

Araştırma Makalesi

BAFR: R Programı ile Bitki Islahı Denemelerinin Analizi için Geliştirilmiş Bir Paket ve Web Uygulaması

Fatih KAHRIMAN^{1,2}

¹Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, Çanakkale

²BAF Elektronik Yazılım Tarım A.Ş., Çanakkale Teknopark, Çanakkale

Sorumlu yazar: fkahriman@hotmail.com

Geliş Tarihi: 31.10.2019

Düzeltilme Geliş Tarihi: 18.12.2019

Kabul Tarihi: 19.12.2019

Özet

Bitki ıslahı denemelerinde kullanılan analiz programlarının hemen hepsi yabancı dilde hazırlanmış kullanıcı ara yüzüne sahiptir. Ayrıca bu programlar yalnızca bitki ıslahı analizlerine odaklanmış programlar olmadığından kullanıcı ara yüzleri de karmaşıktır. Bu çalışma R programlama dili kullanılarak, bitki ıslahı denemelerinin analizinde kullanılabilecek bir program geliştirmek ve ayrıca bu programa web üzerinden erişebilen Türkçe bir ara yüz oluşturmak amacıyla yürütülmüştür. Çalışmada hazırlanan paket RStudio arayüzü ve shiny paketi kullanılarak oluşturulmuştur. Geliştirilen paket ve arayüz yaygın olarak kullanılan ıslah deneme desenlerinden diallel analizlerin (Griffing, Hayman) yanı sıra, Line × Tester ve North Carolina desenlerinin analizine uygundur. Hazırlanan program ve arayüz örnek veri setleri kullanılarak test edilmiştir. Geliştirilen R paketi <http://www.baf-eyt.com.tr/> adresinden ve GitHub üzerinden erişime açılmıştır. Ayrıca bu pakete ait arayüze <https://baf.shinyapps.io/BAFR/> linkinden erişilebilmekte ve analizler BAFR paketini indirmeye gerek kalmadan yapılabilmektedir.

Anahtar kelimeler: R programlama, diallel analizler, bitki ıslahı denemeleri.

BAFR: An R Package and Web Application for Analyzing Plant Breeding Experiment

Abstract

Almost all of the analysis software used in plant breeding experiments had user interface with foreign language. Furthermore, since this software is not focused solely on plant breeding analyzes, user interfaces are also complex. The aim of this study was to develop a program that can be used in the analysis of plant breeding experiments using the R programming language, and also to provide an interface with Turkish language that can be accessed via the web. The package was prepared using RStudio interface and shiny package. The developed package and interface are suitable for diallel analysis (Griffing, Hayman) as well as Line × Tester and North Carolina designs from commonly used breeding trial experiments. The package and interface were tested using sample data sets. The developed R package is now available at <http://www.baf-eyt.com.tr/> and via GitHub. In addition, the interface of this package can be accessed from <https://baf.shinyapps.io/BAFR/> and analyzes can be done without the need for installing BAFR package.

Key words: R language, diallel analyses, plant-breeding experiments.

Giriş

Bitki ıslahı denemeleri diğer araştırmalardan farklı olarak, kullanılacak materyallerin belirli kurallara göre hazırlanmasını ve elde edilen verilerin de uygun deneme desenine göre analiz edilmesini gerektirmektedir. Bu amaçla geçmişten

bugüne bilimsel çalışmalarda ve tohumluk ıslahı ile ilgili uygulamalı araştırmalarda kullanılan farklı analiz yöntemleri geliştirilmiştir. Kullanılan deneme materyaline göre farklı şekilde isimlendirilmiş olan başlıca deneme desenleri; Line × Tester deseni, Diallel desenler, North Carolina desenleridir

(Nduwumuremyi ve ark., 2013). Bu analiz yöntemlerinde ebeveynlerin uyum yetenekleri (GCA), kombinasyonların uyum yetenekleri (SCA), heterosis değerleri ve incelenen özelliklere ilişkin kalıtım dereceleri (h^2) hesaplanabilmektedir (Sharma, 2006).

