

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**ÇOK ÖZELLİKLİ KARIŞIK DOĞRUSAL MODEL EŞİTLİKLERİ
KULLANARAK ETLİK BILDİRCİN ANA VE BABA EBEVEYN HATLARI
GELİŞTİRME ÜZERİNE BİR ARAŞTIRMA**

Doğan NARİNÇ

**DOKTORA TEZİ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

2013

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**ÇOK ÖZELLİKLİ KARIŞIK DOĞRUSAL MODEL EŞİTLİKLERİ
KULLANARAK ETLİK BILDİRCİN ANA VE BABA EBEVEYN HATLARI
GELİŞTİRME ÜZERİNE BİR ARAŞTIRMA**

Doğın NARİNÇ

**DOKTORA TEZİ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

**(Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından 2011.03.0121.005 nolu proje ile desteklenmiştir.)**

2013

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**ÇOK ÖZELLİKLİ KARIŞIK DOĞRUSAL MODEL EŞİTLİKLERİ
KULLANARAK ETLİK BILDIRCIN ANA VE BABA EBEVEYN HATLARI
GELİŞTİRME ÜZERİNE BİR ARAŞTIRMA**

Doğın NARİNÇ

**DOKTORA TEZİ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

Bu tez 17/09/2013 tarihinde aşğıdaki jüri tarafından Oybirliğı ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Tülin AKSOY
Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT
Prof. Dr. Servet YALÇIN
Prof. Dr. İbrahim Zafer ARIK
Doç. Dr. Kemal KARABAĞ

ÖZET

Çok Özellikli Karışık Doğrusal Model Eşitlikleri Kullanarak Etlik Bildircin Ana ve Baba Ebeveyn Hatları Geliştirme Üzerine Bir Araştırma

Doğan NARİNÇ

Doktora Tezi, Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Tülin AKSOY

Haziran 2013, 147 sayfa

Kanatlı ıslahı hayvanların genetik potansiyellerini seleksiyon ve melezleme çalışmalarıyla arttırmayı hedeflemektedir. Günümüzün etlik piliç hibritlerinin ıslah programlarının temelinde uzun yıllar seleksiyon uygulanmış elit saf hatlar bulunmaktadır. Bu saf yetiştirilmiş kapalı hatların üçlü ya da dörtlü melezlerinden etlik piliç hibritleri elde edilmektedir. Islah çalışmalarında kullanılan genetik parametreler başlangıçta seleksiyonla gerçekleşen parametrelerden faydalanılarak tahmin edilmekteydi. Ancak günümüzde karışık model metodolojisinin uygulanması varyans unsurlarının bilinmesini gerektirmektedir. Ana ve baba hatlarının seleksiyonla iyileştirilmesi, farklı özelliklerin farklı hatlarda geliştirilebilmesi açısından kanatlı ıslahçılara bazı avantajlar sağlamaktadır. Günümüzde ticari etlik piliç ıslah şirketleri, farklı ana ve baba hatlarında farklı özellikleri çok özellikli seleksiyon uygulayarak geliştirmektedir.

Japon bildircini küçük vücut cüssesine rağmen yüksek yumurta ve et verim kapasitesiyle ticari üretimde önemli rol oynamaktadır. Bildircinlerde gerçekleştirilen ıslah çalışmalarının çoğunda erken yaşlardaki kısmi yumurta verimi ya da sabit bir yaşa ait canlı ağırlık değerleri kullanılarak fenotipik kitle seleksiyonu uygulanmıştır. Et ya da yumurta verimi için ıslah edilmiş bildircin hatlarına ilişkin çok sayıda çalışma bulunmaktadır ancak bildircinlerde melezleme çalışmaları çok az sayıdadır. Ticari etlik piliç üretiminin aksine seleksiyon yapılmış bildircinlerin melezlenerek elde edilen ürünlerin ticari üretimde kullanımı çok azdır.

Bu çalışmada et tipi bildircin ana ve baba hatları geliştirmek üzere karışık model eşitliklerinden faydalanılarak çok özellikli seleksiyon programları geliştirilmesi hedeflenmiştir. Yaklaşık 5000 pedigrı kaydı bulunan bireylerle gerçekleştirilen bu araştırmada bildircinlerde seleksiyon için ilk kez çok özellikli birey modeli kullanılmıştır. Türkiye'nin farklı araştırma merkezlerinden tedarik edilen şansa bağlı çiftleşmiş, seleksiyon uygulanmamış bildircinler ile iki başlangıç sürüsü oluşturulmuştur. Başlangıç sürüsünden 320 aileden oluşan (320 erkek- 960 dişi) ana hattı (AHSS-1) ve baba hattı (BHSS-1) için iki seleksiyon sürüsü elde edilmiştir. Her iki sürü için ilk seleksiyon kriteri olarak 5 haftalık yaştaki canlı ağırlık (CA) seçilmiştir. Ana hattında 20 haftalık yaşa kadar olan toplam yumurta verimi (YV), Gompertz büyüme eğrisinden tahmin edilen 5 haftalık yaştaki bağıl büyüme hızı (BBH) ve döllülük oranı (DO) özellikleri seleksiyon kriterleri olarak kullanılmıştır. Baba hattında

