

PAPER DETAILS

TITLE: STABILITE ANALIZLERINDE KULLANILAN YÖNTEMLER VE STABILITE
PARAMETRELERI

AUTHORS: Cafer Olcayto SABANCI

PAGES: 0-0

ORIGINAL PDF URL: <https://dergipark.org.tr/tr/download/article-file/20144>

STABİLİTE ANALİZLERİNDE KULLANILAN YÖNTEMLER VE STABİLİTE PARAMETRELERİ

Cafer Olcayto SABANCI
Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü
35660 Menemen, İzmir-TURKEY

ÖZ: *Stabilite analizlerinde kullanılan genotip varyansları, stabilite varyansı, ekovalans, varyasyon katsayısı, regresyon katsayısı ve regresyondan sapma parametreleri tanıtılmış; regresyon yöntemi uygulanan varyans analizleri ile birlikte açıklanmış ve fiğ tohum verimine yönelik sayısal bir örnek verilmiştir.*

Anahtar sözcükler: *Stabilite, genotip varyansları, stabilite varyansı, ekovalans, varyasyon katsayısı, regresyon katsayısı, regresyondan sapmalar, fiğ, Vicia sativa L.*

STABILITY PARAMETERS AND METHODS FOR ANALYSIS

ABSTRACT: *Stability parameters such as genotypic variance, stability variance, ecovalance, coefficient of variation, regression coefficient and deviation from regression were explained with an example on seed yield of common vetch.*

Keywords: *Stability, genotypic variance, stability variance, ecovalance, coefficient of variation, regression coefficient, deviation from regression, common vetch, Vicia sativa L.*

GİRİŞ.

Bitki ıslah çalışmalarının temel amacı yüksek verimli çeşitlerin geliştirilmesi ve üreticilerin hizmetine sunulmasıdır. Bu amaçla geliştirilen ileri hatlar çok yer ve yılda denenmekte ve üstün performansa sahip olanlar belirlenmektedir. Genotiplerin verim güçlerini ortaya koymasında, genotipik özelliklerinin yanı sıra, çevresel faktörlerin etkisi büyüktür. Bu yüzden olabildiğince farklı ve fazla çevrede yapılan denemeler sonucunda elde edilen veriler değerlendirilmekte ve belirli istatistik yöntemlerle sonuca ulaşmaya çalışılmaktadır. Bu tip denemelere uygulanan varyans analizleri ile (Comstock ve Moll, 1963) gerek genotipler arasındaki farklar ve gerekse genotiplerin değişik çevrelerde farklı reaksiyon göstermeleri sonucunda ortaya çıkan genotip x çevre interaksyonları incelenmektedir. Söz konusu interaksyonların önemli çıkması genotip seçiminde stabilite kavramını gündeme getirmektedir.

Stabilite uygulanan yonteme ve kullanılan parametreye göre değişik şekillerde tanımlanabilmektedir. Bir genotip, düşük oranda çevreler arası varyansa sahipse stabil olarak değerlendirilebilmektedir. Genotip varyansları veya varyasyon katsayıları bu tip

bir stabilitenin ölçüsü olarak ele alınmışlardır (Francis ve Kannenberg, 1978; Lin ve ark. 1986). Genotiplerin olası interaksionlara katkıları farklı olabilmektedir. Shukla (1972) ve Wricke (1962), stabilite varyansı ve ekovalans olarak adlandırılan parametreleri hesaplamışlar ve interaksionlara katkısı az olan genotipleri stabil olarak nitelemişlerdir.

Stabilitenin belirlenmesinde regresyon katsayılarının kullanılması bir çok araştırmacı tarafından benimsenmiştir. Finlay ve Wilkinson (1963) regresyon katsayısı ortalama regresyon katsayısına yakın olan genotipleri stabil olarak tanımlamışlardır. Lin ve ark. (1986) bu stabilite tanımında; çevrelere karşı, denemede kullanılan tüm genotip ortalamalarına paralelik gösterecek şekilde bir uyumun söz konusu olduğunu ileri sürmüşlerdir. Eberhart ve Russell (1966) ise genotiplerin çevre ortalamaları üzerinden hesaplanan regresyondan sapmalarının da bir stabilite parametresi olarak ele alınması gerektiğini belirtmişlerdir.

Bu makalede en çok kullanılan genotip varyansları, stabilite varyansı, ekovalans ve varyasyon katsayısı gibi parametreler tanıtılmış; regresyon yöntemi, uygulanan varyans analizleri ile birlikte açıklanmıştır. Ayrıca, Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsünde yürütülmüş olan fiğlerde tohum verimine yönelik denemelerden elde edilen veriler kullanılarak bir sayısal örnekle birlikte hesaplama yöntemleri hakkında bilgi verilmiştir.

Stabilite Parametreleri

Stabilitenin ortaya konmasında kullanılan parametrelerin tümü, çevreler üzerinden genotiplere ait ortalama değerleri ve çevre indekslerini içeren iki yönlü çizelgeden yararlanarak hesaplanmaktadır. Genotip sayısı g , çevre sayısı $\checkmark$ ve tekerrür sayısı r ile gösterildiğinde; i . ninci genotipin ($i=1,2,\dots,g$) j . ninci çevrede ($j=1,2,\dots,\checkmark$) r sayıda tekerrür ortalaması olarak aldığı değer Y_{ij} ile belirtilmektedir (Çizelge 1).

