

GENOTİP × ÇEVRE ETKİLEŞİMİNİN BELİRLENMESİNDE KULLANILAN PARAMETRİK KARARLILIK ANALİZ YÖNTEMLERİ ARASINDAKİ İLİŞKİNİN ARAŞTIRILMASI¹

Mehmet TOPAL Necati YILDIZ

Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı, Erzurum.

e-mail: mtopal@atauni.edu.tr

Geliş Tarihi: 20.06.2010

Kabul Tarihi: 01.04.2011

ÖZET: Bitki ve hayvan ıslahında Genotip × Çevre etkileşimi oldukça önemli bir konudur. 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 çalışmada 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_1 yöntemi, Finlay ve Wilkinson'un regresyon katsayısı, Perkins ve Jinks'in regresyon katsayısı ve Eberhart ve Russel yöntemi uygulandı. Yöntemlerin normal ve kesikli üniform dağılış gösteren verilere uygulanmasında yöntemler arasında ilişki yönünden dağılışlar arasında bir fark olmadığı gözlemlendi. Her iki dağılışta varyans analizine göre Genotip × Çevre etkileşiminin önemsiz olduğu durumda parametrik 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 FWb_i ve Pj_i yöntemleriyle olan ilişkisi düşük bulunmuştur. Ayrıca en yüksek korelasyonlar SSV ile EV, CV ile VK ve FWb_i ile Pj_i yöntemleri arasında bulundu. 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.

Anahtar Sözcükler: Genotip × Çevre etkileşimi, parametrik kararlılık yöntemleri, sıra korelasyon

EXAMINATION OF RELATIONSHIP AMONG PARAMETRIC STABILITY ESTIMATION METHODS USED IN DETERMINATION OF GENOTYPE × ENVIRONMENT INTERACTION

ABSTRACT: Genotype Environment interaction is the most important issue 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, ecovalence, Lin and Bins' P_1 method, Finlay and Wilkinson's regression coefficient, Perkins and Jinks' regression coefficient and Eberhart and Russell's deviation parameter from parametric 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 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 Pj_i methods were found to be very low. Also, the highest correlations were determined between SSV and EV, CV and VK, FWb_i and Pj_i 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.

Key Words: Genotype × Environment interaction, parametric stability methods, rank correlation

1. GİRİŞ

Genel manada genotip, organizmanın fenotipini belirlemesine rağmen çevre faktörleri bu organizmanın fenotipini önemli bir şekilde değiştirebilir. Canlıların performansı çevre ile genotipin birlikte etkisinin bir sonucudur. Fenotip, canlıların herhangi bir şekilde tespit ve ifade edilen özelliğidir. 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). Çevre canlıların içinde yaşadığı bakım, besleme, barınma, iklim ve bölge koşulları gibi faktörlerdir. Çevre fenotipik karakterin ortaya çıkmasında hem doğrudan hem de dolaylı etkide bulunur. Bazı genotiplere olumsuz etki yapan çevre koşulları diğer bazı genotiplere olumlu yönde etki yapabilir. Bu durum doğrudan genotip çevre etkileşmesi olarak ifade edilebilir.

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 × Çevre etkileşimi denir (Düzgüneş vd 1987). Genotip × Çevre

¹: Doktora tezinden özetlenmiştir

etkileşimi, herhangi bir karakter yönünden iki veya daha fazla genotipin iki veya daha fazla çevre koşulunda birbirlerine göre nispi olarak farklı performans göstermeleridir şeklinde de tanımlanabilir (Tuncel 1994).

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. Genotip × Çevre etkileşimi önemsiz olsa dahi genotiplerin çevrelerle olan etkileşimleri incelenebilir. Böylece Genotip × Çevre etkileşiminin bütün genotiplerdeki bireysel payı kararlılık analizleri sonucunda daha detaylı ve hassas bir şekilde tahmin edilmiş olur.

