



T.C.  
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**KUZULARDA BÜYÜME ÖZELLİKLERİ İÇİN  
KLASİK VE BAYESYEN YÖNTEMLERLE  
GENETİK PARAMETRE TAHMİNLERİ**

**ADİLE TATLIYER**

**DOKTORA TEZİ  
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

**KAHRAMANMARAŞ 2018**

**T.C.**  
**KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**KUZULARDA BÜYÜME ÖZELLİKLERİ İÇİN**  
**KLASİK VE BAYESYEN YÖNTEMLERLE**  
**GENETİK PARAMETRE TAHMİNLERİ**

**ADİLE TATLIYER**

**Bu tez,**  
**Zootekni Anabilim Dalında**  
**DOKTORA**  
**derecesi için hazırlanmıştır.**

**KAHRAMANMARAŞ 2018**

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Adile TATLIYER tarafından hazırlanan “KUZULARDA BÜYÜME ÖZELLİKLERİ İÇİN KLASİK VE BAYESYEN YÖNTEMLERLE GENETİK PARAMETRE TAHMİNLERİ” adlı bu tez, jürimiz tarafından 22 /11/ 2018 tarihinde oy birliği / oy çokluğu ile Zootekni Anabilim Dalında Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Prof.Dr. Sinan BAŞ (DANIŞMAN) .....

Zootekni Anabilim Dalı

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Prof. Dr. Turgay TAŞKIN (ÜYE) .....

Zootekni Anabilim Dalı

Ege Üniversitesi

Prof. Dr. Ali KAYGISIZ (ÜYE) .....

Zootekni Anabilim Dalı

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Doç. Dr. Mustafa ŞAHİN (ÜYE) .....

Zootekni Anabilim Dalı

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Dr. Öğr. Üyesi Burcu MESTAV (ÜYE) .....

İstatistik Anabilim Dalı

Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylıyorum.

Doç. Dr. Mustafa ŞEKKELİ .....

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

## TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada, alıntı yapılan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Adile TATLIYER



Bu çalışmada Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü tarafından verilen izinle, yürütülen “Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi” kapsamında Osmaniye İlinde uygulanan Halk Elinde İvesi Koyunu Projeleri (Proje Kodu: 80 IVE 2012-01) kapsamında tutulan kayıtlardan yararlanılmıştır.

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

**KUZULARDA BÜYÜME ÖZELLİKLERİ İÇİN KLASİK VE BAYESYEN  
YÖNTEMLERLE GENETİK PARAMETRE TAHMİNLERİ  
(DOKTORA TEZİ)  
ADİLE TATLIYER**

**ÖZET**

Bu çalışmada, Klasik (Frekansçı, Berkeley) yaklaşım ve Bayesyen yaklaşım kullanılarak, büyüme özelliklerinden olan doğum ağırlığı (DA), sütten kesim ağırlığı (SKA) ve doğum ile sütten kesim dönemi arasındaki günlük canlı ağırlık artışına (GCAA) ait genetik parametre tahminlemesi yapılmıştır.

Araştırmada kullanılan veri ve pedigrisi bilgisi TAGEM tarafından yürütülen Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi çerçevesinde Damızlık Koyun Keçi Yetiştiricileri Birliği'ne kayıtlı işletmelerde 2012-2016 yılları arasında doğan ve geleneksel şartlarda yetiştirilen, 80 baba ve 1917 anadan olan 4971 bireyden elde edilmiştir.

Üzerinde durulan özelliklerle (DA, SKA, GCAA) ilgisi olduğu düşünülen yıl (mevsim), cinsiyet, ana yaşı ve işletme büyüklüğünün etkileri istatistiksel olarak çok önemli bulunmuştur ( $p < 0.01$ ). DA, SKA ve GCAA'na ait en küçük kareler ortalamaları sırasıyla  $3.45 \pm 0.02$  kg,  $17.93 \pm 0.05$  kg ve  $0.236 \pm 0.001$  g'dır.

Parametre tahminleri, eklemeli genetik varyans, hata varyansı, fenotipik varyans, kalıtım derecesi, üzerinde durulan özellikler arasındaki kovaryans, maternal genetik etki, permanent maternal genetik etki değerleri farklı kombinasyon içeren tek özellikli altı birey modeli kullanılarak yorumlanmıştır. Araştırmada üzerinde durulan özelliklere ait varyans unsurları, kalıtım dereceleri MTDFREML ve R programındaki MCMCglmm paketi yardımıyla hesaplanmıştır. Klasik yaklaşımda her bir özellik için en uygun model Akaike Bilgi Kriteri (*AIC*) ve  $-2LogL$  değerlerine göre seçilirken, Bayesçi yaklaşımda Deviance Bilgi Kriteri (*DIC*) değerine göre seçilmiştir. Buna göre, DA'na ait kalıtım derecesi orta düzeyde (0.20) bulunmuşken, SKA ve GCAA'na ait kalıtım derecesi tahminleri benzer ve yüksek düzeydedir (0.35). Tüm modellerde, maternal etkiye ait genetik varyansın düşük olduğu görülmüştür. Genetik parametre tahminleri için her iki yaklaşımda da en sade modelin en uygun model olduğu ve maternal etkiye ait varyansların hesaplanabilmesi için veri yapısının elverişli olmadığı kanısına ulaşılmıştır.

**Anahtar Kelimeler:**

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Zootekni Anabilim Dalı, Kasım / 2018

Danışman: Prof. Dr. Sinan BAŞ

Sayfa sayısı: 102

**ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH TRAIT IN LAMB  
BY USING CLASSICAL AND BAYESIAN METHODS  
(Ph.D. THESIS)**

**ADİLE TATLIYER**

**ABSTRACT**

This study was conducted to estimate genetic parameters of birth weight (BW), weaning weight (WW) and average daily gain pre-weaning (ADG), which are growth traits in Classical (Frequentist, Berkeley) approach and in Bayesian approach. Data and pedigree information used in this research were obtained from breeders that in Sheep and Goat Breeders' Associations of Turkey which were borned between 2012-2016 years on 4971 lambs which were raised traditional conditions descended from 80 sires and 1917 dams.

The effects of season, sex, dam age and flock size factors that were thought to be effect to mention traits (BW, WW, ADG) were found very important statistically ( $p < 0.01$ ). The least squares means of BW, WW and ADG were obtained as  $3.45 \pm 0.02$  kg,  $17.93 \pm 0.05$  kg and  $0.236 \pm 0.001$  g, respectively.

For this aim, additive genetic variance, error variance, phenotypic variance, heritability, covariance between traits, maternal genetic effect and permanent maternal genetic effect were interpreted using six univariate animal models including different combination. Variance components and heritability of these traits were calculated by using MTDFREML and MCMCglmm package in R software. For each trait, the most appropriate model was chosen based on Akaike Information Criteria (*AIC*) and  $-2\text{Log}L$  values in the classical approach and was chosen based on Deviance Information Criterion (*DIC*) value in the Bayesian approach. Heritability of BW was found moderate (0.20), heritabilities of WW and ADG were estimated similar and high (0.35). It has been seen that for all models, the genetic variance associated with maternal effect was lower. The most suitable model is the basic model for the approaches. It has been concluded that the data structure was not suitable for the estimation of maternal effects.

Kahramanmaraş Sütçü Imam University  
Institute for Graduate Studies In Science And Technology  
Department of Animal Science, November / 2018

Supervisor: Prof. Dr. Sinan BAŞ

Page number: 102

## TEŞEKKÜR

Bu tez çalışması süresince engin bilgi ve tecrübelerinden faydalandığım ve çalışmamın her aşamasında sağladığı bilimsel katkılardan dolayı danışman hocam Sayın Prof.Dr. Sinan BAŞ'a teşekkürü bir borç bilirim.

Tez çalışması süresince desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen ve bugüne kadar tecrübelerini her zaman benimle paylaşan Dr.Öğr.Üyesi Burcu MESTAV'a sonsuz teşekkür ederim. Çalışmalarım sırasında yönlendirici katkı ve önerilerinden dolayı Prof.Dr. Ali KAYGISIZ ve Doç.Dr. Serdar DURU hocama, tez verilerinin düzenlenmesinde yardımlarını esirgemeyen arkadaşım Arş.Gör. Ayşe Övgü ŞEN'e teşekkürlerimi sunarım.

Ayrıca, Halk Elinde Hayvan Islahı Ülkesel Projesinin koordinatörlüğünü yürüten Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü, Hayvancılık ve Su Ürünleri Araştırmaları Dairesi Başkanlığının değerli idarecilerine, Küçükbaş Hayvancılık Araştırmaları Çalışma Grubu ekibine, kayıtlarını kullanmamıza izin vererek bu çalışmanın gerçekleşmesine katkıda bulunan Osmaniye İli Damızlık Koyun Keçi Yetiştiricileri Birliği'ne ve Proje Teknik Elemanlarına teşekkür ederim.

Son olarak, bu günlere gelmemde hayatım boyunca sabırla maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen annem Fatma TATLIYER'e, babam Şakir TATLIYER'e ve biricik kardeşim Ayça Nida ALMA'ya teşekkürlerimi sunarım.

# İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖZET .....	i
ABSTRACT .....	ii
TEŞEKKÜR .....	iii
İÇİNDEKİLER .....	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	vi
ÇİZELGELER .....	ix
1. GİRİŞ .....	1
2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMA .....	5
2.1. Fenotipi Etkileyen Varyasyon Kaynakları.....	5
2.2. Varyans Unsuru Tahmin Yöntemlerinin Önemi .....	8
2.3. Genetik İslahta Varyans Unsurları Tahmin Yöntemlerinin Tarihsel Gelişimi .....	10
2.3.1. 1970 yılı öncesinde varyans unsurları tahminleme yöntemlerindeki gelişmeler .....	10
2.3.2. 1970 sonrası varyans unsurları tahminleme yöntemlerindeki gelişmeler .....	13
2.4. Kısıtlanmış En İyi Olabilirlik (Restricted Maximum Likelihood, REML) Yöntemi	17
2.5. Bayeşçi Yaklaşım ve MCMC Yöntemleri .....	19
2.5.1. Ön (prior) dağılım .....	20
2.5.2. Olabilirlik fonksiyonu (likelihood) .....	21
2.5.3. Sonsal (posterior) dağılım.....	21
2.5.4. Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) yöntemleri (Metropolis-Hasting ve Gibbs örnekleme).....	21
2.6. Varyans Unsurları Tahmin Yöntemleri İçin Türkiye’de Yapılan Çalışmalar.....	24
2.7. Büyüme Özelliklerinde Genetik Parametre Tahminlenmesi Üzerine Araştırmalar ..	27
3. MATERYAL VE METOT .....	36
3.1. Materyal .....	36
3.2. İstatistiksel Analizler .....	38
3.3. Ön Dağılımlar.....	43
3.4. Ortak Sonsal Yoğunluk Fonksiyonu.....	44
3.5. Varyansların Şartlı Dağılımları .....	44
3.5.1. Hata varyansı.....	44
3.5.2. Genetik varyans.....	45
3.5.3. Maternal permanent etki .....	46
3.5.4. Etkilerin şartlı dağılımları.....	46

4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	49
4.1. Sabit Etkiler.....	49
4.2. Varyans-Kovaryans Unsurları ve Genetik Parametreler .....	50
4.2.1. REML yöntemiyle elde edilen sonuçlar .....	50
4.2.2. Bayeşçi yaklaşım Gibbs örnekleme ile elde edilen sonuçlar .....	59
5. SONUÇ VE ÖNERİLER .....	67
6. EKLER.....	70
6.1. MCMC ile Tahminlenen Genetik Parametrelerin İz Grafikleri ve Sonsal Dağılımları .....	70
6.1.1. Doğum ağırlığı .....	70
6.1.2. Sütten kesim ağırlığı.....	74
6.1.3. Günlük canlı ağırlık artışı .....	79
KAYNAKLAR.....	84
ÖZGEÇMİŞ.....	99

## ŞEKİLLER DİZİNİ

### Sayfa No

Şekil 1. DA Model 1 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	70
Şekil 2. DA Model 2 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	70
Şekil 3. DA Model 2 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	71
Şekil 4. DA Model 3 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	71
Şekil 5. DA Model 3 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	71
Şekil 6. DA Model 4 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	72
Şekil 7. DA Model 4 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri .....	72
Şekil 8. DA Model 5 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	72
Şekil 9. DA Model 5 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	73
Şekil 10. DA Model 5 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri .....	73
Şekil 11. DA Model 6 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	73
Şekil 12. DA Model 6 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	74
Şekil 13. DA Model 6 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri .....	74
Şekil 14. SKA Model 1 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	74
Şekil 15. SKA Model 2 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	75
Şekil 16. SKA Model 2 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	75

Şekil 17. SKA Model 3 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	75
Şekil 18. SKA Model 3 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	76
Şekil 19. SKA Model 4 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	76
Şekil 20. SKA Model 4 için anadan kaynaklı sabit çevre etkilerine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	76
Şekil 21. SKA Model 5 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	77
Şekil 22. SKA Model 5 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	77
Şekil 23. SKA Model 5 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	77
Şekil 24. SKA Model 6 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	78
Şekil 25. SKA Model 6 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	78
Şekil 26. SKA Model 6 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	78
Şekil 27. GCAA Model 1 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	79
Şekil 28. GCAA Model 2 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	79
Şekil 29. GCAA Model 2 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	79
Şekil 30. GCAA Model 3 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	80
Şekil 31. GCAA Model 3 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	80
Şekil 32. GCAA Model 4 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	80
Şekil 33. GCAA Model 4 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	81

Şekil 34. GCAA Model 5 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	81
Şekil 35. GCAA Model 5 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	81
Şekil 36. GCAA Model 5 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	82
Şekil 37. GCAA Model 6 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	82
Şekil 38. GCAA Model 6 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	82
Şekil 39. GCAA Model 6 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri.....	83

## ÇİZELGELER

### Sayfa No

Çizelge 3.1. İvesi kuzularına ait veri setinin özellikleri.....	37
Çizelge 3.2. İvesi kuzularına ait doğum, sütten kesim ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışına ait tanımlayıcı istatistikler .....	37
Çizelge 3.3. İşletmelerin sürü büyüklüğüne göre gruplandırılması.....	38
Çizelge 4.1. İvesi kuzularında doğum ve sütten kesim ağırlıkları ile günlük canlı ağırlık artışına ilişki varyans analizi, önemlilik ve çoklu karşılaştırma testi sonuçları, en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları .....	49
Çizelge 4.2. REML ile tahminlenen doğum ağırlığına ait varyans unsurları ve genetik parametreler .....	53
Çizelge 4.3. REML ile tahminlenen sütten kesim ağırlığına ait varyans unsurları ve genetik parametreler .....	56
Çizelge 4.4. REML ile tahminlenen günlük canlı ağırlık artışına ait varyans unsurları ve genetik parametreler .....	58
Çizelge 4.5. Doğum Ağırlığı için MCMC sonuçları .....	62
Çizelge 4.6. Sütten Kesim Ağırlığı için MCMC sonuçları .....	63
Çizelge 4.7. Günlük canlı ağırlık artışı için MCMC sonuçları.....	64

## 1. GİRİŞ

Türkiye’de Cumhuriyetin kuruluşundan beri sanayileşme alanında önemli gelişmeler kaydedilmesine rağmen, hayvansal üretimde istenilen düzeye henüz ulaşılamamıştır. Hızla artan nüfusla birlikte bireylerin sağlıklı ve dengeli beslenmesinde önemli bir yeri olan hayvansal kaynaklı proteinlerin sağlanmasında ihtiyaç duyulan talep de yeterince karşılanamamıştır. Bu eksikliğin giderilebilmesi için hayvan sayısının artırılması yöntemine başvurulmuş, ancak başarı sağlanamamıştır.

Hayvan varlığı bakımından sayılı ülkeler arasında olan Türkiye, hayvan başına elde edilen verim bakımından gelişmiş ülkelere göre oldukça gerilerde kalmaktadır. Bu oranın artırılması amacıyla çeşitli kurumlar tarafından verimi etkileyen çevre faktörlerinin düzeltilmesi ve hayvanların genotipik değerinin artırılması için birçok ıslah çalışması yapılmaktadır. Hayvan ıslahı, genetik olarak üstün hayvanların tespiti, seçimi, çiftleştirilmesi, yetiştirilmesini kapsar ve dolayısıyla uzun zaman alan, büyük emek gerektiren, pahalı ve zor bir iştir (Düzgüneş ve ark., 2012).

Hayvan başına verimi artırmak için yapılan ıslah çalışmalarında esas olan, çiftlik hayvanlarında genetik kapasiteyi artırarak ekonomik değere sahip özelliklerin mümkün olan en az maliyetle maksimum seviyeye kalıcı ve sürekli olarak ulaştırmasını sağlamaktır (Mestav, 2011). Bu çalışmaların başarısı bazı parametrelerin bilinmesine bağlıdır.

Yapılacak olan ıslah çalışmalarında atılacak ilk adım; popülasyonda üzerinde durulan verim veya verimler açısından “*mevcut durumun tespiti için varyasyon*”un bilinmesidir. Varyasyonun bilinmesi için hayvanların bireysel verim kayıtlarının düzenli ve titizlikle tutulması şarttır. Bir sonraki aşamada; hayvanlar arasındaki varyasyonda “*genotip ve çevre*” nin etki payının belirlenerek, üzerinde durulan özellik veya özelliklerin iyileştirilmesi için “*varılmak istenilen hedef tespiti*” yapılır. Bu aşamalardan sonra, ıslahçılar için elde edilen bilgilere göre “*program yapma*” aşaması gelmektedir (Soysal, 2005). Düzenli bir şekilde büyük bir titizlikle tutulan verim performansı kayıtlarına göre seleksiyona yön veren genotipik ve fenotipik parametre tahminleri yapılır (Kumlu, 2000; Ertuğrul ve ark., 2002).

Seleksiyonla sağlanan ilerlemede kullanılan genotipik ve fenotipik parametre tahminlerinin doğruluğu, yapılacak ıslahın başarısını etkilediğinden, tahminler için

kullanılan verim kayıtlarının önemi ortaya çıkmaktadır. Söz konusu hayvan ıslahı çalışmalarında uzun vadede sonuç alınması ve geri dönüşümün olamaması düşünüldüğünde, genotipik ve fenotipik parametrelerin önceden bilinmesinin önemi daha da artar. Bu parametrelerin doğruluğu, ortaya çıkması olası riskli durumları engellemektedir. Bundan dolayıdır ki, genetik parametrelerin bilinmesi için varyans unsurlarının bilinmesi gerekmektedir.

Fenotipik varyansın ana unsurlarından genotipik ve çevre varyansını oluşturan çeşitli varyans unsurları bireyler arasında ve sürülerde farklılık göstermekte olup, ıslah çalışmalarında ölçülmesi zorunludur. Varyans unsurlarının tahminlenmesi, varyasyona neden olan farklılığın hangi kaynaktan ve ne derecede geldiğinin ortaya konulmasını amaçlamaktadır. Bu amaçla pek çok araştırmacı, varyans unsurlarının tahmin edilmesi için farklı tahmin yöntemleri geliştirmeye çalışmışlardır. Her yeni yöntem, bir önceki yöntemin dezavantajını ortadan kaldırmak amacıyla geliştirilmiştir. Varyans unsurlarının analizlerinde kullanılan modeller ve bu modellerle varılan hükümlerin doğruluğu, üzerinde çalışılan biyolojiyi temsil ettiğinden dolayı oldukça önemlidir (Harvey, 1960). Özellikle hayvancılık çalışmalarında ekonomik öneme sahip özellikler bakımından damızlık değerinin doğru tahminlenmesinde varyans unsurlarının önemli bir rolü vardır (Kennedy, 1981).

Genetik ıslah araştırmalarında (örneğin damızlık değer tahminleri, genetik ilerleme tahminlerinin yapılabilmesi gibi araştırmalarda) istatistik bilimin katkısı oldukça büyüktür. Bilişim teknolojisinin hızlı gelişimi ile birlikte, karmaşık istatistiksel işlemlerin hız ve kapasitelerinin artması ıslah araştırmalarında daha kısa sürede sonuç alınmasına, aksayan yönlerin daha net görülmesine, varyans unsurlarının daha ayrıntılı ve isabetli tahmini için yeni model, yöntem ve yaklaşımlar geliştirilmesine, kullanılan program ve yazılımların hızlı gelişimine imkan sağlamıştır. Dolayısıyla, damızlık hayvan seçiminin istatistiksel olarak değerlendirilmesinde daha güvenilir tahminler yapılabilmektedir.

Varyasyon unsurlarının tahmininde kullanılan istatistiksel analiz yöntemlerinde, bilgisayar teknolojisinin hızla gelişmesine paralel olarak 20. yüzyıl içinde önemli ilerlemeler gerçekleşmiştir. Özellikle son 30 yıl içerisinde varyans unsurlarının tahmini için birçok yöntem geliştirilmiştir. Genetik varyansın tahmin edilebilmesi için Varyans Analizi (ANOVA), Maksimum Olabilirlik (Maksimum Likelihood, ML), Kısıtlanmış En İyi Olabilirlik (Restricted Maximum Likelihood, REML), damızlık değer tahmini için ise En İyi Doğrusal Sapmasız Tahminleyici (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP) en çok

kullanılan tahmin yöntemleridir (Mestav, 2011). Bu yöntemler istatistik biliminin gelişim sürecinde klasik (Frekansçı, Berkeley) yaklaşımlar olarak isimlendirilebilir.

Bununla birlikte, bu süreçte Bayeşçi yaklaşım da etkili olmuştur. Bayeşçi yaklaşım, klasik yaklaşıma alternatif olarak geliştirilmiş olup, her iki yaklaşımda birçok konu ve kavram farklı farklı yorumlanmaktadır. Bayeşçi yaklaşımda bir olayın meydana gelme olasılığı, o olaya ilişkin önsel bilgi ile mevcut verinin birleşiminden elde edilir (Ekici, 2009). Bayes yaklaşımında, belirsizlikler olasılıklarla ifade edilirken, klasik yaklaşımda belirsizliklere varsayımlarla yaklaşılr ve hipotezin kabul edilmesi ya da kabul edilmemesi yönünde karar verilir. Bayes yaklaşımında sayısal integrallerin fazla olması ve subjektif bilgiye dayalı olması, bu yaklaşımın klasik yaklaşımın gölgesinde kalmasına neden olmuştur. Ancak, zamanla gelişen teknoloji integral alma işlemini kolaylaştırmış ve Bayes yaklaşımı kullanımı yaygınlaştırmıştır.

Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi 2005 yılında uygulanmaya konmuş olup her yıl kapsam genişletilerek yaklaşık 180 alt projeye 2 milyon civarında hayvanı denetler hale gelmiş Cumhuriyet tarihinin en uzun süreli ve en büyük projelerinden biridir (Yağcı, 2017). Projeye dahil işletmelerden Ziraat Mühendisleri denetiminde çeşitli veriler derlenerek yıllar içerisinde muazzam büyüklükte veri setleri ortaya çıkmıştır. Ancak, toplanan bu kayıtların sağlıklı bir biçimde değerlendirilip seleksiyona temel teşkil edecek parametrelerin elde edilmesi ve damızlık seçiminin genetik farklılıklara dayandırılması konusunda yeterince güçlü adımlar atılmamıştır.

Daha önce vurgulandığı gibi, islahta kalıcı sonuçlar elde edebilmek için gerekli olan genetik parametrelerin sağlıklı tahmin edilebilmesi kayıt tutmadaki titizliğe ve tutulan kayıtların güvenilirliğine bağlıdır. Çeşitli yöntemler ve modellerle analize tabi tutulan verilerden elde edilen parametreler aynı zamanda verilerin yapısı ve kayıt tutmadaki aksaklıklar hakkında da fikir verebilir. Bu da, yıllar boyu sürdürülen emek ve masrafla gelinen noktadan projenin artık evrilmesi gereken seleksiyon aşaması için son derecede önemlidir.

Literatürde, farklı ırklara ait varyans-kovaryans unsurlarının ve genetik parametre tahminlerinin elde edilmesinde REML yöntemi kullanılarak yapılmış çok sayıda araştırma mevcuttur. Ancak, İvesi kuzularında Bayeşçi yaklaşımın uygulanıp aynı zamanda farklı birey modellerinin olduğu araştırma çok azdır. Bununla birlikte, Misztal (2008), MCMC yöntemi ile yapılan Bayeşçi yaklaşımın, büyük veri setlerinin kullanıldığı ve birden çok

özelliğın bir arada olduđu karışık modellerde Kısıtlanmıř Maksimum Olabilirlik (REML) yöntemine göre oldukça kolay olduđundan bahsetmiřtir. Bu amaçla bu tez çalıřmasında Bayeřçi yaklařım ile de tahminleme yapılmıřtır.

Bu çalıřmada, 2011-2015 yılları arasında Halk Elinde Küçükbař Hayvan Islahı Ülkesel Projesinin Osmaniye ilinde uygulanan alt projelerinden İvesi koyunu yetiřtiren iřletmelerde titizlikle tutulan 4 yıllık kuzu kayıtları kullanılarak bazı büyüme özellikleri için Klasik (en küçük kareler temelli, frekansçı) ve Bayesyen (olasılıkçı) istatistik yöntemlerinden faydalanılarak genetik parametrelerin tahmin edilmesi amaçlanmıřtır. Böylece, İvesi kuzularında ekonomik öneme sahip olan özelliklerden doğum ağırlığı, süttten kesim ağırlığı ve doğumdan süttten kesim dönemine kadar olan günlük canlı ağırlık artışına iliřkin varyans-kovaryans unsurlarının tahminleri gerçekteřtirilmiř, genetik varyasyon ortaya konulmuř, kalıtım dereceleri ve özellikler arasındaki genetik korelasyonlar, hem klasik yaklařımla (REML) hem de Bayeřçi yaklařımla (Gibbs örneklemesi) tahmin edilmiřtir. Aynı zamanda, REML ve Gibbs örnekleme yöntemlerinin karşılařtırılması yapılarak proje çıktıları ile bir seleksiyon programına iliřkin varsayımlarda bulunulmuřtur.

Ayrıca, proje kapsamındaki diđer veri setlerine de bu yaklařımların uygulanabilirliđi ile genetik varyans unsurlarının, özellikle maternal varyansın ve maternal etkileřimlerin tahminlenebilirliđi konusunda ipuçları ortaya koymak ve bazı öneriler geliřtirmek arařtırmanın amaçları arasındadır.

## 2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMA

Kaynak taramasında, tez konusu ile ilintili olacak şekilde öncelikle fenotipi etkileyen varyasyon kaynaklarından bahsedilmiş, varyans unsurları tahmin yöntemlerinin önemi ve genetik ıslahta varyans unsurları tahmin yöntemlerinin tarihsel gelişimi sunulmuştur.

İkinci aşamada sırasıyla; bu yöntemlerden REML (klasik yaklaşım) ve Bayesçi yaklaşımı, varyans unsurları tahminlerinde Türkiye’de yapılan ıslah çalışmaları ve son olarak farklı koyun ırklarında büyüme özelliklerinden canlı ağırlıklara ilişkin genetik parametre tahminleme çalışmalarına ilişkin literatür bilgisi alt başlıklar halinde özetlenmiştir.

### 2.1. Fenotipi Etkileyen Varyasyon Kaynakları

Hayvan ıslahında seleksiyonda üzerinde durulan ve ekonomik önem taşıyan başlıca karakterler kantitatif niteliktedir. Bu özellikler, çok sayıda gen tarafından belirlenmekte, çevresel faktörlerden etkilenmekte ve sürekli dağılım göstermektedir.

Genetik gelişmeyi hedef alan seleksiyon ise, fertlerin genetik yapı farklılıklarına dayanır. Ancak, döllerin atalarından gelen genetik materyalle birlikte bu farklılıkta çevrenin etkisi de vardır. Bu nedenle, yapılacak olan genetik ıslah çalışmalarında düzenli olarak kayıt altına alınmış verilerin değerlendirilmesi için ilk aşama model oluşturmaktır. Herhangi bir bireyin fenotipi (F), kendi genotipi (G) ile içinde bulunduğu çevre (Ç) etkilerinin eklenmesi ile meydana gelir. Yani;  $F = G + Ç$ ’dir (Bourdon, 1997; Kumlu, 1999; Tekin 2000; Tüzemen ve ark., 2003).

Kantitatif özellikler bakımından bireyler arasında gözlenen farklığa “*Fenotipik Varyasyon*” denilir ve ölçüsü de “*Fenotipik Varyans* ( $\sigma_p^2$ )” olarak ifade edilir. Fenotipik varyans, genetik ( $\sigma_G^2$ ) ve çevre varyansından ( $\sigma_E^2$ ) oluşmaktadır. Dolayısıyla fenotipik varyans ( $\sigma_p^2$ ), genetik varyans ( $\sigma_G^2$ ) ile çevre varyansının ( $\sigma_E^2$ ) toplamı ( $\sigma_p^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2$ ) olarak gösterilebilir.

Genetik varyans, allel genlerin eklemeli ve eklemeli olmayan etkileri ile allel olmayan genlerin etkileşimleriyle (interaksiyonlar) ortaya çıkan epistatik etkiler ve bunların çevre ile olan etkileşimleri sonucunda şekillenmektedir. Bu durum genotiple çevre

arasında korelasyon veya interaksiyon olmadığı takdirde ifade edilir. Eğer genotiple çevre arasında korelasyon veya interaksiyon varsa, bu durumda  $\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + 2CovGE$  olarak değiştirilebilir. Burada “ $2CovGE$ ” genotipik değer ile çevre etkisinin kovaryansı olup, genotiple çevre arasında bir korelasyon ( $rGE$ ) bulunduğu takdirde genotip çevre kovaryansı ( $CovGE$ ) söz konusu olabilir. Çevre faktörlerini çeşitli genotiplerin değerlerine göre ayarlamak pratikte mümkün değildir. Bu nedenle çoğunlukla  $rGE=0$  kabul edilmektedir (Evrin ve Güneş, 1995; Kumlu, 1999; Simm, 1998; Tüzemen ve ark., 2003).

Değişik genotipler farklı çevre şartlarında değişik değerler gösterebilir ve bu durumda fenotipik varyansın matematiksel ifadesi  $\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + 2CovGE + \sigma_{GxE}^2$  şeklini alır. “ $\sigma_{GxE}^2$ ” genotiplerle çevreler arasında bir etkileşimi ifade eder ve çevre şartlarında çok büyük farklılık yoksa çok az önem taşır ( $\sigma_{GxE}^2 = 0$ ) (Soysal, 2000; Tüzemen ve ark., 2003; Vanlı ve ark., 2012).

Fenotipik varyasyonda toplam genetik varyasyonu açıklamak için çeşitli genetik modeller kullanılmaktadır. Populasyon içi ıslah çalışmalarında eklemeli genetik model kullanılması, populasyonlar arası ıslah çalışmalarında eklemeli-dominant veya epistatik etkileri de içeren modellerin kullanılması tavsiye edilmektedir. Çünkü eklemeli modelin toplam genetik varyasyonu açıklayabilme gücü, populasyonlar arası seleksiyon uygulamalarında yetersiz kalmaktadır. Bundan dolayı, araştırmacılar en azından eklemeli-dominant modelin kullanımını önermektedirler (Lasley, 1987; Akbaş, 2000).

Bununla birlikte, fenotipik yapıdaki farklılıkta çevrenin etkisinin olması, genetik yapı bakımından üstün hayvanların seçimi ve sürüde alıkonulacak hayvanların damızlık değerini geliştirmek için yapılan seleksiyonu güçleştirir. Genetik araştırmalar ve seleksiyonun doğruluk derecesini sınırlayan çevre kaynaklı varyasyon, aslında bir hata kaynağı olarak kabul edilir (Falconer, 1989).

Çevre kaynaklı etkiler ebeveynlerden yavrulara aktarılmaz ve bazı durumlarda kalıtsal yapıdan kaynaklanan varyasyon çevre koşulları etkisiyle ortadan kalkabilir. Bu nedenle, etkileri ölçülebilir çevre faktörlerinin neden olduğu varyasyon tayin edilmeli ve üzerinde durulan verim karakterlerindeki etkileri giderilmeye çalışılmalıdır (Eltawil ve ark., 1970; Gönül, 1974; Düzgüneş ve ark., 2012). Böylece, hayvanların damızlık değerleri tahminindeki isabet artırılabilir.

Kantitatif özellikler arasındaki varyansı etkileyen çevre faktörleri makro ve mikro çevre faktörleri olmak üzere ikiye ayrılmaktadır. Makro çevre faktörleri, uzun süreli ve belirli bir yönde fenotipi etkilemesinden dolayı “*Sistemik Çevre Faktörleri*” olarak da tanımlanabilir. Makro çevre faktörleri, şansa bağlı çevre faktörleri haricinde, genotipteki payları yön ve büyüklük olarak tahmin edilebilen ve istatistiksel yöntemlerle ölçülebilen faktörlerdir. Koyunculukta çeşitli karakterlere etki eden makro çevre faktörleri arasında daha çok cinsiyet, ana yaşı, doğum şekli, doğum mevsimi, yıl, genotip, ananın aşım ve doğumda canlı ağırlığı ile gebelik süresi sayılabilir. Bundan dolayı, söz konusu özelliklerin genotipe bağlılık derecesi ve çeşitli çevre faktörlerinden etkilenme şekli birçok bilim insanı tarafından hep araştırma konusu olmuştur (Blackwell ve Henderson, 1955; Müftüoğlu, 1969; Çelikkale, 1974; El-Kouni ve ark., 1974; Eliçin ve ark., 1976).

Hangi hayvanlara hangi yönde nasıl etki yaptığı bilinmeyen, sürekli dağılım gösteren ve rastgele (tesadüfi, şansa bağlı) etkileri yansıtan çevre faktörleri “*Mikro Çevre Faktörleri*” olarak tanımlanır. Mikro çevre faktörlerine veri kayıt hataları, kontrol gününde kızgınlık gösterme vb. örnek olarak verilebilir (Düzgüneş ve ark.,1996; Kumlu, 1999; Soysal, 2000; Tekin, 2000; Vanlı ve ark., 2012).

Çeşitli karakterlere etki eden çevre faktörlerinden mikro çevre faktörleri sürekli dağılım gösterirken, makro çevre faktörlerinden bazıları kesikli ve bazıları da sürekli dağılım gösterirler. Kesikli dağılım gösteren makro çevre faktörlerine laktasyon sırası, ana yaşı, cinsiyet, doğum yılı ile ve doğum tipi; sürekli dağılım gösteren makro çevre faktörlerine ise kuzulama yaşı, kuruda kalma süresi, süttan kesim ağırlığı, doğum ağırlığı ve emilen süt miktarı örnek olarak verilebilir (Kumlu, 1999; Tekin, 2000).

Sözü geçen bu faktörlerin dışında bir hayvanın tüm dönemlerdeki verimlerini (fenotiplerini) aynı ölçüde (sabit olarak) etkileyen ve böylece dönemler ortalamasını diğer hayvanların ortalamalarından farklılaştırmaya yardım eden çevre faktörlerine ise “*Sabit (Kalıcı) Çevre Faktörleri*” denir (Becker, 1992; Soysal, 2002).

Koyunların aynı bakıcı tarafından sağılıp sağılmaması, hayvanın barınağın iyi veya kötü kısmında olması, tespit ve kayıt işleminin dönemden döneme değişmesi bu faktörlere örnek olarak verilebilir. Dolayısıyla, bu bilgilere dayanılarak çevre varyansı eşitliği,  $\sigma_E^2 = \sigma_{E'}^2 + \sigma_C^2$  olarak ifade edilebilir. Burada,  $\sigma_{E'}$ , çevre faktörlerinin her bir hayvana rastgele farklı etki etmesinden kaynaklanan varyansı ifade ederken,  $\sigma_C^2$  ise her bir hayvan

grupları arasındaki sistematik çevresel farklılıklardan doğan varyansı ifade eder (Düzgüneş ve ark.,1996; Kumlu, 1999; Soysal, 2000; Tekin, 2000; Vanlı ve ark., 2012).

Sözü geçen bu bilgilere dayanılarak bu durum aşağıdaki şekilde özetlenebilir (Szwaczkowski 2003).

$$\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 \quad (2.1)$$

2.1 nolu eşitlik daha geniş biçimde ifade edilirse;

$$\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_Z^2 + \sigma_{Ep}^2 + \sigma_{Et}^2 + \sigma_{Em}^2 + 2Cov_{GxE} + \sigma_{GxE}^2 \quad (2.1a)$$

Burada;

$\sigma_P^2$  = Fenotipik varyans

$\sigma_A^2$  = Eklemeli genetik varyans

$\sigma_D^2$  = Dominantlık varyansı

$\sigma_Z^2$  = Epistatik etki varyansı

$\sigma_{Emi}^2$  = Mikro çevre varyansı

$\sigma_{Ema}^2$  = Makro çevre varyansı

$\sigma_{Efix}^2$  = Sabit çevre varyansı

$Cov_{GxE}$  = Genotip x çevre interaksiyon kovaryansı

$\sigma_{GxE}^2$  = Genotip x çevre interaksiyon varyansı ifade etmektedir.

Bahsedilen tanımlamalardan sonra ikinci aşamada, modeldeki şansa bağlı etkilere ait varyans unsurları ve sabit etkilere ait etki payları tahmin edilmelidir. Zira, incelenen özellikler bakımından ıslah potansiyelinin belirlenmesi ve genetik ıslahta kullanılacak yöntemin seçimi, varyans unsurlarından hesaplanan kalıtım derecesi ve genetik korelasyon gibi genetik parametrelerin düzeyine bağlıdır. Son aşama ise, seleksiyon çalışmalarında gerekli olan damızlık değerinin (bireylerin genetik potansiyellerinin göstergesi) tahmininin yapılmasıdır. Damızlık değeri kullanılmasıyla sıralama ve seçme yapılarak bir sonraki generasyonun ebeveynleri seçilir (Akbaş, 2000).

## 2.2. Varyans Unsuru Tahmin Yöntemlerinin Önemi

Populasyonda farklılığa neden olan her bir varyasyon kaynağının toplam varyasyondaki etkisinin tahmin edilmesine “varyans unsurları tahmini” denilmektedir.