Çevre İndeksi (X_j)

Finlay ve Wilkinson (1963) çevre indeksi olarak her çevrede genotipler üzerinden hesaplanan ortalamaları kullanmışlardır.

$$X_j = Y_{.j} / g$$

Eberhard ve Russel (1966) ise çevre ortalamalarının genel ortalamadan farkını çevre indeksi olarak ele almışlardır.

$$X_j = Y_{.j} / g - y_{..}$$

Regresyon katsayılarının bulunmasında her iki indeks aynı sonucu vermektedir. İkinci yöntemde çevre indeksleri toplamı sıfır olduğundan ($\sum X_j = 0$) hesaplama daha kolaydır ve bu nedenle sayısal örnekte kullanılmıştır.

Çizelge 1. Genotipler ve çevreler üzerinden iki yönlü ortalamalar çizelgesi.

Table 1. Means over genotypes and environments.

Genotip Genotype	Çevre (Environment)				Gen. top. Total	Gen. ort. Mean
	1	2	j	ç		
1	Y_{11}	Y_{12}	Y_{1j}	$Y_{1ç}$	$Y_{1.}$	$y_{1.}$
2	Y_{21}	Y_{22}	Y_{2j}	$Y_{2ç}$	$Y_{2.}$	$y_{2.}$
i	Y_{i1}	Y_{i2}	Y_{ij}	$Y_{iç}$	$Y_{i.}$	$y_{i.}$
g	Y_{g1}	Y_{g2}	Y_{gi}	$Y_{gç}$	$Y_{g.}$	$y_{g.}$
Çevre toplamı	$Y_{.1}$	$Y_{.2}$	$Y_{.j}$	$Y_{.ç}$	$Y_{..}$	$y_{i.}$
Env. total						
Çevre ort.	$y_{.1}$	$y_{.2}$	$y_{.j}$	$y_{.ç}$		
Env. Mean						
Çevre indeksi	X_1	X_2	X_j	$X_ç$	$X.$	$x.$
Env. index						

$Y_{i.}$ i. ninci genotipin toplamı
 $y_{i.}$ i. ninci genotipin ortalaması
 $Y_{.jj}$ j. ninci çevrenin toplamı
 $y_{.jj}$ j. ninci çevrenin ortalaması
 X_{ij} i. ninci çevre indeksi

$Y_{..}$ Genel toplam
 $X.$ Çevre indeksleri toplamı
 $y_{..}$ Genel ortalama
 $x.$ Çevre indeksleri ortalaması

Genotip Varyansları (s^2_i)

Her genotip için çevreler üzerinden varyans hesaplanmaktadır.

$$s^2_i = [\sum (Y_{ij} - y_{i.})^2] / (\ç - 1) \quad \text{veya,}$$

$$s^2_i = [\sum Y_{ij}^2 - (Y_{i.})^2 / \ç] / (\ç - 1)$$

Hesaplanan genotip varyansları stabilite ölçüsü olarak kullanılmaktadır. Düşük varyansa sahip genotipler çevresel değişikliklere karşı duyarlı değildir ve stabil kabul edilmektedirler. Çevre koşullarının iyileştirilmesine reaksiyon göstermezler. Değişik çevrelerde yetiştirildiklerinde belirli bir performansın üzerine çıkamazlar, ancak belirli bir seviyenin altına da inmezler.

Varyasyon Katsayısı (VK_i)

Farklı çevrelerde yetiştirilen genotiplerin, çevreler üzerinden hesaplanan varyansları yoluyla bulunan varyasyon katsayısı da bir stabilite ölçüsü olarak ele alınabilmektedir (Francis ve Kannenberg, 1978).

$$VK_i = (s^2_i)^{1/2} / y_{i.}) * 100$$

Düşük değerlere sahip genotipler stabildir. Başka bir deyişle, genotip varyanslarında olduğu gibi, stabil genotipin çevreler arasındaki değişkenliği azdır. Becker (1981) stabilite konusunda yapılan tanımlamaların biyolojik yada agronomik nitelikte olduğunu vurgulamış, söz konusu her iki tip stabilitenin biyolojik yaklaşım kapsamında olduğunu belirtmiştir.

Ekovalans (W_i)

Wricke (1962) ekovalans deyimini her bir genotipin toplam genotip x çevre interaksiyonlarına katkısı olarak tanımlamıştır. Düşük ekovalans değerlerine sahip genotipler stabil olarak kabul edilmişlerdir.

$$W_i = \sum (Y_{ij} - y_{i.} - y_{.j} + y_{..})^2$$

Ekovalans değerlerinin sıfırdan önemli derecede farklı olup olmadığı, değerler üzerinden hesaplanan standart hata kullanılarak t testi ile kontrol edilebilir.

$$SH_w = \{ [\sum W_i^2 - (\sum W_i^2 / g)^2] / g \}^{1/2} \quad t_i = (W_i - 0) / SH_w$$

Stabilite Varyansı (σ^2_i)

Shukla (1972) tarafından ortaya atılan stabilite varyansı da, genotiplerin stabilitelerinin belirlenmesinde kullanılmaktadır. Ekovalans ile benzerlik göstermekte ve genotiplerin genotip x çevre interaksiyonlarına katkısını belirlemektedir. Shukla (1972) stabilite varyansını (σ^2_i), biri çevreler arası varyans ($\sigma^2'_i$), ki ekovalansa eşittir, diğeri çevre içi varyans (σ^2_0) olmak üzere iki komponente ayırmış ve genotiplerin interaksiyon varyansına katkısını belirlemede çevre içi varyansını elimine etmiştir.

$$\sigma^2_i = \sigma^2_0 + \sigma^2'_i$$

Stabilite varyansı çevre içi varyansa eşitse ($\sigma^2_i = \sigma^2_0$ veya $\sigma^2_i = 0$) genotip stabildir. Oransal olarak büyük σ^2_i değerleri genotipin stabil olmadığını göstermektedir.

$$\sigma^2_i = [g / (g - 2)(\phi - 1)] A_i - [1 / (g - 1)(g - 2)(\phi - 1)] B$$

$$A_i = \sum (Y_{ij} - y_{i.} - y_{.j} + y_{..})^2 \quad B = \sum A_i$$

B değeri tüm genotipler için hesaplanan A_i değerlerinin toplamına eşittir ve toplam genotip x çevre etkileşimi olarak ta ikili çizelgeden hesaplanabilmektedir.

$$\sigma^2_0 = \sum \sum \sum (Y_{ijk} - Y_{ij})^2 / [g\phi(r - 1)]$$

Burada Y_{ijk} i. ninci genotipin j. ninci çevrede k. ninci tekrerrürün değeridir.

