

YALOVA ÜNİVERSİTESİ ★ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BİTKİ ISLAHINDA GENOTİP SEÇİM TAHMİNLERİNİN İSTATİSTİK
METOTLARLA OLUŞTURULMASINDA ÇEVİRİM İÇİ BİR UYGULAMA**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bengü KOYUNCU

Bilgisayar Mühendisliği Anabilim Dalı

Bilgisayar Mühendisliği Programı

AĞUSTOS 2019

YALOVA ÜNİVERSİTESİ ★ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BİTKİ ISLAHINDA GENOTİP SEÇİM TAHMİNLERİNİN İSTATİSTİK
METOTLARLA OLUŞTURULMASINDA ÇEVİRİM İÇİ BİR UYGULAMA**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**Bengü KOYUNCU
(125105018)**

Bilgisayar Mühendisliği Anabilim Dalı


Bilgisayar Mühendisliği Programı

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Murat GÖK

AĞUSTOS 2019


YALOVA Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü'nün 125105018 numaralı Yüksek Lisans Öğrencisi **Bengü KOYUNCU**, ilgili yönetmeliklerin belirlediği gerekli tüm şartları yerine getirdikten sonra hazırladığı “**BİTKİ ISLAHINDA GENOTİP SEÇİM TAHMİNLERİNİN İSTATİSTİK METOTLARLA OLUŞTURULMASINDA ÇEVİRİM İÇİ BİR UYGULAMA**” başlıklı tezini aşağıda imzaları olan jüri önünde başarı ile sunmuştur.

Tez Danışmanı : **Doç. Dr. Murat GÖK**
Yalova Üniversitesi



.....

Jüri Üyeleri : **Doç. Dr. Murat GÖK**
Yalova Üniversitesi



.....

Prof. Dr. Cengiz SANCAK
Ankara Üniversitesi



.....

Dr. Öğr. Üyesi Burcu DEMİRELLİ OKKALIOĞLU
Yalova Üniversitesi



.....

Teslim Tarihi : 24.07.2019
Savunma Tarihi : 26.08.2019





Eđitim hayatıma destek veren ailem, eřim ve kıızıma



ÖNSÖZ

Yüksek lisans eğitimi boyunca bana yol gösteren, fikir veren, deneyimlerinden faydalandığım Sayın Doç. Dr. Murat GÖK'e, iş arkadaşlarım Sayın Sinan AYDOĞAN ve Sayın Namuk ERGÜN'e, eğitime verdiği önem ile personeline daima katkıda bulunan Sayın Yılmaz BOZ'a, bana desteklerini esirgemeyen arkadaşım Emel AYDIN'a, aileme, hayat arkadaşım Erkan KOYUNCU ve kızım Beren KOYUNCU'ya sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Ağustos, 2019

Bengü KOYUNCU



İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖNSÖZ.....	vii
İÇİNDEKİLER	ix
ÇİZELGE LİSTESİ.....	xi
ŞEKİL LİSTESİ.....	xiii
KISALTMALAR	xv
ÖZET.....	xvii
SUMMARY	xix
1. GİRİŞ	1
1.1. Tezin Amacı	1
1.2. Literatür Araştırması	1
1.3. Hipotez	3
1.4. Tez Organizasyonu.....	3
2. BİTKİ ISLAHI ve TEMEL KAVRAMLARI	5
2.1. Bitki Islahının Tanımı, Önemi ve Amacı	5
2.2. Bitki Islahı Aşamaları	6
2.3. Bitki Islahı Yöntemleri.....	7
2.4. Bitkilerin Değerlendirilmesi	8
3. BİTKİ ISLAHININ İSTATİSTİKİ DEĞERLENDİRİLMESİ.....	11
3.1. İstatistik ve Biyometri Tanımı	11
3.2. Biyometride Kullanılan Temel Kavramlar.....	12
3.3. Tanımlayıcı ve Çıkarımsal Biyometri.....	13
3.3.1. Tanımlayıcı biyometri.....	13

3.3.1.1. Aritmetik ortalama ve özellikleri	13
3.3.1.2. Varyasyon ölçüleri	14
3.4. Varyans Analizi.....	16
3.5. Test Dağılımları.....	18
3.5.1. F-dağılımları.....	18
3.6. Asgari Önemli Farklılık (Least Significant Difference-AÖF)	19
3.7. Kalıtım Derecesi.....	20
3.8. Stabilite.....	22
3.9. Bitki Islahında Sıklıkla Kullanılan Yazılımlar	24
4. GELİŞTİRİLEN ISLAH WEB YAZILIMI: BRESA.....	27
4.1. Veri seti	29
4.2. BRESA Menüleri	31
4.2.1. Giriş menüsü	31
4.2.2. Ana sayfa menüsü	31
4.2.3. Veri tabanı oluşturma menüsü.....	32
4.2.4. Raporlama menüsü	33
4.2.4.1. Yer bazlı raporlama alt menüsü	33
4.2.4.2. ANOVA raporlama alt menüsü.....	34
4.2.4.3. Birleşik analiz raporlama	36
4.2.4.4. Stabilite analiz raporu.....	37
5. SONUÇLAR	39
ÖZGEÇMİŞ.....	45

ÇİZELGE LİSTESİ

	<u>Sayfa</u>
Çizelge 3.1 : Varyans analizine ilişkin formüller	16
Çizelge 3.2 : ANOVA özet formül tablosu.....	17
Çizelge 3.3 : Doğrusal regresyon hesaplamaları	23
Çizelge 4.1 : İslahçının genotip seçiminde kullandığı verilere ait Excel dosya örneği.....	29





ŞEKİL LİSTESİ

Sayfa

Şekil 2.1	: Bitki ıslahı aşamaları	6
Şekil 3.1	: İslahçının genotip seçiminden kullandığı istatistik yöntemlere ilişkin iş akış diyagramı	19
Şekil 3.2	: Regresyon katsayısı ve deneme ortalamasına göre çeşitlerin uyum yetenekleri.....	24
Şekil 4.1	: 3 katmanlı mimari	28
Şekil 4.2	: BRESA yazılımı iş akışı diyagramı	29
Şekil 4.3	: Excel dosyasının adlandırılması	30
Şekil 4.4	: BRESA giriş menüsü	31
Şekil 4.5	: BRESA Ana sayfa menüsü	31
Şekil 4.6	: BRESA veri tabanı oluşturma menüsü	32
Şekil 4.7	: Örnek Excel dosyası	32
Şekil 4.8	: BRESA tanımlayıcılar işlemi.....	33
Şekil 4.9	: BRESA Yer bazlı raporlama menüsü	33
Şekil 4.10	: BRESA ANOVA raporlama alt menüsü	34
Şekil 4.11	: BRESA lokasyon bazlı varyans analizi raporu menüsü	34
Şekil 4.12	: BRESA ideal çevre raporlaması menüsü.....	35
Şekil 4.13	: BRESA lokasyon bazlı AÖF raporlama menüsü.....	36
Şekil 4.14	: BRESA birleşik analiz raporlama menüsü	36
Şekil 4.15	: BRESA Birleşik AÖF raporlama menüsü	37
Şekil 4.16	: BRESA stabilite raporlama menüsü	38



KISALTMALAR

ANOVA	: Tek Yönlü Varyans Analizi
AÖF	: Asgari Önemli Farklılık
OS	: Ortalama Sapma
SS	: Standart Sapma
CV	: Değişim Katsayısı
GKT	: Genel Kareler Toplamı
GAKT	: Gruplar Arası Kareler Toplamı
GIKT	: Gruplar İçi Kareler Toplamı
GIOK	: Grup İçi Ortalama Karesi
GASD	: Gruplar Arası Serbestlik Derecesi
GISD	: Gruplar İçi Serbestlik Derecesi
XOAKT	: X Ortalamalardan Ayrılış Kareler Toplamı
YOAKT	: Y Ortalamalardan Ayrılış Kareler Toplamı
XYÇT	: XY Çarpımlar Toplamı



BİTKİ ISLAHINDA GENOTİP SEÇİM TAHMİNLERİNİN İSTATİSTİK METOTLARLA OLUŞTURULMASINDA ÇEVİRİM İÇİ BİR UYGULAMA

ÖZET

Bitki ıslahı, insanların yarar ve ihtiyaçları doğrultusunda, bitkiler üzerinde yapılan birtakım değişimlerin ve genetik gelişimlerin sanatı ve bilimidir. Başka bir deyişle bitki ıslahı, genetik ve sitogenetik prensiplerine dayalı bir bilimdir. Uygarlığın başlangıcından bu yana, bitki ıslahı binlerce yıldır uygulanmaktadır. Bu uygulamalar istenilen özelliklere sahip bitkilerin seçilmesinden daha karmaşık moleküler tekniklere kadar birçok farklı yöntemle gerçekleştirilmektedir.

Bitki ıslahında yapılan çalışmalar, insanoğlunun neolitik veya geç taş devri döneminde bitkileri kültüre almasıyla başlamış ve 19. yüzyılda Darwin'in kendilemenin etkileri ve evrim teorisi ile devam ederek gelişen teknoloji ve değişen çevre şartlarıyla günümüze kadar gelmiştir.

Değişen çevre şartları ve iklim koşulları, artan nüfus bitki ıslahının temel amacı olan verim değerinin yanında, hastalıklara karşı daha dirençli, oluşan değişimlere kolay adapte olan ve daha kaliteli bireyler oluşturmak gibi ek hedefleri getirmiş ve ıslahçı bu amaçlar doğrultusunda oluşan genotip kombinasyonları içeren yoğun veriler üzerinde çalışmak zorunda kalmıştır. İslahçı, bu yoğun verilerden anlamlı sonuçlar elde etmek ve en iyi genotipi seçmek için biyometri biliminden faydalanmaktadır. Biyometri, istatistiksel ilkelerin, tıp, halk sağlığı veya biyoloji ile ilgili soru ve sorunlarından elde edilen sayısal verilerin, toplanması, sunulması, analizi ve yorumlanması ile ilgilenen uygulamalı bir matematik dalıdır.

Son yıllarda sayısal dünyadaki hızlı gelişmeler, biyometri çalışmalarını da etkilemiş ve birçok yazılım araştırmacıların kullanımına sunulmuştur. Bu yazılımlardan bitki ıslahçıları, yeni bir birey (genotip) elde etmek için faydalanmaktadır. Ancak bu programların birçoğu ücretli, kullanımı zor, karmaşık ve yabancı kaynaklıdır. Ayrıca bu programlar ıslah araştırmacısının beklentileri doğrultusunda hazırlanmadıkları için pek çok analiz, farklı program parçacıkları bir araya getirilerek yapılmakta ve buda zaman, iş gücü vb. kaynakların kaybına neden olmaktadır. Bu ve benzeri kıstaslar bir araya getirilerek, tarımsal faaliyetlerde ıslah programlarının içerisinde yer alan ve en temel amaç olan genotip seçimi için alternatif çevrim içi bir uygulama olan, www.bresa.yalova.edu.tr adresinde yer alan BRESA yazılımı geliştirilmiştir. N katmanlı mimari kullanılarak tasarlanan yazılım ile bitki ıslahçısı elinde bulunan verim, lokasyon ve tekrar öznelikleri ile genel ortalama analizi dışında varyasyon, asgari önemli farklılık, birleşik analizleri de yaparak elindeki genotiplerden en iyi genotipi görme ve istatistiki olarak değerlendirme imkânı bulmuştur. Ayrıca istatistik programlarında yer almayan ve sadece bitki ıslah programlarına özel olarak hazırlanmış olduğumuz 'İdeal Çevre Analizi' ile ıslahçı mevcut lokasyonlardan iyi, kötü ve ideal çevreleri görebilmekte ve bu çevre şartlarına göre genotip verimlerini değerlendirebilmektedir. Yine çoklu lokasyonlarda çalışan araştırmacılar için tek bir menü kullanılarak stabil (farklı çevre şartlarından, verim parametresi ortalama bir

değer aralığında olan genotip) genotipi seçme ve 'Birleşik Analiz Raporlama' ile elde bulunan tüm veriler doğrultusunda genotipleri kıyaslama imkanı sunulmuştur.



ONLINE APPLICATION OF GENOTYPE SELECTION ESTIMATIONS IN PLANT BREEDING WITH STATISTICAL METHODS

SUMMARY

Plant breeding is the art and science of some changes and genetic developments on plants in line with the benefits and needs of humans. In other words, plant breeding is a science based on genetic and cytogenetic principles. Since the beginning of human civilization, plant breeding has been practiced for thousands of years. These applications can take place in a variety of techniques, from selecting plants with the desired properties to more complex molecular techniques.

Studies on plant breeding began with the cultivation of plants during the Neolithic or late stone age of human beings and continued in the 19th century with the effects of Darwin's self-evolution and evolution theory, and have survived to the present day with developing technology and changing environmental conditions.

Changing environmental conditions and climatic conditions, as well as the main purpose of the growing population plant breeding yield value, more resistant to diseases, adapt to the changes that are easy to adapt and to create more quality individuals have brought additional targets and genotypes formed in accordance with these goals to work on intensive data. had to. The breeder uses biostatistics science to obtain meaningful results from these intense data and select the best genotype. Biostatistics is a branch of applied mathematics that deals with the collection, presentation, analysis and interpretation of statistical principles, numerical data from questions and problems related to medicine, public health or biology.

In recent years, the rapid developments in the digital world have affected the studies in biostatistics, and many software have been made available to researchers. Breeders make use of this software to obtain a new individual (genotype). However, many of these programs are paid, difficult to use, complex and foreign. In addition, since these programs are not prepared in line with the expectations of the breeding researcher, many analyzes are carried out by bringing together different program particles and this results in time, labor and so on. loss of resources. By combining these and similar criteria, BRESA software, which is an alternative web-based application for genotype selection, which is one of the main objectives of the breeding programs in agricultural activities, has been prepared by using n-tier architecture, and with the yield, location and repetition parameters In addition to the general average analysis, variation, minimum significant difference, combined analysis of the best genotype of genotypes in hand and the opportunity to see the statistical evaluation. In addition, with the Ideal Environmental Analysis, which is prepared exclusively for breeding programs, which is not included in any statistical program, the breeder can see the good, bad and ideal environments from the existing locations and evaluate the genotype yields according to these environmental conditions. For researchers working in multiple locations, a single menu was used to select a stable and compare genotypes with all available data with 'Combined Analysis Reporting'.



1. GİRİŞ

1.1. Tezin Amacı

Bitki ıslah çalışmalarının temeli, istenilen fenotip ve genotip özelliklerinin verim ve çevre şartlarına göre karşılaştırılması esasına dayanmaktadır. Bir canlının genetik kodlarının tümüne genotip, canlının genotip ve çevre ile olan etkileşimi sonucu oluşan fiziksel görüntüsü fenotip olarak adlandırılmaktadır [1]. Bitki ıslahı, bir başka deyişle çalışılan bölgenin çevresel şartlarına en iyi uyabilen ve belirli alanda en iyi verimi veren yeni bitki çeşitlerinin elde edilmesidir. Bitki ıslahçısı, yeni bir birey elde etmek için değişik populasyonları (örneğe giren özellikteki bireylerin tümü [2]), çeşitleri veya genotipleri aralarında kıyaslar [3]. Islahçı bu kıyaslamalarda çeşitli istatistik paket programları kullanır ve bireyler arasındaki ilişkilere bakarak, stabil (istikrarlı) genotip, verimli genotip gibi yeni çeşit geliştirirken gerekli olan analizleri yapar. Kullanılan bu programlar sadece bitki ıslahı faaliyetleri göz önüne alınmadan yapıldığı için bitki ıslahı araştırmacısının, en iyi birey seçimine giderken kullanmak istediği analiz ve raporlama özelliklerine tam olarak karşılamamaktadır. Ayrıca bu programların pek çoğu ücretli ve yurt dışı kaynaklıdır. Bu tezin amacı, tarımsal faaliyetler içinde yer alan bitki ıslahı çalışmalarında en iyi bireyi seçmek için en çok kullanılan bazı istatistik metotlarının tek bir yazılımda, ulusal çevrim içi bir uygulama ile kullanıcıya sunmaktır. Bununla birlikte hazırlanan internet uygulaması ile başka istatistik programlarında yer almayan ideal çevre koşullarına göre en iyi bireyi görme, bireylerin birleşik analizler vasıtasıyla sadece ilgili çevre şartlarında değil çalışılan çoklu çevre şartlarına göre değerlendirme ve yine çoklu çevre şartlarında istikrarlı genotipi görme imkânı sunmaktadır.