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. Gonçalves et al. (2003) regresyon katsayısı (b_i) ve regresyondan sapmaların kareler ortalaması (S_{di}^2) yöntemlerini kullanarak genotiplerin kararlılıklarını hesaplamışlardır. Kang ve Gorman (1989) değişik özellikte elde ettiği verilerde genotiplerin çevrelerle etkileşimini hesaplamak için Shukla (1972)'nin kararlılık varyansını uygulamışlar. Lin ve Binns (1985) test genotipleri ve kontroller arasında Genotip × 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 × 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 × Çevre verileri için genotipin genel üstünlüğünün bir ölçüsünü, tüm çevreler üzerinde ortalama maksimum verim ve genotipin verimi arasındaki ortalama kare mesafesi olarak tanımlamışlardır.

Bu araştırmada Genotip × Çevre etkileşimini tahmin etmek amacıyla geliştirilmiş olan tek değişkenli parametrik kararlılık yöntemlerinin özellikle daha yaygın kullanılanları incelenerek sayısal uygulamalarla aralarındaki ilişkiler araştırılacaktır.

2. MATERYAL VE YÖNTEM

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 × 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,

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

($i=1, \dots, t; j=1, \dots, s; k=1, \dots, r$)

dir. Normal dağılıştaki 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 dağılıştaki 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.

Yapılan simülasyon sonucunda, 15 genotip 16 çevre ve her bir üniteye 5 tekrürlü ($t=15$, $s=16$ 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 tekrürlü sayıları belirlendi
- 2) Dağılışın şekli belirlendi sürekli dağılışlardan normal, kesikli dağılışlardan kesikli üniform dağılış seçildi
- 3) Her iki dağılıştaki varyans analizine göre genotip, çevre ve Genotip × 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.

Uygulaması yapılarak aralarındaki ilişkinin incelendiği parametrik kararlılık yöntemleri Çevresel Varyans Yöntemi (CV), Shukla Yöntemi (SSV), Varyasyon Katsayısı Yöntemi (VK), Ecovalence Yöntemi (EV), Lin ve Binns'in P_i Yöntemi (P), Finlay ve Wilkinson Regresyon Katsayısı Yöntemi (FWbi), Perkins ve Jinks Regresyon Katsayısı Yöntemi (PJbi) ve Eberhart ve Russel Yöntemi (ER).

Tek Değişkenli Parametrik Yöntemler

İki yönlü bir doğrusal model aşağıdaki gibi yazılır

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

($i=1, \dots, t; j=1, \dots, s$)

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

2.1. 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 sitres gibi çeşitli çevre şartlarından etkilenmemesidir. Yetiştiriciler yüksek verimli ve kararlı genotipleri tercih ederler.

2.2. Shukla Yöntemi

Shukla (1972) her bir genotipe tekabül 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

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

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;

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

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

$i \neq i'$ ve $j \neq j'$;

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

olduğu varsayılırsa

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

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

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

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)

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

2.3. 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 birçok çevrede performansları zayıf olduğu için kararlı değildirler. Varyasyon katsayısı (VK) aşağıdaki gibi hesaplanır (Francis ve 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.

2.4. Ecovalence Yöntemi

Becker and Leon (1988)'a göre, Wricke (1962) tüm çevre faktörlerine karşı, karesi alınmış ve toplanmış Genotip × Çevre etkileşim değerlerinin her bir genotip için kullanılmasını bir kararlılık ölçütü olarak önermiştir. Ecovalence olarak adlandırılan bu istatistiğin hesaplanması çok kolaydır ve Genotip × 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 × 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).

2.5. Lin ve Binns'in P_i Yöntemi

Lin ve Binns (1988) Genotip × 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,

$$P_i = \sum_{j=1}^s (Y_{ij} - M_j)^2 / (2s) \quad (2.6)$$

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

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

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 × Çevre (G×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 × 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×E etkileşim kareler ortalamasına dayandırılmış Genotip × Çevre verilerini tespit etmek için MS(G×E) yaklaşımını aşağıdaki gibi ifade etmişlerdir,

$$MS(GE) = \sum_{j=1}^s (C_{mj} - C_m - T_{ij} + T_i)^2 / 2(s-1) \quad (2.9)$$

($j=1, 2, \dots, s$)

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 paralellliğini 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).