Diallel deneme desenlerine dayalı olarak yapılabilen bu analizlerle ilgili metotlar 1950li yıllarda geliştirilmeye başlanmıştır. Griffing (1956a, 1956b) ebeveynler ve hibritlere ait genetik materyallere ait verinin analizi için dört farklı metot öne sürmüştür. Bu metotlar; ebeveynler ve bu ebeveynlerle oluşturulan F1 hibritleri içeren setlerden alınan verilerin analizinde kullanılan Metot 1, ebeveynler ve resiproksuz F1 melezleri içeren setlerin analizinde kullanılan Metot 2, yalnızca resiproklu F1 melezleri içeren Metot 3 ve resiproksuz melezlerin analizi için uygun olan Metot 4'tür. Bu metotlar Model 1 (Fixed) ve Model 2 (Random) olarak analiz seçeneklerini içermektedir. Model 1'de göre yapılacak analiz de belirli bir popülasyondan seçilmiş kendilenmiş saf hatların ebeveyn olarak kullanılması şarttır. Model 2'ye göre elde edilen ebeveynler bir popülasyondan seçilmiş olan tesadüfi örneklerden oluşmaktadır (Sughrue Jay, 1995). Griffing tarafından geliştirilen yöntemlere alternatif olarak Hayman (1954a, 1954b) yılında grafiksel çıktıları dayalı olarak diallel analizlerin yapılabileceğini göstermiştir. Hayman yöntemi olarak bilimsel literatüre geçen bu yöneme göre varyans-kovaryans grafikleri (Vr-Wr) olarak ta bilinen çıktılar elde edilmiştir. Bu grafikler 6 farklı varyans komponentinin hesaplanmasına imkan vermektedir. Bu yöntem de Griffing tarafından geliştirilen diallel analizler ile birlikte literatürde en fazla kullanılan tekniklerden olmuştur. North Carolina desenleri (I, II ve III) diallel analizlerden daha sonra kullanılmaya başlanan ıslah deneme desenlerindendir (Comstock ve Robinson, 1952). North Carolina I deseninde bir grup ana ebeveyn farklı gruplar halinde bulunan baba ebeveynler ile melezlenmektedir. North Carolina II deseninde, ana ebeveynler baba ebeveynlerin her biri ile ayrı ayrı melezlenmektedir. Bu denesene daha çok birden fazla çiçek üreten bitkiler için uygun görülmektedir. North Carolina III deseninde ise referans popülasyon F2 nesline ait bitkilerdir ve tester olarak kendisini oluşturan iki ebeveyn kullanılmaktadır. Tüm North Carolina desenleri içerisinde en güçlü desen North Carolina III deseni olarak kabul edilmektedir (Nduwumuremyi ve ark., 2013). ıslah denemelerinde kullanıdan diğer bir desen olan Line $\times$ Tester deseni, 1956 yılında Kempthorne tarafından ortaya atılan bir top cross desendir (Kempthorne, 1956). Klasik top cross deseninden farkı birden fazla tester kullanılıyor

olmasıdır. Diğer taraftan top cross melezlemede oluşturulan materyaller yalnızca yarı kardeş (half-sibs) iken line $\times$ tester melezlemesinden oluşturulan materyaller hem yarı kardeş hem de tam kardeşler. Bu yönleri ile line $\times$ tester desenleri özellikle bitki ıslahı denemelerinde ebeveyn sayısının arttığı ve SCA etkilerinin yanı sıra GCA hesaplamalarını da sunan pratik bir yöntemdir.

Yukarıda özetle anlatılmaya çalışılan bitki ıslahı deneme desenlerinden elde edilen verilerin analiz edilebilmesi için farklı istatistik paket programlarında makrolar, paketler veya kendi başına çalışabilen programlar geliştirilmiştir. Bartolome ve Gregorio (2000) SAS istatistik paket programında Line $\times$ Tester analizlerini yapabilmek için bir makro geliştirmiştir. Makronun sonuçları Line $\times$ Tester analizlerinin sonuçlarını detaylı şekilde sunabilmektedir ancak bu makronun kullanımı için SAS programına sahip olmak gerekmektedir. Zhang ve ark. (2005) Griffing ve Hayman diallel analizlerinin SAS programında yapılması için kapsamlı bir makro geliştirmiştir. Çok sayıda araştırmacı tarafından kullanılan bu makronun da kullanılması SAS programına sahip olmaya bağlıdır ve ebeveyn sayısı belirli bir sınıra kadar makro kullanılabilmektedir. İlaveten kullanım esnasında birçok kısımda değişiklikler gerektirmektedir. Bu makrolar ve programların hem kullanım güçlüğü hem de ulaşılabilirliği bakımından önemli sorunları mevcuttur. Bu yönleri ile alternatif bir platformda geliştirilen ve özel olarak bitki ıslahı analizlerine yönelik programlara ihtiyaç duyulmuştur. Bu ihtiyacın karşılanması için R programı (R Core Team, 2019) önemli bir alternatiftir.

R programı aslında S plus dilinin gelişmiş bir versiyonu olan R dili ile yazılmış bir programdır (Ihaka ve Gentelman, 1996). Program temel olarak bir kullanıcı arayüzü ve paketler adı verilen ve fonksiyonları içeren dosyaları içeren eklentilerden oluşmaktadır. R paketleri, CRAN (Comprehensive R Archive Network) adı verilen bir ağ üzerinden R programı gibi ücretsiz lisans (GNU) ile dağıtılmaktadır (Paradis, 2002). R programı ve paketleri ilk kullanıma açıldığı yıllardan bu yana çok önemli bir gelişme kaydetmiştir. Son yıllarda CRAN ve diğer ağlar üzerinde bulunan R paketlerinin sayısı 10000'i aşmıştır. Kullanıcılar tarafından aynı zamanda geliştirilen bu esnek program tabanlı çok farklı alanlarda bilim insanlarının tercih ettiği bir platform haline gelmiştir. Ancak asıl gelişim web tabanlı uygulamaların diğer kullanıcılara açılması ve kod kullanmadan analiz sonuçlarının alınabilmesiyle olmuştur. RStudio ara yüzü ve shiny paketlerinin yanı sıra paket ve uygulama geliştirme araçları olan roxygen2 ve devtools paketlerinin etkin şekilde kullanılması sayesinde çok farklı

