarafından düzenlenen (moderated) X ve Y arasındaki ilişkiyi test edebilir. Z minimum olduğu zaman X değişkeni bağımlı değişken olan Y üzerinde daha da etkili olacaktır. Bununla birlikte Z arttığı zaman X 'in etkisi daha az olacaktır. Bu durumda ana bağımsız değişken (X) ve düzenleyici (moderator) değişken (Z) olup bu tip regresyon eşitlikleri düzenlenmiş (moderated) çoklu regresyon olarak adlandırılır (Aguinis and Pierce 1999).

Regresyon analizinde etkileşimleri modellemede en yaygın kullanılan yaklaşım, regresyon modeline çarpımlı terimleri ilave etmektir. Eğer eşitlik 2. 30'da Y üzerine X 'in etkisinin β_1 tarafından yansıtıldığı ve Z , Y üzerine X 'in düzenleyici (moderator) etkisi olarak düşünülürse β_1 'in değeri değişebilir. Z 'nin bir fonksiyonu olarak β_1 'in hangi yönde ve ne miktarda değişebileceği doğrusal fonksiyonla belirlenebilir (Jaccard and Turrisi 2003, Aiken and West 1991). Bu fonksiyon aşağıdaki gibi yazılabilir;

$$\beta_1 = \alpha' + \beta_3 Z \quad (2. 31).$$

Bu eşitliğe göre Z nin her bir birimlik değişmesi için β_1 'in değeri β_3 tarafından yapılan değişiklikle tahmin edilir. Eşitlik 2. 30'da β_1 'in yerine eşitlik 2. 31'deki β_1 'in değeri yazılırsa elde edilen eşitlik aşağıdaki gibi olur

$$Y = \alpha + (\alpha' + \beta_3 Z)X + \beta_2 Z + \varepsilon$$

X parantez içindeki değerlerle çarpılırsa aşağıdaki eşitlik elde edilir

$$Y = \alpha + \alpha'X + \beta_3 XZ + \beta_2 Z + \varepsilon$$

yukarıdaki eşitlikte α' nün yerine β_1 yazılırsa ve terimler yeniden düzenlenirse tek çarpımlı terimli bir etkileşim modeli aşağıdaki gibi elde edilir

$$Y = \alpha + \beta_1 X + \beta_2 Z + \beta_3 XZ + \varepsilon \quad (2. 32)$$

eşitlik 2. 32'deki XZ çarpımlı terim etkileşim olarak ifade edilir ve etkisi β_3 tarafından yansıtılır (Jaccard and Turrisi 2003, Aiken and West 1991, Burril 2003).

Aiken and West (1991)'in bildirdiğine göre, çoklu regresyonda çarpımlı terimin (etkileşimin) etkisini analiz etmek için kullanılan en popüler yaklaşım Cohen ve Cohen (1983) tarafından tavsiye edilen bir yöntemdir. Cohen ve Cohen (1983) yönteminde etkileşimli ve etkileşimsiz modellerden elde edilen R^2 değerlerinin farkları kullanılarak etkileşim teriminin önemliliğine karar verilir. Eğer etkileşim anlamlı ise o zaman iki R^2 değeri arasındaki farklılık istatistiksel olarak önemli olacaktır. Bu farklılığın istatistiksel önemlilik testi aşağıdaki eşitliğe göre hesaplanan F testini kullanır

$$F = \frac{(R_2^2 - R_1^2)/(k_2 - k_1)}{(1 - R_2^2)/(N - k_2 - 1)} \quad (2. 33)$$

eşitlik 2. 33'de

R_1 : Sadece ana etkileri içeren modele ait çoklu korelasyon katsayısı

R_2 : Çarpımlı terimi içeren modele ait çoklu korelasyon katsayısı

k_1 : Ana etkileri içeren modelde α hariç parametre sayısı

k_2 : Çarpımlı terimi içeren modelde α hariç parametre sayısı

N : Toplam örnek büyüklüğü

F testi $k_2 - k_1$ ve $N - k_2 - 1$ serbest dereceli F dağılımı gösterir. F 'in istatistiksel olarak önemli olması etkileşimin önemli olduğunu belirtir. F testinin olasılık değeri ile çarpımlı modeldeki çarpımlı terime ait regresyon katsayısının önemlilik testinin t

olasılık değeri aynıdır ve çarpımlı terime ait regresyon katsayısının önemlilik testi için hesaplanan t hesap değerinin karesi formül 2. 32'e göre hesaplanan F değerini verir yani $t_{hesap}^2 = F_{hesap}$ olur (Jaccard and Turrisi 2003, Aiken and West 1991).

Eşitlik 2. 32'deki β_3 katsayısı etkileşimin yapısı hakkında bilgi veren tek serbestlik dereceli etkileşim sabitidir. Z 'deki her β_3 birimlik artış için X 'ler üzerinden Y 'nin eğimi β_3 birimlik kadar bir artış veya azalışla tahmin edilir.

X ve Y arasındaki ilişki analiz edilmek istendiğinde Z 'nin belirli bir değeriyle hesaplamaya başlanır. Z değerinin 1 ile 10 arasında değiştiği varsayılınsın. Z 'nin mümkün olan en küçük değeri olan 1 ile hesaplamaya başlansın. Eşitlik 2. 32'de Z 'nin olduğu yere 1 değeri yazıldığında,

$$Y = a + b_1X + b_2(1) + b_3X(1) + \varepsilon$$

eşitliği elde edilir ve eşitliğin sağ tarafı aşağıdaki gibi yeniden düzenlenirse;

$$Y = a + b_2(1) + b_1X + b_3X(1) + \varepsilon$$

ve X , X ortak parantezine alınırsa, yani yukarıdaki eşitlik aşağıdaki gibi yazılabilir

$$Y = a + b_2(1) + [b_1 + b_3(1)]X + \varepsilon$$

sonuçta aşağıdaki eşitlik elde edilir

$$Y = a + b_2 + (b_1 + b_3)X + \varepsilon$$

Bu sonuç $Z=1$ olduğu zaman X ve Y arasındaki ilişkiyi tarif eden doğrusal eşitliktir. Z 'nin en büyük değeri olan 10 kullanılarak aynı hesaplamalar yapıldığında,

$$Y = a + b_1X + b_2(10) + b_3X(10) + \varepsilon$$

$$Y = a + b_2(10) + [b_1 + b_3(10)]X + \varepsilon$$

sonuçta yukarıdaki eşitliklere göre Z 'nin seviyelerinde X üzerinden Y 'nin regresyon denklemi

$$Y = a + b_2Z + (b_1 + b_3Z)X \quad (2. 34)$$

veya

$$Y = (b_1 + b_3Z)X + (a + b_2Z)$$

şeklinde yazılabilir. Yukarıdaki regresyon eşitliğinin eğimi olan $(b_1 + b_3Z)$ etkileşim katsayısı b_3 ile X üzerinden Y 'nin regresyon katsayısı olan b_1 'in birleşmesidir. X üzerinden Y 'nin regresyonunun eğimi olan $(b_1 + b_3Z)$ Z 'nin belirli değerlerine bağlıdır.

$(b_1 + b_3Z)$, Z 'de X üzerinden Y 'nin regresyonunun eğimi olarak ifade edilir ve bu eğimle Z 'nin belirli değerlerinde X üzerinden Y 'nin regresyonunun eğiminin bulunması sağlanır. Bu belirli değerler Z ortalaması ($\bar{Z}$), Z ortalamasından bir standart sapma çıkarıp toplayarak elde edilen ($\bar{Z} - S_z$ ve $\bar{Z} + S_z$) değerler olarak alınabilir (Jaccard and Turrissi 2003, Aiken and West 1991). $b_1 + b_3Z$ 'nin standart hatası;

$$S_b = \sqrt{S_{11} + 2ZS_{13} + Z^2S_{33}} \quad (2. 35)$$

eşitliğine göre bulunur. Eşitlik 2. 35'de

S_{11} : b_1 regresyon katsayısının varyansı

S_{33} : b_3 regresyon katsayısının varyansı

S_{13} : b_1 ve b_3 regresyon katsayıları arasındaki kovaryans

$(b_1 + b_3Z)$ eğiminin değeri kendi standart hatasına bölünerek önemlilik testi yapılır.

Önemlilik testine ait hesap değeri formül olarak aşağıdaki gibi yazılabilir

$$t = \frac{b}{S_b}$$

formüldeki t değeri $N-k-1$ serbest dereceli t dağılışı gösterir (Jaccard and Turrissi 2003, Aiken and West 1991).

X 'in seviyelerinde Z üzerinden Y 'nin regresyonu ise aşağıdaki eşitliğe göre hesaplanır

$$Y = (b_2 + b_3X)Z + (a + b_1X) \quad (2. 36)$$

bu eşitliğin eğimin $(b_2 + b_3X)$ standart hatası

$$S_b = \sqrt{S_{22} + 2XS_{23} + X^2S_{33}} \quad (2. 37)$$

olur (Jaccard and Turrissi 2003, Aiken and West 1991). Eğimin sıfırdan farklı olup olmadığının t test değeri eğimin kendi değerinin standart hatasına bölünmesiyle bulunur.

Bir etkileşimli modelde Z 'nin verilen bir değerinde Y üzerinden X 'in etkisinin hesaplanmasının iki yolu vardır. Birincisi, aşağıdaki eşitliği kullanmak

$$Z \text{ de } b_1 = b_1 + b_3Z \quad (2. 38)$$

İkincisi, Z' 'yi transforme ederek transforme edilmiş Z_t 'nin ortalaması olan 0 değerinin orijinal ölçümlerdeki ilgili değere karşılık gelmesinin sağlanmasıdır (Jaccard and Turrisi 2003, Aiken and West 1991).

Z değerini transforme etmek için orijinal Z değerlerinin ortalaması Z' 'nin her bir değerinden çıkarılır ve transforme edilmiş Z_t değerlerinin ortalaması 0 olur. Yeni bir ölçü oluşturmak için bir değişkenden ortalamayı çıkarma işlemi ortalama etrafında merkezileştirme olarak adlandırılır (Burris 2003). Z' 'nin merkezi ortalama olarak kabul edilsin. XZ_t formülüyle çarpımlı terim yeniden hesaplanır ve o zaman tahmini regresyon eşitliği aşağıdaki gibi olur;

$$Y = a + b_1X + b_2Z_t + b_3XZ_t + e \quad (2. 39)$$

Bir tahminci (bağımsız değişken) gibi Z kullanılarak orijinal eşitlik

$$Y = a + b_1X + b_2Z + b_3XZ + e$$

şeklini alır.

Transforme edilmiş Z değerleriyle oluşturulan modelde (2. 39) orijinal değerler üzerinden oluşturulan model (2. 32) arasında önemli benzerlikler vardır. Birincisi, X , Z ve XZ den Y 'yi tahminleyen modelin çoklu korelasyon katsayısının karesi (belirleme katsayısı) ve önemlilik testi X , Z_t ve XZ_t den Y 'yi tahminleyen modelin çoklu korelasyon katsayısının karesiyle (belirleme katsayısıyla) ve önemlilik testiyle aynıdır. İkincisi, b_3 'ün değeri ve önemlilik testi her iki modelde aynıdır. Dolayısıyla etkileşim değeri transforme edilmiş değerlerin kullanıldığı modelde (2. 39) orijinal değerlerin kullanıldığı modelde (2. 32) aynı çıkar (Jaccard and Turrisi 2003, Aiken and West 1991).

Etkileşimin gücü, etki büyüklüğü ölçülerinin standart yada standart olmayan formları olan çeşitli istatistikler tarafından belirlenir. En yaygın standardize olmayan (standardize edilmemiş) indeks (gösterge) b_3 'ün değeridir. b_3 sıfırdan farklı olduğu zaman etkileşim kuvvetlidir. En yaygın standardize edilmiş etki büyüklüğü ölçüsü çarpımlı terim için karesi alınmış yarı kısmi (semipartial) korelasyondur. Bu terim etkileşimle izah edilen bağımlı değişkendeki varyans oranını yansıtır. Semipartial korelasyon katsayısı, etkileşimli modelin karesel çoklu korelasyon katsayısı ile yalnızca

ana etkileri içeren modelin karesel çoklu korelasyon katsayılarının farkları alınarak hesaplanabilir. Yani etkileşimin gücü (etkileşimin gücü = çarpımlı terimi içeren modele ait belirleme katsayısı - yalnızca ana etkileri içeren modelin belirleme katsayısı) şeklinde hesaplanır (Jaccard and Turrisi 2003)

Faktöriyel regresyon modelleri faktöriyel ANOVA modelleriyle benzerdir. Bununla birlikte faktöriyel regresyon modellerinde, modelde yer alan değişken sayısı elde edilen gerçek değişken sayısından fazla olabilir. Konuyu basitleştirmek için, tam faktöriyel regresyon modeller modelde sürekli bağımsız değişkenlerin mümkün olabilen tüm çarpımlarının yer aldığı modeller gibi tarif edilir. Örneğin, iki sürekli bağımsız değişken X ve Z için tam faktöriyel regresyon modeli X ve Z 'nin ana etkilerini ve X ve Z etkileşimlerini içerir. Aynı şekilde faktöriyel ANOVA modelinde X ve Z 'nin ana etkilerini ve XZ etkileşimini içerir. Faktöriyel regresyon modellerinde gerektiği zaman yüksek dereceden etkileşimler modelden çıkarılabilir. X , Z ve Q üç sürekli bağımsız değişken için 2. dereceye göre bir kesirli faktöriyel model ana etkileri ve bağımsız değişkenler arasındaki tüm ikili etkileşimleri içerir ve model aşağıdaki gibi yazılabilir (Stat Soft, Inc., 2003),

$$Y = a + b_1X + b_2Z + b_3Q + b_4XZ + b_5XQ + b_6ZQ \quad (2.40)$$

Dikkat edilirse eşitlik 2. 40 değişkenlerin üçlü etkileşimi olan XZQ çarpımlı terimini içermemektedir. Buda faktöriyel regresyonda modelden gerektiği zaman bazı çarpımlı terimlerin çıkarılabileceğini göstermektedir.

Faktöriyel regresyon modelleri iki temel avantaja sahiptir. Bu avantajlardan biri mevcut yardımcı değişkenlerle ilgili etkilerin öneminin test edilebilmesi ve ikincisi model yapılandırmasında adımsal değerlendirmeli (stepwise) regresyon gibi standart seçim yöntemlerinin değişken alt kümelerin seçiminde kullanılabilmesi (Vargas et al. 1999, Vargas et al. 2001). Ayrıca etkileşimin tarifi için faktöriyel regresyon gibi çarpımlı modeller varyans analizinden daha az serbestlik derecesi kullandıkları için daha faydalı olduğu ifade edilmiştir (Vargas et al. 2001).

3.3.1. Tek Değişkenli Parametrik Olmayan Yöntemler

Griffin (1962) nonparametrik yöntemleri, populasyon hakkında katı varsayımlar öngörmeyen testler olarak ifade etmiştir. Yıldız ve Bircan (1994) normal dağılış varsayımlarının geçerli olmadığı durumlarda dağılıştan ve parametreden bağımsız olarak uygulanabilen yöntemler olarak tarif etmişlerdir. Parametrik olmayan istatistik yöntemlerin özellikleri aşağıdaki gibi özetlenebilir.

Parametrik olmayan istatistik yöntemler, populasyon hakkında genellikle sayısı çok az olan varsayımlara bağlıdır yani hipotezlerin testi için populasyon parametrelerinin dağılışlarının bilinmesine gerek olmayabilir (Daniel 1995). Bu durumlarda parametrik olmayan testlerin kullanılabilmesi için populasyon dağılımının sürekli olması yeterlidir (Fraser 1958).

Bu özellikler altında parametrik olmayan istatistik yöntemlerin parametrik istatistik yöntemlerden üstün ve zayıf yönleri vardır. Parametrik olmayan yöntemlerin parametrik yöntemlere göre üstün yönleri (Daniel 1995) :

- 1) Çoğu parametrik olmayan istatistik yöntem en az varsayıma dayandığından yanlış uygulanma olasılığı düşüktür.
- 2) Örnek büyüklüğü çok küçükse ($n=6$ gibi) parametrik olmayan istatistik yöntemler daha sağlam sonuç verir.
- 3) Parametrik olmayan istatistik yöntemler, adlandırma (nominal) ve derecelendirme (ordinal) ölçeğine göre elde edilen verilere uygulanabilir. Gözlemlerden elde edilen veriler genellikle bir sıra sayısına veya işarete dönüştürüldükten sonra test edilir.

Parametrik olmayan yöntemlerin parametrik yöntemlere karşı en önemli mahsuru; parametrik olmayan yöntem sayısının çok kısıtlı olmasıdır. Yani her parametrik yöntemin parametrik olmayan karşıtı yoktur. Diğer bir önemli mahsuru parametrik testin uygulanmasındaki varsayımlar geçerli olması durumunda parametrik testler, parametrik olmayan testlerden daha güçlüdürler (Aytaç, 1984). Başka bir ifade ile;

$$G_{\text{nonparametrik}} = (1 - \beta_n) < G_{\text{parametrik}} = (1 - \beta_n)$$

şeklinde belirtilebilir. Diğer bir mahsuru ise bazı parametrik olmayan testlerin büyük örneklere uygulanması sıkıntılı ve yorucu olabilir.