İslahçılar populasyonda varyasyonun fazla olmasını isterler. Çünkü varyasyon arttıkça sürü içinde genotipik-fenotipik farklılık da artar ve sürüdeki daha iyi hayvanların seleksiyonu kolaylaşır. Üzerinde çalışılan populasyonda ıslahı yapılmak istenen verim bakımından varyasyonun büyüklük ve nedenlerine ilişkin bilgi sahibi olunması gerekmektedir. Varyasyona neden olan unsurların sayısal değerleri ve toplam varyasyondaki payları, her deneme gruplarında farklılık gösterdiğinden ıslah çalışmalarında belirlenmesi zorunludur (Szwaczkowski, 2003).

Hayvan ıslahı çalışmalarında varyans unsurları tahminin önemi şunlardır (Van Vleck ve ark., 1961; Cunningham ve Henderson, 1968; Kayaalp ve Bek, 1994):

- Hayvanların gerçek verim kabiliyetinin tahmini,
- Varyasyon kaynaklarının belirlenmesi
- Döl Kontrolü (Progeny test) programlarının oluşturulması,
- Genetik  $\times$  Genetik, Genetik  $\times$  Çevre, Çevre  $\times$  Çevre interaksiyonlarının hesaplanması,
- Seleksiyon indekslerinin teşkili,
- Karışık model BLUP'ın (En İyi Doğrusal Yansız Tahmin) hesaplanması,
- Fenotipik ve çevre korelasyonlarının tahmini,
- Kantitatif özelliklerde genetik yapının belirlenerek ıslah programlarının planlanması,

Hayvan ıslahı temel kuramlarının geliştirilmesinde çok önemli bir yere sahip olan varyans unsurları terimlerinin gündeme gelmesi 1918'lerde Fisher tarafından ilk kez kullanılırken, varyans unsurlarının tahmininde kullanılan metotların geliştirilmesi 1940'lı yıllara dayanmaktadır. Her yeni yöntem, verilerin yapısına bağlı olarak bir önceki modelin dezavantajını ortadan kaldırmak amacıyla geliştirilmiştir.

Varyans unsurlarının analizi çalışmalarının ilki Crump (1946) tarafından başlatılmış, 1953 yılında ise Henderson tarafından bu konuda ilk önemli adımlar atılmıştır. Kullanılan bu modellerde birçok genetik parametre ile hayvanların damızlık değer tahminleri yapılmıştır (Lush, 1944). Damızlık değer tahmininde kullanılan bir diğer metodun en küçük kareler analizi olduğu bilinmektedir (Henderson, 1963). İlk olarak Robertson ve Rendel (1954) tarafından kullanılan bu metot, bilgisayar kapasitesinin yetersizliğinden dolayı kullanılamamıştır. Bunu takiben devam eden yıllar içerisinde en küçük kareler analizi Henderson (1963), Searle (1964) ve Cunningham (1965) tarafından

geliştirilmiştir. Ancak belirtilen bu yöntemler, dengeli ve dengesiz veriler için, transformasyonla değişmezlik ve sapmasızlık özelliğine sahip olmasına rağmen, negatif varyans unsuru tahmini yapmaktadır. Ortaya çıkan bu olumsuz durum, olabilirlik teorisine dayalı ML (En İyi Olabilirlik Metodu) ve REML (Kısıtlanmış En İyi Olabilirlik Metodu) yöntemleri ile giderilmiştir. ML, 1949 yılında tanımlanmasına rağmen teknik olarak asıl kullanımına 1970 yılında başlanmıştır (Henderson, 1973; Grosu ve ark., 2013). REML metodu ise 1971’de Patterson ve Thompson tarafından geliştirilmiştir (Searle, 1964; Meyer, 1992; Meyer, 1998). Belirtilen tüm bu metotlar, normallik varsayımını esas almaktadır. Ancak, hayvancılıkta eşikli karakterlerin olması ve var-yok tipinde verilerin gözlemlenmesi, normallik varsayımı kuralını ihlal etmektedir (Foulley ve ark., 1987). Bu yüzden, bu sorunun ortadan kaldırılabilmesi için bir diğer alternatif yöntem olan BAYES yöntemi genetik parametre tahmininde kullanılmaktadır. Bu yöntem, normallik varsayımı gerektirmeyen, kesikli ve sürekli dağılım gösteren karakterlerde kullanılabilir (Hoeschele ve ark., 1986; Gianola, 1982). Bu yöntem 1990’lı yıllarda ABD, Kanada, Avustralya ve Avrupa ülkelerinde sıklıkla kullanılmıştır.

Bu amaçla, bu başlık altında Klasik yaklaşımda Restricted Maximum Likelihood (Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik, REML) tahmin yöntemi ve Bayesçi yaklaşımdan Gibbs örnekleme yöntemi kapsamlı bir şekilde açıklanmıştır.

## **2.3. Genetik İslahta Varyans Unsurları Tahmin Yöntemlerinin Tarihsel Gelişimi**

### **2.3.1. 1970 yılı öncesinde varyans unsurları tahminleme yöntemlerindeki gelişmeler**

1918’lerde R.A. Fisher, “*Varyans*” ve “*Varyans analizi*” kelimelerini ilk kez kullanan ve varyans unsurlarıyla ilgili çalışmalarını başlatan araştırmacıdır. Daha sonra yine Fisher tarafından 1935’lerde “*Error Components*” terimi ile birlikte “*Components of Variation*” terimi kullanılmıştır (Anderson, 1979). Varyans analizi yönteminde, etkileri sabit ve şansa bağlı olarak ayırmadan kareler ortalaması, beklenen değerine eşitlenerek hata varyansının tahminlenmesi yapılmıştır (Searle, 1995). Daha sonraki yıllarda, Crump (1946) tarafından varyans analizi tartışılmış ve iki yönlü sınıflandırılmış, interaksyonlu şansa bağlı modelde en küçük kareler tekniğini kullanılarak varyans analizi uygulanmıştır. Varyans unsurlarının tahmini üzerinde yapılan çalışmaların çoğunda iç içe sınıflandırma, alt sınıf sayılarının eşit olduğu faktöriyel ve tek yönlü sınıflandırmalardan bahsedilmektedir (Henderson, 1953).

Varyans unsurları, şansa bağlı ve karışık modellerde şansa bağlı etkiler için tahmin edilmektedir (Freeman, 1979; Orhan ve Okut, 1996). Genel olarak kullanılan varyans analiz (ANOVA) tahminleyicileri ile kareler ortalamasının beklenen değerine eşitlenmesi prensibine göre varyans unsurlarının parametreleri tahmin edilir. Eğer alt gruplarında eşit sayıda gözlem bulunan deneme deseni ise (veriler dengeli ise) En Küçük Kareler (EKK) yöntemi, bu parametrelerin tahminlenmesinde kullanılabilir (Kennedy, 1981; Swallow ve Monahan, 1984; Orhan ve Okut, 1996).

Henderson (1953), kendi adını verdiği üç ayrı model geliştirmiştir. Dengesiz veriye sahip deneme desenlerinde parametre tahmini için EKK yöntemine dayalı modeller (*Henderson I*, *Henderson II* ve *Henderson III*), biyometride dönüm noktası olarak kabul edilmiştir. “*Kareler toplamını onların beklenen değerine eşitleme*” prensibine dayalı, hem dengeli hem de dengesiz veriler için kullanılan bu üç yöntem, transformasyonla değişmezlik ve sapmasızlık özelliğine sahiptirler (Kennedy, 1981; Scheaffer, 1988). Şansa bağlı etkiler modeli olarak tanımlanan ve ortogonal verilere standart varyans analizinin uygulanmış şekli olan Henderson I yönteminde, ortalama ( $\mu$ ) dışındaki tüm etkilerin şansa bağlı olduğu kabul edilir (Henderson, 1953; Kennedy, 1981; Searle, 1991- 1994; Okut, 1996-97). Modelde bulunabilecek herhangi bir sabit etkinin şansa bağlı olarak kabul edilmesi, varyans unsurlarının tahminlenmesinde sapmalara sebep olabilir. Ortaya çıkabilecek bu sapmayı Henderson II ortadan kaldırmaktadır. Henderson II yöntemi, EKK ile sabit etkileri tahmin eder, bu tahminlere uygun olarak veriyi düzeltir ve sonra düzeltilmiş bu veriye Henderson I' i uygular. Henderson II yönteminin geçerli olabilmesi için sabit ve şansa bağlı etkilerin iç içe sınıflandırılmamış olması ve bu etkiler arasında interaksiyon olmaması gerekir. Henderson III yöntemi, bir önceki modelde oluşan kısıtlamaları ortadan kaldırmakta ve EKK eşitlikleri ile elde edilen katsayı matrisinin geliştirilmiş tersini alarak çözüm yapmaktadır. Henderson III yöntemi sabit etkilere göre düzeltme yaptığı için aynı zamanda "*The Fitting Constant*" olarak ta anılır (Henderson, 1953; Scheaffer, 1988; Searle, 1991; Okut, 1996-97). Henderson I, Henderson II ve Henderson III yöntemi, hayvan ıslahçıları tarafından 1960'lı yılların sonlarına kadar yaygın olarak kullanılmıştır. Bu yöntemlerin bilinen en belirgin özelliği dengesiz veriler için yansızlıktır. Bununla birlikte, bu yöntemlerde ortaya çıkan en büyük sorun ise; yöntemlerin negatif varyans unsuru tahmini vermeleridir (Freeman, 1979; Fırat, 1995). Özellikle hayvancılıkta pratikte baba ve ana başına düşen yavru sayısının eşit olmaması, hatalı tahminleri ortaya çıkarmış ve bunun sonucunda daha iyi yöntemlerin geliştirilmesi

bir zorunluluk haline gelmiştir (Fırat, 2000).

Negatif varyans unsuru tahmini veren Henderson yöntemlerinin bu olumsuz tarafı, bilgisayar teknolojisinin hızla gelişmesine paralel olarak geliştirilen olabilirlik yöntemleri ile ortadan kalkmıştır. Swallow ve Monahan (1984), bu gelişmeleri (i) *olabilirlik esasına dayalı yöntemler (ML ve REML)* ve (ii) *minimum norm ve minimum varyans kuadratik sapmasız yöntemler (MINQUE ve MIVQUE)* olarak tanımlamıştır.

Crump (1946), olabilirlik fonksiyonunun parametre uzayında maksimize edilerek varyans unsurlarını tahminleyen *Maksimum Olabilirlik (ML)* yöntemini önermiştir (Swallow ve Monahan 1984; Fırat, 1995; Anderson, 1979).

Hartley ve Rao (1967), ML yöntemini kullanarak sabit etkileri ve varyans unsurlarının her ikisini de simülasyon tekniği ile üretilen verilerle ilk kez kestiren araştırmacılar. Yapılan çalışmada, varyans-kovaryans matrisinin boyutunun büyük olması nedeniyle iterasyon kullanılarak sonuca ulaşılmıştır. Bu yöntemde  $\sigma_e^2 > 0$  ve  $\sigma_i^2 \geq 0$  olacak şekilde sınırlandırılmış ve böylelikle varyans unsurlarının negatif sonuç vermesi engellenmiştir. Bu yöntem ile varyans unsurlarının tahminleyicileri transformasyonla değişmezlik özelliği gösterip, yeterli istatistik fonksiyonlarına sahiptir. Aynı zamanda bu tahminleyiciler kararlı, yeterli, asimptotik olarak normal ve etkindirler (Harville, 1977; Kennedy, 1981; Orhan ve Okut, 1996; Fırat, 1995; Okut, 1996-97; Scheaffer, 1988). Bu yöntemin olumsuz tarafı, karışık bir modelde sabit etkilerin tahmininden kaynaklanan serbestlik derecesini dikkate almamasıdır (Harville, 1977; Kennedy, 1981; Swallow ve Monahan, 1984; Fırat, 1995; Okut, 1996-97). Diğer bir olumsuz tarafı ise, ML yönteminin uygulanabilmesinde verilerin normal dağılım göstermesi gerekliliğidir. Bununla birlikte, Harville (1977), dağılım şeklinin spesifik olmadığı her durumda ML yöntemi kullanılarak tahminlerin elde edileceğini bildirmiştir. Araştırmacı, ML yaklaşımının avantajlarını kısaca şu şekilde belirtmiştir:

- a) Kavramsal olarak basit ve iyi tanınmış olması,
- b) Verilerin dengeli olmaları ile ilgili varsayımlar gerektirmemesi,
- c) Tahminleyicilerin her çeşit yeterli istatistik fonksiyonlarına sahip, tutarlı olarak normal ve etkili olmaları şeklinde ifade etmiştir.

ML yaklaşımıyla dengeli ve dengesiz deneme planlarında varyans unsurlarına ait fonksiyonların (kalıtım derecesi gibi) tahminleri, yaklaşık olarak standart hataları ile rahatça elde edilebilirler. Aynı zamanda ML tahmin edicileri, Henderson'ın tahmin

edicilerinden daha küçük varyansa sahiptirler.

Dengeli verilerde ML tahmin edicilerin, ANOVA tahmin edicilerinden farklı olması bir dezavantaj olarak görülmesine rağmen, ANOVA tahmin edicilerinin dengeli verilerde en iyi kuadratik yansız tahmin edici olduğu gösterilmiştir (Graybill ve Hultquist, 1961). Çünkü bu yöntem sabit etkilerden kaynaklanan serbestlik derecesindeki kaybı dikkate almamasından dolayı, genellikle aşağı doğru yanlıdır (Patterson ve Thompson, 1971).

### 2.3.2. 1970 sonrası varyans unsurları tahminleme yöntemlerindeki gelişmeler

İlk olarak 1969 yılında Alan Thompson tarafından önerilmiş ve daha sonra Patterson ve Thompson (1971) tarafından geliştirilmiş yeni bir yöntem olan “*Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik (REML) Yöntemi*”, sabit etkilerden kaynaklanan serbestlik derecesindeki kaybı hesaba katarak bu etkilerden kaynaklanan sapmayı da ortadan kaldırmış ve böylelikle ML’den farklı olarak yanlı tahminlerin ortaya çıkması engellenmiştir (Kennedy, 1981; Swallow ve Monahan, 1984; Boldman ve ark., 1993; Fırat, 1995; Searle, 1995; Okut, 1996-1997). Araştırmacılar, REML yöntemini blok büyüklükleri eşit olmayan eksik blok planları için önermişlerdir.

Corbiel and Searle (1976)’ye göre; REML yöntemi, Hartley ve Rao (1967) tarafından geliştirilen ML yönteminden ortaya çıkmıştır. REML kestirimcilerinin ML gibi veri dönüşümü ile değişmezlik özelliğine sahiptir. Bununla birlikte, REML yöntemi’nde tahminleme hatası ML’ye nazaran (çoğunlukla dengeli veri grubunda) daha küçüktür. Araştırmacılar, kestirilecek parametre sayısı aynı olan matrislerde, REML yönteminin ML yöntemine göre hesaplama tekniğinden ötürü daha hızlı bir şekilde sonuca ulaştığını bildirmişlerdir.

Aynı şekilde Harville (1977), ML ile REML karşılaştırması yapmıştır. Buna göre, ML varyans unsurlarını tahminlerken parametre uzayında tüm olabilirlik fonksiyonunu maksimize eden değerler ile tahminleme yapar, fakat REML olabilirliği iki kısma ayırır. Bu kısımlardan biri sabit etkilerin olmadığı kısımdır ve REML olabilirliğin yalnızca bu kısmını maksimize eder. Aksi takdirde REML, ML’ye benzer özelliklere sahiptir ve tamamıyla şansa bağlı bir modelde her iki yöntem benzer sonuçlar verir (Kennedy, 1981; Okut, 1996-97). Bununla birlikte, eğer tamamıyla dengeli bir desen varsa, REML çözümleri klasik varyans analizi (ANOVA) ile elde edilen varyans unsurları tahminleri aynıdır (Searle, 1995). Harville (1977) de, Henderson yöntemleri ve REML yöntemi

arasındaki tek ortak yönün, her ikisinin de kareler ortalamalarının beklenen değerlerine eşitlenmesi işlemi olduğunu bildirmiştir.

Li ve Klotz (1978), REML, MIVQUE ve ML yöntemleri ile hesaplanan varyans unsurlarının karşılaştırılması üzerinde yapılan çalışmada, karşılaştırma kriterinin hata kareler ortalaması olması gerektiğini önermişlerdir.

Gianola ve Foulley (1990), REML ile ANOVA yönteminin benzerliğini, dağılımların tahmininde kullanıldığı durumlarda muamele kareler toplamı ve serbestlik derecesinin birbirlerine oldukça benzediğini bildirmişlerdir. Dengeli deneme desenlerinde, REML’i tahmin eden eşitlikler, ANOVA’nın tahmininde kullanılan eşitliklere indirgenirler. Böylelikle, eğer ANOVA tahminleri parametre aralığında bulunuyorsa, aynı zamanda REML tahminlerini verebilmektedir. Araştırmacılar, REML yönteminin, ML’den kaynaklanan yanlılığı azalttığını, olabilirliğe dayalı bir tahmin edici olduğunu ve kısmi olabilirlikten elde edilmesinden dolayı, bu yöntemden ML’nin varyans tahminlerine göre daha küçük tahminler beklenilmesi gerektiğini bildirmişlerdir.

REML yöntemi hesaplama açısından ML yöntemine göre daha zordur ve hatta büyük veri setleri için hesaplama imkânsız hale gelebilir. Bunun nedeni, REML sabit etkileri de içeren katsayı matrisinde şansa bağlı etkileri içeren kısmının tersinin alınması zorunluluğudur. REML’in, varyans unsurları tahminlerinin genellikle iteratif olarak elde edilmesinin gerekli olması bir diğer olumsuz özelliğidir (Kennedy, 1981; Swallow ve Monahan, 1984). REML tahminlerinin negatif olmamaları istenen bir özellik olmasına rağmen, tahminler gerçek değerinden büyük olmaktadır ve bu yüzden REML, şansa bağlı etkilere ilişkin parametre tahminlemedeki sapmayı her zaman elemine edemez.

Rao 1971 yılında geliştirdiği “*Minimum Varyanslı Üstel Sapması Tahmin (MIVQUE)*” yönteminde, şansa bağlı etkilere ait varyans kovaryans matrisinin bilindiği varsayılarak kovaryans matrisi için kuadratik formları minimize eder ve karışık modellere uygulanabilmektir. Sapmasız ve değişmezlik özelliğine sahip bu yöntem, negatif tahmin verebilmektedir. Ayrıca, bu yöntemde hesaplama yapabilmek için varyans unsurlarına göre başlangıç/ön bilgi gereklidir ve her bir ön bilgi bağlı olduğu varyans unsurunun gerçek değerine eşit olduğunda tahminleyiciler minimum varyanslı olabilmektedir. Dolayısıyla MIVQUE yöntemi, başlangıç değerine bağımlı olarak kestirimlerde bulunmaktadır.

Swallow ve Searle (1978), normalite altında dengesiz veriler kullanarak şansa bağlı tek yönlü bir sınıflama modeline göre varyans analizi ve MIVQUE kestirim yöntemleri ile kestirilen varyans unsurlarını, örnek varyanslarına göre karşılaştırmalı olarak incelemiş ve yöntemlerin karşılaştırılmasında simülasyonun daha işe yarar olduğunu belirtmişlerdir. Uygulama sonucunda; MIVQUE yönteminde başlangıç değerleri olarak verilen  $\sigma_a^2 \leq \sigma_e^2$  için yöntem seçiminde tutarsızlık olabileceği,  $\sigma_a^2 > \sigma_e^2$  için ise seçilen değerlerin popülasyon parametrelerine yakın olması halinde MIVQUE yöntemlerinin, aksi takdirde varyans analizinin daha iyi kestirim yaptığı ortaya konmuştur.

Searle (1979) çalışmasında, dengeli verilerde REML ve ANOVA yöntemleri aynı sonucu verirken, ML'nin sonucunun farklı olduğunu belirtmiştir. Araştırmacı, ML'nin farklı sonuç vermesinin sebebi olarak, REML'in sabit etkileri kestirmek için sabit etkilere ait serbestlik derecesini dikkate aldığını, ancak ML yönteminin dikkate almadığını bildirmiştir.

Swallow ve Monahan (1984), şansa bağlı bir modelde dengesiz verilerde, ANOVA, MIVQUE, REML VE ML yöntemlerini karşılaştırmışlardır. Araştırmacılar, karşılaştırma kriteri olarak  $\sigma_a^2 / \sigma_e^2 < 0.50$  ise ML yöntemini,  $\sigma_a^2 / \sigma_e^2 \geq 0.50$  ise REML ve ANOVA yöntemini,  $\sigma_a^2 / \sigma_e^2 \geq 1$  ise MIVQUE yöntemini tavsiye etmişlerdir.

Rao (1971) tarafından geliştirilen "*Minimum Norm Quadratic Unbiased Estimation (MINQUE)*" yöntemi, minimize edilecek Oklid normunu esas alır ve gözlem değerlerinin (y) normal dağılım göstermediği durumlarda kullanılabilir. MINQUE bir iteratif yöntem değildir. Bu yöntemde kullanılan ön bilgiler, gerçek parametre değerine yakınsa, kullanılan tahminleyicilerin örnekleme varyansı diğer tahminleyicilere göre daha küçük olur (Kennedy, 1981). MINQUE tahminleyicileri aynı zamanda asimptotik olarak normal ve transformasyonla değişmez niteliktedirler. MINQUE tahminleyicileri REML' in ilk iterasyonundan elde edilen sonuçlar ile aynıdır. Dolayısıyla, MINQUE tahminleyicileri REML'in ilk iterasyon çözümüne eşittir. MINQUE' nin bir iteratif yöntem olmamasına rağmen, MINQUE üzerine yapılan iterasyon sonunda REML çözümleri elde edilir. Bu tahminleyiciye ise, iteratif "*MINQUE (I-MINQUE)*" denilir (Kennedy, 1981; Searle, 1995). Yöntemin dezavantajları ise, hesaplamaların zor olması veya çok fazla sayıda şansa bağlı faktör seviyeleri için tahminlemenin mümkün olmamasıdır. Kennedy (1981), söz konusu bu yöntemle ilgili olarak "*Variance Component Estimation and Prediction of Breeding Values*" isimli çalışmasında, Thompson (1969)'un "bu yöntemin tüm

istatistikçiler tarafından kabul edilmeyen veya anlaşılmayan bir kritere bağlı olduğunu" ifade ettiğine makalesinde yer vermiştir.

Henderson (1984), "*Estimation of Variances and Covariances Under Multiple Trait Models*" isimli bir makalesinde çok özellikli modeller altında varyans ve kovaryansların tahminlenmesi yapmıştır. Çalışmada, çok özellikli model ve birey eklemeli genetik model verilerek, REML, MIVQUE ve ML ile çok özellikli model için izlenecek çözüm aşamaları gösterilmiştir.

Southwood ve Kennedy (1990) yaptıkları çalışmada, diğer şansa bağlı etkiler gibi hayvanların eklemeli doğrudan genetik etkisini içeren tek bir özellikli model için REML ile varyans unsurlarını tahminleme yapmak amacı ile Meyer tarafından tanımlanan türevden bağımsız yaklaşımı kullanarak, doğrudan ve maternal genetik varyanslar ve bunlar arasındaki kovaryansları tanımlamıştır.

Harville ve Callanan (1990), hayvan ıslahı uygulamalarına ait varyans unsurları tahminleri yapmak için karışık doğrusal modellerde kullanılan ve olabilirlik teorisine dayalı yöntemler içinden, özellikle REML'in hayvan ıslahçıları arasında çoğunlukla tercih edilen yöntem olduğunu bildirmişlerdir. REML yönteminin seleksiyondan kaynaklanan yanlılığı kontrol etmede oldukça etkili olması, Henderson yöntemlerinin karışık model eşitliklerine dayalı etkili ve basit algoritmalarını içinde bulundurması ve bilgisayar teknolojisindeki gelişmelerin hızlı ilerlemesi, yöntemin hayvan ıslahında en çok tercih edilen bir yöntem olmasının esas nedenleri oldukları ileri sürülmüştür.

Bu avantajlarının yanında, REML yöntemi karışık aşamaları içermektedir. Bu aşamalar; tahminlerin elde edilmesi için uygulanan türevler, karışık model eşitliklerine ait katsayı matrisinin tersinin alınması ve beklenen değerlerin maksimizasyonu gibi aşamalardır. Belirtilen nedenle, söz konusu eğer büyük veri seti üzerinde çalışılıyorsa, REML yöntemi ile sonuca ulaşmak yavaş ve üstelik pahalı olmaktadır (Van Vleck ve Boldman, 1993; Boldman ve ark., 1993; Johnson ve Thompson, 1995; Okut ve ark., 1996).

Graser ve ark. (1987), öne sürdükleri türevsiz algoritmayla olabilirlik fonksiyonunun türev ve katsayı matrisinin tersini almadan fonksiyonu maksimum yapmayı başarmışlar ve bunu türevden bağımsız (türevsiz) (Derivative Free) REML olarak isimlendirmişlerdir. DFREML yöntemi, Sparse matrisi ile birlikte Choleski faktörizasyonu kullanarak daha kısa sürede hızlı tahminleme yapılabilmektedir (Okut, 1995). Bu yöntemde, olabilirlik hesaplamasında kullanılan verilerin çok değişkenli normal dağılışı

gösterdikleri varsayılr.

DFREML, doğrusal bir model uydurarak REML yöntemiyle hayvan ıslahı uygulamalarındaki kantitatif özellikler (et, süt, yumurta, süt yağı ve yapağı vb.) için, varyans ve kovaryans unsurlarını tahmin ederek genetik analizi için geliştirilip kullanılan bir programdır (Meyer, 1988). Yöntem, sadece fenotipik varyans ve/veya kovaryansların tahmininde kullanılmakla kalmayıp, aynı zamanda eklemeli genetik varyansın, kalıtım dereceleri ile genetik korelasyonlar ve diğer varyans unsurlarının hesaplanmasında da kullanılmaktadır.

Hayvan ıslahı uygulamalarında karakterlerin çoğu sürekli dağılış göstermektedir ve böyle karakterlerin çoklu karakter analizleri Varona ve ark. (1994), Jensen ve ark. (1994) ve yine Jensen (1994) tarafından Bayesçi yöntemler kullanılarak yapılmıştır (Fırat, 2001b).

Wright ve ark. (2000), hayvanların bireysel damızlık değerini tahmin etmek için Bayesçi ve REML yöntemlerini kullanarak sonuçları karşılaştırmışlardır. Doğrusal karışık model altında verinin klasik analizi varyans unsurlarının REML tahminlerini içermektedir. Ardından bu tahminler, damızlık değer için BLUP'ın (en iyi yansız tahmin edicilerin) elde edilmesinde kullanılmıştır. Aynı model için verinin, Bayesçi analizi eldeki tüm parametreleri kullanmıştır. Bayesçi yaklaşım ile geleneksel analizde seçme kriteri, varyans unsurlarının değerlerine bağlı olduğundan farklı seçim sonuçları vermiştir. Rao ve Sanjeev (2001), baba bir üvey kardeş veri seti için Gibbs örneklemesini kullanarak tek yönlü varyans analizi modelinde kalıtım derecesini tahmin etmişlerdir.

Besag ve Higdon (1999), tarımsal denemelerin analizi için Bayesçi yöntemi kullanmıştır. Araştırmacılar, Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) yöntemi ile bir tohum denemesinde Bayesçi analizinin kullanılabilceğini bildirmişlerdir. Bununla birlikte, MCMC yönteminin verimdeki değişkenlik için iki ve tek boyutlu modellere, Gaussian olmayan olabirliklere ve önsel dağılımı içeren temel varsayımlardaki değişimlere kolayca izin verdiği gösterilmiştir. Bunun bir sonucu olarak, Bayesçi yaklaşımın, klasik yaklaşımın sadece dolaylı olarak ilgili olduğu bazı önemli sorularına doğrudan cevaplar verebildiği belirtilmiştir.

#### **2.4. Kısıtlanmış En İyi Olabilirlik (Restricted Maximum Likelihood, REML) Yöntemi**

En yüksek olabirlik (Maksimum Likelihood, ML), verilerin dengeli olmasına gereksinim duymadan, bütün genetik ilişkileri dikkate almaktadır. Alt grup sayıları farklı

olan deneme desenlerinde çözümleri iterasyon yoluyla yapmaktadır. Diğer bir deyişle, yöntemin esası, veri setine ait olasılık fonksiyonunun logaritmasının bilinmeyen parametrelere göre kısmi türevleri alınıp 0'a eşitlenmesi ile her bir parametre için en iyi olabilirlik tahminlerinin elde edilmesi esasına dayanır. Çünkü parametrelerin kısmi türevlerinin 0'a eşitlenmesi işlemi ile o parametrelere ait maksimum değerlere ulaşılmaktadır. Buna göre, örnek olasılığını en yüksek yapan parametre değerleri, “*En Yüksek Olabilirlik Tahminleri*” olarak adlandırılmaktadır (Okut ve Akbaş, 1996).

Gruplar içi ve gruplar arası varyansın tahmin edilmesinde Patterson ve Thomsen (1971) tarafından geliştirilen REML yönteminde ise, REML tahminleyicileri olabilirlik fonksiyonunun sadece şansa bağlı kısmının maksimize edilmesi esasına dayanır. Alt grup sayıları aynı olan denemelerde ise, REML tahminleyicileri ile ANOVA tahminleri aynıdır. Günümüzde genetik parametre tahminlerinde en çok tercih edilen yöntem olan REML, generasyonlar arası seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemeyi, bireyler arasındaki olası tüm akrabalık ilişkilerini dikkate almaktadır (Akbaş, 2000).

Normallik varsayımı altında tek yönlü şansa bağlı model için REML tahminleyicilerinin olabilirlik fonksiyonu (2.2) ve log olabilirlik fonksiyonu (2.2a) numaralı eşitliklerde verilmiştir (Kaps ve Lamberson, 2004).

$$L \left[ \sigma^2, \sigma_a^2 \mid \sum_i n(\bar{y}_i - \bar{y}_{..})^2, \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_i)^2 > 0 \right] = \frac{e^{-\frac{1}{2} \left( \frac{\sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_i)^2}{\sigma^2} + \frac{\sum_i n(\bar{y}_i - \bar{y}_{..})^2}{(\sigma^2 + n\sigma_a^2)} \right)}}{\sqrt{(2\pi)^{(an-1)} \sigma^{2(an-a)} (\sigma^2 + n\sigma_a^2)^{a-1} an}} \quad (2.2)$$

$$\begin{aligned} \log L \left[ \sigma^2, \sigma_a^2 \mid \sum_i n(\bar{y}_i - \bar{y}_{..})^2, \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_i)^2 > 0 \right] &= \\ &= \frac{1}{2}(an-1)\log(2\pi) - \frac{1}{2}\log(an) - \frac{1}{2}a(n-1) - \\ & - \frac{1}{2}(a-1)\log(\sigma^2 + n\sigma_a^2) - \frac{\sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_i)^2}{2\sigma^2} - \frac{\sum_i n(\bar{y}_i - \bar{y}_{..})^2}{2(\sigma^2 + n\sigma_a^2)} \end{aligned} \quad (2.2a)$$

Tüm bu işlemler yapıldıktan ve parametrelere kısmi türev alınıp 0'a eşitlendikten sonra  $\hat{\sigma}_e^2$  (hataya ait varyans unsuru) ve  $\hat{\sigma}_a^2$ 'ya (gruplar arasına ilişkin varyans unsuru) ait olabilirlik fonksiyonları sırasıyla aşağıda gösterildiği gibi elde edilir.

$$\hat{\sigma}_{REML}^2 = \frac{\sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_i.)^2}{an-a} \quad (3.1)$$

$$\hat{\sigma}_{a\_REML}^2 = \frac{\left( \frac{\sum_i n(\bar{y}_i. - \bar{y}_{..})^2}{a-1} - \hat{\sigma}^2 \right)}{n} \quad (4.1)$$

## 2.5. Bayesçi Yaklaşım ve MCMC Yöntemleri

İstatistik biliminin gelişim sürecince etkili olan Bayesçi yaklaşım, 1763’de Thomas Bayes tarafından Bayes Teoremine dayandırılarak yapılandırılan alternatif bir yöntem olup, istatistikte yeni bir akıma neden olmuştur. 20. yy’dan sonra kullanımı artan bu yaklaşımda, (ko)varyans unsurlarını tahminlemede normallik-doğrusallık varsayımına gerek yoktur (Lessa de Assis ve ark., 2002).

Kantitatif genetik alanında Bayesçi yaklaşım 1990’ların ilk yarısından itibaren uygulanmaya başlanmıştır (Wang ve ark., 1993; Sorensen ve ark., 1994). Hayvan ıslahı alanında ise seleksiyon etkisinin çalışıldığı modellerde, anaya ait etkinin de eklendiği modellerde, tek özellikli karışık doğrusal modellerde, çok özellikli doğrusal modellerde, birey modeli, tek özellikli eşikli modellerde, iki özellikli eşikli ve normal modellerde, tek değişkenli baba ve hayvan modellerinde genetik ve fenotipik parametrelerin tahmini uygulamalarında kullanılmıştır.

Fırat (2001b)’a göre; Bayesçi algoritmalarından biri olan ve sonsal dağılımların tahminlerinde kullanılan Gibbs örnekleme yöntemi Wang ve ark. (1993) tarafından tek değişkenli karışık bir doğrusal modeldeki varyans unsurları tahmini için geliştirilmiştir. Söz konusu yöntemde sabit ve şansa bağlı etkiler arasında bir fark olmamakla birlikte, sabit etki şansa bağlı etki olarak alınabilir. Üzerinde çalışılan örneklerin bir dağılımdan alınmış şansa bağlı örnekler olmasına da gerek yoktur. Bayesçi yaklaşımının temeli; model parametreleriyle ilgili olarak araştırmacının tecrübelerinden (veya daha önce yapılan araştırma bulgularından, elde edilen kaynaklardan) sağlanan ön bilgi ile verilerin kendi objektif bilgisinin birleştirilmesine dayanmaktadır. Ön bilgiyle objektif bilginin birleştirilerek olasılık fonksiyonu aracılığı ile sonsal dağılım elde edilmekte ve varyans unsurları da bu sonsal dağılımdan tahmin edilmektedir. Ancak, burada dikkat edilmesi

gereken nokta; parametrelerin ön dağılımları hayvan ıslahçısının üzerinde durulan parametre değeri hakkındaki ön bilgisini doğru bir şekilde yansıtmalıdır. Ön bilgiyi dikkate almayan yöntemlere göre, ön bilgiyi analize dâhil eden istatistiksel yöntemler daha isabetli yorumlamalar yapmaktadır. Bu durum Bayeşçi yaklaşımın hayvan ıslahındaki önemini ortaya koyar (Fırat ve Bek, 1997). Pretorius ve van der Merwe (2000), Bayes yaklaşımının klasik (REML) yaklaşıma göre oldukça pratik avantajlara sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Bayeşçi yaklaşımının olumsuz tarafı, özellikle karışık etkili doğrusal modellerde parametrelere ait sonsal dağılımların belirlenmesi için analitik integrallere ihtiyaç duymasındır. Hızla ilerleyen bilgisayar teknolojisi ile birlikte, ortaya çıkan bu zorluk Markov Chain Monte Carlo (MCMC) örnekleme yöntemlerinin (Metropolis Hasting ve Gibbs örnekleme) geliştirilmesiyle giderilmiştir (Yardımcı ve Erar, 2005). MCMC yöntemlerinden olan Gibbs örnekleme, kullandığı benzetim teknikleri ile varyans unsurları tahminleri yapılabilmüş ve hızlı bir çözüm imkânı sağlamıştır (Galiç, 2002).

Bu başlık altında öncelikle Bayeşçi yorumlamada temel kavramlarından başlanılarak, Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) yöntemleri denilince ilk akla gelen Metropolis Hasting (MH) algoritmasının özel bir durumu Gibbs örneklemesine değinilmiştir. MCMC yöntemlerinde MH haricinde başka algoritmaların da bulunmasına rağmen, sadece Gibbs örneklemesine bu tez çalışmasına konu olduğu için yer verilmiştir.

### 2.5.1. Ön (prior) dağılım

Bayes istatistiğinin temeli, ön dağılım ve olabirliklerin birlikte kullanımına dayanmaktadır. Dolayısı ile ön dağılım, Bayeşçi yorumlamada bir anahtar niteliğinde olan en önemli adımdır. Varyans unsurlarının tahmininin yapılabilmesi için, kullanılacak parametrik modeli tanımlamada bazı varsayımların sağlanması gerekmektedir. Yapılacak olan ilk iş, modelde bilinmeyen tüm parametrelere ait (sabit ve şansa bağlı etkiler ile varyans unsurları ( $B, Z, u, e, \sigma_e^2, \sigma_a^2$ ) için daha önce yapılmış çalışmalardan yola çıkılarak değerler atanır ve bu işleme ön bilgi denilir.

Bayes yaklaşımında yapılan araştırmaya göre ön dağılımlar farklılaşmakta ve birbirinden farklı ön dağılımlar birbirinden farklı sonsal dağılımların oluşmasına neden olmaktadır. Tanım aralığındaki toplamı ya da integrali 1'e eşit ise bu ön dağılıma "belirli ön dağılım" denilirken, sonsuza eşit olması durumunda ise "belirsiz ön dağılım" olarak tanımlanmaktadır (Mestav, 2011). Ön bilginin belirli ya da belirsiz olması sonsal dağılımın belirli olup olmamasını etkilemez. Öyle ki, ön dağılımın belirsiz olması durumunda sonsal

dağılım belirli olabilmektedir. Tek biçimli, dağınık, düz ön dağılımlar bilgi içermeyen dağılımlara birer örnektir. Bilgi içermeyen dağılımların kullanılması durumunda, parametre tahminlerinde klasik (frekansçı) yaklaşımlardan elde edilen sonuçların Bayes yaklaşımında elde edilen sonuçlara benzediği görülebilmektedir (Mestav, 2011).

### **2.5.2. Olabilirlik fonksiyonu (likelihood)**

Ön dağılımların belirlenmesinin ardından olabilirlik temeline dayalı olarak verilerin olabilirlik fonksiyonu olarak belirtilir.