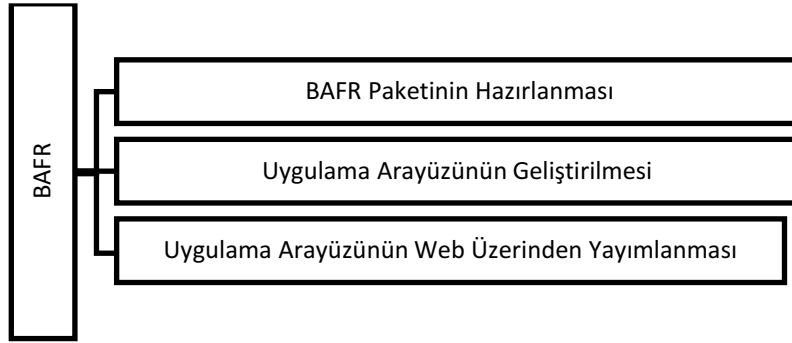
niteliklere sahip paketler ve arayüzler geliştirilebilmektedir. Bitki ıslahı alanında da R dili ile geliştirilmiş paket ve ara yüzleri bulunmaktadır. R programının ara yüzünden kod yazılmak suretiyle çalışan ve bitki ıslahı denemelerinden elde edilen verilerin analizini mümkün kılan başlıca R paketleri; agricolae, plantbreeding, DiallelAnalysisR gibi paketlerdir. Bu paketler karmaşık olmasa da kullanımı R dilini bilmeyen bir kişi için güçtür.

Gerek R programı ile gerekse diğer platformlarda geliştirilen ve literatürde bulunan programların hemen hepsi yabancı dilde geliştirilmiş yazılımlardır. Ara yüzleri ülkemizde bitki ıslahı alanında çalışan araştırmacılar tarafından rahat biçimde kullanılamamaktadır. Diğer taraftan bu alanda geliştirilen makroların veya program eklentilerinin ilişkili olduğu yazılımların da ücretli oluşu en önemli handikaplardan birisidir. Bu noktadan hareket ile R

platformunda Türkçe bir ara yüze sahip bir programın hazırlanması ve ücretsiz olarak ülkemizde bitki ıslahı alanında çalışan araştırmacıların kullanımına açılmasının yararlı olacağı düşünülmüştür. Bu amaçlar doğrultusunda yürütülen bu çalışmada, R platformunda BAFR adı verilen ve online olarak ulaşılabilen bir ara yüzün yanı sıra, bu programın bilgisayar dosyası olarak indirilmesi ve kullanılabilmesine imkan veren kurulum dosyaları oluşturulmuştur. Söz konusu program ücretsiz olarak <http://www.baf-eyt.com.tr> adresinden erişime açılmıştır.

Materyal ve Yöntem

Bu çalışmada geliştirilen BAFR programı ve bu programa bağlı ara üç farklı aşamada geliştirilmiştir. Şematik olarak programın hazırlanma aşamaları Şekil 1’de sunulmuştur.



Şekil 1. programın hazırlanma aşamaları.

BAFR paketi, RStudio ara yüzü ve shiny paketlerinin kullanılması ile geliştirilmiştir. BAFR bir R projesi olarak tasarlanmış ve proje altında shiny paketi ile geliştirilen BAFR ara yüzü ile bu ara yüze bağlı fonksiyonlar hazırlanmıştır. Paket arayüzünde Line x Tester Analizi, North Carolina Analizleri (I ve II), Griffing Diallel Analizleri (Metot I, Metot II, Metot III, ve Metot IV) ve Hayman Diallel Analizi olmak üzere 4 farklı tab oluşturulmuştur. Veri girişinin sağlanması için sol panele veri giriş alanı

eklenmiştir. Ayrıca BAF Elektronik Yazılım Tarım A.Ş'ye ait logo arayüzün üst kısmına ilave edilmiştir. Pakette analizlerin gerçekleştirilebilmesi için agricolae ve DiallelAnalysisR paketlerinin fonksiyonlarına bağlantı kurulmuştur. Bu fonksiyonların çalışması için oluşturulan R komut dosyasına gerekli kodlar yazılarak fonksiyonların BAFR paketinde kolayca kullanılabilmesi sağlanmıştır.



Şekil 2. Geliştirilen paketin arayüzü (BAFR.ui).