1.2. Literatür Araştırması

Bitki ıslahının en önemli ve başlıca amacı bitki düzeyinde genetik çeşitliliği kaybetmeden klasik ıslah metotlarına eklenen melezleme, mutasyon, seleksiyon, çeşitli moleküler yöntemleri kullanarak yeni bireyler elde etmektir [4]. Gerek

seleksiyon gerek melezleme ve mutasyon faaliyetlerinde genel amaç iki ya da daha fazla sayıdaki hat çeşit ya da türe ait istenen özellikleri bir arada toplamaktır [5]. Görüldüğü gibi bitki ıslah programlarında birçok bitkiye ait verilerle çalışılmaktadır. Toplanan bu verilerin analizlerinde ve bulguların yorumlanmasında çeşitli istatistik metotları kullanılmaktadır. İstatistik, belirli bir amaç veya amaçlar hedefinde, gözlemlenen yığın olaylar sonucunda ortaya çıkan sayısal verilerin işlenerek bilimsel olarak incelenmesinde kullanılan teknik ve yöntemler bilimidir [6].

Üzerinde çalışılan konuya ait nicel verilerin, gözlem veya deneme yolu kullanılarak toplanması, konuyu tanımlayacak biçimde işlenmesi, özetlenmesi, bilinen unsurlara göre analizi, elde bulunan diğer verilerle ilişkilerinin tespiti ile sonuçların yorumlanarak genel kurallar oluşturulması için yapılan bütün işlemlere de istatistik metotları denir [2]. Çınar ve arkadaşları yapmış oldukları meralara yönelik çalışmalarında Adana ilinde beş farklı köyde bitki ile örtülü alan ve botanik yayılış verilerine, varyans analizi uygulamışlardır [7]. Temel ve Tohumcu'nun Iğdır taban koşullarında suni çayır ve mera tesisi için en uygun yem bitkisi tür ve karışımlarını belirlemek amacıyla tesadüf blokları deneme desenine göre ekilen bitkiler için yapmış oldukları çalışmada, verileri varyans analizine tabi tutulmuşlardır [8]. Kars ve Ekberli, buğday bitkisi yetiştirilen toprakların bazı fiziksel özelliklerinin belirlenmesinde tanımlayıcı istatistiklerden yaylanmışlardır [9]. Yayla ve Yıldız'ın 'Patates Geç Yanıklık Hastalığı Etmeni *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary'ye Karşı Bitki Ekstraktlarının Antifungal Etkileri' isimli makalelerinde koparılmış yaprak ve saksı testlerinden elde edilen bulgular, Tek Yönlü Varyans Analizi (Analysis of Variance, ANOVA) ile değerlendirilmiştir [10]. Özdemir ve Sade'nin yapmış oldukları mısır hatlarına yönelik ıslah çalışmalarında agro-morfolojik ve fizyolojik özelliklerinin korelasyonu hesaplanmıştır [11]. Aslan ve arkadaşları yapmış oldukları yerel kestane çeşit adaylarının değerlendirilmesinde genotip \times çevre interaksiyonunun önemli olduğu vurgulanmış ve eldeki genotiplerin seçimi için öncelikle varyans analizine tabi tutulmuş ayrıca, birleştirilmiş varyans analizi sonucunda; genotip \times lokasyon interaksiyonu önemli çıkan özelliklerde stabilite analizleri uygulandığı görülmüştür [12]. Kızılgeçi ve arkadaşlarının arpa tane verimi üzerine yapmış oldukları çalışmada, tane verimi ve kalite özellikleri genotip çevre etkileşimi için varyans analizi kullanarak bir çalışma yapmışlardır. Yukarıda da örnekleri olan ülkemiz ıslah çalışmalarının sonuçlarının değerlendirilmesinde sıklıkla

tanımlayıcı istatistik yöntemlerinden faydalandığı görülmektedir.

1.3. Hipotez

Bitki ıslah çalışmalarında ıslahçı, genotip tahmin (isteğe uygun tip) seçiminde kullandığı verim parametresini çeşitli istatistik programları kullanarak değerlendirmektedir. Bu değerlendirmelerde kullanılan genel ortalama metodunun eksikliği ispatlanarak, ıslahçılara yönelik yeni ulusal çevrim içi bir yazılım geliştirilmiştir. Buna göre genotip seçiminde kullanılan birleşik ortalama metodunun yanıltıcı olduğu, bu metodun yanında ANOVA, kalıtım derecesi, asgari önemli farklılık (Least Significant Difference, AÖF) ve çoklu lokasyonlarda stabil genotip analizlerinin hesaplanarak araştırmacıya sunulması gerektiği tespit edilmiştir. Bu doğrultuda hazırlanan yazılım ile yukarıda bahsi geçen analizlere ek olarak ideal çevre ve çoklu lokalitede AÖF analizleri eklenerek istatistik programlarında yer almayan raporlamalar ile genotip tahminin yapılması hedeflenmiştir.

1.4. Tez Organizasyonu

Tez, birinci bölümü giriş bölümü olmak üzere, toplamda beş kısımdan oluşmaktadır.

İkinci bölümde bitki ıslahı tanımı, önemi ve amacı belirtilmiş ve bitki ıslahına yönelik temel kavramlar anlatılmıştır.

Üçüncü bölümde istatistik ve biyometri kavramları açılarak, bitki ıslahında genotip seçiminde sıklıkla kullanılan bazı istatistik metotları tanımları, formülleri ve bu amaçla kullanılan bazı paket programlarından örnekler verilerek bölüm sonunda bu paket programları ile geliştirilen BRESA yazılımı arasındaki farklılıklar ortaya konulmuştur.

Dördüncü bölümde tez kapsamında geliştirilen BRESA yazılımı tanıtılmıştır.

Tezin son bölümünde önerilen yöntemler ve geliştirilen yazılım hakkında değerlendirmeler yapıp sonuçlar özetlenmiştir.



2. BİTKİ ISLAHI ve TEMEL KAVRAMLARI

İslah, daha yüksek kalite ve verim elde etmek için, canlıları bazı biyolojik işlemlerden geçirilerek daha verimli hayvan ırklarının veya bitki çeşitlerinin elde edilmesine yönelik çalışmalar olarak tanımlanmaktadır. Yukarıda da belirtildiği gibi ıslah, bitki ve hayvanlar üzerinde yapılan çalışmaları kapsamaktadır. Hazırlanan BRESA çevrim içi yazılımı, bitkilere yönelik ıslah çalışmalarını içermektedir. Bitki ıslahına yönelik temel bir perspektif oluşturmak amacıyla bitki ıslahına dayalı bazı temel tanımlamalar bu bölümde verilmiştir.

2.1. Bitki Islahının Tanımı, Önemi ve Amacı

İnsanlar gıda, giyinme, sağlık, barınma gibi temel yaşam unsurlarında bitkilerden faydalanırlar. Bitkilerin insan hayatında bu kadar önemli oldukları göz önünde tutulursa, insanların kendi gereksinimlerine göre daha uygun tip ve çeşitleri geliştirmeye yönelik çalışmalar yapması kaçınılmazdır [14].

Dünyadaki hızlı nüfus artışıyla beraber, insanlar gereksinimlerini karşılamak için bitkisel kaynakları bilinçsizce kullanmaya başlamış ve bunun sonucunda birçok bitki türü azalmış hatta yok olma durumuna gelmiştir. Bununla beraber kuraklık, topraktaki tuzluluğun artması ve küresel iklim koşullarındaki değişiklikler birçok bitkisel üretim faaliyetlerinin de değişmesine sebep olmuştur. Bitkiler bu değişimlere adapte olmaya ya da tolere etmeye çalışarak canlılıklarını sürdürmeye çalışmaktadırlar [15].

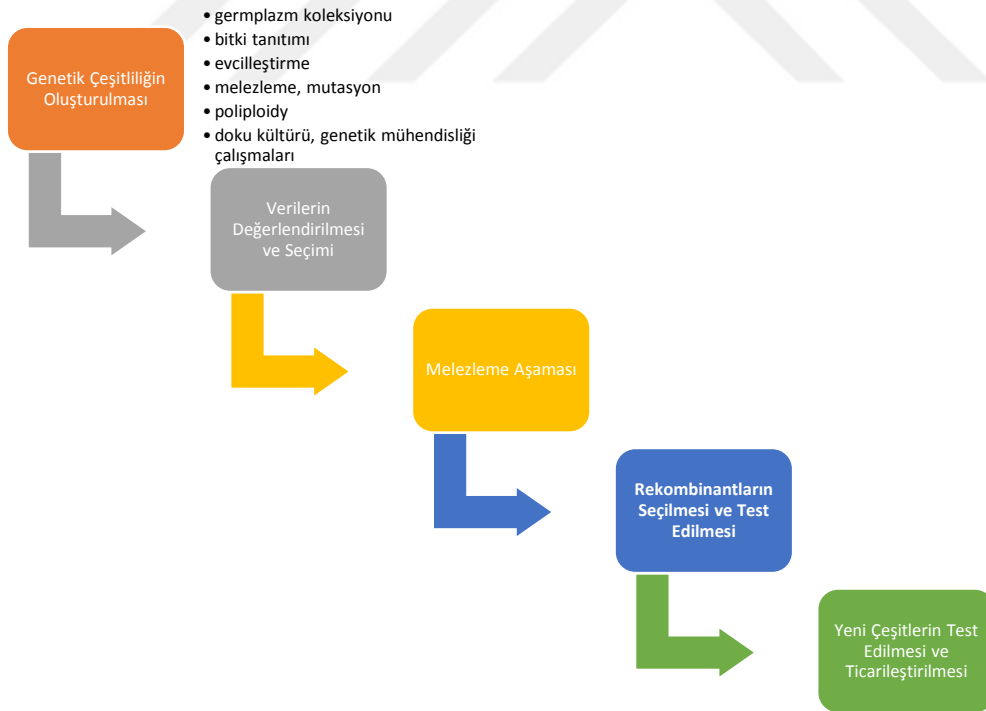
Yaşam alanlarındaki farklılaşma, insan nüfusundaki artış, çevresel değişimler vb. birçok etkileşimle birlikte bitki ıslahı kavramı günümüzde önemli bir yere gelmiştir. Bitki ıslahı çalışmaları, insanoğlunun neolitik (tarih öncesi devir) veya geç taş devrinde bitkileri kültüre almasıyla başlamıştır [16] ve bu süreç, 19. yüzyılda Darwin (1857)'in kendilemenin etkileri ve evölüsyon teorisi ile devam etmiş, Mendel (1866), Weissmann (1892), Johannsen (1903), Lineus (1935,1353)'un teorileri ile günümüze kadar gelmiştir [17].

Bitki ıslahı, bitkilerin genetik gelişiminin sanatı ve bilimi olup, insanların ihtiyaçları doğrultusunda bitki davranışlarını gözlemleyerek onların genetiğini değiştiren ya da geliştiren disiplin olarak tanımlanmaktadır [18].

Bitki ıslahçısının amacı çalışılan bölge şartlarına göre (toprak şartları, iklim koşulları vb.) en iyi adaptasyonu sağlayan yeni bitki çeşitleri elde etmektir. Başka bir deyişle ıslahçının amacı, yurt içi ya da yurt dışından toplanmış, ya da elinde bulunan bir popülasyondan seçilmiş veya melezleme gibi yöntemlerle bir araya getirilmiş bireyleri, mutasyonlar ve poliploidi (hücrelerdeki kromozom sayısının 3n veya daha fazla olması durumu) vasıtasıyla çevresel faktörlere karşı (iklim ve toprak vb.) daha uygun, hastalık ve zararlılara karşı dayanıklı, kaliteli ve verimli çeşitleri tarımsal üretime katmaktır [19].

2.2. Bitki Islahı Aşamaları

Bitki ıslahçısı, yeni bir birey elde etmek için beş ana adımda ilerler (Şekil 2.1).



Şekil 2.1. Bitki ıslahı aşamaları.

1. Genetik Çeşitliliğin Oluşturulması: Islah programlarının ana unsurudur. İstenilen özelliklere sahip bitki türlerinin yabancı türleri, yerel çeşitleri ve akrabaları

programa dâhil edilmelidir. Belirli bir üründeki tüm genler için çeşitli alellere (bireyin annesi ve babasından taşınan ve bireye ait bir gen ikilisini (çiftini) oluşturan genler) sahip olan koleksiyonun tamamına germplasm koleksiyonu denir. Germplasm koruması, aşağıdaki yollarla gerçekleştirilir.

In situ Koruma: Bitkilerin doğal yayılış alanlarında yani yerinde korunması anlamında kullanılır.

Ex situ Koruma: Botanik bahçeleri, tohum gen bankaları aracılığıyla, bitkilerin muhafazasının yapılmasıdır.

2. Verilerin Değerlendirilmesi ve Seçimi: Elde edilen germplasm, istenilen karakterlere sahip bitkileri tanımlamak için değerlendirilir. Sadece saf hatların seçildiğinden emin olunur. Seçilen bitkiler çoğaltılır ve melezleme işleminde kullanılır.

3. Melezleme Aşaması: İstenilen karaktere sahip erkek ebeveyn, arzu edilen bir ana bitki ile tozlanması aşamasıdır [20].

4. Rekombinantların Seçilmesi ve Test Edilmesi: Rekombinant, genetik tekrarlı kombinasyonlar sonucu oluşan ve anne babadan farklı gen kombinasyonlarına sahip organizmaya denir [21]. Melezleme aşamasından sonrasında elde edilen soy, istenen karakter birleşimi için değerlendirilir. Bu aşamada, karakterler daha fazla ayrılmayacak şekilde tek biçimlilik hali oluşana kadar, birkaç nesil kendi içinde tozlaşması sağlanır.

5. Yeni Çeşitlerin Test Edilmesi ve Ticarileştirilmesi: Seçilen bitkiler, deneysel bir alanda yetiştirilerek agronomik kalite, hastalık direnci vb. ölçütlerle değerlendirilir ve performansları kaydedilir. Sonuç olarak, mevcut çeşitlerden ve diğer yeni malzemelerden daha üstün olan yeni birey(ler) seçilir. Çeşit olarak tescile gönderilir. Bu aşamadan sonra yeni çeşit için ticarileştirme aşaması başlar.

2.3. Bitki Islahı Yöntemleri

Çiçekli bitkiler tozlanma ve dölleme sonucunda çoğalırlar [22]. Tozlaşma, polenlerin çevresel faktörler (rüzgâr, hayvan, su) ile dışının üreme organında bulunan tepeciğine taşınmasına denir. Polenlerin bu aşamadan sonra, polen içinde muhafaza edilen erkek üreme hücrelerinden bir tanesi, yumurtalığa doğru, polen tüpünü

meydana getirir ve oluşan bu polen tüpü vasıtasıyla yumurtalık içindeki dişi, üreme hücresine gelir. Yumurtalıkta dişi ve erkek üreme hücrelerinin sahip oldukları çekirdekler birleşerek zigotu oluşturur, bu olaylar zincirine de döllenme denir [23].