### **2.5.3. Sonsal (posterior) dağılım**

Sonsal dağılım, ön bilgi ile denemeden sonra elde edilen mevcut bilginin bileşimi sonucu bilinmeyen parametre hakkında çıkarsama yapılan dağılımı ifade eder. Ön dağılım ile veriden elde edilen olasılık fonksiyonu çarpımı sonucu sonsal dağılım elde edilir.

$$\text{Sonsal dağılım} = \text{Olabilirlik fonksiyonu} \times \text{Ön dağılım}$$

Varyans unsurlarının tahmin edilmesinde sonsal dağılımdan yola çıkılarak tahminleme yapılmaktadır. Bu tahminlemeler hayvan ıslahı çalışmalarında tek özellikli ve çok özellikli karışık modellerde, birey modelde, maternal etkinin araştırıldığı modellerde, tek özellikli ve iki özellikli eşikli modellerde, tek değişkenli baba ve hayvan modellerinde ve seleksiyonun etkisinin incelendiği araştırmalarda kullanılmaktadır (Mestav, 2011).

### **2.5.4. Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) yöntemleri (Metropolis-Hasting ve Gibbs örnekleme)**

Parametrelere ait ön dağılımın olabilirlik fonksiyonu ile güncellenmesiyle oluşan sonsal dağılım ile çözüm üreten Bayes yaklaşımında, parametre tahminleri için sonsal dağılımlar elde edilirken çok katlı integrallerin kullanılmasında çok önemli zorluklar yaşanmaktadır. Varyans unsurlarının tahminlenmesinde, çok boyutlu karışık modellerin değerlendirilmesi gibi durumlarda integral alma yöntemine dayalı Bayesçi yaklaşımdaki ortaya çıkan bu zorluk, Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) yönteminin geliştirilmesiyle oldukça kolaylaştırılmıştır (Tempelman, 1998).

Kızılkaya (2002), hayvan ıslahı alanında MCMC yönteminin Sorenson ve ark. (1995) tarafından uygulanmaya başladığını bildirmiştir. Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) yönteminde, çok katlı integrallerin hesaplanması için bir simülasyon değerleri oluşturulur. Her bir simülasyon değeri bir önceki değere bağlı olan zincir değeri üretir.

Mevcut gözlem bir önceki değere bağlı olmasından dolayı “Markov Zinciri” olarak ifade edilir. Bu zincirler, Monte Carlo simülasyonu sırasında iterasyonlar sonucu oluşmuştur (Sorenson ve Gianola, 2002). MCMC yöntemi sonlu sayıda gözlem değerinden sonsuz sayıda veri üretebilme gücüne sahiptir. Bu güç, karmaşık yapıdaki sorunların benzetim tekniği ile kolayca çözülmesine olanak sağlamaktadır (Yardımcı ve Erar, 2005). MCMC yöntemlerinde en çok Metropolis Hasting (MH) algoritması ve MH’ nin özel bir durumu olan Gibbs örnekleme algoritması kullanılmaktadır (Kaya Başar, 2016).

Gibbs örnekleme Geman ve Geman (1984) tarafından isimlendirilmiş olup, karmaşık Bayesçi modellerde sonsal dağılımları iteratif yoluyla yorumlamak için oldukça güçlü ve kullanım alanı gittikçe artan bir yöntemdir. Çünkü mantıksal dayanağı basit ve uygulaması kolaydır. Gibbs örnekleme, modelde bilinmeyen tüm parametreler için sırayla tam şartlı yoğunluk fonksiyonlarından örnekleme yaparak, ortak sonsal yoğunluk dağılımına yakınsama yapar (Gelfand ve Smith, 1990; Tempelman, 1998). Tam şartlı yoğunluk fonksiyonu, modelde bulunan tüm diğer parametrelerin verilmesi durumunda üzerinde durulan değişkenin yoğunluğu olarak ifade edilmektedir (Mestav, 2011).

MCMC yöntemlerinin daha iyi anlaşılabilmesi için burada bazı kavramların açıklanmasına ihtiyaç vardır.

**Denge (equilibrium) dağılımı:** Bir stokastik süreç olan MCMC yöntemi, çekilen parametreler sabit bir değer yerine bir dağılıma yakınsamaktadır, bu yüzden bu dağılıma MCMC algoritmasının denge veya hedef dağılımı denilmektedir. Denge dağılımı, Markov zinciri ile ilgilidir. Markov zincirleri  $t > B$  zaman sonra dengeye ulaşır.

**Algoritmanın yakınsaması:** Algoritmanın yakınsaması, zincir sayısına, modelin etkili bir şekilde işleyip işlemediğine ve parametrelere tayin edilen başlangıç değerlerine bağlıdır. Yakınsamaya bakılarak, algoritmanın dengeye ulaştığını ve hedef (denge) dağılımdan değerlerin üretilebildiği anlaşılmaktadır.

**İterasyon ve toplam iterasyon (T) sayısı:** Sonsal dağılımdan yeni değerler üreten algoritmanın döngüsüdür. Üretilen değerlerin bir gözleminin gösterilmesinde kullanılmaktadır. T, MCMC algoritmasının toplam iterasyon sayısını gösterir.

**Zincirin başlangıç değeri:** Markov zincirini başlatmak için kullanılan değerler olup, pek çok araştırmacı tarafından, parametrelerin modu veya en çok olasılık (ML) tahminleri kullanılır (Brooks, 1998; Kass ve ark., 1998).

**Burn-in periyod:** Örnekte başlangıç değerinin etkisinden kaynaklanan sapma olasılığını ortadan kaldırmak amacıyla, periyotta ilk  $B$  tane iterasyonun atılması olayıdır. Amaç, başlangıç değerinin etkisinde olan Markov zincirlerindeki bölümün zincirden atılarak, sonsal dağılıma ait değerler üzerindeki etkiyi azaltmaktır (Congdon, 2014; Gill, 2002).

**Seyreltme aralığı (Thinning interval):** MCMC yönteminde simülasyonla elde edilen her değer bir önceki değere bağlı olduğundan, bu değerler arasındaki otokorelasyon incelenir ve böylece çok boyutlu problemlerde hesaplama hızı artırılır.  $L$  (lag) gecikmeleri belirtmek üzere otokorelasyonun düşük olduğunu gösteren  $L > 1$  örnek gecikmesi dikkate alınır. Ardından her  $L$  iterasyonda üretilen ilk değerleri alarak yeniden bağımsız bir örnek oluşturulur. Gill (2002), yakınsamanın yavaş ilerlemesi durumunda Monte Carlo standart hatasının sonuçlarda yanlışlık ortaya çıkarabileceğini bildirerek seyreltme aralığı yöntemini tavsiye etmiştir. Seyreltme aralığı yakınsamayı hızlandırmaz, sadece Markov sürecinin bütünlüğünü sağlayarak, gerekli olmayan zincirleri atar ve böylelikle tahmin kalitesi artmış olur.

**Burn-in atıldıktan sonra kalan kısım  $T'$ :** Bu değer burn-in periyodu atıldıktan sonra geriye kalan iterasyon sayısıdır ( $T'=T-B$ ) (Kaya Başar, 2016).

“Gibbs örnekleme zincir uzunluğu ne kadar olmalı?” sorusunun cevabı için uygulamada araştırmacılar iki farklı yaklaşım bildirmişlerdir. Bunlardan birincisi Gelman ve Rubin (1992) 'in önerdiği çoklu kısa zincir metodu yaklaşımıdır. Bu metotta,  $S$  tane değere gereksinim olduğundan dolayı,  $S$  tane de çalıştırma yapılır ve her bir çalıştırma uygulamasında burn-in tamamlanmasından sonraki örnek kaydedilir. İkinci yaklaşım ise “uzunca tek zincirdir”. Burada ise, başlangıçta kaydedilen değerlerden (burn-in periyodu) sonra her  $t'$  inci iterasyondaki değer kaydedilir. Çünkü başlangıçtaki kaydedilen değerlerin, parametrelere ait dağılımdan çekilmediği varsayılır (Mestav, 2011). Eğer  $S$  tane örneğe gereksinim varsa toplam zincirin uzunluğu burn-in'den sonra  $S \cdot T$  kadar olacaktır (Geier, 1992). Luo ve ark. (2002), bu iki yaklaşımdan uzunca tek zincir yaklaşımının daha etkin olduğunu bildirmişlerdir. Fırat (2001) ise, çoklu kısa zincir yaklaşımının daha etkili olabileceğini savunmuş ve buna gerekçe olarak birbiri ardına takip ederek oluşturulan örnekler arasında yüksek korelasyonun olduğunu belirtmiştir.

İterasyonlarda yakınsama kontrolünün değerlendirilmesinde iz ve history grafikleri kullanıcılar için oldukça pratiktir. Bu grafikler, yakınsama için uygun iterasyon sayısı, başlangıç değerlerinin belirlenmesi, burn-in periyodunun sayısının ayarlanması sürecinde

büyük kolaylık sağlarlar. Ntzoufras (2011), yakınsamanın takibinde iz grafiklerinin önemli bir rolü olduğunu ifade etmiştir.

## 2.6. Varyans Unsurları Tahmin Yöntemleri İçin Türkiye’de Yapılan Çalışmalar

Orhan (1992), Karakaş kuzularının yapağı verimlerine karışık, sabit, şansa bağlı modellerde En Küçük Kareler (EKK) ve ML yöntemlerini uygulayarak karşılaştırma yapmıştır. Buna göre, şansa bağlı faktörlerde (hata dâhil), ML yöntemi varyans değerleri daha küçük bulunurken, sabit faktörlerde her iki yöntemin aynı sonuçları verdiği gözlemlenmiştir. Araştırmacı, sabit ve şansa bağlı etkilerin bağımlı değişkeni birlikte etkilemesi durumunda, ML yönteminin verdiği sonuçların daha sapmasız olması nedeni ile EKK’ya göre tercih edilmesi gerektiğini bildirmiştir.

Kayaalp ve ark. (1992a), REML yönteminin uygulamasını ve teorisini sayısal bir örnekle incelemişler ve diğer tahmin yöntemlerinden de kısaca bahsetmişlerdir. Yine Kayaalp ve ark. (1992b), ıslah çalışmalarındaki artışa bağlı olarak varyans unsurları kestirilenmesinin son yıllarda büyük önem kazandığını belirtmişler ve bu çalışmalarında kullanılan parametrelerin kestirilenmesinde varyans unsurlarının önemli bir yerinin olduğunu ifade etmişlerdir. Çalışmada, uydurulmuş veriler kullanılarak Henderson I, II ve III yöntemlerinin karşılaştırmalı olarak hesaplanması gösterilmiştir. Araştırmacılar, Henderson I yönteminin rastgele modellere, Henderson II yönteminin interaksyonsuz karışık modellere, Henderson III yönteminin interaksyonlu karışık modellere uygulanabileceği sonucuna varmışlardır. Çalışmada ayrıca, modele dahil edilen etkilerin sabit veya rastgele olduğunun iyi belirlenmesi gerektiği, aksi takdirde Henderson I yönteminin yanlış kestirim verebileceği vurgulanmıştır.

Kayaalp ve Bek (1994), Varyans Analiz (ANOVA), Henderson I, II, III, ML, MIVQUE, REML yöntemlerini kullanarak varyans unsurlarını tahmin etmişlerdir. Araştırmacılar, yöntemlerin etkinliklerini karşılaştırabilmek için Swallow ve Monahan (1984)’ın bildirdiği  $\sigma_a^2 / \sigma_c^2$  kritik değerlerini kullanmış ve MIVQUE yönteminin daha etkin bir yöntem olduğunu gözlemlemişlerdir.

Fırat (1997), farklı tahmin yöntemlerinin hayvan ıslahı uygulamalarında negatif varyans unsurları tahmini elde etme olasılıklarını incelemiş ve bu amaçla oluşturduğu veri setleri üzerinde uyguladığı ANOVA, ML ve REML yöntemleri arasından, ANOVA’nın negatif tahmin verdiğini bildirmiştir.

Okut ve Akbaş (1995), varyans unsurlarının tahminlerinde en çok kullanılan MIVQUE, ML ve REML yöntemlerini karşılaştırarak bu yöntemlerin aynı kuadratik formları kullandıklarını ve yöntemler arasındaki temel farklılığın kuadratik formlarının beklenen değerlerinden kaynaklandığını belirtmişlerdir. Araştırmacılar, varyans unsurları tahminlenmesinin birçok etkiye bağlı olduğunu belirterek, bunların gözlem sayısı, varyans unsurlarının gerçek, bilinmeyen değeri, kullanılan model, şansa bağlı faktörlerin düzeyi ve her düzeye ait verilerin dağılışı, kullanılacak yöntemin ve kuadratik formların seçimi gibi etkiler olduğunu bildirmişlerdir.

Fırat (1996), ANOVA, ML ve Bayesçi yöntemleri ile varyans unsurlarının tahmininde Bayes yaklaşımının uygulama açısından diğer yöntemlere göre avantajları olduğunu belirtmiştir. Fırat ve Bek (1998), yaptıkları çalışmada ML ve REML yöntemleri arasındaki farkı, teorik ve uygulamalı olarak göstermiş olup, ML'den kaynaklanan sapmanın bir kısmını REML metodunun giderdiğini bildirmişlerdir.

Esenbuğa (2000), İvesi ve Morkaraman koyunlarının sürü verim özelliklerine etkili çevre faktörlerini inceleyerek, varyans unsurları tahmin yöntemlerinden Henderson III, MIVQUE, ML ve REML yöntemlerini kullanarak kestirimlerde bulunmuştur. Araştırmacı, sürü verimliliği olarak koçaltı ve doğuran koyun başına doğan kuzu sayısı ile bunlardan doğan kuzuların büyüme ve gelişme özellikleri, kırkım sonu canlı ağırlıkları ve kirli yapağı ağırlıkları üzerine etkili faktörleri incelemiştir. Çalışmada, kullanılan yöntemlerin karşılaştırılmasında, kestirilen varyans unsurları minimum hata varyansına ve Swallow ve Monahan (1984)'ın kriterlerine göre değerlendirme yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, REML ve ML yöntemlerinin diğer yöntemlere nazaran daha etkin tahminleme yapılabildiği ileri sürülmüştür.

Karacaören ve Fırat (2001), çalışmalarında farklı aile büyüklükleri ve kalıtım dereceleri için oluşturulmuş deneme desenlerinin ve ANOVA, ML ve REML yöntemlerinin istatistiksel farklılıklarının seleksiyon indeksleri ve genetik ilerlemelere olan etkilerini yazılmış olan bir program ile incelemiştir. Çalışmada sunulan programın sadece eğitim amaçlı olarak kullanılabileceğini, uygulamaya yönelik bir amaç için yazılmamış olduğunu ve içerdiği çok sayıda alt program ile farklı amaçlara hizmet edecek şekilde genişletilebileceğini belirtmişlerdir. Programın, seleksiyon indekslerini tek karakter için oluşturduğunu, ancak birden fazla karakter için sonuçları elde edecek şekilde programda değişiklik yapılabileceğini belirtmişlerdir.

Karacaören ve Fırat (2012), hayvan ıslahında uygulanacak ıslah yöntemlerinin belirlenmesinde seleksiyon indeksinden faydalandığını ve seleksiyon indeksinin hesaplanmasında varyans unsurlarının kullanıldığını vurgulamışlardır. Bu amaçla, simülasyon ile üretilmiş veri setinde ANOVA, ML ve REML yöntemleri kullanılarak baba-bir üvey kardeş boğa modeliyle varyans unsurları tahminlemesi yapmışlardır. Elde edilen bulgularda, hem ANOVA' da hem de olabilirliğe dayalı yöntemlerde (ML ve REML), ANOVA' ya ait negatif kalıtım dereceleri tahminlerinin sıfıra eşitlenmesinden dolayı, benzer genetik ilerleme sonuçları görülmüştür.

Galiç (2002), genetik parametrelerin kestiriminde olabilirlik teorisine dayalı (ML ve REML) ve Bayesçi yöntemler kullanıldığını, ıslah çalışmalarında karşılaşılan sorunların çözümünde en son tekniklerin kullanılması fikriyle, belirli bir dağılıştan rastgele değerler üreten iteratif bir esasa dayalı Gibbs örnekleme uygulamasının yaygınlaştığını ifade etmiştir. Çalışmada, farklı aile büyüklüklerine ait veriler simülasyonla türetilmiş ve bu verilerle farklı yöntemler kullanılarak genetik parametre kestirimleri yapılmıştır. Araştırmacı, Gibbs örneklemesinin elverişliliğinin, ortaya çıkan sorunun boyutuna bağlı olarak değiştiğini bildirmiştir.

Bilgin ve ark. (2003), Morkaraman ırkı kuzuların doğum ağırlığı, sütten kesim ağırlığı ve sütten kesime kadar günlük canlı ağırlık artışı için Henderson III, ML, REML ve MIVQUE yöntemlerini kullanarak varyans bileşenlerini tahmin etmişlerdir. Araştırmacılar, söz konusu bu yöntemlerin, benzer sonuçlar verdiklerini bildirmişlerdir. Çalışmada, sütten kesim ağırlığı için kalıtım derecesinin orta yüksek kestiriminin seleksiyon yoluyla elde edilecek ilerleme için bir fırsat olduğu belirtilmiştir.

Ekiz ve ark. (2005), Türk Merinoslarında (Karacabey Merinosu) koyun verimliliğinde etkili olan sabit faktörleri incelemiş ve verimlilik özelliklerine ait genetik parametrelerin düşük kalıtım ve tekrarlanma derecesine sahip olduklarını belirtmişlerdir. Koyun verimliliği özellikleri için koyunların kendi performansına bakılarak yapılacak seleksiyonda genetik ilerlemenin oldukça yavaş olabileceğini bildirmişlerdir. Bununla birlikte, maternal ilişkilerin koyun verimliliği özellikleri ile pozitif ve yüksek bir korelasyona sahip olması gerekliliğini vurgulamışlardır.

Duru ve Koyuncu (2005), İmroz kuzularının doğum ağırlığına ait varyans unsurlarını birey modeli kullanarak REML yöntemi ile tahminlemesi yapmışlardır. Türkiye'de küçükbaş hayvancılık yapılan işletmelerde kayıt tutmadaki yetersizliğin

vurgulandığı çalışmada, farklı modeller için direkt kalıtım derecesi 0.00-0.09 ve anaya bağlı kalıtım derecesini ise 0.00-0.01 arasında tahmin edilmiştir. Direkt ve anaya bağlı etkiler arasındaki genetik korelasyonun farklı modellerde -1.00 ve 1.00 olarak tahminlemesi, veri sayısının sınırlı olması ile ilişkilendirilmiştir.

Güllü (2015), Akkaraman, Sakız x Akkaraman F1 ve Kıvırcık x Akkaraman F1 kuzuya ait büyüme verilerini kullandığı çalışmasında, tahmin modellerinin performansları üzerinde durulmuştur. Araştırmada, sütten kesim ağırlığında etkili olan faktörlerin (genotip, doğum yılı, cinsiyet ve doğum tipi) yanı sıra, doğum ağırlığını değişkeninin sütten kesim ağırlığı düşük ve yüksek olan kuzuların sınıflandırılmasındaki etkinliği incelenmiştir. Bununla birlikte çalışmada, sürüde istenilen sütten kesim ağırlığına sahip olan ve olmayan kuzuların ayırt edilebilirliği ya da bu duruma etkisi olan muhtemel değişkenlerin kontrol altına alınabileceği vurgulanmıştır.

## **2.7. Büyüme Özelliklerinde Genetik Parametre Tahminlenmesi Üzerine Araştırmalar**

Büyüme özellikleri anaya bağlı etkiler ve direkt eklemeli genetik etkiler tarafından etkilenirler (Albuquerque ve Meyer, 2001). Anaya bağlı etkiler; daha çok uterus içi koşullarda olmak üzere analık yeteneğini ve ananın süt üretimini yansıtır. Bu etkilerin oluşması üç nedene bağlıdır. Birincisi; süt üretme ve analık yeteneği için ananın kendi genotipinin etkisi ile oluşanlar, ikincisi; bir ananın tüm dölleri arasında kalıcı fakat eklemeli genetik kaynaklı olmayanlar ve son olarak ise; bireysel olarak döllere ait olanlar olarak tasnif edilebilir (Falconer ve Mckay, 1996).

Büyüme özelliklerinde optimum düzeyde genetik ilerlemedeki başarı, hem anaya bağlı etkiler unsurlarının hem de direkt unsurun dikkate alınmasına bağlıdır. Çünkü, bu etkiler eğer önemli olup dikkate alınmaz ise genetik parametre tahminlerinde sapmalı tahminlerin ortaya çıkmasına ve bu durum seleksiyon etkinliğinin azalmasına neden olmaktadır (Dodenhoff ve ark., 1999). Böyle bir durumda direkt ile maternal etkiler arasındaki negatif korelasyon olasılığı bu etkilerin önemini ortaya çıkartmaktadır (Meyer, 1992).

Maternal etkilerin meydana getirdiği varyans-kovaryans unsurlarının tahmini REML algoritmaları ile daha basite indirgenmiştir (Meyer, 1997). Gittikçe gelişen teknolojinin etkisi ile modernleşen istatistiksel yöntemler, genetik varyansın maternal ve direkt varyans olarak ayrılmasına olanak sağlamaktadır. Dahası genetik

değerlendirmelerde farklı linear animal modeller ile mukayese yapılabilme imkânı sunmaktadır (Mrode, 2014). Fakat, tüm bu değerlendirmelerin yapılabilmesi yeterli bir veri yapısını zorunlu kılmaktadır.

Doğum ağırlığı daha geç yaşlarda elde edilen canlı ağırlıklar ile pozitif genetik bir korelasyona sahiptir. Dolayısıyla yüksek doğum ağırlığına sahip olan hayvanların canlı ağırlık artışının daha fazla olması ve daha hızlı büyümesi beklenir. Analık kabiliyeti ile sütten kesim ağırlığı arasında yüksek bir korelasyon vardır. Analık kabiliyeti iyi olan koyunların kuzuları daha yüksek sütten kesim ağırlığına sahiptir. Doğumdan sonra yavru ile ana arasında kurulan yüksek bağ, kuzuların ölüm oranlarını azaltmaktadır (Ürüşan ve Emsen, 2010).

Büyüme özellikleri üzerine seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemenin gerçekleşmesi için kalıtım derecesi ve genetik korelasyon gibi bazı genetik parametrelerin bilinmesi şarttır (Sezgin ve ark., 2012). Seleksiyonda sağlanacak ilerleme, genler arasındaki korelasyonun büyüklüğüne bağlı olarak değişmektedir. Pleiotropik (bir genin birden çok özelliğe etki etmesi) veya aynı kromozom üzerinde bulunan bağlı genler, genetik korelasyonun en önemli kaynaklarıdır (Vanlı ve ark., 2012). Bu ilişkiler sadece genetik değil aynı zamanda maternal ve çevre faktörlerinden de ileri gelebilir. Büyüme özelliklerine etki eden faktörler ve bu faktörler ile bunları inceleyen birçok araştırma mevcuttur (Mandal ve ark., 2012).

Jawasreh ve ark. (2018), Ürdün'de İvesi ırkı kuzuların varyans unsurlarını klasik yaklaşımla (REML) tahminledikleri çalışmada, doğum ve sütten kesim ağırlığına ait kalıtım derecesini sırasıyla;  $0.30 \pm 0.04$  ve  $0.19 \pm 0.04$  olarak tahminlemişlerdir. Yaş arttıkça kalıtım derecesi tahminlerinin azaldığını bildiren bilim insanları; bunun nedenini, maternal etkinin daha çok embriyonun gelişme döneminde en yüksek seviyede olması ve doğumdan sonra bu etkinin azalması ile ilişkilendirmişlerdir.

Hassen ve ark. (2003), Ethiopia koşullarında yetişen İvesi ırkı kuzularında doğum ağırlığı (DA), sütten kesim ağırlığı (SKA) ve doğum ile sütten kesim arasındaki günlük canlı ağırlık artışına (GCAA) ait genetik parametre tahminlerini tek özellikli ve iki özellikli birey modellerini kullanarak frekansçı (klasik) yaklaşım ile REML prosedürü ile yapmışlardır. Elde edilen univariate model sonuçlarına göre; direkt kalıtım derecesi, maternal kalıtım derecesi ve eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyon DA için sırasıyla; 0.39, 0.13 ve -0.48; SKA için sırasıyla; 0.33, 0.18 ve

-0.69 ve GCAA için ise sırasıyla; 0.25, 0.19 ve -0.80 olarak hesaplanmıştır. Tek özellikli modelde direkt kalıtım derecesinin özellikler boyunca azaldığı görülürken, maternal kalıtım derecesinin ise arttığı görülmüştür. İki özellikli modele göre ise; DA için sırasıyla; 0.28, 0.19, -0.23, SKA için sırasıyla; 0.31, 0.18, -0.57 ve GCAA için ise; 0.25, 0.18 ve -0.74 değerleri tespit edilmiştir. Araştırmacılar genel olarak, erken dönem büyüme özellikleri için direkt kalıtım derecesinin maternal kalıtım derecesinden daha yüksek olduğunu, toplam kalıtım derecesinde ise doğum ağırlığının diğer özelliklere göre yüksek olduğunu ve dolayısıyla fenotipe göre yapılacak bir seleksiyonda SKA ya da GCAA'na göre DA'nın tercih edilebileceğini bildirmişlerdir.

Gamasae ve ark. (2010), İran'da Hamedan bölgesinde yetiştirilen Mehraban koyunları üzerinde yaptıkları çalışmada, doğum ağırlığı (DA), sütten kesim ağırlığı (SKA) dahil diğer büyüme özellikleri için genetik parametre tahminlerinde REML prosedürü ile tek özellikli ve çok özellikli birey modelini kullanmışlardır. İncelenen özellikler içerisinde DA ve SKA'na ait direkt kalıtım dereceleri tahminleri sırasıyla;  $0.30 \pm 0.05$ ,  $0.30 \pm 0.04$  olarak bulunmuştur. Maternal etkinin kalıtım dereceleri ise sırasıyla;  $0.17 \pm 0.03$ ,  $0.18 \pm 0.03$  olarak tahmin edilmiştir. DA ile SKA arasındaki direkt genetik korelasyon  $0.287 \pm 0.09$  iken maternal genetik korelasyon ise  $0.412 \pm 0.05$  olarak bulunmuştur. Araştırmacılar çalışmada, direkt kalıtım derecesi tahminlerinin yaşla birlikte arttığını, maternal kalıtım derecesinin azaldığını, aynı zamanda özellikler arasındaki pozitif genetik ve fenotipik korelasyonun varlığının, seleksiyonda genetik potansiyelin artışı sağladığını da ifade etmişlerdir.

Boujenane ve ark. (2015), D'man ırkı koyunlarda için tek özellikli ve iki özellikli 12 farklı birey modeli kullanarak REML algoritmaları ile genetik parametre tahminlerinde, model karşılaştırma kriterlerinden Akaike Bilgi Kriteri (AIC) değerine göre yorumlamışlardır. Buna göre; doğum ağırlığının direkt kalıtım derecesi ve maternal kalıtım derecesi sırasıyla;  $0.05 \pm 0.02$ ;  $0.10 \pm 0.02$  olarak hesaplanmıştır. Araştırmacılar, söz konusu ırkta düşük genetik varyasyonun olmasının, büyüme özelliklerine dayalı bir seleksiyonda genetik ilerlemenin yavaş olduğunu gösterdiğini, kuzularda erken dönemde canlı ağırlıklar üzerindeki maternal etkinin de oldukça önemli olduğunu da belirtmişlerdir.

Tariq ve ark. (2010), Pakistanlı yetiştiriciler için önemli bir yere sahip olan Mengali koyunlarında yaptıkları çalışmada, doğum ağırlığı (DA), 120 günlük sütten kesim ağırlığı (SKA) ve sütten kesim öncesi ortalama canlı ağırlık kazancı (GCAA) üzerine genetik parametre tahminleri yapmışlardır. Varyans unsurları REML prosedürü kullanılarak birey

modeli ile tahminlenmiştir. İncelenen özelliklerin kalıtım dereceleri sırasıyla;  $0.39\pm 0.06$ ;  $0.125\pm 0.02$  ve  $0.23\pm 0.05$  olarak bulunmuştur. Araştırmacılar, kalıtım derecelerinin DA için yüksek, SKA için düşük ve GCAA için ise orta düzeyde olduğunu bildirmişler ve varyasyondaki bu farklılığın nedeni olarak çalışmada kullanılan veri setini, yetiştirme ve besleme şeklini ve çevre koşullarını göstermişlerdir. Aynı zamanda, çevre varyansının yüksek olmasının düşük kalıtım derecesi ile sonuçlanabileceği, böyle bir durumda kitle seleksiyonuna başvurulması gerektiği bildirilmiştir.

Kariuki ve ark. (2010), Kenya’da yetiştirilen Dorper kuzularının büyüme özellikleri üzerine birey modelini kullanarak yaptıkları çalışmada, genotipik ve fenotipik parametre tahminlerini REML prosedürü ile birey modeli kullanılarak yapmışlardır. Çalışmada, incelenen büyüme özellikleri içerisinde, doğum ağırlığı (DA) ve sütten kesim ağırlığı (SKA) için direkt kalıtım dereceleri sırasıyla;  $0.18\pm 0.01$  ve  $0.28\pm 0.04$ ; maternal kalıtım dereceleri ise  $0.16\pm 0.01$  ve  $0.19\pm 0.04$  olarak, doğrudan maternal genetik korelasyonlar ise DA için  $-0.47$ ; SKA için ise  $-0.94$  olarak, söz konusu iki özellik arasındaki fenotipik korelasyon  $0.37$ , genotipik korelasyon ise  $0.41$  olarak bulunmuştur. Çalışma, direkt ve maternal genetik etkiler arasındaki negatif korelasyonun varlığının, maternal etkinin Dorper kuzularının büyüme performansları için oldukça önemli olduğunu göstermiştir. Araştırmacılar, negatif ve yüksek genetik korelasyonun veri setinin yapısı ve büyüklüğünden kaynaklanabileceğini vurgulamışlardır. Araştırmacılar, sürü içerisindeki eklemeli genetik varyasyonun derecesinin, ticari sürülere talep edilen koç ve koyunların satışında önemli bilgiler verebileceğini vurgulayarak, elde edilen tahminlerin ıslah programlarının oluşturulmasında temel oluşturacağını da belirtmişlerdir.

Gbangboche ve ark. (2011), Batı Afrika Cüce kuzuları üzerinde yaptıkları çalışmada, doğum ağırlığı, doğumdan 180 günlük yaşa kadar, doğum ile sütten kesim ağırlığı (GCAA1) ve doğum ile sütten kesim sonrası aylık canlı ağırlıklarının (GCAA2) genetik parametrelerini ortaya koymaya çalışmışlardır. Büyüme özelliklerinin varyans ve kovaryans unsurları çok özellikli birey modeli ve baba modeli kullanılarak tahmin edilmiştir. Çalışmada, yaş arttıkça kalıtım derecelerinin azaldığı gözlenmiş, doğum ağırlığına ait kalıtım derecesi birey modelde  $0.43\pm 0.06$  iken, baba modelde  $0.44\pm 0.15$  olarak bulunmuştur. GCAA1 için hesaplanan kalıtım derecesi ise her iki modelde  $0.05\pm 0.03$  olup oldukça düşüktür. Araştırmacılar, yaşla birlikte kalıtım derecesinin düşük olmasını, genetik ve çevre varyansındaki farklılıkta maternal etkinin dikkate alınmamasından kaynaklandığını vurgulamışlardır. Çalışmada, DA-GCAA1 arasındaki

genetik korelasyon birey modelde 0.81; baba modelde ise 0.62; fenotipik korelasyon ise sırasıyla; -0.03 ve -0.20 olarak hesaplanmış, pozitif ve yüksek genetik korelasyonun sebebinin çevre faktörlerinden ve kısmen de olsa genetik faktörlerden kaynaklanabileceği, doğum ağırlığının oldukça önemli kalıtsal bir özellik olup, ilerleyen dönemlerdeki canlı ağırlık özellikleri ile bir korelasyona sahip olduğundan elde edilen sonuçların seleksiyon stratejilerinde kullanılabileceği ileri sürülmüştür.

Prakash ve ark. (2012), Malpura koyunları üzerinde yaptıkları çalışmada farklı ekonomik özellikler için genetik parametre (ko)varyans unsurlarını altı farklı birey modeli kullanarak REML metodu ile tahmin etmeye çalışmışlardır. Araştırmada, en uygun modelin belirlenmesinde Akaike Bilgi Kriteri (AIC) kullanılmış, direkt kalıtım dereceleri doğum ağırlığı (DA), sütten kesim ağırlığı (SKA) ve doğum-sütten kesim arası canlı ağırlık artışı (GCAA) için sırasıyla;  $0.21 \pm 0.04$ ,  $0.24 \pm 0.04$  ve  $0.23 \pm 0.04$  olarak; genetik korelasyonlar ise DA-SKA için 0.88; DA-GCAA için 0.21; SKA-GCAA için ise 0.45 olarak, fenotipik korelasyonlar ise aynı sırayla; 0.49, 0.10 ve 0.20 olarak tahminlenmiştir. Çalışmada, incelenen özelliklerin orta derecede kalıtım derecesine sahip olmasının, ekonomik olarak et üretimi etkinliğini artırılabilmesinin bir göstergesi olduğu belirtilirken; özellikler arasındaki yüksek korelasyonun varlığının çok özellikli seleksiyon çalışmalarında etkili olduğu belirtilmiştir.

Ghafouri-Kesbi ve Baneh (2012), İran'da yetiştirilen Makooei kuzuları üzerinde yaptıkları çalışmada, doğum ağırlığı (DA), sütten kesim ağırlığı (SKA), doğum-sütten kesim arası ortalama canlı ağırlık artışı (GCAA) gibi büyüme özelliklerini incelemişlerdir. Araştırmada, maternal etkiyi içeren 6 farklı birey modeli REML prosedürüyle genetik parametreler tahmin edilmiştir. En uygun modelin Akaike Bilgi Kriterine (AIC) göre seçildiği çalışmada, belirlenen en iyi modele göre direkt kalıtım derecesi DA için  $0.32 \pm 0.08$ ; SKA için  $0.21 \pm 0.08$  ve GCAA için ise  $0.17 \pm 0.08$  olarak hesaplanırken; DA-SKA, DA-GCAA ve SKA-GCAA arasındaki genetik korelasyonlar sırasıyla;  $0.60 \pm 0.16$ ;  $0.35 \pm 0.15$  ve  $0.99 \pm 0.01$  olarak tespit edilmiştir. Çalışmada elde edilen sonuçlara göre, SKA'nın diğer özelliklerle olan yüksek genetik korelasyonu dolayısıyla onun bir seleksiyon kriteri olarak değerlendirilebileceği, seleksiyonda direkt ve maternal etkilerin genetik ilerlemeyi etkilediği ileri sürülmüştür.

Taşkın ve ark. (2012), Sönmez kuzuları üzerinde yaptıkları çalışmada, kuzu ağırlıklarının ve günlük canlı ağırlık kazançlarının genotipik ve fenotipik parametrelerini tahmin etmeyi ve buna göre Sönmez kuzularının genetik ıslahına uygun yetiştirme

sistemlerini geliştirmeyi amaçlamışlardır. Araştırmacılar, büyüme özelliklerine ait genetik parametreleri baba-bir üvey kardeş metodu kullanarak tahmin etmişlerdir. Çalışmada, doğum ağırlığı ve 2 aylık canlı ağırlık kalıtım dereceleri sırasıyla;  $0.25 \pm 0.08$  ve  $0.36 \pm 0.12$  olarak bulunmuştur. DA-SKA arasındaki genetik korelasyon 0.20, fenotipik korelasyon ise 0.29'dur. Aynı zamanda çalışmada, seleksiyon çalışmalarında tüm yaşlardaki canlı ağırlığın bir ölçüt olarak kullanılabilceği, ancak koyun yetiştiriciliğinde süttten kesim ağırlığı veya iki aylık yaştaki ağırlığın koyunların verimliliğini dolaylı yoldan etkileyen seleksiyon ölçütü olarak kabul edilebileceği ve elde edilen düşük tahminlerin de veri setinin küçüklüğünden dolayı olabileceği vurgulanmıştır.

Mandal ve ark. (2012), Muzaffarnagari kuzuları üzerinde yaptıkları çalışmada 15 günlük periyotlarla doğumdan itibaren 90 günlük ortalama canlı ağırlık kazançlarının varyans unsurlarını ve genetik parametrelerini birey modeli ile uyumlu olan REML prosedürü ile tahmin etmeye çalışmışlardır. Çalışmada, süttten kesimden önce ortalama canlı ağırlık kazançlarına ait kalıtım derecelerinin 0.01 ile 0.26 arasında deęiştığı görülmüştür. Araştırmacılar, kullanılan modellerin sonucunda elde edilen deęerlere göre (ko)varyans unsurları ve genetik parametreler için doęru modelin yorumlanmasının önemini vurgulamışlardır. Çalışmada, maternal etkinin ihmal edilmesi durumunda direkt kalıtım derecesinin aşırı yüksek tahmin edilebildiği gibi, maternal kalıcı çevre etkilerinin göz ardı edilmesinde ise maternal etkinin aşırı yüksek bulunabildiği vurgulanmıştır. Araştırmacılar, süttten kesim öncesi dönemlerdeki canlı ağırlık kazancı için yapılan analizlerde hem direkt etkilerin hem de maternal kalıcı çevre etkilerinin üzerinde durulmasını önermişlerdir.

El-Wakil ve Gad (2014), en uygun yetiştirme programını Barki kuzularında genetik ilerlemeyi sağlamak için altı farklı birey modeli kullanarak genetik parametre tahminleri yapmışlardır. Çalışmada kullanılan özellikler; doğum ağırlığı (DA), 120. gün ağırlığı (SKA), doğum ile süttten kesim arası ortalama günlük canlı ağırlık artışıdır (GCAA). En iyi modelden elde edilen sonuçlara göre; kalıtım dereceleri DA için 0.36, SKA için 0.30, GCAA için 0.26'dır. Çalışmada, etkili bir genetik ilerlemenin olması için, sadece direkt etkileri baz alarak seleksiyon yapmaktansa hem direkt etkilerin hem de maternal etkilerin hesaba katılmasıyla deęerlendirme yapmanın daha güvenilir sonuçlar verebileceği savunulmuştur.