BAFR arayüzü iki şekilde kullanılabilir. Birincisi R veya RStudio platformu üzerinden ikincisi ise web üzerinden kullanımdır. Şayet kullanıcı R veya RStudio yazılımları üzerinden BAFR arayüzünü kullanacak ise BAFR paketini ve bu paketin ilgili olduğu diğer paketleri kişisel kütüphanesine indirmelidir. Bu kapsamda, BAFR paketinin kurulması için öncelikle bağlantılı olduğu paketlerin yüklenmesi programın sorunsuz çalışması açısından önem taşımaktadır. BAFR paketini indirmeden önce bağlı olduğu paketlerin kişisel indirilmesi, BAFR arayüzünün sorunsuz şekilde kullanılabilmesi açısından azami önem taşımaktadır. BAFR paketinin analizlerde bağlantılı olduğu dört paket mevcuttur. Bunlar devtools, shiny, DiallelAnalysisR ve agricolae paketleridir. DiallelAnalysisR ve agricolae paketleri veri analizine yönelik paketler olup, CRAN serveri üzerinde bulunduğundan, R platformuna yüklenmesi doğrudan standart indirme prosedürü ile gerçekleştirilebilmektedir. Analizlerde kullanılan bu paketlerin yanı sıra shiny paketinin de arayüzün kullanılabilmesi için indirilmesi gerekmektedir. Bu paket CRAN serverinden indirilecek ise `install.packages("shiny")` komutu ile GitHub üzerinden indirilecek ise;

```
if (!require("devtools"))
  install.packages("devtools")
devtools::install_github("shiny", "rstudio")
```

komutları ile shiny ve devtools paketleri yüklenebilmektedir.

İlgili paketler yüklendikten sonra arayüzü içerisinde bulunduran BAFR paketi <http://www.baf-eyt.com.tr> adresinden tar dosyası olarak indirilebilir ve sıkıştırılmış paket yükleme prosedürü yardımı ile kullanıcılar tarafından R kütüphanelerine eklenebilir. Ayrıca paketin güncel versiyonları GitHub serveri üzerinden de erişime açılmıştır. GitHub üzerinden paketin yüklenmesi için `devtools::install_github("BAFR", "fkahriman")` komutu R veya RStudio platformunda kullanılabilir.

Yükleme işleminin ardından paketin kullanılabilmesi için R veya Rstudio arayüzüne `library(BAFR)` komutu yazılır. Bu komut ile R veya RStudio kullanıcısının indirme işlemini yaptığı kişisel kütüphaneden çağırılmış olur. Pakete ait arayüzün bu platformlar üzerinden çalıştırılabilmesi için ise `library(BAFR)` komutundan sonra R veya RStudio arayüzüne `runApp(BAFR)` komutu yazılır. Bu komut ile arayüz internet tarayıcısında açılır ve arayüz üzerinden herhangi bir komut yazmadan analizler gerçekleştirilebilir. BAFR arayüzü kullanılmadan doğrudan R veya RStudio platformlarına alınan veriler analiz edilebilmektedir. Bu işlem kod yazımı gerektirdiğinden önerilmemekle birlikte, bu yolu tercih eden kullanıcılar R veya RStudio

platformunda yapmak istedikleri analize uygun olarak Çizelge 1’de bulunan kodları yazması gerekmektedir.

BAFR paketinde geliştirilen kullanıcı arayüzünün web üzerinden de erişilebilmesi için shiny server üzerinden paylaşım işlemi tamamlanmıştır. Arayüzü web kullanmak için <https://baf.shinyapps.io/BAFR/> bağlantısını internet erişimi bulunan herhangi bir bilgisayarda tarayıcıda açılması ve veri yükleme ile ilgili bir sonraki bölümde yer alan önerileri takip ederek analizlerin kolayca yapılması mümkündür.

Bulgular ve Tartışma

Program hakkında genel bilgiler

BAFR paketi ve arayüzü ile aşağıdaki ıslah desenleri analizi için genel bilgiler aşağıdaki çizelge sunulmuştur. Analizler için kullanılması gereken komutlar Programda dosya isimleri BAFR paketini geliştirilirken kullanılan paketlerin fonksiyonlarından kaynaklanan nedenlerle değiştirilememektedir. Veri txt formatında düzenlenmeli ve veride yer alan değişkenlerin isimleri de Çizelge 1’de olduğu şekilde yazılmalıdır.

Arayüzün giriş sayfasından sonra her bir yöntem için ayrı bir menü bulunmaktadır (Şekil 1). Hayman Diallel analizleri dışında diğer sayfalarda standart iki alt sayfa mevcuttur. Bu sayfalar “Veri Girişi” ve “Analiz Sonucu” sayfalarıdır. Veri girişi tüm yöntemler için Gözet butonu kullanılarak bilgisayara kayıtlı olan.txt uzantılı dosyalar arasından yapılabilmektedir. Veri giriş sayfasına bu tanımlama yapılır yapılmaz otomatik olarak yüklenen veri sayfada gözükmemektedir. Şayet verinin ilk satırında değişken isimleri var ise “Başlık” kutucuğunu işaretlenmesi gerekmektedir. Analiz için veri giriş sayfasının alt kısmında bulunan “Hesapla” butonuna basılması yeterlidir. İlgili yönteme ilişkin sonuçlar Analiz Sonucu sayfasından kısa sürede alınabilmektedir. Griffing Diallel analizlerinde iki farklı model (random ve fixed) olduğundan hesaplama butonu bu yöntemler için iki adettir. Kullanıcı şayet fixed modele göre hesaplama yapacak ise “Model 1’e Göre Hesapla” butonunu, random modele göre analiz yapacak ise “Model 2’e Göre Hesapla” butonunu kullanmalıdır. Aşağıda alt başlıklar halinde yazılımda kullanılan ıslah desenlerine ilişkin bilgiler ve programda kullanılan örnek veri setlerinden elde edilen çıktılar tablo haline dönüştürülerek sunulmuştur.