Bitki ıslahı yöntemleri, kendine döllen, yabancı döllen, vegetatif çoğalan bitkiler ve tüm bitkilere uygulanan yöntemler olmak üzere dört kısma ayırmıştır [24]. Bu yöntemlerin içinde seleksiyon, introüksiyon, melezleme, mutasyon ve poliploidi kavramları sıklıkla geçmektedir. Bu bakımdan bu kavramların tanımları kısaca açıklanmıştır.

Seleksiyon, doğal melezleme ve mutasyonların sonucunda genetik değişim gösteren popülasyonda amaçlanan hedefler doğrultusunda uygun olan bitki ya da bitki gruplarının seçilmesidir [24].

Introüksiyon, tohumluk getirme anlamında kullanılan bu terim, tohumların, yeni bir çeşit geliştirilirken yurt içinden ya da yurt dışından getirilerek kullanılmasıdır [25].

Melezleme, iki veya daha fazla miktardaki hat, çeşit veya türe ait olan ve istenilen özellikleri bir çeşitte toplamak amacıyla ana ve baba varyetelerin üstün karakterlerini bir tek bitki üzerinde toplamak için yapılan işlem olarak tanımlanmaktadır [26].

Mutasyon, bitkilerde istenilen özelliklerin, bitkinin kalıtımında ani farklılıklar yaratacak şekilde olmasını sağlayan yöntemlerin kullanılması ile kısa zamanda çeşitlilik yapabilmesidir [27].

Poliploidi, bitkinin kromozon yapısı, çeşit geliştirirken uygulanan ıslah yöntemini etkiler. Bitkilerin kromozon sayılarını açıklamada temel birim olarak genom kullanılmaktadır. Organizmalarda kromozon sayılarında oluşan değişikliklere poliploidi denilmektedir [19].

2.4. Bitkilerin Değerlendirilmesi

Islahçının bitkilerin değerlendirilmesinde, hangi bireylerin çıkarılması gerektiğine ve bir sonraki aşamada hangi bireylerin üretilmesi gerekliliğine karar verir. Bu aşamada ıslahçı, elindeki popülasyondan kalitatif ve kantitatif karakterlere bakarak eleme yapar. Kalitatif ve kantitatif karakterlere ilişkin ayrıntılı bilgi üçüncü bölümde sunulmuştur. Islahçı saha ve laboratuvar çalışmaları sonunda bitki ölçütlerinin değerlendirilmesi aşamasına geçer. Bu aşamada bitki ıslahçısı, istatistik yöntemlere

başvurur. Bir bitki ıslahçısının genotip seçiminde sıklıkla kullandığı temel istatistik yöntemlerini içeren BRESA yazılımı bu amaç doğrultusunda hazırlanmıştır.

BRESA yazılımının temel içeriği olan, genotip seçimine yönelik bitki ıslahı programlarında sıklıkla kullanılan metotlara ilişkin açıklamalar ve formüller bundan sonraki bölüm içinde ayrıntılı olarak açıklanmıştır.





3. BİTKİ ISLAHININ İSTATİSTİKİ DEĞERLENDİRİLMESİ

Bitki ıslahı, Mendel genetiğinin prensipleri ile istatistiki yöntemlere dayalı olarak, bitki çeşitlerini çaprazlayarak ortaya çıkan yeni çeşit ya da genlerin arzu edilenlerin seçimini sağlayan ve bitki genetiğini binlerce gene bağlı olarak değiştiren bir uygulamadır [28]. Bitki Islahçısı yukarıda da belirtildiği gibi değişik populasyonları, çeşitleri ya da genotipleri kıyaslarken çalışmaların değerlendirilmesinde istatistik kurallarından yararlanmaktadır. Özetle, bitki ıslahçısı en iyi birey seçimi yaparken, elinde bulunan binlerce sayısal veriden anlamlı sonuçlar çıkartmak için istatistiki yöntemler kullanmaktadır.

Bu bölümde bitki ıslahçılarının en iyi bireyi seçebilmesi için, yapmış olduğumuz BRESA yazılımında mevcut olan istatistiki metotların tanımları, hesaplamaları ve yine aynı amaç için ıslahçılar tarafından sıklıkla kullanılan bazı paket istatistik programları anlatılmaktadır. Bölümün sonunda BRESA yazılımı ile bu paket programları karşılaştırılmaktadır.

3.1. İstatistik ve Biyometri Tanımı

İstatistik, belirli bir konunun incelenmesi için, gerekli olan verilerin bir araya getirilmesi, verilerin değerlendirilmesi ve bilgi halinde sunulmasını sağlayan disiplin olarak tanımlanmaktadır [29]. İstatistik kavramı ilk olarak Aristotle zamanında devletlerin askeri ve mali güçlerini saptayabilmek için bazı sayımlarda kullandığı, 16. ve 17. yüzyıllarda bu kavramın ilgi çekerek bazı bilim adamları tarafından araştırmaya başlandığı ve Galile tarafından şans oyunlarına yönelik bir çalışma ile literatüre kazandırıldığı görülmektedir. Regresyon ve korelasyon kavramları ilk olarak 19. yüzyılda Sir Francis Galton tarafından geliştirmiştir. İstatistik yöntemlerinin birçoğunun ilk fikirlerini ortaya koyan Sir Ronald A. Fisher ile istatistik bilimi hızla yayılmıştır [30].

İstatistiğin amacı, elde bulunan tüm örneği incelemek yerine, bu örneğe ait bir gruptan tahmin yapmaktır. Seçilen örnekler üzerinden yapılan tahminlerle para,

zaman, araç, vb. birçok kaynaktan tasarruf sağlanarak, verilerin güncelliğini kaybetmeden hızlı bir şekilde değerlendirilmesi sağlanır.

Biyometri, tıp, biyoloji ve diğer sağlık birimlerinde araştırma düzeninin oluşturulması, verilerin elde edilmesi ve değerlendirilmesi ile ilgilenen bilim dalıdır [31]. İstatistik sayısal verilerin, biyometri ise tıbbi sayısal verilerin bilimi olarak ifade edilmektedir. İlk biyometrinin temelleri 17. yüzyılda Graunt tarafından ölüm verileri toplanarak bireylerin yaşam olasılıklarının hesaplanması ile atılmıştır. 19. yüzyılda Fahr İngiltere’de istatistik bürosu kurarak biyometri çalışmalarını hızlandırmıştır [32].

3.2. Biyometride Kullanılan Temel Kavramlar

Biyometri tanıtıcı ve çıkarımsal olarak iki başlıkta incelenmektedir. Ancak bu başlıklar detaylı bir şekilde anlatılmadan önce biyometride kullanılan temel kavramlar verilmiştir.

Evren (kitle, yığın, populasyon); bilimsel araştırmalarda araştırmacının gerçekte ilgilendiği ve hakkında bir şeyler öğrenmek istediği geniş veri topluluklarına, gruplara, yığınlara veya olaylara işaret eden kavramdır.

Parametre; istatistiksel analizin önemli bir bileşeni olan parametreler, bir popülasyonu veya bunun bir kısmını karakterize eden herhangi bir sayısal miktardır. Bu, parametrenin bize tüm popülasyon hakkında bir şeyler söylediği anlamına gelir.

Örnekleme (Sample); araştırmacının ilgilendiği, hakkında fikir sahibi olmak istediği evrenden aldığı ve o evreni temsil ettiğini inanılan gruptur.

Tam Sayım; araştırmada veriler, evrenin tamamından toplanıyorsa Tamsayım olarak adlandırılır.

Değişken; üzerinde çalışılan grubun üyelerinin belli bir nitelik için farklı farklı değerler taşıma özelliğidir.

Bağımsız Değişken(ler); herhangi bir araştırmada araştırma konusu olan değişkeni etkilediği düşünülen diğer değişken(ler)dir.

Bağımlı Değişken(ler); herhangi bir araştırmada bağımsız değişkenlerin değişmesiyle değiştiği düşünülen diğer değişken(ler)dir.

Hipotez; bir araştırma probleminin çözümünde kullanılan, doğruluğu ispatlanmamış

ifadelerdir diğeri bir deyişle bir popülasyonun parametresi hakkında bir varsayımdır. Bu varsayım doğru veya yanlış olabilir. Hipotezler sıfır (yokluk, H_0) ve araştırma (alternatif, H_1) hipotezleri olmak üzere ikiye ayrılır. H_0 olarak ifade edilen yokluk hipotezinde değışkenler arasında farkın olmadığı kabul edilirken, H_1 olarak ifade edilen araştırma hipotezinde ise değışkenler arasında farkın olduğu kabul edilerek istatistiki hesaplamalar yapılır.

Veri; araştırma sorumuzu cevaplamamıza yarayacak mülakat, anket, gözlem veya ikincil bilgi kaynaklarından toplanan işlenmemiş, ham bilgidir. Ölçülen ve gözlenen olmak üzere İki türde veri vardır. Ölçülenlere ‘ölçüm’, gözlenenlere ‘skor’ denir.

3.3. Tanımlayıcı ve Çıkarımsal Biyometri

Biyometri çalışmaları, verilerin sınıflandırılması, yaygınlık miktarlarının matematiksel olarak gösterilmesi, grafik ve tablolar ile raporlamalarını içeriyorsa buna tanımlayıcı biyometri, seçilen veriler yardımıyla elde edilen bulgular ile tüm çalışma hakkında tahminde bulunma, yapılan hipotezleri test etme ve karar verme gibi konuları içeriyorsa buna da çıkarımsal biyometri denir [33]. Bitki ıslahı içinde kullanılan biyometri bu iki grupta da çalışarak, elinde bulunan verilerden hem tahmin hem de matematiksel sonuçlar ile anlamlı sonuçlar elde etmektedir. Tanımlayıcı ve çıkarımsal biyometri konuları birçok alt başlıkta incelenmektedir.

Bölümümüzün bundan sonraki aşamalarında, hazırlanan BRESA yazılımında bulunan yöntemlere ait alt başlıklar konu olarak seçilmiş ve detaylandırılmıştır

3.3.1. Tanımlayıcı biyometri

3.3.1.1. Aritmetik ortalama ve özellikleri

Bir grup için düzenlenmiş verileri, tüm veriyi tipik ya da temsilci olabilecek şekilde sayısal olarak ifadesine ortalama denir [34]. Varyantların (örneğı temsil eden sayısal değıer) toplamının varyant sayısına bölünmesi ile oluşan değıere genel ya da aritmetik ortalama denir [35].

N varyantlı bir örnekte X değışkenine ait ortalama:

$$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^N X_i}{N} \quad \begin{array}{l} N=\text{veri sayısı} \\ x_i=\text{grup içindeki } i. \text{ değıer} \\ \bar{x}=\text{grup ortalaması} \end{array} \quad (3.1)$$

formülü ile hesaplanır. Formül, örnek kümesindeki birinci elemandan N' inciye kadarki X değerlerinin toplamının N değerine yani toplam örnek sayısına bölünmek sureti ile genel ortalamasının hesaplanacağını anlatmaktadır.

Aritmetik ortalama özellikleri

- Ortalamalardan sapmaların toplamı sıfırdır.
- Ortalamaya göre ilk moment sıfırdır. Buna göre ortalama, dengedeki bir sistemin dayanak noktasıdır.
- Bütün varyantlara aynı bir X değeri eklenir, çıkarılır, çarpılır ya da bölünürse, bulunacak yeni ortalama eskisinde X kadar fazla, az, katı ya da 1/X katı olur.

3.3.1.2. Varyasyon ölçüleri

Bir örnek ya da popülasyon içindeki varyantlar arasında her zaman farklılık söz konusudur. İstatistikte buna varyasyon denir.

Ortalama sapma (OS)

Varyantların birbirlerinden değil, ortalamadan farkları önemsenir. Yani varyantların ortalamadan farklarına ait mutlak değerlerin ortalamasıdır ve 3.2'de yer alan formül ile hesaplanır [36].

$$OS = \frac{\sum_{i=1}^N |x_i - \bar{x}|}{N} \quad \begin{array}{l} N = \text{veri sayısı} \\ x_i = \text{grup içindeki i. değer} \\ \bar{x} = \text{grup ortalaması} \end{array} \quad (3.2)$$

Standart sapma (SS, σ)

Varyansın karekökü alınarak da hesaplanabilen bu ölçüt, istatistik bilimi ve olasılık kuramında, ana kütle, örneklem üzerindeki veri değerlerinin yayılımlarının yani örneklem üzerindeki sayıların birbirine olan yakınlığını ve uyumunu ölçen yöntemdir [37].

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N |x_i - \bar{x}|^2}{N}} \quad \begin{array}{l} N = \text{veri sayısı} \\ x_i = \text{grup içindeki i. değer} \\ \bar{x} = \text{grup ortalaması} \end{array} \quad (3.3)$$

Varyans (S^2)

İstatistikte olasılık dağılımında kullanılan bu değer, bireysel sayıların veri seti içinde birbirleriyle olan ilişkilerinin görülmesini sağlar. Ortalama, bir dağılımın içindeki odak konum noktasını bulmaya çalışırken, varyans değerlerin ne ölçekte veya ne ölçüde yaygın olduklarını göstermeyi hedefler [38].

$$S^2 = \frac{\sum_{i=1}^N |x_i - \bar{x}|^2}{N-1}$$

N= veri sayısı
 x_i = grup içindeki i. değer
 \bar{x} = grup ortalaması

(3.4)

Varyasyon katsayısı (Değişim katsayısı, CV)

İki ayrı populasyonun kullanıldığı araştırmalarda, bu populasyonların aritmetik ortalamaları aynı olmak şartıyla, varyansı küçük olan populasyonun homojenliğinin daha fazla olduğu söylenebilir. Ancak aynı özelliğe sahip populasyonun, aritmetik ortalamaları farklıyken varyansa bakarak homojen populasyonu saptamak yanıltıcı olur. Yani iki veri yığımına ait varyasyon verilerinin büyüklüğünden doğan değişikliği standardize ederek karşılaştırmada değişim katsayısı veya varyasyon katsayısı adı verilen bir dağılım (yayılım) ölçüsü kullanılır [39]. Değişim katsayısı CV % ile gösterilir ve her grup için ayrı hesaplanan standart sapmanın grup ortalamasına oranı ile hesaplanır. CV katsayısının küçüklüğü çalışmanın güvenilirliğinin yüksek ve gözlem değerlerinin homojen olduğunu gösterir [40].

$$CV = \frac{\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2}{N-1}}}{\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^N x_i}{N}}$$

x_{ij} = j. örnekteki i. gözlem değeri
 \bar{x} = veri setinde yer alan bütün gözlemler için genel ortalama
k = toplam grup sayısı
 n_j = populasyon j'den elde edilen örnek gözlem sayısı

(3.5)

Bitki ıslah programlarında elde bulunan populasyonlardaki genotip verimleri öncelikle genel ortalamaya bakılarak sıralanır. Ancak bu sıraya göre seçim yapmak, bazı önemli genotiplerin kaçırılmasına neden olmaktadır. Çünkü bu tarz bir seçim ile sadece gruba ait dağılımın orta noktasına göre bir seçim yapılmış olunur. Bundan dolayı BRESA yazılımında varyans analizine de yer verilmiştir.

3.4. Varyans Analizi

İngiliz genetikçi ve istatistikçisi R.A. Fisher tarafından 1920’lerde geliştirilen varyans analizi, iki ya da daha fazla grubun tek bir değişken açısından ortalamaları arasında farkın istatistiki olarak bir öneminin olup olmadığını analiz eden yöntemdir [41]. Bu yöntem her bir grup içinde var olan çeşitlilikle, farklı gruplar arasındaki çeşitliliği yani varyansı kıyaslar. Çeşitli hesaplamalar sonucunda bir F değeri hesaplanır. Bu hesaplamalara ilişkin formüller Çizelge 3.1’de verilmiştir [42].

Çizelge 3.1: Varyans analizine ilişkin formüller.