El-Wakil (2014), Barki kuzularında genetik ilerlemeyi daha iyi belirleyebilmek için altı farklı birey modeli ile genetik parametre tahminleri yapmış, doğum ağırlığı ile birlikte

15 günlük aralıklarla alınan canlı ağırlıkların varyans unsurlarını REML ile elde etmiştir. Çalışmada, doğum ağırlığının direkt kalıtım kalıtım derecesi 0.11, maternal kalıtım derecesi ise 0.19 olarak tespit edilmiştir. Aynı özellik için maternal genetik etki ile direkt genetik etki arasındaki genetik korelasyon ise 0.15'dir. Çalışmada, doğum ağırlığının hem kendi içindeki hem de diğer özelliklerle olan pozitif direkt ve maternal genetik korelasyonun ( $r_{am}$  ve  $r_{alm2}$ ) varlığının, doğum ağırlığındaki artışı açıkladığı, böyle bir durumun zor doğuma neden olabileceği, dolayısıyla, doğum ağırlığının bir seleksiyon kriteri olarak kullanılmaması gerektiği ileri sürülmüştür.

Şireli ve ark. (2015), Diyarbakır GAP Uluslararası Araştırma ve Eğitim Merkezi'nde yetiştirilen İvesi kuzularında, en uygun tek özellikli birey modeline göre DA'nın kalıtım derecesini  $0.21 \pm 0.075$ , SKA'nın ve GCAA'nın ise benzer olmak suretiyle  $0.13 \pm 0.073$  olarak tahmin etmişlerdir. Çalışmada tespit edilen DA'nın maternal kalıtım derecesi ve direkt-maternal genetik korelasyon sırasıyla;  $0.09 \pm 0.06$ ;  $0.72 \pm 0.602$ 'dir. Araştırmacılar, anaç koyunlarda kuzulamada doğum öncesi iyi bir maternal kabiliyetin, doğum ağırlığı için genetik ilerlemede etkili olabileceğini, ancak artan DA'nın doğum güçlüğünü ortaya çıkartabileceğini, süttten kesim ağırlığı için maternal ve çevre varyansının olmamasının, incelenen sürülerin başlangıçta farklı sürülerden satın alınan koç ve koyunlardan oluşması nedeniyle elde edilen veri yapısından kaynaklanabileceğini öne sürmüşlerdir.

Aksoy ve ark. (2016), Karayaka kuzularında klasik yaklaşımdan REML algoritmaları ile altı farklı tek özellikli birey modeli ile yaptıkları tahminlemede, direkt kalıtım derecesinin DA için  $0.25 \pm 0.076$ , SKA için  $0.27 \pm 0.082$ ; maternal kalıtım derecelerinin ise sırasıyla;  $0.15 \pm 0.042$  ve  $0.09 \pm 0.041$  olarak tahmin edildiğini, direkt kalıtım derecesinin etkili bir ıslah programında kullanılabilceğini rapor etmişlerdir.

Nassiri ve ark. (2016), Zandi kuzularının büyüme özelliklerinde Bayesçi yaklaşımı ile tek özellikli altı farklı birey modeli ile genetik parametre tahminleri yapmışlar, en uygun model olarak belirledikleri model ile DA'nın direkt ve maternal kalıtım derecesini 0.124 ve 0.12; SKA'nın ise sırasıyla; 0.169 ve 0.07 olarak tahminlemişlerdir. Araştırmacılar, doğumdan süttten kesime doğru direkt kalıtım derecesinin arttığını ve dolayısıyla büyüme özelliklerine göre yapılacak bir seleksiyonda süttten kesim ağırlığının bir ölçüt olarak kullanılabilceğini bildirmişlerdir.

Gowane ve ark. (2015), Malpura ırkında Bayeşçi yaklařımıyla Gibbs rnekleme ynteminin ok zellikli birey modellerinin uygulandıđı tahminlemede, direkt ve maternal kalıtım derecesini sırasıyla; DA iin  $0.29 \pm 0.05$  ve  $0.23 \pm 0.04$ ; SKA iin  $0.40 \pm 0.06$  ve  $0.15 \pm 0.03$ ; GCAA iin ise (dođum-stten kesim arası)  $0.43 \pm 0.06$  ve  $0.16 \pm 0.03$  olarak bulmuřlardır. Eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyonlar ise her  zellikte negatif ve yksek olup sırasıyla;  $-0.50$ ,  $-0.89$  ve  $-0.91$ 'dir. Bu antagonistliđin olması stten kesim ncesi zelliklere gre yapılacak seleksiyonda maternal etkilerin gz ardı edilmesi gerektiđini ortaya ıkartmaktadır. Arařtırcılar, negatif korelasyonun nedeninin modele dahil edilen sabit etkilerin yanlıř seiminden, genetik varyansın geniřliđi ya da evre faktrlerindeki etki karıřımı sebebiyle baba ve analar arasındaki varyasyonun artmasından, bymede ya da analık kabiliyetinde etkili genler arasındaki antagonist iliřkilerin olmasından kaynaklanabileceđini vurgulamıřlardır.

Gowane ve ark. (2015), Bayeşçi yaklařımında, varyansın daima pozitif bulunduđunu ve sonsal dađılımın da negatif deđerler iermeyeceđini bildirerek Malpura ırkında Bayes yaklařımı ile parametre tahminleri yapmıřlardır.

Barbosa ve ark. (2015), Santa Ines ırkında Gibbs rnekleme algoritmalarını kullanarak iki zellikli birey modelinin uygulandıđı genetik deđerlendirmede, DA ve SKA iin direkt kalıtım derecesinin ortalama tahminlerini sırasıyla;  $0.24$  ve  $0.09$ ; maternal kalıtım derecesini  $0.34$  ve  $0.24$ ; eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyonu ise sırasıyla;  $-0.23$  ve  $-0.11$  olarak tahmin etmiřlerdir. Arařtırcılar, byme zelliklerini dikkate alarak yapılacak seleksiyonda maternal etkinin olduka gl bir etkiye sahip olduđunu ve ıřlah programlarına dahil edilmesi gerektiđini savunmuřlardır.

Hossein-Zadeh ve Ardalán (2010), Moghani ırkında Bayeşçi yaklařım Gibbs rnekleme yntemi ile dođum ađırlıđının direk eklemeli, maternal eklemeli, maternal sabit evreye ait kalıtım derecesinin ve eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyona ait sonsal dađılımın ortalamasını sırasıyla;  $0.29$ ,  $0.29$ ,  $0.25$  ve  $-0.64$  olarak tahmin etmiřlerdir. Arařtırcılar, elde ettikleri eklemeli genetik etkinin kalıtım derecesinin orta derecede olduđunu belirtmiř, maternal genetik etkinin ise dođum sezonunda olduđu gibi daha erken yařlarda nemli bir lt olduđunu sylemiřlerdir.

Hossein-Zadeh (2012), Moghani ırkında farklı yařlardaki canlı ađırlıđın genetik deđiřimlerini tahminlemeyi amalamıřtır. Bu amala, ok zellikli birey modelini kullanarak Bayeşçi yaklařımı ile genetik parametre tahminleri yapılan alıřmada, dođum

ağırlığının direkt gerçekleşen kalıtım derecesi 0.11, maternal gerçekleşen kalıtım derecesi ise 0.16 olarak bulunmuştur.



### 3. MATERYAL VE METOT

#### 3.1. Materyal

Çalışmada, Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi kapsamında Osmaniye ilinde uygulanan alt projeye dahil olan 12 farklı işletmede yetiştirilen İvesi koyunlarının 2012-2013 doğum sezonundan itibaren 4 yıl süre ile doğan kuzularına ait tutulan kayıtlar kullanılmıştır. Kayıtlar, ilgili dönemlerde Damızlık Koyun Keçi Yetiştiricileri Birliği proje teknik elemanları denetiminde alınmıştır.

Kayıtların alındığı işletmelerde koyunlar kış aylarında pamuk tohumu küspesi, yer fıstığı samanı ve kuru ot samanı verilerek ağılda tutulmuştur. Bahar döneminde meraya veya yaylaya çıkarılan hayvanlar otlatılmış ve ek yem verilmemiştir.

Sürülerde Haziran ortasından itibaren serbest koç katımı yapılmış, koçlar 2 ay süreyle sürüde bırakıldıktan sonra sürüden ayrılıp, iki hafta sonra tekrar iki hafta süreyle sürüye bırakılmıştır. Kuzulamalar Ekim ayı başında başlamış, Şubat ayı sonuna kadar sürmüştür. Kuzular doğumdan itibaren 45 güne kadar analarıyla birlikte kalmış, sonra tek öğün emzirme uygulanmış, daha sonra kalıntı sütle emzirme yapılmış, 2-2.5 ay sonra süttten tamamen kesilmiştir. Kuzuların doğumlarının ilk 24 saati içinde 10 g'a kadar duyarlı dijital el tartıları ile tartımları yapılmıştır. Yaklaşık 1 aylık iken yeme alıştıırılarak kuzu başlangıç yemi verilmiştir.

Süttten kesim ağırlıkları, genel olarak  $60\pm 2$  gün sonra alınmaya çalışılmıştır. Ancak, bazı hayvanlar 60 günden daha erken veya geç tartıya alınabilmiş olup, değişim aralığı 52-69 gün arasında olmuş, ortalaması 61 gün olarak hesaplanmıştır. Bu yüzden, süttten kesim ağırlıkları interpolasyonla 60 güne sabitlenmiştir.

Bu çalışmada kullanılan kayıtlar; elit sürülerde (ana-baba kayıtları düzenli olarak tutulmuş sürü) yetiştirilmiş İvesi ırkı koyunlara ait döl verim kayıtları (ebeveynlere ait kulak numaraları ile birlikte kuzuların kulak numaraları, ebeveyn ve kuzuların doğum tarihi, kuzunun doğum ağırlığı (DA), süttten kesim ağırlığı (SKA), doğum ile süttten kesim dönemine kadar olan günlük canlı ağırlık artışı (GCAA), yıl (doğum mevsimi), doğum tipi, cinsiyet, ana yaşı ve işletmedir. Çalışmada kullanılan sabit etkiler yıl/mevsim, doğum tipi, cinsiyet, ana yaşı ve işletmedir. 1917 anadan olan 2012-2013, 2013-2014, 2014-2015 ve 2015-2016 yılları arasında doğan 4971 yavruya ait verim kayıtlarından oluşan veri setinden elde edilen bilgilere göre; yıl/mevsim faktörü dört seviyeli, doğum tipi faktörü tekiz ve ikiz

olarak iki seviyeli, cinsiyet faktörü erkek ve dişi olarak iki seviyeli, iki yaş ile yedi yaş arası analardan oluşmuş ana yaşı faktörü altı seviyeli ve içerisinde bulunan yavru sayısına göre ölçeklendirilmiş işletme faktörü ise oniki seviyelidir. Kuzuların soy kütüğündeki analara ve babalara ait bilgiler kullanılarak pedigrî dosyası oluşturulmuştur. Soy kütüğünde babası-anası ve hayvanın kulak numarası bilinmeyen bireyler pedigrî dosyasından çıkartılmıştır. Veri yapısı ve üzerinde durulan özellikler ile ilgili ayrıntılı bilgi Çizelge 3.1 ve 3.2’de özetlenmiştir.

Çizelge 3.1. İvesi kuzularına ait veri setinin özellikleri

Kuzu sayısı	4971
Pedigrîye dâhil olan hayvan sayısı	6561
Yavru kaydı olan baba sayısı	80
Baba başına düşen ortalama yavru kaydı sayısı	62.1
Baba başına düşen en az ve en fazla yavru kaydı sayısı	18-138
Kuzusundan kayıt alınan ana sayısı	1917
Ana başına düşen ortalama yavru kaydı sayısı	2.6
Ana başına düşen en az ve en fazla yavru kaydı sayısı	1-7
Daha önce kuzu olarak kaydı olan ana sayısı	580
Akrabalı yetişen hayvan sayısı	107
Hayvanların ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı	0.00328
Akrabalı yetişmiş hayvanların ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı	0.202103
En yüksek akrabalı yetiştirme katsayısı (Max F)	0.25
En düşük akrabalı yetiştirme katsayısı (Min F)	0.125

Çizelge 3.2. İvesi kuzularına ait doğum, sütten kesim ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışına ait tanımlayıcı istatistikler

	Min	Max	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	S	S <sup>2</sup>	CV
DA	1.66	6.83	3.79±0.01	0.75	0.560	19.75
SKA	9.12	36.44	17.36±0.04	2.78	7.704	15.99
GCAA	0.09	0.53	0.226±0.00	0.04	0.002	19.09

DA: Doğum ağırlığı; SKA: sütten kesim ağırlığı; GCAA: günlük canlı ağırlık artışı; Min: en küçük; Max: en büyük;  $\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$ : ortalama±standart hata; S: standart sapma, S<sup>2</sup>:varyans ve CV: varyasyon katsayısıdır.

İvesi kuzularının % 87.4’ü tekiz, % 12.6’sı ikiz doğmuştur. % 4.3’ ü iki yaşlı anadan, % 11.1’i 3 yaşlı anadan, % 34.7’si dört yaşlı anadan, % 16.6’sı beş yaşlı anadan, %18.3’ü altı yaşlı anadan ve % 15’i 6 yaş üstü analardan olma kuzulardır.

Her işletme genellikle kendi koçlarını kullanmaktadır. Bu yüzden, veriler işletmelere göre tasnif edildiğinde aynı zamanda babalar arası genetik varyans da işletme içinde ayrıştırılmış olmaktadır. Bu etki karışımını önlemek amacıyla işletmeler büyüklüklerine göre gruplandırılmıştır. Böylelikle işletme faktörü yeniden düzenlenerek

“İşletme Büyüklüğü” sabit faktörü olarak araştırmaya dâhil edilmiştir. İşletmelerin büyüklüğüne göre yeniden kodlanması işlemi Çizelge 3.3’ de özetlenmiştir. Düzenlenen yeni haliyle sabit faktörler modele dahil edildikten sonra öncelikle, etkileri analiz edilip incelenmiş, bundan sonra tüm varyans unsurları ve genetik parametre tahminlerinin elde edilmesi için analiz aşamasına geçilmiştir.

Çizelge 3.3. İşletmelerin sürü büyüklüğüne göre gruplandırılması

İşletme	İşletme No	Hayvan Sayısı (n)	İşletme Büyüklüğü	Ölçeklendirme
TR800000362397	9	214	1	
TR800000001638	1	216	1	n<400
TR800000030170	5	267	1	
TR800000363988	12	321	1	
TR800000363517	10	404	2	
TR800000002963	3	424	2	401<n<500
TR800000030312	6	439	2	
TR800000363585	11	462	2	
TR800000360462	8	509	3	
TR800000002425	2	518	3	n>501
TR800000024803	4	546	3	
TR800000359582	7	651	3	

### 3.2. İstatistiksel Analizler

Çalışmada öncelikle modelde bulunan sabit etkili faktörler varyans analizi ile GLM (General Linear Models) prosedürüne göre analiz edilmiş ve alt grup ortalamalarının karşılaştırılmasında ise Duncan çoklu karşılaştırma testi kullanılmıştır.

Genel olarak kullanılan varyans analizinde benimsenen sabit etkiler modeli (fixed model) olarak;

$$Y_{ijklmn} = \mu + a_i + b_j + c_k + d_l + t_m + e_{ijklmn} \quad (4.2)$$

şeklindeki matematik model benimsenmiştir. Modelde;

$Y_{ijklmn}$  = herhangi bir kuzunun herhangi bir faktörün herhangi bir alt seviyesindeki ele alınan özellik bakımından değerini,

$\mu$  = populasyonun ele alınan özellik bakımından beklenen ortalamasını,

$a_i$  = doğum yılı/mevsim etkisini ( $i=1(2012-2013)$ ,  $2(2013-2014)$ ,  $3(2014-2015)$ ,  $4(2015-2016)$ ),

$b_j$  = kuzu doğum tipinin etkisini ( $j=1(\text{tek})$ ,  $2(\text{ikiz})$ ),

$c_k$ =kuzu cinsiyetinin etkisini ( $k= 1$ (erkek),  $2$ (dişi)),  
 $d_l$ =kuzunun anasının yaşının etkisini ( $l=1, 2, \dots, 6$ ),  
 $t_m$ = işletme büyüklüğünün etkisini ( $m=1(<400)$ ,  $2(401-500)$ ,  $3(>501)$ ),  
 $e_{ijklmn}$  = normal, bağımsız, şansa bağlı hatayı temsil etmektedir ( $0, \sigma^2$ ).

İvesi kuzularının doğum ağırlığı, sütten kesim ağırlığı ve doğum ile sütten kesim dönemi arasındaki günlük canlı ağırlık artışı özelliğine ilişkin tahmin edilen varyans unsurları kullanılarak, fenotipik-genetik varyanslar ile birlikte kalıtım dereceleri elde edilmiştir. Klasik yaklaşım ile varyans unsurları tahminleri Boldman ve ark. (1993) tarafından hazırlanan MTDFREML (Multiple Trait Derivate Free Restricted Maximum Likelihood) isimli bilgisayar yazılımı (<http://aipl.arsusda.gov/curtv/mtdfreml.html>, 1993) ile REML (Restricted Maximum Likelihood) yöntemi kullanılarak yapılmıştır. Bayesçi yaklaşım ile varyans unsurları tahminleri ise, R environment (R Development Core Team, 2012; <http://www.r-project.org>) yazılımındaki MCMCglmm paketinin (Hadfield, 2010) yardımı ile yapılmıştır. Her iki yaklaşımda Bireysel Hayvan Modeli (Individual Animal Model) esas alınmıştır.

Bireysel Hayvan Modeli, esasında sabit ve şansa bağlı faktörlerin bir arada bulunduğu karışık model uygulamalarıdır.

En basit haliyle karışık doğrusal modelin matris notasyonu aşağıda belirtilmiştir;

$$Y = Xb + Zd + e$$

**Y**: y, üzerinde durulan özellikler için gözlem değerlerini içeren ve  $y \sim N(\mu, V)$  ya da bazı araştırmacılar tarafından  $y \sim N(X\beta, V)$  şeklinde olan, yani ortalamalar vektörü  $\mu$  ve varyans-kovaryans matrisi  $V$  olan çok değişkenli normal dağılım göstermektedir.

**X**: Sabit etkili çevre faktörlerine ait  $n \times p$  boyutlu desen matrisini,

**b**: p, sabit etkili faktörlerin toplam sayısı olmak üzere, sabit etkili faktörlere ait  $p \times 1$  boyutlu etkiler vektörünü,

**Z**:  $n \times r$  boyutlu şansa bağlı etkilere ait desen matrisini,

**d**: r, şansa bağlı etkiler seviye sayısı olmak üzere,  $r \times 1$  boyutlu şansa bağlı etkiler vektörü diğer bir ifadeyle eklemeli genetik etkiler vektörüdür. Ortalaması sıfır ve varyans-kovaryans matrisi'dir. I birim matristir.

**e**:  $n \times 1$  boyutlu tesadüfi çevre faktörlerine ait etki miktarları vektörünü (hata

vektörü) göstermektedir. Ortalaması sıfır ve varyans-kovaryans matrisi'dir (Henderson,1953).

Bu çalışmada şansa bağlı etkilerin dâhil olduğu tek özellikli altı farklı Bireysel Hayvan Modelleri kullanılmıştır. Bu modeller;

Model 1: sabit etkiler ile eklemeli genetik etkilerin olduğu,

Model 2: Model 1'e ek olarak anasal (maternal) genetik etkinin olduğu ve eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki kovaryansın sıfırdan farklı olduğu,

Model 3: Model 2'den farklı olarak eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki kovaryansın sıfır olarak varsayıldığı,

Model 4: Model 1'e ilaveten anadan gelen sabit çevre (maternal permanent environment effects) etkisinin olduğu,

Model 5: Model 1'e ek olarak maternal genetik etki, anadan gelen sabit çevre etkinin olduğu ve eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki kovaryansın sıfırdan farklı olduğu,

Model 6: Model 5'e ilaveten eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki kovaryansın sıfır olarak varsayıldığı modeldir. Bu modeller, aşağıdaki şekilde özetlenebilir:

Model 1:  $Y=Xb+Zd+e$

Model 2:  $Y=Xb+Zd+Zm+e$       $Cov(a,m) =A\sigma_{am}$

Model 3:  $Y=Xb+Zd+Zm+e$       $Cov(a,m) =0$

Model 4:  $Y=Xb+Zd+Wc+e$

Model 5:  $Y=Xb+Zd+Zm+Wc+e$       $Cov(a,m) =A\sigma_{am}$

Model 6:  $Y=Xb+Zd+Zm+Wc+e$       $Cov(a,m) =0$

Bu modellerde,  $y$  üzerinde durulan her özellik için gözlem değerleri vektörüdür,  $b$  sabit etkili faktörler (yıl/mevsim, doğum tipi, cinsiyet, ana yaşı ve işletme büyüklüğü) vektörünü,  $d$ ,  $m$ ,  $c$  ve  $e$  sırasıyla direkt eklemeli genetik etkileri (birey), maternal genetik etkileri (ana), anadan gelen sabit çevre etkileri ve hata vektörleridir.  $X$ ,  $Z_d$ ,  $Z_m$  ve  $W_c$  bu etkilere ait desen matrislerini göstermektedir. Burada  $d \sim N(0, A\sigma_d^2)$ ,  $m \sim N(0, A\sigma_m^2)$ ,  $c \sim N(0, I\sigma_c^2)$  olarak ifade edilir. Matris notasyonu ile gösterimi ise;

$$E(y) = Xb, E \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

$$Var \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_d^2 & A\sigma_{dm} & 0 & 0 \\ A\sigma_{dm} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad (4.4)$$

$\Sigma_{dm}$  eklemeli genetik etkiler ile maternal genetik etkiler arasındaki kovaryanstır. Burada, bütün şansa bağlı etkilerin (eklemeli, maternal, maternal-permanent) beklenen değerleri sıfırdır, sabit etkilerin beklenen değerleri ise  $Xb'$  ya eşittir. Buna göre analizde kullanılan varsayımlar şöyledir;

$$E(a) = E(m) = E(c) = E(e) = 0$$

$$E(y) = Xb \text{ ve varyansları ise;}$$

$$Var(a) = A\sigma_d^2 = G$$

$$Var(e) = I\sigma_e^2 = R \quad (4.5)$$

$G$  genetik varyans-kovaryans matrisidir ve eklemeli akrabalık ilişkiler matrisi ( $A$ ) ile bireyler arası varyansın çarpımına eşittir.  $R$  ise hata varyans-kovaryans matrisidir ve  $I_n$  ise hayvan sayısına eşit birim matris (diagonalde bir fakat diagonalin altında ve üstünde sıfır olan matris) olup, hataya ait varyans ile çarpımıdır.

Varyans analizinde kullanılan karışık doğrusal modelin en genel haliyle matris gösterimi aşağıda belirtildiği gibidir.

$$\begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}Z \\ ZR^{-1}X & ZR^{-1}Z + A^{-1} \otimes G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{d} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XR^{-1}y \\ ZR^{-1}y \end{bmatrix} \quad (4.6)$$

Böylelikle karışık modelde  $b$  ve  $d$ ' nin çözümü ise;

$$\hat{\beta} = (XV^{-1}X)^{-1} XV^{-1}y \quad (4.6a)$$

$$\hat{d} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta}) \quad (4.6b)$$

olarak elde edilir. Çalışmada  $Cov(d, e) = Cov(e, d)$  için 2 farklı eşitlik denenmiş olup, ilkinde  $Cov(d, e) = Cov(e, d) \neq 0$ , ikincisinde  $Cov(d, e) = Cov(e, d) = 0$  olarak tanımlanmıştır.

MTDFREML programı yardımıyla yapılan tek özellikli birey modellerinde varyans kovaryans unsurlarının tahmininde yakınsamalar Simplex (polytope) metoduna göre yapılmıştır. Söz konusu metoda göre; yakınsamanın başarılı olup olmadığı  $-2Log$  *likelihood* varyansının değerinin  $10^{-9}$ 'un altında olmasına bağlıdır. Eğer altında ise yakınsama başarılıdır. Her bir özellik için varyans unsurlarının tahmininde model seçme kriteri olarak  $-2Log$  *likelihood* değerinin düşüklüğüne ve Akaike Bilgi Kriteri (Akaike's Information Criterion, *AIC*) değerine bakılmıştır (Akaike, 1973).

$$AIC_i = -2\log L_i + 2p_i \quad (4.7)$$

Burada  $\log L_i$  i. yakınsamadaki modelin maksimum log olabilirlik değeridir ve  $p_i$  ise i. model için parametre sayısıdır. En küçük *AIC* değerine sahip model en iyi model olarak seçilmiştir. Meyer (1992), modeller arasındaki farklılığın karşılaştırılarak en uygun modelin seçiminde Likelihood ratio testinin (LRT) kullanılması önermiştir. LRT testinde hangi modelin daha uygun olduğu modellerdeki parametre sayısı kadar serbestlik dereceli Khi-kare dağılımına göre belirlenir. Burada Khi-kare değerleri olarak  $-2LogL$  değerleri arasındaki fark değerleridir.

Bayesçi yaklaşım ile yapılan analizler için çalışmada tek değişkenli karışık etkili doğrusal hayvan modeli kullanılmıştır.

$$Y_i = X_i b + Z_{1i} d + Z_{2i} m + W_i c + e_i \quad (4.8)$$

Modelde ;

**$Y_i$** : i. Hayvana ait gözlem değerlerini içeren vektördür.

**$b$** : sabit etkiler vektörü

**$d$  ve  $m$** : sırasıyla eklemeli direkt ve maternal genetik etkiler vektörü

**$c$** : maternal permanent etkiler vektörü

**$X_i$ ,  $Z_{1i}$ ,  $Z_{2i}$  ve  $W_i$** : i. hayvana ait sabit etkiler, eklemeli direkt-maternal etkiler ve maternal permanent etkilere ait desen matrisi

$e_i$ : şansa bağlı hata vektörüdür.

Eşitliklerin daha kolay yazılabilmesi açısından (4.8) numaralı modelde yer alan  $d$  ve  $m$  vektörleri  $a=[d \ m]$  şeklinde bir vektörde tanımlanarak (4.9) numaralı model

$$Y_i = X_i b + Z_1 a + W_i c + e_i \quad (4.9)$$

olarak yeniden yazılmıştır.

Bayesçi yaklaşıma göre sonsal dağılımı elde edebilmek için verilerden sağlanan bilgiyi yansıtacak olabilirlik fonksiyonu ile bilinmeyen tüm parametreler için ön dağılımın belirlenmesi gerekmektedir.

Verilerden sağlanacak bilgiyi yansıtan olabilirlik fonksiyonu eşitlik [3]'e göre  $n$  birey için aşağıda tanımlanmıştır.

$$y | b, a, c, \sigma_a^2, \sigma_c^2, \sigma_e^2 \square N(X_i b + Z_1 a + W_i c, I \sigma_e^2) \quad (4.10)$$

### 3.3. Ön Dağılımlar

Bayesçi yaklaşımda modeldeki tüm bilinmeyen parametreleri ( $b$ ,  $a$ ,  $c$  ve  $e$  için ön dağılım atanır. Genellikle sabit etkiler için düz ya da birörnek dağılımlar ön dağılım olarak atanırken şansa bağlı etkiler için konjugat ön dağılımlar atanır. Sabit etkiler için sabit bir dağılım atanması bu etkiler hakkında, az bilgiye sahip olmamızdan kaynaklanmaktadır. Sabit etkiler için tanımlanan ön dağılım  $p(\beta) \propto 1$  şeklinde sabit dağılım olarak kabul edilmelidir.

Şansa bağlı direkt-maternal varyansa bağlı varyans-kovaryans ( $G$ ) ve  $A$  akrabalık matrisli normal dağılım aşağıdaki şekilde tanımlanmıştır.

$$\begin{aligned} a | A, \sigma_a^2 &\square N(0, A \sigma_a^2) \\ a | G_0 &\square N(0, G) \\ G &= A \otimes G_0 \end{aligned}$$

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_d^2 & \sigma_{dm} \\ \sigma_a^2 & \sigma_m^2 \end{bmatrix} \quad (\text{Shiotsuki ve ark., 2012}) \quad (4.11)$$

Maternal-permanent etkilere ait ön dağılımda  $\mathbf{c} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_c^2)$  şeklinde normal dağılım olarak tanımlanmaktadır. Hataları içeren şansa bağlı etkiler vektörü ise  $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$  şeklinde normal dağılım göstermektedir.

Son olarak varyans unsurları  $(\sigma_a^2, \sigma_c^2 \text{ ve } \sigma_e^2)$  için ön dağılım olarak sırasıyla  $(\mathbf{S}_a^2, \nu_a)$ ,  $(\mathbf{S}_c^2, \nu_c)$  ve  $(\mathbf{S}_e^2, \nu_e)$  parametrelili bağımsız scaled inverted  $\chi^2$  dağılımı ön dağılım olarak tanımlanmıştır.

### 3.4. Ortak Sonsal Yoğunluk Fonksiyonu

Bütün parametreler için ortak sonsal yoğunluk fonksiyonu olabilirlik fonksiyonu ile bilinmeyen parametreler için ön dağılımların çarpılması ile elde edilir.

$$f(\beta, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_a^2, \sigma_c^2, \sigma_e^2 | \mathbf{y}) \propto f(\mathbf{y} | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_a^2, \sigma_c^2, \sigma_e^2) \cdot f(\beta, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_a^2, \sigma_c^2, \sigma_e^2) \dots \dots (4.12)$$

Ön dağılımlara ait fonksiyon daha geniş haliyle aşağıdaki gibi yazılır.

$$f(\beta, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_a^2, \sigma_c^2, \sigma_e^2) = f(\beta) \cdot f(\mathbf{a} | \sigma_a^2) \cdot f(\sigma_a^2) \cdot f(\mathbf{c} | \sigma_c^2) \cdot f(\sigma_c^2) \cdot f(\sigma_e^2) \quad (4.12a)$$

Bu yüzden şartlı dağılımlar aşağıdaki gibi olacaktır.

$$f(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_a^2, \sigma_c^2, \sigma_e^2 | \mathbf{y}) \quad (4.13)$$

$$\begin{aligned} & \propto \frac{1}{(\sigma_e^2)^{\frac{n}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \mathbf{Xb} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc})' (\mathbf{y} - \mathbf{Xb} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc}) \right] \\ & \frac{1}{(\sigma_a^2)^{\frac{q}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_a^2} \mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} \right] \cdot \frac{1}{(\sigma_c^2)^{\frac{m}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_c^2} \mathbf{c}' \mathbf{c} \right] \end{aligned} \quad (4.13a)$$

### 3.5. Varyansların Şartlı Dağılımları

#### 3.5.1. Hata varyansı

$$f(\sigma_e^2 | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_a^2, \sigma_c^2, \mathbf{y}) \quad (4.14)$$

$$\begin{aligned}
& \propto \frac{1}{(\sigma_e^2)^{\frac{n}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc}) \right] \\
& \frac{1}{(\sigma_a^2)^{\frac{q}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_a^2} \mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} \right] \cdot \frac{1}{(\sigma_c^2)^{\frac{m}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_c^2} \mathbf{c}' \mathbf{c} \right] \\
& \propto \frac{1}{(\sigma_e^2)^{\frac{n}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc}) \right]
\end{aligned} \tag{4.14a}$$

Parametreli ters gama ise:

$$\boldsymbol{\beta} = \frac{1}{2} (\mathbf{y} - \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc}) \tag{4.15}$$

$$a = \frac{n}{2} - 1 \tag{Blasco, 2001} \tag{4.16}$$

olarak elde edilir.

### 3.5.2. Genetik varyans

$$f(\sigma_a^2 | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_c^2, \sigma_e^2, \mathbf{y}) \tag{4.17}$$

$$\begin{aligned}
& \propto \frac{1}{(\sigma_e^2)^{\frac{n}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc})' (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Za} - \mathbf{Wc}) \right] \\
& \frac{1}{(\sigma_a^2)^{\frac{q}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_a^2} \mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} \right] \cdot \frac{1}{(\sigma_c^2)^{\frac{m}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_c^2} \mathbf{c}' \mathbf{c} \right]
\end{aligned} \tag{4.17a}$$

$$\propto \frac{1}{(\sigma_a^2)^{\frac{q}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_a^2} \mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} \right]$$

Parametreli ters gama ise:

$$\boldsymbol{\beta} = \frac{1}{2} \mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} \tag{4.18}$$

$$a = \frac{q}{2} - 1 \tag{4.19}$$

olarak ifade edilir (Blasco, 2001).

### 3.5.3. Maternal permanent etki

$$f(\sigma_c^2 | \beta, \mathbf{a}, \mathbf{c}, \sigma_a^2, \sigma_e^2, \mathbf{y}) \quad (4.20)$$

$$\propto \frac{1}{(\sigma_e^2)^{\frac{n}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a} - \mathbf{W}\mathbf{c})' (\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a} - \mathbf{W}\mathbf{c}) \right]$$

$$\frac{1}{(\sigma_a^2)^{\frac{q}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_a^2} \mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} \right] \cdot \frac{1}{(\sigma_c^2)^{\frac{m}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_c^2} \mathbf{c}' \mathbf{c} \right] \quad (4.20a)$$

$$\propto \frac{1}{(\sigma_c^2)^{\frac{m}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_c^2} \mathbf{c}' \mathbf{c} \right]$$

Parametrelili ters gama ise:

$$\beta = \frac{1}{2} \mathbf{p}' \mathbf{p} \quad (4.21)$$

$$a = \frac{m}{2} - 1 \quad (4.22)$$

olarak tanımlanır (Blasco, 2001).

### 3.5.4. Etkilerin şartlı dağılımları

$$f(\beta, \mathbf{a}, \mathbf{c} | \sigma_a^2, \sigma_c^2, \sigma_e^2, \mathbf{y}) \quad (4.23)$$

$$= \frac{1}{(\sigma_e^2)^{\frac{n}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a} - \mathbf{W}\mathbf{c})' (\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{a} - \mathbf{W}\mathbf{c}) \right]$$

$$\frac{1}{(\sigma_a^2)^{\frac{q}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_a^2} \mathbf{a}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a} \right] \cdot \frac{1}{(\sigma_c^2)^{\frac{m}{2}}} \exp \left[ -\frac{1}{2\sigma_c^2} \mathbf{c}' \mathbf{c} \right] \quad (4.23a)$$

Bu ise çok değişkenli normal dağılım içindir (Blasco, 2001).

Bayesçi yaklaşımda MCMCglmm paketinde sunulan Deviance Bilgi Kriteri (Deviance Information Criteria, *DIC*), modellerin tahminleme güçlerini karşılaştırmak için kullanılmıştır (Hadfield, 2010). Modeller arasındaki farklılığın 7'den büyük olması ve *DIC*

değerinin küçüklüğü (hatta oldukça negatif bile olabilir) modelin lehine olup, en güçlü modeldir (Spiegelhalter ve ark., 2002).

Bayes yaklaşımında Gibbs örneklemeinde tek özellikli tüm modellerde varyans (ko)varyans bileşenleri için ön dağılışı olarak ters Wishart dağılımı ve başlangıç değerleri olarak REML tahminleri kullanılmıştır. Tekli uzun zincir kullanılmış ve modellere göre değişmekle birlikte 250000-350000 örnek üretilmiş, bunun ilk 100000 kısmı atılmış (burn-in periyot), her 1. örnek kaydedilmiş ve sonuç olarak 150000-250000 örneklilik tahmin kümesi oluşturulmuştur.

Yakınsama kontrolünün testi için ise R yazılımındaki CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis) kütüphanesinden yararlanılarak Heidelberg yakınsama kontrolü testi kullanılmıştır. Heidelberg testine göre p değeri 0.05'i geçtiği için yakınsama sağlanmıştır (Hadfield, 2010; R Development Core Team, 2012).

Tahmin edilen varyans unsurları ise:  $\sigma^2_a$ , eklemeli genetik varyans;  $\sigma^2_m$ , maternal eklemeli genetik varyans;  $\sigma_{am}$ , eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki kovaryans,  $\sigma^2_e$ , hata varyansı. Bu varyans unsurlarından yararlanılarak kalıtım derecesi  $h^2 = \sigma^2_a / \sigma^2_p$ ; maternal kalıtım derecesi  $m^2 = \sigma^2_m / \sigma^2_p$ ; toplam kalıtım derecesi  $h^2_T = h^2 + 0.5 m^2 + 1.5 h.m.r_{am}$ ; eklemeli genetik-maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyon ise  $r_{am} = \sigma_{am} / \sigma_a * \sigma_m$  ile formülleri ile tahmin edilmiştir (Willham, 1972).

Klasik yaklaşımdan REML yöntemi ile, varyans-kovaryans unsurlarından eklemeli genetik varyans ( $\sigma_a^2$ ), eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki kovaryans ( $\sigma_{am}$ ), maternal varyans ( $\sigma_m^2$ ), anadan kaynaklı sabit (kalıcı) çevre varyansı ( $\sigma_c^2$ ), hataya ait varyans ( $\sigma_e^2$ ) ve fenotipik varyans ( $\sigma_p^2$ ) tahmin edilmiştir. Genetik parametrelerden ise, eklemeli etkilere ait kalıtım derecesi (direkt kalıtım derecesi,  $h^2_d$ ), maternal etkiye ait kalıtım derecesi ( $m^2$ ), fenotipik varyansta anadan kaynaklı sabit çevre etkisinin oranı ( $c^2$ ), eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyon ( $r_{am}$ ) ve toplam kalıtım ( $h^2_T$ ) derecesi tahminlenmiştir. REML yöntemi ile yapılan tahminlerde kullanılan modeller  $-2\text{Log}L$  ve  $AIC$  model karşılaştırma kriteri ile karşılaştırılmıştır.

Bayes yaklaşımındaki MCMC yöntemi ile eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu ( $h_a^2$  posterior mod), eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması ( $h_a^2$  posterior ortalaması), eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı (HD\_p (a)), maternal etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu ( $h_m^2$  posterior mod), maternal etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması

( $h_m^2$  posterior ortalama), maternal etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı (HD\_p(m)) ile anadan gelen sabit çevre etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal modu ( $h_{per}^2$  posterior mod), anadan gelen sabit çevre etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması ( $h_{per}^2$  posterior ortalama), anadan gelen kalıcı çevre etkisine ait kalıtım derecesinin güven aralığı (HD\_p(per)) tahmin edilmiştir. Bunlara ilaveten eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyon ( $r_{am}$ ) da tahminlenmiştir. Bu yaklaşımda model karşılaştırma kriteri olarak *DIC* bilgi kriteri kullanılmıştır.