Line x Tester analizi

Line x Tester Türkçeye sıra dizi analizi olarak çevrilmiş ve 1957 yılında metodolojisi geliştirilmiş bir ıslah deseni analiz yöntemidir (Kemthorne, 1957). Analiz esasında diğer diallel analizlerinden daha sonra geliştirilmiş olup, tam ya

da yarım diallel şemalarında ebeveyn sayısının fazla olduğu durumlarda ortaya çıkan teknik sorunları ortadan kaldırmayı amaçlamaktadır. Bu analizde ana ve baba hatlar birbirinden farklı olup, genellikle ana hat sayısı fazla iken baba hat yani test edici sayısı 3-5 adettir. Böylelikle diğer diallel analizlerde oluşturulması gereken melez sayısı azaltılabilmekte

ve ıslah materyalleri ile tarla denemelerinin yürütülmesi daha kolay bir hal almaktadır. Analiz sonuçları diğer metotlarda olduğu gibi varyans analizi, kombinasyon yeteneği hesaplamaları üzerine odaklanmıştır. BAFR paketinde yapılan analizler sonucunda da temel olarak bu çıktılar alınabilmektedir.

Çizelge 1. BAFR paketi ve bağlı arayüzü ile analiz yapılabilen ıslah desenleri hakkında genel bilgiler

Analiz metodu	Pakette kullanılan kod	Dosya adı	Dosyanın ilk satırında olması değişken isimleri
Line × Tester Analizi	Line×Test(file1)	file1	replication line tester y
North Carolina Analizleri			
-North Carolina I	NCM1(file2)	file2	set male female progeny replication yield
-North Carolina II	NCM2(file3)	file3	set male female progeny replication yield
-North Carolina III	NCM3(file4)	file4	set male female progeny replication yield
Griffing Diallel Analizleri			
-Griffing Metot I:Model I	GriffingM1M1(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
-Griffing Metot I:Model II	GriffingM1M2(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
-Griffing Metot II:Model I	GriffingM2M1(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
-Griffing Metot II:Model II	GriffingM2M2(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
-Griffing Metot III:Model I	GriffingM3M1(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
-Griffing Metot III:Model II	GriffingM3M2(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
-Griffing Metot IV:Model I	GriffingM4M1(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
-Griffing Metot IV:Model II	GriffingM4M2(file5)	file5	Cross1 Cross2 Rep Yield
Hayman Diallel Analizi	HaymanR(file9)	file9	Cross1 Cross2 Rep Y

Çizelge 2. BAFR paketinden alınan Line × Tester analizine göre varyans analizi sonuçları

Varyans kaynağı	SD	KT	KO	F değeri	P değeri
Tekerür	3	83.00012	27.66671	0.304	0.8224
Genotipler	22	32553.2	1479.691	16.249	0.0001
Ebeveynler	7	6299.885	899.9836	9.883	0.0001
Ebeveynler vs. Melezler	1	53.66287	53.66287	0.589	0.4455
Melezler	14	26199.65	1871.404	20.551	0.0001
Hatlar	4	10318.36	2579.59	1.457	0.3009
Testerlar	2	1718.926	859.4629	0.485	0.6327
Hat × Tester	8	14162.37	1770.296	19.441	0.0001
Hata	66	6010.033	91.06111		
Toplam	91	38646.24			
Varyans bileşenleri					
Hatların Payı	39.38358				
Testerların Payı	6.560872				
L × T Payı	54.05555				
Cov H.S. (Hat)	67.4412				
Cov H.S. (Tester)	-45.54165				
Cov H.S. (Ortalama)	2.680894				
Cov F.S. (Ortalama)	411.3472				
F = 0, Eklemeli genetik varyans	10.72357				
F = 1, Eklemeli genetik varyans	5.361787				
F = 0, Dominans varyans	839.6174				
F = 1, Dominans varyans	419.8087				

SD: Serbeslik derecesi, KT: Kareler toplamı, KO: Kareler ortalaması, CV: Varyasyon katsayısı, Var M: Baba hatlara ait varyans, Var F: Ana hatlara ait varyans, Var A: Eklemeli varyans, Var D: Dominans varyans,

Pakette kullanılan örnek veri setine (file1) ait çıktılar aşağıda sunulmuştur. 5 ana ebeveyn ve 3 baba ebeveyn ile oluşturulan materyale ait veride

Line × Tester desenine göre varyans analizi ile GCA ve SCA değerlerine ilişkin sonuçlar çizelgelerde sunulmuştur. (Çizelge 2, Çizelge 3).

Çizelge 3. BAFR paketinden alınan Line x Tester analizi sonuçları

GCA&SCA değerleri		Tester		
Hat (Lines)	T6	T7	T8	GCA hat
H1	-8.019	24.959	-16.940	-9.960
H2	-12.546	5.717	6.828	0.718
H3	-9.461	-4.918	14.378	-23.817
H4	33.136	-14.321	-18.815	-13.870
H5	-3.111	-11.438	14.548	0.732
GCA Tester	0.292	6.404	-6.697	
Standart hatalar				
S.E. (gca for line)	2.75471			
S.E. (gca for tester)	2.133789			
S.E. (sca effect)	4.771297			
S.E. (gi - gj)line	3.895748			
S.E. (gi - gj)tester	3.017633			
S.E. (sij - skl)tester	6.747633			

GCA: Genel kombinasyon yeteneği. SCA: Özel kombinasyon yeteneği.