Genel Kareler Toplamı (GKT)	$\sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^{n_j} (x_{ij} - \bar{x})^2$	x_{ij} = j. örnekteki i. gözlem değeri \bar{x} = veri setinde yer alan bütün gözlemler için genel ortalama k= toplam grup sayısı n_j = popülasyon j’den elde edilen örnek gözlem sayısı
Gruplar Arası Kareler Toplamı (GAKT)	$\bar{x}_j = \frac{\sum_{i=1}^{n_j} x_{ij}}{n_j}$	n_j = popülasyon j’den elde edilen örnek gözlem sayısı, \bar{x}_j = j. grup ortalaması
Gruplar İçi Kareler Toplamı (GIKT)	$\sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^{n_j} (x_{ij} - \bar{x}_j)^2$	x_{ij} = j. örnekteki i. gözlem değeri k= toplam grup sayısı n_j = popülasyon j’den elde edilen örnek gözlem sayısı \bar{x}_j = j. grup ortalaması
Grup İçi Ortalama Karesi (GIOK)	$GIOK = \frac{GIKT}{n - k}$	k= toplam grup sayısı n= örnek gözlem sayısı
Gruplar Arası Serbestlik Derecesi (GASD)	k-1	k= toplam grup sayısı
Gruplar İçi Serbestlik Derecesi (GISD)	n-k	k= toplam grup sayısı n= örnek gözlem sayısı
F Değeri	$F = \frac{GAOK}{GIOK} = \frac{GAKT/k - 1}{GIKT/n - k}$	k-1= payın serbestlik derecesi n-k=paydanın serbestlik derecesi

Varyans analizinde amaç, iki ya da daha fazla grubun tek bir değişken açısından karşılaştırılmasıdır. Burada ıslahçı için değişkenler genotipe ait verimlerdir. Tablo 3.2’de ANOVA için özet tablosu verilmiştir.

Çizelge 3.2: ANOVA özet formül tablosu.

Değişim Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Ortalama Kare	F Değeri
Gruplar Arası	k-1	GAKT	$\frac{GAKT}{k-1}$	$\frac{GAKT/k-1}{GIKT/n-k}$
Gruplar İçi(Hata)	n-k	GIKT	$\frac{GIKT}{n-k}$	
Genel	n-1	GAKT + GIKT		

Varyans analizini geliřmesi, arařtırma metotlarının da geliřmesine yol açmıřtır. Latin karesi, tesadüf blokları ve tesadüf parselleri gibi ıslah çalıřanlarının arazi planlarını oluřturan deneme planlarının geliřmesi ile daha karmařık olan bölünmüř parseller, eksik bloklar, kısmi tekerrürlü ve ortogonal olmayan denemeler gibi planlar geliřtirilmiřtir [43]. Bitki ıslahı çalıřmalarında sıklıkla tesadüf blokları deneme desenine göre denemeler kurulur. Bu yöntemle göre öncelikle bir model oluřturulur. Bu model,

$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ij}$ gibi ifade edilir. Burada,

Y_{ij} = i inci muameleye ait j inci tekerrürün gözlem deęerini,

μ = Genel popülasyon ortalamasını,

α_i = i inci muamele etkisini, bloklar arası varyans

β_j = j inci blok etkisini,

e_{ij} = i inci muamelenin j-inci tekerrürüne ait tesadüfi hatayı, anlatmaktadır [43].

Modele göre bir genotipin deęeri, genel varyans, bloklar arası varyans ve çeřitler arası varyansın toplamına eřit olduęu anlařılmaktadır.

Islahçı modele göre yaptıęı varyans analizleri sonucunda, test daęılımlarına göre hipotezini kurar.

3.5. Test Dağılımları

Varyansın homojenliği test dağılımları sonuçlarına bakılarak yapılır. Bu şu anlama gelmektedir, eldeki örneğin belirli bir hipoteze göre düşünülen popülasyondan rastgele seçilmiş aynı büyüklükteki örneklerden biri olma veya söz konusu popülasyonu temsil etme ihtimalini bulmak için test dağılımlarından yararlanır.

Bu testleri; Z-Dağılımı, t-Dağılımı, Khi-Kare Dağılımı ve F-Dağılımı olarak sıralamak mümkündür. BRESA yazılımında, bitki ıslahçılarının sıklıkla kullandıkları F dağılımından yararlanılmıştır.

3.5.1. F-dağılımları

F dağılımı sürekli bir dağılımdır ve aldığı değerler sıfır ile artı sonsuz aralığındadır. Bulunan F değeri için iki durumu içeren bir hipotez kurulur. Bu durumların;

H_0 : Ortalamalar arasında fark yoktur,

H_1 : En az iki ortalama arasında bir farklılık vardır ve bu farklılık anlamlıdır şeklinde olduğu söylenebilir.

H_0 hipotezinin doğru olması durumunda sonuç bire yakın bir değer alır ancak H_0 hipotezinin doğru çıkması durumunda $F > 1$ şeklinde bir değer alması beklenir [44]. Bulunan F değeri için, H_1 durumu ortaya çıkarsa kurulan hipotez içindeki ortalamalar arasında istatistiksel bir farklılığın olduğu söylenir ve farklılığın belirlenmesinde AÖF, Duncan vb. metotlardan faydalanılır. Genellikle tesadüf blokları deneme desenine göre çalışmasını sürdüren bitki ıslahçısı, genotip seçimi için AÖF yöntemini kullanır. Bu bakımdan çalışmamıza bu yöntem eklenmiş ve anlatılmıştır.

BRESA yazılımında F değeri şu adımlarla hesaplanmıştır;

1. Matlab finv fonksiyonu kullanılarak .01 ve .05 önemliliğe göre F değeri hesaplanmış ve bu veri tabanına 'FTablo01' ve 'FTablo05' tablo isimleri ile kayıt edilmiştir.

```
>> alfa=0.05;
```

```
for i=1:120
```

```
for j=1:120
```



```
F(j,i)=finv(1-0.05,i,j)
```

```
end
```

```
>> alfa=0.01;
```

```
for i=i:120
```

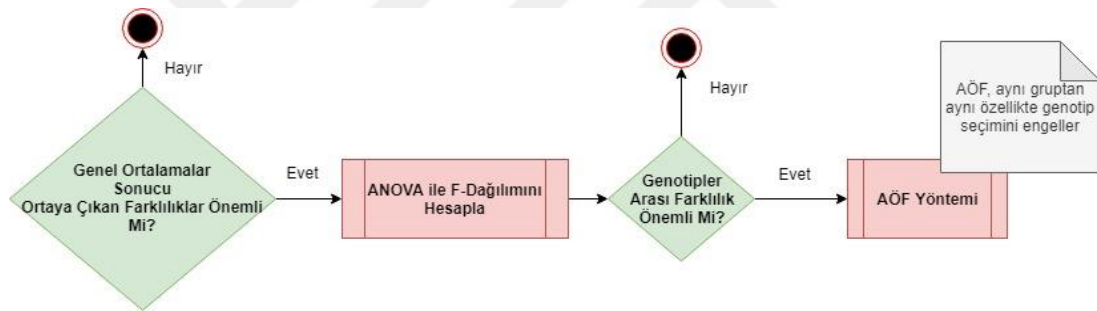
```
for j=1:120
```

```
F(j,i)=finv(1-0.01,i,j)
```

```
end
```

2. Veri tabanında oluşturulan F değeri kullanılarak GAsD ve GISD'nin kesişimine ait değer ile ANOVA sonucu oluşan F değeri kıyaslanmıştır. Eğer tablo değeri, ANOVA değerinden büyükse işlem durdurulmuş, küçükse AÖF hesaplanmıştır.

Buraya kadar anlatılan kısımları, bitki ıslahçı açısından değerlendirildiğinde aşağıda belirtilen iş akışı ortaya çıkmaktadır.



Şekil 3.1: Islahçının genotip seçiminden kullandığı istatistik yöntemlere ilişkin iş akışı diyagramı.

3.6. Asgari Önemli Farklılık (Least Significant Difference-AÖF)

Varyans analizleri sonucunda hesaplanan F değeri '1' den küçükse yani gruplar arasında farklılık yoksa işlemler sona erer. Ancak F değeri '1' den büyükse bu gruplar arasında farklılığın olduğu anlamına gelir ve bu farklılığın hangi grup ya da gruplar arasında olduğu farklı metotlarla araştırılabilir. Bu yöntemlerden biride AÖF yöntemidir. 1935 yılında bilim insanı Fisher tarafından önerilen yöntem, varyans analizi sonucunda kontrol hipotezinin kabul edilmemesi şartı ile grup ortalamaları arasındaki olası tüm ikili kıyaslamaları yapmak için kullanılmaktadır [45].

$$AÖF = \pm t_{\alpha/2} \sqrt{2(SX^2)} \quad (3.6)$$

formülü ile bulunan AÖF değeri, iki gruba ait ortalamaların mutlak farktan büyük ya da aynı sonuçlanması ile bu gruplara ait ortalamaların farklarının istatistiki olarak önemli olduğu sonucuna varılır [46].

Formül 3.6'ya göre, AÖF; istatistiki olarak, iki gruba ait ortalamaların önemli (asgari) farkı, $s_{\bar{X}}$; ortalamaların standart hatasıdır ve $\sqrt{GİKO/n}$ şeklinde hesaplanır. Varyans analizi tablosunda yer alan GİKO gruplar için kareler (hata) ortalaması, n ise ortalamaların hesaplandığı tekrar (tekerrür) sayısıdır. $t_{\alpha/2}$ ise GİSD seviyesindeki değere göre t cetvel değeridir [46].

Bitki ıslahçısı, en iyi bireyi belirlemek için elinde bulunan genotipleri farklı lokasyonlarda değerlendirir. Bu değerlendirmelerinde aynı grupta olan genotipler için tekrar çalışması zaman ve maliyet açısından kayıptır. Bu kayıpları engellemek için ıslahçı AÖF yöntemini kullanır ve belirlediği lokasyonda aynı harf ile belirlenen (aynı grupta olan) genotiplerden birini seçerek zaman ve maliyetten kazanç sağlar.

Yapılan BRESA sistemi ile bitki ıslahçısı, genotipleri hem farklı lokasyonlarda hem de tüm lokasyonların birleştirilmiş hali ile (Birleşik Analiz), AÖF yöntemini kullanarak, genotip seçimi yapma imkânı bulmaktadır.

3.7. Kalıtım Derecesi

Bitkilerin kalıtsal varyasyonları melezleme, mutasyon ve poliploidi sonucunda meydana gelmektedir. Islahçı eğer elinde bulunan popülasyondan istediği varyasyonu elde edemezse bu yollara başvurur. Bunun için kalıtım mekanizmasının bilinmesi gerekmektedir. Ancak bu kavram kendi başına ayrı bir bilim olmasından dolayı, çalışmamızda bilinmesi gereken temel kavramlar açıklanarak, yer verilmektedir.

Karakter, bireylerin gen etkilerinin fenotipik olarak görünümüdür. Bitkilerde karakter; tane rengi, tane büyüklüğü, bitki boyu, vb. özellikler olarak gösterilebilir. Karakterlerin meydana gelmesinde gen- çevre etkileşimleri (interaksiyonları) unsuru da vardır.

Fenotip, bir organizmanın karakter ya da karakterler içindeki dış görünüşünün ifadesidir.

Genotip, organizmaya ait genetik içeriğe denir.

Gen, canlıların karakterlerini belirten kromozomlar üzerinde bulunan kalıtım birimleridir.

Kromozomlar, DNA, RNA, histon ve proteinlerin bir araya gelmesi ile oluşmaktadır.

Karakterler kalitatif ve kantitatif olmak üzere ikiye ayrılır. Kalitatif karakterler, Mendel yasalarına göre izlenebilen ve dölden dölle geçen karakterler olarak tanımlanmaktadır. Bitkiye ait çiçek rengi, yaprak şekli gibi örnekler kalitatif karakterlerin örnekleri olabilir. Kantitatif karakterler, kalıtımı basit olmayan karakterlere denilmektedir ve kalitatif karakterlere göre çevreden daha fazla etkilenirler. Verim, bitki boyu, bin dane ağırlığı vb. özellikler örnek olarak verilebilir. Bitki ıslahı çalışmalarında tarımsal yönden de önemli olan pek çok karakter kantitatif karakter olarak yer bulmaktadır.

Kantitatif karakterler yönünden popülasyon içindeki bitkiler farklılık gösterebilirler, bu farklılığa varyasyon denilmektedir ve bu varyasyon, bitkinin sahip olduğu genetik yapıdan ve çevre koşullarından ileri gelmektedir. Yani bireyler arasındaki farklılık ya genetik yapıdan ya da çevresel faktörlerden kaynaklanabilir. Eğer bu farklılık çevresel faktörlerden kaynaklıysa, seleksiyon yapılması ıslahçıya bir şey kazandırmaz. Bir karakterin yavru döllere geçme oranına kalıtım derecesi denir. Başka ifade ile genel çeşitlilik içindeki genetik çeşitliliğin payına kalıtım derecesi denir.

Kalıtım derecesi biyometride determinasyon katsayısı, yani genotipin fenotipi belirtme katsayısına denir.

Kalitatif karakterlerin kalıtım derecesi çok yüksek olup bunların dölleri de benzer özellikleri gösterirler. Örneğin buğdayın külahlı olup olmadığını fenotiplere bakarak ayırmak mümkündür. Ancak verim, bitki boyu, vb. karakterlerin seçimi fenotip seçimi ile anlaşılacağı gibi bu özellikler çevre şartlarından da etkilenmektedirler.

Verim, sap sağlamlığı gibi ıslahçı için önemli olan karakterlerin seçiminde, bu karakterlerin oluşumunda çevreden gelen etki ile genetik yapının etkisini kıyaslamak önemlidir. Bu bakımdan BRESA yazılımında, ANOVA raporlama menüsüne 'Geniş Anlamlı Kalıtım Derecesi' parametresi eklenerek, ıslahçının yapmış olduğu çalışmada aranan karakterin etkisinin çevresel faktörden ne kadar etkilendiğini görme şansı verilmiştir.

Kalıtım derecesi istatistik değeri bitki ıslahı çalışmalarında genotipin fenotipi tayin etme derecesi olarak da tanımlanmaktadır. Bu değer genel olarak seçilen genotipin etkisinin çevre faktörü ile olan ilişkisi anlamına gelmektedir. Kalıtım derecesinin bir değerine yakınlığı, genotipin çevreden gelen faktörden fazla etkilenmediği anlamına gelmektedir ve 3.7 ve 3.8’de belirtilen formüller ile hesaplanmaktadır [47].

$$h^2 = \frac{V_G}{V_F} \quad h^2=\text{kalıtım derecesi} \quad (3.7)$$

$$V_F = V_G + V_E \quad V_G=\text{genotipik varyans} \quad (3.8)$$

$$V_F=\text{fenotipik varyans}$$

$$V_E=\text{çevre varyansı}$$

Formül 3.7’de görüldüğü gibi kalıtım derecesinin büyüklüğü genotipin katkısının, küçüklüğü ise çevresel faktörün fazlalığı anlamına gelmektedir. Buradan yola çıkarak eğer çevrenin etkisi hiç olmasaydı yani $V_E = 0$, $h^2 = 1$ sonucuna varıldığı görülmektedir. Bu sonuç bize, ‘İdeal Çevre’ olarak adlandırdığımız raporlamayı yapmamızı sağlar. Bu raporlama ile ıslahçı, iyi çevre, kötü çevre ve ideal çevrede genotiplerin verim değerlerini görebilmektedir. İyi çevre; tüm koşulların (su, hava toprak vb.) en yüksek, kötü çevre; tüm koşulların en az seviyede, ideal çevre; tüm koşulların ortalama da olduğu anlamına gelmektedir. İdeal Çevre Raporlaması ayrıca ıslahçının çalışmalarını yürüttüğü tüm lokasyonlar göz önünde bulundurularak yapılmakta ve hangi lokasyonun ideal lokasyonu ve bu lokasyonda en iyi genotipi görmektedir. Bu sayede bitki ıslahçısı, seçmiş olduğu genotipi ticarileştirme aşamasında ekilecek çevre şartlarına göre verim değeri ile ilgili iyi, orta, kötü şeklinde seviyelerde bilgi verme imkânı bulacaktır.