## 4. BULGULAR VE TARTIŞMA

### 4.1. Sabit Etkiler

Modelde bulunan sabit etkili faktörler varyans analizi ile GLM prosedürüne göre analiz edilmiştir ve sonuçlar Çizelge 4.1’ de özetlenmiştir. Sabit etkiler olarak tanımlanan yıl/doğum mevsimi, doğum tipi, cinsiyet, ana yaşı ve işletme büyüklüğü doğum ağırlığı özelliği için çok önemli bulunurken; bu sabit etkilerden sadece doğum şekli sütten kesim ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışı özelliği için önemsiz bulunmuştur ( $p<0.01$ ).

Çizelge 4.1. İvesi kuzularında doğum ve sütten kesim ağırlıkları ile günlük canlı ağırlık artışına ilişki varyans analizi, önemlilik ve çoklu karşılaştırma testi sonuçları, en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları

	n	Doğum Ağırlığı (kg) $\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Sütten Kesim Ağırlığı (kg) $\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g) $\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$
<b>Genel Ort.</b>	4971	3.45±0.02	17.93±0.05	0.236±0.001
<b>Yıl(Doğum mevsimi)</b>		** (F=274.259; P=0.000)	** (F=1829.384; P=0.000)	** (F=1529.384; P=0.000)
1 (2012-2013)	787	2.93±0.03 <sup>c</sup>	21.29±0.09 <sup>a</sup>	0.292±0.001 <sup>a</sup>
2 (2013-2014)	1423	3.59±0.02 <sup>b</sup>	18.42±0.06 <sup>b</sup>	0.244±0.001 <sup>b</sup>
3 (2014-2015)	1437	3.72±0.02 <sup>a</sup>	15.86±0.06 <sup>d</sup>	0.201±0.001 <sup>d</sup>
4 (2015-2016)	1324	3.56±0.02 <sup>b</sup>	16.16±0.06 <sup>c</sup>	0.206±0.001 <sup>c</sup>
<b>Cinsiyet</b>		** (F=829.309; P=0.000)	** (F=55.238; P=0.000)	** (F=55.238; P=0.000)
Erkek	2476	3.71±0.02	18.13±0.05	0.239±0.001
Dişi	2495	3.19±0.02	17.74±0.06	0.232±0.001
<b>Doğum Şekli</b>		** (F=513.506; P=0.000)	ös (F=0.668; P=0.464)	ös (F=0.668; P=0.414)
Tek	4345	3.77±0.01	17.97±0.03	0.236±0.001
İkiz	626	3.13±0.03	17.90±0.08	0.235±0.001
<b>Yaş</b>		** (F=7.175; P=0.000)	** (F=11.890; P=0.000)	** (F=11.890; P=0.000)
2	212	3.32±0.05 <sup>c</sup>	18.61±0.13 <sup>a</sup>	0.247±0.001 <sup>a</sup>
3	552	3.47±0.03 <sup>b</sup>	17.94±0.09 <sup>b</sup>	0.236±0.001 <sup>b</sup>
4	1724	3.49±0.02 <sup>b</sup>	17.77±0.06 <sup>bc</sup>	0.233±0.001 <sup>bc</sup>
5	824	3.56±0.03 <sup>a</sup>	17.60±0.07 <sup>c</sup>	0.230±0.001 <sup>c</sup>
6	912	3.42±0.02 <sup>b</sup>	17.78±0.07 <sup>bc</sup>	0.233±0.001 <sup>bc</sup>
7+	747	3.45±0.03 <sup>b</sup>	17.90±0.08 <sup>b</sup>	0.235±0.001 <sup>b</sup>
<b>İşletme</b>		** (F=17.108; P=0.000)	** (F=74.939; P=0.000)	** (F=74.939; P=0.000)
1	1018	3.38±0.02 <sup>c</sup>	18.44±0.07 <sup>a</sup>	0.244±0.001 <sup>a</sup>
2	1729	3.53±0.02 <sup>a</sup>	17.57±0.05 <sup>c</sup>	0.230±0.001 <sup>c</sup>
3	2224	3.43±0.02 <sup>b</sup>	17.80±0.06 <sup>b</sup>	0.233±0.001 <sup>b</sup>
<b>Regresyon (DA)</b>			** (F=2603.708; P=0.000)	** (F=643.885; P=0.000)
Katsayı			1.99±0.04	0.016±0.001
R <sup>2</sup>		0.298	0.616	0.559

\*\* :  $P<0.01$ ; ös: önemsiz; a,b,c,d: Aynı alt grupta farklı harf taşıyan ortalamalar arasındaki farklılık önemlidir ( $P<0.05$ ).

En genç anadan doğan kuzular en az doğum doğum ağırlığına sahip olan kuzular olup, ana yaşı arttıkça doğum ağırlığı da artmaktadır. Tekiz doğan yavruların ikiz doğan yavrulara göre, erkek kuzuların da dişi kuzulara göre doğum ağırlığı yüksektir. Aynı zamanda, süttten kesim ağırlığında ve dolayısıyla günlük canlı ağırlık artışında da benzer şekilde devam etmiştir. Elde edilen bu sonuçlar Boujenane ve ark. 'nın (2015) D'man ırkında yaptıkları çalışma ile benzerdir. Cinsiyetler arasındaki canlı ağırlık farkı, süttten kesim döneminde daha belirgindir. Bununla birlikte, farklı yıllarda doğan kuzuların canlı ağırlıklarında bir değişkenlik görülmektedir. En yüksek doğum ağırlığına sahip kuzular üçüncü doğum mevsiminde (2014-2015) doğan kuzular iken, en yüksek süttten kesim ağırlığına sahip kuzular ise birinci doğum mevsiminde (2012-2013) doğan kuzulardır.

Bu tez çalışmasında tüm canlı ağırlık özellikleri üzerine doğum mevsiminin çok önemli bir etkisinin olduğu görülmüştür ( $p<0.01$ ). Bu önemli etki, besleme, iklim koşulları ve işletmelerin yıldan yıla değişen yetiştirme-yönetim uygulamalarından kaynaklanabilir.

Erkek kuzuların doğum ağırlığı dişi kuzulardan 0.52 kg, süttten kesim ağırlığı 1.39 kg ve günlük canlı ağırlık artışı ise 0.002 kg daha fazladır. Mohammadi ve ark. (2010b), Arabi ırkı erkek kuzuların doğum ağırlığının dişilerinkinden 0.23, süttten kesim ağırlığının 1.72 ve günlük canlı ağırlık artışında ise 0.017 kg fazla olduğunu bildirerek, erkeklerin dişilerden her zaman daha ağır olduğunu belirtmişlerdir. Rashidi ve ark. (2008), Kermani ırkında bu ağırlık farklılığının sırasıyla; 0.16, 1.92 ve 0.017 kg olduğunu ifade ederek benzer sonuçlar elde etmişlerdir.

Bu çalışmadaki doğum şeklinin süttten kesim ağırlığına ve günlük canlı ağırlığına etkisi önemsiz bulunurken, diğer tüm sabit etkiler oldukça önemli bulunmuştur ve literatürde farklı ırklar üzerinde yapılan daha önceki çalışmaların bulgularına benzerdir (Boujenane ve Kansari, 2002; Bahreini Behzadi ve ark., 2007; Rashidi ve ark., 2008; Baneh ve ark., 2010; Eskandarinasab ve ark., 2010; Jafaroghli ve ark., 2010; Mohammadi ve ark., 2010a; Abbasi ve ark., 2012; Savar-Sofla ve ark., 2011, Hammoud ve Salem, 2012; Tohidi ve ark., 2016).

## **4.2. Varyans-Kovaryans Unsurları ve Genetik Parametreler**

### **4.2.1. REML yöntemiyle elde edilen sonuçlar**

Doğum ağırlığı, süttten kesim ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışının fenotipik ortalaması, standart sapması ve varyasyon katsayısı Çizelge 3.2'de belirtildiği gibidir. Canlı ağırlıklara ait varyasyon katsayısı 15.99 - 19.75 arasında değişmiştir.

İvesi ırkı kuzularda doğum ağırlığı için REML prosedürünün uygulandığı tek özellikli birey (animal) modelleriyle elde edilen varyans-kovaryans unsurları, genetik parametre değerleri ile model seçme kriterleri sonuçları Çizelge 4.2’de belirtildiği gibidir.

Doğum ağırlığı özelliğinde tahmin edilen  $\sigma^2_a$  değeri Model 4 ve 5’te daha düşük iken (sırasıyla 0.0531; ve 0.0583), diğer modellerde daha yüksek ve birbirine yakın değerler olup (0.0739-0.0791), en yüksek olarak Model 6 ile tahminlenmiştir. Hata varyansı da ( $\sigma^2_e$ ) paralel şekilde Model 4 ve 5’te 0.3306 ve 0.3212 olarak hesaplanırken, diğer modellerde birbirine çok yakın değerler olarak tahminlenmiş ve en yüksek değeri Model 6 ile (0.3885) bulunmuştur.  $\sigma^2_p$  değeri Model 1, 3 ve 6’da benzer değerler (0.388) olarak hesaplanmış olup, diğer modellerde kısmen daha düşüktür ve Model 5 ile (0.382) en düşük değer hesaplanmıştır. Benzer şekilde, tahmin edilen eklemeli etkilere ait kalıtım derecesi ( $h^2_d$ ) en düşük olarak Model 4 ve 5 ile tahmin edilmiş olup (sırasıyla; 0.14 ve 0.16) diğer modellerde benzerdir (0.19-0.20).

Maternal (analık) etkilerin dahil edildiği modellerde tahminlenen anadan kaynaklanan genetik ve çevresel varyanslar 0 veya sıfıra yakın çıktığından, maternal genetik etkiyi dikkate alan kalıtım derecesi ( $h^2_t$ ) tahminlerini etkilememiş, direkt kalıtım derecesi ( $h^2_d$ ) ile benzer tahminler elde edilmiştir. Model karşılaştırmasında dikkate alınan *AIC* değerleri en düşük (183.643) Model 1 ile elde edildiğinden doğum ağırlığına ait parametre tahminleri için bu model önerilmiştir.

Direkt kalıtım derecesi tahmini ( $h^2_d$ ), kullanılan modele göre farklılık göstererek 0.14 ile 0.15 arasında değişkenlik göstermiştir. Bu özellik için, tüm etkilerin dâhil olduğu Model 6, diğer modellerle karşılaştırıldığında en yüksek  $\sigma^2_a$  ve  $h^2_d$ ’ye sahip iken Model 1 ile benzerdir. Model 1’e anadan kaynaklı sabit çevre etkisi de dâhil edildiğinde (Model 4) likelihood değerinde önemli bir artış göstermekte iken, fenotipik varyasyonda %1.20 azalış görülmüştür. Ancak, modele maternal etki dâhil edildiğinde (Model 3), fenotipik varyasyonda % 0.01 artış görülmüştür. Bununla birlikte, Model 3 ve 1’de likelihood değerleri aynıdır.

Basit model olarak tanımlanan Model 1’e maternal etki dâhil edildiğinde ve eklemeli genetik etki ile maternal genetik etkinin arasındaki kovaryans da sıfır olarak kabul edilen Model 3’de, kalıtım derecesi tahmini Model 1 ile aynı iken; eklemeli genetik etki ile maternal genetik etkinin arasındaki kovaryansın sıfırdan farklı olduğu Model 2’de kalıtım derecesi tahmini % 5.26 oranında artış göstermiştir. En düşük  $h^2_d$ ’ye sahip modelin eklemeli genetik etki ile anadan kaynaklı sabit çevre etkisinin dahil olduğu Model 5 olduğu görülmüştür. Buna göre; doğum ağırlığı için, en uygun modelin  $-2\text{Log}L$  ve *AIC* değerine

göre sadece eklemeli genetik etkileri içeren basit birey model (Model 1) olduğu söylenebilir.

Genetik varyansın parçalanmasıyla elde edilen genetik parametreler, koyunlardan ve onların döllerinden sağlanan bilgiler nedeniyle oldukça önemlidir (Aguirre ve ark., 2016). Bu çalışmadaki doğum ağırlığına ait direkt kalıtım derecesi tahmin değeri (0.20), literatürde 0.04 (Maria ve ark., 1993) ile 0.46 (Gizaw ve ark., 2007) arasında değiştiği görülen daha önce yayınlanmış çalışmalarda bildirilen tahmin değerleri arasında yer almaktadır. Ancak, farklı ırklar üzerinde yapılan çalışmalarda bildirilen ve 0.05 ile 0.15 arasında olan değerlerden de yüksektir (Magalhães ve ark., 2013; Boujenane ve ark., 2015; Gholizadeh ve Ghafouri-Kesbi, 2015; Jannoune ve ark., 2015; Mohammadi ve ark., 2015; Hammoud ve Salem, 2017). Hassen ve ark. (2003) ise, saf yetiştirme yapılmış İvesi ırkı kuzular üzerinde yaptıkları çalışmada kullanılan eklemeli genetik etki, maternal etki ve anadan kaynaklı sabit çevre etkisinin dâhil olduğu tek özellikli birey modelinde, direkt kalıtım derecesini daha yüksek (0.39) tahminlemişlerdir.

Eklemeli genetik etki ile maternal etkili genetik etkiler arasındaki kovaryansın sıfırdan farklı olduğu modellerde ise eklemeli-maternal arasındaki kovaryans ise ya negatif ya da oldukça düşüktür (Model 2 ve 6). Birçok araştırmacı, doğum ağırlığı için maternal etkili genetik etkileri düşük olarak tahminlemişlerdir (Zishiri ve ark., 2014; Gholizadeh ve Ghafouri-Kesbi, 2015; Jannoune ve ark., 2015; Koyuncu ve Duru, 2009). Birey modellerde maternal genetik etkilerin önemli olduğu doğum ağırlığı gibi özelliklerin parametre tahminleri modele bağlı olarak değişkenlik göstermiştir. Eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasında Model 2'de genetik korelasyon negatif ve yüksek bulunurken, Model 5'de pozitif sınır değerdedir.

Çizelge 4.2. REML ile tahminlenen doğum ağırlığına ait varyans unsurları ve genetik parametreler

	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4	Model 5	Model 6
(Ko)varyans Unsurları ve Parametreleri	$Y=Xb+Za+e$	$Y=Xb+Za+Wm+e$ (cov(am)≠0)	$Y=Xb+Za+Wm+e$ (cov(am)=0)	$Y=Xb+Za+Wc+e$	$Y=Xb+Za+Wm+Wc+e$ (cov(am)≠0)	$Y=Xb+Za+Wm+Wc+e$ (cov(am)=0)
$\sigma_a^2$	0.07876	0.07388	0.07892	0.05310	0.05830	0.07912
$\sigma_{am}$	-	-0.00012	-	-	0.00076	-
$\sigma_m^2$	-	0.00000	0.00	-	0.00001	0.00004
$\sigma_{pe}^2$	-	-	-	0.125608E-07	0.197727E-02	0.330054E-07
$\sigma_e^2$	0.30955	0.31256	0.30943	0.33060	0.32117	0.30930
$\sigma_p^2$	0.38830	0.38632	0.38835	0.38370	0.38221	0.38846
$h_d^2 (\sigma_a^2 / \sigma_p^2)$	0.20	0.19	0.20	0.14	0.15	0.20
$m^2 (\sigma_m^2 / \sigma_p^2)$	-	0.00	0.00	-	0.00	0.00
$c^2 (\sigma_{pe}^2 / \sigma_p^2)$	-	-	-	0.33E-07	0.52E-02	0.85E-07
$c_{am} (\sigma_{am} / \sigma_p)$	-	-0.000311	-	-	0.001988	-
$r_{am}$	-	-0.95	-	-	1.00	0.00
$h_t^2 = [(\sigma_a^2 + 0.5\sigma_m^2 + 1.5\sigma_{am})] / (\sigma_p^2)$	0.203	0.192	0.203	0.138	0.156	0.204
$e^2$	0.80	0.81	0.80	0.86	0.84	0.80
-2LogL	169.643	169.665	169.643	177.943	178.096	169.692
AIC	<b>183.643</b>	185.665	185.643	193.943	196.096	187.692

$\sigma_a^2$ : Eklemeli genetik varyans;  $\sigma_{am}$ : direkt-maternal arasındaki genetik kovaryans;  $\sigma_m^2$ : maternal etkili genetik varyans;  $\sigma_{pe}^2$ : anadan kaynaklı sabit çevre varyansı;  $\sigma_e^2$ : hata varyansı;  $\sigma_p^2$ : fenotipik varyans;  $h_d^2$ : direkt kalıtım derecesi;  $m^2$ : maternal kalıtım derecesi;  $c^2$ : fenotipik varyasyonda anadan kaynaklı sabit çevre varyansının oranı;  $c_{am}$ : kovaryans oranı;  $r_{am}$ : eklemeli-maternal genetik etki arasında genetik korelasyon;  $h_t$ : toplam kalıtım derecesi;  $e^2$ : fenotipik varyansta çevrenin oranı; **-2LogL**: likelihood değeri; **AIC**: Aikake Bilgi Kriteri.

İvesi ırkı kuzularda süttten kesim ağırlığı için REML prosedürünün uygulandığı tek özellikli birey modelleriyle elde edilen varyans-kovaryans unsurları, genetik parametre değerleri Çizelge 4.3’de belirtildiği gibidir.

Süttten kesim ağırlığı özelliğinde tahmin edilen  $\sigma_a^2$  değeri Model 2 ve 5’te daha düşük iken (sırasıyla; 0.59482 ve 0.62103) diğer modellerde daha yüksek ve birbirine yakın değerler olup (0.94941-1.00672) en yüksek olarak Model 3 ile tahminlenmiştir. Hata varyansı da ( $\sigma_e^2$ ) tersi şekilde Model 2 ve 5’te daha yüksek olup sırasıyla 2.08431 ve 2.45828 olarak hesaplanırken, diğer modellerde birbirine çok yakın değerler olarak tahminlenmiş ve en düşük değeri Model 5 ile (1.85590) bulunmuştur.  $\sigma_p^2$  değeri Model 1, 3 ve 4’de benzer değerler (2.872) olarak hesaplanmış olup, diğer modellerde kısmen daha düşüktür, fakat Model 5 ile (3.10022) en yüksek değer hesaplanmıştır. Benzer şekilde, tahmin edilen eklemeli etkilere ait kalıtım derecesi ( $h_d^2$ ) en düşük olarak Model 2 ve 5 ile tahmin edilmiş olup (sırasıyla; 0.21 ve 0.205), diğer modellerde benzerdir (0.33-0.35).

Süttten kesim ağırlığı için yapılan tüm analizlerde doğum ağırlığı kovaryet olarak alınmış olup, direkt kalıtım derecesi modellere göre 0.20 ile 0.35 arasında değişkenlik göstermiştir. Fenotipik varyansın en yüksek olduğu Model 5, direkt kalıtım derecesinin en düşük değere (0.20) sahip olduğu modeldir. Model 1, 3 ve 4’de fenotipik varyans değerleri birbirine benzer olup, bu modellerle elde edilen direkt kalıtım dereceleri aynı değere sahiptir (0.35). Maternal etkileri içeren tüm modellerde maternal etkili genetik varyansın sıfır ve sıfıra yakın olduğu görülmüştür. Eklemeli genetik etki ile maternal genetik etkinin arasındaki kovaryansın en yüksek olduğu model ise Model 2’dir. Bununla birlikte, en yüksek maternal etkili genetik varyans Model 5’de tahmin edilmiştir. Dolayısıyla maternal kalıtım derecesi de oldukça düşük olup, bu çalışmada en fazla 0.01 değerini almıştır. Model 4, 5 ve 6’da anadan kaynaklı sabit çevre varyans modele dahil edilmiş olup, sıfıra yakın değerlere sahiptir. Bunun bir sonucu olarak, fenotipik varyansta anadan kaynaklı sabit çevre varyansının oranı ( $c^2$ ) çok düşüktür. Toplam kalıtım derecesine ait en yüksek değer Model 2’de görülürken, en düşük değer ise Model 5’de görülmüştür. Genel olarak modellerden elde edilen varyans unsurları ve genetik parametrelere ait tahmin değerleri incelendiğinde Model 1 ve 3 birbirine çok yakındır. *AIC* değerlerine göre modeller kıyaslandığında en iyi modelin doğum ağırlığında olduğu gibi Model 1 olduğu görülmüştür. Elde edilen bu sonuçlara göre, yaş arttıkça (ko)varyans unsurları ve genetik parametre tahminleri artmıştır. Aguirre ve ark. (2016), Magalhães ve ark. (2013), de Oliveira ve ark. (2014) ve Jannoune ve ark. (2015) benzer sonuçlar elde etmişlerdir. Süttten

kesim ağırlığına ait (ko)varyans unsurları ve genetik parametre tahminleri için yapılan birbirinden farklı bu altı modelde, eklemeli genetik etki ile maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyonların 0.00 ile 1.00 arasında değiştiği görülmüştür.

Model direkt-maternal arasındaki genetik kovaryansın sıfırdan farklı olduğu Model 2 ve 5’de, toplam kalıtım derecesinde düşüş görülürken, hata varyansında artış görülmüştür. Aynı zamanda Model 2 ve 5’de eklemeli-maternal genetik etki arasında genetik korelasyon 1.00 olarak tahminlenmesi, direkt etkiler ile maternal etkilerin birbirine karışmasına yol açmıştır. Dolayısı ile bu korelasyonun varlığı, genetik olarak hesaplanması gereken varyansı hataya yaymasından dolayı direkt kalıtım derecesi tahminlerini düşürmüştür.

Okut ve ark.’nın (1999) yaptıkları çalışmada, direkt-maternal genetik korelasyon için -0.99 ile 0.99 arasında değişen değerler elde etmişlerdir. Bununla birlikte, Synman ve ark. (1996) Merinos kuzularında ve Assan ve ark. (2002) Sabi ırkı kuzularda, direkt-maternal genetik korelasyonu 1.00 olarak tahminleyerek, Model 2 ve 5 ile tam uyumlu değerler elde etmişlerdir.

Bu çalışmada, süttten kesim ağırlığının direkt kalıtım derecesi (0.35), Aguirre ve ark. (2016)’nın Santa Ines ırkında (0.20); Hassen ve ark. (2003)’nın İvesi ırkında (0.31); Hammoud ve Salem (2017)’in Barki ırkında (0.012) ve Rahmani ırkında (0.139); Kumar ve ark. (2017)’nin Nellore ırkında (0.03); Mallick ve ark. (2017)’nin Bharat Merino ırkında (0.16) buldukları değerlerden daha yüksektir. El-Awady ve ark. (2011) ise Rahmani ırkında süttten kesim ağırlığının direkt kalıtım derecesini 0.42 olduğunu gözlemleyerek daha yüksek tahminlemişlerdir.

Maternal (analık) etkilerin dahil edildiği modellerde tahminlenen anadan kaynaklanan genetik ve çevresel varyanslar 0 veya sıfıra yakın çıktığından, maternal genetik etkiyi dikkate alan kalıtım derecesi ( $h^2_i$ ) tahminlerini etkilememiş, direkt kalıtım derecesi ( $h^2_d$ ) ile benzer tahminler elde edilmiştir. Model karşılaştırmasında dikkate alınan AIC değerleri en düşük (9900.094) Model 1 ile elde edildiğinden süttten kesim ağırlığına ait parametre tahminleri için bu model önerilmiştir.

Çizelge 4.3. REML ile tahminlenen sütten kesim ağırlığına ait varyans unsurları ve genetik parametreler

	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4	Model 5	Model 6
(Ko)varyans Unsurları ve Parametreleri	$Y=Xb+Za+e$	$Y=Xb+Za+Wm+e$ (cov(am)≠0)	$Y=Xb+Za+Wm+e$ (cov(am)=0)	$Y=Xb+Za+Wc+e$	$Y=Xb+Za+Wm+Wc+e$ (cov(am)≠0)	$Y=Xb+Za+Wm+Wc+e$ (cov(am)=0)
$\sigma_a^2$	1.00602	0.59482	1.00672	1.00557	0.62103	0.94941
$\sigma_{am}$	-	0.09565	-	-	0.02024	0.00000
$\sigma_m^2$	-	0.01538	0.00000	-	0.00066	0.03957
$\sigma_{pe}^2$	-	-	-	0.310170E-07	0.447393E-07	0.105650E-06
$\sigma_e^2$	1.86662	2.08431	1.86625	1.86679	2.45828	1.85590
$\sigma_p^2$	2.87264	2.79016	2.87297	2.87237	3.10022	2.84488
$h_d^2 (\sigma_a^2 / \sigma_p^2)$	0.35	0.21	0.35	0.35	0.20	0.33
$m^2 (\sigma_m^2 / \sigma_p^2)$	-	0.01	0.00	-	0.00	0.01
$c^2 (\sigma_{pe}^2 / \sigma_p^2)$	-	-	-	0.11E-07	0.14E-07	0.37E-07
$c_{am} (\sigma_{am} / \sigma_p)$	-	-	-	-	-	-
$r_{am}$	-	1.00	-	-	1.00	0.00
$h_t^2 = [(\sigma_a^2 + 0.5\sigma_m^2 + 1.5\sigma_{am})] / (\sigma_p^2)$	0.35	0.28	0.35	0.35	0.21	0.33
$e^2$	0.65	0.75	0.65	0.65	0.79	0.65
-2LogL	9886.094	9959.226	9886.094	9886.094	9957.959	9893.875
AIC	<b>9900.094</b>	9975.226	9902.094	9902.094	9975.959	9911.875

$\sigma_a^2$ : Ekllemeli genetik varyans;  $\sigma_{am}$ : direkt-maternal arasındaki genetik kovaryans;  $\sigma_m^2$ : maternal etkili genetik varyans;  $\sigma_{pe}^2$ : anadan kaynaklı sabit çevre varyansı;  $\sigma_e^2$ : hata varyansı;  $\sigma_p^2$ : fenotipik varyans;  $h_d^2$ : direkt kalıtım derecesi;  $m^2$ : maternal kalıtım derecesi;  $c^2$ : fenotipik varyasyonda anadan kaynaklı sabit çevre varyansının oranı;  $c_{am}$ : kovaryans oranı;  $r_{am}$ : ekllemeli-maternal genetik etki arasında genetik korelasyon;  $h_t$ : toplam kalıtım derecesi;  $e^2$ : fenotipik varyansta çevrenin oranı; **-2LogL**: likelihood değeri; **AIC**: Aikake Bilgi Kriteri.

Doğum ile süttten kesim dönemi arasındaki günlük canlı ağırlık artışı, koyun yetiştiriciliğinde önemli bir faktör olup, bir seleksiyon kriteri olarak seleksiyon indeksine dâhil edilebilir. İvesi ırkı kuzularda doğum ile süttten kesim dönemi arasındaki günlük canlı ağırlık artışı için REML prosedürü farklı modellerle uygulanarak elde edilen varyans-kovaryans unsurları, genetik parametre değerleri Çizelge 4.4’de belirtildiği gibidir.

Günlük canlı ağırlık artışının varyans-kovaryans unsurlarının ve genetik parametre tahminleri için yapılan altı farklı modelde süttten kesim ağırlığında olduğu gibi doğum ağırlığı kovaryet olarak alınmıştır. Günlük canlı ağırlık artışı özelliğine ait  $\sigma_a^2$  değeri Model 1’de en yüksek olarak (0.00028) tahminlenirken, Model 4’de en düşük değer (0.00010) tahminlenmiştir. Bununla birlikte, diğer modellerde aynı değer (0.00027) tahminlenmiştir. Hata varyansı da ( $\sigma_e^2$ ) Model 2 ve 4’te daha yüksek olup sırasıyla; 0.00053 ve 0.00061 olarak tahminlenirken, diğer modellerde aynı değer (0.00052) tahminlenmiştir.  $\sigma_p^2$  değeri Model 2’de en yüksek (0.00082) tahminlenmiş olup, Model 4’de en düşük (0.00072) tahminlenmiştir. Model 1, 3, 5 ve 6’da ise benzerdir (0.00080). Benzer şekilde, tahmin edilen eklemeli etkilere ait kalıtım derecesi ( $h_d^2$ ) en düşük olarak Model 4 ile tahmin edilmiş olup (0.14) diğer modellerde benzerdir (0.33-0.35).

Maternal (analık) etkilerin dahil edildiği modellerde tahminlenen anadan kaynaklanan genetik ve çevresel varyanslar 0 veya sıfıra yakın çıktığından, maternal genetik etkiyi dikkate alan kalıtım derecesi ( $h_t^2$ ) tahminlerini etkilememiş, direkt kalıtım derecesi ( $h_d^2$ ) ile benzer tahminler elde edilmiştir. Model karşılaştırmasında dikkate alınan *AIC* değerleri en düşük (-30706.588) Model 1 ile elde edildiğinden günlük canlı ağırlık artışının ait parametre tahminleri için bu model önerilmiştir.

Çizelge 4.4. REML ile tahminlenen günlük canlı ağırlık artışına ait varyans unsurları ve genetik parametreler

	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4	Model 5	Model 6
(Ko)varyans Unsurları ve Parametreleri	Y=Xb+Za+e	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)=0)	Y=Xb+Za+Zc+e	Y=Xb+Za+Wm+Wc +e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+Wc+e (cov(am)=0)
$\sigma_a^2$	0.00028	0.00027	0.00028	0.00010	0.00027	0.00027
$\sigma_{am}$	-	0.00001	0	-	0.00000	-
$\sigma_m^2$	-	0.00000	0.00000	-	0.00000	0.00000
$\sigma_{pe}^2$	-	-	-	0.100159E-07	0.100765E-07	0.673730E-05
$\sigma_e^2$	0.00052	0.00053	0.00052	0.00061	0.00052	0.00052
$\sigma_p^2$	0.00080	0.00082	0.00080	0.00072	0.00080	0.00080
$h_d^2(\sigma_a^2 / \sigma_p^2)$	0.35	0.33	0.35	0.14	0.34	0.33
$m^2(\sigma_m^2 / \sigma_p^2)$	-	0.00	0.00	-	0.01	0.00
$c^2(\sigma_{pe}^2 / \sigma_p^2)$	-	-	-	0.14E-04	0.13E-04	0.85E-02
$c_{am}(\sigma_{am} / \sigma_p)$	-	-	-	-	-	-
$r_{am}$	-	0.99	0	-	0.00	0
$h_t^2 = [(\sigma_a^2 + 0.5\sigma_m^2 + 1.5\sigma_{am})] / (\sigma_p^2)$	-	0.35	0.35	-	0.34	-
$e^2$	0.65	0.65	0.65	0.86	0.65	0.66
-2LogL	<b>-30706.588</b>	-30686.694	-30706.581	-30613.544	-30704.024	-30698.224
AIC	<b>-30692.59</b>	-30670.69	-30690.58	-30597.54	-30686.02	-30680.22

$\sigma_a^2$ : Eklemeli genetik varyans;  $\sigma_{am}$ : direkt-maternal arasındaki genetik kovaryans;  $\sigma_m^2$ : maternal etkili genetik varyans;  $\sigma_{pe}^2$ : anadan kaynaklı sabit çevre varyansı;  $\sigma_e^2$ : hata varyansı;  $\sigma_p^2$ : fenotipik varyans;  $h_d^2$ : direkt kalıtım derecesi;  $m^2$ : maternal kalıtım derecesi;  $c^2$ : fenotipik varyasyonda anadan kaynaklı sabit çevre varyansının oranı;  $c_{am}$ : kovaryans oranı;  $r_{am}$ : eklemeli-maternal genetik etki arasında genetik korelasyon;  $h_t$ : toplam kalıtım derecesi;  $e^2$ : fenotipik varyansta çevrenin oranı; **-2LogL**: likelihood değeri; **AIC**: Aikaie Bilgi Kriteri.

Maternal genetik varyans, anadan kaynaklı sabit çevre varyansı ve bunlara ait kalıtım derecelerinin düşüklüğü, bu özelliklerle yapılacak bir seleksiyonda ihmal edilebilir bir durumu ortaya çıkartmaktadır.

Bu tez çalışmasında günlük canlı ağırlık artışı (GCAA) için tahmin edilen direkt kalıtım derecesi (0.35), yüksek dereceli bir kalıtım derecesidir. GCAA için direkt kalıtım derecesini Gowane ve ark. (2015) Malpura ırkında 0.43; Aguirre ve ark. (2016) Santa Ines ırkında 0.38 olduğunu bildirerek benzer sonuçlar elde etmişlerdir. Mohammadi ve ark. (2015), Lori ırkında oldukça düşük kalıtım derecesi tahmini (0.00) elde ederken, bunun nedeninin çevre etkilerinden kaynaklanabileceğini bildirmişlerdir. Direkt kalıtım derecesi tahminini Gholizadeh ve Ghafouri-Kesbi (2017), Baluchi ırkında (0.03); Kumar ve ark. (2018), Nellore ırkında (0.20); Ghafouri-Kesbi (2013), yağlı kuyruklu Mehraban ırkında (0.10) daha düşük tahminler elde etmişlerdir.

#### **4.2.2. Bayeşçi yaklaşımı Gibbs örnekleme ile elde edilen sonuçlar**

Gibbs örnekleme ile altı farklı birey modeli kullanılarak doğum ağırlığına ait (ko)varyans unsurları ve genetik parametre tahminleri sonuçları Çizelge 4.5’de belirtildiği gibidir.

Model karşılaştırması yapılabilmesi için Deviance Bilgi Kriteri (*DIC*) değerleri çizelge 4.5’de belirtilmiştir. En küçük *DIC* değerine sahip olan model en iyi modeldir (Hadfield, 2010). Buna göre, doğum ağırlığına ait (ko)varyans unsurları ve genetik parametre tahminleri için uygulanan farklı modellerde, Klasik (Frekansçı, Berkeley) yaklaşımda REML metoduyla elde edilen sonuçlarda olduğu gibi, Bayeşçi yaklaşımda Gibbs örnekleme yöntemiyle de Model 1’in (basit modelin) en iyi model olduğu görülmektedir.

Gibbs örnekleme yöntemi ile direkt kalıtım derecesi, maternal kalıtım derecesi ve anadan kaynaklı sabit etkilere ait kalıtım derecesi tahminlerinin % 95 güvenle sonsal dağılımlarına ait güven aralıkları da Çizelge 4.5’de belirtilmiştir.

Hossein Zadeh ve Ardalan (2010), HD<sub>p</sub> güven aralığı sıfır değerini içeriyorsa, söz konusu parametrelerin önemsiz olduğunu belirtmiştir. Buna göre, doğum ağırlığının eklemeli direkt kalıtım derecesine ait güven aralıkları değerleri bütün modellerde sıfırın üzerindedir. Elde edilen bu sonuçlara göre, eklemeli genetik etkiler oldukça önemli parametreler olup, seleksiyonda etkili parametrelerdir. Eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesi tahmini en düşük Model 6’da görülürken, en yüksek Model 1’de görülmüştür. Maternal etkilere ve anadan gelen sabit çevre etkisine ait kalıtım derecesi tahminleri bütün

modellerde oldukça düşüktür. Bununla birlikte, bu etkilere ait güven aralıkları ( $HD_p$  (m)) sıfır olarak kabul edilebilir düzeyde olup oldukça düşüktür.

Sütten kesim ağırlığı (SKA) için yapılan uygulamalarda REML metodunda olduğu gibi Gibbs örneklemesinde de doğum ağırlığı kovaryet olarak alınmıştır. Buna göre; Çizelge 4.6'da belirtilen altı farklı modelde, sütten kesim ağırlığının eklemeli genetik etkilerine ait kalıtım derecesi tahminleri incelendiğinde, en yüksek kalıtım derecesi tahmini Model 5'de görülürken, diğer modellerden benzer sonuçlar elde edilmiştir. Eklemeli genetik etkilere ait güven aralıkları ise bütün modellerde sıfırın üzerinde olup, eklemeli genetik etkilerin seleksiyonda önemli bir kriter olabileceğini desteklemiştir. Sütten kesim ağırlığına ait maternal kalıtım derecesi tahminleri incelendiğinde ise düşük tahmin değerleri elde edilirken, en düşük tahmin Model 2'de görülmüştür. Hem anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait kalıtım derecesi tahminleri, hem de bu etkilere ait güven aralıkları tüm modellerde oldukça düşük olup, seleksiyonda ihmal edilebilir kanısını ortaya çıkartmıştır. SKA için eklemeli genetik etki ile maternal etki arasındaki genetik korelasyonlar Model 2 ve 5'de negatif olup oldukça düşüktür. Bu durum, eklemeli genetik etki ile maternal etki arasında zıt bir ilişkinin göstergesidir. Gibbs örneklemesinde model karşılaştırma kriteri olarak kullanılan *DIC* değerlerine göre, Model 2'nin en iyi model olduğu görülürken, Model 1'den elde edilen sonuçlar Model 1'e oldukça yakındır. Model 2, maternal etkiye ait kalıtım derecesinin sıfır olarak kabul edilebilir düzeyde olması ve Model 1'in daha az parametre ile benzer sonuçlar göstermesi, Model 1'in en iyi model olabileceği düşüncesini ortaya çıkartmaktadır.

Günlük canlı ağırlık artışına ait varyans-kovaryans unsurları ve genetik parametre tahminleri sonuçları Çizelge 4.7'de belirtilmiştir. Doğum ağırlığının kovaryet olarak alındığı modellerde, eklemeli genetik etkilere ait kalıtım derecesinin modu 0.240 ile 0.369 arasında değişmiş ve en düşük tahminler Model 2 ve 5'den elde edilmiştir. Maternal etkilerin dahil olduğu Model 2, 3, 5 ve 6'da sadece Model 2'de maternal etkilere ait kalıtım derecesinin güven aralığı ( $HD_p$ ) sıfır değerini içerirken, diğer modellerde  $HD_p$  güven aralıkları sıfırın üzerindedir. Dolayısıyla, bu modellerde söz konusu özelliğin seleksiyonda etkili olabileceği düşünülebilir. Anadan kaynaklı sabit çevreye ait kalıtım derecesi tahminlerinin dâhil olduğu Model 4, 5 ve 6'da, söz konusu en yüksek tahmin Model 6'da görülmüştür.