Günümüzde Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin hesaplanmasında kullanılan bir çok parametrik olmayan kararlılık analiz yöntemleri geliştirilmiştir. Araştırmanın bu bölümünde özellikle parametrik olmayan kararlılık yöntemlerinden genotip ortalamalarının derecelenmesine dayananlar incelendi.

3.3.2. Hühn ve Nassar $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ ve $S_i^{(6)}$ Yöntemleri

Hühn (1979), Nassar ve Hühn (1987) $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ ve $S_i^{(6)}$ parametrik olmayan kararlılık parametrelerini önermişlerdir. Y_{ij} ; j . ($j=1,2,\dots,s$) çevredeki i . ($i=1,2,\dots,t$) genotipin verimi olsun. t sıralı (genotip) ve s sütunlu (çevre) iki yönlü tabloda Y_{ij} değerleri her bir çevrede sırasıyla en küçük değer 1 ve en büyük değer t olacak şekilde sıralanır. j . çevredeki i . genotipin sıra puanı r_{ij} olsun. i . bir genotipin sıra puanları tüm çevrelerde benzer veya eşit ise o genotipin tüm çevrelerde kararlı olduğu ifade edilir (Nassar and Hühn 1987, Hühn and Nassar 1989, Huehn 1990 b).

$S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ ve $S_i^{(6)}$ kararlılık parametreleri aşağıdaki eşitliklerle tahmin edilebilir

$$S_i^{(1)} = \frac{\sum_{j < j'} \left| r_{ij}^* - r_{ij'}^* \right|}{\binom{s}{2}} = 2 \sum_{j=1}^{s-1} \sum_{j'=j+1}^s \frac{\left| r_{ij}^* - r_{ij'}^* \right|}{s(s-1)} \quad (3.1)$$

$$S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^s \frac{(r_{ij}^* - \bar{r}_i^*)^2}{s-1} \quad (3.2)$$

$$\bar{r}_i^* = \sum_{j=1}^s \frac{r_{ij}^*}{s}$$

$$S_i^{(3)} = \frac{\sum_{j=1}^s (r_{ij} - \bar{r}_i)^2}{\bar{r}_i} \quad (3.3)$$

$$S_i^{(6)} = \frac{\sum_{j=1}^s |r_{ij} - \bar{r}_i|}{\bar{r}_i} \quad (3.4)$$

$$\bar{r}_i = \sum_{j=1}^s \frac{r_{ij}}{s}$$

Eşitlik 3. 1 ve 3. 2'deki r_{ij}^* değerleri, düzeltilmiş $Y_{ij}^* = \bar{Y}_{ij} - (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$ değerlerine göre her bir çevredeki genotiplerin sıra puanlarıdır. Eşitlik 3. 3 ve 3. 4'deki r_{ij} değerleri $\bar{Y}_{ij}$ ortalama verimlerine dayandırılmış her bir çevredeki genotiplerin sıra puanlarıdır. $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ ve $S_i^{(6)}$ parametrelerindeki $\bar{r}_i$ değerleri her bir eşitlikde alınan r_{ij} değerlerine göre hesaplanır (Nassar and Hühn 1987, Hühn and Nassar 1989, Kang and Pham 1991, Huehn 1990 a, Piepho and Lotito 1992).

$S_i^{(1)}$, s çevre üzerinden bir genotipin sıra puanları farklarının mutlak değerlerinin ortalamasıdır. $S_i^{(2)}$, s çevre üzerindeki düzeltilmiş sıra puanların varyansını verir. $S_i^{(3)}$, düzeltilmemiş sıra puanlarının s çevre üzerindeki varyansını verir. $S_i^{(6)}$, düzeltilmemiş sıra puanları mutlak sapmasından hesaplanan varyasyon katsayısıdır (Flores et al. 1998).

t genotipli ve s çevreli iki yönlü bir tabloda bütün genotiplerin eşit olduğu H_0 (sıfır) hipotezi ileri sürülür. Bu Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin olmadığı ve genotipler arasında farkların olmadığı durumda meydana gelmektedir. Her bir çevre içinde genotipler sırasıyla derecelendiği için çevresel etkiler $S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ kararlılık ölçütleri üzerinde etkiye sahip değildir. Bununla birlikte gerçekte Genotip $\times$ Çevre etkileşimi olmadığı zaman genotipler arasındaki farklılıklar $S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ kararlılık ölçütleri üzerine bir

etkiye sahip olacaklar ve genotipler arasındaki farklılıklara yol açabileceklerdir (Nassar and Huhn 1987, Huehn 1990a).

$S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ kararlılık ölçütleri

$$Y_{ij}^* = Y_{ij} - (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}) \quad (3. 5)$$

düzeltilmiş değerlere göre elde edilen sıra puanların kullanılmasıyla hesaplanabilir. Burada $\bar{Y}_i$; i .genotipin ortalaması ve $\bar{Y}_{..}$; txs tablosundaki genel ortalamadır. Bu uygulama altında, genotipler arasındaki eşit kararlılıklı sıfır hipotezinin kabul edilmemesi Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin olduğunu ifade eder.

$S_i^{(1)}$ ve $S_i^{(2)}$ parametrik olmayan ölçütler için normal dağılışa dayanan yaklaşık önemlilik testleri Nassar ve Huhn (1987) tarafından geliştirilmiştir. Bu istatistik

$$Z_i^{(m)} = [S_i^{(m)} - E(S_i^{(m)})]^2 / Var(S_i^{(m)}), \quad m=1,2, \quad (3. 6)$$

$E(S_i^{(m)}) = S_i^{(m)}$ 'in ortalaması

$Var(S_i^{(m)}) = S_i^{(m)}$ 'in varyansı

yaklaşık 1 serbestlik dereceli Ki-kare dağılışıma sahip olacağı beklenmekte (Hühn and Nassar 1991). Bu istatistik benzer olarak

$$S^{(m)} = \sum_{i=1}^t Z_i^{(m)}, \quad m=1,2 \quad (3. 7)$$

t serbestlik dereceli bir Ki-Kare dağılışıyla tahmin edilebilir (Nassar and Huhn 1987, Hühn and Nassar 1989, Huehn 1990a). Tüm genotiplerin kararlı olduğunu iddia eden H_0 hipotezinde, ortalamalar $E(S_i^{(m)})$ ve varyanslar $Var(S_i^{(m)})$ kesikli üniform dağılıştan (1,2,...,t) aşağıdaki eşitliklerde verildiği şekilde hesaplanmaktadır (Nassar and Hühn 1987);

$$E[S_i^{(1)}] = (t^2 - 1)/(3t),$$

$$Var(S_i^{(1)}) = \frac{(t^2 - 1)[(t^2 - 4)(s + 3) + 30]}{45t^2s(s - 1)}$$

$$E[S_i^{(2)}] = (t^2 - 1)/12,$$

$$Var(S_i^{(2)}) = \frac{m_4}{s} - \left[\frac{s-3}{s(s-1)} (E[S_i^{(2)}])^2 \right],$$

burada

$$m_4 = E[y - \mu]^4 = E[y^4] - 4\mu E[y^3] + 6\mu^2 E[y^2] - 3\mu^4,$$

$$\mu = E[y]$$

$$y = S_i^{(2)},$$

$$E[y^4] = (t+1)(2t+1)(3t^2+3t-1)/30,$$

$$E[y^3] = t(t+1)^2/4,$$

$$E[y^2] = (t+1)(2t+1)/6,$$

$$\mu = (t+1)/2.$$

$$Var(S_i^{(2)}) = \frac{(t^2-1)[2(t^2-4)(s-1)+5(t^2-1)]}{360s(s-1)}$$

3.3.3. Piepho ve Lotito Yöntemleri (L_i ve R_i istatistikleri)

Piepho ve Lotito (1992) parametrik olmayan kararlılık ölçütleri olan L_i ve R_i istatistiklerini geliştirmişlerdir. L_i ve R_i kararlılık yöntemleri aşağıdaki gibi tarif edilebilir.

L_i , interaksiyon etkilerinin mutlak ortalaması olarak tarif edilir ve aşağıdaki gibi hesaplanır,

$$L_i = \sum_{j=1}^s |V_{ij}| / s \quad (3.8)$$

burada

$$V_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$$

$|V_{ij}|$ = V_{ij} 'nin mutlak değeri,

V_{ij} : interaksiyon etkisi

$\bar{Y}_{ij}$: j . çevredeki, i . genotipin, r tekrarının ortalaması,

$\bar{Y}_{i.}$: i . genotipin ortalaması,

$\bar{Y}_j$: j . çevrenin ortalaması,

$\bar{Y}_{..}$: genel ortalama.

R_i , çevreler içindeki $|V_{ij}|$ 'nin sıra puanlarının (r_{ij}^*) toplamı olarak ifade edilebilir (Piepho and Lotito 1992). Yani,

$$R_i = \sum_j r_{ij}^* \quad (3.9)$$

i . genotipe ait L_i ve R_i değerleri daha küçükse bu genotipin diğerlerine göre daha kararlı olduğu söylenebilir. L_i ve R_i , V_{ij} 'lerin dağılımı hakkında bilgi verebilir. Her genotip için $\sum_j V_{ij} = 0$ olduğu varsayılır. Bu yüzden V_{ij} 'ler şansa bağlı olarak sıfır etrafında dağılırlar. Bir genotipin V_{ij} değerleri sıfırdan ne kadar çok sapmalı olursa, çevreler içinde en yüksek sıra puanlarını (r_{ij}^*) alacağı beklenen mutlak değerlere ($|V_{ij}|$) sahip olacaktır. Bu yüzden V_{ij} 'nin dağılımının yüksek olması büyük L_i ve R_i tarafından aksettirilecektir (Piepho and Lotito 1992).

L_i , $|V_{ij}|$ değerleri L_i 'nin tekrarları olduğu dikkate alınarak homojenlik için tek yönlü varyans analiziyle test edilebilir. V_{ij} normal olsa dahi $|V_{ij}|$ 'lerin dağılımı normal olmayabilir. Ortalamalar arasındaki farklılıklarla ilgili hipotezlerin tek yönlü varyans analizi varyanslar arasındaki farklılıkları test etmek için kullanılan klasik testlerden daha güçlü olduğu belirtilmiştir. Gerçekten $|V_{ij}|$ 'nin tek yönlü varyans analizi kararlılık varyansların σ_i^2 eşit olup olmadıklarını iyi bir şekilde test edebilir (Piepho and Lotito 1992).

3.3.4. Kang Yöntemi

Kang (1988) genotiplerin ortalama verim sıra puanlarını ve her bir genotipin kararlılık varyanslarının sıra puanlarını kullanarak toplam sıra puanı yöntemi adı verilen bir yöntem geliştirmiştir. Bu işlemi yaparken en yüksek verimli genotipin sıra puanı 1 ve en düşük kararlılık varyansının sıra puanı 1 olacak şekilde ortalama verimleri ve Shukla (1972)'nin kararlılık varyanslarını dereceleme tabi tutmuştur. Daha sonra her bir

genotipin ortalama veriminin ve kararlılık varyansının sıra puanı toplanarak o genotip hakkında son karar verilmiştir. Toplam sıra puanı en küçük olan genotipin en kararlı genotip olduğu belirtilmiştir. Kang (1988)'in toplam sıra puanı yönteminde genotiplere verim ortalaması ve kararlılık varyansları eşit ağırlıklı olarak katkı sağlamaktadır. Ayrıca Kang ve Pham (1991) toplam sıra puanı yöntemine ilaveten ve bu yöntemin bir benzeri olan ancak verim ortalamalarının sırasıyla 2, 3, 4 ve 5 ağırlıkla katkıda bulunduğu indeks 2, indeks 3, indeks 4 ve indeks 5 yöntemlerini de geliştirmişlerdir. Kang (1988)'in toplam sıra puanı yöntemi ve diğer yöntemler özet olarak aşağıdaki gibi tarif edilebilir.

Toplam sıra puanı yöntemi : verim ortalamasının sıra puanı + σ_i^2 'nin sıra puanı

İndeks 2 yöntemi : 2 * verim ortalamasının sıra puanı + σ_i^2 'nin sıra puanı

İndeks 3 yöntemi : 3 * verim ortalamasının sıra puanı + σ_i^2 'nin sıra puanı

İndeks 4 yöntemi : 4 * verim ortalamasının sıra puanı + σ_i^2 'nin sıra puanı

İndeks 5 yöntemi : 5 * verim ortalamasının sıra puanı + σ_i^2 'nin sıra puanı

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

Araştırmada normal ve kesikli üniform dağılışa göre türetilen verilere uygulaması yapılan yöntemler parametrik ve parametrik olmayan yöntemler olarak iki farklı grup altında incelendi. Yapılan simülasyon çalışmasında varyans analizine göre etkileşimin önemsiz ve önemli olduğu durumlarda yöntemler arasındaki ilişkinin olup olmadığı araştırıldı. Kararlılık ölçütleri arasındaki ilişkinin tespiti sıra korelasyon analizine göre yapıldı. Araştırmada uygulaması yapılarak tartışılacak olan tek değişkenli parametrik ve parametrik olmayan yöntemler ve bu yöntemlerin sonuç ve tartışma kısımlarındaki kodlanmaları parantez içinde aşağıda verilmiştir.

1. Tek Değişkenli Parametrik Yöntemler

- a) Çevresel Varyans Yöntemi (CV)
- b) Shukla Yöntemi (SSV)
- c) Varyasyon Katsayısı Yöntemi (VK)
- d) Ecovalence Yöntemi (EV)
- e) Lin ve Binns'in P_i Yöntemi (P)
- f) Finlay ve Wilkinson Regresyon Katsayısı Yöntemi (FWbi)
- g) Perkins ve Jinks Regresyon Katsayısı Yöntemi (PJbi)
- h) Eberhart ve Russel Yöntemi (ER)

2. Tek Değişkenli Parametrik Olmayan Yöntemler

- a) S_i^1 Yöntemi (S1)
- b) S_i^2 Yöntemi (S2)
- c) S_i^3 Yöntemi (S3)
- d) S_i^6 Yöntemi (S6)
- d) Piepho ve Lotito Yöntemi (L_i ve R_i istatistikleri)
- e) KANG Yöntemi (KSM)

4.1. Normal Dağılıştan Simülasyonla Elde Edilen Verilere Ait Sonuçlar

Simülasyon çalışmasında varyans analizine göre Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin önemsiz olduğu verilere göre elde edilen sonuçlar çizelge 4. 1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Duruma Göre Elde Edilen Verilerin Varyans Analizi

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO	F	P
Çevre	15	126802.0	8453.5	0.81	0.6651
Genotip	14	115256.4	8232.6	0.79	0.6802
G $\times$ Ç etkileşimi	210	2053039.8	9776.4	0.94	0.7116
Eğrilerin Heterojenliği	15	252727.9	16848.5	1.62	0.10
Birleştirilmiş (pooled) Hata	195	1800311.9	9232.4	0.89	
Hata	960	9996194.0	10412.7		
Toplam	1199	12291292.2			

Çizelge 4.1’de varyans analizine göre çevre, genotip ve Genotip $\times$ Çevre etkileşim kaynaklarının önemsiz olduğu görülmektedir. Fakat araştırmacılar Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin önemsiz olmasında dahi genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerini araştırmak isterler. Dolayısıyla hangi genotipin kararlı hangi genotipin kararsız olduğunu araştırmak için geliştirilmiş olan çeşitli kararlılık yöntemlerini araştırma sonucu elde ettikleri verilere uyguladılar. Bu yöntemlerden bazıları simülasyon sonucu etkileşimin önemsiz çıktığı verilere uygulandı ve sonuçlar çizelge 4.2, 4.3 ve 4.4’de verildi.

Parametrik yöntemlere göre 16 çevrede 15 genotipe ait kararlılık katsayı değerleri çizelge 4.2’de verilmiştir. Genotipler EV ve SSV değerlerine göre karşılaştırıldığında en kararlı genotipler sırasıyla G12, G7, G6 ve G1 ve en kararsız genotipin ise G8 olduğu söylenebilir. Ayrıca SSV kararlılık katsayılarının önemlilik testi yapıldığında da G8 genotipinin kararsız olduğu tespit edildi. CV ve VK yöntemlerine göre en kararlı genotip G6 ve en kararsız G9 genotipidir. FWbi ve PJbi katsayı değerleri bütün genotiplerde önemsiz olarak bulundu. Dolayısıyla genotipik verimlerin çevre etki paylarına göre regresyonlarının önemsiz olduğuna karar verildi. Genotipler FWbi ve PJbi katsayılarına göre karşılaştırıldığında en kararlı genotipin (FWbi =1 ve PJbi=0 en

kararlı genotip olduğuna karar verilir) G1 ve G12 olduğu ve ER değerine göre ise en kararlı genotipin G6 olduğu görülmektedir. Dolayısıyla varyans analizine göre etkileşim önemsiz olsa bile hangi genotiplerin çevrelerle etkileşimde olup olmadığı elde edilen verilere kararlılık yöntemleri uygulanarak bulunabilir. EV yöntemine göre her bir genotip için elde edilen katsayıların toplamının tekerrür sayısına çarpımı genotip çevre etkileşim kareler toplamını ($410606 \times 5 = 2053039.8$) vermektedir. SSV yönteminde de elde edilen katsayı değerlerin toplamının kararlılık katsayı değerlerinin serbestlik derecesine çarpımı genotip çevre etkileşim kareler toplamını ($146646 \times 14 = 2053039.8$) vermektedir. Buna göre EV ve SSV katsayı değerleri genotip çevre etkileşim değerinin genotip sayısına parçalanmasıdır. P yöntemine göre en kararlı genotip G3 ve en kararsız genotip ise G15 dir. P yönteminde elde edilen katsayıların önemlilik testi yapılırken F testi kullanılır. Lin ve Bins (1988) geliştirmiş oldukları P yönteminde önem testini hata kareler ortalaması ve F testini birlikte kullanarak yapmışlardır. Çevre sayısı ve hata serbestlik derecesine göre bir F ($F_{0.05 (16,195)} = 1.72$) değeri belirlenir bu değer hata kareler ortalaması ile çarpılarak ($1.72 \times 9232.4 = 15879.7$) elde edilen değerden hesaplanan P katsayısı büyük olan genotipin kararsız olduğuna küçük olan ise kararlı olduğuna karar verilir. P değerine göre bütün genotiplerin kararlı olduğu belirlendi.