ise Gompertz büyüme eğrisinden tahmin edilen bükülme noktası yaşı (BNY), 3-5 haftalık yaşlar arası kümülatif yem dönüşüm oranı (YDO) ve 5 haftalık yaştaki karkas randımanı (KV) özellikleri seleksiyon kriterleri olarak kullanılmıştır. Her iki sürüde de çok özellikli BLUP değerleri elde edilmiş ve damızlık değerlerine göre erkek ve dişi bıldırcınların en iyi % 25'i bir sonraki sürülerin (AHSS-2 ve BHSS-2) ebeveynleri olacak şekilde seçilmiştir. Seleksiyon sonrasında genetik parametre tahminleri, gerçekleşen genetik parametreler, seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemeler ve genetik yönelimler elde edilmiştir. AHSS-1 sürüsünde CA, YV, BBH ve DO özellikleri için orta-yüksek kalıtım dereceleri tahmin edilirken, AHSS-2 sürüsünde söz konusu özelliklere ait kalıtım dereceleri düşük-orta seviyelerde tahmin edilmiştir. BHSS-1 sürüsünde CA, BNY, YDO ve KV özellikleri için kalıtım dereceleri sırasıyla 0,36, 0,20, 0,14 ve 0,55 olarak tahmin edilirken, BHSS-2'de aynı özellikler sırayla 0,23, 0,21, 0,13 ve 0,53 olarak tahmin edilmiştir. Her iki hatta da toplam 8 özellik için yapılan seleksiyon sonucunda ana hattındaki DO özelliği hariç tüm özellikler için istatistiksel olarak anlamlı genetik ilerlemeler sağlanmıştır ($P<0,01$).

Çalışma sonuçları negatif genetik ilişkili özelliklerin çok özellikli BLUP yöntemiyle seleksiyonda bir arada değerlendirilebileceğini ortaya koymuştur. Bunun yanında, çok özellikli BLUP yöntemi, mevcut tüm bilgiden faydalanması bakımından daha doğru genetik bilgiye ulaşmayı sağlamaktadır.

ANAHTAR KELİMELELER: Bıldırcın, Birey modeli, Çok özellikli damızlık değer, Çok özellikli genetik parametre tahmini, Genetik ilerleme

JÜRİ: Prof. Dr. Tülin AKSOY (Danışman)
Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT
Prof. Dr. Servet YALÇIN
Prof. Dr. İbrahim Zafer ARIK
Doç. Dr. Kemal KARABAĞ

ABSTRACT

A Research on the Development of Meat Type Dam and Sire Quail Lines Using Multi Trait Mixed Model Equations

Doğan NARİNÇ

PhD in Animal Science

Supervisor: Prof. Dr. Tülin AKSOY

June 2013, 147 pages

Poultry breeding programs are aimed to improve the genetic potential of animals through selection and crossbreeding plans. Highly selected elite sire and dam purelines form the basis of today's broiler breeding programs. Commercial broilers are obtained from three-way or four-way crosses of specific closed purebreeding lines. Initially, realized genetic parameters in the selection experiments were used in estimation of heritabilities and genetic correlations. Currently, the application of mixed model methodology (leading to the best linear unbiased prediction of genetic effects), which requires the knowledge of variance components (direct additive genetic variance and residual variance for the simplest animal model), is the method of choice. Genetic improvement of sire and dam lines has given poultry geneticists the opportunity to take advantage of various traits in different parental lines. The selection programs in commercial broiler companies are based on multiple selection methods for different traits, such as growth rate, feed efficiency, and reproduction traits.

Despite their small body size, Japanese quail have an important role in commercial production because of having high egg and meat production capacity. Much of the genetic improvement studies on quail have focused on early egg number or body weight at fixed ages in which the phenotypic mass selection is considered. Information on quail lines selected for meat or egg production is extensive but the data on heterosis in quail are rare. Contrary to commercial broiler production, crossbreeding of highly selected lines have been rather little use in quail production.

The present study in Japanese quail was aimed to develop multi-trait genetic selection programs for meat type dam and sire lines utilizing the mixed-model methodology. In total, 5000 pedigreed quail were formed the basis of the research where a multi-trait animal model was performed for the first time in a selection study of quail. Two pedigreed initial flocks were achieved by randombred and non-selected quail flocks obtained from different research centers of Turkey. Then, two flocks consisting of a total of 320 families (320 male- 960 female) were developed from the initial flocks, so as to obtain a selection flock dam line (SF DL-1) and a selection flock sire line (SFS L-1). Body weight at 5 weeks of age (BW) was chosen as a primary selection criterion in both flocks. The total egg number (EN) from the day of first lay to the 20 weeks of age, relative growth rate (RGR) at 5 weeks of age derived from Gompertz equation, and fertility rate (FR) were used as selection criteria in SF DL. In SFS L, age at point of inflection (IPA) derived from Gompertz growth curve, feed conversion ratio

(FCR) between 3 to 5 weeks of age, and carcass yield (CY) at 5 weeks of age were determined as selection criteria. Multi-trait BLUP methodology was carried out separately for each line in genetic improvement of birds. Within each flock, 25 percent of males and females with highest breeding value were selected to produce next generations (SFDL-2 and SFSL-2). Genetic parameter estimates, realized genetic parameters, selection responses, and genetic trends were obtained for both flock. Heritabilities of BW, EN, RGR and FR traits were estimated ranging from moderate to high in SFDL-1, and from low to moderate in SFDL-2. Heritabilities of BW, IPA, FCR, and CY traits in SFSL-1 were estimated as 0,36, 0,20, 0,14, and 0,55 while the parameters in SFSL-2 were estimated to be 0,23, 0,21, 0,13, and 0,53, respectively. Significant ($P < 0,01$) improvements for means of BW, EN, RGR in SFDL, and BW, IPA, FCR, CY traits on generations in both flocks were observed.