2.6. 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)'nin 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 bağımlı 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 (1968a,b) 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 katkısı

tanımladığını ifade etmişlerdir (Francis and Kannenberg 1978, Becker ve Leon 1988).

Araştırmanın bu kısmında Genotip \times Çevre etkileşiminin hesaplanmasında kullanılan regresyon yöntemleri üzerinde duruldu.

2.7. 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

ε_i : i . genotipe ait regresyon doğrusunda dağılışı normal ortalaması 0 ve varyansı σ_ε^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 ve Chaudhary, 1979). Burada,

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

2.8. Perkins ve Jinks'in Regresyon Katsayısı Yöntemi

Perkins ve Jinks (1968a), Genotip × 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 ($i=1,2,\dots,t$)

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

$(ge)_{ij}$: 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

$$\sum_i g_i = 0, \sum_j e_j = 0 \text{ ve } \sum_{ij} (ge)_{ij} = 0 \text{ dir.}$$

Herhangi bir genotipin Genotip × 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 1'de verilmiştir (Perkins and Jink 1968a, b).

Çizelge 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 × 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). ($I + \beta_i'$) 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 $\sum_i \beta_i' = 0$ 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

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

$$\sum_i (\beta_i')^2 \sum_j (e'_j)^2 : \text{regresyon kareler toplamları}$$

arasındaki heterojenliktir.

Buna göre regresyon analiz çizelgesi Çizelge 2'de özet olarak verilmiştir

Çizelge 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_ϵ^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 $\mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} = Y_{ij}$ (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 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.

2.9. Eberhart ve Russel Yöntemi

Lin et al. (1986) bildirdiğine göre, Eberhart ve Russel (1966) Genotip × 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)'in 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)'in regresyondan sapma kareler toplamı sıfıra yakın olan genotipler kararlı genotip olarak kabul edilir (Becker ve Leon 1988).

3. BULGULAR

Araştırmada normal ve kesikli üniform dağılışa göre türetilen verilere parametrik kararlılık yöntemlerin uygulaması yapıldı. Yapılan çalışmada varyans analizine göre etkileşimin önemsiz ve önemli olduğu durumlarda parametrik kararlılık yöntemleri arasındaki ilişki incelendi. Kararlılık ölçütleri arasındaki ilişkinin tespiti sıra korelasyon analizine göre yapıldı.

Araştırmacılar Genotip × 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 yöntemleri araştırma sonucu elde edilen verilere uygulanır. Bu yöntemlerden bazıları normal dağılışa göre türetilen ve Genotip × Çevre etkileşimin önemsiz çıktığı verilere uygulandı ve sonuçlar Çizelge 3'de verildi. Normal dağılışa göre elde edilen verilerde her bir genotipin bireysel kararlılık değerlerinin tespitinde uygulanan parametrik yöntemlere göre elde edilen sonuçlar Çizelge 4'de verildi. Normal dağılışa Genotip × Çevre etkileşiminin önemsiz ve önemli olduğu verilerde parametrik olmayan kararlılık

değerleri arasındaki sıra korelasyon katsayıları Çizelge 5' 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 (410606x5=2053039.8) vermektedir. SSV yönteminde de elde edilen katsayı değerlerin toplamının kararlılık katsayı değerlerinin serbestlik derecesine çarpımı genotip çevre etkileşim kareler toplamını (146646x14=2053039.8) vermektedir.