3.8. Stabilite

Stabilite kavramı bitki ıslahı çalışmalarında farklı lokasyonlara ait genotipin her yerde durağan olup olmadığını yani genotipin değişkenliğini göstermek için yapılmaktadır. Bu değer, genotipin çevre ile olan etkisinin istatistiki olarak belirlenmesinde kullanılan doğrusal regresyon analizi ile de hesaplanmaktadır [48]. Doğrusal regresyon $y=a+bx$ şeklinde bir fonksiyona sahiptir. Buradaki ‘a’ ve ‘b’ katsayılarının hesaplanması için gerekli formüller Çizelge 3.3’te verilmektedir. Regresyon katsayısı olarak adlandırılan ‘b’ katsayısı, bir değerine ne kadar yakın ve regresyon sapmaları ne ölçüde küçükse o genotip o ölçüde stabil kabul edilmektedir

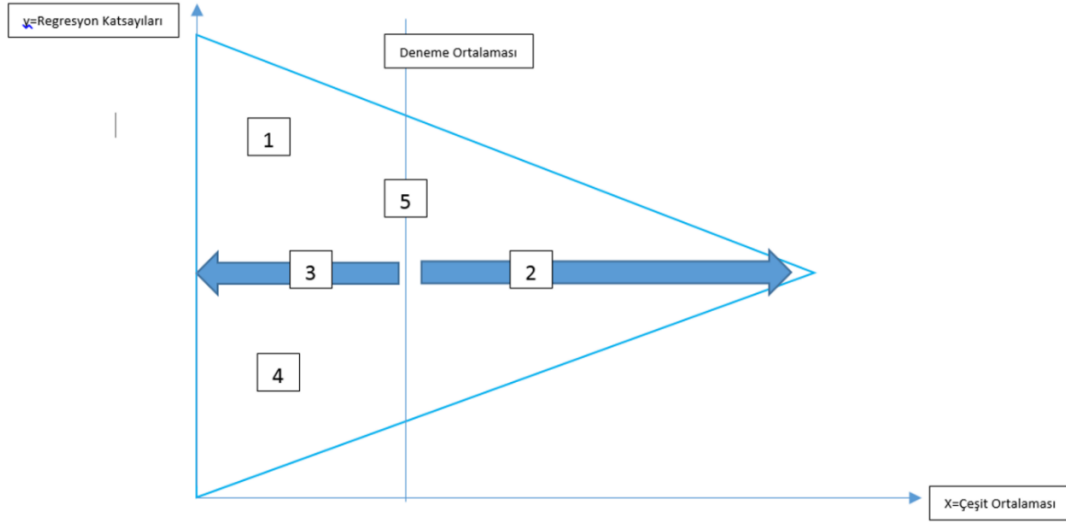
Çizelge 3.3: Doğrusal regresyon hesaplamaları.

Açıklama	Formül	Değişkenlerin açıklamaları
X Ortalamalardan Ayrılış Kareler Toplamı (XOAKT)	$\sum_{i=1}^n X_i^2 - n\bar{x}^2$	n= veri sayısı x_i = grup içindeki i. değer Y_i = grup içindeki i. değer
Y Ortalamalardan Ayrılış Kareler Toplamı (YOAKT)	$\sum_{i=1}^n Y_i^2 - n\bar{Y}^2$	
XY Çarpımlar Toplamı (XYÇT)	$\sum_{i=1}^n X_i Y_i - (n\bar{X}\bar{Y})$	
X Ortalamalar (\bar{X})	$\frac{\sum_{i=1}^n X_i}{n}$	
Y Ortalamalar (\bar{Y})	$\frac{\sum_{i=1}^n Y_i}{n}$	
b (Regresyon Katsayısı)	$\frac{\sum_{i=1}^n X_i^2 - n\bar{x}^2}{\sum_{i=1}^n X_i^2 - n\bar{x}^2}$	
a (Regresyon Katsayısı)	$\bar{Y} - b\bar{X}$	

Bütün bitki ıslahı çalışmalarının en önemli amacı, verimi yüksek ve farklı çevre şartlarından çok etkilenmeyen stabil çeşit adayları elde etmektir. Bu amaç doğrultusunda çalışılan genotipler birden fazla çevre şartlarında (lokasyonda) veya yılda denenmektedir. Ancak bu kombinasyonlar sonucunda ortaya çıkan genotip x çevre interaksyonunun genotiplere ait verim performansını belirlenmesini zorlaştırmaktadır. Bu durumda genotipe ait verim performansını belirlemek için regresyon katsayısı, ortalama verim, belirleme katsayısı, regresyondan sapma kareler ortalaması, regresyon sabitesi ve varyasyon katsayısı gibi çeşitli stabilite parametrelerinden yararlanılmaktadır [49].

Comstock ve Moll'un 1963 yılında yapmış oldukları çalışmalarında ilk defa, farklı çevrelerde yetiştirilen genotiplerin adaptasyon ve stabilite özelliklerinin regresyonunu analizi ile tespit edilebileceğini açıklamışlardır [50]. Yine aynı

yılda Finlay ve Wilkinson, çevreye ait her bir ortalamanın genel ortalamadan farkı, çevre indeksi olarak tanımlamışlar ve adaptasyon ölçüsü olarak, çeşitlerin ortalama verimlerinin çevre indeksi üzerine doğrusal regresyonunu (b_i) kullanmışlardır [51]. Doğrusal regresyon parametresi olan ‘ b_i ’ ıslah programlarında sıklıkla tercih edilmesinden dolayı, BRESA yazılımında ‘Stabilite Raporlaması’ içinde bu parametreden yararlanılmıştır.



Şekil 3.2: Regresyon katsayısı ve deneme ortalamasına göre çeşitlerin uyum yetenekleri.

Şekil 3.2’de Finlay ve Wilkinson (1963)’un yapmış oldukları regresyon katsayısı ve deneme ortalamasına göre genotiplerin uyum yetenekleri gösterilmiştir [51]. Bu tablodan yararlanılarak yazılıma genotiplerin hem doğrusal hem de noktasal stabilite grafikleri eklenmiş bu sayede çalışılan tüm genotiplerin iyi çevre koşullarında özel (Şekil 3.2’de 1 ile ifade edilen bölgeler), tüm çevre koşullarına iyi (Şekil 3.2’de 2 ile ifade edilen bölgeler), tüm çevrelere kötü (Şekil 3.2’de 3 ile ifade edilen bölgeler), kötü çevre koşullarında özel (Şekil 3.2’de 4 ile ifade edilen bölgeler) adaptasyonlarının görülmesi sağlanmıştır.

3.9. Bitki Islahında Sıklıkla Kullanılan Yazılımlar

Bitki ıslah araştırmacıları, en iyi bireyi belirlemek için toplamış oldukları verileri anlamlı bilgilere dönüştürmek için çeşitli istatistik programlarından yararlanırlar. Tarım alanında sıklıkla kullanılan paket programları ve özellikleri aşağıda sıralanmıştır.

1. MSTAT-C: Michigan State Üniversitesi tarafından geliştirilen bu yazılım, saha ve laboratuvar arařtırmalarını basitleřtirmek ve geliřtirmek için hazırlanmıřtır. Arařtırmacılar bu yazılımı deney tasarımı oluřturmak, etiket yazdırmak ve veri toplamak, dzenlemek ve analiz etmek için kullanabilirler.

2. MİNİTAB: 40 yıldan fazla arařtırmacılara hizmet veren yazılım, İngiltere, Fransa ve Avustralya'da yan kuruluřları bulunan State College, Pennsylvania merkezli bir řirketin ürünüdür. Bu ürün ile çeřitli istatistik analizleri yapılmaktadır.

3. SAS: SAS Enstitüsü tarafından 1966-1976 yılları arasında Kuzey Carolina Eyalet Üniversitesi'nde, geliřmiř analitik, çok deęiřkenli analiz, iř zekâsı, veri yönetimi ve tahmine dayalı analitik için geliřtirilen bir yazılım paketidir. Bu yazılımın kütüphaneleri ile komutlar yardımıyla istatistik analizleri yapılabilmektedir.

4. R: R İstatistiksel Hesaplama Vakfı tarafından desteklenen grafik çizimleri içeren bir programlama dili ve açık kaynaklı bir yazılım ortamıdır. R dili, veri madencileri, istatistik yazılımı ve veri analizi geliřtirmek için istatistikçiler tarafından sıklıkla kullanılmaktadır. R'in sahip olduęu bir takım paralı kütüphaneler ile çeřitli istatistik analizleri yapmak mümkündür.

5. Genstat: Eęitim ve arařtırmalar için kullanılan ilk istatistik sistemlerden biridir. Rothamsted Experimental Station' da 1960 yılından bu yana, tarımda deneysel tasarım ve veri analizi için geliřtirilmiřtir ve paralıdır.

6. SPSS: Daha çok sosyal bilimciler tarafından tercih edilen yazılım, 1968 yılında SPSS Inc. tarafından çalıřmalarına bařlamıř ve 2009 yılında IBM tarafından satın alınarak günümüze kadar gelmiřtir.

7. JMP: SAS Enstitüsü tarafından geliřtirilen istatistiksel analiz için kullanılan bilgisayar programları paketidir. SAS yazılımının farklılařması amaçlanan bu paket programında komutların yerini kullanıcı dostu menüler almıřtır.

8. CROPSTAT: Veri yönetimi ve deneysel verilerin temel istatistiksel analizi için bir bilgisayar programıdır. Bitki ıřlah çalıřmalarına özel olarak hazırlanmıř istatistik analizleri içeren bu yazılım, ücretsizdir.

9. TARİST: Ege üniversitesi tarafından, ıřlah programları için tasarlanmıř bu paket yazılım řu anda eriřime açık deęildir.

BRESA yazılımının, yukarıda belirtilen paket programlarından öne çıkan en büyük

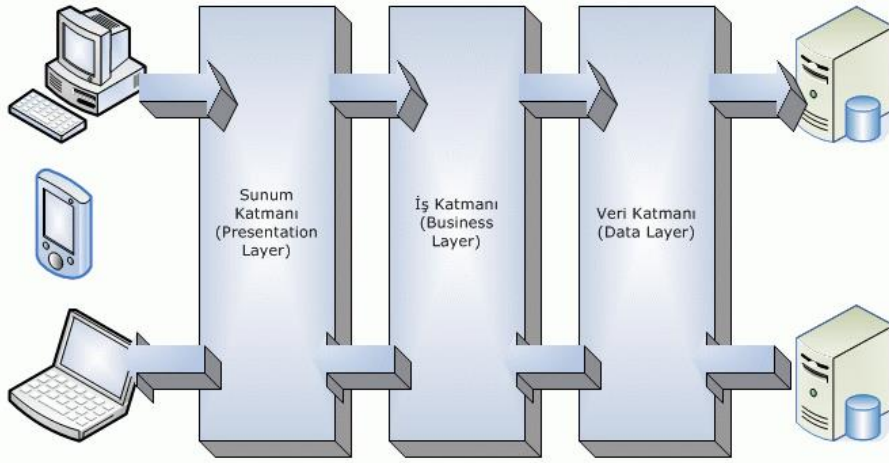
özelliđi ücretsiz ve çevrim içi çalışıyor olmasıdır. Ayrıca BRESA' nın yerli bir yazılım olması ve sadece tarımsal faaliyetler için kullanılması ve raporlamaların bu yönde oluşturulması (İdeal Çevre Raporlaması, Çoklu Lokasyonda AÖF) diđer önemli özelliđidir. BRESA yazılımı kullanıcı dostu olarak tasarlanmıştır. Yukarıda belirtilen paket programlarının pek çođu komutlar vasıtasıyla çalışmaktadır. Bu da bitki ıslah çalışmanı için ayrı bir yük getirmektedir. BRESA çalışmasında yer alan analizler için herhangi bir komuta gerek duyulmadan tek bir menü aracı ile yapılabilmektedir.



4. GELİŞTİRİLEN ISLAH WEB YAZILIMI: BRESA

BRESA, bitki ıslah programında çalışan kullanıcılar için tasarlanmış çevrim içi bir uygulamadır. Bitki ıslah çalışmalarının temeli, istenilen fenotip ve genotip özelliklerinin verim ve çevre şartlarına göre karşılaştırılması esasına dayanmaktadır. Bu sonuçların tahmini değerlendirilmesinde çeşitli istatistik paket programları kullanılmaktadır. Kullanılan bu programlar bir ıslahçının verim ile yapılacak genotip seçimleri için gerekli analiz ve raporlama kabiliyetlerini tam olarak karşılamamakla birlikte birçoğu ücretli ve yurt dışı kaynaklıdır. BRESA yazılımı ile bitki ıslahçısı, toplamış olduğu bilgileri kullanarak, çeşitli raporlamalar vasıtasıyla genotip seçimi yapma şansı kazanmaktadır. Ayrıca yazılımda kullanılan istatistik programlarında yer almayan ‘İdeal Çevre’ ve ‘Çoklu Lokasyonlarda LSD Analizi’ menüleri ile farklılık yaratmaktadır. İnternet ara yüzümüz www.bresa.yalova.edu.tr adresinden yayınlanmaktadır. Bu bölümde çalışmanın yazılımsal ve içeriksel ayrıntıları anlatılmaktadır.

Geliştirilen BRESA web yazılımı, Microsoft Visual Studio 2013 platformunda NET yazılım dili kullanılarak hazırlanmıştır. Yazılım ‘3 katmanlı mimari’ şeklinde tasarlanmıştır. Çalışmada katmanlı mimari kullanımının temel nedeni, kodların daha küçük parçalara ayırarak kolay yönetiminin ve güncellenmesini sağlamaktır [52]. Bu üç katman Şekil 4.1’de belirtildiği gibi veri, iş ve sunum katmanı olarak ayrılmıştır. Bu katmanlara ilişkin bilgiler aşağıda verilmiştir.

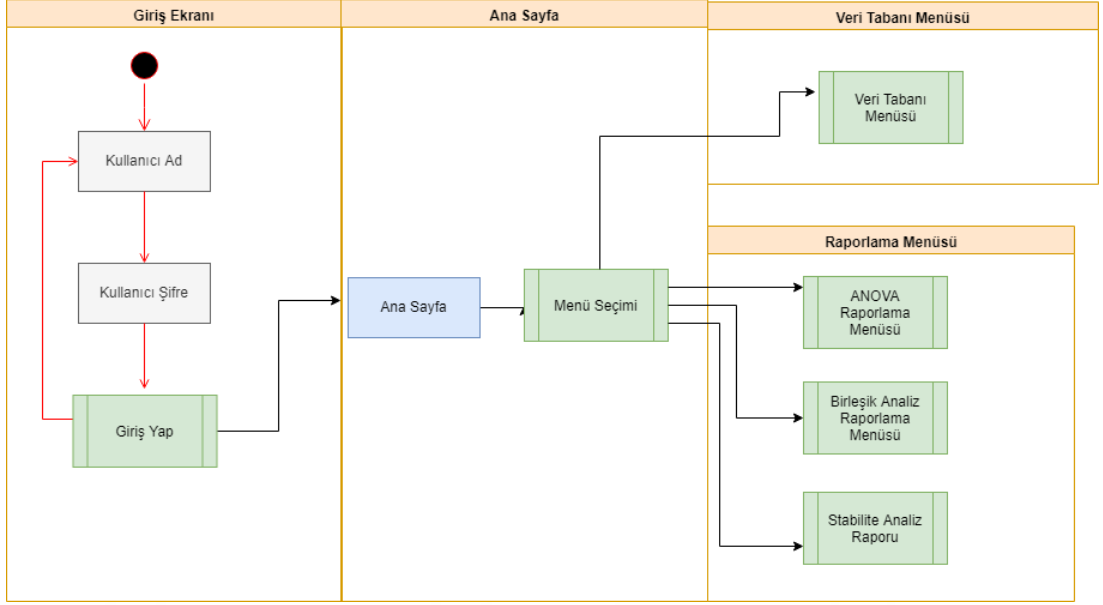


Şekil 4.1: 3 katmanlı mimari.