The results of the study revealed that the negative genetic relationships exhibited between some studied traits were overcome by modern poultry breeding methods such as selection via multi-trait BLUP. The more accurate genetic evaluation can be performed by multi-trait BLUP which uses all available information from several correlated traits as well as records of all relatives than other alternatives.

KEYWORDS: Quail, Animal model, Multi trait breeding values, Multi-trait genetic parameters estimation, Selection response

COMMITTEE: Prof. Dr. Tülin AKSOY (Supervisor)
Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT
Prof. Dr. Servet YALÇIN
Prof. Dr. İbrahim Zafer ARIK
Assoc. Dr. Kemal KARABAĞ

ÖNSÖZ

Kanatlı hayvanlar, gün geçtikçe artan dünya nüfusunun hayvansal protein gereksinmesinin karşılanmasında en önemli katkıyı sağlayan materyallerdir. Türkiye hem üretim miktarı hem de uyguladığı gelişmiş teknoloji ile Avrupa ve dünya kanatlı eti ve yumurtası üretiminin önde gelen başarılı bir üyesidir. Ancak, özellikle tavukçuluk sektörünün yaşamsal öneme sahip başlıca girdisi olan etçi ve yumurtacı hibrit hayvan materyallerini sağlama bakımından dünyada mutlak bir tekelleşme söz konusudur. Günümüzde Kuzey Avrupa ve Amerika kökenli iki ıslah firması pazarın 2/3'sinden fazlasına hâkimdir. Türkiye de, hem et hem yumurta tavukçuluğunda kullanılan hayvan materyallerini sağlanmasında mutlak şekilde dışa bağımlıdır. Kırmızı et üretiminde yaşanan sıkıntılar nedeni ile tavuk etinin ülkemiz açısından taşıdığı önem daha da belirgin hale gelmiştir. İnsanımızın tükettiği etin yaklaşık % 60'ı tavuk etidir, oysa dünya genelinde tüketilen etin yaklaşık % 33'ü kanatlı eti ile karşılanır. Ülkemiz açısından bu kadar önemli bir konuda mutlak dışa bağımlılık kabul edilemez bir durumdur.

Bıldırcın, yıllardan beri çeşitli disiplinler bakımından model hayvan olarak kullanılan bir türdür, bunun yanında Türkiye'de özellikle son 10 yıl içerisinde bıldırcın eti ve yumurtasına talep artışı olmuş, bu ürünler yaygın olarak marketlerde satılmaya başlanmıştır. Bıldırcın üreticilerimiz ise ıslah edilmemiş hayvanlarla çalışmaktadır ve bıldırcın ıslahı konusunda bilgi ve beceriye sahip değillerdir. Bu çalışmada, çok uluslu ıslah şirketleri tarafından etlik piliç ıslahında kullanılan, çok özellikli karışık doğrusal modellerden "birey modeli" ile bıldırcın türünde ilk kez çok özellikli BLUP değerleri kullanılarak iki paralel hatta seleksiyon gerçekleştirilmesi hedeflenmiş ve söz konusu yöntemler tanıtılmıştır. Modern kanatlı ıslahının ilk aşamalarından biri olan ana ve baba hatlarının geliştirilmesi ve bunların hat içi seleksiyonunda uygulanacak modern yöntemler hakkında bilgilerin derlenmesi ve ilerleyen kuşaklara yönelik öngörülerin kurgulanması amaçlanmıştır. Böylelikle bıldırcın ıslahı konusunda deneyim kazanılması, bu kazanımların daha ileriye taşınması ve sonuçların üreticiler ve kanatlı ıslahı ile ilgilenen akademisyenlerle paylaşılması amaçlanmıştır. Ancak çalışmanın nihai hedefi bu alandaki deneyimlerin etlik piliç ıslahına aktarılması ve ülkemizin dışa bağımlılığını azaltmaya yönelik çalışmalara katkısı olan bir çalışma olmasıdır.

Lisansüstü eğitimimde öncelikli çalışma konumun "kanatlı hayvan ıslahı" olması konusunda beni yönlendiren ve bu doktora tezinin hem kurgulanması, hem projelendirilmesi ve uygulanması, hem de bu tezin ortaya çıkma süreçlerinin tamamında bana yol gösteren danışman hocam Sayın Prof. Dr. Tülin AKSOY'a öncelikle teşekkürlerimi sunarım. Islah ve biyometri konularında bilgi ve birikimlerini benimle paylaşan, konuya ilgisini esirgemeyen hocam Sayın Mehmet Ziya FIRAT'a teşekkürü borç bilirim. Yaklaşık 5000 hayvan ile gerçekleştirilen ve 3 ayrı proje ile desteklenen bu çalışmanın hem verilerin toplanma aşamasında, hem de kantitatif genetik analiz aşamasında yoğun çaba gösteren çalışma arkadaşım Sayın Arş. Gör. Emre KARAMAN'a teşekkürlerimi sunarım. Yaklaşık üç yıl boyunca süren kümes uygulamaları, verilerin toplanması ve organizasyonu aşamalarında Zootekni Bölümü'nden çok fazla sayıda lisans öğrencisi bizimle birlikte canla başla çalışmıştır. Burada isimlerini sayamadığım tüm öğrenci arkadaşlara teşekkürü borç bilirim. Ayrıca bu çalışmayı 1002 programı çerçevesinde destekleyen TÜBİTAK'a ve hem A tipi

arařtırma projesi hem de doktora projesi olarak finansal destekler saęlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Arařtırma Projeleri Koordinasyon Birimi'ne ve saygıdeęer alıřanlarına teřekkür ederim. Son olarak, proje kapsamındaki yoğun alıřma programı nedeniyle yeterince yanında olamadıęım ancak her zaman desteęini gördüęüm sevgili eřim Nihan Öksüz NARİNÇ'e teřekkürü bor bilirim.