North Carolina analizleri

North Carolina Analizleri bir nevi Line x Tester Analizlerine benzerlik gösteren yöntemlerdendir. Ancak burada baba ebeveyn grubu yalnızca bir setten oluşmamakta birden fazla baba ebeveyn grubu kullanılabilir.

(Comstock ve Robinson. 1952). Üç farklı alt metodu bulunan bu tekniğin örnek olarak yalnızca ilk metoduna ilişkin çıktılar örnek dosya (file2) kullanılarak oluşturulmuş ve aşağıda sunulmuştur (Çizelge 4).

Çizelge 4. BAFR paketinden alınan North Carolina yöntemi (Model 1) varyans analizi sonuçları

Varyans kaynağı	SD	KT	KO	F değeri	P değeri
Set	1	0.5339	0.5339	7.212	0.009914
Set x Tekerrür	2	2.9894	1.4947	20.1914	4.34E-07
Set x Baba	4	22.1711	5.5428	74.8743	2.20E-16
Set x Baba x Ana	6	4.825	0.8042	10.863	1.31E-07
Set x Tek x Baba x Ana	10	3.2072	0.3207	4.3325	0.000246
Hata	48	3.5533	0.074		
Varyans bileşenleri	Hesaplama				
CV (%)	8.28				
Var M	0.3948843				
Var F	0.08057407				
Var A	1.579537				
Var D	-1.257241				

SD: Serbeslik derecesi. KT: Kareler toplamı. KO: Kareler ortalaması. CV: Varyasyon katsayısı. Var M: Baba hatlara ait varyans. Var F: Ana hatlara ait varyans. Var A: Eklemeli varyans. Var D: Dominans varyans.

Griffing diallel analizleri

Griffing diallel analizleri günümüzde ıslah denemelerinin analizinde kullanılan yöntemlerden olup, Griffing tarafından geliştirilmiştir (Griffing, 1956a, Griffing, 1956b). Daha öncede belirtildiği gibi dört farklı metoda uygun olarak geliştirilen teknikte iki farklı analiz modeline göre sonuç alınabilmektedir. Temel olarak bu yöntem resiproklı tam diallel, resiproksuz tam diallel,

yarım diallel ve ebeveynsiz yarım diallel ıslah desenlerine uygun analizleri yapmak ve kullanılan hatların kombinasyon yeteneklerini belirlemek amacıyla kullanılmaktadır. Dört ayrı metoda ve iki ayrı modele göre toplam sekiz farklı analiz opsiyonu bulunan bu teknikle ilgili örnek dosya (file5) kullanılarak yalnızca resiproklı tam diallel random modele göre çıktılar oluşturulmuş ve aşağıda sunulmuştur (Çizelge 5, Çizelge 6).

Çizelge 5. Griffing yöntemine göre BAFR paketinden alınan varyans analizi sonuçları

Varyans analizi	SD	KT	KO	F değeri	P değeri
GCA	6	6942	1157.03	3.6536	0.002608
SCA	21	51970	2474.74	7.8147	5.17E-13
Resiprokaller	21	24880	1184.75	3.7412	4.95E-06
Hata	96	30401	316.68		

SD: Serbeslik derecesi. KT: Kareler toplamı. KO: Kareler ortalaması. GCA: Genel kombinasyon yeteneği. SCA: Özel kombinasyon yeteneği.

Çizelge 6. Griffing yöntemine göre BAFR paketinden alınan ortalamalar ve kombinasyon yeteneği değerleri

Ortalamalar							
	Hat1	Hat2	Hat3	Hat4	Hat5	Hat6	Hat7
Hat1	130.0433	126.6667	226.2	215.9667	107.9	159.2333	156.1667
Hat2	178.45	101.95	136.25	177.7833	172.0733	175.1	122.9667
Hat3	145.15	176.3	57.3	199.91	174.2433	202.5	188.1
Hat4	185.2967	230.01	192.2667	133.04	158.8433	175.93	147.8333
Hat5	192.9	156.62	178.5567	145.14	75.9	241.5	167.8
Hat6	188.4	156.75	200.5933	216.5933	124.9933	65.00667	116.9667
Hat7	153.7	173.6667	218.53	120.2	108.9667	174.95	131.5733
GCA&SCA Hesaplamaları							
	Hat1	Hat2	Hat3	Hat4	Hat5	Hat6	Hat7
Hat1	3.543435	-7.16629	14.04585	23.38442	-1.81034	8.592993	0.461803
Hat2	-25.8917	-4.28371	-7.52701	34.47657	19.96347	8.528469	1.672279
Hat3	40.525	-20.025	7.620816	14.76371	20.11228	32.24561	44.76609
Hat4	15.335	-26.1133	3.821667	13.23891	-9.91415	21.34252	-30.1503
Hat5	-42.5	7.726667	-2.15667	6.851667	-11.798	33.36442	-0.74677
Hat6	-14.5833	9.175	0.953333	-20.3317	58.25333	1.21534	-6.1851
Hat7	1.233333	-25.35	-15.215	13.81667	29.41667	-28.9917	-9.5368

Not: Çizelgede koyu olarak gösterilen değerler ilgili melezin ebeveynine ait değerlerdir.