Eklemeli genetik-maternal arası genetik korelasyonlar düşük ve negatiftir. Deviance Bilgi Kriteri (*DIC*) değerleri bakımından modeller arası kıyaslama yapıldığında, en küçük *DIC* değeri Model 2'de görülmesine rağmen, sütten kesim öncesi maternal etkilerin

seleksiyonda dikkate alınması gerekliliđi düřüldüđünde, Model 6 en iyi model olarak tercih edilebilir. Model 6, bununla birlikte en düřük ikinci *DIC* deđerine sahiptir ve eklemeli genetik etkilere ait kalıtım derecesi daha yüksek tahminleyen modeldir.



Çizelge 4.5. Doğum Ağırlığı için MCMC sonuçları

	<b>Model 1</b>	<b>Model 2</b>	<b>Model 3</b>	<b>Model 4</b>	<b>Model 5</b>	<b>Model 6</b>
	Y=Xb+Za+e	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)=0)	Y=Xb+Za+Wc+e	Y=Xb+Za+Wm+Wc+e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+Wc+e (cov(am)=0)
$h^2_a$ Posterior mod	0.202	0.200	0.197	0.195	0.199	0.190
$h^2_a$ Posterior ortalama	0.203	0.202	0.198	0.199	0.202	0.191
HD_p (a)	0.158-0.252	0.154-0.252	0.149 - 0.248	0.151 - 0.247	0.155 - 0.252	0.145 - 0.239
$h^2_m$ Posterior mod	-	3.023448e-05	0.013	-	3.228061e-05	0.010
$h^2_m$ Posterior ortalama	-	0.001	0.014	-	0.000	0.012
HD_p (m)	-	8.20044e-15-0.004	0.006 - 0.024	-	4.233888e-15 - 0.003	0.005 - 0.02
$h^2_{per}$ Posterior mod		-	-	0.012	3.100097e-05	0.010
$h^2_{per}$ Posterior ortalama	-	-	-	0.014	0.0008	0.012
HD_p (per)	-	-	-	0.006 - 0.023	4.233888e-15 - 0.003	0.005 - 0.02
$r_{am}$ mod	-	-5.09258e-06	-	-	-3.988059e-06	-
$r_{am}$ ortalama		-0.00032704	-	-	-0.00042	-
$\sigma_{am}$	-	-1.687299e-07	-	-	-1.455742e-07	-
DIC	<b>9090.386</b>	9091.074	9097.424	9096.707	9091.934	9101.693

$h^2_a$  Posterior mod: eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_a$  Posterior ortalama: eklemeli genetik etkiye (additive genetic effects) ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (a): eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı;  $h^2_m$  Posterior mod: anasal (maternal) etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_m$  Posterior ortalama: maternal (anasal) etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (m): maternal (anasal) etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı;  $h^2_{per}$  Posterior mod: anadan gelen sabit çevre (maternal permanent environment effects) etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_{per}$  Posterior ortalama: anadan gelen kalıcı çevre etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (per): anadan gelen kalıcı çevre etkisine ait kalıtım derecesinin güven aralığını;  $\sigma_{am}$ : eklemeli genetik etki ile maternal etki arasındaki kovaryans;  $r_{am}$ : eklemeli genetik etki ile maternal etki arasındaki genetik korelasyon ve DIC: Deviance bilgi kriterini (Deviance Information Criterion) ifade etmektedir.

Çizelge 4.6. Sütten Kesim Ağırlığı için MCMC sonuçları

	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4	Model 5	Model 6
	Y=Xb+Za+e	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)=0)	Y=Xb+Za+Wc+e	Y=Xb+Za+Wm+Wc+e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+Wc+e (cov(am)=0)
$h^2_a$ Posterior mod	0.351	0.345	0.340	0.354	0.381	0.347
$h^2_a$ Posterior ortalama	0.356	0.350	0.342	0.351	0.3850	0.346
HD_p (a)	0.292 - 0.418	0.296 - 0.406	0.281 - 0.404	0.290 - 0.413	0.320 - 0.451	0.283 - 0.408
$h^2_m$ Posterior mod	-	2.558766e-05	0.024	-	0.001	0.022
$h^2_m$ Posterior ortalama	-	0.000	0.026	-	0.003	0.024
HD_p (m)	-	1.254884e-15 - 0.002	0.017- 0.037	-	0.000 - 0.006	0.015 - 0.034
$h^2_{per}$ Posterior mod	-	-	-	0.025	0.001	0.022
$h^2_{per}$ Posterior ortalama	-	-	-	0.027	0.003	0.024
HD_p (per)	-	-	-	0.017- 0.038	0.000 - 0.006	0.015- 0.033
$r_{am}$ mod	-	-2.352188e-06	-	-	-0.0003236939	-
$r_{am}$ ortalama	-	-0.0003	-	-	-0.0003454861	-
$\sigma_{am}$	-	-7.013374e-07	-	-	-2.976417e-05	-
DIC	<b>19467.15</b>	18596.5	19483.81	19484.13	19444.58	19502.74

$h^2_a$  Posterior mod: eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_a$  Posterior ortalama: eklemeli genetik etkiye (additive genetic effects) ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (a): eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı;  $h^2_m$  Posterior mod: anasal (maternal) etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_m$  Posterior ortalama: maternal (anasal) etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (m): maternal (anasal) etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı;  $h^2_{per}$  Posterior mod: anadan gelen sabit çevre (maternal permanent environment effects) etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_{per}$  Posterior ortalama: anadan gelen kalıcı çevre etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (per): anadan gelen kalıcı çevre etkisine ait kalıtım derecesinin güven aralığını;  $\sigma_{am}$ : eklemeli genetik etki ile maternal etki arasındaki kovaryans;  $r_{am}$ : eklemeli genetik etki ile maternal etki arasındaki genetik korelasyon ve DIC: Deviance bilgi kriterini (Deviance Information Criterion) ifade etmektedir.

Çizelge 4.7. Günlük canlı ağırlık artışı için MCMC sonuçları

	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4	Model 5	Model 6
	Y=Xb+Za+e	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+e (cov(am)=0)	Y=Xb+Za+Wc+e	Y=Xb+Za+Wm+Wc+e (cov(am)≠0)	Y=Xb+Za+Wm+Wc+e (cov(am)=0)
$h^2_a$ Posterior mod	0.355	0.240	0.250	0.369	0.240	0.303
$h^2_a$ Posterior ortalama	0.355	0.245	0.250	0.372	0.242	0.304
HD_p (a)	0.322-0.389	0.203-0.289	0.217-0.282	0.309-0.437	0.209-0.275	0.265- 0.343
$h^2_m$ Posterior mod	-	0,000006226407	0.176	-	0.112	0.121
$h^2_m$ Posterior ortalama	-	0.001016438	0.174	-	0.114	0.121
HD_p (m)	-	0.000-0.004	0.156-0.192	-	0.100-0.128	0.105- 0.138
$h^2_{per}$ Posterior mod	-	-	-	0.024	0.112	0.122
$h^2_{per}$ Posterior ortalama	-	-	-	0.026	0.114	0.122
HD_p (per)	-	-	-	0.016- 0.035	0.100-0.128	0.105-0.138
$r_{am}$ mod	-	-5.079407e-09	-	-	-1.398328e-08	-
$r_{am}$ ortalama	-	-2.694405e-07	-	-	-1.403632e-08	-
$\sigma_{am}$	-	-3.575146e-13	-	-	-2.633696e-12	-
DIC	<b>-21187.81</b>	-20717.72	-21230.89	-21679.57	-21890.51	-21143.86

$h^2_a$  Posterior mod: eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_a$  Posterior ortalama: eklemeli genetik etkiye (additive genetic effects) ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (a): eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı;  $h^2_m$  Posterior mod: anasal (maternal) etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_m$  Posterior ortalama: maternal (anasal) etkiye ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (m): maternal (anasal) etkiye ait kalıtım derecesinin güven aralığı;  $h^2_{per}$  Posterior mod: anadan gelen sabit çevre (maternal permanent environment effects) etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal modu;  $h^2_{per}$  Posterior ortalama: anadan gelen kalıcı çevre etkisine ait kalıtım derecesinin sonsal ortalaması; HD\_p (per): anadan gelen kalıcı çevre etkisine ait kalıtım derecesinin güven aralığını ve  $\sigma_{am}$ : eklemeli genetik etki ile maternal etki arasındaki kovaryans;  $r_{am}$ : eklemeli genetik etki ile maternal etki arasındaki genetik korelasyon ve DIC: Deviance bilgi kriterini (Deviance Information Criterion) ifade etmektedir.

Gibbs örnekleme ile yapılan analiz sonuçlarında, GCAA için yapılan modellerde maternal etkilere ait kalıtım derecesi tahminleri DA ve SKA'na ait maternal kalıtım derecesi tahminlerinden daha yüksektir. Bu sonuçlar, günlük canlı ağırlık artışı üzerine ana etkisinin doğum ve sütten kesim ağırlığına göre daha fazla olduğunu göstermiştir.

Her bir modele ait tüm parametrelerin iz ve kalıtım derecelerine ait sonsal dağılımlarının yoğunluk grafikleri ekte belirtilmiştir. İterasyonlarda yakınsama kontrolünün değerlendirilmesinde kullanılan iz ve history grafikleri, yakınsama için uygun iterasyon sayısı, başlangıç değerlerinin belirlenmesi, burn-in periyodunun sayısının ayarlanması sürecinde büyük kolaylık sağladıklarından, yakınsamanın takibinde iz grafiklerinin önemli bir rolü vardır (Ntzoufras, 2011).

Bu tez çalışmasının materyalini oluşturan Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı alt projelerine ait İvesi ırkı koyunlara ait verim kayıtlarında, pedigrîye dâhil olan hayvanların (6561) % 8.84'ü daha önce kuzu olarak kaydı olan analardır (580 ana). Akrabalı yetişen hayvan sayısı 107'dir ve dolayısıyla tüm popülasyonda akrabalık yok denilebilecek kadar azdır (0.00328). Akrabalığın bu denli az olması, daha önce kuzu olarak kaydı olan anaların tüm populasyon içindeki oranının oldukça düşük olması, ana başına düşen yavru kaydı sayısının da az olması varyans-kovaryans unsurlarını ve genetik parametre tahminlerini doğrudan etkilemiştir. Bu veri yapısıyla hem farklı modellerde hem de farklı yöntemlerden (REML ve MCMC) elde edilen sonuçlar, maternal etkiye ait genetik varyansın çok az olduğunu göstermiştir. Bunun bir sonucu olarak da maternal genetik etkiye kalıtım derecesi tahminleri de çok düşüktür. Aynı durum maternal etkiden kaynaklı sabit çevre varyansı için de geçerlidir. Dolayısıyla, bu çalışmada analık etkilerinin varyansın önemli bir parçası olmadığı, ya da en azından kullanılan veri yapısının İvesi ırkı kuzularda maternal etkinin hesaplanabilmesi için uygun olmadığı kanısına varılmıştır.

Maternal etkinin ortaya çıkartılmasını amaçlayan ve simülasyonla elde edilen verilerin kullanıldığı çalışmalarda, varyans-kovaryans unsurları ve genetik parametre tahminlerinde veri yapısının önemli olduğu vurgulanmıştır (örneğin Baker, 1980; Gerstmayr, 1992; Meyer, 1992). Gerstmayr (1992), simülasyonla elde ettiği veri setinde maternal etkilerin değişimini incelemiştir ve maternal etkilerin ana başına düşen yavru sayısına, verim kayıtları olan ana sayısına, generasyon sayısına bağlı olduğunu bildirmiştir. Söz konusu bildirişte, eğer daha önce kuzu olarak kaydı olan analar olmazsa, genetik kovaryansın sadece bireyler arasındaki ilişkiler kullanılarak tahmin edilebileceğini ve ana başına düşen yavru kaydı sayısı arttıkça maternal kalıtım derecesinin arttığını belirtilmiştir.

Bu tez çalışmasında maternal etkinin çok düşük çıkması, daha önce kuzu olarak kaydı olan anaların az olması ve ana başına düşen yavru kaydı sayısının az olmasına bağlı olarak, Gerstmayr (1992)'nin ulaştığı yargı ile örtüşmektedir.

Maniatis ve Pollott (2003), maternal etkilerin tahminlenmesinde pedigree bilgisinin önemli bir rolü olduğunu vurgulamış, daha önce kuzu olarak kaydı olan anaların pedigreede yüksek oranda bulunmasının esas olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacılar, maternal genetik unsurlar ile anadan kaynaklı sabit çevre varyansının birbirinden ayrılmasının, tekrarlı verim kayıtlarının varlığına bağlı olduğunu belirtmişlerdir. Bu yüzden, verim kayıtlarındaki generasyonlar arasındaki yakın ilişkilerde ve anadan kaynaklı akrabalık ilişkileri maternal etkinin tahminlenmesi için gereklidir. Bu tez çalışmasında akrabalık ilişkilerinin düşük olması, söz konusu Maniatis ve Pollott (2003)'in vurguladıkları sonuçlar ile uyumludur.

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Türkiye’de küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinde seleksiyon daha çok dış görünüşe göre yapılmaktadır. Buna ek olarak hayvanın kendisine ait veriminin de dikkate alındığı söylenebilir. Ancak, uygulanacak ıslah stratejisindeki seleksiyonun başarısında önemli olan, üzerinde durulan özelliğe ait genetik varyasyonun bilinmesi ve buna göre seleksiyonun yapılmasıdır.

Bu çalışmada, İvesi ırkı kuzularda erken dönem büyüme özelliklerinden olan doğum ağırlığı (DA), sütten kesim ağırlığı (SKA) ve doğum ile sütten kesim dönemi arasındaki günlük canlı ağırlık artışının (GCAA) karışık etkili birey modelleri ile varyans unsurları ve genetik parametre tahminleri yapmak amaçlanmıştır. Bu amaçla, maternal etkinin, anadan kaynaklı sabit çevre etkisinin birey modelinde dâhil olup olmamasına göre altı farklı birey modeli kullanılmıştır. Aynı zamanda, varyans unsurları ve genetik parametre tahminlemesi için uygulanan altı farklı birey modeli, hem klasik yöntemlerden REML, hem de Bayesçi yaklaşımlardan MCMC yöntemi ile yapılmıştır. Dolayısıyla, model karşılaştırmasının yanında bir de yöntem karşılaştırması yapılmıştır. Böylelikle, büyüme özelliklerinde optimum genetik ilerlemenin varlığını araştırmak hedeflenmiştir.

Elde edilen sonuçlara göre; hem REML yöntemi hem de MCMC ile yapılan altı farklı birey modeli kullanılarak yapılan analizlerde “Model 1” olarak isimlendirilen sadece eklemeli genetik etkilerin olduğu birey modeli bu tez çalışmasında kullanılan veri seti için en uygun modeldir. Model 1’den elde edilen genetik parametre tahminleri sonucu, özellikle eklemeli genetik etkiye ait kalıtım derecesi ( $h^2_d$ -direkt kalıtım derecesi), diğer birey modellerinden elde edilen sonuçlar ile model karşılaştırma kriterleri de göz önüne alınarak mukayese edildiğinde, benzer sonuçların olduğu durumlar olmuştur. Benzer sonuçların görüldüğü durumlarda, modelde daha az varyans unsuru ile aynı sonuçlar alınıyorsa, en sade model tercih edilmiştir. Dolayısıyla, böyle bir durumda Model 1 en uygun model olarak kabul edilmiştir.

Model 1 (Basit birey modeli,  $Y=Xb+Za+e$ ) ile hem REML yöntemi hem de MCMC yöntemiyle üzerinde durulan özelliğe ait kalıtım dereceleri tahminlerinden elde edilen sonuçlar aynıdır. Buna göre, doğum ağırlığı orta düzeyde bir kalıtım derecesine (0.20) sahiptir. Sütten kesim ağırlığına ait kalıtım derecesi ile doğum ile sütten kesim dönemi arasındaki günlük canlı ağırlık artışına ait kalıtım derecesi tahminleri benzer ve yüksek düzeydedir. Her iki özelliğe ait kalıtım derecesi 0.35 olarak bulunmuştur.

Sonuç olarak; bu tez çalışmasında Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesinin alt projelerine ait İvesi ırkı kuzulara ait verim kayıtlarının farklı işletmelerden derlenerek elde edilen veri setinde maternal etkinin olmadığı açıkça ortaya konmuştur. Çünkü, her bir işletmeden alınan kayıtlar farklıdır. Sütten kesim öncesindeki dönemde seleksiyonda önemli bir kriter olan maternal etki, aynı işletmeden elde edilen geniş kapsamlı veri setlerinde daha anlamlı olarak ortaya çıkmaktadır. Literatür araştırmasından çıkarsanan bilgilere göre, uygulamada kullanılan veri setleri aynı araştırma istasyonundan elde edilen çok yıllık verilerdir. Nitekim, farklı işletmelerden elde edilmiş olan veri setinde böyle bir durumun ortaya çıkması mümkündür. Ancak, bu tez çalışmasının birincil amacı; büyüme özellikleri üzerine seleksiyon yapmak değil, farklı işletmelerde halk elinde yetiştirilen İvesi ırkı kuzuların genetik yapısını varyans-kovaryans unsurları bakımından farklı yaklaşım ve modellerle irdelenerek, bu şekilde elde edilmiş veri setlerinin seleksiyonda kullanılabilirliğini incelemektir.

Bayes yaklaşımıyla yapılan modellerden elde edilen sonuçlar klasik (Berkeley, frekansçı) yaklaşımla yapılan modellerin sonuçları ile uyumludur. Bu bakımdan popülaritesi artan ve birçok avantaja sahip olan Bayes yaklaşımı ile varyans-kovaryans unsurları ve genetik parametre tahminleri yapmak daha pratik olabilir.

Halk elinde hayvan ıslahı projelerine dahil olan elit sürülere ait kayıtlar üzerinde genetik parametre tahminleri yapılacaksa elit sürüler en az 2 generasyon daha yetiştirilip daha sonra diğer yetiştiricilere dağıtılmasıyla akrabalığın artması sağlanabilir. Böylelikle, sadece eklemeli genetik etki değil, aynı zamanda diğer varyans unsurları da değerlendirilebilecektir.

Türkiye’de küçükbaş hayvancılık yapan işletmeler daha çok küçük aile işletmeleri olup, çoğunlukla kendi sürüsünü yöneten ve geleneksel üretim anlayışına sahip işletmelerdir. Bu işletmeler desteklenip geliştirilerek ve optimum işletme ölçeğine ulaştırılarak gelir düzeylerinin artırılması sağlanmalıdır. Bu sayede öncelikle elit sürülerin sayısı artırılabilir. Ancak, tüm bu çalışmalar uygulanan hayvancılık politikalarına da bağlıdır.

Aynı zamanda, Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesine dahil olan işletmelerin projede tutulması bu bakımdan önemlidir. Uygulanan çeşitli hayvancılık destekleme politikaları (çobanlık eğitimi, yetiştiricilere koyun temini) elit sürülerin sayısının artırılmasında etkili faktörlerdir. Islah programına katılan yetiştiricilere ve

birliklere destekler sağlanmalıdır. Bu aşamalardan sonra elit sürülerde generasyon sayısını artırmak, varyans unsurları ve genetik parametre tahminlerinde daha anlamlı sonuçların ortaya çıkmasını sağlayabilir. Bununla birlikte, farklı işletmelerden elde edilen verim kayıtlarından oluşan veri setleri üzerinde parametre tahmini yapılacaksa, sözkonusu işletmelerde en az 250-300 anaçtan fazla hayvan tutulmalıdır. Birey sayısı çok olan işletmelerin çok yıllık veri setleri tahminlemenin gücünü artırabilir.

Ayrıca, tutulan kayıtların ne şekilde tutulduğu bir diğer önemli etkidir. Küçükbaş hayvancılıkta bilgi yetersizliği oldukça fazladır. Dolayısıyla, hayvanların kimliklendirilmesi ve verim kayıtlarının tutulmasında yetiştiriciler için uygun tanımlama araçlarının kullanımına yönelik çeşitli eğitim faaliyetleri yapılmalıdır. Bu araçların kullanımının yaygınlaştırılmasıyla yetiştiricilerin tuttıkları kayıtlar daha sağlıklı olabilir. Böylelikle, hayvanların takibi kolaylaşarak daha üstün nitelikli hayvanların sayısı artırılabilir.

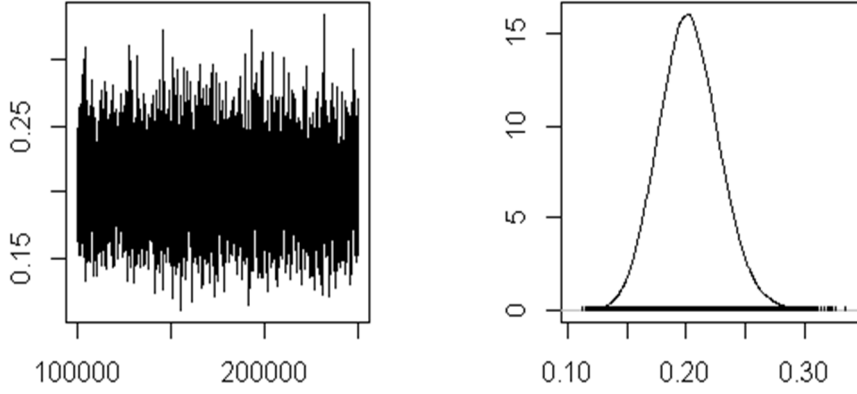
Tüm bu çalışmalar, halk elinde ıslah projelerinin sağlıklı bir şekilde uygulanabilmesi ve sürdürülebilmesi için oldukça önemlidir. Bunun sonucu olarak, varyans unsurları en doğru şekilde tahminlenebilir ve yapılacak olan seleksiyon faaliyetlerinin başarısı artırılabilir.

## 6. EKLER

### 6.1. MCMC ile Tahminlenen Genetik Parametrelerin İz Grafikleri ve Sonsal Dağılımları

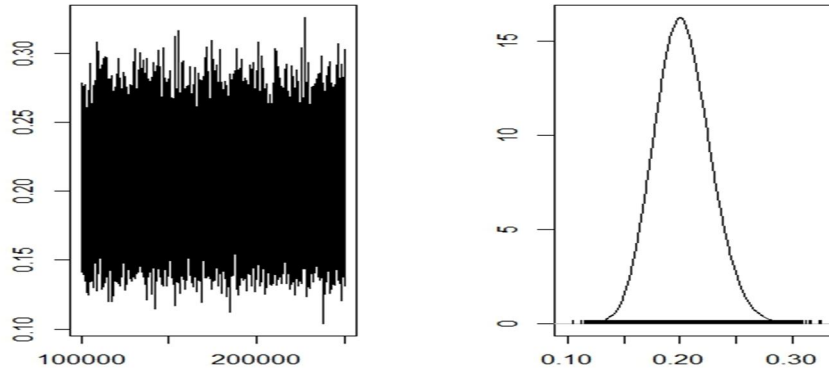
#### 6.1.1. Doğum ağırlığı

Model 1 ( $Y=Xb+Za+e$ )

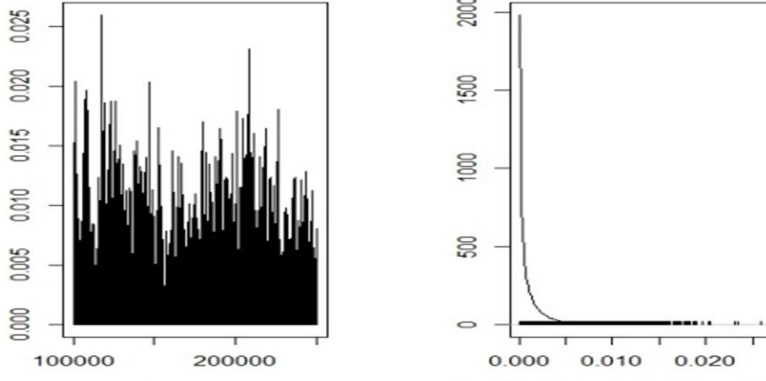


Şekil 1. DA Model 1 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

Model 2 ( $Y=Xb+Za+Zm+e$      $Cov(a,m) = A\sigma_{am}$ )

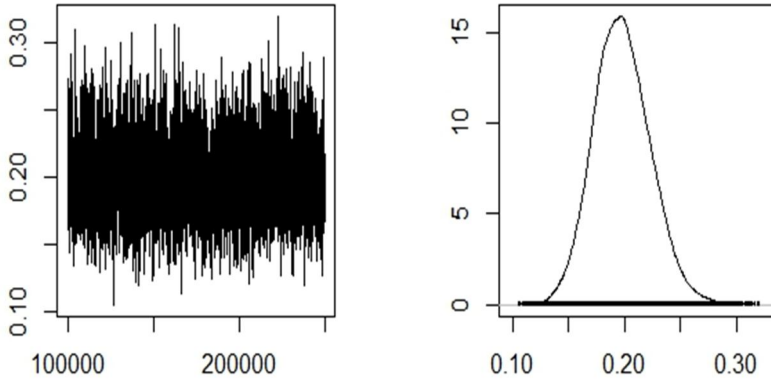


Şekil 2. DA Model 2 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

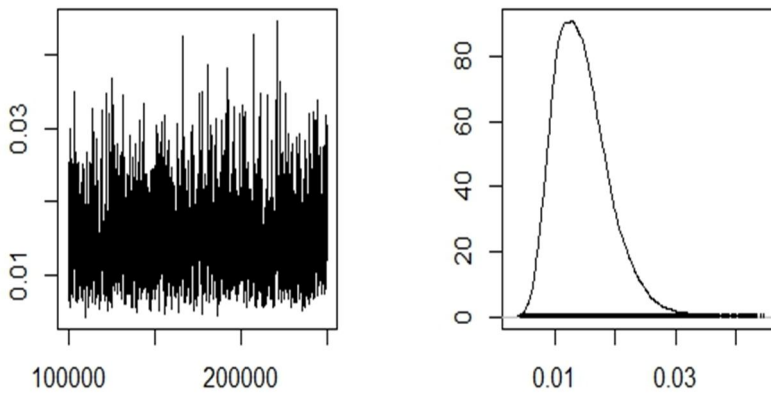


Şekil 3. DA Model 2 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 3** ( $Y=Xb+Za+Zm+e$   $Cov(a,m)=0$ )

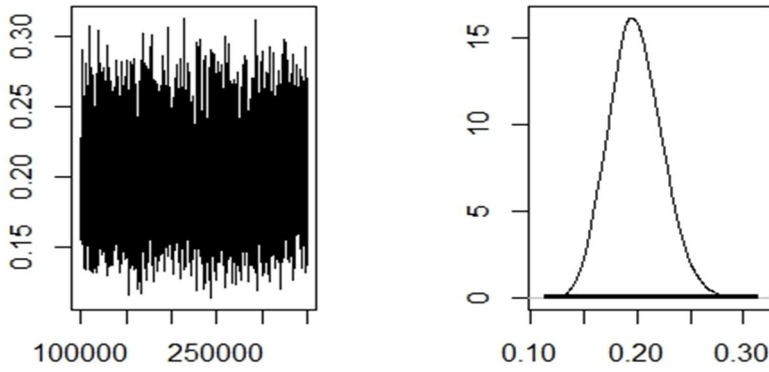


Şekil 4. DA Model 3 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

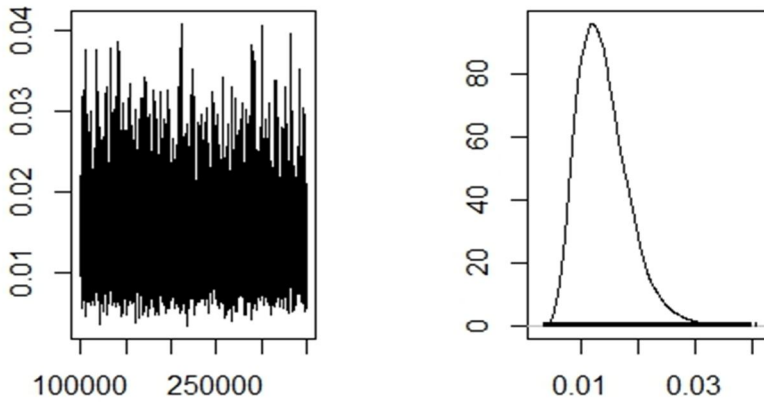


Şekil 5. DA Model 3 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 4 ( $Y=Xb+Za+Wc+e$ )**

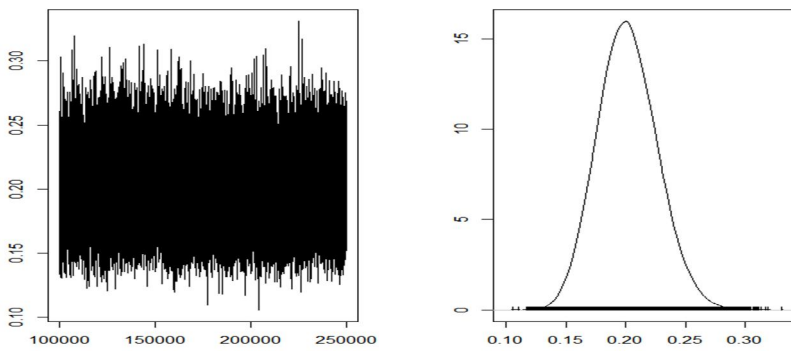


Şekil 6. DA Model 4 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

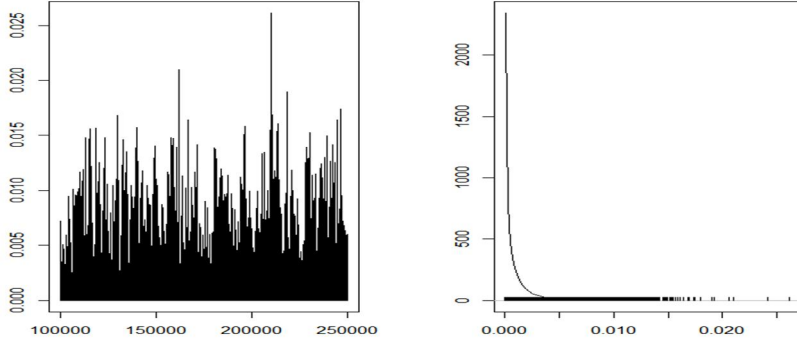


Şekil 7. DA Model 4 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

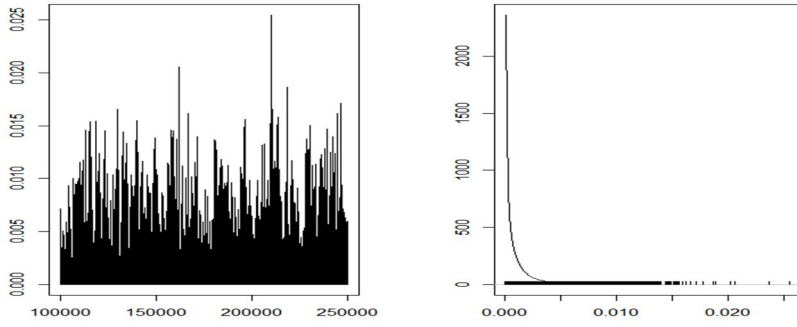
**Model 5 ( $Y=Xb+Za+Zm+Wc+e$   $Cov(a,m) = A\sigma_{am}$ )**



Şekil 8. DA Model 5 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

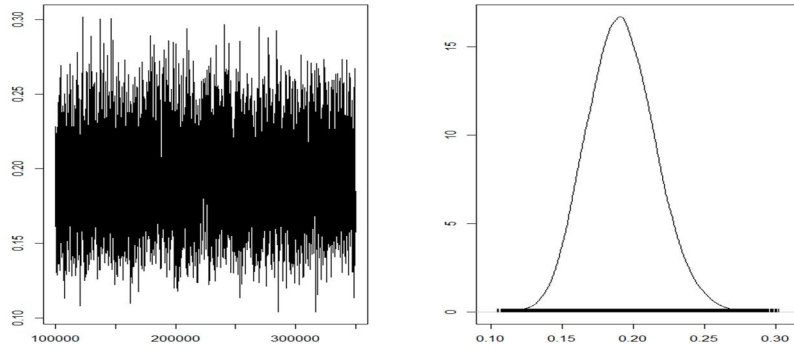


Şekil 9. DA Model 5 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

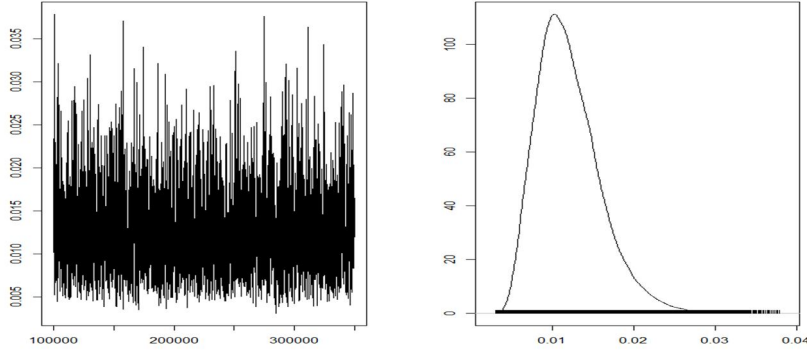


Şekil 10. DA Model 5 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

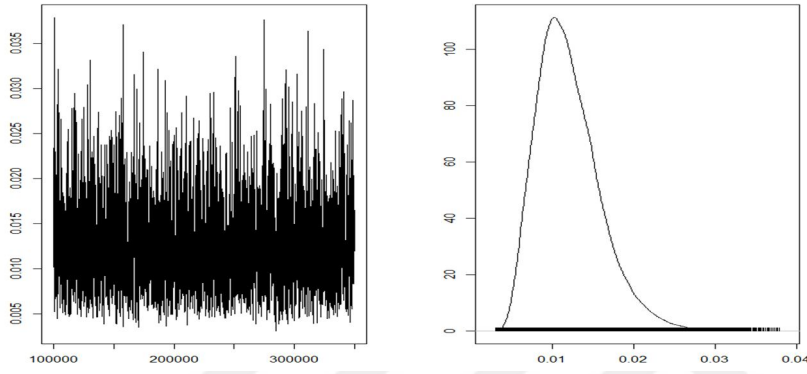
**Model 6 ( $Y=Xb+Za+Zm+Wc+e$   $Cov(a,m)=0$ )**



Şekil 11. DA Model 6 için eklemeli genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri



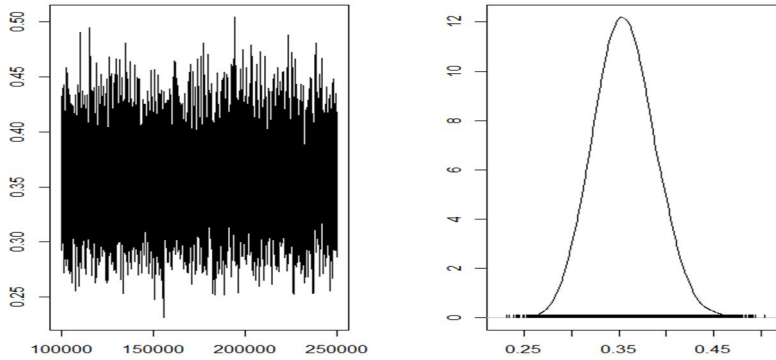
Şekil 12. DA Model 6 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri



Şekil 13. DA Model 6 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

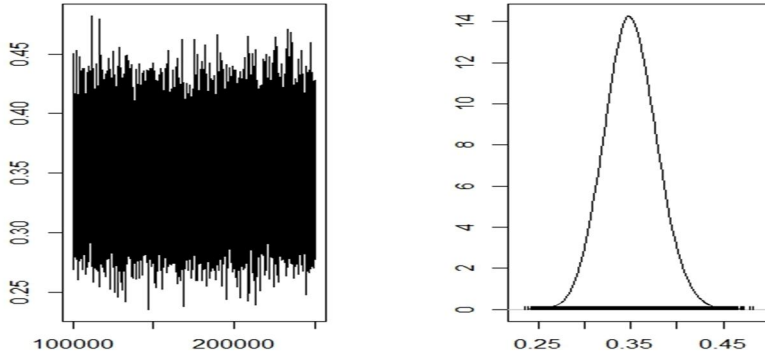
### 6.1.2. Sütten kesim ağırlığı

#### Model 1 ( $Y=Xb+Za+e$ )

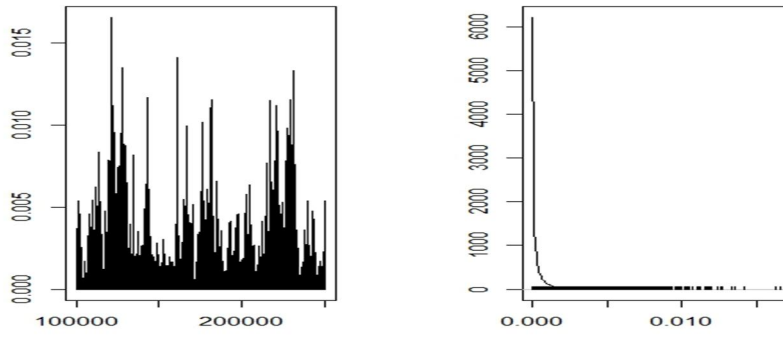


Şekil 14. SKA Model 1 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 2** ( $Y=Xb+Za+Zm+e$      $Cov(a,m) = A\sigma_{am}$ )

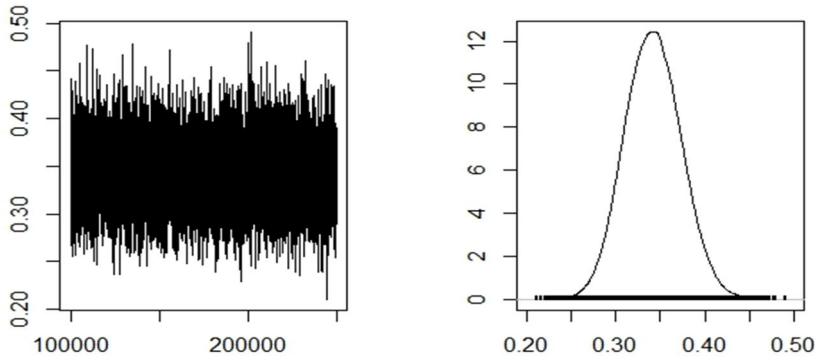


Şekil 15. SKA Model 2 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

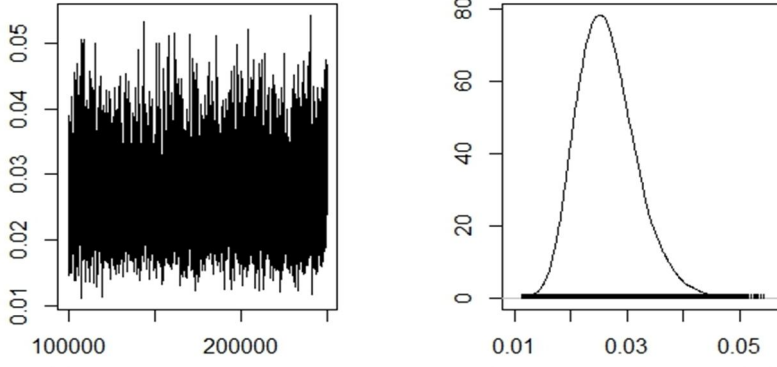


Şekil 16. SKA Model 2 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 3** ( $Y=Xb+Za+Zm+e$      $Cov(a,m)=0$ )