Stabilite varyansının önemliliği $F_i = \sigma^2_i / \sigma^2_0$ oranı ile ($\phi - 1$) ve $g\phi(r - 1)$ serbestlik derecelerine göre test edilmektedir.

Regresyon Katsayısı (b_i)

Genotiplerin farklı çevrelere gösterdikleri reaksiyonun ölçülmesinde; genotip ortalamalarının, her çevrede yer alan genotiplerin ortalaması veya genel ortalamadan farkı olarak hesaplanan çevre indeksleri üzerine regresyonları kullanılmaktadır. Regresyon katsayıları genotip ve çevre indeksleri arasındaki kovaryansın, çevre indeksleri varyansına oranlanması ile elde edilmektedir.

Çevre indeksi olarak çevre ortalamaları kullanıldığında,

$$b_i = \{ \sum Y_{ij} X_j - [(Y_{i.} X_{.}) / \phi] \} / [\sum X_j^2 - (X_{.}^2 / \phi)]$$

$$SH_{bi} = \{ [(\sum Y_{ij}^2 - Y_{i.} / \phi - b_i \sum Y_{ij} X_j) / (\phi - 1)] / [\sum X_j^2 - (X_{.}^2 / \phi)] \}^{1/2}$$

Çevre indeksi olarak çevre ortalamalarının genel ortalamadan farkı alındığında,

$$b_i = (\sum Y_{ij} X_j) / (\sum X_j^2)$$

$$SH_{bi} = \{ [(\sum Y_{ij}^2 - Y_{i.} / \phi - b_i \sum Y_{ij} X_j) / (\phi - 1)] / [\sum X_j^2] \}^{1/2}$$

Her bir genotipe ait regresyon katsayısı, çevrede yer alan tüm genotipler üzerinden hesaplandığından ortalama regresyon katsayısı 1,0'a eşittir. Regresyon katsayılarının ortalama regresyon katsayısından (1,0) önemliliği t testi ile kontrol edilebilmektedir.

$$t_i = [b_i - 1] / SH_{bi}$$

g-2 serbestlik derecesinde tablo t değeri ile karşılaştırılarak her bir regresyon katsayısının 1,0'dan önemli derecede farklı olup olmadığı ortaya konmaktadır.

Finlay ve Wilkinson (1963) regresyon katsayısı 1,0'a yakın olan genotiplerin tüm çevreler üzerinden ortalama bir stabiliteye sahip olduğunu belirtmişlerdir. Bu da, o genotipin denemede bulunan tüm genotiplerin ortalamasına uyumlu olarak performans gösterdiğini ortaya koymakta ve Lin ve ark. (1986)'nın tanımladığı stabiliteye örnek oluşturmaktadır. Regresyon katsayısının 0,0 olması mutlak stabiliteyi göstermektedir. Eğer regresyon katsayısı sıfır olan genotiplerin stabil olduğu düşünülürse, geniş bir çevre aralığında minimum varyans söz konusudur ve bu da stabilite varyansı yada ekovalans ile açıklanan stabilite tipine örnek olmaktadır.

Regresyon katsayısı 1,0'dan büyük olan genotipler ortalamanın altında bir stabiliteye sahiptirler ve iyi çevrelere özel adaptasyon göstermektedirler. Çevrelerin kötü olması durumunda verim potansiyellerini açığa çıkaramamakta, ancak iyi koşullarda yüksek verimli olmaktadır. 1,0'dan küçük katsayıya sahip genotipler ise ortalamanın üzerinde stabilite göstermekte, iyi koşullara reaksiyon vermemekte ve kötü koşullarda diğerlerine oranla daha üstün performansa sahip olmaktadır.

Regresyon katsayısı ile birlikte genotip ortalamaları da bir ölçüt olarak kullanılmaktadır. Her bir genotipe ait ortalama verimin genel ortalamadan istatistik olarak farklı olup olmadığı t testi ile kontrol edilebilmektedir. Tüm çevre, genotip ve tekerrürler üzerinden yapılan varyans analizinde bulunan hata kareler ortalaması, ortalamanın standart hatasını hesaplamakta kullanılabilmektedir.

$$SH_y = [HKO / g]^{1/2} \quad t_i = [y_i - y_{..}] / SH_y$$

g - 2 serbestlik derecesinde tablo t değeri ile karşılaştırılarak her ortalamanın genel ortalamadan farkının önemi test edilmektedir.

Regresyon katsayısı 1,0 civarında olan genotiplerden; genel ortalamadan yüksek verime sahip olanlar için tüm çevrelere iyi adaptasyon, genel ortalamadan düşük verime sahip olanlar için ise tüm çevrelere kötü adaptasyon söz konusudur.