İÇİNDEKİLER DİZİNİ

ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖNSÖZ	v
İÇİNDEKİLER	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xii
1. GİRİŞ.....	1
2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMA.....	4
2.1. Kanatlı Hayvan Islahı.....	4
2.1.1. Kanatlı hayvan ıslahının tarihsel gelişimi.....	5
2.1.2. Akrabalık ilişkileri.....	7
2.1.3. Varyasyon kaynakları.....	11
2.1.4. Varyans unsurları ve kalıtım derecesi tahminleri.....	13
2.1.5. Kovaryans unsurları ve genetik korelasyon tahminleri.....	14
2.1.6. Damızlık değer ve seleksiyon indeksi.....	15
2.1.7. Karışık model eşitlikleri.....	16
2.1.8. Tek özellikli birey modeli.....	20
2.1.9. Çok özellikli birey modeli.....	20
2.1.10. Seleksiyon.....	21
2.2. Japon Bildircinlarının Islahına Yönelik Araştırmalar.....	22
2.2.1. Büyüme	22
2.2.2. Yemden yararlanma.....	26
2.2.3. Karkas verimi.....	26
2.2.4. Yumurta verimi ve döllülük.....	27
3. MATERYAL VE METOT.....	30
3.1. Hayvan Materyali.....	30
3.2. Barındırma ve Besleme.....	32
3.3. Verilerin Toplanması.....	33
3.4. Verilerin Değerlendirilmesi ve İstatistiksel Analizler.....	34
3.4.1. Tanımlayıcı istatistikler ve hipotez testleri.....	35
3.4.2. Büyüme eğrisi analizleri.....	37
3.4.3. Bireylerde ölçülemeyen özelliklerin tahmini.....	37
3.4.4. Genetik parametre tahminleri.....	38
3.4.5. Damızlık değer tahminleri.....	39
3.5. Seleksiyon.....	40
3.6. Seleksiyonla Gerçekleşen Genetik Değişim ve Yönelim.....	41
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	42
4.1. Ana Hattı.....	42
4.1.1. Tanımlayıcı istatistikler ve hipotez testleri.....	42
4.1.2. Büyüme eğrisi analizleri.....	45
4.1.3. Genetik parametre tahminleri.....	56
4.1.4. Seleksiyon.....	60
4.1.5. Genetik yönelim.....	64
4.2. Baba Hattı.....	69
4.2.1. Tanımlayıcı istatistikler ve hipotez testleri.....	69

4.2.2. Büyüme eğrisi analizleri.....	73
4.2.3. Genetik parametre tahminleri.....	84
4.2.4. Seleksiyon.....	88
4.2.5. Genetik yönelim.....	92
5. SONUÇ.....	97
6. KAYNAKLAR.....	99
7. EKLER.....	119
EK 1: Genç ebeveyn-yavru çiftleştirme örneği	119
EK 2: Hat yetiştirme çiftleştirme örneği	120
EK 3: Öz kardeş çiftleştirme örneği	121
EK 4: Üvey kardeş çiftleştirmesi örneği	123
EK 5: Karışık çiftleştirme örneği	125
EK 6: Farklı tahmincilerle kalıtım derecelerinin tahmini	127
EK 7: Varyans-kovaryans unsurlarının tahmini	132
EK 8: Tek özellikli birey modeline ait örnek.....	136
EK 9: Çok özellikli birey modeline ait örnek.....	142
8. ÖZGEÇMİŞ	

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

h^2	Kalıtım derecesi
r_g	Genetik korelasyon
r_p	Fenotipik korelasyon
ΔG	Genetik ilerleme
i	Seleksiyon yoğunluğu
σ_{xy}	Kovaryans
σ^2	Varyans
μ	Ortalama
G	Genetik varyans kovaryans matrisi
P	Fenotipik varyans kovaryans matrisi
R	Hata varyans kovaryans matrisi
S	Seleksiyon üstünlüğü
y	Verim
t	Zaman

Kısaltmalar

BS	Başlangıç Sürüsü
AHBS	Ana Hattı Başlangıç Sürüsü
BHBS	Baba Hattı Başlangıç Sürüsü
AHSS	Ana Hattı Seleksiyon Sürüsü
BHSS	Baba Hattı Seleksiyon Sürüsü
KS	Kesim Sürüsü
CA	Canlı Ağırlık
BNY	Bükülme Noktası Yaşı
BNA	Bükülme Noktası Ağırlığı
BBH	Bağıl Büyüme Hızı
MBH	Mutlak Büyüme Hızı
YDO	Yem Dönüşüm Oranı
KV	Karkas Verimi
YV	Yumurta Verimi
DO	Döllülük Oranı
KME	Karışık Model Eşitliği
BLUP	En İyi Doğrusal Yansız Kestirim
ANOVA	Varyans Analizi
ML	En Çok Olabilirlik
REML	Kısıtlandırılmış En Çok Olabilirlik
DD	Damızlık Değer