Çizelge 7. Hayman dilalel yöntemine göre BAFR paketinden alınan varyans analizi sonuçları

	SD	KT	KO	F değeri	P değeri
Tekerrür	2	564	282	0.2967	0.743968
Genotip	48	251316	5236	5.5111	0.000000
Eklemeli	6	20827	3471	3.6536	0.002608
Eklemeli Olmayan	21	1476521	70311	74.0081	0.000000
b1	1	91781	91781	96.6075	0.000000
b2	6	33600	5600	5.8945	0.000029
b3	14	1351140	96510	101.5854	0.000000
Maternal	6	18032	3005	3.1633	0.007105
Resiprokal	15	81487	5432	5.7182	0.000000
Hata	96	91204	950		
Toplam	146	343083			

SD: Serbeslik derecesi. KT: Kareler toplamı. KO: Kareler ortalaması.

Çizelge 8. Hayman yöntemine göre BAFR paketinden ortalamalar

	Hat1	Hat2	Hat3	Hat4	Hat5	Hat6	Hat7
Hat1	130.0	126.7	226.2	216.0	107.9	159.2	156.2
Hat2	178.5	102.0	136.3	177.8	172.1	175.1	123.0
Hat3	145.2	176.3	57.3	199.9	174.2	202.5	188.1
Hat4	185.3	230.0	192.3	133.0	158.8	175.9	147.8
Hat5	192.9	156.6	178.6	145.1	75.9	241.5	167.8
Hat6	188.4	156.8	200.6	216.6	125.0	65.0	117.0
Hat7	153.7	173.7	218.5	120.2	109.0	175.0	131.6

Not: Çizelgede koyu olarak gösterilen değerler ilgili melezin ebeveynine ait değerlerdir.

Hayman diallel analizi

Griffing Diallel analiz yöntemlerine benzer sonuç veren bu teknik Hayman tarafından ortaya atılmış ve diğer analizlerden farklı olarak grafiksel çıktılar üzerinden ebeveyn hatların kombinasyon yetenekleri hakkında bilgi sunmaktadır (Hayman.

1954a. Hayman 1954b). Diğer tarafından incelenen özellik hakkında genetik hesaplamalar sunan bu teknik, incelenen özelliğin kalıtımı hakkında da bilgiler vermektedir. Çalışmada 7 x 7 tam diallel örnek veri setinden elde edilen sonuçlar Çizelge 7. Çizelge 8. Çizelge 9 ve Çizelge 10'da sunulmuştur.

Çizelge 9. Hayman yöntemine göre BAFR paketinden alınan varyans-kovaryans hesaplamaları

	Wr	Vr	Wr-Vr	Wr+Vr	Yr	Wri	Wrei	Wreip
Hat1	-129.9	2042.0	-2172.0	1912.1	130.0	1501.0	30.4	79.9
Hat2	2.2	910.7	-908.6	912.9	102.0	1002.4	-379.3	-1051.4
Hat3	727.3	3215.2	-2487.9	3942.4	57.3	1883.4	455.2	1253.0
Hat4	-368.2	838.7	-1206.9	470.4	133.0	961.9	-405.4	-1123.5
Hat5	-142.0	2795.5	-2937.4	2653.5	75.9	1756.2	303.2	833.3
Hat6	625.8	3294.8	-2669.0	3920.6	65.0	1906.6	484.1	1332.7
Hat7	-699.3	653.9	-1353.2	-45.5	131.6	849.4	-472.3	-1308.2

Wr: Dizi kovaryansı. Vr: Dizi varyansı. Yr: Hat ortalaması. Wri: Ebeveyn-döl kovaryansı. Wrie: Wr ve Vr değerleri arasındaki regresyon denklemine ait eğim. Wreip: Wr ve Vr değerleri arasındaki regresyon denklemine ait intercept değeri.

Çizelge 10. Hayman yöntemine göre BAFR paketinden alınan diğer hesaplamalar

	Genetik hesaplamalar			Diğer parametreler		Fr	
	Tahmin	S.Hata	t değeri	1	3.200	Fr1	1860.7
E	312.1	213.3	1.5	2	0.236	Fr2	3859.1
D	791.2	603.4	1.3	3	2.057	Fr3	-2199.9
F	1751.6	1447.5	1.2	4	-0.890	Fr4	4744.0
H ₁	8104.6	1452.6	5.6	5	0.792	Fr5	377.9
H ₂	7667.7	1279.9	6.0	6	1.934	Fr6	-2156.3
h ²	14831.7	910.0	16.3	7	-0.133	Fr7	5775.8

D: Eklemeli genlere ait varyans komponenti. H₁: Dominans gen etkilerine ilişkin varyans komponenti. H₂: Pozitif ve negatif gen etkilerinin asimetrisine ilişkin dominans komponentler. E: Çevresel varyans. F: Ebeveynlerde resesif ve dominant allelerin oransal frekansı. h²: Dar anlamda kalıtım derecesi.