Çizelge 3. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

| Genotip | 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

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 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. Normal Dağılışa Göre Türetilen ve Genotip \times Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlerde Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

| Genotip | 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 5. Normal Dağılışa Genotip \times Çevre Etkileşiminin Önemsiz ve Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Kararlılık Değerleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları

| | Metotlar | CV | FWbi | VK | EV | SSV | Pjbi | ER | P |
|---------------------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|--------|-----------|-----------|
| GxÇ interaksiyonu Önemsiz | 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 | |
| GxÇ interaksiyonu Önemli | GORT | -0.061 | -0.470 | -0.061 | 0.107 | 0.107 | -0.471 | 0.229 | -0.893*** |
| | 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 | | |
| GORT | -0.172 | 0.193 | -0.272 | -0.327 | -0.327 | 0.193 | -0.316 | -0.935*** | |

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

Çizelge 5 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.

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.

Kesikli üniform dağılışa göre türetilen ve Genotip × Çevre etkileşiminin önemsiz olduğu verilerde Genotip × Çevre Etkileşimini tespit için kullanılan parametrik kararlılık yöntemlerine ait sonuçlar Çizelge 6 ve Genotip × Çevre etkileşiminin önemli olduğu verilerde Genotip × Çevre Etkileşimini tespit için kullanılan parametrik kararlılık yöntemlerine ait sonuçlar Çizelge 7’de verildi. Parametrik yöntemlere göre elde edilen kararlılık katsayıları arasındaki sıra korelasyon değerleri Çizelge 8’de verildi.

Çizelge 6 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 6. Kesikli Üniform Dağılıştta Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

| Genotip | CV | FWbi | FWb0 | VK | EV | SSV | PJbi | PJb0 | 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 7. Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip \times Çevre Etkileşiminin Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Yöntemlere Göre Genotiplerin Kararlılık Katsayıları

| Genotip | 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 7’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 8’de kesikli üniform dağılışa göre elde edilen verilere Genotip \times Çevre etkileşimini tespit için kullanılan parametrik 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. 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.

Normal ve kesikli üniform dağılışa parametrik yöntemlerde etkileşimin önemli ve önemsiz olduğu durumlarda en kararlı ve en kararsız genotipler aşağıda özet olarak Çizelge 9’de verilmiştir.

Çizelge 9 incelendiğinde her iki dağılışa yöntemler arasında bir paralellik olduğu görülmektedir. Örneğin, normal dağılışa etkileşimin önemli ve önemsiz olduğu durumda EV ve SSV yöntemlerine göre kararlı ve kararsız genotipler aynı olurken kesikli üniform dağılışa 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 de değişmemektedir. CV ve VK yöntemleride benzer sonuçlar vermiştir. Genellikle ER yöntemi SSV, EV, CV ve VK yöntemleriyle benzer sonuçlar vermiştir. Dolayısıyla benzer sonuçlar veren kararlılık katsayı değerleri arasındaki sıra korelasyonunda yüksek çıkması beklenir.

Parametrik kararlılık yöntemlerinin elde edilmiş durumlarına ve aralarındaki ilişkiye göre gruplandırılması Çizelge 10’daki gibi yapılabilir. Aşağıdaki Çizelgede parametrik kararlılık yöntemleri A, B, C, D ve E olmak üzere 5 gruba ayrılmıştır. Gruplar içindeki kararlılık ölçütleri arasındaki sıra korelasyonları bir çok yakın değerler olarak tahmin edilmiştir.

Çizelge 8. Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemsiz ve Önemli Olduğu Verilerde Parametrik Kararlılık Değerleri Arasındaki Sıra Korelasyon Katsayıları

| | Metotlar | CV | FWbi | VK | EV | SSV | PJbi | ER | P |
|---------------------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|--------|-----------|---|
| GxÇ interaksiyonu Önemsiz | FWbi | 0.525* | | | | | | | |
| | 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 | |
| GORT | -0.029 | -0.068 | -0.029 | 0.046 | 0.046 | -0.068 | 0.082 | -0.968*** | |
| GxÇ interaksiyonu Önemli | 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 | |
| GORT | 0.332 | -0.168 | 0.306 | 0.446 | 0.446 | -0.168 | 0.325 | -0.850*** | |