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1.	Genç-ebeveyn-yavru çiftleşmelerine örnek soy izleri.....	9
Şekil 2.2.	Hat yetiştirme çiftleşmesine örnek soy izleri.....	9
Şekil 2.3.	Öz kardeş çiftleşmesine örnek soy izleri.....	9
Şekil 2.4.	Üvey kardeş çiftleşme örneği soy izleri.....	10
Şekil 2.5.	Karışık çiftleşmeler içeren soy izleri.....	10
Şekil 2.6.	Kanatlı hayvanlarda fenotipik varyansın unsurları.....	12
Şekil 2.7.	BLUP örneği için karışık model eşitliğinde desen matrisleri.....	17
Şekil 3.1.	Çalışmada kullanılan sürülere ilişkin görsel.....	30
Şekil 4.1.	AHBS bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi.....	47
Şekil 4.2.	AHSS-1 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi.....	47
Şekil 4.3.	AHSS-2 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi.....	48
Şekil 4.4.	AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrileri.....	49
Şekil 4.5.	AHBS bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrileri.....	51
Şekil 4.6.	AHSS-1 bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrileri.....	51
Şekil 4.7.	AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrileri.....	52
Şekil 4.8.	AHBS, BHSS-1 ve AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrisi.....	52
Şekil 4.9.	AHBS bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrisi.....	54
Şekil 4.10.	AHSS-1 bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrisi	54
Şekil 4.11.	AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrisi	55
Şekil 4.12.	AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrisi.....	55
Şekil 4.13.	AHSS-1’de CA özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı.....	60
Şekil 4.14.	AHSS-1’de BBH özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı.....	61
Şekil 4.15.	AHSS-1’de YV özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı.....	61
Şekil 4.16.	AHSS-1’de DO özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı	62
Şekil 4.17.	Ana hattında CA için BLUP değerleri ile fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri.....	65
Şekil 4.18.	Ana hattında BBH35 için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri.....	66
Şekil 4.19.	Ana hattında YV için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri.....	67
Şekil 4.20.	Ana hattında DO için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri.....	68
Şekil 4.21.	BHBS bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi.....	77
Şekil 4.22.	BHSS-1 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi.....	77
Şekil 4.23.	BHSS-2 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi.....	78
Şekil 4.24.	BHBS, BHSS-1 ve BHSS-2 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrileri.....	78
Şekil 4.25.	BHBS bıldırcınlarına ait haftalık BBH (%) eğrisi.....	80
Şekil 4.26.	BHSS-1 bıldırcınlarına ait haftalık BBH (%) eğrisi.....	81
Şekil 4.27.	BHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık BBH (%) eğrisi.....	81
Şekil 4.28.	BHBS, BHSS-1 ve BHSS-2 bıldırcınlarının haftalık BBH eğrileri.....	82

Şekil 4.29.	BHBS bıldırcınlarına ait haftalık MBH (g) eğrisi.....	83
Şekil 4.30.	BHSS-1 bıldırcınlarına ait haftalık MBH (g) eğrisi.....	84
Şekil 4.31.	BHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık MBH (g) eğrisi.....	84
Şekil 4.32.	BHBS, BHSS-1 ve BHSS-2 bıldırcınlarının haftalık MBH eğrileri.....	84
Şekil 4.33.	BHSS-1’de CA özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı.....	90
Şekil 4.34.	BHSS-1’de BNY özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı.....	90
Şekil 4.35.	BHSS-1’de YDO özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı.....	91
Şekil 4.36.	BHSS-1’de KV özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı.....	91
Şekil 4.37.	Baba hattında CA (g) özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler.....	94
Şekil 4.38.	Baba hattında BNY özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler.....	95
Şekil 4.39.	Baba hattında YDO özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler.....	96
Şekil 4.40.	Baba hattında KV özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler.....	97

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1.	Başlatma ve besi dönemlerinde kullanılan karma yem.....	32
Çizelge 3.2.	Damızlık bıldırcınlar için kullanılan karma yem.....	33
Çizelge 3.3.	Çalışmaya konu olan özellikler için Kolmogorov - Simirnov normallik testi sonuçları (P değerleri).....	35
Çizelge 4.1.	AHBS bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler.....	42
Çizelge 4.2.	AHSS-1 bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler.....	43
Çizelge 4.3.	AHSS-2 bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler.....	43
Çizelge 4.4.	Ana hattı sürülerinde bazı özelliklerin hipotez testlerine ait sonuçlar....	44
Çizelge 4.5.	AHBS için Gompertz model parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	46
Çizelge 4.6.	AHSS-1 için Gompertz model parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	46
Çizelge 4.7.	AHSS-2 için Gompertz model parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	47
Çizelge 4.8.	AHBS bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	50
Çizelge 4.9.	AHSS-1 bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	50
Çizelge 4.10.	AHSS-2 bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	51
Çizelge 4.11.	AHBS’de haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	53
Çizelge 4.12.	AHSS-1’de haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	53
Çizelge 4.13.	AHSS-2’de haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	54
Çizelge 4.14.	Ana hattı sürülerinde büyüme eğrisi parametreleri, BNA, BNY ve BBH özellikleri için varyans analizi sonuçları.....	55
Çizelge 4.15.	AHSS-1 için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi.....	56
Çizelge 4.16.	AHSS-1 için çevre varyans-kovaryans matrisi.....	56
Çizelge 4.17.	AHSS-1 için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar.....	57
Çizelge 4.18.	AHSS-2 için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi.....	57
Çizelge 4.19.	AHSS-2 için çevre varyans-kovaryans matrisi.....	57
Çizelge 4.20.	AHSS-2 için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar.....	57
Çizelge 4.21.	Ana hattında seçilen özellikler için seleksiyon üstünlükleri, genetik ilerlemeler ve gerçekleşen kalıtım dereceleri.....	60
Çizelge 4.22.	BHBS bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler.....	69
Çizelge 4.23.	BHSS-1 bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler.....	70
Çizelge 4.24.	BHSS-2 bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler.....	70
Çizelge 4.25.	Baba hattı sürülerine ait bazı özelliklerin hipotez testleri sonuçları.....	71
Çizelge 4.26.	BHBS bıldırcınlarında Gompertz büyüme modeli parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	74
Çizelge 4.27.	BHSS-1 bıldırcınlarında Gompertz büyüme modeli parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	74
Çizelge 4.28.	BHSS-2 bıldırcınlarında Gompertz büyüme modeli parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	74
Çizelge 4.29.	Baba hattı sürülerinde büyüme eğrisi parametreleri, BNA, BNY ve BBH35 özellikleri için varyans analizi sonuçları.....	75
Çizelge 4.30.	BHBS bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait	