Genotip ortalamaları ile çevre ortalamaları arasındaki ilişkiyi gösteren regresyon hattının çizimi, genotiplerin adaptasyon durumlarının daha rahat anlaşılmasına olanak sağlamaktadır. Daha ileride verilen sayısal örnekte daha ayrıntılı olarak açıklanacaktır.

$$y_i = a_i + b_i x \quad a_i = y_{i..} - y_{..} \quad y_i = (y_{i.} - y_{..}) + b_i x$$

Regresyondan Sapmalar (δ_{ij}^2)

Eberhard ve Russel (1966) regresyon katsayısının yanında regresyondan sapmaları da ikinci bir stabilite parametresi olarak ele almışlar ve regresyon katsayısı 1,0', regresyondan sapmaları 0,0'a yakın olan ve yüksek verim değerine sahip genotipleri stabil olarak değerlendirmişlerdir.

$$\Sigma \delta_{ij}^2 = [\Sigma Y_{ij}^2 - (Y_{i.})^2 / \varphi] - [(\Sigma Y_{ij} X_j)^2 / \Sigma X_j^2] \quad \text{veya}$$

$$\Sigma \delta_{ij}^2 = [\Sigma Y_{ij}^2 - (Y_{i.})^2 / \varphi] - [b_i^2 (\Sigma X_j^2)]$$

Aynı araştırmacılar varyans analizinde (Çizelge 2) genotip x çevre interaksyonlarını iki bileşene ayırmışlardır: 1) Genotiplerin değişik çevre indekslerine karşı gösterdikleri reaksiyondan ileri gelen varyans (regresyon kareler toplamı), 2) Çevre indeksleri üzerine regresyonla açıklanamayan regresyondan sapmalar varyansı. Ortalamalar üzerinden hesaplanan varyans analizi ile genotipler ve regresyon katsayıları arasındaki farkların yanında her bir genotipe ait regresyondan sapmaların önemliliği de test edilmektedir (Çizelge 2).

Çizelge 2. Stabilite parametreleri üzerinden tahminlenen varyans analiz tablosu.

Table 2. Analysis of variance estimated over stability parameters.

Varyasyon kaynakları	Ser. Der.	Kareler toplamı	Kareler ort.
Source of variation	Deg.fre.	Sum of squares	Mean square
Toplam (Total)	gç - 1	[$\Sigma \Sigma Y_{ij}^2 - Y_{..}^2 / gç$]	KO ₁
Genotip (G) (Genotype)	g - 1	(1/ç) [$\Sigma Y_{i.}^2 - Y_{..}^2 / gç$]	
Çevre+(Ç x G) (Env. + (Env. x Gen.))	g (ç - 1)	[$\Sigma \Sigma Y_{ij}^2 - \Sigma Y_{i.}^2 / ç$]	
Çevre (Ç) (Environment)	1	(1/g) [$(\Sigma Y_{.j} X_j)^2 / \Sigma X_j^2$]	KO ₂ KO ₃
Ç x G (Env. x Gen)	g - 1	$\Sigma [(\Sigma Y_{ij} X_j)^2 / \Sigma X_j^2] - \text{Çevre KT}$	
Sapmalar (Deviations)	g (ç - 2)	$\Sigma \Sigma \delta_{ij}^2$	
Genotip 1 (Genotype 1)	ç - 2	$\Sigma \delta_{1i}^2$	
Genotip 2 (Genotype 2)	ç - 2	$\Sigma \delta_{2i}^2$	

Genotip i (Genotype i)	$\phi - 2$	$\sum \delta_{ii}^2$	KO_i
Hata (Error)	$\phi(g-1)(r-1)$	HKT	HKO / r

Hata kareler ortalaması tekerrürler üzerinden hesaplandığından tekerrür sayısına bölünmektedir (Error mean square is divided by the number of replications).

Genotip ortalamaları arasındaki farkın önemliliği Significance between genotype means	KO_1 / KO_3
Regresyon katsayıları arasındaki farkın önemliliği Significance between regression coefficients	KO_2 / KO_3
Regresyondan sapmaların önemliliği Significance of deviation from regressions	KO_i / HKO

Sayısal Örnek

Stabilite parametrelerinin hesaplanmasında Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsünde fiğ ıslah çalışmaları sonucunda elde edilen yedi hatla, 1990-1993 yılları arasında değişik yerlerde olmak üzere toplam sekiz çevrede üç tekerrürlü olarak yürütülen tohum verim denemelerinden elde edilen veriler kullanılmıştır (Çizelge 3.).

Çizelge 3. Ortalama tohum verimleri (kg/da).

Table 3. Mean seed yields (kg/da).

Genotipe Genotype	Çevre (Environment)								Toplam	Ort.
	1	2	3	4	5	6	7	8	Total	Mean
1	180	152	120	194	55	231	93	115	1140	143
2	135	126	100	181	33	200	63	111	949	119
3	122	151	77	164	38	186	56	110	904	113
4	55	95	87	122	65	162	42	103	731	91
5	91	92	89	140	42	188	35	101	778	97
6	78	99	88	143	30	174	51	116	779	96
7	46	121	83	116	66	113	38	103	686	86
Toplam Total	707	836	644	1060	329	1254	378	759	5967	
Ortalama Mean	101,0	119,3	92,0	151,3	47,0	179,0	54,0	108,4		106,5
Çev.İnd. Env. Ind.	-5,5	12,8	-14,5	44,8	-59,5	72,5	-52,5	1,9		

Çevre İndeksi (X_j)

$$X_j = Y_{.j} / g - y_{..}$$

$$\begin{aligned} X_1 &= 707 / 7 - 106,5 = - 5,5 & X_5 &= 329 / 7 - 106,5 = - 59,5 \\ X_2 &= 836 / 7 - 106,5 = 12,8 & X_6 &= 1254 / 7 - 106,5 = 72,5 \\ X_3 &= 644 / 7 - 106,5 = - 14,5 & X_7 &= 378 / 7 - 106,5 = - 52,5 \\ X_4 &= 1060 / 7 - 106,5 = 44,8 & X_7 &= 759 / 7 - 106,5 = 1,9 \\ \Sigma X_j &= 0 \end{aligned}$$