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

Çizelge 9. Normal Ve Kesikli Üniform Dağılıfta Genotip × Çevre Etkileşiminin Önemli Ve Önemsiz Olduğu Durumlarda Kararlılık Yöntemlerine Göre En Kararlı ve En Kararsız Genotipler.

| | Normal Dağılıf | | | | Kesikli Üniform Dağılıf | | | |
|------|----------------|----------|---------|----------|-------------------------|----------|---------|----------|
| | 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 |

Çizelge 10. Parametrik Kararlılık Yöntemlerin Gruplandırılması

| Grup | | | | |
|------|----|----|---|------|
| A | B | C | D | E |
| EV | ER | VK | P | FWbi |
| SSV | | CV | | PJbi |

4. TARTIŞMA VE SONUÇ

Normal ve kesikli üniform dağılıfa göre elde edilen verilere Genotip × Çevre etkileşiminin hesaplanmasında kullanılan kararlılık yöntemleri uygulandığında her iki dağılıfta da benzer sonuçlar tespit edildi. Normal dağılıfta aralarında yüksek korelasyon olan yöntemlerin kesikli üniform dağılıfta da yüksek korelasyona sahip oldukları gözlemlendi. Dolayısıyla bu yöntemlerin normal ve kesikli üniform dağılıf gösteren verilere uygulanmasında yöntemler

arasında ilişki yönünden bir fark bulunamamış ve dağılıflar arasında bir fark olmadığı gözlemlenmiştir.

Normal ve kesikli üniform dağılıf gösteren verilerde varyans analizine göre etkileşimin önemli ve önemsiz olduğu durumlarda yöntemler arasındaki ilişki paralellik göstermiştir. Her iki dağılıfta varyans analizine göre etkileşimin önemsiz olduğu durumda parametrik ve parametrik olmayan yöntemlere göre elde edilen kararlılık katsayı değerleri önemsiz bulunurken etkileşimin önemli olduğu durumlarda kararlılık katsayı değerlerinde genotipler arasındaki fark önemli bulundu. 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 kararlılık yöntemlerinin

Genotip \times Çevre etkileşiminin tespitinde varyans analizine benzer sonuçlar verdikleri gözlemlendi.

Normal ve kesikli üniform dağılım 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 tespit için uygun olmadığını ifade etmişlerdir.

Lin ve Bins (1988), arpa bitkisi verim denemelerinden elde ettikleri verilere P yöntemini

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

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 ilişki korelasyonunda çok yüksek çıkacağı tahmin edilir. Çünkü korelasyonda bir değerden her hangi bir değer çıkarılıp veya toplanması değişkenler arasındaki korelasyon değerini etkilemez. Aynı durum

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

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 Lotito (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 çalışmayla 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 yöntemleri sırasıyla;

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

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.

kullanılan formüller benzerlik göstermektedir. FWbi ve PJbi;

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

ve

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

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 ($\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$) 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 olabileceğini belirtmişlerdir.

Becker ve Leon (1988)'a göre regresyon analizi yalnızca b_i değerlerinin yorumlanması ve tahminiyle ilgilieniliyorsa 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.

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. 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 ikisi de 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.

5. KAYNAKLAR

- Becker, H. C. and Leon, J., 1988. Stability Analysis in Plant Breeding. *Plant Breeding* 101. 1-23.
- 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 Methods 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.
- Freeman, G. H., 1973. Statistical Methods For The Analysis of Genotype-Environment Interactions. *Heredity*. 31(3). 339-354.
- 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.
- 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.
- Lin, C. S. and Binns, M. R., 1985. Procedural Approach 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 Superiority 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.
- 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. and Lotito, S., 1992. Rank Correlation Among Parametric And Nonparametric Measures Of Phenotypic Stability. *Euphytica* 64. 221-225.

- 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.
- Tuncel, E., 1994. Hayvan Islahı. Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ders Notları No:46. 15-21. Bursa.