Regresyon analiz yöntemlerinde Finlay ve Wilkinson regresyon yönteminde FWb0 değerleri yani regresyon doğrusunun Y eksenini kestiği nokta her bir genotipin verim ortalaması ve Perkins ve Jinks yönteminde ise PJb0 değerleri her bir genotipin etki payı olmaktadır. Finlay ve Wilkinson regresyon yönteminde her bir genotip için tahmin edilen regresyon doğrularının eğimi olan FWbi değerlerinin toplamı genotip sayısına eşit olurken Perkins ve Jinks yönteminde PJbi değerlerinin toplamı sıfır olmaktadır.

Çizelge 4.2. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK YÖNTEMLER												
	CV	FWbi	FWb0	VK	EV	%	SSV	%	PJbi	PJb0	ER	P	
G1	1478,2	1,0	2004,3	1,92	20361	4,96	7079	4,8	0,04	7,92	1454,2	3256,6	
G2	1952,3	2,1	2003,7	2,21	23980	5,84	8471	5,8	1,07	7,34	1574,9	3814,4	
G3	2585,7	0,6	2006,8	2,53	38466	9,37	14043	9,6	-0,41	10,46	2727,7	3046,1	
G4	1789,9	-0,3	2002,5	2,11	29668	7,23	10659	7,3	-1,33	6,09	1904,3	3745,8	
G5	1850,9	-0,4	2007,1	2,14	30822	7,51	11103	7,8	-1,40	10,76	1963,4	3400,3	
G6	1071,7	-0,7	2002,3	1,64	20292	4,94	7053	4,8	-1,75	5,97	1080,9	3368,2	
G7	1604,4	1,6	1999,7	2,00	20209	4,92	7021	4,8	0,64	3,35	1393,9	3655,0	
G8	2844,5	-0,4	1997,7	2,67	45864	11,2	16888*	11,5	-1,45	1,37	3023,8	3875,8	
G9	3113,7	2,3	1998,8	2,80	40452	9,85	14806	10,1	1,35	2,44	2669,5	3809,4	
G10	1577,3	0,6	1990,1	2,00	23266	5,97	8197	5,6	-0,38	-6,30	1644,1	4332,0	
G11	1691,4	1,8	1976,1	2,08	20909	5,09	7290	5,0	0,82	-20,31	1412,4	6088,9	
G12	1425,4	0,9	2000,4	1,89	20194	4,92	7015	4,8	-0,15	4,03	1439,7	3467,0	
G13	1963,6	1,5	1994,9	2,22	26141	6,37	9302	6,3	0,48	-1,50	1839,5	4047,5	
G14	1733,7	1,9	1984,8	2,10	21147	5,15	7381	5,0	0,94	-11,53	1404,5	4939,9	
G15	2381,6	2,5	1976,3	2,47	28835	7,02	10338	7,0	1,54	-20,09	1774,3	6139,7	
Toplam	29064,3	15			410606	100	146646	100	0	0	27307,1	60986,6	

*P<0,05

Çizelge 4.3. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK OLMAYAN YÖNTEMLER								
	S1	S2	Z1	Z2	S3	S6	L	R	KSM
G1	5.28	20.20	0.23	0.12	32.96	6.28	29.50	120	7
G2	5.41	21.93	0.48	0.53	34.29	7.13	33.85	143	12
G3	5.90	25.80	2.18	2.53	44.89	8.22	42.96	151	15
G4	5.49	21.50	0.68	0.40	36.45	7.21	33.49	127	16
G5	5.53	22.20	0.77	0.62	36.58	6.82	37.27	140	13
G6	4.82	16.73	0.07	0.19	26.40	5.71	28.56	113	9
G7	4.67	17.93	0.25	0.03	26.60	5.91	29.59	121	10
G8	5.38	20.78	0.42	0.22	39.05	7.71	38.40	132	25
G9	5.59	23.20	0.97	1.02	43.32	7.97	40.86	146	23
G10	5.18	19.60	0.11	0.04	34.12	7.81	33.01	131	19
G11	4.58	15.45	0.40	0.52	38.55	7.77	28.20	106	20
G12	4.89	18.13	0.02	0.01	33.63	7.18	29.03	119	8
G13	5.05	18.40	0.01	0.01	34.43	6.89	32.02	126	20
G14	4.18	13.06	1.65	1.56	32.26	6.71	27.41	105	19
G15	5.56	22.56	0.86	0.76	47.44	9.45	36.30	140	24
Toplam	77.5	297.5	9.09	8.56	540.9	108.8	500.5	1920	240

Her bir genotip için parametrik olmayan yöntemlere göre elde edilen katsayı değerleri çizelge 4.3’de verilmiştir. S1 ve S2 ölçütlerinin önemlilik testinde Z_i değerlerinin

hesaplanmasında $Z_i^{(m)} = [S_i^{(m)} - E(S_i^{(m)})]^2 / Var(S_i^{(m)})$ $m=1,2$. eşitliği kullanıldı. Eşitlikte;

$$E[S_i^{(1)}] = (15^2 - 1) / (3 * 15) = 4.98;$$

$$Var(S_i^{(1)}) = ((15^2 - 1) * [(15^2 - 4) * (16 + 3) + 30]) / (45 * 15^2 * 16 * (16 - 1)) = 0.3898$$

$$E[S_i^{(2)}] = (15^2 - 1) / 12 = 18.67$$

$$Var(S_i^{(2)}) = (15^2 - 1) * [2 * (15^2 - 4) * (16 - 1) + 5 * (15^2 - 1)] / (360 * 16 * (16 - 1)) = 20.09$$

olarak hesaplandı ve bu değerlere göre

$$Z_1^{(1)} = (5.28 - 4.98)^2 / 0.3898 = 0.23$$

$$Z_1^{(2)} = (20.20 - 18.67)^2 / 20.09 = 0.12$$

olarak bulundu ve diğer $Z_i^{(1)}$ ve $Z_i^{(2)}$ değerleride benzer şekilde hesaplandı.

Çizelge 4.3 incelendiğinde $\sum Z_i^{(1)} = 9.09$ kritik $X^2_{0.05,15} = 25.00$ değerinden küçük olduğu için genotiplerin S1 kararlılık değerleri arasında ve $\sum Z_i^{(2)} = 8.56$ değeri kritik $X^2_{0.05,15} = 25.00$ değerinden küçük olduğu için genotiplerin S2 kararlılık değerleri arasında fark bulunamadı. Genotipler bireysel Z_i değerlerine göre değerlendirildiğinde de bütün genotiplerin Z_i değerlerinin kritik $X^2_{0.05,1} = 3.84$ değerinden küçük olduğundan genotiplerin bireysel olarak kararlı olduğu tespit edildi. S1, S2, L ve R yöntemlerine göre G14 ve G11'in en kararlı G3 ise en az kararlı genotip olduğu görülmektedir. S3 ve S6 yöntemlerine göre ise en kararlı genotiplerin G6 ve G7 en az kararlı genotipinse G15 olduğu tespit edildi. KSM yönteminde ise en kararlı genotip G1, G12 ve G6 en kararsız genotip ise G8 dir. Dikkat edilirse parametrik olmayan yöntemler kendi aralarında gruplanırken bu yöntemlerden KSM yöntemi daha çok parametrik yöntemlerle benzer sonuç vermiştir. L_i kararlılık değerlerinin önemlilik testi tek yönlü varyans analizine göre yapılır. Varyans analizinde L_i değerlerinin hesaplanmasında kullanılan $|V_{ij}|$ ($V_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..}$) değerleri tekerrür (L_i 'lerin tekrarlanma) sayısı olarak alınır (Piepho ve Lotito 1992). Buna göre L_i değerlerine varyans analizi uyguladığında L_i değerlerinin biri birinden farksız olduğu ve varyanslarının homojen olduğu tespit edildi. Dolayısıyla normal dağılışa göre türetilen ve etkileşimin önemsiz çıktığı verilerde L kararlılık katsayı değerleri arasında da bir fark olmadığı ve etkileşim değerlerinin farksız olduğu gözlemlendi. L_i değerlerinin hesaplanmasında kullanılan $|V_{ij}|$ değerleri her bir genotipin çevreler ile olan etkileşim değerleridir. Bu nedenle L değerlerinin önemlilik testiyle genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerinin önemlilik testi yapılabilmektedir.

Her bir kararlılık yöntemine göre elde edilen en kararlı ve en kararsız genotipe göre etkileşimin tespitinde kullanılan parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerinin kendi aralarında ve birbirleriyle ilişkili olduğu ifade edilebilir. Ancak bu ilişkinin nasıl ve ne yönde olduğunu tespit etmek amacıyla 16 çevredeki 15 genotip için elde edilen kararlılık katsayı değerleri arasındaki sıra korelasyonuna bakıldı. Korelasyon katsayısı değerleri çizelge 4. 4'de verildi.

Çizelge 4.4. Normal Dağılıшта Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduđu Verilerde Parametrik ve Parametrik Olmayan Kararlılık Değerleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları

	Parametrik Yöntemler							Parametrik Olmayan Yöntemler							
Metotlar	CV	FWBI	VK	EV	SSV	PJBI	ER	P	S1	S2	S3	S6	L	R	KSM
FWBI	0.290														
VK	1.000***	0.290													
EV	0.896***	-0.066	0.896***												
SSV	0.896***	-0.066	0.896***	1.000***											
PJBI	0.264	0.998***	0.264	-0.082	-0.082										
ER	0.811***	-0.163	0.811***	0.929***	0.929***	-0.179									
P	0.243	0.542*	0.243	0.096	0.096	0.550*	-0.057								
S1	0.675**	-0.002	0.675**	0.768***	0.768***	-0.011	0.818***	-0.254							
S2	0.696**	0.063	0.696**	0.754***	0.754***	0.054	0.807***	-0.236	0.993***						
S3	0.818***	0.200	0.818***	0.800***	0.800***	0.182	0.796***	0.250	0.736**	0.732**					
S6	0.600*	0.281	0.600*	0.582*	0.582*	0.268	0.618*	0.379	0.593*	0.589*	0.857***				
L	0.796***	-0.057	0.796***	0.854***	0.854***	-0.071	0.889***	-0.171	0.918***	0.932***	0.743**	0.586*			
R	0.745***	0.083	0.745***	0.761***	0.761***	0.075	0.788***	-0.145	0.917***	0.945***	0.688**	0.583*	0.963***		
KSM	0.723**	0.291	0.723**	0.664**	0.664**	0.279	0.521*	0.737**	0.229	0.222	0.691**	0.649**	0.376	0.288	
GORT	-0.061	-0.470	-0.061	0.107	0.107	-0.471	0.229	-0.893***	0.446	0.443	-0.111	-0.311	0.350	0.366	-0.667**

***. P<0.001 **. P<0.01 *. P<0.05

*** : P<0.001. ** : P<0.01. * : P<0.05.

Çizelge 4. 4 incelendiğinde, CV ölçütleri ile VK (1.00), EV (0.896), SSV (0.896) ve ER (0.811) katsayı değerleri arasında pozitif ve çok önemli ayrıca bu katsayı değerlerinin kendi aralarında en yüksek korelasyona sahip oldukları FWbi, PJbi ve P değerleriyle de önemsiz bir ilişki gösterdikleri bulundu. FWbi ve PJbi katsayı değerleri arasında pozitif ve çok önemli ayrıca bu katsayıların P kararlılık değerleriyle olumlu ve önemli (0.542 ve 0.550) ve diğer ölçütlerle önemsiz bir ilişki gösterdikleri tespit edildi. S1, S2, L ve R katsayı değerleri arasında yüksek ve çok önemli bir ilişki bulunurken bu katsayılar S3 ve S6 katsayılarıyla önemli ve KSM katsayı değerleriyle de önemsiz ilişki göstermişlerdir. S3 ve S6 kararlılık değerleri arasında (0.857) çok önemli bir ilişki bulunmuştur. Diğer bir parametrik olmayan ölçüt olan KSM değeri parametrik olmayan ölçütlerden S3 ve S6 ile (0.691 ve 0.649) çok önemli bir ilişki gösterirken diğer parametrik olmayan yöntemlerle önemsiz ve düşük bir ilişkiye sahip olduğu tespit edildi. Parametrik ve parametrik olmayan ölçütler arasındaki ilişkiler incelendiğinde en yüksek korelasyona ER ile S1, S2 ve R arasında ayrıca S3'ün CV, VK, EV, SSV ve ER ile önemli ilişkiye sahip olduğu gözlemlendi. Regresyon yöntemleri olan FWbi ve PJbi katsayıları hiçbir parametrik olmayan kararlılık katsayı değeriyle önemli bir ilişki göstermemiştir. KSM yöntemi parametrik yöntemlerden CV, VK, EV ve SSV yöntemleriyle pozitif yönde çok önemli ayrıca genotip ortalama değerleriyle negatif yönde çok önemli bir ilişki göstermektedir. KSM yönteminin parametrik yöntemlerle benzerlik göstermesinin sebebi KSM yöntemine göre katsayı değerlerinin hesaplanmasında SSV ve genotip ortalama değerlerinin sıra puanlarının kullanılmasından kaynaklanmaktadır. KSM yönteminin hesaplanmasında en yüksek verimli genotipin sıra puanı 1 ve en düşük SSV değerinin sıra puanı 1 olarak alındığı için KSM yöntemi genotip ortalama değerleriyle negatif yönde, SSV değerleriyle pozitif yönde korelasyona sahip olacaktır. Çünkü elde edilen KSM katsayılarının en küçüğüne 1 verilerek sıra korelasyonu hesaplanmaktadır. Dolayısıyla Genotip $\times$ Çevre etkileşim değerlerinin tahmininde KSM yönteminin kullanılmasıyla yüksek verimli düşük varyanslı genotipler seçilebilir.

Simülasyon çalışmasında normal dağılışa göre türetilen ve Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin önemli olduğu verilerden elde edilen varyans analiz sonuçları çizelge 4.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.5. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşimin Önemli Olduğu Verilerden Elde Edilen Varyan Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO	F	P
Çevre	15	2175550	145036.7	1.89	0.021
Genotip	14	1973310	140950.9	1.83	0.030
GxÇ Etkileşimi	210	19310800	91956.0	1.20	0.043
Eğrilerin Heterojenliği	15	2589800	172653.3	2.25	0.010
Birleştirilmiş Hata	195	16721000	85748.7	1.12	0.100
Hata	960	73768300	76842.0		
Toplam	1199	97227900			

Çizelge 4.5’de, simülasyonla türetilen verilere uygulanan varyans analizi sonucunda çevre, genotip ve Genotip $\times$ Çevre etkileşim kaynaklarının %5’de önemli olduğu görülmektedir. Varyans analiz çizelgesinde eğrilerin heterojenliğinin (Heterogeneity of slopes) önemli, birleştirilmiş hatanın önemsiz olduğu görülmektedir. Bu durum genotiplerle çevreler arasında bir etkileşimin olduğunu belirtmektedir. Perkins ve Jinks (1968)’e göre, eğer eğrilerin heterojenliği ve birleştirilmiş hata kaynaklarının ikisi de önemli ise Genotip $\times$ Çevre etkileşimi vardır. Eğriler homojen birleştirilmiş hata önemli ise Genotip $\times$ Çevre etkileşimi yoktur. Birleştirilmiş hata önemsizse doğrusal regresyon modelin iyi uyum gösterdiğini ve Genotip $\times$ Çevre etkileşimini açıkladığını belirtmişlerdir.

Genotip $\times$ Çevre etkileşimi önemli olduğunda hangi genotiplerin çevrelerle daha az etkileşim gösterdiğini tespit etmek için geliştirilmiş olan parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemleri uygulanabilir. Normal dağılışa göre elde edilen verilerde her bir genotipin bireysel kararlılık değerlerinin tespitinde uygulanan parametrik kararlılık değerleri çizelge 4.6’da parametrik olmayan yöntemlere göre elde edilen sonuçlar çizelge 4.7’de verildi.