Genotip Varyansları (s^2_i)

$$s^2_i = [\Sigma Y^2_{ij} - (Y_{i.})^2 / \varsigma] / (\varsigma - 1)$$

$$\begin{aligned} s^2_1 &= [(180^2 + 152^2 + + 115^2) - 1140^2 / 8] / 7 \\ &= (185800 - 162450) / 7 = 23350 / 7 = 3336 \\ s^2_2 &= (134241 - 112575) / 7 = 21666 / 7 = 3095 \\ s^2_3 &= (121786 - 102152) / 7 = 19634 / 7 = 2805 \\ s^2_4 &= (77345 - 66795) / 7 = 10550 / 7 = 1507 \\ s^2_5 &= (92800 - 75660) / 7 = 17140 / 7 = 2449 \\ s^2_6 &= (91311 - 75855) / 7 = 15456 / 7 = 2208 \\ s^2_7 &= (66280 - 58825) / 7 = 7455 / 7 = 1065 \end{aligned}$$

Varyanslar göz önüne alındığında 4 ve 7 nolu genotiplerin ve çevreler arasında düşük varyansa sahip oldukları ve stabil olarak kabul edilebildikleri dikkati çekmektedir. Yüksek ortalama verimi olan ilk üç genotipin en yüksek varyanslara sahip olmaları da verim ile varyans arasında pozitif bir ilişkinin varlığını göstermektedir.

Varyasyon Katsayısı (VK_i)

$$VK_i = (s^2_i)^{1/2} / y_{i.}) * 100$$

$$\begin{aligned} VK_1 &= [(3336)^{1/2} / 143] * 100 = 40,39 \\ VK_2 &= [(3095)^{1/2} / 119] * 100 = 46,75 \\ VK_3 &= [(2805)^{1/2} / 113] * 100 = 46,87 \\ VK_4 &= [(1507)^{1/2} / 91] * 100 = 42,66 \\ VK_5 &= [(2449)^{1/2} / 97] * 100 = 51,02 \\ VK_6 &= [(2208)^{1/2} / 96] * 100 = 48,95 \\ VK_7 &= [(1065)^{1/2} / 86] * 100 = 37,95 \end{aligned}$$

En düşük varyasyon katsayıları 7, 1 ve 4 nolu genotiplere aittir. Burada göze çarpan en önemli nokta, en yüksek verimli olan ve genotip varyansı yüksek olan 1 nolu genotipin düşük varyasyon katsayısı ile stabil olarak nitelendirilmesidir.

Ekovalans (W_i)

$$\begin{aligned}
 W_i &= \sum (Y_{ij} - y_{i.} - y_{.j} + y_{..})^2 \\
 W_1 &= (180 - 143 - 101,0 + 106,5)^2 + (152 - 143 - 119,3 + 106,5)^2 + \dots \\
 &+ (115 - 143 - 108,4 + 106,5)^2 = 3884,1 \\
 W_2 &= 1864,7 \\
 W_3 &= 1630,7 \\
 W_4 &= 2547,1 \\
 W_5 &= 819,7 \\
 W_6 &= 755,7 \\
 W_7 &= 5913,1
 \end{aligned}$$

$$SH_w = \{ [\sum W_i^2 - (\sum W_i^2 / g)^2] / g \}^{1/2} \quad t_i = (W_i - 0) / SH_w \quad t_{(0,05)(5)} = 2.571$$

$$SH_w = \{ [(3884,1)^2 + (1864,7)^2 + \dots + (5913,1)^2 - (17415,1)^2 / 7] / 7 \}^{1/2} = 1715$$

$$\begin{aligned}
 t_1 &= 3884,1 / 1715 = 2,26 \text{ önemsiz} \\
 t_2 &= 1864,7 / 1715 = 1,08 \text{ önemsiz} \\
 t_3 &= 1630,7 / 1715 = 0,95 \text{ önemsiz} \\
 t_4 &= 2547,1 / 1715 = 1,48 \text{ önemsiz} \\
 t_5 &= 819,7 / 1715 = 0,48 \text{ önemsiz} \\
 t_6 &= 755,7 / 1715 = 0,44 \text{ önemsiz} \\
 t_7 &= 5913,1 / 1715 = 3,45 \text{ önemli}
 \end{aligned}$$

En düşük varyasyon katsayılarına sahip olan 7, 1 ve 4 nolu genotiplerin en yüksek ekovalans değerlerine sahip oldukları görülmektedir. Yalnızca 7 nolu genotipin ekovalans değeri istatistik olarak sıfırdan farklıdır. Yalnızca söz konusu parametre göz önüne alınırsa, 7 nolu genotip hariç diğerlerinin stabil oldukları söylenebilir.