	tanımlayıcı istatistikler.....	79
Çizelge 4.31.	BHSS-1 bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	79
Çizelge 4.32.	BHSS-2 bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	80
Çizelge 4.33.	BHBS bıldırcınlarında haftalık MBH (g) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	82
Çizelge 4.34.	BHSS-1' haftalık MBH (g) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler.....	83
Çizelge 4.35.	BHSS-2'de haftalık MBH (g) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler...	83
Çizelge 4.36.	BHSS-1 için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi.....	85
Çizelge 4.37.	BHSS-1 için çevre varyans-kovaryans matrisi.....	85
Çizelge 4.38.	BHSS-1 için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar.....	85
Çizelge 4.39.	BHSS-2 için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi.....	86
Çizelge 4.40.	BHSS-2 için çevre varyans-kovaryans matrisi.....	86
Çizelge 4.41.	BHSS-2 için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar.....	86
Çizelge 4.42.	Baba hattında seçilen özellikler için seleksiyon üstünlükleri, genetik ilerlemeler ve gerçekleşen kalıtım dereceleri.....	89
Çizelge 7.1.	Genç ebeveyn-yavru örneğinde hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayıları.....	120
Çizelge 7.2.	Genç ebeveyn-yavru çiftleşmesi örneğine ait akrabalık katsayıları.....	120
Çizelge 7.3.	Hat yetiştirme örneğinde hesaplanan akrabalık katsayıları.....	121
Çizelge 7.4.	Öz kardeş çiftleşmesi örneği için akrabalı yetiştirme katsayıları.....	122
Çizelge 7.5.	Öz kardeş çiftleşmesi örneği için akrabalık dereceleri.....	123
Çizelge 7.6.	Üvey kardeş çiftleşme örneği için akrabalı yetiştirme katsayıları.....	124
Çizelge 7.7.	Üvey kardeş çiftleşme örneği için akrabalık katsayıları.....	125
Çizelge 7.8.	Karışık çiftleştirme örneğinde kuşaklara göre akrabalık katsayıları.....	126
Çizelge 7.9.	Benzetimle elde edilmiş tek özellikli veri seti.....	128
Çizelge 7.10.	Varyans unsurlarının tahmin değerleri ve kalıtım dereceleri.....	132
Çizelge 7.11.	Bıldırcınların soy kayıtları ile birlikte ergin ağırlık ve yumurta ağırlığı değerleri.....	133
Çizelge 7.12.	Varyans-kovaryans matrisi.....	134
Çizelge 7.13.	Asimptotik varyans-kovaryans matrisi.....	135
Çizelge 7.14.	Asimptotik korelasyon matrisi.....	135
Çizelge 7.15.	Bıldırcınların soy kayıtları ile birlikte Y_1 (6. hafta canlı ağırlığı), Y_2 (yumurta ağırlığı), Y_3 (eşeyssel olgunluk yaşı) ve Y_4 (yumurta verimi, adet) verileri.....	137
Çizelge 7.16.	Dört özellik için tek özellikli BLUP tahmin değerleri.....	142
Çizelge 7.17.	Dört özellik için çok özellikli BLUP tahminleri.....	147

1. GİRİŞ

Bedensel ve zihinsel gelişimin desteklenmesinde, sağlıklı ve dengeli beslenme için tüketilmesi gereken hayvansal protein kaynaklarının en önemlilerinden biri kanatlı hayvanlardan elde edilen et ve yumurtadır. Kanatlı hayvan etleri düşük kolesterol içeriğiyle sağlığa yararlı olduğu kadar diğer hayvansal protein kaynaklarına göre düşük maliyetli olduğu için de önemli ve stratejik besin kaynaklarıdır. Yemden etkin yararlanma, tüketilebilir ürünlerin çok kısa sürede elde edilmesi, küçük alanlarda yoğun üretim yapılabilmesi ve bu özelliklerin hayvan ıslahında sağladığı avantajlar gibi nedenlerle başta tavuk olmak üzere kanatlı hayvan türleri insan beslenmesinde en çok kullanılan hayvansal protein kaynaklarıdır. Dünya genelinde et tüketiminin % 33'ü kanatlı hayvanlardan karşılanmaktadır, toplam kanatlı etinin % 87'si tavuk, % 6,7'si hindi, % 4'ü ördek ve % 2,7'si ise kaz, devekuşu, bıldırcın gibi diğer kanatlı türlerinden elde edilmektedir (FAO 2010). Ülkelerin gelişmişlik düzeyi ile tavuk dışındaki kanatlı türlerinden elde edilen ürünleri tüketmeleri arasında pozitif yönlü bir ilişki bulunmaktadır. Örneğin AB ülkelerinde toplam kanatlı eti tüketimi içinde tavuğun payı sadece % 79'dur (FAO 2010).