Çizelge 4.6. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşimin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK YÖNTEMLER											
	CV	FWbi	FWb0	VK	EV	SSV	PJbi	PJb0	ER	P		
G1	31845	0.78	1973.2	9.04	461360	170370*	-0.22	-34.67	32855	56957		
G2	25058	1.97*	2030.1	7.80	290650	104710	0.97	22.19	18814	29227		
G3	14327	-0.16	1953.4	6.13	253280	90340	-1.16	-54.46	15296	57033		
G4	19352	0.48	2030.1	6.85	291350	104990	-0.52	22.21	20254	36351		
G5	13896	1.13	1918.7	6.14	172070	59110	0.13	-89.16	12257	62941		
G6	13013	0.42	2030.9	5.62	199920	69820	-0.58	22.99	13579	32147		
G7	15333	0.62	1933.2	6.41	222900	78660	-0.38	-74.69	15626	60313		
G8	10705	0.67	2050.7	5.05	150620	50860	-0.33	42.84	10535	29212		
G9	17383	1.54*	2041.7	6.46	200210	69930	0.54	33.85	13688	29895		
G10	26596	1.90*	2020.3	8.07	317770	115150	0.90	12.44	21023	38382		
G11	23588	1.33	2013.5	7.63	305900	110580	0.33	5.60	21630	37417		
G12	15171	0.99	2037.3	6.05	199210	69540	-0.01	29.42	14229	34050		
G13	15844	0.63	2024.3	6.22	230220	81470	-0.37	16.47	16158	37460		
G14	21671	1.53	2038.7	7.22	265430	95020	0.53	30.85	18382	30798		
G15	22702	1.18	2022.0	7.45	301260	108800	0.18	14.13	21454	37110		
Toplam		15			3862150	1379350	0	0				

Çizelge 4.6 incelendiğinde, parametrik yöntemlerden CV, VK, EV, SSV, ER ve P yöntemlerine göre en kararlı genotip G8 ve en kararsız genotipin ise G1 olduğu görülmektedir. FWbi ve PJbi katsayılarına göre ise en kararlı genotip G12 ve en kararsız genotip ise G2 bulundu. G2, G9 ve G10 genotiplerinin FWbi katsayı değerleri de önemli bulunmuştur. SSV yönteminde katsayı değerlerinin önemlilik testi yapıldığında G1 genotipine ait katsayı değerinin önemli diğer genotiplere ait katsayı değerlerinin önemsiz olduğu dolayısıyla SSV yöntemine göre G1 genotipinin kararsız diğer genotiplerin kararlı olduğu belirlendi. P yöntemine göre genotipler için elde edilen katsayı değerleri önemsiz bulundu.

Çizelge 4.7. Normal Dağılışa Göre Türetilen Ve Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK OLMAYAN YÖNTEMLER								
	S1	S2	Z1	Z2	S3	S6	L	R	KSM
G1	6.43*	32.53*	5.43	9.57	71.53	12.15	152.74 ^b	180	27
G2	5.07	19.18	0.02	0.01	35.14	7.42	116.58 ^{ab}	140	17
G3	4.83	17.00	0.05	0.14	46.46	9.69	102.48 ^{ab}	122	21
G4	5.69	24.46	1.30	1.67	35.39	6.78	106.17 ^{ab}	132	17
G5	4.93	17.80	0.01	0.04	35.66	9.34	88.68 ^a	118	17
G6	4.88	17.13	0.03	0.12	28.65	5.83	89.89 ^a	114	9
G7	5.07	19.40	0.02	0.03	37.00	8.33	95.04 ^{ab}	125	20
G8	4.36	13.76	0.98	1.20	19.48	4.98	84.36 ^a	111	2
G9	4.14	12.70	1.79	1.77	19.81	4.75	83.76 ^a	104	7
G10	5.79	24.50	1.70	1.69	35.86	6.95	109.65 ^{ab}	140	24
G11	4.68	16.03	0.24	0.35	32.39	6.77	98.25 ^{ab}	114	24
G12	4.88	17.03	0.03	0.13	26.11	5.89	97.03 ^{ab}	123	7
G13	5.08	19.10	0.02	0.01	29.58	6.15	93.03 ^{ab}	116	15
G14	5.35	22.00	0.36	0.55	36.65	7.42	107.63 ^{ab}	136	12
G15	5.69	23.63	1.31	1.23	39.13	7.64	112.85 ^{ab}	145	21
Toplam			12.12	18.51					240

Çizelge 4.7 incelendiğinde, parametrik olmayan yöntemlerde S1, S2, S3, S6, L, R ve KSM kararlılık yöntemlerine göre en kararlı genotipler sırasıyla G9 ve G8 bulunurken en kararsız genotip G1 bulundu. S1 ve S2 kararlılık katsayılarının önemlilik testi

yapıldığında $\sum Z_i^{(1)} = 12.12$ değeri kritik $X^2_{0.05,15} = 25.00$ değerinden küçük olduğu için genotiplerin S1 kararlılık değerleri arasında fark bulunamadı. Ayrıca $\sum Z_i^{(2)} = 18.51$ değeri kritik $X^2_{0.05,15} = 25.00$ değerinden küçük olduğu için genotiplerin S2 kararlılık değerleri arasında da fark bulunamadı. Genotipler bireysel Z_i değerlerine göre değerlendirildiğinde $Z_1^{(1)} = 5.43 > X^2_{0.05,1} = 3.84$ ve $Z_1^{(2)} = 9.57 > X^2_{0.05,1} = 3.84$ olduğundan G1 genotipinin kararsız ve diğer genotiplerin kararlı olduğuna karar verilir. Dolayısıyla parametrik olmayan kararlılık yöntemlerine göre kararlı genotipin seçiminde S1 ve S2 yöntemleri önemlilik testlerinin yapılabilmesinden dolayı tercih edilebilirler.

Parametrik olmayan kararlılık ölçütü olan L değerlerinin önemlilik testine göre G1 genotipinin L kararlılık ölçüt değeri G5, G6, G8 ve G9 genotiplerinin kararlılık ölçüt değerlerinden farklı bulundu. Buna göre L değerlerine göre kararlı genotipler seçildiğinde sırasıyla en kararlı G9, G8, G5 ve G6 genotiplerinin L değerleri en kararsız genotip olan G1 genotipinin L değerinden farklı olması bu genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerinin farklı olduğunu göstermektedir. Varyans analizine göre etkileşimin önemsiz olduğu verilerde L kararlılık değerlerinin önemsiz çıkması (Çizelge 4.3) ve etkileşimin önemli olduğu durumda önemli çıkması (Çizelge 4.7) L_i değerlerinin varyans analizine benzerlik gösterdiği ifade edilebilir.

Normal dağılıшта etkileşimin önemli olduğu verilerde parametrik ve parametrik olmayan kararlılık değerleri arasındaki sıra korelasyon katsayıları Çizelge 4.8' de verildi.

Çizelge 4.8. Normal Dağılıшта Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduđu Verilerde Parametrik Ve Parametrik Olmayan Kararlılık Değerleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları

Parametrik Yöntemler															Parametrik Olmayan Yöntemler									
	CV	FWBI	VK	EV	SSV	PJBI	ER	P	S1	S2	S3	S6	L	R	KSM									
FWBI	0.604 [*]																							
VK	0.982 ^{**}	0.607 [*]																						
EV	0.911 ^{***}	0.296	0.900 ^{***}																					
SSV	0.911 ^{***}	0.296	0.900 ^{***}	1.000 ^{***}																				
PJBI	0.604 [*]	1.000	0.607 [*]	0.296	0.296																			
ER	0.911 ^{***}	0.300	0.886 ^{***}	0.968 ^{***}	0.968 ^{***}	0.300																		
P	0.054	-0.311	0.132	0.221	0.221	-0.311	0.211																	
S1	0.623 [*]	0.097	0.628 [*]	0.659 ^{**}	0.659 ^{**}	0.097	0.668 ^{**}	0.326																
S2	0.618 [*]	0.086	0.639 ^{**}	0.657 ^{**}	0.657 ^{**}	0.086	0.657 ^{**}	0.329	0.987 ^{***}															
S3	0.439	-0.093	0.507	0.604 [*]	0.604 [*]	-0.093	0.561 [*]	0.650 ^{**}	0.643 ^{**}	0.675 ^{**}														
S6	0.320	-0.080	0.409	0.431	0.431	-0.080	0.409	0.697 ^{**}	0.530 [*]	0.565 [*]	0.933 ^{***}													
L	0.796 ^{***}	0.275	0.771 ^{***}	0.839 ^{***}	0.839 ^{***}	0.275	0.836 ^{***}	0.118	0.745 ^{***}	0.754 ^{***}	0.686 ^{**}	0.595 [*]												
R	0.682 ^{**}	0.236	0.682 ^{**}	0.678 ^{**}	0.678 ^{**}	0.236	0.692 ^{**}	0.242	0.870 ^{***}	0.887 ^{***}	0.746 ^{***}	0.679 ^{**}	0.916 ^{***}											
KSM	0.654 ^{**}	0.077	0.708 ^{**}	0.818 ^{***}	0.818 ^{***}	0.077	0.780 ^{***}	0.672 ^{**}	0.535	0.555	0.783 ^{***}	0.725 ^{**}	0.672 ^{**}	0.590 [*]										
GOOT	-0.172	0.193	-0.272	-0.327	-0.327	0.193	-0.316	-0.935 ^{***}	-0.303	-0.329	-0.699 ^{**}	-0.790 ^{***}	-0.257	-0.320	-0.790 ^{***}									

Varyans analizine göre etkileşim önemli olduğunda yöntemler arasında yapılan sıra korelasyon analizinde parametrik kararlılık yöntemlerinden CV ile VK yöntemleri arasında yüksek ve önemli ilişki ayrıca bu yöntemlerin regresyon yöntemleriyle ilişkisi de önemli ve yüksek bulundu. SSV ile EV yöntemleri arasında önemli ilişki bulunurken bu yöntemlerin regresyon yöntemleriyle olan ilişkisi önemsiz bulundu. ER yöntemi CV, VK, EV ve SSV yöntemleriyle çok önemli ilişki göstermiştir. FWbi ile PJbi yöntemleri arasında da çok önemli ilişki bulundu. P yöntemi parametrik yöntemlerin tümüyle önemsiz ilişki gösterirken genotip ortalama değerleriyle çok önemli fakat negatif yönde bir ilişki göstermiştir. P yönteminde elde edilen katsayı değerleri küçüldükçe genotip ortalama değerleri büyümektedir. Dolayısıyla kararlı genotiplerin seçiminde yüksek verimli genotipler seçilmek istendiğinde P yöntemi tercih edilebilir. EV, SSV ve ER yöntemleride genotip ortalama değerleriyle negatif yönde ilişki göstermektedir. Yani genotip ortalama değerleri büyüdükçe EV, SSV ve ER katsayı değerleri küçülmektedir. EV ve SSV yöntemlerinin genotip ortalama değerlerle negatif yönde ilişki göstermeleri ve genotip etkileşim değerini genotiplere parçalamalarından dolayı kararlı genotiplerin seçiminde en çok tercih edilen yöntemlerdir.

Parametrik olmayan yöntemlerde bütün yöntemler arasında önemli korelasyonlar bulundu. Yöntemler arasında en büyük ilişkiler S1 ile S2 (0.987), S3 ile S6 (0.933) ve L ile R (0.916) arasında bulundu. Parametrik yöntemlerle parametrik olmayan yöntemler arasındaki ilişki incelendiğinde parametrik yöntemlerden SSV, EV ve ER yöntemleri parametrik olmayan yöntemlerden L ve KSM yöntemleriyle yüksek ve çok önemli ilişki gösterirken CV, VK ve P yöntemleri parametrik olmayan yöntemlerle önemli ilişki gösterdikleri tespit edildi. FWbi ve PJbi yöntemleri bütün parametrik olmayan yöntemlerle önemsiz ve küçük ilişki gösterdikleri tespit edildi.

Normal dağılışa göre türetilen verilere uygulanan kararlılık yöntemleri arasındaki sıra korelasyon analizlerine göre etkileşimin önemli olduğu durumda yöntemler arasındaki benzerlik daha açık bir şekilde görülmektedir.

4.2. Kesikli Üniform Dağılıştan Simülasyonla Elde Edilen Verilere Ait Sonuçlar

Kesikli üniform dağılışa göre simülasyonla elde edilen verilere Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tespit için kullanılan kararlılık yöntemleri uygulandı ve elde edilen sonuçlar aşağıda verildi. Varyans analiz sonuçları çizelge 4.9’da parametrik yöntemlere göre elde edilen kararlılık değerleri çizelge 4.10’da parametrik olmayan yöntemlere göre her bir genotip için elde edilen kararlılık değerleri çizelge 4.11’de parametrik ve parametrik olmayan yöntemlere göre elde edilen kararlılık katsayıları arasındaki sıra korelasyon değerleri çizelge 4.12’de verildi.

Çizelge 4.9. Kesikli Üniform Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olmadığı Verilerin Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO	F	P
Çevre	15	50850.2	3390.0	1.01	0.445
Genotip	14	64396.7	4599.8	1.37	0.163
G $\times$ Ç Etkileşimi	210	774261.3	3686.9	1.10	0.191
Eğrilerin Heterojenliği	15	100678.8	6711.9	1.99	0.050
Birleştirilmiş Hata	195	673582.5	3454.3	1.03	
Hata	960	3231556.0	3366.2		
Toplam	1199	4121064.2			

Çizelge 4.9 incelendiğinde çevre, genotip ve Genotip $\times$ Çevre etkileşim kaynaklarının önemsiz olduğu görülmektedir. Etkileşim değerinin önemsiz olmasına rağmen parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerinden bazıları elde edilen verilere uygulanarak her bir genotipin kararlılık durumu belirlendi.

Çizelge 4.10 incelendiğinde CV, VK, EV, SSV ve ER parametrik yöntemlerinde en kararlı genotipin G9 ve en kararsız genotipin G8 ve FWbi ve PJbi yöntemlerinde ise en kararlı genotipin G2 ve en kararsız genotipin ise G6 olduğu görülmektedir. P yönteminde ise en kararlı G1 ve en kararsız genotip ise G5 dir. SSV katsayı değerlerinin önemlilik testi yapıldığında da G8 genotipinin önemli olduğu yani kararsız genotip olduğu belirlendi. Aynı şekilde regresyon katsayılarının önemlilik testinde de en kararsız genotip olan G6 genotipinin regresyon katsayısı önemli bulundu.

Çizelge 4.10. Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK YÖNTEMLER										
	CV	FWbi	FWb0	VK	EV	SSV	Ptbi	Ptbo	ER	P	
G1	648.7	-1.23	2216.8	1.15	12070	4358.6	-2.23*	10.33	622.3	894.8	
G2	761.9	0.75	2214.0	1.25	11089	3981.4	-0.25	7.51	789.1	1130.0	
G3	784.6	0.74	2210.0	1.27	11442	4117.1	-0.26	3.58	814.0	1318.0	
G4	623.4	1.59	2215.5	1.13	7864	2741.0	0.59	9.03	544.5	1081.7	
G5	948.1	1.66	2195.5	1.40	12646	4580.3	0.66	-10.97	882.1	2168.0	
G6	1137.2	3.28**	2201.8	1.53	13286	4826.5	2.28*	-4.62	696.8	1921.9	
G7	667.7	1.53	2203.3	1.17	8617	3030.5	0.53	-3.16	601.8	1764.1	
G8	1209.4	1.36	2200.6	1.58	16974	6244.9*	0.36	-5.82	1206.1	1937.8	
G9	263.9	-0.13	2201.6	0.74	4811	1566.9	-1.13	-4.87	281.9	1602.0	
G10	470.9	-0.19	2195.1	0.99	8012	2798.0	-1.19	-11.39	502.6	2085.2	
G11	710.8	2.03*	2206.4	1.21	8592	3021.1	1.03	-0.02	562.7	1498.8	
G12	579.5	0.60	2200.1	1.09	8554	3006.5	-0.39	-6.35	603.4	1813.2	
G13	636.8	0.64	2219.0	1.14	9366	3318.6	-0.36	12.58	662.6	916.3	
G14	722.7	1.89	2207.9	1.22	8943	3155.8	0.89	1.43	599.6	1478.2	
G15	835.8	0.46	2209.2	1.31	12586	4557.0	-0.54	2.78	885.1	1473.3	
Toplam		15			154852	55304.2	0	0			

Çizelge 4.11. Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK OLMAYAN YÖNTEMLER								
	S1	S2	Z1	Z2	S3	S6	L	R	KSM
G1	5.05	18.73	0.01	0.01	29.63	6.63	22.28	134	13
G2	4.88	17.33	0.03	0.09	30.87	6.20	20.26	117	13
G3	5.75	24.00	1.53	1.42	39.87	7.82	22.18	141	15
G4	5.23	19.79	0.16	0.06	28.65	5.89	18.15	119	5
G5	6.03	26.92	2.86	3.39	52.89	10.07	24.81	157	27
G6	5.80	24.33	1.73	1.59	46.01	8.59	24.61	142	24
G7	5.28	20.67	0.24	0.20	40.87	8.17	19.38	129	15
G8	5.73	23.67	1.46	1.24	41.94	8.35	26.52	145	27
G9	4.07	12.12	2.13	2.14	26.00	6.29	13.99	96	12
G10	4.52	15.18	0.55	0.60	31.02	7.02	18.00	115	18
G11	4.96	17.69	0.01	0.05	30.00	6.18	18.38	121	13
G12	4.93	17.72	0.01	0.04	34.34	7.72	18.95	128	17
G13	4.85	17.40	0.04	0.08	29.88	5.74	19.68	125	9
G14	5.13	19.40	0.06	0.03	33.69	6.68	19.02	122	14
G15	5.49	22.19	0.68	0.62	40.83	7.74	21.96	129	18
Toplam			11.50	11.56					240

Çizelge 4.11’de genotiplerin kararlılık durumları parametrik olmayan yöntemlere göre incelendiğinde en kararlı genotipin S1, S2, S3, L ve R yöntemlerinde G9, S6 yönteminde G12 ve KSM yönteminde ise G4 genotipidir. En kararsız genotip L yönteminde G8 ve diğer parametrik olmayan yöntemlerde G5 genotipidir. S1 ve S2 kararlılık ölçütlerinin önemlilik testi yapıldığında $\sum Z_i^{(1)} = 11.50$ değeri kritik cetvel ($X^2_{0.05,15} = 25.00$) değerinden küçük olduğu için genotiplerin S1 kararlılık değerleri arasında fark olmadığı ve $\sum Z_i^{(2)} = 11.56$ değeri kritik cetvel ($X^2_{0.05,15} = 25.00$) değerinden küçük olduğundan genotiplerin S2 kararlılık değerleri arasında da fark olmadığı tespit edildi. Genotipler bireysel Z_i değerlerine göre değerlendirildiğinde genotiplerin bireysel olarakta kararlı olduğu belirlendi. L kararlılık değerlerinin önemlilik testi yapıldığında da genotiplerin L_i kararlılıkları arasında bir fark olmadığı gözlemlendi. Kesikli üniform dağılış gösteren verilerde varyans analizine göre etkileşimin önemsiz olması durumunda L kararlılık yöntemine göre de genotiplerin çevrelerle etkileşim göstermediği tespit edildi. Aynı durum normal dağılışa göre türetilen ve etkileşimin önemsiz olduğu durumda da gözlemlendi.