Stabilite Varyansı (σ^2_i)

$$\sigma^2_i = [g / (g - 2)(\phi - 1)] A_i - [1 / (g - 1)(g - 2)(\phi - 1)] B$$

$$A_i = \sum (Y_{ij} - y_{i.} - y_{.j} + y_{..})^2 \quad B = \sum A_i$$

$$\sigma^2_0 = \sum \sum \sum (Y_{ijk} - Y_{ij})^2 / [g\phi(r - 1)]$$

$$B = 3884,1 + 1864,7 + 1630,7 + 2547,1 + 819,7 + 755,7 + 5913,1 \\ = 17415,1$$

$$\begin{aligned} \sigma^2_0 &= 65035 / (7)(8)(3) = 387,1 \\ \sigma^2_1 &= [7 / (5)(7)] (3884,1) - [1 / (6)(5)(6)] (17415,1) \\ &= 3884,1 / 5 - 17415,1 / 180 = 680,1 \\ \sigma^2_2 &= 1864,7 / 5 - 17415,1 / 180 = 276,2 \\ \sigma^2_3 &= 1630,7 / 5 - 17415,1 / 180 = 229,4 \\ \sigma^2_4 &= 2547,1 / 5 - 17415,1 / 180 = 412,7 \\ \sigma^2_5 &= 819,7 / 5 - 17415,1 / 180 = 67,2 \\ \sigma^2_6 &= 755,7 / 5 - 17415,1 / 180 = 54,4 \\ \sigma^2_7 &= 5913,1 / 5 - 17415,1 / 180 = 1085,9 \end{aligned}$$

$$F_i = \sigma^2_i / \sigma^2_0 \quad SD(\sigma^2_i) = 6 \quad SD(\sigma^2_0) = 168$$

$$\begin{aligned} F_1 &= 680,1 / 387,1 = 1,76 \text{ önemsiz} \\ F_2 &= 276,2 / 387,1 = 0,71 \text{ önemsiz} \\ F_3 &= 229,4 / 387,1 = 0,59 \text{ önemsiz} \\ F_4 &= 412,7 / 387,1 = 1,07 \text{ önemsiz} \\ F_5 &= 67,2 / 387,1 = 0,17 \text{ önemsiz} \\ F_6 &= 54,4 / 387,1 = 0,14 \text{ önemsiz} \\ F_7 &= 1085,9 / 387,1 = 2,81 \text{ önemli} \end{aligned}$$

Genotipler stabilite varyansları açısından, ekovalans değerleri ile aynı sıralamayı göstermişlerdir. Çevre içi varyanslar elimine edildiğinden daha düşük değerler ortaya çıkmıştır.

Regresyon Katsayısı (b_i)

$$b_i = (\sum Y_{ij} X_j) / (\sum X_j^2)$$

$$\begin{aligned} b_1 &= [(180)(-5,5) + (152)(12,8) + \dots + (115)(1,9)] / [(-5,5)^2 + (12,8)^2 + \dots + (1,9)^2] \\ &= 16717,8 / 13967,7 = 1,197 \\ b_2 &= 16969,0 / 13967,7 = 1,215 & b_5 &= 15144,0 / 13967,7 = 1,084 \\ b_3 &= 15985,5 / 13967,7 = 1,144 & b_6 &= 14341,5 / 13967,7 = 1,027 \\ b_4 &= 10985,8 / 13967,7 = 0,787 & b_7 &= 7755,3 / 13967,7 = 0,555 \end{aligned}$$

$$SH_{bi} = \{ [(\sum Y_{ij}^2 - Y_i / \phi - b_i \sum Y_{ij} X_j) / (\phi - 1)] / [\sum X_j^2] \}^{1/2}$$

$$\begin{aligned}
SH_{b1} &= \{ \{ [23350 - (1,197)(16717,8)] / 7 \} / 13967,7 \}^{1/2} = 0,185 \\
SH_{b2} &= \{ \{ [21666 - (1,215)(16969,0)] / 7 \} / 13967,7 \}^{1/2} = 0,104 \\
SH_{b3} &= \{ \{ [19634 - (1,144)(15985,5)] / 7 \} / 13967,7 \}^{1/2} = 0,117 \\
SH_{b4} &= \{ \{ [10550 - (0,787)(10985,8)] / 7 \} / 13967,7 \}^{1/2} = 0,140 \\
SH_{b5} &= \{ \{ [17140 - (1,084)(15144,0)] / 7 \} / 13967,7 \}^{1/2} = 0,087 \\
SH_{b6} &= \{ \{ [15456 - (1,027)(14341,5)] / 7 \} / 13967,7 \}^{1/2} = 0,086 \\
SH_{b7} &= \{ \{ [7455 - (0,555)(7755,3)] / 7 \} / 13967,7 \}^{1/2} = 0,180 \\
t_i &= [b_i - 1] / SH_{bi} \quad t_{(0,05)(5)} = 2,571
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
t_1 &= (1,197 - 1) / 0,185 = 1,064 \text{ önemli değil} \\
t_2 &= (1,215 - 1) / 0,104 = 2,067 \text{ önemli değil} \\
t_3 &= (1,144 - 1) / 0,117 = 1,231 \text{ önemli değil} \\
t_4 &= (0,787 - 1) / 0,140 = 1,521 \text{ önemli değil} \\
t_5 &= (1,084 - 1) / 0,087 = 0,966 \text{ önemli değil} \\
t_6 &= (1,027 - 1) / 0,086 = 0,313 \text{ önemli değil} \\
t_7 &= (0,555 - 1) / 0,180 = 2,472 \text{ önemli değil}
\end{aligned}$$

Tüm regresyon katsayılarının ortalama regresyon katsayısından (1.0) önemli derecede farklı olmadığı saptanmıştır. Önemli fark olmasa bile, 1' den büyük katsayıları ile 1, 2, ve 3 nolu genotiplerin iyi koşullarda, 1' den küçük katsayıları ile 4 ve 7 nolu genotiplerin kötü koşullarda daha yüksek performans göstermekte; 5 ve 6 nolu genotipler ise 1' e çok yakın değerlerle ortalama bir stabilite göstermektedirler.