Et ve yumurta tavukçuluğu ile hindi eti üretimi endüstriyel bir yapı kazanmıştır. Bunun altında yatan en önemli nedenlerden biri kanatlı hayvan ıslahında sağlanan büyük ilerlemelerdir. Tavuklarda verim kaydına göre basit seleksiyon çalışmaları, 1920'li yıllarda kapanlı follukların kullanılmasıyla başlamış olup, bu sayede soy kaydı bulunan saf hatların temelleri atılmıştır. Akrabalı yetiştirme ve seleksiyondan yararlanılarak oluşturulan saf hatların melezlenmesi ile ilk hibrit tavuk 1942 yılında üretilmiştir (Hunton 2006). Sonraki yıllarda yumurta tavuğu ve etlik piliç ıslahına tüm bilimsel yenilikler adapte edilerek, günümüzdeki üstün konumuna hızla ulaşmıştır.

Yumurta verimini arttırmaya yönelik bir ıslah çalışmasında ana hatlarında yumurta sayısı, yumurta kalitesi, yemden yararlanma, eşeyssel olgunluk yaşı ve ağırlığı, döllülük gibi özellikler üzerinde durulurken; baba hatlarında ergin canlı ağırlık, yumurta ağırlığı, yaşama gücü ve döllülük gibi özellikler üzerinde çalışılmaktadır (Pollock 1999). Et verim yönlü ıslah çalışmalarında ise ana hatlarında büyüme oranı, yenilebilir et verimi, yumurta verimi, yem dönüşüm oranı, kuluçka özellikleri üzerinde durulmakta; baba hatlarında büyüme oranı, yenilebilir et verimi, yem dönüşüm oranı ve döllülük gibi özellikler geliştirilmektedir (Pollock 1999, Leeson ve Summers 2000, Muir ve Aggrey 2003, Thiruvankadan vd 2011).

Japon bıldırcınlarının (*Coturnix coturnix japonica*) ticari yetiştiriciliği ilk olarak 1920'li yıllarda Japonya'da başlamıştır, daha sonra 1930-1950 yılları arasında Amerika, Avrupa, yakın ve orta doğu ülkelerinde yayılmıştır. Tavuk ıslahındaki gelişmelere paralel olarak, fenotipik kitle seleksiyonu ile yumurta verim yönlü bıldırcın hatları geliştirilmiştir (Wakasugi 1984). Japon bıldırcınları kullanılarak gerçekleştirilen bilimsel çalışmaların büyük kısmı, türün model hayvan olarak değerlendirilmesiyle ilgilidir (Minvielle 2004).

Bıldırcınlarda gerçekleştirilen ıslah çalışmaları, erken dönemlere ait yumurta verimi ya da sabit bir yaşa ait canlı ağırlık bakımından kısa ve uzun dönemli seleksiyon çalışmalarını kapsamaktadır. Ancak, bu çalışmalarda modern ıslah araçları

kullanılmamış olup, fenotipik değerlere göre basit kitle seleksiyonu uygulanmıştır (Minvielle 2004). Kısmi yumurta verimi ve haftalık canlı ağırlık özelliklerine ait kalıtım dereceleri yüksek olduğundan, kısa dönemli seleksiyon çalışmalarında bile oldukça başarılı sonuçlar alınmıştır; yumurta veriminde % 200'lük, canlı ağırlıkta ise % 300'lük artışlar sağlanmıştır (Minvielle 1998). Ancak, söz konusu özellikler ile negatif genetik ilişkili olan döllülük ya da yumurta kalitesi gibi bazı karakterlerde ortaya çıkan gerilemelerden dolayı çalışmalar sürdürülemez hale gelmiştir (Marks 1996). Yirminci yüzyılın ortalarında tavukçuluk sektörünün hibrit üretimine geçişi ve ardından yaşanan hızlı gelişim ne yazık ki bıldırcın ıslahına pek fazla yansımamıştır. Günümüzde ticari üretimde kullanılan bıldırcınlar genellikle ıslah edilmemiş ve mevcut potansiyellerinin çok daha altında ürün veren sürülerden oluşmaktadır (Yapıcı vd 2006).

Japon bıldırcınlarında çevresel ihtiyaçlar ve yetiştirme maliyetleri düşüktür. Et ve yumurta verimleri oldukça yüksek olan bıldırcınlar, bu kaliteli ürünleriyle ticari öneme sahiptir. Uzak Doğu ve Asya ülkelerinde genellikle yumurta verimi için yetiştirilen bıldırcın, Avrupa ve Amerika'da daha çok et üretimi amacıyla yetiştirilmektedir (Minvielle 2009). Diğer bazı ülkelerde olduğu gibi, Türkiye'de de et amaçlı yetiştirilen bıldırcınlar pazarda adet olarak fiyatlandırılmaktadır. Bu pazarlama sisteminin doğal bir sonucu olarak üreticiler kârlılığı arttırmak için daha erken yaşta kesim yapmak isterken, tüketiciler daha büyük karkasları tercih etmektedir. Düşük canlı ağırlıktaki genotiplerden daha ağır karkas elde etmek üzere besi süresinin uzatılması ise eşeysel organların gelişmesine bağlı olarak yenilemez kısımlarda artış ve aşırı yağlanma gibi sakıncalı sonuçlara yol açmaktadır. Bu durum üretici açısından ekonomik kayıp, tüketici açısından da kalitesiz ürün anlamına gelmektedir (Narinç ve Aksoy 2012). Oysa bu çelişkiyi çözmek için kullanılabilecek iyileştirme yöntemleri etlik piliç ıslahında uzun yıllardır kullanılmaktadır.