Çizelge 4.12. Kesikli Üniorm Dağılıfta Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik ve Parametrik Olmayan Yöntemler Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları

PARAMETRİK YÖNTEMLER															PARAMETRİK OLMAYAN YÖNTEMLER							
	CV	FWbi	VK	EV	SSV	Pjbi	ER	P	S1	S2	S3	S6	L	R	KSM							
	0.525 [*]																					
FWbi																						
VK	1.000 ^{***}	0.525 [*]																				
EV	0.900 ^{***}	0.221	0.900 ^{***}																			
SSV	0.900 ^{***}	0.221	0.900 ^{***}	1.000 ^{***}																		
Pjbi	0.525 [*]	1.000 ^{***}	0.525 [*]	0.221	0.221																	
ER	0.836 ^{***}	0.096	0.836 ^{***}	0.904 ^{***}	0.904 ^{***}	0.096																
P	0.214	0.239	0.214	0.118	0.118	0.239	0.050															
S1	0.818 ^{***}	0.532 [*]	0.818 ^{***}	0.718 ^{**}	0.718 ^{**}	0.532 [*]	0.654 ^{**}	0.257														
S2	0.782 ^{***}	0.493	0.782 ^{***}	0.711 ^{**}	0.711 ^{**}	0.493	0.657 ^{**}	0.261	0.993 ^{***}													
S3	0.757 ^{***}	0.407	0.757 ^{***}	0.686 ^{**}	0.686 ^{**}	0.407	0.664 ^{**}	0.646 ^{**}	0.775 ^{***}	0.782 ^{***}												
S6	0.625 [*]	0.211	0.625 [*]	0.611 [*]	0.611 [*]	0.211	0.543 [*]	0.700 ^{**}	0.746 ^{***}	0.757 ^{***}	0.918 ^{***}											
L	0.854 ^{***}	0.200	0.854 ^{***}	0.975 ^{***}	0.975 ^{***}	0.200	0.904 ^{***}	0.089	0.743 ^{**}	0.743 ^{**}	0.668 ^{**}	0.621 [*]										
R	0.749 ^{***}	0.265	0.749 ^{***}	0.844 ^{***}	0.844 ^{***}	0.265	0.772 ^{***}	0.254	0.856 ^{***}	0.881 ^{***}	0.767 ^{***}	0.761 ^{***}	0.895 ^{***}									
KSM	0.618 [*]	0.147	0.618 [*]	0.616 [*]	0.616 [*]	0.147	0.564 [*]	0.782 ^{***}	0.602 [*]	0.609 [*]	0.902 ^{***}	0.911 ^{***}	0.573 ^{**}	0.656 ^{**}								
GORT	-0.029	-0.068	-0.029	0.046	0.046	-0.068	0.082	-0.968 ^{***}	-0.089	-0.096	-0.496	-0.604 [*]	0.068	-0.109	-0.699 ^{**}							

Kesikli üniform dağılışa göre türetilen ve etkileşimin önemsiz olduğu verilerde parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerine göre elde edilen kararlılık değerleri arasındaki sıra korelasyonlar incelendiğinde parametrik yöntemlerde CV, VK, EV, SSV ve ER yöntemleri arasında çok yüksek ve önemli ilişki bulunurken bu yöntemlerin FWbi ve PJbi yöntemleriyle olan ilişkisi düşük bulundu. FWbi ve PJbi yöntemleri arasında da çok yüksek ve önemli bir ilişki tespit edildi. P yöntemi ise parametrik yöntemlerle düşük ve önemsiz bir ilişki göstermiştir. Parametrik olmayan yöntemlerde tüm kararlılık katsayılar arasında önemli ilişki bulunurken en yüksek korelasyonlar S1 ile S2, S3 ile S6 ve KSM, L ile R arasında bulundu. Parametrik ve parametrik olmayan yöntemler arasındaki ilişki incelendiğinde parametrik yöntemlerden regresyona dayalı yöntemlerin (FWbi ve PJbi) parametrik olmayan yöntemlerle önemsiz ve düşük korelasyona sahip oldukları ve diğer parametrik yöntemlerin parametrik olmayan yöntemlerle önemli ilişki gösterdikleri gözlemlendi.

Kesikli üniform dağılışa göre türetilen ve etkileşimin önemli olduğu verilerin varyans analiz sonuçları çizelge 4.13’de, genotiplere ait parametrik kararlılık değerleri çizelge 4.14’de ve parametrik olmayan kararlılık değerleri çizelge 4.15’de verildi. Çizelge 4.16’da parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemleri arasındaki sıra korelasyon değerleri verildi.

Çizelge 4.13. Kesikli Üniform Dağılıştaki Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerden Elde Edilen Varyans Analiz Sonuçları

Varyasyon Kaynakları	SD	KT	KO	F	P
Çevre	15	143422.8	9561.5	1.70	0.046
Genotip	14	130389.2	9313.5	1.65	0.059
G $\times$ Ç Etkileşimi	210	1410520.8	6716.8	1.19	0.046
Eğrilerin Heterojenliği	15	269260.1	17950.7	3.19	0.001
Birleştirilmiş Hata	195	1141260.7	5852.6	1.04	
Hata	960	5405180.4	5630.4		
Toplam	1199	7089513.2			

Tablo 4.13’de çevre, genotip ve Genotip $\times$ Çevre etkileşim kaynaklarının önemli olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.14’de, kesikli üniform dağılışa göre elde edilen verilerde Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tespit için kullanılan parametrik kararlılık yöntemlerine göre elde edilen sonuçlar incelendiğinde CV ve VK yöntemlerine göre G2, EV ve SSV yöntemlerine göre G5, FWB ve PJB yöntemlerine göre G3, ER yöntemine göre G1 ve P yöntemine göre G9 genotiplerin en kararlı olduğu görülmektedir. En kararsız genotip ise CV, VK, EV, SSV ve ER yöntemlerine göre G14, FWbi ve PJbi yöntemlerine göre G1 ve P yönteminde ise G12 genotiplerinin olduğu bulundu. Yapılan önemlilik testlerinde SSV yöntemine göre G7, G13 ve G14 genotiplerin ve regresyon yöntemlerinde ise G1, G5 ve G10 genotiplerin kararsız olduğu tespit edildi. Yapılan simülasyon çalışmasında etkileşimin önemli olduğu durumda genotiplerin kararlılıklarının hesaplanmasında kullanılan parametrik kararlılık yöntemlerinin belirgin olarak gruplandığı gözlemlendi.

Çizelge 4.14. Kesikli Üniform Dağılışı Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK YÖNTEMLER											
	CV	FWbi	FWb0	VK	EV	SSV	Pjbi	Pjb0	ER	P		
G1	1527.4	2.95**	2260.2	1.73	13529	4687	1.95**	-1.24	445.2	2612.1		
G2	662.7	0.37	2247.7	1.15	10438	3498	-0.63	-13.76	691.3	3847.5		
G3	689.9	0.01	2256.9	1.16	12245	4193	-0.99	-4.48	739.2	3134.4		
G4	2093.6	1.86	2261.6	2.02	26198	9559	0.86	0.15	1769.9	3323.6		
G5	818.1	1.58**	2262.2	1.26	8134	2612	0.58	0.84	534.8	2719.1		
G6	807.9	0.60	2254.2	1.26	11735	3997	-0.40	-7.18	816.4	3305.0		
G7	1992.0	0.79	2254.1	1.98	28764	10547*	-0.21	-7.29	2048.7	3668.8		
G8	1458.5	2.05*	2247.2	1.69	15938	5613	1.05	-14.21	986.9	3616.7		
G9	2038.3	1.72	2284.8	1.98	25920	9453	0.72	23.39	1781.3	1396.8		
G10	1104.0	1.61*	2264.6	1.47	12298	4213	0.61	3.17	826.8	2432.1		
G11	891.0	-0.83	2265.0	1.32	18443	6577	-1.83*	3.60	861.1	2912.5		
G12	1370.0	1.29	2247.3	1.65	17526	6224	0.29	-14.08	1240.3	4178.2		
G13	1743.4	-0.69	2275.2	1.84	30732	11303*	-1.69	13.74	1801.4	2825.4		
G14	2436.5	1.61	2268.7	2.18	32293	11904*	0.61	7.26	2255.4	2433.5		
G15	1086.0	0.08	2271.5	1.45	17911	6372	-0.92	10.10	1162.8	2095.5		
Toplam		15			282104	100752	0	0				

Çizelge 4.15. Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Olmayan Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

Genotip	PARAMETRİK OLMAYAN YÖNTEMLER								
	S1	S2	Z1	Z2	S3	S6	L	R	KSM
G1	5.20	19.67	0.13	0.05	43.63	8.45	23.59 ^{abc}	121	15
G2	4.33	13.79	1.09	1.18	24.75	6.71	20.25 ^{bc}	104	15
G3	4.82	16.78	0.07	0.18	32.71	7.24	23.70 ^{abc}	117	14
G4	5.69	23.26	1.31	1.05	47.00	8.81	33.96 ^{abc}	151	20
G5	4.18	12.92	1.62	1.65	18.79	4.91	17.97 ^c	100	8
G6	4.48	14.52	0.63	0.86	31.28	6.39	20.45 ^{bc}	101	14
G7	6.01	26.23	2.72	2.85	51.39	9.77	35.76 ^{ab}	157	25
G8	5.27	19.87	0.21	0.07	37.29	8.49	25.53 ^{abc}	119	22
G9	5.50	22.25	0.69	0.64	22.09	5.05	33.32 ^{abc}	137	12
G10	4.61	15.20	0.35	0.60	19.76	5.29	21.76 ^{abc}	109	11
G11	5.42	21.18	0.49	0.32	36.08	7.55	29.13 ^{abc}	134	15
G12	5.19	20.90	0.12	0.25	46.34	9.46	27.00 ^{abc}	132	22
G13	5.19	19.60	0.12	0.04	25.56	5.24	31.64 ^{abc}	136	16
G14	6.44*	30.56*	5.50	7.04	49.71	8.29	38.60 ^a	162	19
G15	5.29	20.86	0.25	0.24	34.12	6.85	28.45 ^{abc}	140	12
Toplam			15.30	17.02					240

Çizelge 4.15’de, kesikli üniform dağılışa göre yapılan simülasyon çalışmasında Genotip × Çevre etkileşimin tespitinde kullanılan parametrik olmayan yöntemlere göre elde edilen kararlılık katsayıları incelendiğinde S1, S2, S3, S6, L, R ve KSM yöntemlerinin tümünde en kararlı genotip G5 ve en kararsız genotip S1, S2, L ve R yöntemlerinde G14 ve S3, S6 ve KSM yöntemlerinde ise G7’nin olduğu tespit edildi. Çizelge 4. 15’de $\sum Z_i^{(1)} = 15.30$ ve $\sum Z_i^{(2)} = 17.02$ değerleri kritik $X^2_{0.05,15} = 25.00$ değerinden küçük oldukları için genotiplerin S1 ve S2 kararlılık değerleri arasında fark bulunamadı. Genotipler bireysel Z_i değerlerine göre değerlendirildiğinde de G14 genotipinin Z_1 değeri kritik $X^2_{0.05,1} = 3.84$ değerinden büyük olduğu için S1 ve S2 yöntemlerine göre G14 genotipinin kararsız diğer genotiplerin kararlı olduğu belirlendi. L_i katsayılarının önemlilik testine göre en kararlı genotip G5 ile en kararsız genotip G14 arasında önemli fark olduğu dolayısıyla bu genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerinin farklı olduğu tespit edildi.

Çizelge 4.16. Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip x Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik ve Parametrik Olmayan Kararlılık Yöntemleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları

	PARAMETRİK YÖNTEMLER										PARAMETRİK OLMAYAN YÖNTEMLER							
	CV	FWbi	VK	EV	SSV	Pjbi	ER	P	S1	S2	S3	S6	L	R	KSM			
FWbi	0.533*																	
VK	0.998***	0.519*																
EV	0.839***	0.014	0.848***															
SSV	0.839***	0.014	0.848***	1.000***														
Pjbi	0.533*	1.000***	0.519*	0.014	0.014													
ER	0.761***	-0.013	0.771***	0.911***	0.911***	-0.013												
P	-0.225	-0.130	-0.197	-0.154	-0.154	-0.130	-0.039											
S1	0.799***	0.231	0.808***	0.869***	0.869***	0.231	0.756***	-0.154										
S2	0.789***	0.209	0.798***	0.864***	0.864***	0.209	0.793***	-0.046	0.972***									
S3	0.532*	0.200	0.564*	0.582*	0.582*	0.200	0.479	0.379	0.724**	0.761***								
S6	0.346	0.236	0.377	0.357	0.357	0.236	0.286	0.571*	0.545*	0.607*	0.929***							
L	0.814***	0.038	0.823***	0.968***	0.968***	0.038	0.907***	-0.104	0.931***	0.936***	0.643**	0.436						
R	0.800***	0.070	0.809***	0.939***	0.939***	0.070	0.846***	-0.164	0.937***	0.929***	0.679**	0.471	0.964***					
KSM	0.476	0.133	0.506	0.539*	0.539*	0.133	0.521*	0.677**	0.515*	0.577*	0.823***	0.834***	0.544*	0.544*				
GORT	0.332	-0.168	0.306	0.446	0.446	-0.168	0.325	-0.850***	0.286	0.211	-0.307	-0.561*	0.375	0.389	-0.489			

Çizelge 4.16’da kesikli üniform dağılışa göre elde edilen verilere Genotip $\times$ Çevre etkileşimini tespit için kullanılan parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemleri arasındaki sıra korelasyon değerleri incelendiğinde en yüksek korelasyon FWbi ile PJbi (1.00) ve EV ile SSV (1.00) yöntemleri arasında bulundu. CV, VK, EV, SSV ve ER yöntemleri arasında çok önemli ve yüksek korelasyon bulunurken bu yöntemlerin FWbi ve PJbi yöntemleriyle olan ilişkisi çok düşük bulunmuştur. Parametrik olmayan yöntemlerde S1 ile S2 ve S3 ile S6 yöntemleri arasında çok yüksek ve önemli ilişki tespit edildi. L ve R yöntemleri arasında ve bu yöntemlerin S1 ve S2 yöntemleriyle de önemli ve yüksek korelasyona sahip olduğu gözlemlendi. KSM değerlerinin S3 ve S6 değerleriyle önemli ve yüksek ilişkiye sahip olduğu gözlemlendi. Parametrik yöntemlerden CV, VK, EV, SSV ve ER ile parametrik olmayan yöntemlerden S1, S2, L ve R yöntemleri arasında önemli ve yüksek ilişki tespit edilirken FWbi ve PJbi yöntemlerinin parametrik olmayan yöntemle ilişkisi önemli bulunamadı. Ayrıca P ve KSM yöntemleri arasında da önemli bir ilişki tespit edildi.