$$\begin{aligned}
SH_y &= [HKO / g]^{1/2} \quad t_i = [y_i - y_{..}] / SH_y \quad HKO = 335,1 \\
SH_y &= [335,1 / 7]^{1/2} = 6,9 \quad t_{(0,05)(5)} = 2,571
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
t_1 &= (143 - 106,5) / 6,9 = 5,29 \text{ önemli} \\
t_2 &= (119 - 106,5) / 6,9 = 1,81 \text{ önemsiz} \\
t_3 &= (113 - 106,5) / 6,9 = 0,94 \text{ önemsiz} \\
t_4 &= (91 - 106,5) / 6,9 = 2,24 \text{ önemsiz} \\
t_5 &= (97 - 106,5) / 6,9 = 1,37 \text{ önemsiz} \\
t_6 &= (96 - 106,5) / 6,9 = 1,52 \text{ önemsiz} \\
t_7 &= (86 - 106,5) / 6,9 = 2,97 \text{ önemli}
\end{aligned}$$

Yapılan istatistik analiz ortalama tohum veriminden önemli derecede yüksek verime sahip 1 nolu genotipin tüm koşullara iyi adaptasyon, düşük verime sahip 7 nolu genotipin ise tüm koşullara kötü adaptasyon gösterdiğini ortaya koymuştur. Ortalamaya yakın verimli olan diğer genotipler ise ortalama bir adaptasyona sahiptirler.

$$y_i = a_i + b_i x \quad a_i = y_{i.} - y_{..} \quad y_i = (y_{i.} - y_{..}) + b_i x$$

$$y_1 = (143 - 106,5) + (1,197) x_1 = 36,5 + 1,197 x_1 \quad \begin{matrix} x_1 = 100, y_1 = 156,2 \\ x_1 = 200, y_1 = 275,9 \end{matrix}$$

$$y_2 = (119 - 106,5) + (1,215) x_1 = 12,5 + 1,215 x_1 \quad \begin{matrix} x_2 = 100, y_2 = 134,0 \\ x_2 = 200, y_2 = 255,5 \end{matrix}$$

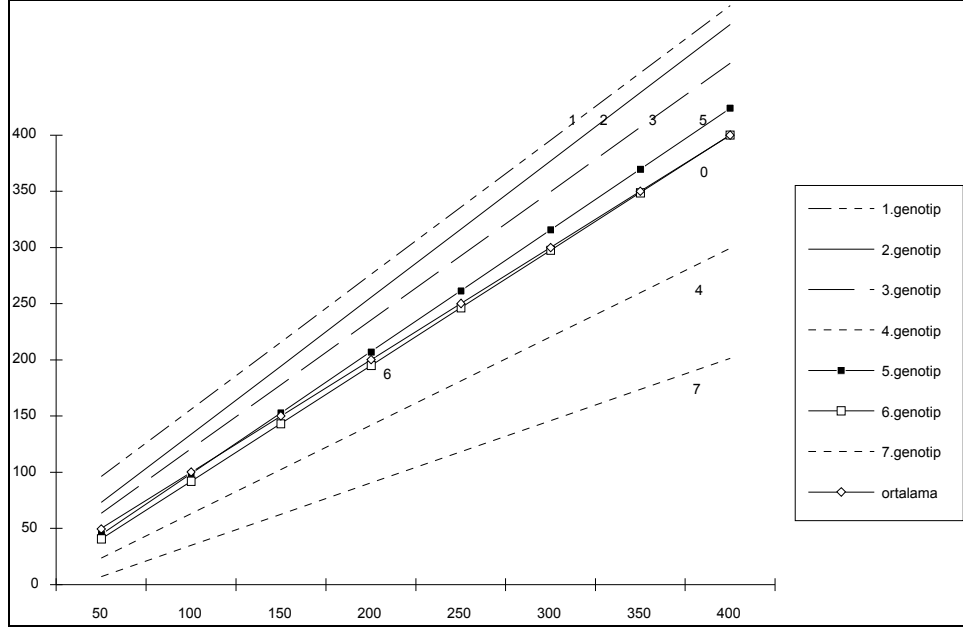
$$y_3 = (113 - 106,5) + (1,144) x_1 = 6,5 + 1,144 x_1 \quad \begin{matrix} x_3 = 100, y_3 = 120,9 \\ x_3 = 200, y_3 = 235,3 \end{matrix}$$

$$y_4 = (91 - 106,5) + (0,787) x_1 = -15,5 + 0,787 x_1 \quad \begin{matrix} x_4 = 100, y_4 = 63,2 \\ x_4 = 200, y_4 = 141,9 \end{matrix}$$

$$y_5 = (97 - 106,5) + (1,084) x_1 = -9,5 + 1,084 x_1 \quad \begin{matrix} x_5 = 100, y_5 = 98,9 \\ x_5 = 200, y_5 = 207,3 \end{matrix}$$

$$y_6 = (96 - 106,5) + (1,027) x_1 = -10,5 + 1,027 x_1 \quad \begin{matrix} x_6 = 100, y_6 = 92,2 \\ x_6 = 200, y_6 = 194,9 \end{matrix}$$

$$y_7 = (86 - 106,5) + (0,555) x_1 = -20,5 + 0,555 x_1 \quad \begin{matrix} x_7 = 100, y_7 = 35,0 \\ x_7 = 200, y_7 = 90,5 \end{matrix}$$



Yapılan yorumlar grafik ile daha anlaşılır niteliktedir. 1,0'dan büyük katsayısı olan genotiplerde, ortalaması düşük olan çevrelerde eğimin ortalama eğime yaklaştığı, yüksek verimli çevrelerde ise uzaklaştığı görülmektedir. Katsayısı 1,0'dan küçük genotiplerde ise tersine bir durum söz konusudur. Ortalama regresyon katsayısına çok yakın katsayıları ile 5 ve 6 nolu genotiplerin regresyon hatları, ortalamaları da genel ortalamaya yakın olduğundan, ortalama regresyon hattı civarındadır.