Veri Katmanı; verilerin veri tabanı sistemine getirilmesi ve gelen verilerin hazırlanan prosedürler ve fonksiyonlar doğrultusunda kullanıcı tarafından seçilen işlemin gerçekleşeceği kısımdır. Bu katmanda verilerin tutulması SQL Server 2008 R2 platformu kullanılarak yapılmıştır. Veri tabanı uygulaması olarak Nesne-İlişkisel veri tabanı modeli kullanılmıştır. Bu sayede veri tabanı esnek ve güncellenebilir özelliklerine sahip olmuştur [53]. Veri tabanımız bu model kullanılarak tasarlandığı için, her zaman güncel ve değişikliklerin kolay yapılmasına imkân verecektir.

İş Katmanı; BRESA yazılımını oluşturulan sınıflar bu katmanda tanımlanmıştır. Yazılım nesne tabanlı (object oriented programming) ilerlediği için her bir nesne sınıf adı altında toplanıp burada işlevsellik kazandırılmıştır [54]. Bu sınıflar Tablo, Veritabanı, Login, Loglama, Uye, MailGonder şeklinde adlandırılmaktadır. Tablo sınıfı kullanıcının her çalışmasına ait verilerin kayıt altına alındığı kısımdır. Login, Loglama, sınıflarında kullanıcı kayıtlarının oluşturulması site içinde kullanıcının yaptığı işlemlerin kayıt altına alınması ve sisteme giriş çıkış izinlerinin verilmesini sağlayan sınıflardır. MailGonder sınıfı sistem için hazır mail şablonlarını içermektedir. Bu sınıf yardımıyla kullanıcılara web sitesinden mailler gönderilmektedir. Veritabanı sınıfında ise kullanıcı çalışmasına ait verilere ilişkin fonksiyonları yapması için oluşturulmuştur.

Sunum Katmanı; yazılımın kullanıcılarla buluştuğu katman burasıdır. Bu katmanda kullanılan ara yüz Bootstrap web seçenekleri ile oluşturulmuştur. Bu sayede internet kullanıcısı hangi ortamdan (cep telefonu, tablet, bilgisayar vb.) sistemimizi ziyaret ederse etsin düzgü, esnek ve şık bir ara yüz ile karşılaşmaktadır. Kullanıcıların internet sitemize ait akış diyagramı Şekil 4.2' de sunulmaktadır.



Şekil 4.2: BRESA yazılımı iş akışı diyagramı.

Yukarıda gösterilen akış diyagramında geçen menülere ilişkin açıklamalar veri seti başlığından sonra detaylandırılmıştır.

4.1. Veri seti

Geliştirilen BRESA web yazılımı, ıslahçının en iyi genotip seçimi için toplamış olduğu verileri içermektedir. Bu veriler beş öznelik altında toplamak mümkündür. Bu kayıtlar öncelikle Excel dosyasına, metin değerleri sayısal verilere dönüştürülerek, aktarılması gerekmektedir. Excel dosyasına ilişkin bilgiler ve örnek veri Çizelge 4.1’de mevcuttur.

Çizelge 4.1: Islahçının genotip seçiminde kullandığı verilere ait Excel dosya örneği.

yıl	loc	gen	rep	ver
2018	1	1	1	426,3
2018	1	2	1	400
2018	1	3	1	516,7
2018	1	4	1	492,8
2018	1	5	1	369,1
2018	1	6	1	365

Çizelge 4.1’de geçen öznitelik isimleri ve ne amaçla kullanıldığı aşağıda belirtilmiştir.

- yıl: Çalışmanın hangi yılda yürütüldüğüne dair bilgilerin tutulduğu kısımdır.
- loc: Genotip seçim çalışmaları ya farklı yerlerde ya da aynı yerde farklı yıllarda yapılmaktadır. Bu nedenle yıl verileri ile birde loc verileri tutulmaktadır. loc ‘Lokasyon’ kelimesinin kısaltılmış şeklidir ve çalışmanın yürütüldüğü yeri ifade etmektedir.
- gen: Genotip kelimesinin kısaltılmışı olarak kullanılan bu kolonda çalışmaya ait bireyleri ifade etmektedir.
- rep: Islah çalışmaları tekerrürlü çalışmalardır. Tekerrür yani tekrar, aynı muamelenin uygulandığı birden fazla deneme ünitesine verilen isim olarak tanımlanmaktadır [43].
- ver: Verim kelimesinin kısaltılmış halidir ve çalışmadaki aynı satırda yer alan lokasyondaki bireyin belirtilen tekrardaki verim değeri için kullanılmaktadır.

Oluşturulan Excel dosyasında bulunan sayfaya ayrıca ‘sayfa’ adının verilmesi gerekmektedir. Bu Şekil4.3’ te gösterilmektedir.

	A	B	C	D	E	F
1	Yıl	loc	gen	rep	verim	
2	2019	1	1	1	567,9	
3	2019	1	1	2	513,8	
4	2019	1	1	3	538,2	
5	2019	1	1	4	523,4	
6	2019	2	1	1	515	
7	2019	2	1	2	599	
8	2019	2	1	3	562,7	
9	2019	2	1	4	548,1	
10	2019	3	1	1	392	
11	2019	3	1	2	422,6	
12	2019	3	1	3	430,4	
13	2019	3	1	4	429,3	
14	2019	1	2	1	561,3	
15	2019	1	2	2	593	
16	2019	1	2	3	533	
17	2019	1	2	4	594,6	
18	2019	2	2	1	644,6	
19	2019	2	2	2	685,3	
20	2019	2	2	3	649,8	
21	2019	2	2	4	625,6	
22	2019	3	2	1	489	
23	2019	3	2	2	456	
24	2019	3	2	3	457,1	
25	2019	3	2	4	382	
26	2019	1	3	1	576	
27	2019	1	3	2	522,2	
28	2019	1	3	3	568,7	
29	2019	1	3	4	590,3	
30	2019	2	3	1	636,5	
31	2019	2	3	2	635	

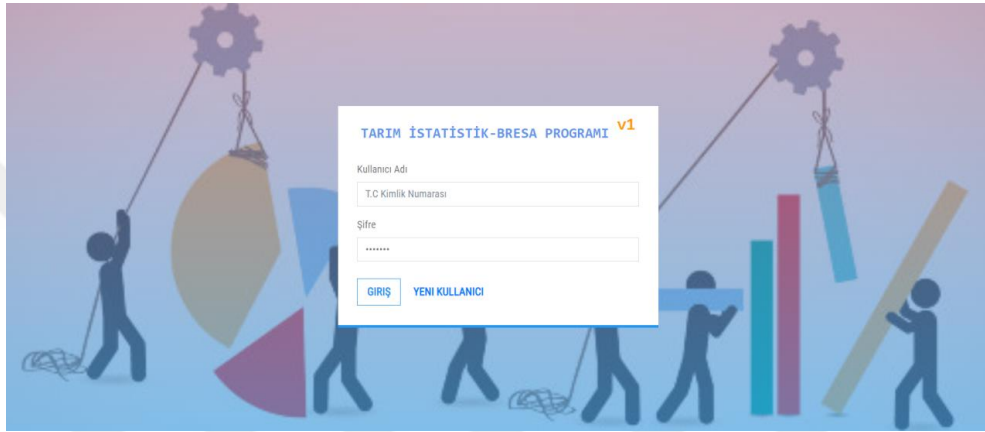
Şekil 4.3: Excel dosyasının adlandırılması.

4.2. BRESA Menüleri

BRESA yazılımı, ana menü dâhil olmak üzere dört kısımda anlatılmıştır.

4.2.1. Giriş menüsü

Şekil 4.4'te görüldüğü gibi kullanıcı adı ve şifre metin kutuları doldurulduktan sonra kullanıcı ana sayfaya yönlendirilir. Kullanıcı eğer kayıtlı değilse öncelikle sisteme kayıt yaptırması gerekmektedir. Bu aşamada kullanıcı 'Yeni Kullanıcı' kısmını seçerek gerekli kısımları doldurur ve aktivasyon maili ile sisteme girişi sağlanır.



Şekil 4.4: BRESA giriş menüsü.

4.2.2. Ana sayfa menüsü

Kullanıcı giriş işlemi tamamlandıktan sonra Şekil 4.5'te gösterildiği gibi bir ekranla karşılaşır. Ekranın sol tarafı menüler kısmı olarak tasarlanmıştır. Sağ taraf ise BRESA yazılımının amacını anlatan bir yazı ve çeşitli görsellerle renklendirilmiştir.



Şekil 4.5: BRESA Ana sayfa menüsü.

4.2.3. Veri tabanı oluşturma menüsü

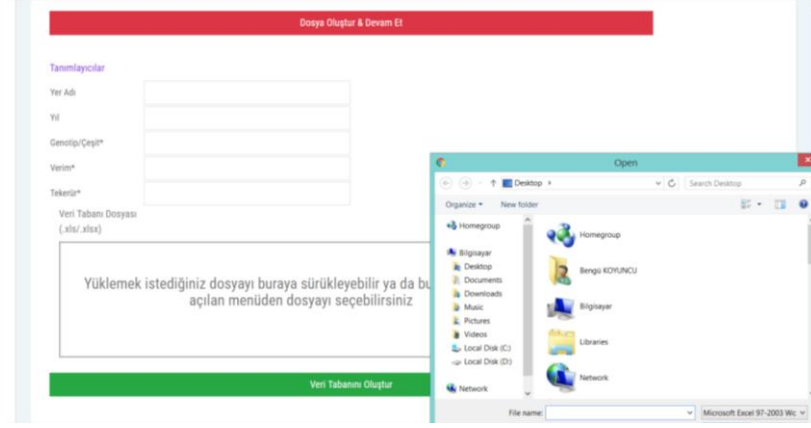
Kullanıcı analizlerini yapmadan önce çalışmasına ait dosya adını Şekil 4.6’da görüldüğü gibi tanımlaması gerekmektedir.

Şekil 4.6: BRESA veri tabanı oluşturma menüsü.

Dosya tanımlama işleminin ardından kullanıcı daha önceden hazırlamış olduğu Excel verilerini (bu kısım ‘Veri Seti’ başlığında detaylı olarak anlatılmıştır) dosya yükleme aracını vasıtasıyla sisteme yükler. Bu işlem öncesinde kullanıcı Excel dosyasında hazırladığı öznitelik isimlerinin yerlerini belirtmesi gerekmektedir. Bu aşamanın, Şekil 4.8’de gösterilen, ‘Tanımlayıcılar’ başlığının altında yer alan metin kutuları kullanılarak yapılması gerekmektedir. Örneğin, Şekil 4.7’de yer adı ile belirtilen metin kutusuna Excel belgesinde bulunan ‘loc’ kaçıncı kolona tekabül ediyorsa o sayının yazılması beklenmektedir. Excel dosyasındaki sıralama sıfırdan başlayarak yapılması gerekmektedir. Şekil 4.7’de yer alan Excel dosyasında ‘loc’ birinci kolonda yer almaktadır (kolonların sayılandırılması sıfırdan başlatılmaktadır) bunun için Şekil4.8’de yer alan ‘Yer Adı’ metin kutusuna ‘1’ yazılması ve bu şekilde tanımlamaların yapılması gerekmektedir.

1	Yıl	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W
2	2019	1	1	1	1	567,9																		
3	2019	1	1	1	2	513,8																		
4	2019	1	1	1	3	538,2																		
5	2019	1	1	1	4	523,4																		
6	2019	2	1	1	1	515																		
7	2019	2	1	1	2	599																		
8	2019	2	1	1	3	562,7																		
9	2019	2	1	1	4	548,1																		
10	2019	3	1	1	1	392																		
11	2019	3	1	1	2	422,6																		
12	2019	3	1	1	3	430,4																		
13	2019	3	1	1	4	429,3																		
14	2019	1	2	1	1	561,3																		
15	2019	1	2	1	2	593																		
16	2019	1	2	1	3	533																		
17	2019	1	2	1	4	594,6																		
18	2019	2	2	1	1	644,6																		
19	2019	2	2	1	2	685,3																		
20	2019	2	2	1	3	649,8																		
21	2019	2	2	1	4	625,6																		
22	2019	3	2	1	1	489																		
23	2019	3	2	1	2	456																		
24	2019	3	2	1	3	457,1																		
25	2019	3	2	1	4	382																		
26	2019	1	3	1	1	576																		
27	2019	1	3	1	2	522,2																		
28	2019	1	3	1	3	568,7																		
29	2019	1	3	1	4	590,3																		
30	2019	2	3	1	1	636,5																		
31	2019	2	3	1	2	635																		

Şekil 4.7: Örnek Excel dosyası.



Şekil 4.8: BRESA tanımlayıcılar işlemi.

4.2.4. Raporlama menüsü

Kullanıcı çalışmasına ilişkin veri tabanı tanımlamasının ardından raporlama işlemlerine başlayabilir. Bu menü dört farklı raporlama kabiliyetine sahiptir. Bunlar Yer Bazlı Raporlama, ANOVA Raporlama, Birleşik Analiz Raporlama ve Stabilitate Raporlama olarak sıralanır. Bu raporlamalara ilişkin yapılan faaliyetler, her bir alt menü başlığında anlatılmaktadır.

4.2.4.1. Yer bazlı raporlama alt menüsü

Kullanıcı bu menüyü seçmesi durumunda, çalışmasında girmiş olduğu yerlerdeki ortalamaları yani lokasyona özgü verim raporlamalarını büyükten küçüğe görme imkânı bulur. Bu raporlamaya ilişkin görsel Şekil 4.9’da verilmiştir. Kullanıcı öncelikle veri tabanı olarak tanımladığı dosyasını ‘Dosya Seçimi’ aracını kullanarak seçer bu işlemin ardından çalışmasında yer alan lokasyonlar Yer Seçimi açılır menüsüne işlenir ve buradan kullanıcı istediği lokasyonu seçerek genotipe ait verim ortalamasını görür.

#	Çeşit/Plot	Verim Ortalaması
68	3	612,175000
68	4	606,250000
68	5	605,625000
68	2	602,025000
68	12	586,675000
68	1	575,625000
68	24	566,950000
68	18	553,725000
68	17	540,000000

Şekil 4.9: BRESA Yer bazlı raporlama menüsü.

4.2.4.2. ANOVA raporlama alt menüsü

Kullanıcı bu menüde girmiş olduğu değerlerle varyans analiz raporlarını görme imkânını bulur. Bu menüde kullanıcı hem birleşik ortalama hem de lokasyon bazlı verim ortalamalarını aynı anda görme ve bu verileri Excel olarak kayıt altına alabilir. Bu menü Şekil 4.10’da gösterilmektedir.



4 kg/da	Sıra: 4	5 kg/da	Sıra: 5	6 kg/da	Sıra: 6	7 kg/da	Sıra: 7	8 kg/da	Sıra: 8	9 kg/da	Sıra: 9	Birleşik	Birleşik Sıra
368,400000	23	359,950000	10	653,400000	3	550,416500	3	532,824000	4	329,870500	4	474,635416	5
583,850000	5	282,825000	20	398,075000	20	459,027750	18	298,240750	19	149,814500	22	337,638562	22
625,075000	3	416,375000	5	699,725000	2	516,110000	6	462,928500	12	333,240750	3	497,079041	3
468,750000	16	372,050000	8	557,075000	7	496,296500	13	538,842500	3	301,666500	5	467,177687	6
425,600000	18	322,675000	16	413,300000	18	413,657250	24	364,027750	15	181,064750	18	362,419937	18
501,700000	14	242,175000	24	494,150000	12	568,750250	2	520,926000	7	228,240750	10	361,916562	19
541,750000	10	320,750000	17	446,675000	16	485,416750	15	421,944500	13	215,092500	12	384,074062	15

Şekil 4.10: BRESA ANOVA raporlama alt menüsü.