Normal ve kesikli üniform dağılıştaki parametrik ve parametrik olmayan yöntemlerde etkileşimin önemli ve önemsiz olduğu durumlarda en kararlı ve en kararsız genotipler aşağıda özet olarak verilmiştir. Çizelge 4. 17 incelendiğinde her iki dağılıştaki yöntemler arasında bir paralelliğin olduğu görülmektedir. Örneğin, normal dağılıştaki etkileşimin önemli ve önemsiz olduğu durumda EV ve SSV yöntemlerine göre kararlı ve kararsız genotipler aynı olurken kesikli üniform dağılıştaki da her iki yöntemde kararlı ve kararsız genotipler aynıdır. Regresyon yöntemleri olan FWbi ve PJbi değerlerine göre de etkileşimin önemli ve önemsiz olması durumunda kararlı ve kararsız genotipler değişmemektedir. CV ve VK yöntemleride benzer sonuçlar vermiştir. Genellikle ER yöntemi SSV, EV, CV ve VK yöntemleriyle benzer sonuçlar vermiştir. Genotiplerin kararlılık durumunu belirleyen parametrik olmayan S1 ile S2, L ile R ve S3 ile S6 kararlılık yöntemleri arasında bir benzerliğin olduğu görülmektedir. KSM yöntemi ise genelde S3 ve S6 yöntemleriyle benzer sonuç vermiştir. Dolayısıyla benzer sonuçlar veren kararlılık katsayı değerleri arasındaki sıra korelasyonunda yüksek çıkması beklenir.

Çizelge 4. 17. Normal Ve Kesikli Üniform Dağılıta Genotip $\times$ Çevre Etkileşiminin Önemli Ve Önemsiz Olduğu Durumlarda Kararlılık Yöntemlerine Göre En Kararlı ve En Kararsız Genotipler.

	Normal Dağılış				Kesikli Üniform Dağılış			
	Önemsiz		Önemli		Önemsiz		Önemli	
	Kararlı	Kararsız	Kararlı	Kararsız	Kararlı	Kararsız	Kararlı	Kararsız
SSV	G12	G8	G8	G1	G9	G8	G5	G14
EV	G12	G8	G8	G1	G9	G8	G5	G14
CV	G6	G9	G8	G1	G9	G8	G2	G14
VK	G6	G9	G8	G1	G9	G8	G2	G14
ER	G6	G8	G8	G1	G9	G8	G1	G14
P	G3	G15	G8	G1	G1	G5	G9	G12
FWbi	G1	G15	G12	G2	G2	G6	G3	G1
PJbi	G1	G15	G12	G2	G2	G6	G3	G1
S1	G14	G3	G9	G1	G9	G5	G5	G14
S2	G14	G3	G9	G1	G9	G5	G5	G14
S3	G6	G15	G9	G1	G9	G5	G5	G7
S6	G6	G15	G9	G1	G12	G5	G5	G7
L	G14	G3	G9	G1	G9	G8	G5	G14
R	G14	G3	G9	G1	G9	G5	G5	G14
KSM	G1	G8	G9	G1	G4	G5	G5	G7

Parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerinin elde edilmiş durumlarına ve aralarındaki ilişkiye göre gruplandırılması çizelge 4. 18'deki gibi yapılabilir. Aşağıdaki çizelgede parametrik kararlılık yöntemler A, B, C, D ve E olmak üzere 5 gruba parametrik olmayan yöntemler ise 4 gruba ayrılmıştır. Gruplar içindeki kararlılık ölçütleri arasındaki sıra korelasyonlar bire çok yakın değerler olarak tahmin edilmiştir.

Çizelge 4. 18. Parametrik ve Parametrik Olmayan Kararlılık Yöntemlerin Gruplandırılması

Yöntemler	Grup				
	A	B	C	D	E
Parametrik	EV SSV	ER	VK CV	P	FWbi PJbi
Parametrik Olmayan	L R	S1 S2	S3 S6	KSM	

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Normal ve kesikli üniform dağılışa göre elde edilen verilere Genotip $\times$ Çevre etkileşimin hesaplanmasında kullanılan kararlılık yöntemleri uygulandığında her iki dağılıшта da benzer sonuçlar tespit edildi. Normal dağılıшта aralarında yüksek korelasyon olan yöntemlerin kesikli üniform dağılıшта da yüksek korelasyona sahip oldukları gözlemlendi. Dolayısıyla bu yöntemlerin normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilere uygulanmasında yöntemler arasında ilişki yönünden bir fark bulunamamış ve dağılışlar arasında bir fark olmadığı gözlenmiştir.

Normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilerde varyans analizine göre etkileşimin önemli ve önemsiz olduğu durumlarda yöntemler arasındaki ilişki paralellik göstermiştir. Her iki dağılıшта varyans analizine göre etkileşimin önemsiz olduğu durumda parametrik ve parametrik olmayan yöntemlere göre elde edilen kararlılık katsayı değerleri önemsiz bulunurken (Çizelge 4.2. 4.3. 4.10 ve 4.11) etkileşimin önemli olduğu durumlarda kararlılık katsayı değerlerinde genotipler arasındaki fark önemli bulundu (Çizelge 4.5. 4.6. 4.14. ve 4.15). Yani en kararlı genotipin kararlılık katsayısı önemsiz bulunurken en kararsız genotipin kararlılık katsayısı önemli bulundu. Dolayısıyla varyans analizine göre etkileşimin önemli olduğunda kararlılık yöntemlerinde de katsayı değerleri arasındaki fark önemli bulunabilmektedir. Varyans analizine göre etkileşimin önemli ve önemsiz olması durumunda parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemlerinin Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin tespitinde varyans analizine benzer sonuçlar verdikleri gözlemlendi.

Normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilerde parametrik yöntemlerde en yüksek korelasyonlar CV, VK, EV, SSV ve ER yöntemleri arasında görülürken bu yöntemlerin FWbi ve PJbi yöntemleriyle olan ilişkisi düşük bulundu. Ayrıca en yüksek korelasyonlar SSV ile EV, CV ile VK ve FWbi ile PJbi yöntemleri arasında bulundu. Bu sonuçlar gerçek verilerle yapılan araştırmalardan elde edilen sonuçlarla benzerlik göstermektedir. Pham ve Kang (1988), mısır bitkisi denemelerinden elde ettikleri verilere CV, VK, SSV ve ER yöntemlerini uygulamışlar ve SSV ile ER ve CV ile VK

yöntemleri arasında yüksek ve önemli ilişki bulmuşlardır. Simülasyonla türetilen verilerde P yöntemi genotiplerin ortalama değerleriyle negatif yönde çok önemli ilişki göstermiştir. Dolayısıyla genotiplerin ortalama verimi arttıkça P kararlılık değerleri küçülmektedir. Bundan dolayı Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin tespitinde genotiplerin seçiminde yüksek verimli genotipler tercih edilirse P yöntemi önerilebilir. Çünkü yetiştiriciler çevreye daha az duyarlı yüksek verimli genotipleri tercih ederler. Kang ve Pham (1991), mısır bitkisi verileri üzerinde yaptıkları çalışmada P yönteminin genotiplerin ortalama değerleriyle negatif yönde önemli ve yüksek ilişki gösterdiğini belirtmişler ve bu yöntemin genotiplerin bireysel uyumunu tespitinde uygun olmadığını ifade etmişlerdir. Lin ve Bins (1988), arpa bitkisi verim denemelerinden elde ettikleri verilere P yöntemini uygulamışlar ve P kararlılık değerleri tüm çevreler üzerinden bir ölçüt olduğu için genotiplerin genel adaptasyonunun belirlenmesinde iyi bir ölçüt olacağını fakat yalnız başına kullanıldığında genel adaptasyonda zayıf özel adaptasyonda iyi genotiplerin elemine edilebileceğini belirtmişlerdir. Piepho ve Lotita (1992), çeşitli bitki denemelerinden elde ettikleri verilere CV, FWbi, EV ve ER kararlılık yöntemlerini uygulamışlar ve FWbi ile EV ve ER arasında çok düşük ve önemsiz ilişki ve ER ile EV arasında çok yüksek ve önemli ilişki bulmuşlar ayrıca EV ile SSV yöntemleri arasında da çok yüksek bir ilişkinin olduğunu belirtmişlerdir. Bu sonuçlar yaptığımız simülasyon çalışmasıyla benzerlik göstermektedir. Ayrıca kararlı genotiplerin seçiminde kullanılacak yöntemlerin EV yöntemiyle yüksek korelasyona sahip yöntemlerin tercih edilmesini belirtmişlerdir. EV yöntemi ile SSV yöntemi arasında yüksek korelasyonun bulunması bu yöntemlerin formülasyonundan kaynaklanmaktadır. EV ve SSV yöntemlerini diğer yöntemlerden üstün kılan özellik, her iki yönteme göre elde edilen kararlılık değerlerin toplamı Genotip $\times$ Çevre etkileşimini vermektedir. Dolayısıyla bu yöntemlerin her ikisi de Genotip $\times$ Çevre etkileşim değerlerinin genotip sayısına parçalanmasını sağlamaktadır. EV ve SSV

$$\text{yöntemleri sırasıyla; } W_i = \sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{X}_i - \bar{X}_j + \bar{X}_{..})^2$$

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{1}{(s-1)(t-1)(t-2)} \left[t(t-1) \sum_j (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2 - \sum_i \sum_j (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2 \right]$$

formüllerine göre hesaplanır. Dikkat edilirse SSV yönteminin formülündeki 1. taraf EV

yönteminin formülüyle aynıdır. Dolayısıyla SSV'nin formülündeki diğer kısımlar sabit değer olarak düşünüldüğünde EV ile SSV yöntemleri arasındaki sıra korelasyonunda çok yüksek çıkacağı tahmin edilir. Çünkü korelasyonda bir değerden her hangi bir değer çıkarılıp veya toplanması değişkenler arasındaki korelasyon değerini etkilemez. Aynı durum ER yöntemi içinde geçerlidir. ER yönteminde de Genotip $\times$ Çevre etkileşim değerleri kullanıldığı için bu yöntemin EV ve SSV yöntemleriyle olan ilişkisi yüksek çıkmaktadır.

VK yönteminde kararlılık katsayı değerlerinin hesaplanmasında genotiplerin çevresel varyans değerlerinin kullanılması CV ile VK yöntemleri arasındaki ilişkinin yüksek çıkmasına sebep olmaktadır.

Genotip $\times$ Çevre etkileşim tahmininde kullanılan regresyon yöntemlerinden FWbi ve PJbi yöntemleri arasında çok yüksek (1.00) ve önemli ilişki bulunmuştur ayrıca bu yöntemler diğer parametrik yöntemler içinde en yüksek ilişkiyi CV ve VK yöntemleriyle göstermişlerdir. Pham ve Kang (1988); Becker ve Leon (1988) gerçek veriler üzerinde yaptıkları araştırmada CV ve VK yöntemlerinin regresyon yöntemleriyle yüksek ve çok önemli ilişki gösterdiğini belirtmişlerdir. FWbi ve PJbi yöntemleri arasında yüksek korelasyonun çıkmasının sebebi bu iki yöntemin de regresyon yöntemi olmasındandır. Bu yöntemlerde katsayı değerlerinin hesaplanmasında kullanılan formüller benzerlik göstermektedir. FWbi ve PJbi;

$$FWb_i = \frac{\sum_{j=1}^s \bar{Y}_{ij} \cdot (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})}{\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \quad \text{ve} \quad PJb_i = \frac{\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{.j}) (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})}{\sum_{j=1}^s (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2}$$

formüllerine göre hesaplanmaktadır. Formüllere dikkat edilirse her iki formülde bölen değerler aynı bölünen değerlerde FWbi'de i. genotipin her bir çevredeki ortalama ($\bar{Y}_{ij}$) değerleri kullanılırken PJbi'de çevreye göre düzeltilmiş genotip ortalama ($\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{.j}$) değerleri kullanılmıştır. Dolayısıyla FWbi genotip ortalama değerlerin çevre etki payları üzerine regresyonu iken PJbi çevreye göre düzeltilmiş genotip değerlerin çevre etki payları üzerine regresyonudur. Simülasyonla türetilen verilerden elde edilen sonuçlar

incelenirse $PJbi=(FWbi-1)$ ilişkisinin olduğu görülür. Lin ve et al. (1988), $FWbi$ ve $PJbi$ yöntemlerinin eşit olduğunu ve bu yöntemlerde belirleme katsayısı (R^2) değeri küçük çıktığında kullanılmalarının yanlış sonuç elde etmeye sebep olabileceklerini belirtmişlerdir. Becker ve Leon (1988)'a göre regresyon analizi yalnızca b_i değerlerinin yorumlanması ve tahminiyle ilgileniliyorsa kullanılmalı aksi halde genotip çevre değerlerinin direk ölçümleri olan EV ve SSV yöntemlerinin kullanılmasını önermişlerdir. Ayrıca regresyon yöntemlerinin ER yöntemiyle birlikte kullanıldığında daha güvenilir sonuçlar alınabileceğini ve ER yöntemine göre kararlı genotiplerin b_i değerleri 1'den küçükse ($b_i < 1$) düşük verimli çevrelere 1'den büyükse ($b_i > 1$) yüksek verimli çevrelere daha iyi uyum göstereceklerini belirtmişlerdir. Lin ve et al. (1985) parametrik yöntemleri aralarındaki ilişkiye göre aşağıdaki gibi gruplandırmışlardır.

Çizelge 5.1. Lin et al. (1995)' e Göre Parametrik Yöntemlerin Gruplandırılması

	Grup			
	A	B	C	D
Yöntem	CV VK	EV SSV	FWbi PJbi	ER

Simülasyon çalışması sonucu normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilerde parametrik olmayan yöntemlerde en yüksek ilişki S1 ile S2, S3 ile S6 ve L, R, S1 ile S2 kararlılık katsayıları arasında bulundu. KSM yöntemi S3 ve S6 yöntemleriyle yüksek ve önemli ilişki göstermiştir. S6 ve KSM yöntemlerinin genotip ortalama değerleriyle negatif yönde önemli ilişki gösterdikleri gözlemlendi. Kang ve Pham (1991), genotip ortalama verimlerinin KSM ve S6 yöntemleriyle negatif yönde önemli bir ilişki gösterdiğini ayrıca KSM, S3 ve S6 yöntemlerinin kararlı genotiplerin seçiminde doğru sonuç vereceklerini belirtmişlerdir. Huehn (1990 b), gerçek veriler üzerinde yaptıkları çalışmada düzeltilmemiş verilerde S1 ve S2 yöntemleri arasında çok yüksek ilişki bulurken bu yöntemlerin S3 ile ilişkisini düşük ve önemli bulmuştur aynı zamanda ortalamaya göre düzeltilmiş verilerde de S1 ile S2 arasındaki ilişkiyi yine çok yüksek (1.00) ve bu yöntemlerin S3 ile ilişkisini de yüksek (0.90) bulmuştur. Yaptığımız simülasyon çalışmasında da S1 ve S2 yöntemleri ortalamaya göre düzeltilmiş veriler

üzerinden S3 ve S6 ölçütleri ise düzeltilmemiş gerçek veriler üzerinden hesaplandı ve elde edilen sonuçlar Huehn (1990 b) sonuçlarıyla benzerlik göstermektedir. Piepho ve Lotita (1992), S1, S2, L ve R yöntemleri arasında çok yüksek ve önemli ilişki bulmuşlardır. Bu yöntemler arasında yüksek korelasyon bulunmasının sebebi bu ölçütlerin hesaplanmasında kullanılan verilerin ortalamaya göre düzeltilmiş olmasından kaynaklanmaktadır. Çünkü S1 ve S2 yöntemlerinde $Y_{ij}^* = \bar{Y}_{ij} - (\bar{Y}_i - \bar{Y}_j)$ düzeltilmiş değerlerine göre elde edilen sıra puanları kullanılırken L ve R yöntemlerinde de $V_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_..$ değerlerine göre elde edilen sıra puanları kullanılmaktadır. Dolayısıyla V_{ij} değerleri Y_{ij}^* değerinden çevrelerin ortalaması olan $\bar{Y}_j$ değerlerinin çıkarılmasıyla elde edilmiştir. Y_{ij}^* değerlerinden $\bar{Y}_j$ değerlerinin çıkarılmasıyla Y_{ij}^* değerlerinin sıra puanlarında herhangi bir değişiklik olmayacaktır. Böylece Y_{ij}^* değerleri ile V_{ij} değerlerinin sıra puanları bir birine eşit olur ve bundan dolayı da S1, S2, L ve R yöntemleri arasındaki ilişkide yüksek bulunur.