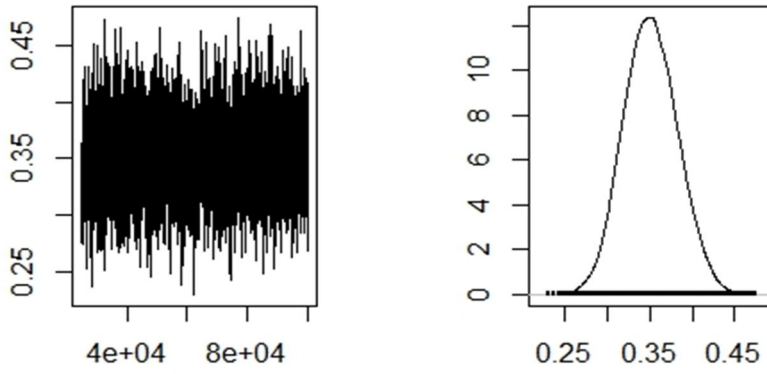


Şekil 17. SKA Model 3 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

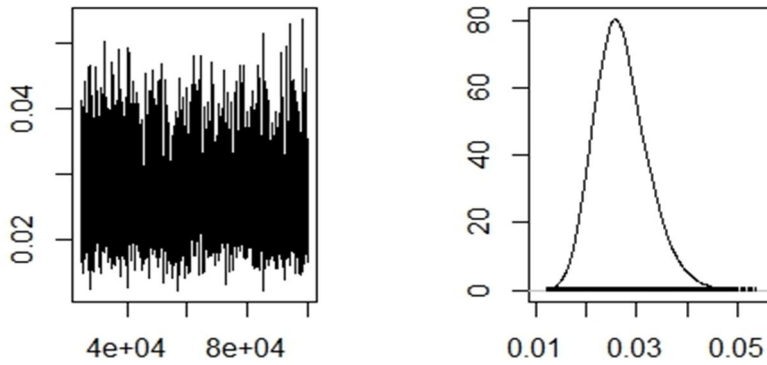


Şekil 18. SKA Model 3 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 4 ( $Y=Xb+Za+Wc+e$ )**

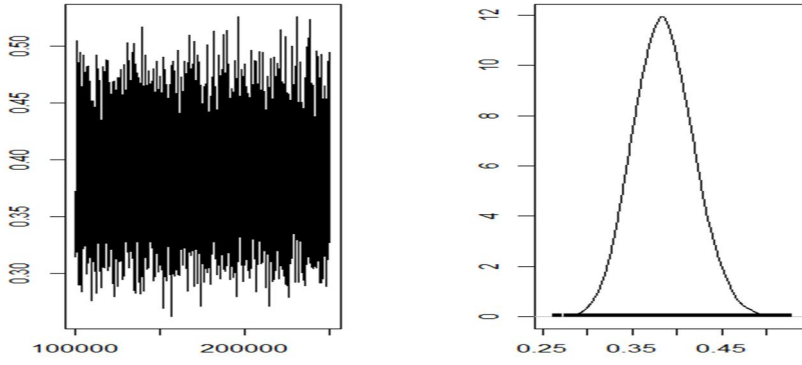


Şekil 19. SKA Model 4 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

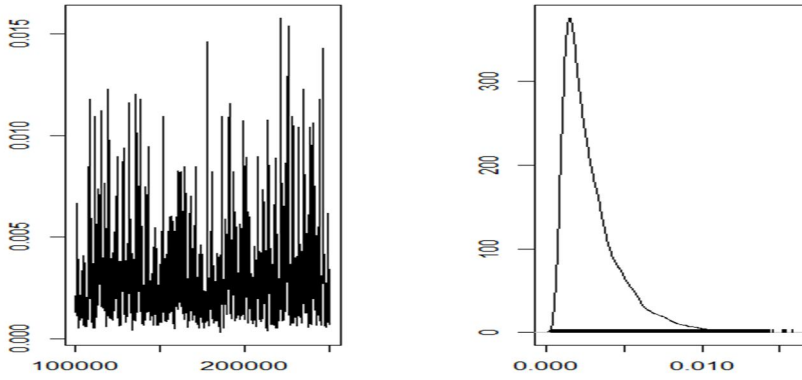


Şekil 20. SKA Model 4 için anadan kaynaklı sabit çevre etkilerine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

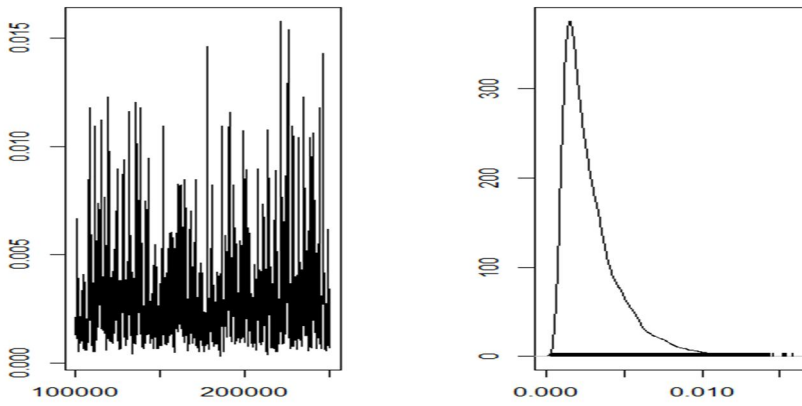
Model 5 ( $Y=Xb+Za+Zm+Wc+e$   $Cov(a,m)=A\sigma_{am}$ )



Şekil 21. SKA Model 5 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

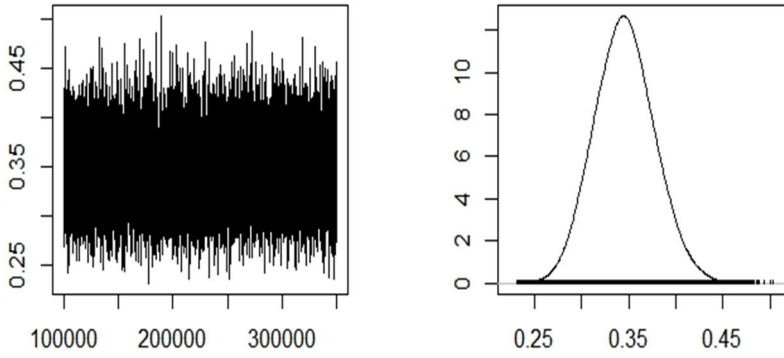


Şekil 22. SKA Model 5 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

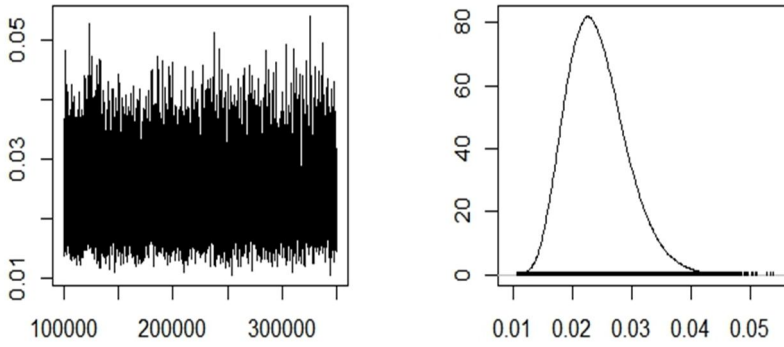


Şekil 23. SKA Model 5 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

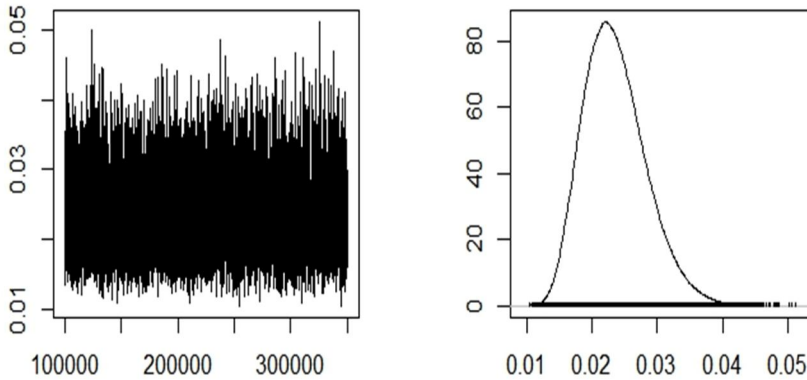
**Model 6 ( $Y=Xb+Za+Zm+Wc+e$   $Cov(a,m)=0$ )**



Şekil 24. SKA Model 6 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri



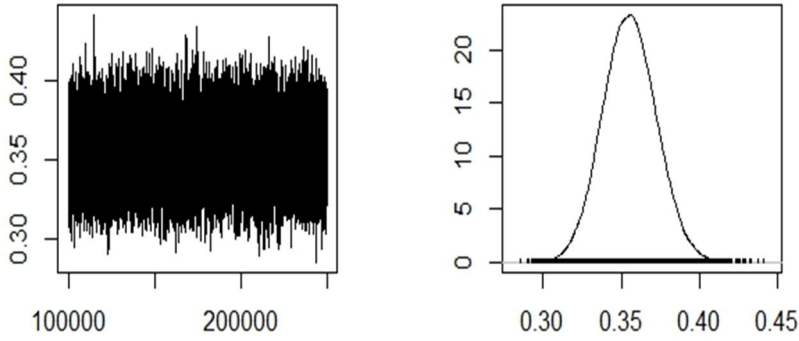
Şekil 25. SKA Model 6 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri



Şekil 26. SKA Model 6 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

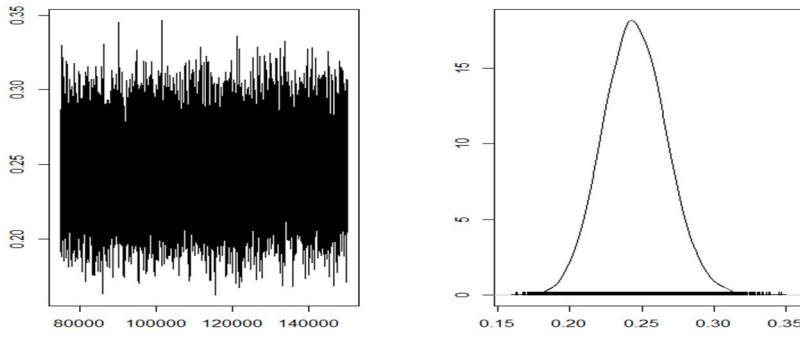
### 6.1.3. Günlük canlı ağırlık artışı

**Model 1 ( $Y=Xb+Za+e$ )**

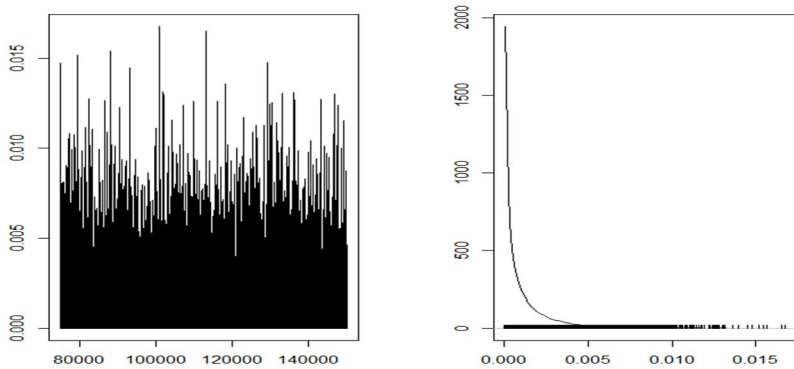


Şekil 27. GCAA Model 1 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 2 ( $Y=Xb+Za+Zm+e$      $Cov(a,m) = A\sigma_{am}$ )**

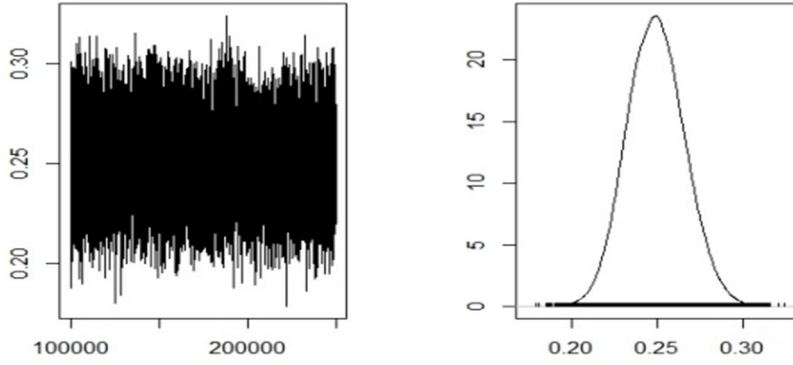


Şekil 28. GCAA Model 2 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

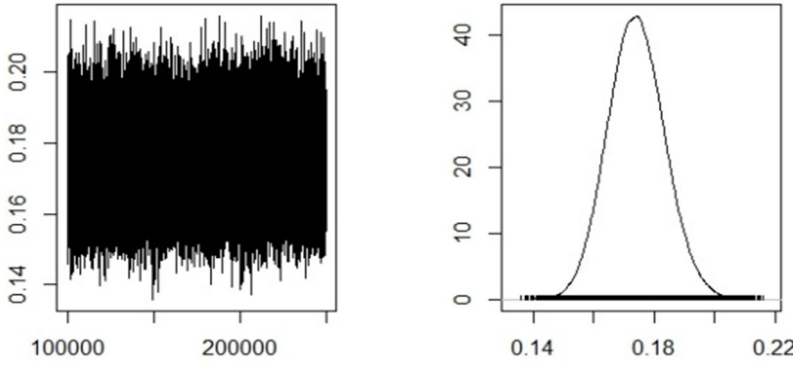


Şekil 29. GCAA Model 2 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 3 ( $Y=Xb+Za+Zm+e$   $Cov(a,m)=0$ )**

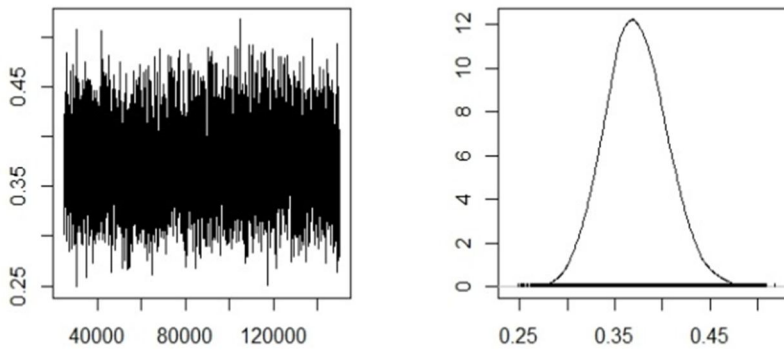


Şekil 30. GCAA Model 3 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

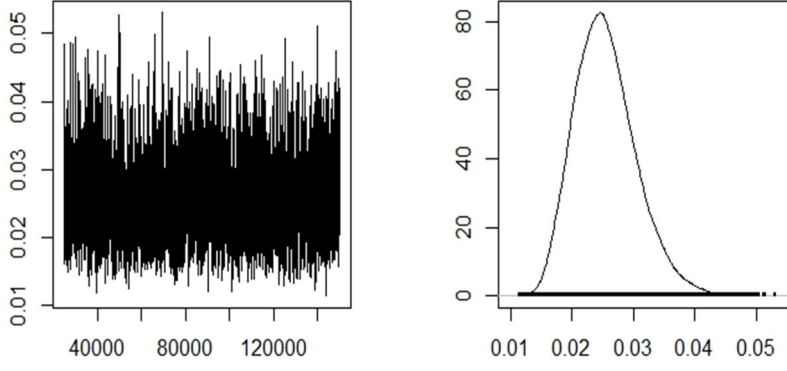


Şekil 31. GCAA Model 3 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

**Model 4 ( $Y=Xb+Za+Wc+e$ )**

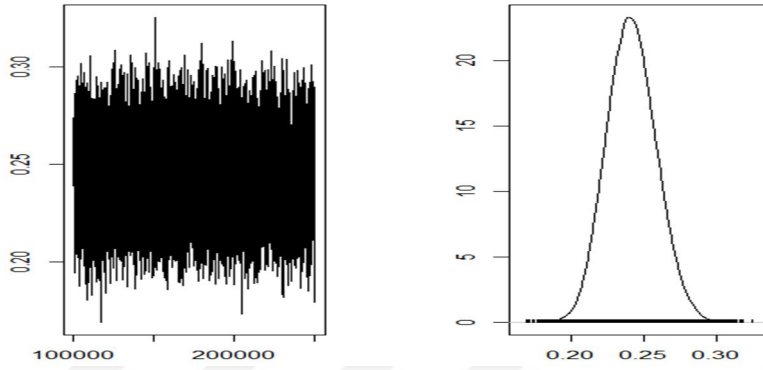


Şekil 32. GCAA Model 4 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

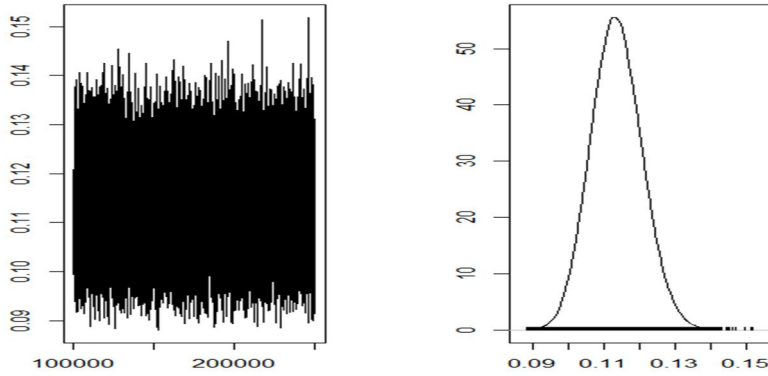


Şekil 33. GCAA Model 4 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

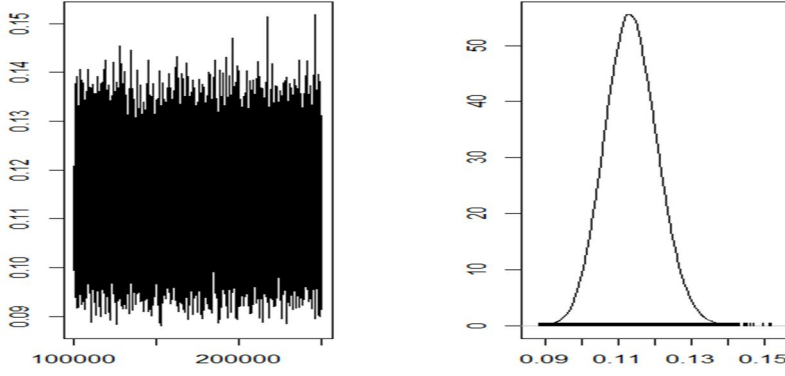
**Model 5** ( $Y=Xb+Za+Zm+Wc+e$   $Cov(a,m) = A\sigma_{am}$ )



Şekil 34. GCAA Model 5 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

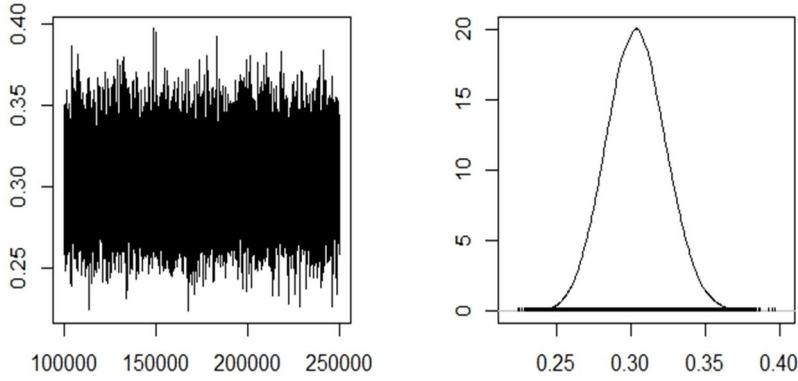


Şekil 35. GCAA Model 5 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

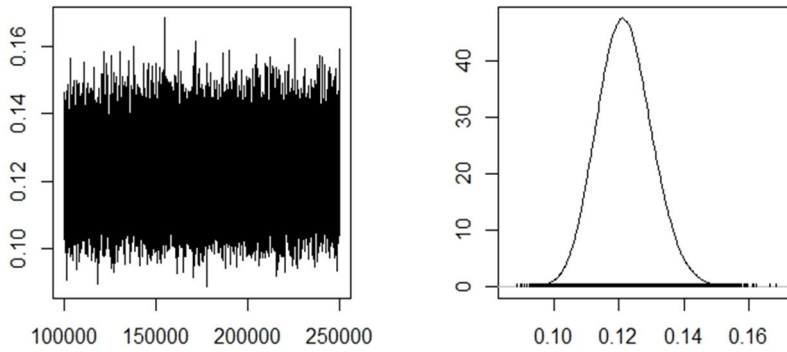


Şekil 36. GCAA Model 5 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri

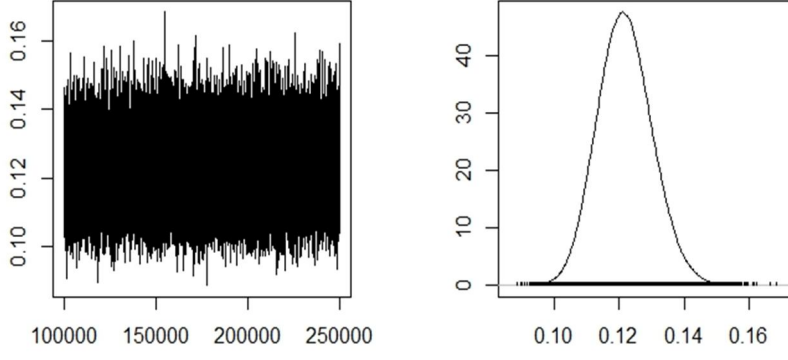
**Model 6 ( $Y=Xb+Za+Zm+Wc+e$   $Cov(a,m)=0$ )**



Şekil 37. GCAA Model 6 için eklemeli genetik etkilere ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri



Şekil 38. GCAA Model 6 için maternal genetik etkiye ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri



Şekil 39. GCAA Model 6 için anadan kaynaklı sabit çevre etkisine ait iz ve kalıtım derecesinin sonsal yoğunluk grafikleri



## KAYNAKLAR

- Abbasi, M. A., Abdollahi-Arpanahi, R., Maghsoudi, A., Torshizi, R. V. and Nejati-Javaremi, A., 2012. Evaluation of Models for Estimation of Genetic Parameters and Maternal Effects for Early Growth Traits of Iranian Baluchi Sheep. *Small Ruminant Research*, 104(1): 62-69.
- Aguirre, E. L., Mattos, E. C., Eler, J. P., Neto, A. B. and Ferraz, J. B., 2016. Estimation of Genetic Parameters and Genetic Changes for Growth Characteristics of Santa Ines Sheep. *Genetics and Molecular research: GMR*, 15(3): 1-12.
- Akaike, H., 1973. Information Theory and an Extension of The Maximum Likelihood Principle. In: Petrov, B.N., Csaki, F. (Eds.), Proc. 2nd Int. Symp. Information Theory. Akademiai Kiado, Budapest, Hungary, pp. 267–281.
- Akbaş, Y., 2000. Hayvan Islahına Yönelik Verilerin Değerlendirilmesinde Son Gelişmeler, TYUAP Ege-Marmara Dilimi 2000 Yılı Hayvancılık Bilgi Alış Veriş Toplantısı Bildirileri, Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Yayın No: 97, Menemen, İzmir.
- Aksoy, Y., Ulutaş, Z., Şen, U., Şirin, E. and Şahin, A., 2016. Estimates of Genetic Parameters for Different Body Weights and Muscle and Fat Depths of Karayaka Lambs. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 40(1): 13-20.
- Albuquerque, L.G. and K. Meyer, 2001. Estimates of Direct and Maternal Genetic Effects for Weights from Birth to 600 Days of Age in Nelore Cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 118: 83-92.
- Anderson, R. D., 1979. On the history of variance component estimation. To be presented at: variance components and animal breeding; a Conferans in Honor of C. R. Henderson, July 16-17, 1979, Cornell University, Ithaca, New York.
- Assan, N., Makuza, S., Mhlanga, F. and Mabuku, O., 2002. Genetic Evaluation and Selection Response of Birth Weight and Weaning Weight in Indigenous Sabi Sheep. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences*, 15(12): 1690-1694.
- Bahreini Behzadi, M.R., Shahroudi, F.E. and Van Vleck, L.D., 2007. Estimates of Genetic Parameters for Growth Traits in Kermani Sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 124(5): 296–301.
- Baker, R. L., 1980. The Role of Maternal Effects on the Efficiency of Selection in Beef Cattle: A Review. *Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production*. 40: 285–303.
- Baneh, H., Hafezian, S. H., Rashidi, A., Gholizadeh, M. and Rahimi, G., 2010. Estimation of Genetic Parameters of Body Weight Traits in Ghezel Sheep. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences*, 23(2): 149-153.
- Barbosa, L. T., Santos, G. D. E. B., Muniz, E. N., Azevedo, H. C. and Fagundes, J. L., 2015. Genetic Parameters for Growth Traits of Santa Ines Sheep. *Revista Caatinga*, Mossoró, 28(4): 211–216.

- Becker, W. A., 1992. Manual of Quantitative Genetics. 5th ed. Academic Enterprises, Pullman, WA.
- Besag, J. and Higdon, D., 1999. Bayesian Analysis of Agricultural Field Experiments. *Journal of the Royal Statistical Society Statistical Methodology Series B*, 61(1): 691-746.
- Bilgin, Ö.C. ve Esenbuğa, N., 2003. Doğrusal Olmayan Büyüme Modellerinde Parametre Tahmini. *Hayvansal Üretim*, 44(2): 81-90.
- Blackwell, R.L. and Henderson, C.R., 1955. Variation in Fleece Weight, Weaning Weight and Birth Weight of Sheep under Farm Conditions. *Journal of Animal Science*, 14(3): 831-843.
- Blasco, A., 2001. A Bayesian Controversy in Animal Breeding. *Journal of Animal Science*, 79(8): 2023-2046.
- Boldman, K.G., Kriese, L.A., Van Vleck, L.D., and Kachman, S.D., 1993. A Manual for Use of MTDFREML. A Set of Programs to Obtain Estimates of Variances and Covariances [DRAFT] U S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Lincoln, Nebraska.
- Boujenane, I. and Kansari, J., 2002. Estimates of (co)Variance Due To Direct and Maternal Effects for Body Weights in Timahdite Sheep. *Animal Science*. 74(3): 409–414.
- Boujenane, I., Chikhi, A., Ibnelbachyr, M. and Mouh, F. Z., 2015. Estimation of Genetic Parameters and Maternal Effects for Body Weight at Different Ages in D'man Sheep. *Small Ruminant Research*, 130: 27-35. <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.07.025>
- Bourdon, R.M., 1997. Understanding Animal Breeding. Prentice–Hall. Inc. Upper Saddle River. New Jersey. U.S.A.
- Brooks, S., 1998. Markov Chain Monte Carlo Method and Its Application. *The Statistician*, 47(1): 69-100.
- Çelikkale, M.S., 1974. İleri Merinos Melezlerinin Malya Devlet Üretme Çiftliği Koşullarındaki Özellikleri Üzerinde Araştırmalar. *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları*, No:544.
- Congdon, P., 2014. Applied Bayesian modeling (Vol 595). John Wiley & Sons, London, UK.
- Corbiel, R. R. and Searle, S. R., 1976. Restricted Maximum Likelihood (REML) Estimation Variance Components in the Mixed Model. *Technometrics*, 18(1): 31-38.
- Crump, S. L., 1946. The Estimation of Variance Components in Analysis of Variance. *Biometrics Bulletin*, 2(1): 7-11.

- Cunningham, E. P. and Henderson, C. R., 1968. An Iterative Procedure for Estimating Fixed Effects and Variance Components in Mixed Model Situations. *Biometrics*. 24: 13-25.
- Cunningham, E.P., 1965. The Relative Efficiencies of Selection Indexes. *Acta Agriculturae Scandinavica*, 19(1): 45-48.
- de Oliveira, D. P., de Oliveira, C. A. L., Martins, E. N., Junior, F. M. V., Seno, L. O., dos Santos Pinto, G., Sasa, A. and Barbosa-Ferreira, M., 2014. Genetic Parameters of Performance Traits in Sul-Mato-Grossenses Naturalized Sheep. *Semina: Ciências Agrárias*, 35(2): 963-972.
- Dodenhoff J., Van Vleck L.D., Gregory K.E., 1999. Estimation of Direct, Maternal, and Grand Maternal Genetic Effects for Weaning Weight in Several Breeds of Beef Cattle. *Journal of Animal Science*, 77: 840–845.
- Duru, S. ve Koyuncu, M., 2005. İmroz Kuzuların Doğum Ağırlığına Ait Direkt ve Anaya Bağlı Etkiler için Varyans Unsurları ve Genetik Parametre Tahminleri. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19(2): 13-21.
- Düzgüneş, O. ve Eliçin, A., 1986. Hayvan Yetiştirme İlkeleri A. Ü. Ziraat Fakültesi Yayınları :978 Ders Kitabı : 288, Ankara.
- Düzgüneş, O., Akman, N., Eliçin A., 2012. Hayvan Islahı. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü, 5. Baskı, Yay. No:1599, Ders Kitabı 551, Ankara.
- Düzgüneş, O., Eliçin, A. ve Akman, N., 1996. Hayvan Islahı III. Baskı. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları. No: 1437. Ders Kitabı: 419.
- Ekici, O., 2009. İstatistikte Bayesci ve Klasik Yaklaşımın Kavramsal Farklılıkları. *Balıkesir Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü Dergisi*, 12(21): 89-101.
- El-Awady, H. G., Oudah, E. Z. M., Shalaby, N. A., El-Arian, M. N. and Metawi, H. R., 2011. Genetic Improvement Study on Pre-Weaning Body Weight of Egyptian Rahmani Lambs under a Pure Breeding Production System. *Options Méditerranéennes*, 100: 311-316.
- Eliçin, A., Aşkın, Y. ve Cangir, S., 1976. Saf ve Melez Kuzularda Çeşitli Dönemlerdeki Canlı Ağırlıklara Çevre Faktörlerinin Etkileri Üzerine Araştırmalar. *Ankara Çeyir-Mera ve Zootečni Araştırma. Enstitüsü Yayınları*. No: 57, Ankara.
- Ekiz, B., Özcan, M., Yılmaz, A., and Ceyhan, A., 2005. Estimates of Phenotypic and Genetic Parameters for Ewe Productivity Traits of Turkish Merino (Karacabey Merino) Sheep. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 29(2): 557-564.
- El-Kouni, M.H., Karam, H.A., Galal, E.S.E. and Afifi, E.A., 1974. Crossbreeding and The Effect of Certain Environmental Factors on Body Weight of Barki and German Merino Sheep. *Journal of Agricultural science*, 82(2): 349-352

- Eltawil, E.A., Hazel, L.N., Sidwell, G. M. and Terril, C.E., 1970. Evaluation of Enviromental Factors Affecting Birth, Weaning and Yearling Traits in Novajo Sheep. *Journal of animal science*, 31(5): 823-827.
- El-Wakil, S. I., 2014. Optimal Pre-Weaning Body Weight as an Early Selection Criterion for İmproving Meat Production in Barki sheep. *Egyptian Journal of Animal Production*, 51(3): 178–184.
- El-Wakil, S. I., and Gad, S. M., 2014. Evaluation of Direct and Maternal (Co)Variance Components and Heritabilities for Some Body Weights and Growth Traits in Barki Sheep. *Egyptian Journal of Sheep and Goat Sciences*, 9(1): 21–30. <http://doi.org/10.1017/CBO9781107415324.004>
- Ertuğrul, O., Orman, M.N., Güneren,G., 2002. Holştayn İrki İneklerde Süt Verimine Ait Bazı Genetik Parametreler. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 26:463-469.
- Esenbuğa, N., 2000. Atatürk Üniversitesi Koyun Populasyonlarında Sürü Verimliliğine Etkili Faktörlerin Farklı İstatistik Metodlarla Belirlenmesi. Doktora Tez Çalışması. Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı. 97 s.
- Eskandarinasab, M., Ghafouri-Kesbi, F. and Abbasi, M. A., 2010. Different Models for Evaluation of Growth Traits and Kleiber Ratio in an Experimental Flock of Iranian Fat-Tailed Afshari Sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 127(1): 26-33.
- Evrım, M., Günes, H., 1995. Hayvan İslahı Ders Notları. İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Yayını. Ders Notu No: 32. İstanbul.
- Falconer, D.S. & Mackay T.C., 1996. Introduction to Quantitative Genetics. (4th Ed.), Longman, London, 358 p.
- Falconer, D. S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics, 3rd ed. John Wiley and Sons, New York.
- Fırat, M. Z. ve Bek, Y., 1997. Varyans Unsurlarının Tahmini İçin Maksimum Olabilirlik Metodlarının Karşılaştırmalı Olarak İncelenmesi. *Çukurova Üniv. Ziraat Fak. Derg.*, 12(1): 1-8.
- Fırat, M. Z., 1997. Hayvan İslahında Negatif Varyans Unsuru Tahmini ve Yöntemlerin İncelenmesi. *Çukurova Üniv. Ziraat Fak. Dergisi*, 12(1): 169-176.
- Fırat, M. Z., 2001b. Hayvan İslahında Bayesian Yöntemi Kullanılarak Çoklu Karakter Analizi: Gibbs Örneklemesi Yaklaşımı. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 25:855-862.
- Fırat, M.Z. ve Bek, Y., 1998. Hayvan İslahı Uygulamalarında Kullanılan Invers X2 Ve Invers-Wishart Dağılımlarının Matematik Esasları. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 22:485-488.
- Fırat, M.Z., 1995. A Comparison of Analysis of Variance, Maximum Likelihood and Bayesian Methods for the Estimation of Variance Components. Balkan Conference

- on Operational Research Proceedings Volume II. 16-19 Oct. 1995, Thessaloniki, Greece.
- Fırat, M.Z., 1996. A Comparison of Analysis of Variance, Maximum Likelihood and Bayesian Methods for the Estimation of Variance Components. 3rd Balkan Conference on Operational Research. 16-19 October, Greece.
- Fırat, M.Z., 2000. Dengeli İki-Seviyeli Şansa Bağlı İç-İçe Düzenlenmiş Denemelerde Varyans Bileşenlerinin Tahmini İçin Varyans Analiz, Maksimum Olabilirlik Ve Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik Metotlarının Karşılıklı Olarak İncelenmesi. *Anadolu Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 1: 105-113.
- Fırat, M.Z., Theobald, C.M. and Thompson, R., 1997c. Multivariate Analysis of Test Day Milk Yield of British Holstein-Friesian Heifers Using Gibbs Sampling. . *Acta Agriculturae Scandinavica Section A—Animal Sciences*, 47(4): 221-229.
- Foulley, J. L., Gianola, D. and Im, S., 1987. Genetic Evaluation of Traits Distributed as Poisson-Binomial with Reference to Reproductive Characters. *Theoretical and Applied Genetics*, 73(6): 870-877.
- Freeman, A.E., 1979. Components of Variance: Their History, Use, and Problems in Animal Breeding. To be Presented at: Variance Components and Animal Breeding: a Conferans in Honor of C.R. Henderson, July 16-17, 1979, Cornell University Ithaca, New York.
- Galiç, A., 2002. Hayvan İslahında Boğa Modelinin Gibbs Örneklemesi Kullanılarak Bayesian Analizi. Yüksek Lisans Tezi. Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Antalya. 40s.
- Gamasae, V. A., Hafezian, S. H., Ahmadi, A., Baneh, H., Farhadi, A. and Mohamadi, A., 2010. Estimation of Genetic Parameters for Body Weight at Different Ages in Mehraban Sheep. *African Journal of Biotechnology*, 9(32): 5218-5223.
- Gbangboche, A. B., Alkoiret, T. I., Daga, F. D., Alimi, S., Leroy, P. L. and Michaux, C., 2011. Genetic and Non-Genetics Effects of Body Weight of West African Dwarf Sheep. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 10(21): 2824–2830.
- Gelfand, A.E. and Smith, A.F., 1990. Sampling-Based Approaches to Calculating Marginal Densities. *Journal of the American Statistical Association*, 85(410): 398-409.
- Gelman, A. and Rubin, D. B., 1992. Inference from Iterative Simulation Using Multiple Sequences. *Statistical Science*, 7(4): 457-472.
- Geman, S. and Geman, D., 1984. Stochastic Relaxation, Gibbs Distribution and the Bayesian Restoration of Images. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 6: 721-741.
- Gerstmayr, S., 1992. Impact of the Data Structure on the Reliability of the Estimated Genetic Parameters in an Animal Model with Maternal Effects. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 109(1-6): 321-336.