Kullanıcı birleşik ortalama ve deneme ortalamalarını inceledikten sonra ‘Varyans Analizleri Hesapla’ düğmesini seçerek ilgili varyans tablolarına erişim sağlayabilir. Burada her bir lokasyona ait varyans analizlerine erişim mümkündür ve bu tablolar Excel olarak kayıt altına alınabilmektedir. Bu Şekil 4.11’de gösterilmektedir.



VARYASYON KAYNAKLARING	SERBESTLIK DERECESIENG	KARELER TOPLAMIENG	KARELER ORTALAMASIENG
Lokasyon Adı: 1	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması
Genel	95	1296475,19239583333333333333	-
Genotip	23	1078358,46489583333333333333	46885,150647644927536231884043
Tekerrür	3	8250,8228125000000000000000	-
Hata	69	209865,9046875000000000000000	3041,5348505434782608695652174
Geniş Anlamli Kalıtım Derecesi: 0,7827853494647783255414771437	F Değeri: 15,41496413867020683927197287**	% CV Değeri: 16,3368914009838	ta=0.001 Asgari Önemli Farklilik= 103,381095138774 tb=0.005 Asgari Önemli Farklilik: 77,9940363174452
Lokasyon Adı: 10	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması
Genel	95	1688409,06727333333333333333	-
Genotip	23	1169424,62751183333333333333	50844,549022253623188405797087
Tekerrür	3	228355,26514458333333333333	-
Hata	69	290629,17461691666666666666	4212,0170234335748792270531449

Şekil 4.11: BRESA lokasyon bazlı varyans analizi raporu menüsü.

Lokasyon temelli varyans analizlerinde kullanıcıya kalıtım derecesi, F, % CV ve AÖF değerleri aynı anda verilmektedir. Ayrıca 'İdeal Çevre ve Lokasyon Bazlı ANOVA LSD Hesaplama' raporlamaları eklenerek, günümüzde kullanılan istatistik programlarında yer almayan ve çalışmamıza özgün değer katan raporlar oluşturulmuştur. Bu raporlara ilişkin görseller Şekil 4.12 ve 4.13'te sunulmaktadır. Raporların hesaplamalarına ilişkin formüller ayrıntılı olarak çalışmanın üçüncü bölümünde yer verilmektedir.

İdeal çevre raporunda; kullanıcı girmiş olduğu çevrelerden, hangilerinin iyi hangilerinin kötü ve hangilerinin ideal çevre olduğunun görür. Burada iyi, kötü ve ideal çevre olarak geçen terimler çevre şartlarını belirtmektedir. Daha ayrıntılı bir ifade ile, iyi çevrede tüm çevre koşullarının iyi olduğunu, kötü çevre tüm çevre şartlarının kötü olduğunu ve ideal çevre ise çevre şartlarının optimal olduğu anlatılmaktadır. Bununla birlikte bu çevre şartlarında genotiplerin verim ortalamalarını ve genotipe ait en iyi ve en kötü çevre durumlarında genotipe ait verim ve sırasını görme imkânını bulmaktadır. Yine bu raporlama kullanıcı tarafından Excel belgesi olarak kayıt altına alınabilmektedir.

Çeşit	10ve 11 İçin Yılık Çevre ORT	Yılık Sıra	12ve 9 İçin Dışık Çevre ORT	Dışık Sıra	Birleşik ORT	Birleşik Sıra	8ve 1 İçin İdeal Çevre ORT	İdeal Sıra
1	360,486125	7	438,331125	4	474,635416	5	487,312000	5
10	230,439875	20	309,657250	22	337,638562	22	269,907875	20
11	380,017500	5	457,474500	2	497,079041	3	481,764250	6
12	360,092625	8	396,104000	8	467,177687	6	497,121250	3
13	318,749875	12	322,615750	18	362,415937	18	325,888875	17
14	325,740875	11	341,182875	13	361,916562	19	326,925500	16
15	341,871625	9	343,067125	12	384,074062	15	338,897250	14
16	361,782375	6	324,162000	17	393,334812	13	301,280125	18
17	304,050750	14	347,449000	10	431,132270	10	410,793875	10
18	444,490625	2	455,307750	3	493,939395	4	493,304625	4
19	208,796375	21	333,020750	16	306,895833	24	165,262500	24
2	341,296500	10	410,759000	7	448,584875	8	449,934750	9
20	255,635000	18	306,310375	23	356,514729	20	230,656375	22
21	278,657250	17	320,236000	19	325,960750	23	257,105125	21
22	189,907375	23	345,388875	11	365,909875	17	368,588375	13
23	189,027875	24	335,074000	15	369,767229	16	293,183875	19
24	427,800875	3	426,682750	5	510,476125	2	517,707375	2
3	396,574000	4	468,699000	1	527,242812	1	518,853375	1
4	310,939750	13	314,270875	21	431,591729	9	476,967625	7
5	204,606625	22	339,615750	14	398,858666	12	387,209750	12

Şekil 4.12: BRESA ideal çevre raporlaması menüsü.

Lokasyon bazlı ANOVA LSD hesaplama raporunda; kullanıcı yapmış olduğu varyans analizinde ortalamaların istatistiki anlamda önemli olduğu kabulü ile (AÖF katsayılarına bakarak) bu raporlamayı görür. Burada kullanıcı farklı lokasyonlarda genotip seçimi için birbiri ile aynı olabilecek genotipleri (raporlamada aynı harflendirmeye sahip olanlar) eleme imkânı bulur. Yani, ıslahçı çalışmasında en iyi verimi veren beş adet genotip seçimi yapmak istiyorsa birbiri ile aynı olan

genotipleri seçmektense farklı genotipi alma şansını burada görür. Bu raporlamaya ilişkin veriler Şekil 4.13'te sunulmaktadır.

Lokasyon Adı ENG	Genotip ENG	Verim Ortalaması ENG	Sıra ENG	AÖF to= 0.001 Harflendirme ENG	AÖF to= 0.005 Harflendirme ENG
Lokasyon Adı: 1	Genotip	Verim Ortalaması	Sıra	Harflendirme to=0.001	Harflendirme to=0.005
1	441,800000	6	ABC	AB	
10	241,575000	20	*****H I J	*****G H I	
11	500,600000	3	A	A	
12	455,400000	4	AB	AB	
13	287,750000	16	***DEFGH I	***EFG	
14	132,925000	24	*****G K	*****J	
15	255,850000	19	*****G H I J	*****F G H	
16	293,625000	15	***DEFGH I	***EFG	
17	349,875000	11	**CDEFG	**CDE	
18	386,100000	9	*BCDE	*BC	
19	164,275000	22	*****J K	*****I	

Şekil 4.13: BRESA lokasyon bazlı AÖF raporlama menüsü.

4.2.4.3. Birleşik analiz raporlama

Kullanıcı bu menüde girmiş olduğu tüm lokasyonlardaki verim ve genotipleri tek bir analiz ile alabilmektedir. Kullanıcı öncelikle girmiş olduğu verilere göre birleşik ortalama ve deneme ortalamalarını görmektedir. Bu raporu Excel olarak kayıt altına alınabilmektedir. Bu aşamadan sonra kullanıcı girdiği tüm lokasyonlar ile tek bir varyans analizi tablosuna erişim sağlayabilmektedir. Bu raporlamaya ilişkin görsel Şekil 4.14'te sunulmaktadır. Bu raporlama sayesinde ıslahçı bütün şartları tek bir çatı altında toplama ve bu şartlar doğrultusunda en iyi bireyi seçme imkânını bulur.

VARYASYON KAYNAKLARI ENG	SERBESTLİK DERECE SI ENG	KARELER TOPLAMI ENG	KARELER ORTALAMASI ENG
Genel	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması
Genel	1151	23936733,760500746527777777777778	20796,46721155581800849502848
Genotip	23	4416131,769758621527777777777778	192005,72911994006642512077304
Lokasyon	11	10477675,237335975694444444444445	952515,9306669068813131313136
Tekerür(Lokasyon)	36	1118937,220992687500000000000000	31081,58947201909722222222222222
Genotip*Lokasyon	253	5284349,404194149305555555555555	20886,756538316795674132630632
Hata	828	2639640,128219312500000000000000	3187,971169346995729468599034
Geniş Anlamlı Kalıtım Derecesi: 0,9367370775125945485123002026	Genotipler Arası F Değeri: 60,228188688189839629654760981** Genotip*Lokasyon Arası F Değeri: 6,5517394696499433030835538853**	% CV Değeri: 13,7366384570435	to=0.001 Asgari Önemli Farklılık= 29,8504811526664 to=0.005 Asgari Önemli Farklılık: 22,5895533047205
Excel Olarak Kayıt Et			
Birleşik Analiz Genotip Bazlı LSD Hesaplamaları			
Birleşik Analiz Lokasyon Bazlı LSD Hesaplamaları			

Şekil 4.14: BRESA birleşik analiz raporlama menüsü.

Buradan kullanıcı birleşik analizi yapılmış durumda genotiplerin AÖF analizini de görmektedir. Bu analiz sonucu Şekil 4.15'de verilmektedir.

Integer sed arcu. At vero eos et accusamus et justo odio dignissimos ducimus qui blanditiis praesentium volutpatum deleniti atque corrupti quos dolores et quas molestias excepturi sint occaecati cupiditate non provident, similique sunt in culpa qui officia deserunt mollitia animi, id est laborum et dolorum fuga.

Lokasyon Adı ENG	GenotipENG	Verim OrtalamasıENG	SıraENG	AÖF to= 0.001 HarflendirmeENG	AÖF to= 0.005 HarflendirmeENG
Birleşik Analiz Tablosu	Genotip	Verim Ortalaması	Sıra	Harflendirme to=0.001	Harflendirme to=0.005
	1	474,635416	5	**CDE	**CD
	10	337,638562	22	*****MN	*****MN
	11	497,079041	3	*BC	*BC
	12	467,177687	6	***DE	***DE
	13	362,415937	18	*****JKLM	*****JKL
	14	361,916562	19	*****JKLM	*****JKL
	15	384,074062	15	*****HIJK	*****HIJ
	16	393,334812	13	*****HI	*****HI
	17	431,132270	10	****F	****FG
	18	493,939395	4	*BCD	*BC
	19	306,895823	24	*****I	*****I

Excell Olarak Kayıt Et

Şekil 4.15: BRESA Birleşik AÖF raporlama menüsü.

Bu analiz ile bitki ıslahı çalışmanı tüm lokasyonları tek bir yer gibi düşündüğünde, hangi genotiplerin istatistiki olarak birbiri ile aynı olduğunu (raporlamada aynı harf ile temsil edilen genotipler) görme imkânı bulur. Bu raporlama yine kullanılan istatistik programlarında bulunmamaktadır ve çalışmanın özgün kıstasları arasındadır.

4.2.4.4. Stabilite analiz raporu

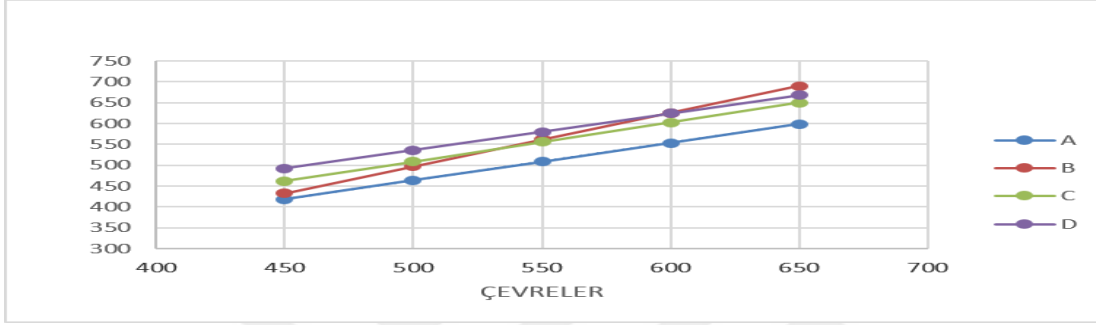
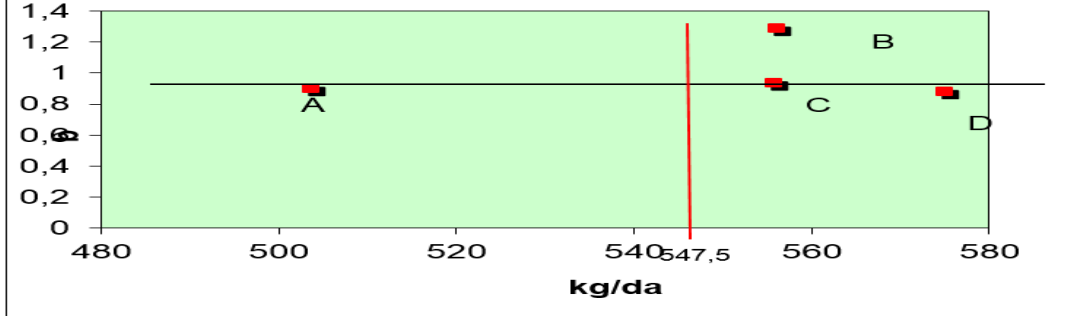
Bitki ıslah çalışmalarında en iyi birey seçiminde, farklı lokasyon çeşitliliği ile birlikte seçilen genotipin stabil yani durağan olması istenmektedir [55]. Genotipin stabil olması, seçilen bireyin çevre şartlarından çok fazla etkilenmediği anlamını taşımaktadır. Bu kısım üçüncü bölümde ayrıntılı olarak verilmektedir. BRESA ile ıslahçı elindeki genotiplere ait verilerin stabilite raporuna da ulaşmaktadır. Bu raporlama Şekil 4.16'da verilmektedir. Raporda genotiplere ait doğrusal regresyon formülleri, stabilite grafiklerini içermektedir. Bu raporlama da şu anda kullanılan istatistik programlarında bulunmamaktadır. Islahçılar bu raporlamaları farklı programlar aracılığıyla yapıp daha sonra grafik haline getirerek birçok iş adımı uygulamaktadır. BRESA ile bu iş adımları geçilmekte ve tek bir seçenek halinde kullanıcıyla paylaşılmaktadır. Bu raporlama ile de çalışmanın özgün değerleri bir kat daha artmaktadır.

GenoTip	Verim1	Verim2	Verim3	Verim4
430	1195,7578	-255,5614	1061,6699	-619,6947
480	921,0428	74,0486	931,2599	-137,4097
530	646,3278	403,6586	800,8499	344,8753
580	371,6128	733,2686	670,4399	827,1603
630	96,8978	1042,8786	540,0299	1309,4453
680	-177,8172	1392,4886	409,6199	1791,7303

Lokasyon/VerimOrt	GenoTip	bDeğeri
555,941066	2	-5,4943
558,636363	3	6,5922
576,025000	4	-2,6082
503,533333	1	9,6457

Formüller

Y1=3558,3068+ 5,4943X , Y2=-3090,2074+6,5922X , Y3=2183,1959+ 2,6082X ,
Y4=-4767,3457+9,6457X ,



Şekil 4.16: BRESA stabilite raporlama menüsü.