Parametrik ve parametrik olmayan yöntemler arasında en yüksek korelasyon L ile EV ve SSV yöntemleri arasında bulunurken FWbi ve PJbi regresyon yöntemlerinin S1, S2, S3, S6, L, R ve KSM yöntemleriyle ilişkileri çok düşük ve önemsiz bulundu. EV ve SSV yöntemlerinde etkileşim değerlerinin $(\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_..)$ karesi alınırken L ve R yöntemlerinde etkileşim değerlerinin mutlak değeri alınmıştır. Dolayısıyla bu yöntemler arasındaki ilişki yüksek bulunmuştur. Piepho ve Lotito (1992), gerçek veriler üzerinden yaptıkları araştırmada SSV ve EV yöntemlerinin bir birine eşit olduğunu belirtmişler ve EV yöntemi ile R ve L yöntemleri arasında çok yüksek ve önemli ilişki bulurken EV ile L yöntemleri arasındaki ilişkiyi EV ile R yöntemleri arasındaki ilişkiden daha yüksek bulmuşlardır. Bu sonuçlar yaptığımız simülasyon çalışmasıyla elde edilen sonuçlarla benzerlik göstermektedir. Simülasyon çalışması sonucunda EV ve SSV yöntemleriyle L yönteminin ilişkisi R yöntemine göre daha yüksek olduğu tespit edildi. Ayrıca parametrik olmayan yöntemlerden S1 ve S2 yöntemlerinin parametrik yöntemlerden CV, VK, EV, SSV ve ER yöntemleriyle olan korelasyonları da çok önemli ve yüksek bulunmuştur. Piepho ve Lotito (1992), S1 ve S2 yöntemlerinin EV ve ER yöntemleriyle

olan ilişkisini çok önemli bulurken FWbi yönteminin S1, S2, L ve R yöntemleriyle arasındaki ilişkiyi önemsiz bulmuştur. Huehn (1990 b), S1, S2 ve S3 yöntemlerinin EV ve ER yöntemleriyle ilişkisinin çok önemli ve yüksek olduğunu ayrıca bu yöntemlere göre elde edilen katsayı değerleri ile regresyon katsayı değerleri arasındaki ilişkinin çok düşük ve önemsiz olduğunu belirtmiştir. Becker ve Leon (1988) S1 ve S2 yöntemlerinin EV ve ER yöntemleriyle ilişkisini çok önemli ve yüksek bulurken bu yöntemlerin CV yöntemiyle olan korelasyonlarını önemli ve düşük bulmuşlardır. Kang ve Pham (1991), P yönteminin KSM, S3 ve S6 yöntemleriyle ayrıca SSV yönteminin ise KSM ve S3 yöntemleriyle yüksek ve önemli ilişki gösterdiğini belirtmişlerdir. KSM yöntemiyle SSV yöntemi arasında pozitif yönde önemli ve KSM ile genotip ortalama değerleri arasında negatif yönde önemli ilişkinin bulunmasının en büyük sebebi; KSM yönteminde SSV ve genotip ortalama değerleri kullanılırken (KSM= Genotiplerin verim ortalamalarının sıra puanı + SSV Değerleri sıra puanı) SSV değerleri küçükten büyüğe doğru genotip ortalama değerleri ise büyüktan küçüğe doğru derecelenmekte. Dolayısıyla elde edilen KSM değerleri küçükten büyüğe doğru derecelendirildiği için SSV ile pozitif yönde genotip ortalama değerleriyle negatif yönde ilişki göstermektedir.

Normal ve kesikli üniform dağılışa göre türetilen verilerde Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin tespitinde kullanılan çeşitli parametrik ve parametrik olmayan yöntemler ve bu yöntemler arasındaki ilişki incelendi. Yapılan çalışmada elde edilen verilere ilk önce varyans analizi uygulandı ve Genotip $\times$ Çevre etkileşim değerinin önemliliği varyans analizine göre tespit edildi. Varyans analizinde etkileşim değeri önemsiz çıktığında Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin önemsiz olduğu söylenir. Fakat yapılan araştırmalarda etkileşimin önemsiz olmasına rağmen hangi genotipin çeşitli çevrelerde daha kararlı olduğu araştırıldığında geliştirilmiş olan çeşitli kararlılık yöntemlerinin kullanılması tavsiye edilmektedir. Bu çalışmada incelenen kararlılık yöntemlerin genotiplerin çevrelerle etkileşmesini daha hassas test ettikleri için tavsiye edilmektedir. Kararlılık yöntemlerin denemelerde etkileşimin tespitinde kullanılmalarının en önemli avantajı etkileşimin önemsiz olması durumunda bile genotiplerin bireysel olarak çevrelerle olan etkileşimlerinin belirlenebilmesidir.

Yapılan çalışmada normal ve kesikli üniform dağılışa göre türetilen verilere parametrik ve parametrik olmayan kararlılık yöntemleri uygulandığında her iki dağılıшта da yöntemler arasındaki sıra korelasyon değerleri benzer bulundu. Her iki dağılıшта kararlılık yöntemleri uygulandığında dağılışlar arasında bir fark olmadığı dolayısıyla uygulaması yapılan kararlılık yöntemlerin her iki dağılıştada kullanılabileceği tespit edildi. Varyans analizine göre etkileşim değerinin önemli ve önemsiz olduğu durumlarda da kullanılan kararlılık ölçütleri benzer sonuç vermiştir.

Genotiplerin çevrelerle olan etkileşimlerini tespit için kullanılan kararlılık yöntemlerinden hangilerinin kullanılmasına karar verilirken aralarında korelasyonun yüksek olduğu yöntemlerden herhangi biri kullanıldığında paralel sonuçların alınabileceği söylenebilir. Örneğin, FWbi ile PJbi yöntemleri arasında yüksek ve önemli ilişki olduğu için bu yöntemlerin ikisinde benzer sonuçlar vereceğinden aynı çalışmada bu iki yöntemden birisinin kullanılması tavsiye edilebilir. Genel olarak etkileşim değerini genotiplere bireysel olarak parçalayan EV ve SSV yöntemlerinden birisinin veya bu yöntemlerle yüksek sıra korelasyona sahip yöntemler tercih edilebilir. Parametrik olmayan yöntemlerde ise S1, S2 ve L yöntemlerinin EV ve SSV yöntemleriyle olan ilişkisi diğer parametrik yöntemlere göre daha yüksek olduğundan S1, S2 ve L yöntemlerinin Genotip $\times$ Çevre etkileşiminin hesaplanmasında güvenle kullanılabilirler.

KAYNAKLAR

- Aiken, L. S. and West, S. G., 1991. Multiple Regression: Testing and Interpreting Interactions. 1 – 172. SAGE Publications. Inc. Thousand Oaks. California.
- Alpar, R., 1997. Uygulamalı Çok Değişkenli İstatistiksel Yöntemlere Giriş I. 161 – 303. Kültür Ofset. Ankara.
- Aastveit, A. H., and Martens, H., 1986. ANOVA Interactions Interpreted by Partial Least Squares Regression. *Biometrics* 42. 829-844.
- Aguinis, H. and Pierce, C.A., 1999. Improving the Power of Moderated Multiple Regression to Estimate Interaction Effects. http://www.aom.pace.edu/rmd/1999_RMD-Forum_Moderated_Multiple_Regression.htm.
- Aytaç, M., 1984. Uygulamalı Parametrik Olmayan İstatistik Testleri. Uludağ Üniversitesi. İktisadi ve İdari Bilimler Fakültesi. 44-47. Bursa.
- Becker, H. C. and Leon, J., 1988. Stability Analysis in Plant Breeding. *Plant Breeding* 101. 1-23.
- Burrill, D. F., 2003. Modelling and Interpreting Interactions in Multiple Regression. www.minitab.com/resources/whitepapers/burri12.htm.
- Cornelius, P. L., Crosse, J. and Seyedsadr, M. S., 1993. Tests and Estimations of Multiplicative Models for Variety Trials. Kansas State University Conference on Applied Statistics in Agriculture.
- Cornelius, P. L., Crosse, J., Seyedsadr, M. S., Liu, G. and Viele, K., 2001. Contributions to Multiplicative Model Analysis of Genotype-Environment Data. Joint Statistical Meeting. Statistical Consulting Section.
- Daniel, W. W., 1995. Biostatistics: A foundation for Analysis in the Health Sciencis. Willey and Sons. Inc. 567-569. New York.
- Dayıoğlu, H. ve Doğru, Ü., 1994. Genetik. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ofset Tesisi. 5-6. Erzurum.
- Düzgüneş, O., Eliçin, A. ve Akman, N., 1987. Hayvan Islahı. Ankara Üniversitesi. Ziraat Fakültesi Yayınları:1003. Ankara
- Flores, F., Moreno, M. T. and Cubero, J. I., 1998. A Comparison of Univariate and Multivariate Medhods to Analyze G×E Interaction. *Field Crops Research* 56. 271-286.
- Francis, T. R. and Kannenberg, L. W., 1978a. Yield Stability Studies in Short-Season Maize. I. A Descriptive Method For Grouping Genotypes. *Can. J. Plant Sci.* 58. 1029-1034.
- Francis, T. R. and Kannenberg, L. W., 1978b. Yield Stability Studies in Short-Season Maize. II. Relationship to Plant-To-Plant Variability. *Can. J. Plant Sci.* 58. 1035-1039.
- Fraser, D. A. S., 1958. Statistics: An Introduction. 378-381. New York.
- Freeman, G. H., 1973. Statistical Methods For The Analysis of Genotype-Environment Interactions. *Heredity*. 31(3). 339-354.
- Gauch, H. G., 1988. Model Selection and Validation For Yield Trials With Interaction. *Biometrics* 44. 705-715.
- Gonçalves, P. S., Bortoletto, N., Martins, A. L.M., Costa, R.B.C. and Gallo, P. B., 2003. Genotype-environment interaction and phenotypic stability for girth growth and rubber yield of Hevea clones in Sao Paulo State. Brazil. *Genetics and Molecular Biology* 26. 441-448.

- Griffin, J. I., 1962. Statistics Methods an Aplication. Rinehart and Winston. 259-273.
- Hartmann, W., 1990. Implication of Genotype-Environment Interactions in Animal Breeding: Genotype-Location Interactions in Poultry. *World's Poultry Science Journal* Vol. 46. 198-210
- Huehn, M., 1990 a. Nonparametric Measures of Phenotypic Stability. Part 1: Theory. *Euphytica* 47. 189-194.
- Huehn, M., 1990 b. Nonparametric Measures of Phenotypic Stability. Part 2: Applications. *Euphytica* 47. 195-201.
- Hühn, M. and Nassar, R., 1989. On Tests of Significance for Nonparametric Measures of Phenotypic Stability. *Biometrics* 45. 997-1000.
- Hühn, M. and Nassar, R., 1991. Phenotypic Stability of Genotypes over Environments: On Tests of Significance for Two Nonparametric Measures. *Biometrics* 47. 1196-1197.
- Jaccard, J. and Turrisi, R., 2003. Interaction Effects in Multiple Regression. 1 - 88. (2. Edition) SAGE Publications. Inc. Thousand Oaks. California.
- Kang, M. S. and Gorman. D. P., 1989. Genotype X Environment Interaction in Maize. *Agronomy Journal*. 81. 662-664.
- Kang, M. S. and Pham, H. N., 1991. Simultaneous Selection For High Yielding and Stable Crop Genotypes. *Agronomy Journal*. 83. 161-165.
- Kang, M. S., 1993. Simultaneous Selection for Yield and Stability in Crop Performance Trials: Concequences for Growers. *Agronomy Journal*. 85. 754-757.
- Kang, M. S. and Magari, R., 1995. STABLE: A BASIC Program for Calculating Stability and Yield-Stability Statistics. *Argonomy Journal*. 87: 276-277.
- Kaya, Y. ve Taner, S., 2003. Estimating Genotype Ranks by Nonparametric Stability Analysis in Bread Wheat (*Triticum Aestivun* L.). *J. Central European Agriculture* 4. 47-53.
- Lin, C. S. and Thompson, B., 1975. An Empirical Method Of Grouping Genotypes Based On A Linear Function Of The Genotype-Environment Interaction. *Heredity* 34 (2). 255-263.
- Lin, C. S. and Binns, M. R., 1985. Procedural Approch For Assessing Cultivar-Location Data: Pairwise Genotype-Environment Interactions Of Test Cultivars With Checks. *Canadian Journal of Plant Science* 65. 1065-1071.
- Lin, C. S. and Binns, M. R., 1988. A Superiorty measure Of Cultivar Performance For Cultivar X Location Data. *Canadian Journal of Plant Science* 68. 193-198.
- Lin, C. S., Binns, M. R. and Lefkovitch, L. P., 1986. Stability Analysis: Where Do We Stand?. *Crop Science* 26. 894-900.
- Magari, R. and Kang, M. S., 1997. SAS-STABLE: Stability Analyses of Balanced and Unbalanced Data. *Agronomy Journal*. 89. 929-932.
- Mather, K. and Jones, R. M., 1958. Interaction of genotype and environment in continuous variation. *Biometrics* 14. 343-359.
- Nassar, R. and Hühn. M., 1987. Studies on Estimation of Phenotypic Stability: Tests of Significance for Nonparametric Measures of Phenotypic Stability. *Biometrics* 43. 45-53.
- Neter, J., Wasserman, W. and Kutner, M. H., 1989. Applied Linear Regression Models. 21 - 380. (2. Edition) Irwin Inc.. Boston.

- Perkins, J. M. and Jinks, J. L., 1968a. Environmental and Genotype – Environmental Components of Variability. III. Multiple Lines and Crosses. *Heredity*. 23. 339-356.
- Perkins, J. M. and Jinks, J. L., 1968b. Environmental and Genotype – Environmental Components of Variability. IV. Non Linear Interactions for Multiple Inbred Lines. *Heredity*. 23. 525-535.
- Pham, H. N. and Kang, M. S., 1988. Interrelationships among and Repeatability of Several Stability Statistics Estimated from International Maize Trials. *Crop Science* 28. 925-928.
- Piepho, H. P., 1999. Fitting a Regression Model For Genotype-by-Environment Data on Heading Dates in Grasses by Methods for Nonlinear Mixed Models. *Biometrics* 55. 1120-1128.
- Piepho, H. P. and Lotito, S., 1992. Rank Correlation Among Parametric And Nonparametric Measures Of Phenotypic Stability. *Euphytica* 64. 221-225.
- Seyedsadr, M. S. and Cornelius, P. L., 1992. Shifted Multiplicative Models for Nonadditive Two-Way Tables. *Communications in Statistics. Part B: Simulation and Computation*. 807-832.
- Seyedsadr, M. S. and Cornelius, P. L., 1993. Hypothesis Testing for Components of The Shifted Multiplicative Model for A Nonadditive Two-Way Table. *Communications in Statistics. Part B: Simulation and Computation*. 1065-1078.
- Shukla, G. K., 1972. Some Statistical Aspects of Partitioning Genotype-Environmental Components of Variability. *Heredity* 29. 237-245.
- Singh, R. K. and Chaudhary, B. D., 1979. *Biometrical Methods in quantitative Genetic Analysis*. Kalyani Pub. 1-304. New Delhi.
- Stat Soft. Inc.2003. <http://www.statsoftinc.com/textbook/stglz.html>.22 Ekim. Saat 13:00
- Tuncel, E., 1994. Hayvan Islahı. Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ders Notları No:46. 15-21. Bursa. (2.Baskı).
- Vargas, M., Crosse, J., Sayre, K., Reynolds, M., Ramirez, M.E. and Talbot, M., 1998. Interpreting Genotype X Environment Interaction in Wheat by Partial Least Squares Regression. *Crop Science* 38. 679-689.
- Vargas, M., Crosse, J., Eeuwijk, F. A., Ramirez, M. E. and Sayre, K., 1999. Using Partial Least Squares Regression. Factorial Regression and AMMI Models for Interpreting Genotype X Environment Interaction. *Crop Science* 39. 955-967.
- Vargas, M., Crosse, J., Eeuwijk, F. A., Sayre, K. and Reynolds, M. P., 2001. Interpreting Treatment X Environment Interaction in Agronomy Trial. *Agronomy Journal* 93. 949-960.
- Westcott, B., 1986. Some Methods of Analysing Genotype-Environment Interaction. *Heredity* 56. 243-253.
- Yıldız, N. ve Bircan, H., 1994. Uygulamalı İstatistik. Atatürk Üniversitesi Yayınları No: 704. Erzurum.
- Yıldız, N. ve Bircan, H., 2003. Araştırma ve Deneme Metodları. Atatürk Üniversitesi Yayınları No: 697. 117-142. (II. Baskı) Erzurum.
- Zobel, R. W., Wright, M. J. and Gauch, H. G., 1988. Statistical Analysis of a Yield Trial. *Agronomy Journal* 80. 388-393.