- Geier, C.J., 1992. Practical Markov Chain Monte-Carlo (with discussion), *Statistical Science*, 7: 467-511.
- Ghafouri-Kesbi, F. and Baneh, H., 2012. Genetic Parameters for Direct and Maternal Effects on Growth Traits of Sheep. *Archives Animal Breeding*, 55(6): 603–611. <http://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2008.07.026>
- Ghafouri-Kesbi, F., 2013. (Co) Variance Components and Genetic Parameters for Growth Rate and Kleiber Ratio in Fat-Tailed Mehraban Sheep. *Archives Animal Breeding*, 56(1): 564-572.
- Gholizadeh, M. and Ghafouri-Kesbi, F., 2015. Estimation of Genetic Parameters for Growth-Related Traits and Evaluating the Results of a 27-Year Selection Program in Baluchi Sheep. *Small Ruminant Research*, 130: 8-14. <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.07.032>
- Gholizadeh, M. and Ghafouri-Kesbi, F., 2017. Genetic Analysis of Average Daily Gain in Baluchi Sheep. *Meta Gene*, 13: 119-123.
- Gianola, D., 1982. Theory and Analysis of Threshold Characters. *Journal of Animal Science*, 54: 1079-1096.
- Gianola, D., and Foulley, J. L., 1990. Variance Estimation from Integrated Likelihoods (VEIL). *Genetics Selection Evolution*, 22(4): 403-417.
- Gill, J., 2002. Bayesian Methods (A social and behavioral sciences approach). Chapman & Hall/CRC Statistics in the Social and Behavioral Sciences, USA, 655.
- Gizaw, S., Lemma, S., Komen, H. and Van Arendonk, J. A., 2007. Estimates of Genetic Parameters and Genetic Trends for Live Weight and Fleece Traits in Menz Sheep. *Small Ruminant Research*, 70(2): 145-153.
- Gönül, T., 1974. Hayvan Islahında Standardizasyon. Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü, TAPGEM yayınları, No:15, İzmir, s4.
- Gowane, G. R., Prince, L. L. L., Lopes, F. B., Paswan, C. and Sharma, R. C., 2015. Genetic and Phenotypic Parameter Estimates of Live Weight and Daily Gain Traits in Malpura Sheep Using Bayesian Approach. *Small Ruminant Research*, 128: 10–18. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.04.016>
- Graser, H. U., Smith, S. P. and Tier, B., 1987. A Derivative-Free Approach for Estimating Variance Components in Animal Models by Restricted Maximum Likelihood. *Journal of Animal Science*, 64(5): 1362-1370.
- Graybill, F.A. and Hultquist, R.A., 1961. Theorems Concerning Einsenhart's Model II. *The Annals of Mathematical Statistics*. 1961, 32(1): 261-269.
- Grosu, H., Schaeffer, L., Oltenacu, P.A., Norman, D., Powell, R., Kremer, V., Banos, G., Mrode, R., Carvalheira, J., Jamrozik, J., Draganescu, C. and Lungu, S., 2013. History of Genetic Evaluation Methods in Dairy Cattle, 347 p, Romania.

- Güllü Ö., 2015. Kuzularda Büyüme Örneğinde Tahmin Modellerinin Performanslarının İncelenmesi. Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Biyoistatistik Anabilim Dalı. Ankara. 82 s.
- Hadfield, J. D., 2010. MCMC Methods For Multi-Response Generalized Linear Mixed Models: the MCMCglmm R package. *Journal of Statistical Software* 33(2): 1–22.
- Hammoud, M. H. and Salem, M. M. I., 2017. Estimates of Variance Components and Heritabilities of Pre-Weaning Growth Traits of Barki and Rahmani Lambs. *Egyptian Journal of Animal Production*, 54(3): 199-205.
- Hartley, H.D. and Rao, J. N. K., 1967. Maximum-Likelihood Estimation for the Mixed Analysis of Variance Model. *Biometrika*, 54 (1-2): 93–108.
- Harvey, W.R., 1960. Least-square Analysis of Data with Unequal Subclass Numbers. *Technical Report ARS-20-8*, USDA National Agricultural Library
- Harville, D.A and Callanan, T.P., 1990. Computational Aspects of Likelihood-Based Inference for Variance Components. *Advances in Statistical Methods for the Genetic Improvement of Livestock*, 18: 136-176. Springer, Berlin, Heidelberg.
- Harville, D.A., 1977. Maximum Likelihood Approaches to Variance Component Estimation and to Related Problems. *Journal of the American Statistical Association*, 72(358): 320-338.
- Hassen, Y., Fuerst-Waltl, B. and Sölkner, J., 2003. Genetic Parameter Estimates for Birth Weight, Weaning Weight and Average Daily Gain in Pure and Crossbred Sheep in Ethiopia. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120(1): 29-38.
- Henderson, C. R., 1984. Estimation of Variances and Covariance's Under Multiple Trait Models. *Journal of Dairy Science*, 67(7): 1581-1589.
- Henderson, C.R., 1953. Estimation of Variance and Covariance Components. *Biometrics*, 9(2): 226-252.
- Henderson, C.R., 1963. Selection Index and Expected Genetic Advance. *Statistical Genetics and Plant Breeding*. 982: 141-163.
- Henderson, Charles R., 1973. Sire Evaluation and Genetic Trends. *Journal of Animal Science*. Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of Dr. Jay L. Lush. pp.10–41. Champaign, Illinois: American Society of Animal Science.
- Hoeschele, I., Gianola, D. and Foulley, J.L., 1986. Estimation of Variance Components with Quasi-Continuous Data using Bayesian Methods. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 104 (1-5): 334-349.
- Hosseini-Zadeh, N. G. and Ardalani, M., 2010. Estimation of Genetic Parameters for Body Weight Traits and Litter Size of Moghani Sheep, Using a Bayesian Approach via Gibbs Sampling. *The Journal of Agricultural Science*, 148(3): 363–370. <https://doi.org/10.1017/S0021859610000080>

- Hosseini-Zadeh, N.G., 2012. Bayesian Estimates of Genetic Changes for Body Weight Traits of Moghani Sheep Using Gibbs Sampling. *Tropical Animal Health and Production*, 44(3): 531–536. <https://doi.org/10.1007/s11250-011-9930-1>
- Jafaroghli, M., Rashidi, A., Mokhtari, M. S. and Shadparvar, A. A., 2010. (Co)Variance Components and Genetic Parameter Estimates for Growth Traits in Moghani Sheep. *Small Ruminant Research*, 91(2-3): 170-177.
- Jannoune, A., Boujenane, I., Falaki, M. and Derqaoui, L., 2015. Genetic Analysis of Live Weight of Sardi Sheep Using Random Regression and Multi-Trait Animal Models. *Small Ruminant Research*, 130: 1-7. <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.06.015>
- Jawasreh, K., Ismail, Z.B., Iya, F., Castañeda-Bustos, V.J. and Valencia-Posadas, M., 2018. Genetic parameter estimation for pre-weaning growth traits in Jordan Awassi sheep. *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Volume Electronic Poster Session, Genetic Gain Strategies for Local Breeds 2: 592.
- Jensen, J., 1994. In Bayesian Analysis of Bivariate Mixed Models with One Continuous and One Binary Trait Using the Gibbs Sampler. *Proceedings of the fifth world congress on genetics applied to livestock production*, 18: 333-336.
- Jensen, J., Wang, C.S., Sorensen, D. A. and Gianola, D., 1994. Bayesian Inference on Variance and Covariance Components for Traits Influenced by Maternal and Direct Genetic Effects Using the Gibbs Sampler. *Acta Agriculturae Scandinavica A-Animal Sciences*. 44(4): 193-201.
- Johnson, D.L. and Thompson, R., 1995. Restricted Maximum Likelihood Estimation of Variance Components for Univariate Animal Models Using Sparse Matrix Techniques and Average Information. *Journal of Dairy Science*. 78(2): 449-456.
- Kaps, M. and Lamberson, W.R., 2004. *Biostatistics for Animal Science*. CABI. 445 p., London.
- Karacaören, B. ve Fırat, M.Z., 2001. ANOVA, ML ve REML Metotlarını Kullanarak Seleksiyon İndekslerini Oluşturan Fortran Programı. *Tarımda Bilişim Teknolojileri 4.Sempozyumu*, 20-22 Eylül 2001, Kahramanmaraş, Türkiye.
- Karacaören, B. ve Fırat, M.Z., 2012. Genetik İlerlemelerin Hesaplanmasında Kullanılan İstatistiksel Yöntemlerin Karşılaştırılması. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 59: 115-120.
- Kariuki, C. M., Ilatsia, E. D., Kosgey, I. S., Kahi, A. K., 2010. Direct and Maternal (Co)variance Components, Genetic Parameters and Annual Trends for Growth Traits of Dorper Sheep in Semi-Arid Kenya. *Tropical Animal Health and Production*, 42(3): 473-481.
- Kass, R.E., Carlin, B.P., Gelman, A., Neal, R.M., 1998. Markov Chain Monte Carlo in Practice: A Roundtable Discussion. *The American Statistician*, 52(2): 93-100.

- Kaya Başar, E., 2016. Tarımsal Deneme Planlarının Bayesian Yöntemi ile Analizleri. Doktora Tezi. Akdeniz Üniv. Fen bilim. Enst., 120 s.
- Kayaalp, G.T., ve Bek, Y., 1994. Varyans Unsurları Tahmin Yöntemlerinin Karşılaştırmalı Olarak İncelenmesi. *Çukurova Üniv. Ziraat Fak. Dergisi*, 9(2): 127-142.
- Kayaalp, T., Cebeci, Z. ve Bek, Y., 1992(a). Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik (REML) Yöntemi ile Varyans Unsurlarının Tahmini. DİE Matematik Demeği Araştırma Sempozyumu' 92.92: 23-25 Kasım, Ankara.
- Kennedy, B. W., 1981. Variance Component Estimation and Prediction of Breeding Values. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 23(4): 565-578.
- Kızılkaya, K., 2002. Hierarchical Bayesian Treshold Models Applied to the Quantitative Genetic Analysis of Calving Ease Scores in Italian Piemontese Cattle. PhD. Thesis, University of Michigan State, USA.
- Koyuncu, M. and Duru, S., 2009. Estimates of (Co) Variance Components for Direct and Maternal Effects on Birth Weight of Karacabey Merino Lambs. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 33(3): 235-240.
- Kumar, I. S., Gangaraju, G., Kumar, C. V. and Nath, S., 2018. Genetic Parameters for Growth Rate and Kleiber Ratios of Nellore Sheep. *Indian Journal of Animal Research*. B-3380: 1-4.
- Kumar, S., Kumar, V., Gangaraju, G., Nath, S. and Thiruvankadan, A. K., 2017. Estimates of Direct and Maternal (Co) Variance Components As Well As Genetic Parameters of Growth Traits in Nellore Sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 49(7): 1431-1438.
- Kumlu, S., 1999. Hayvan Islahı. Türkiye Damızlık Sığır Yetiştiricileri Merkez Birliği Yayınları. Yayın No: 1. Ankara.
- Kumlu, S., 2000. Damızlık ve Kasaplık Sığır Yetiştirme. Türkiye Damızlık Sığır Yetiştiricileri Merkez Birliği Yayınları, No:3, 166s, Antalya.
- Lasley, J. F., 1987. Genetics of Livestock Improvement, (No. Ed. 3). Prentice-Hall, Inc.
- Lessa De Assis, G.M., Junior, J.M.C., Euclides, R.F. and Correa, F.J.C., 2002. Bayesian Inference on Variance Components Using Simulated Data. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 19-23, 2002, (No: 17-22), Montpellier, France.
- Li, S. and Klots, J.H., 1978. Components of Variance Estimation for The Split-Plot Design. *Journal of the American Statistical Association*, 73(361): 147-152.
- Luo, M.F., Boettcher, P.J., Schaeffer, L.R., and Dekkers, J.C.M., 2002. Estimation of Genetic Parameters of Calving Ease in First and Second Parities of Canadian Holsteins using Bayesian Methods, *Livestock Production Science*, 74(2): 175-184.
- Lush, J.L., 1944. The Optimum Emphasis on Dams Records When Proving Dairy Sires. *J. Dairy Science*, 27(11): 937-951.

- Magalhães, A. F. B., Lobo, R. N. B. and Facó, O., 2013. Genetic Parameters Estimates for Growth Traits in Somalis Brasileira Hair Sheep Breed. *Ciência Rural*, 43(5): 884-889.
- Mallick, P. K., Pourouchottamane, R., Rajapandi, S., Thirumaran, S. M. K., Venkataraman, R., Nagarajan, G., Murali, G. and Rajendiran, A. S., 2017. Influence of Genetic and Non Genetic Factors on Growth Traits of Bharat Merino Sheep in Sub-Temperate Climate of Kodai Hills of Tamil Nadu, India. *Indian Journal of Animal Research*, 51(2): 365-370.
- Mandal, A., Dass, G. and Rout, P. K., 2012. Model Comparisons For Estimation of Genetic Parameters of Pre-Weaning Daily Weight Gains in Muzaffarnagari Sheep. *Small Ruminant Research*, 106(2): 118–124. <http://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2012.03.015>
- Maniatis, N. and Pollott, G.E, 2003. The Impact of Data Structure on Genetic (Co)variance Components of Early Growth in Sheep, Estimated Using an Animal Model with Maternal Effects. *Journal of Animal Science*. 81(1): 101–108. <http://jas.fass.org/cgi/reprint/81/1/101.pdf>.
- Maria, G. A., Boldman, K. G. and Van Vleck, L. D. (1993). Estimates of Variances Due To Direct and Maternal Effects for Growth Traits of Romanov Sheep. *Journal of Animal Science*, 71(4): 845-849.
- Mestav, B., 2011. Kantitatif Özelliklerin Analizinde Hata Terimi Normal, Student-T Veya Slash Dağılımı Gösteren Doğrusal Modellerin Kullanılması. Doktora Tezi. Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı. Aydın. 72s.
- Meyer, K., 1988. DFREML A Set of Programs to Estimate Variance Components for Animal Models with Several Random Effects Using a Derivative-Free Algorithm. *Journal of Dairy Science*, 71: 33-34.
- Meyer, K., 1992. Variance Components Due to Direct and Maternal Effects for Growth Traits of Australian Beef Cattle. *Livestock Production Science*, 31(3-4): 179-204.
- Meyer, K., 1997. Estimates of Genetic Parameters for Weaning Weight of Beef Cattle Accounting for Direct–Maternal Environmental Covariances. *Livestock Production Science*, 52(3): 187– 199.
- Misztal, I., 2008. Reliable Computing in Estimation of Variance Components. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125(6): 363-370.
- Mohammadi, K., Abdollahi-Arpanahi, R., Amraei, F., Mohamadi, E. M. and Rashidi, A., 2015. Genetic Parameter Estimates for Growth and Reproductive Traits in Lori Sheep. *Small Ruminant Research*, 131: 35-42. <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.07.029>
- Mohammadi, K., Beigi Nassiri, M. T., Fayazi, J., Roshanfekar, H., & Aghaei, A., 2010b. Estimates of Phenotypic and Genetic Parameters for Pre-Weaning Growth Traits of Arabi Lambs. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9(13): 1819-1823.

- Mohammadi, Y., Rashidi, A., Mokhtari, M. S. and Esmailizadeh, A. K., 2010a. Quantitative genetic analysis of growth traits and Kleiber ratios in Sanjabi sheep. *Small Ruminant Research*, 93(2): 88-93.
- Mrode, R.A, 2014. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. 3rd Edition. CAB International Wallingford Oxfordshire OX10 8DE UK, ISBN-13: 978-1845939816.
- Müftüoğlu, S., 1969. Konya Harasında Yetiştirilen Değişik Jenerasyonda Merinos x Akkaraman Melezi Koyunların Önemli Verim Özellikleri Üzerinde Araştırmalar. L.Z.A.E. Yayınları No : 24.
- Nassiri, B., Taghi, M., Asefi, A., Karami, M. and Fayazi, J., 2016. Bayesian Estimation of Genetic Parameters of Growth Traits in Zandi Sheep. *Basrah Journal of Veterinary Research*, 15(3): 236–253.
- Ntzoufras, I., 2011. Bayesian Modeling Using WinBUGS. (Vol. 698), John Wiley & Sons.
- Okut, H., 1995. DFREML ve GIBBS Örneklemesinin Islah Amaçlı Çalışmalarda Kullanılması. *YYÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 5 (1): 121-133.
- Okut, H., 1996-97. Hayvancılıkta Kullanılan Doğrusal Modeller Ders Notları. YYÜ. Van
- Okut, H., Akbaş, Y. 1996. Varyans Unsurları Tahminlenmesinde Kullanılan Yöntemlerin Quadratic Özellikleri. DİE Araştırma Sempozyumu, Ankara.
- Okut, H., Bromley, C. M., Van Vleck, L. D. and Snowder, G. D., 1999. Genotypic Expression at Different Ages: I. Prolificacy Traits of Sheep. *Journal of Animal Science*, 77(9): 2357-2365.
- Okut, H., Kara, K., Arslan, S. ve Akbaş, Y., 1996. Hayvancılıkta Varyans Unsurlarının Tahminlenmesinde Sparse Matrisinin Kullanımı. Hayvancılık-96 Kongresi. 18-21 Eylül 1996, İZMİR p: 673-678. (Sözlü Bildiri, Tam Basım).
- Okut, H., ve Akbaş, Y., 1995. Varyans Unsurlarının Tahminlenmesinde Kullanılan Yöntemlerin Quadratic Özellikleri. Araştırma Sempozyumu' 95. Devlet İstatistik Enstitüsü Ankara.
- Orhan, H. ve Okut, H., 1996. Comparing of the Maximum Likelihood (ML) and the Least Squares (LS) Methods in Terms of Variance Components for Unequal Numbers of Observations in Subclasses. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*. 20(4): 293-297.
- Orhan, H., 1992. Alt Grup Sayıları Farklı En Yüksek Olabilirlik (EYO) Ve En Küçük (EKK) Yöntemlerinin Varyans Unsurları Bakımından Karşılaştırılması. Yüksek Lisans Tezi. Yüzüncü Yıl Üniv. Fen Bil. Enst. 47 s.
- Patterson, H.D. and Thompson R., 1971. Recovery of Interblock Information When Block Sizes Are Unequal. *Biometrika*, 58(3): 545–554.
- Prakash, V., Prince, L. L. L., Gowane, G. R. and Arora, A. L., 2012. The Estimation Of (Co)Variance Components for Growth Traits and Kleiber Ratios in Malpura Sheep

of India. *Small Ruminant Research*, 108(1-3): 54–58.  
<http://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2011.03.058>

- Pretorius, A. L. and Van der Merwe, A. J., 2000. A Nonparametric Bayesian Approach for Genetic Evaluation in Animal Breeding. *South African Journal of Animal Science*, 30(2): 138-148
- R development Core Team 2012. A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Rao, A.R. and Sanjeev, K., 2001. Bayesian Estimation of Heritability using Gibbs Sampling for Half-Sib Mating Design. *Indian Journal of Applied Statistics*. 6:12-26.
- Rao, C.R.,1971. Estimation of Variance and Covariance Components-MINQUE Theory. *Journal of Multivariate Analysis*. 1(3): 257-275.
- Rashidi, A., Mokhtari, M. S., Jahanshahi, A. S. and Abadi, M. M. ,2008. Genetic Parameter Estimates of Pre-Weaning Growth Traits in Kermani Sheep. *Small Ruminant Research*, 74(1-3): 165-171.
- Robertson, A., and Rendel, J. M., 1954. The Performance of Heifers Got By Artificial Insemination. *The Journal of Agricultural Science*, 44(2): 184-192.
- Savar-Sofla, S., Nejati-Javaremi, A., Abbasi, M. A., Vaez-Torshizi, R. and Chamani, M., 2011. Investigation on Direct and Maternal Effects on Growth Traits and the Kleiber Ratio in Moghani Sheep. *World Applied Sciences Journal*, 14(9): 1313-1319.
- Scheaffer, L., 1988. Ders Notları. Üniv. of Guelph, Guelph Ontario-Canada.
- Searle, S.R., 1964. Review of Sire-Proving Methods in New Zealand, Great Britain, and New York State . *Journal of Dairy Science*, 47(4): 402-413.
- Searle, S.R., 1979. Maximum Likelihood and Minimum Variance Estimation of Variance Components. Variance Components and Animal Breeding; a Conference in Honor of C. R. Henderson, July 16-17, Cornell University, Ithaca, New York.
- Searle, R. S., 1991. CR Henderson, the Statistician; and His Contributions to Variance Components Estimation. SYMPOSIUM: The Legacy of C.R. Henderson *Journal of Dairy Science*, 74(11): 4035-4044.
- Searle, S. R., Casella, G., and McCulloch, C. E., 1992. Variance Components (Wiley Series in Probability and Statistics). J.W. Wiley: New York.
- Searle, S.R., 1995. An Overview of Variance Component Estimation. *Metrika*, 42(1): 215-230
- Sezgin, E., Kopuzlu, S., Yüksel, S., Esenbuğa, N. and Bilgin, Ö. C., 2012. Determination of Growth Traits and Heritabilities of Growth Characteristics of Hemşin Sheep Reared in Artvin. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 18(6): 899–905.  
<http://doi.org/10.9775/kvfd.2011.5060>

- Shiotsuki, L., Cardoso, F. F., Silva, J. I. V., Rosa, G. J. M. and Albuquerque, L. G. D., 2012. Evaluation of an Average Numerator Relationship Matrix Model and a Bayesian Hierarchical Model for Growth Traits in Nellore Cattle with Uncertain Paternity. *Livestock Science*, 144(1-2): 89-95.
- Simm, G., 1998. Genetic Improvement of Cattle and Sheep. Farming Press. Miller Freeman UK Ltd. Wharfedale Road. Ipswich. IP1 4LG. United Kingdom.
- Şireli, H. D., Vural, M. E., Karataş, A., Akca, N., Koncagül, S. and Tekel, N., 2015. Birth and Weaning Weights of Awassi Lambs Raised in The Gap International Agricultural Research and Training Center. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, (JANUARY), 62: 139–145. <http://doi.org/10.1501/Vetfak>
- Sorenson, D.A., and Gianola, D., 2002. Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in Quantitative Genetics, Springer-Verlag New York, Inc.
- Sorenson, D.A., Anderson, S., Gianola D. and Korsgaard, I., 1995. Bayesian Inference in Treshold Model Using Gibbs Sampling. *Genetics Selection Evolution*, 27(3): 229-249.
- Sorenson, D.A., Wang, C.S., Jensen, J. and Gianola, D., 1994. Bayesian Analysis of Genetic Change Due to Selection Using Gibbs Sampling. *Genetics Selection Evolution*, 26(4): 333-360.
- Southwood, O. I., and Kennedy, B. W., 1990. Estimation of Direct and Maternal Genetic Variance for Litter Size in Canadian Yorkshire and Landrace Swine Using an Animal Model. *Journal of Animal Science*, 68(7): 1841-1847.
- Soysal, M. İ., 2002. Hayvan Islahının Genetik Prensipleri. Trakya Üniversitesi, Tekirdağ Ziraat Fakültesi, Yayın No:48, Tekirdağ.
- Soysal, M.İ., 2000. Hayvan Islahının Genetik Prensipleri. Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Yayın No:48. Tekirdağ.
- Soysal, M.İ., 2005. Hayvan Islahının Genetik Prensipleri. Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Yayın No: 48, Ders Notu No:40. 314s. Tekirdağ
- Spiegelhalter, D. J., Best, N. G., Carlin, B. P. and Van Der Linde, A., 2002. Bayesian Measures of Model Complexity and Fit. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)*, 64(4): 583-639.
- Swallow, W. H. and Monahan, J. F., 1984. Monte Carlo Comparison of ANOVA, MIVQUE, REML, and ML Estimators of Variance Components. *Technometrics*, 26(1): 47-57.
- Swallow, W. H. and Searle, S. R., 1978. Minirnum Variance Quadratic Unbiased Estimation (MINQUE) of Variance Components. *Technometrics*, 20(3): 265- 272.
- Synman, M. A., Olivier, J. J. and Olivier, W. J., 1996. Variance Components and Genetic Parameters for Body Weight and Fleece Traits of Merino Sheep in An Arid Environment. *South African Journal of Animal Science*, 26(1): 11-14.

- Szwaczkowski, T., 2003. Use of Mixed Model Methodology in Poultry Breeding: Estimation of Genetic Parameters. *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology (WM Muir and SE Aggrey, Eds.)*. CAB International, 11: 165-201.
- Tariq, M. M., Bajwa, M. A., Abbas, F., Waheed, A., Bokhari, F. A. and Rafiq, M., 2010. Heritability of Pre-weaning Growth Performance Traits in Mengali sheep in (Balochistan) Pakistan. *International Journal of Biodiversity and Conservation*, 2(10): 284-288.
- Taşkın, T., Kaymakçı, M., Sönmez, R., Murat, Y. and Bardakçioğlu, H. E., 2012. Genetic and Non-Genetic Parameter Estimates for Growth Traits of Sönmez Lambs. *Veterinarija Ir Zootechnika (Vet Med Zoot)*, 60(82): 79-83.
- Tekin, M.E., 2000. Varyasyon Kaynakları ve Çevre Faktörlerinin İstatistiksel Eliminasyonu. Selçuk Üniversitesi Veteriner Fakültesi Yayın Ünitesi. Konya.
- Tempelman, R. J., 1998. Generalized Linear Mixed Models in Dairy Cattle Breeding. *Journal of Dairy Science*, 81(5): 1428-1444.
- Thompson, R., 1969. Iterative Estimation of Variance Components for Non-Orthogonal Data. *Biometrics*, 25(4): 767-773.
- Tohidi, R., A. Javanm and V. Shamsabadi, 2016. Analysis of the Non-Genetic Factors Affecting the Growth Traits of Balouchi Sheep. *Journal of Biodiversity and Environmental Sciences*, 8: 67-73.
- Tüzemen, N., Yanar, M. ve Akbulut, Ö., 2003. Hayvan Islahı. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ders Yayınları. No: 230. Erzurum.
- Ürüşan, H. ve Emsen, H., 2010. Kuzulama Mevsimi, Kuzu Genotipi, Anne ve Doğumla İlgili Faktörlerin Kuzuların Büyüme ve Yaşama Gücü Üzerine Etkileri. Effect of Lambing Season, Lamb Genotype, Maternal and Birth Related Factors on Growth and Viability of Lambs. *JOTAF/Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 7(3): 163-171.
- Van Vleck, L. D. and Boldman, K. G. (1993). Sequential Transformation For Multiple Traits For Estimation of (Co) Variance Components with A Derivative-Free Algorithm for Restricted Maximum Likelihood. *Journal of Animal Science*, 71(4): 836-844.
- Vanlı, Y., Özsoy, M.K., Baş, S. ve Kaygısız, A., 2012. Populasyon ve Biyometrik Genetik. Yayın no: 11, Ders Kitabı No: 4. Tekirdağ.
- VanVleck, L. D., Wadell, L. H. and Henderson, C. R., 1961. Components of Variance Associated With Milk and Fat Records of Artificially Sired Holstein Daughters. *Journal of Animal Science*, 20(4): 812-816.
- Varona, L., Moreno, C., Garcia-Cortes, L. A. and Altarriba, J., 1994. Estimación Multicarácter De Componentes De Varianza Y Covarianza En Vacuno Lechero Mediante Muestreo De Gibbs. *Revista Portuguesa de Zootecnia*, 1: 185-195.
- Wang, C. S., Rutledge, J. J. and Gianola, D., 1993. Marginal Inferences About Variance Components in A Mixed Linear Model Using Gibbs sampling. *Genetics Selection*

*Evolution*, 25(1): 41-62.

Willham, R. L., 1972. The Role of Maternal Effects in Animal Breeding: III. Biometrical Aspects of Maternal Effects in Animals. *Journal of Animal Science*, 35(6): 1288-1293.

Wright, D. R., Stern, H. S. and Berger, P. J., 2000. Comparing Traditional and Bayesian Analyses of Selection Experiments in Animal Breeding. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*, 5(2): 240-256.

Yağcı, S., 2017. Şavak Akkaraman Koyunlarının Bazı Morfolojik Ve Fizyolojik Özellikleri İle Moleküler Filogenetik İlişkilerin Belirlenmesi. Doktora Tezi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı. Kahramanmaraş. 148s.

Yardımcı, A. ve Erar A., 2005. Gibbs Sampling Approach to Variable Selection in Linear Regression with Outlier Values. *Gazi University Journal of Science*, 18(4): 603-611.

Zishiri, O. T., Cloete, S. W. P., Olivier, J. J. and Dzama, K., 2014. Genetic Parameters for Live Weight Traits in South African Terminal Sire Sheep Breeds. *Small Ruminant Research*, 116(2-3): 118-125.  
<http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.11.005>

## ÖZGEÇMİŞ

### Kişisel Bilgiler

Adı, soyadı : Adile TATLIYER  
Uyruğu : T.C.  
Doğum tarihi ve yeri : 15.11.1986, KAHRAMANMARAŞ  
Medeni hali : Bekar  
Telefon : 0542 717 14 86  
e-posta : tatliyeradile@gmail.com

### Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet tarihi
Yüksek lisans	KSÜ / Zootekni ABD	2011
Lisans	KSÜ / Zootekni Bölümü	2008
Lise	Kadriye Çalık Anadolu Lisesi	2004

### İş Deneyimi

Yıl	Yer	Görev
2009-2011	Kahramanmaraş	KSÜ Ziraat Fakültesi (Arş. Gör.)
2011-2014	Isparta	SDÜ Ziraat Fakültesi (Arş. Gör.)
2014- devam ediyor	Kahramanmaraş	KSÜ Ziraat Fakültesi (Arş. Gör.)

### Yabancı Dil

İngilizce

## Yayınlar

### A. Uluslararası yayınlar

- Eydurhan Ecevit, Keskin İsmail, Ertürk Yakup Erdal, Dağ Birol, **Tatlıyer Adile**, Tirink Cem, Aksahan Rıfat, Tariq Mohammad Masood (2016). Prediction of Fleece Weight from Wool Characteristics of Sheep Using Regression Tree Method (Chaid Algoritmi). Pakistan Journal of Zoology, 48(4), 957-960. (Yayın No: 2826105)
- Orhan, H., Eydurhan, E., Tatlıyer, A., & Saygici, H. (2016). Prediction of egg weight from egg quality characteristics via ridge regression and regression tree methods. Revista Brasileira de Zootecnia, 45(7), 380-385
- Orhan Hikmet, **Tatlıyer Adile** (2016). Comparison of Factorial and Taguchi Designs in Poultry Science Data. International Journal of Development Research, 6(06), 8113-8116. (Yayın No: 2842710)
- Çelik Şenol, **Tatlıyer Adile** (2016). Ranking of Provinces in Turkey According to Numbers of Animal through Factor Analysis. International Journal of Development Research, 6(02), 6620-6626. (Yayın No: 2609745)
- Khan Marina, Mohammad Masood Tariq, Eydurhan Ecevit, **Tatlıyer Adile**, Rafeeq Majed, Abbas Farhat, Nadeem Rashid, Muhammad Arif Awan, Khalid Javed (2014). Estimating Body Weight from Several Body Measurements in Harnai Sheep without Multicollinearity Problem. Journal of Animal and Plant Sciences, 24(1), 120-126. (Yayın No: 2609725)
- Şahin Mustafa, Güven İnan, Atalay Ali İhsan, **Tatlıyer Adile** (2011). Comparison of Some Mathematical Models Used in Gas Production Technique. Journal of Animal and Veterinary Advances, 10(18), 2465-2469. (Yayın No: 2609628)
- Özkan Çağrı Özgür, Atalay Ali İhsan, Güven İnan, Kaya Emrah, **Tatlıyer Adile** (2011). Crude Protein and Amino Acid Compositions of Some Protein Sources Used Livestock Production in South of Turkey. Asian Journal of Animal and Veterinary Advances, 6(7), 750-753., Doi: 10.3923/ajava.2011.750.753 (Yayın No: 2609691)
- Kamalak Adem, Atalay Ali İhsan, Özkan Çağrı Özgür, Kaya Emrah, **Tatlıyer Adile** (2011). Üç Farklı Dönemde Hasat Edilen Trigonella kotschi Otunun Potansiyel Besleme Değerinin Belirlenmesi. Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi, 17(4), 635-640., Doi: 10.9775/kvfd.2011.4553 (Yayın No: 2609682)
- Kamalak Adem, Atalay Ali İhsan, Özkan Çağrı Özgür, **Tatlıyer Adile**, Kaya Emrah (2011). Effect of Essential Orange (Citrus sinensis L.) Oil on Rumen Microbial Fermentation Using In Vitro Gas Production Technique. The Journal of Animal & Plant Sciences, 21(4), 764-769. (Yayın No: 2609678)

## **B. Ulusal yayınlar**

- Eyduran Ecevit, Tatliyer Adile, Abdul Waheed, Tariq Mohammad Masood (2013). Determination of the Most Appropriate Covariance Structure for Data with Missing Observations in Repeated Measures Design. KSU Journal of Natural Science, 16(3), 32-37. (Yayın No: 2609623)

## **C. Uluslararası kongrelerde sunulan bildiriler**

- Serdar Yağcı, Adile Tatliyer, Sinan Baş. Some Morphological Characteristics in Indigenous Şavak Akkaraman Sheep: Supernumerary Teat (hyperthelia), Presence of Horny and Wattle. International Agriculture Science Congress, 9-12 May 2018, Van, Turkey.
- Burcu Mestav, Adile Tatliyer, Sinan Baş. Generalized Linear Mixed Model Versus Transformation on Bayesian Approach. International Agriculture Science Congress, 9-12 May 2018, Van, Turkey.
- Burcu Mestav, Adile Tatliyer, Sinan Baş. Meta-Analysis of Heritability Estimates for Growth Trait in Different Sheep Breeds. International Agriculture Science Congress, 9-12 May 2018, Van, Turkey.
- Adile Tatliyer, Sinan Baş, Serdar Yağcı. Usage of Factor Scores in Multiple Regression for Live Weight Estimation in Şavak Akkaraman Lambs. International 8<sup>th</sup> Balkan Animal Science Conference, 6-8 September, Balnimalcon 2017, Prizren, Kosova.
- Baş Sinan, Dayısoylu Sinan, Tatliyer Adile, Ata Mustafa (2016). Changes in Some Components of Hair Goat's Milk during Lactation. 12<sup>th</sup> International Conference on Goats. 25-30 September, Antalya, Turkey.
- Orhan Hikmet, Tatliyer Adile (2014). A. Modelling Lactation of Cows Milk Production Curve Using Box-Jenkins and Spectral Methods. 15th International Symposium on Econometrics, Operations Research and Statistics. 22-24 May, Isparta, Turkey.
- Orhan Hikmet, Eyduran Ecevit, Tatliyer Adile, Saygıcı Hasan (2013). Prediction of Egg Weight from Egg Quality Characteristics Using Ridge Regression and Regression Tree Methods. VI. International Balkan Animal Conference. 3- 5 October, Tekirdağ, Turkey.
- Eyduran Ecevit, Tatliyer Adile, Abdul Waheed, Tariq Mohammed Masood (2013). Determination of the Most Appropriate Covariance Structure for Data with Missing Observations in Repeated Measures Design. VI. International Balkan Animal Conference. 3- 5 October, Tekirdağ, Turkey
- Koşkan Özgür, Tatliyer Adile, Aliç Ural Deniz (2013). Applicability of Weibull, Log-Logistic and Cox regression Models on Agricultural Data. Agriculture Sixth Annual International Conference on Agriculture, 15-18 July 2013, Athens, Greece.
- Orhan Hikmet, Çetin Emine, Tatliyer Adile, Taştan Saide Nur (2012). Laktasyon ve 305 Günlük Süt Verim Tahminlerinin Yapay Sinir Ağları ve Çoklu Regresyon Analizi ile Karşılaştırmalı Olarak İncelenmesi. International Animal Science Congress of Turkish and Relatives Communities, 11-13 September, Isparta, Turkey.

- Tatlıyer Adile, Öztürk Durmuş, Kamalak Adem (2012). Determination of Potential Nutritive Value of Leaves of *Arbutus Adrachne*. International Animal Science Congress of Turkish and Relatives Communities. 11-13 September, Isparta, Turkey.

#### **D. Ulusal kongrelerde sunulan bildiriler**

- Tatlıyer Adile, Yavuz Esra, Şahin Mustafa, Ünalın Adnan,Çiğdem Güler,Sözeyatarlar Murat,Farsak Meryem (2016). Alman Alaca X Kıl Keçisi Melezlerinde Bireysel Laktasyon Eğrilerinin Modellenmesi. 12. Ulusal Zootečni Öğrenci Kongresi, 9-11 May, Isparta.
- Tatlıyer Adile, Nariç Doğan (2016). Parametrik ve Parametrik Olmayan Dönüşüm Yöntemlerinin Genetik Parametre Tahminlerine Etkileri. 12. Ulusal Zootečni Öğrenci Kongresi, 9-11 May, Isparta.
- Baş Sinan, Tatlıyer Adile, Tolun Tolga, Aslan Fatih (2015). Kahramanmaraş ilinde küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinin yapısal durumu ve sosyo-ekonomik özellikleri.. İç Anadolu Bölgesi, 2. Ulusal Tarım ve Gıda Kongresi, 28-30 April, Nevşehir.
- Şahin Mustafa, Tatlıyer Adile, Betül Dal, Osman Niyazi Kazancı (2015). Laktasyon eğrilerinin modellenmesinde kullanılan kübik parçalı regresyonlar için optimum boğum sayısı ve konumun belirlenmesi. İç Anadolu Bölgesi, 2. Ulusal Tarım ve Gıda Kongresi, 28-30 April, Nevşehir.
- Tatlıyer Adile, Orhan Hikmet, Küçüksille Ecir Uğur, Çetin Emine (2013). Etlik Piliçlerde Toplam Karkasın Veri Madenciliği İle Tahmini. 8. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi, (Yayın 5-7 September, Çanakkale.
- Tatlıyer Adile, Orhan Hikmet (2012). Taguchi Metodu ve Hayvancılık Alanında Uygulaması. Uluslararası Katılımlı XIV. Ulusal Biyoistatistik Kongresi, 4-7 September, Kayseri.

#### **Erasmus**

- Warsaw Faculty of Agriculture and Biology (SGGW), Warsaw, Poland: 2005 (Erasmus Öğrenci Değişim Programı)
- Warsaw Faculty of Agriculture and Biology (SGGW), Warsaw, Poland: 2005 (Erasmus Staj Programı)
- Università degli Studi di Firenze (UniFI), Italy: 8-12 June, 2015 (Öğrenim Hareketliliği Programı)
- Complutense University of Madrid (Universidad Complutense de Madrid, UCM), Veterinary Faculty, Department of Animal Production, Madrid, Spain: 18.05.2018-10.08.2018, (Erasmus Staj Programı).

#### **Hobiler**

Yüzme, Bisiklete binme, Kitap okuma