5. SONUÇLAR

Bu tez çalışması ile tarımsal faaliyetler içinde yer alan bitki ıslahı çalışmalarında, en iyi bireyi seçmek için kullanılan etkili istatistik metotları bir araya getirilmiştir. Ayrıca genotip seçimlerinde kullanılan analiz raporları ulusal çevrim içi bir uygulamada kullanıcıya, www.bresa.yalova.edu.tr adresinden sunulmuştur. Hiçbir istatistik programında yer almayan ideal çevre koşullarına göre en iyi bireyi görme, bireylerin birleşik analizler vasıtasıyla sadece ilgili çevre şartlarında değil çalışılan çoklu çevre şartlarına göre değerlendirme ve yine çoklu çevre şartlarında istikrarlı genotipi görme şansı tasarlanan BRESA yazılımı ile gerçekleştirilmiştir. Ayrıca program sayesinde iki farklı analiz raporu oluşturulabilmektedir.

Bitki ıslah araştırmacısı, program aracılığıyla elinde bulunan genotiplere ait genel ortalama ve birleşik ortalama raporlamalarını da alabilmektedir. Bu sayede, ortalama değerlerin sıralamasından dolayı ortaya çıkan bazı genotiplerin seçilmemesine verimli bir bireyin kaybının önlenmesi sağlanmaktadır. Bu durum göz önüne alınarak BRESA yazılımına, Varyans, İdeal Çevre, Lokasyon Bazlı LSD, Birleşik ve Stabilitate Analizleri eklenmiştir. Bu analizler ile en iyi birey seçiminin de ortalama değer altında kalan genotiplerin gerçekten tüm durumlar ortaya konulduğunda (farklı çevre koşullarında) da elenmesi gerekli olup olmadığını istatistiki olarak ta göstermek amaçlanmıştır.

Gelecekte yapılacak olan çalışmalarda,

- Geliştirilen yazılım makine öğrenmesi metotları eklenerek daha farklı analizler yapılabilir.
- AÖF Analizi, makine öğrenmesi metotlarından bazıları ile kıyaslanarak (En Yakın Komşuluk, Beklenti Büyütme vb.), ıslah programlarında değerlendirilebilir.
- Islah programlarının istatistik metotları ile değerlendirilmesinde bilgisayar mühendisleri ile çalışılabilir.
- Çalışmanın birden fazla analiz ile değerlendirilmesi için kümeleme analizleri

eklenebilir.

- Veri setine ıslah materyaline ilişkin başka öz nitelikler konularak (başaklanma gün sayısı, dane verimi vb.) değerlendirmeler yapılabilir.
- Öznitelik artırılması ile mevcut çalışmamızın analiz sonuçları kıyaslanabilir.
- Öznitelik artırılması ile kullandığımız analizlerden farklı analizler araştırılarak yazılıma entegre edilebilir.
- Çalışmamızın kullanılabilirliğini artırmak amacıyla çeşitli seminerler verilecektir.
- Yapılan / yapılacak analizlerin kıyaslanması ile oluşan sonuçlar yurt içi ve yurt dışında yayın yapılarak, araştırmacılarla paylaşılacaktır.

KAYNAKLAR

- [1] **Karakoca, A.** (2009). Çok Değişkenli Lineer Olmayan Modellerde Genetik Algoritma. Konya. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi.
- [2] **Düzgüneş, O., T, Kesici., & Gürbüz F.** (1983). İstatistik Metodları-I. Ank. Üniv. Zir. Fak. Yay. 861, Ders Kitabı, 229, Ankara, 1983.
- [3] **Genç, İ., & Yağbasanlar, T.** (2002). Bitki Islahı. Ç.Ü. Ziraat Fak. Genel Yayın. No:59, Ders Kitapları Yayın No: A-13, 150s, 2002.
- [4] **Ulukan, H.** (2007). Klasik Bitki Islahı Ve Genetik Mühendisliği İle Oluşturulan Değişimlere Genel Bakış, U. Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi , Cilt 21, Sayı 2, 27-40
- [5] **Şehirli, S., & Özgen, M.** (1998). Bitki Islahı, Ankara Üniv. Ziraat Fak. Yayınları:1059, Ders Kitabı: 310, Ankara Üniv. Basımevi, Ankara 261 S, 1998.
- [6] **Yüzer, A. F., Ağaoğlu, E., Tatlıdıl, H., Özmen, A., & Işıklar, E.** (2007). İstatistik. Eskişehir, Anadolu Üniversitesi Yayınları.
- [7] **Çınar, S., Hatipoğlu, R., Avcı, M., Yücel, C., & İnal, İ.** (2019). Adana İli Tufanbeyli İlçesi Meralarının Vejetasyon Yapısı Üzerine Bir Araştırma. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım Ve Doğa Dergisi, 22 (1), 143-152. DOI: 10.18016/ksutarimdog.vi.448421
- [8] **Temel, S., & Akbay Tohumcu, S.** (2019). Iğdır Taban Koşullarında Kaba Yem Üretimi İçin Bazı Buğdaygil ve Baklagil Karışımlarının Verim Performansları. International Journal Of Agricultural And Wildlife Sciences, 5 (1), 140-148. DOI: 10.24180/ijaws.548963
- [9] **Kars, N., & Ekberli, İ.** (2019). Çarşamba Ovasının Buğday Bitkisi Altındaki Topraklarının Bazı Fiziksel Ve Kimyasal Özelliklerinin İncelenmesi. Toprak Su Dergisi, 8 (1), 18-28. DOI: 10.21657/topraksu.544657
- [10] **Yayla, Ş ., & Yıldız, F.** (2019). Patates Geç Yanıklık Hastalığı Etmeni Phytophthora İnfestans (Mont.) De Bary'ye Karşı Bitki Ekstraktlarının Antifungal Etkileri. The Journal Of Turkish Phytopathology, 47 (2), 53-63. Retrieved from <http://dergipark.org.tr/fitopatoloji/issue/42920/495258>
- [11] **Özdemir, E., & Sade, B.** (2019). Konya Koşullarında Geliştirilmiş Atdışi Mısır Hatlarının Bazı Agro-Morfolojik Ve Fizyolojik Özelliklerinin Korelasyonu. Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi, 34 (1), 73-77. DOI: 10.7161/omuanajas.466502

- [12] **Aslan, İ., Balkaya, A., Karaağaç, O., Sarıbaş, Ş., & Kurtar, E.** (2019). Yerel Kestane Kabağı (Cucurbita Maxima Duch.) Çeşit Adaylarının Samsun İlinde Farklı Lokasyonlarda Verim Unsurları Ve Meyve Kalite Özellikleri Yönünden Performanslarının İncelenmesi. Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 29 (2), 318-329. DOI: 10.29133/yyutbd.555451
- [13] **Kızılgeçi, F., Yıldırım, M., Akıncı, C., & Albayrak, Ö.** (2019). Arpada Tane Verimi Ve Kalite Özellikleri Üzerine Genotip Ve Çevrenin Etkileşimi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım Ve Doğa Dergisi, 22 (3), 346-353. Doi: 10.18016/Ksutarimdogo.Vi.499013
- [14] **Richards, A. J.** (1986) Plant Breeding Systems (Allen & Unwin, London).
- [15] **Segal, A., Mamsterski, J., Fishbeck, G., & Wahl, G.** (1980) In Plant Disease: An Advanced Treatise, Eds. Horsfall, J. G. & Cowling, E. B. (Academic, London), Vol. 5, Pp. 76-102.
- [16] **Kingsbury, Noel.** (2010) Hybrid: The History And Science Of Plant Breeding. Chicago: University Of Chicago Press. Kiple, Kenneth, And Kriemhild C. Ornelas, Eds. 2000.
- [17] **Lamkey, K.** (2003) Plant Breeding: Research And Education Agenda. Presented At The Seeds And Breeds Summit, 7 Sept. 2003, Wash., D.C.
- [18] **Tracy, W.F.** What Is Plant Breeding? In Proceedings Of Summit On Seeds And Breeds For 21st Century Agriculture, Washington, DC, USA, 6–8 September 2003; Sligh, M., Lauffer, L., Eds.
- [19] **Şehirali S., & Özgen, M.** (1988). Bitki Islahı, Ankara Üniv. Zir. Fak. Yayınları No:1059, Ders Kitabı :310, 260. Ankara
- [20] **Weitzman, Martin, L.** (1996) "Hibridize Olan Büyüme Teorisi," Amerikan Ekonomik İnceleme, Amerikan Ekonomik Derneği, vol. 86 (2), sayfa 207-212, Mayıs. <https://ideas.repec.org/a/aea/aecrev/v86y1996i2p207-12.html>
- [21] **Whitehouse, H. L. K.** (1982) Genetic Recombination; Understanding The Mechanism. John Wiley & Sons, London.
- [22] **Sharafi, Y.** (2011). In Vitro Pollen Germination İn Stone Fruit Tree Of Rosaceae Family. African Journal Of Agricultural Research, 6(28): 6021-6026.
- [23] **Bozcuk, S.,** (1997). Genel Botanik. Hatipoğlu Basım Ve Yayım Ltd. Std.
- [24] **Baker, R. J.** (1986). Selection Indices İn Plant Breeding. Crc Press, Boca Raton, Florida
- [25] **Briggs, F.N., & Knowles, P.F.** (1967). Introduction To Plant Breed-İng. New York, Ny: Reinhold.
- [26] **Rieseberg, L.H., & E. Carney.** (1998) Plant Hybridization. New Phytologist 140: 599–624.
- [27] **Gottschalk, W., & Wolff, G.** (1983). Induced Mutations İn Plant Breeding. Monographs On Theoretical And Applied Genetics No. 7. Springer Verlag, Berlin.

- [28] **Öktem H.A., & Yücel M.** (2016). Bitki Biyoteknolojisi ve Genetik: İlkeler, Teknikler ve Uygulamalar (Plant Biotechnology And Genetics: Principles, Techniques, And Applications), Eds., Nobel Tıp Kitabevleri, Ankara, S:193-217
- [29] **Kelley, T.L.** (1923). Statistical Method. Oxford, England: Macmillan.
- [30] **Sm Stigler.** (1986). The History Of Statistics, Cambridge, Ma., Harvard University Press.
- [31] **Zar, J.H.** (1996). Biostatistical Analysis. 3rd Ed. Prentice Hall, New York.
- [32] **Matthews J.R.,** (1998). History Of Biostatistics. In : Armitage P., Colton T. (Ed.). Encyclopedia Of Biostatistics (Vol. S). Chichester, Wiley, 1931-1936.
- [33] **Hurlburt, R. T.,** (1998). Comprehending Behavioral Statistics (2nd Ed.). Pacific Grove, Ca: Brooks/Cole.
- [34] **Chambers, E. G.** (1958). Statistical Calculation For Beginners. Cambridge: Cambridge University Press.
- [35] **Cai, J.,** (2000). Understanding And Representing The Arithmetic Averaging Algorithm: An Analysis And Comparison Of Us And Chinese Students' Responses, International Journal Of Mathematical Education In Science And Techonolgy, 31, 839-855
- [36] **Pham-Gia, T., & Hung, T.** (2001) The Mean And Median Absolute Deviations. Mathematical And Computer Modelling 34, 921–936.
- [37] **Altman, D. G., & Bland, J. M.** (2005). Standard Deviations And Standard Errors. British Medical Journal 331, 903
- [38] **Goodman, L.** (1960), On the exact variance of products, J. Am. Stat. Assoc., 55, 708–713, doi:10.2307/2281592.
- [39] **Martin, A. R.** (1966) Quantal Nature Of Synaptic Transmission. Physiol. Rev. 46:51-66.
- [40] **Mclachlan, E. M.** (1978) The Statistics Of Transmitter Release At Chemical Synapses. Int. Rev. Physiol. Neurophysiol. 17:49-117.
- [41] **Sheskin D J.** (2000) Handbook Of Parametric And Nonparametric Statistical Procedures. Second Ed., Chapman 8 Hall/Crc.
- [42] **Davidson M. L., & Sharma, A. L.** (1994). Anova And Ancova Of Pre-And Posttest Ordinal Data. Psychometrika, 59 (4), 593-600.
- [43] **Efe, E., Bek, Y., & Şahin, M.** (2000). Spss'te Çözümleri İle İstatistik Yöntemler I. Kahramanmaraş: Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Rektörlüğü Yayını
- [44] **Krishnaiah, Pr., & Armitage, Jv.** (1970). On A Multivariate F Distribution. Essays In Probability And Statistics, : 439–468s. N. Roy Memorial Volume
- [45] **Genç, S., & Soysal, M.** (2018). Parametric And Nonparametric Post Hoc Tests. Bsj Eng Sci, 1(1): 18-27.

- [46] **Williams, L. J., & Abdi, H.** (2010). "Fisher's least significance difference (LSD) test," in Encyclopedia of Research Design. Thousand Oaks, 2010, pp. 491–494.
- [47] **Lynch, M., & Walsh, B.** (1998). "Genetics and Analysis of Quantitative Traits". Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland . Massachusetts, U.S.A.
- [48] **Hecker, H.C., & Leon, J.**(1988) Stability analysis in plant breeding. Plant Breed. 101: 1–23.
- [49] **Özcan, H., Aydın, N., & Bayramoğlu, H.** (2005) Ekmeklik Buğdayda Verim Stabilitesi Ve Stabilite Parametreleri Arasındaki Korelasyon. Tarım Bilimleri Dergisi 11: 21-25.
- [50] **Comstock, R. E., & Moll, R. H.** (1963). Genotype-Environment interactions, statistical genetics and plant breeding. National Academy of Sciences, Washington D. C., W. D. Hanson and H. F. Robinson. pp. 164-196.
- [51] **Finlay, K.W., & Wilkinson, G.N.** (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding program. Australian Journal of Agricultural Research 14, 742-754.
- [52] **Gamma, E., Helm, R., & Johnson Vlissides, J.,** (1994). Design Patterns: Elements of Reusable Object-Oriented Software, Addison Wesley.
- [53] **Hopcroft, John, E.** (1983). Data Structures And Algorithms. Boston, Ma, Usa: Addison-Wesley.
- [54] **Clements P., Garlan D., Bass L., Stafford J., Nord R., & Ivers J., Little** (2002). Documenting Software Architectures: Views And Beyond, Addison-Wesley Pearson Education Isbn:0201703726.
- [55] **Tollenaar, M., & Lee, E. A.** (2002). Yield Potential, Yield Stability And Stress Tolerance In Maize. Field Crop Res., 75, 161–169.



ÖZGEÇMİŞ

Ad Soyad: Bengü KOYUNCU

Doğum Yeri ve Tarihi: Ankara / 27.01.1984

Adres: Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü/
Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü

E-Posta: bengu.esmer@tarimorman.gov.tr

Lisans: Uluslararası Kıbrıs Üniversitesi, Bilgisayar
Mühendisliği

Mesleki Deneyim ve Ödüller:

2012 – 2014 Yalova Bahçe Kültürleri Merkez Araştırma Enstitüsü
Müdürlüğü

2014 – Halen Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü

Yayın ve Patent Listesi:

- **Koyuncu, B., Özbek, K., & Tüzün Yağci C.** (2015). “Seed Gene Banks Informations Systems”.II.International Plant Breeding Congress, 1-5 Kasım 2015, Antalya, Türkiye.-POSTER BİLDİRİ.
- **Özbek, K., Koyuncu, B., & Topaloğlu Boyraz Ş.** (2015). “General Directorate of Agricultural Research and Policies Digital Herbarium Catalog”. II. International Plant Breeding Congress, 1-5 Kasım 2015, Antalya, Türkiye.-POSTER BİLDİRİ.
- **Koyuncu, B., Gök M., & Aydoğan S.** (2019). “Bitki İsla Çalışmalarında Genotip Seçiminde Kullanılan Asgari Önemli Farklılık Metodunun Bazı Veri Madenciliği Metotları ile Karşılaştırılması”. Hasat Uluslararası Tarım ve Orman Kongresi ,21-23 Haziran 2019, Ankara, Türkiye.
- **Koyuncu, B., & Gök M.** (2019). “Bitki İslahında Genotip Verim Değerinin Regresyon Yöntemleri ile Tahmini ”.Bahçe Dergisi (*Yayın Aşamasında*).