EKLER

EK 1

SİMÜLASYON ÇALIŞMASI İÇİN YAZILAN BİLGİSAYAR PROGRAMI

```

ort=input('Ortalama...: ')
gtv=input('Genotip Varyansı...: ')
gto=input('Genotip Ortalaması...: ')
cv=input('Çevre Varyansı...: ')
co=input('Çevre Ortalaması...: ')
iv=input('İnteraksiyon Varyansı...: ')
io=input('İnteraksiyon Ortalaması...: ')
hv=input('Hata Varyansı...: ')
ho=input('Hata Ortalaması...: ')
Fgk=input('genotip için kritik cetvel değeri.....')
Fck=input('cevre için kritik cetvel değeri.....')
Fgck=input('interaksiyon için kritik cetvel değeri.....')
tg=input('genotip sayısı.....')
sg=input('cevre sayısı.....')
rg=input('tekerrür sayısı.....')
trv=input('Normal dağılışı için 1. Kesikli Uniform dağılışı için 2.....')
tr=tg*rg;
rr=16; Fg1=0; Fc1=0; Fgc1=0;
iterasyon=0;
% interaksiyonlu iki yönlü varyans analizi sonucunda önemli çıkmasını
% istediğiniz faktörün F cetvel değerini giriniz.

while ((Fg1 ~= Fgk) & (Fc1 ~= Fck) & (Fgc1 ~= Fgck) & (iterasyon < 5000) )

    iterasyon=iterasyon+1;
    aa=0; tk=0; dk=0; gkt=0;
    g=zeros(tg,1);
    c=zeros(1,sg);
    r=1; ff=0; gkt1=0; dizi=0; ckt1=0; agakat1=0; agakat=0; gckt=0;
    ssgg=zeros(tg,sg); % genotip ve çevrelere ait muamele kombinasyonları
    ggg=1; gggg(1)=1;

    % Normal ve Kesikli üniform dağılışa göre veri türetiminde temel alınan model.
    % Modelde Yijk: i. genotipin j. çevredeki ve k. tekerrürün değeri
    % ort: genel ortalama; gto: genotipin ortalama değeri;
    % gtv: genotip varyansı; co: çevre ortalaması; cv: çevre varyansı
    % io: interaksiyon değerine ait etki payı ortalaması
    % iv: interaksiyon etki payları varyansı
    % ho:hata ortalaması; hv: hata varyansı

```

```

if (trv==1)
    Yijk=ort +normrnd(gto.gtv.tr.sg)+ normrnd(co.cv.tr.sg)+normrnd(io.iv.tr.sg)+ normrnd(ho.hv.tr.sg); % normal dağılışı için
else
    Yijk=ort + unidrnd(gtv.tr.sg)+ unidrnd(cv.tr.sg)+ unidrnd(iv.tr.sg)+ unidrnd(hv.tr.sg); % kesikli üniform dağılışı için
end % end if

for t=1:tr
    for s=1:sg
        tk=tk+Yijk(t.s)^2;
        dk=dk+Yijk(t.s);
    end
end
tkt=tk-(dk^2/(tg*sg*rg)) % genel kareler toplamı
% genotip değerleri
ww=0;
w=1;
for t=1:tr
    ww=ww+1;
    if (ww==6)
        ww=1;
        w=w+1;
    end
    for s=1:sg
        g(w)=g(w)+Yijk(t.s);
    end
end
% genotip kareler toplamı
gkt1=sum(g.^2);
gkt=(gkt1/(sg*rg))-(dk^2/(tg*sg*rg))
% çevre değerleri
for s=1:sg
    for t=1:tr
        c(s)=c(s)+Yijk(t.s)
    end % end t
end % end s
% çevre kareler toplamı
ckt1=sum(c.^2);
ckt=(ckt1/(tg*rg))-(dk^2/(tg*sg*rg))
ff=0;
% genotip çevre kombinasyon değerleri
for s=1:sg % çevre sayısı
    lk=1;
    tk=5;

```

```

t=0;
for gfd=1:tg % genotip sayisi
    for t=lk:tk
        ssgg(gfd.s)=ssgg(gfd.s)+Yijk(t.s)
    end
    lk=t+1
    tk=t+5
end
end

agakat1=sum(sum(ssgg.^2));
agakat=(agakat1/rg)-(dk^2/(tg*sg*rg));
% genotip çevre interaksiyon kareler toplamı
gckt=agakat-(gkt+ckt);
% hata kareler toplamı
hatakt=tkk-agakat;
% serbestlik dereceleri
gsd=tg-1;
csd=sg-1;
gcsd=(tg-1)*(sg-1);
hsd=tg*sg*(rg-1);
% kareler ortalamaları
gko=gkt/gsd;
cko=ckt/csd;
gcko=gckt/gcsd;
hko=hatakt/hsd;
% F hesap değerleri
Fg=gko/hko
Fc=cko/hko
Fgc=gcko/hko
Fg1=round(Fg*100)/100;
Fc1=round(Fc*100)/100;
Fgc1=round(Fgc*100)/100;

% Yi.. (genotip değerlerin toplamı)
gtoplam =sum(g);
% Yi../sg*rg (genotip değerlerin ortalaması)
gort=g/(sg*rg);
% genotiplerin etki payları
gep=(gort-(dk/(tg*sg*rg)));
% Y.j. (çevre değerlerin toplamı)
ctoplam=sum(c);
% çevrelerin ortalaması
cort=c/(tg*rg);
% çevrelerin etki payları
cep=cort-(dk/(tg*sg*rg))
% her bir genotip için ortalama Yij. değerleri

```

```

x=sstg./rg;

% genotiplerin varyanslari ve varyasyon katsayilari
for i=1:tg
    genotiplerinvaryanslari(i)=sum((x(i,:)-g(i)/(sg*rg)).^2)/(sg-1)
    CVg(i)=(sqrt(sum((x(i,:)-g(i)/(sg*rg)).^2)/(sg-1))/(g(i)/(sg*rg)))*100
end
genotiplerinvaryasyonkatsayilari=[CVg(i)]

% FINLAY VE WILKINSON REGRESYON KATSAYILARI
for i=1:tg
    b(i)=regress(x(i,:)'.cep');
    b0(i)=g(i)/(sg*rg);
end % end for
FWbi=b;
FWb0=b0;
for i=1:tg
    SSR(i)=(b(i)*cep')*(b(i)*cep'); %regresyon kareler toplamı
    SSE(i)=(x(i,:)-(b0(i)+b(i)*cep'))*(x(i,:)-(b0(i)+b(i)*cep')); % Hata kareler toplamı
    SST(i)=(x(i,:)-(g(i)/(sg*rg)))*(x(i,:)-(g(i)/(sg*rg)));
    MSR(i)=SSR(i)/1; % regresyon kareler ortalamasi
    MSE(i)=SSE(i)/(sg-2); % hata kareler ortalamasi
    Belirlemekatsayisi(i)=SSR(i)/SST(i);
    Fhg(i)=MSR(i)/MSE(i)
    FWStandarthatab(i)=(sqrt(MSE(i)))/(sqrt((cep-(sum(cep)/sg))*(cep- ↓
(sum(cep)/sg))));
    FWthesapb(i)=(b(i)/FWStandarthatab(i));
    if ( abs(FWthesapb(i))>=2.977)
        onem=0.01
    elseif (abs(FWthesapb(i))>=2.145)
        onem=0.05
    else (abs(FWthesapb(i))<2.145)
        onem=0.10
    end % end if

end % end for

% EKOVALENCE YÖNTEMİ
YijkOrt=dk/(tg*sg*rg);
for i=1:tg
    Wg(i)=(x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))-cort+YijkOrt)*((x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))-cort+YijkOrt));
% Ecovalance değerlerin tekerrür sayısıyla çarpımlarının toplamı gçkt değerini verir
    wg(i)=((x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))-cort+YijkOrt)*((x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))- ↓
cort+YijkOrt))*rg;
end %end for
Ecovalancedegerleri=Wg

```

```
WW=sum(Wg); % WW=gckt/rg
ww=sum(wg); % ww=gckt
```

% SHUKLA YÖNTEMİ

% Shuklanın stabilite varyanslarının hesaplanmasında ecovalencenin rg ile çarpılmış değerlerini kullanacağız

% her bir stabilite varyansın serbestlik derecesi (tg-1)*(sg-1)/tg dir.

% Yani genotip çevre interaksiyonunu genotip sayısı kadar satabilite

% varyansa bölüyoruz. SMg değerleri her bir genotipe ait stabilite varyans olup

% varyans analizinde kareler ortalamasına denk gelmektedir.

```
for i=1:tg
```

```
    SMg(i)=((tg*(tg-1)*wg(i))-ww)/((sg-1)*(tg-1)*(tg-2));
```

```
end
```

```
Shuklaninstabilitevaryanslari=SMg
```

% SMg değerlerinin (tg-1)*(sg-1)/tg ile çarpılmış değerlerinin toplamı gckt

% değerini verir.

```
sm=sum(SMg)*((tg-1)*(sg-1)/tg)
```

% PERKİNS VE JİNKs REGRESYON KATSAYILARI

% Genotip Çevre İnteraksiyon etki Payları

% $g_{ij} = Y_{ijkOrt} - \text{Genelort} - g_i$ etki payı - e_j etki payı

% Toplamlı genotip ve genotip çevre interaksiyon komponentleri=i.genotipin

% etki payı + b_i çevre etki payı

```
for i=1:tg
```

```
    PJb(i)= regress(((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))- ↓
    YijkOrt)-cep')'.cep')
```

```
    PJb0(i)=(sum(((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))- ↓
    YijkOrt)-cep'))/sg)
```

```
end
```

```
PJbi=PJb % regresyon katsayıları
```

```
PJb0=PJb0 % b0 değerleri
```

```
for i=1:tg
```

```
    %regresyon kareler toplamı
```

```
PJSSR(i)=((PJb0(i)+PJb(i)*cep')-((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt))*((PJb0(i)+PJb(i)*cep')- ↓
((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt))
```

```
% Hata kareler toplamı
```

```
PJSSE(i)=((((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)-cep')- ↓
(PJb0(i)+PJb(i)*cep'))*(((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))- ↓
YijkOrt)-cep'))-(PJb0(i)+PJb(i)*cep'))
```

```
PJSST(i)=(((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)-cep')- ↓
(sum(((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)- ↓
cep'))/sg))*(((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)-cep')- ↓
(sum(((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)+(x(i:)-YijkOrt-((g(i)/(rg*sg))-YijkOrt)-cep'))/sg))
```

```
PJMSR(i)=PJSSR(i)/1;
```

```
PJMSE(i)=PJSSE(i)/(sg-2);
```

```
PJBelirlemekatsayisi(i)=PJSSR(i)/PJSST(i);
```

```
PJFh(i)=PJMSR(i)/PJMSE(i)
```

```

PJStandarthatab(i)=(sqrt(PJMSE(i)))/(sqrt((cep-(sum(cep)/sg))*(cep-↓
(sum(cep)/sg))));
PJthesapb(i)=(b(i)/PJStandarthatab(i));
    if ( abs(PJthesapb(i))>=2.977)
        onem=0.01
    elseif (abs(PJthesapb(i))>=2.145)
        onem=0.05
    else (abs(PJthesapb(i))<2.145)
        onem=0.10
    end % end if
end % end for

```

% EBERHART VE RUSSEL YÖNTEMİ

```

for i=1:tg
    ERb(i)=1+(((x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))-cort+YijkOrt)*cep')/(cep*cep'))
    ERSKT(i)=(((x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))-cort+YijkOrt)*(x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))- ↓
    cort+YijkOrt))-((ERb(i)-1)^2)*(cep*cep'))/(sg-2)
end

```

% Lin ve Binns'in Pi Metodu

```

    for i=1:sg
        cmax(i)=max(x(:,i))
    end % end for
    for i=1:tg
        P(i)=((x(i,:)-cmax)*(x(i,:)-cmax))/(2*sg)
    end % end for

```

% NONPARAMETRİK YÖNTEMLER

% genotiplerin S1. S2. S3 ve S6 değerleri

%düzeltilmemiş Xij değerleri

```
ccort=ssgg./rg
```

%verilerin düzeltilmesi (düzeltilmiş Xij değerleri)

```
duzcc=zeros(15,16)
```

```
for t=1:sg
```

```
    for tt=1:tg
```

```
        duzcc(tt,t)=x(tt,t)-(gort(tt,1)-YijkOrt)
```

```
    end
```

```
end
```

% siralama

```
[duzccr1.dccsira]=sort(duzcc,1)
```

```
[ortccr1.ccsira]=sort(ccort,1)
```

%rank hesabı

```
rank1=zeros(15,16)
```

```
rank2=zeros(15,16)
```

```

for t=1:sg
    for tt=1:tg
        brc=dccsira(tt.t)
        rank1(brc.t)=tt
        brc36=ccsira(tt.t)
        rank2(brc36.t)=tt
    end
end

```

```

for tt=1:tg
    rf2=0;
    rf1=1;
    rfg12(tt)=0;
    rfg11=0;
    rfg13(tt)=0;
    rfg36=0;
    for ttt=tg:-1:1
        rf2=rf2+1;
        rf1=rf2+1;
        ttg=ttt;
        for t=ttg:-1:1
            rfg11=rfg11+abs(rank1(tt.rf2)-rank1(tt.rf1))
            rfg36=rfg36+abs(rank2(tt.rf2)-rank2(tt.rf1))
            rf1=rf1+1;
        end
    end
    rfg12(tt)=rfg11;
    rfg13(tt)=rfg36;
end

```

```

for t=1:tg
    S1g(t)=(2*rfg12(t))/(sg*(sg-1))
    S2g(t)=((rank1(t:)-(sum(rank1(t:))/sg))*(rank1(t:)-(sum(rank1(t:))/sg)))/(sg-1)
    S3g(t)=((rank2(t:)-(sum(rank2(t:))/sg))*(rank2(t:)-
    (sum(rank2(t:))/sg)))/(sum(rank2(t:))/sg)
    S6g(t)=(sum(abs(rank2(t:)-(sum(rank2(t:))/sg)))/(sum(rank2(t:))/sg)
end

```

% Si(1) ve Si(2) için ortalama $E[Si(1)]$ $E[Si(2)]$ ve Varyans $Var(Si(1))$ ve $Var(Si(2))$ değerleri

```

ESi1=((tg^2)-1)/(3*tg)
ESi2=((tg^2)-1)/12
VarSi1=((tg^2-1)*((tg^2-4)*(sg+3)+30))/(45*tg^2*sg*(sg-1))
mm=(tg+1)/2;
m4=((((tg+1)*(2*tg+1)*((3*tg^2)+(3*tg-1)))/30)-
(4*mm*(tg*(tg+1)*(tg+1))/4)+(6*mm^2*((tg+1)*(2*tg+1))/6)-3*mm^4;

```

```

    VarSi2=(m4/sg)-(((sg-3)/(sg*(sg-1)))*ESi2^2)
    % S1gi değerlerinin normal dağılışa dayandırılmış önemlilik test değerleri.
    % yaklaşık olarak 1 serbestlik dereceli Ki-kare dağılışı gösterirler
    for i=1:tg
        Z1g(i)=((S1g(i)-ESi1)^2)/VarSi1
        Z2g(i)=((S2g(i)-ESi2)^2)/VarSi2
    end
    % Toplam S1gi değerlerinin normal dağılışa dayandırılmış önemlilik test değerleri.
    % yaklaşık olarak tg serbestlik dereceli Kikare dağılışı gösterirler
    toplamZ1g=sum(Z1g)
    if (toplamZ1g>=30.58)
        onemtoplamlamZ1=0.01
    elseif (toplamZ1g>=25.00)
        onemtoplamlamZ1=0.05
    else (toplamZ1g<30.58)
        onemtoplamlamZ1=0.10
    end
    %Toplam S2gi değerlerinin normal dağılışa dayandırılmış önemlilik test değerleri.
    % yaklaşık olarak tg serbestlik dereceli Kikare dağılışı gösterir
    toplamZ2g=sum(Z2g)
    if (toplamZ2g>=30.58)
        onemtoplamlamZ2=0.01
    elseif (toplamZ2g>=25.00)
        onemtoplamlamZ2=0.05
    else (toplamZ2g<30.58)
        onemtoplamlamZ2=0.10
    end

    % Piepho ve Lotito'nun Li ve Ri istatistikleri

    for i=1:tg
        L(i)=(sum(abs(x(i,:)-(g(i)/(sg*rg))-cort+YijkOrt)))/sg % Li değerleri
    end

    % Ri değerlerinin hesaplanması
    Vcc=zeros(15,16)
    for j=1:sg
        for i=1:tg
            Vcc(i,j)=abs(x(i,j)-(gort(i,1))-(cort(1,j))+YijkOrt)
        end
    end

    % Vcc degerlerinin siralanması
    [Vccr1,Vccsira]=sort(Vcc,1)

    % Ri değerlerinin hesaplanması için gerekli rank degerleri
    rankV=zeros(15,16)

```

```

        for j=1:sg
            for i=1:tg
                vrc=Vccsira(i,j)
                rankV(vrc,j)=i
            end
        end
    end

    for i=1:tg
        R(i)=sum(rankV(i,:)) % Ri degerleri
    end

    % KANG YÖNTEMİ
    [gortr.gortsira]=dsort(gort);
    gortnbv=zeros(15,2);
    [SSVr.SSVsira]=sort(SMg);
    SMnbv=zeros(15,2);
    for tr1=1:15
        for tr2=1:2
            if (tr2==1)
                gortnbv(tr1,tr2)=gortsira(tr1)
                SSVnbv(tr1,tr2)=SSVsira(tr1)
            else
                gortnbv(tr1,tr2)=tr1
                SSVnbv(tr1,tr2)=tr1
            end %end if
        end %end for
    end % end for
    gortg=sortrows(gortnbv);
    SSVg=sortrows(SSVnbv);
    for i=1:tg
        Kgo(i)=gortg(i,2)
        SSVg(i)=SSVg(i,2)
        KSMg(i)=Kgo(i)+SSVg(i)
    end % end for
end % end while

```

ÖZGEÇMİŞ

1973 yılında Erzurum Oltu ilçesinde doğdu. İlk, orta ve lise öğrenimini Oltu da tamamladı. 1991 yılında girdiği Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümünden 1995 yılında mezun oldu. Aynı yıl Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalında başladığı Yüksek lisans programını 1999 yılında tamamladı. 2000 yılında Zootečni Bölümü Biyometri ve Genetik Anabilim dalında doktora başladı.

Halen Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümünde Araştırma Görevlisi olarak çalışmaktadır.

Evli ve bir çocuk babasıdır.