Sonuç ve Öneriler

Bu çalışma ile R programı kullanılarak ıslah denemelerinin analizinde kullanılan tekniklere yönelik hesaplamaların kolay şekilde yapılabileceği Türkçe arayüzlü BAFR paketi geliştirilmiştir. BAFR paketinin kişisel bilgisayarlara indirilerek kullanılabileceği gibi, web üzerinden kullanımı mümkündür. Program yardımı ile Line x Tester analizi, North Carolina analizleri, Hayman Analizi ve Griffing diallel analizlerine yönelik sonuç alınabilmektedir. Analiz sonuçları mevcut durumda arayüzün sonuç ekranından kopyalanarak alınabilmekte ve .txt dosyasına yapıştırılarak kullanılmaktadır. Geliştirilen arayüzün en önemli avantajları Türkçe arayüze sahip olması, kullanıcıların yalnızca veri girip sonuç alabileceği, kod yazımı gerektirmemesidir. Bunun yanı sıra bilimsel çalışmalar için geliştirilmiş bu arayüzün ücretsiz olması ve internet üzerinden erişim sayesinde herhangi bir kurulum ya da ek işlem gerektirmeden ıslah denemelerine ait sonuçları analiz etme imkanı sunması da arayüzün sunduğu önemli katkılar arasındadır.

İleriki versiyonlarda sonuçların tablo formatında çıktısının verilmesi ve hatta yayın ya da bilimsel bir rapora uygun formatta hazır tablolar halinde sunulması amaçlanmaktadır. Bunun yanı sıra farklı modüllerin (standart deneme desenleri vb.) arayüze eklenmesi ile kullanıcı kitlesinin genişletilmesi hedeflenmektedir. Ayrıca BAFR paketinin, çok yıllık olarak yürütülen ya da çok lokasyonlu yürütülmüş ıslah denemelerinin analizini yapabilen bir paket haline getirilmesi için çalışmalar yapılacaktır. Mevcut haliyle arayüzü geliştirmek amacıyla yardımcı paketler (agricolae, DiallelAnalysisR) kullanıldığından arayüzün çıktıları üzerinde değişiklik şansı kısıtlıdır. Paketin tamamen kendi kodlarına sahip olarak geliştirilmesi ve güncellenmesi sayesinde bu olumsuzlukların tamamının giderilmesi mümkündür. Geliştirilen paket Windows 10 işletim sistemi altında test edilmiş olup Linux işletim sistemine uygun olmayabilir. Programın etkin sorunsuz şekilde çalışabilmesi için öncelikle R veya RStudio platformları kullanılarak, devtools, shiny, agricolae ve DiallelAnalysisR paketlerinin yüklenmesi önerilmektedir. BAFR paketi ve web arayüzüne

girilecek verilere örnek olacak .txt uzantılı dosyalar <http://www.baf-eyt.com.tr/> sayfasında mevcuttur. Analizin doğru şekilde sonuç verebilmesi için dosya uzantısının txt olması ve bu örnek dosyalardaki değişken isimlerine göre analiz edilecek verinin düzenlenmesi gerekmektedir.

Zhang. Y., Kang. M.S., Lamkey, K.R. 2005. DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. *Agron. J.*, 97: 1097-1106.

Kaynaklar

- Bartolome. V.I., Gregorio. G.B. 2000. An Interactive Macro Program for Line x Tester Analysis. 25th SAS Conference Proceedings. Indianapolis. 9-12 April 2000. SAS Users Group International. Indianapolis. Indiana. USA.
- Comstock. R.E., Robinson. H.F. 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4: 254-266.
- Griffing, B. 1956a. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4): 463-493.
- Griffing, B. 1956b. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, 10: 31-50.
- Hayman, B. I. 1954a. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39: 789-809.
- Hayman, B. I. 1954b. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, 10: 235-244.
- Ihaka, R., Gentleman, R. 1996. R: a language for data analysis and graphics. *Journal of Computational and Graphical Statistics* 5: 299–314.
- Kempthorne, O. 1956. The theory of the diallel cross. *Genetics*, 41: 451-459.
- Nduwumuremyi, A., Tongoona, P., Habimana, S. 2013. Mating design: Helpful tool for quantitative plant breeding analysis. *Journal of Plant Breeding and Genetics*, 1(3): 117-129.
- Paradis, E. 2002. R for Beginners. Montpellier (F): University of Montpellier, p.111. URL: http://cran.r-project.org/doc/contrib/rdebuts_en.pdf.
- R Core Team, 2019. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna. Austria. URL: <https://www.R-project.org/>.
- Sharma, J.R. 2006. Statistical and Biometrical Techniques in Plant Breeding. New Age International. 2006: p. 432.
- Sughrue, J.R. 1995. Proper analysis of the diallel mating design. *Retrospective Theses and Dissertations*, 10987.