Regresyondan Sapmalar (δ_{ij}^2)

$$\Sigma \delta_{ij}^2 = [\Sigma Y_{ij}^2 - (Y_i.)^2 / \varphi] - [b_i^2 (\Sigma X_j^2)]$$

$$\Sigma \delta_{1j}^2 = [23350 - (1,197)^2(13967,7) = 3337$$

$$\Sigma \delta_{2j}^2 = [21666 - (1,215)^2(13967,7) = 1047$$

$$\Sigma \delta_{3j}^2 = [19634 - (1,144)^2(13967,7) = 1354$$

$$\Sigma \delta_{4j}^2 = [10550 - (0,877)^2(13967,7) = 1899$$

$$\Sigma \delta_{5j}^2 = [17140 - (1,084)^2(13967,7) = 727$$

$$\Sigma \delta_{6j}^2 = [15456 - (1,027)^2(13967,7) = 724$$

$$\Sigma \delta_{7j}^2 = [7455 - (0,555)^2(13967,7) = 3153$$

Varyans analizi

$$\begin{aligned}\text{Toplam KT} &= [\Sigma \Sigma Y_{ij}^2 - Y_{..}^2 / g\varsigma] \\ &= [185800 + 134241 + \dots + 66280] - [(5967)^2 / (7*8)] \\ &= 769563 - 635805 \\ &= 133758\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Genotip KT} &= (1/\varsigma) [\Sigma Y_{i.}^2 - Y_{..}^2 / g\varsigma] \\ &= (1/8) [(1140)^2 + (949)^2 + \dots + (686)^2] - [(5967)^2 / (7*8)] \\ &= 5234499 / 8 - 635805 \\ &= 18507\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Çevre}+(\text{ÇxG}) \text{ KT} &= [\Sigma \Sigma Y_{ij}^2 - \Sigma Y_{i.}^2 / \varsigma] \\ &= 769563 - 5234499 / 8 \\ &= 115251\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Çevre KT} &= (1/g) [(\Sigma Y_{.j} X_j)^2 / \Sigma X_j^2] \\ &= (1/7) [(707)(-5,5) + (836)(12,8) + \dots + (759)(1,9)]^2 / 13967,7 \\ &= (1/7) (97898,9)^2 / 13967,7 \\ &= 98024\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Çevre x genotip KT} &= \Sigma[(\Sigma Y_{ij} X_j)^2 / \Sigma X_j^2] - \text{Çevre KT} \\ &= [(16717,8)^2 + (16969)^2 + \dots + (7755,3)^2] / 13967,7 - 98024 \\ &= 1438813300 / 13967,7 - 98024 \\ &= 4986\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Sapmalar KT} &= \Sigma \delta_{ij}^2 \quad \text{veya} \quad \text{Çevre}+(\text{ÇxG}) \text{ KT} - \text{Çevre KT} - \text{Çevre x genotip KT} \\ &= 3337 + 1047 + \dots + 3153 \\ &= 12241 \quad \text{veya} \\ &= 115251 - 98024 - 4986 \\ &= 12241\end{aligned}$$

Varyans analiz tablosu

VK SV	SD DF	KT SS	KO MS	F
Toplam (Total)	55	133758		
Genotip (G) (Genotype)	6	18507	3084	10,60 **
Çevre+(Ç x G)	49	115251		

Çevre (Ç) (Env.)	1	98024			
Ç x G Env.x Gen.)	6	4986	831	17,13	**
Sapmalar (Deviations)	42	12241	291		
Genotip 1	6	3337	556	6,63	**
Genotip 2	6	1047	174	2,07	
Genotip 3	6	1354	225	2,68	*
Genotip 4	6	1899	316	3,77	**
Genotip 5	6	727	121	1,44	
Genotip 6	6	724	120	1,43	
Genotip 7	6	3153	525	6,26	**
Hata (Error)	144	48254	335,1/4		

*,** = 0,05; 0,01 seviyesinde önemli (significant at 0.05.and 0.01 level)

Yapılan varyans analizi gerek genotipler arası ve gerekse regresyon katsayıları arasındaki farkların önemli olduğunu göstermiştir. Ayrıca, 1, 3, 4 ve 7 nolu genotiplere ait regresyondan sapmaların da sıfırdan önemli derecede farklı olduğu belirlenmiştir. Sapmalar dikkate alındığında, yalnızca 2, 5 ve 6 nolu genotiplerin stabil oldukları ortaya çıkmıştır.

LİTERATÜR LİSTESİ

- Becker, H.C. 1981. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica* 30:835-840.
- Comstock, R.E., R.H. Moll. 1963. Genotype - environment interactions. In: *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Publ. 982. pp. 164-196.
- Eberhart, S.A., W.A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6:36-40.
- Finlay, K.W., G.N. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Aust. J. Agr. Res.* 14:742-754.
- Francis, T.R., L.W. Kannenberg. 1978. Yield stability studies in short-season maize.1. A descriptive method for grouping genotypes. *Can. J. Plant Sci.* 58:1029-1034.
- Lin, C.S., M.R. Binns, L.P. Lefkovitch. 1986. Stability analysis: Where do we stand?. *Crop Sci.* 26:894-899.

Shukla, G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype x environmental components of variability. *Heredity* 29:237-245.

Wricke, G. 1962. On a method of understanding the biological diversity in field research. *Z. Pflanzenzucht* 47:92-96.