Kanatlı ıslahında son 50 yıllık dönemde gerçekleşen gelişmeler, verimle ilgili yeni özelliklerin kullanımı ve daha üstün istatistiksel yöntemlerin uygulanması şeklinde iki başlık altında toplanabilir. Büyüme eğrisi parametreleri, çeşitli et kalite özellikleri, kas yapısı, kemik açısı gibi çok sayıda yeni özellik ıslah programlarına dahil edilmiştir (Emerson 1997, Muir ve Craig 1998). Ayrıca, bazı ekonomik özellikler için moleküler işaretleyiciler de seleksiyon kriterlerine dahil edilmiştir (Szwaczkowski 2003, Havenstein vd 2003, Mrode, 2005). İstatistiksel uygulamalardaki yeniliklerden ilki, genetik parametre tahminlerinde kullanılan ebeveyn-yavru benzerliği ve seleksiyon sonucu gerçekleşen kalıtım derecesi ölçümü gibi yöntemlerin yerine sınıf-içi korelasyon temeline dayanan uygulamaların kullanılmasıdır (Searle vd 1992). Diğer yenilik ise, Henderson'un 1970'li yıllarda seleksiyon indeksi ile en küçük kareler yöntemini bir araya getirerek karışık model eşitliklerini elde etmiş olmasıdır. Karışık model eşitliklerindeki birey matrisinin yapısı değiştirilerek farklı modeller (birey modeli, baba modeli vb.) oluşturulmuş ve bunlar genetik parametre tahminlerinde yoğun olarak kullanılmaya başlanmıştır (Mrode 2005).

Karışık model eşitlikleri ile damızlık değerlerin tahmin edilmesinin en önemli avantajı, mevcut tüm bilgi kaynaklarından faydalanılmasıdır (Quinton 2003). Bazı araştırmacılar (Mielenz vd 2006, Sarı 2009, Narinç vd 2011), karışık model eşitliklerini kullanarak bıldırcınlarda genetik parametre tahmini yapmışlardır, ancak bıldırcınlarda söz konusu yöntem ile yapılmış seleksiyon çalışmasına rastlanmamıştır. Bu çalışmanın

amacı, Japon bıldırcınlarında çok özellikli karışık model eşitliklerini kullanarak et verim yönlü ana ve baba hatları geliştirmek üzere bir kuşak seleksiyon uygulamasının sonuçlarını ortaya koymaktır. Çalışmada baba hattında canlı ağırlık (CA), yem dönüşüm oranı (YDO), büyüme eğrisi bükülme noktası yaşı (BNY) ve karkas verimi (KV) özellikleri; ana hattında ise canlı ağırlık (CA), büyüme eğrisi bağıl büyüme hızı (BBH), kısmi yumurta verimi (YV) ve döllülük oranı (DO) özellikleri üzerinde durulmuştur.

2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMA

Kanatlı hayvan ıslahındaki gelişmeleri etkileyen temel unsur kanatlı hayvancılık sektöründeki hızlı ve büyük gelişimdir. Gordon ve Charles (2002) pek çok makaleye dayanarak, yumurta üretimine yönelik tavukçuluğun I. Dünya Savaşı (1914-1918) sonrasında gelişmeye başladığını, özellikle II. Dünya Savaşı (1939-1945) sonrasında yumurtaya olan yüksek talebi karşılamak üzere entansifleşmenin arttığını bildirmişlerdir. Yazarlara göre, “konvansiyonel üretim” olarak adlandırılan yoğun tavukçuluk üretim modeli 1953-1954 yıllarından sonra başlamıştır; bu dönüşümü sağlayan olay ise yumurta tavuklarının beslenmesinde dengeli karma yemlerin kullanılmaya başlanmasıdır. Yumurta tavuklarının kafeste yetiştirilmeye başlanması da üretim artışını hızlandırarak, endüstriyel bir yapıya dönüşmesini sağlamıştır. Söz konusu kaynağa göre, ABD kökenli etlik piliç (broiler) üretimi 1956 yılında İngiltere’ye, diğer ifadeyle Avrupa’ya gelmiştir ve o tarihten sonra yoğun üretim modeli içinde gerçekleştirilmiştir. Bu tarihsel gelişime paralel olarak üreticilerin yüksek verimli damızlık materyal ihtiyacı da artmıştır.

Bu başlık altında, hem sırasıyla kanatlı hayvan ıslahı hakkında temel bilgiler verilecektir hem de Japon bıldırcınları ile gerçekleştirilen genetik ıslah çalışmaları özetlenecektir.

2.1. Kanatlı Hayvan Islahı

Kanatlı hayvan ıslahını diğer çiftlik hayvanlarının ıslahından ayıran bazı farklılıklar vardır. Bunların başlıcaları; seleksiyonda kullanılan özelliklerin sayıca fazla olması, kuşak aralığının kısa olması, ebeveynlerden çok sayıda yavru elde edilebilmesi, aynı dönemde yaşayan bireylere ait fenotipik ve genetik değerler vasıtasıyla seleksiyon yapılabilmesi ve çevre kontrollü koşullarda yetiştiricilik yapıldığından çevre varyansındaki heterojenliğin en aza indirilebilmesidir (Muir ve Aggrey 2003). Sıralanan bu üstünlükler nedeniyle genel olarak kanatlı ıslahında ve özellikle de tavuk ıslahında çok büyük başarılar elde edilmiştir. 1920’li yıllarda 120 günlük yaşta 1 kg kesim ağırlığına ulaşan etlik piliçler, günümüzde 42 günlük yaşta 2,5 kg kesim ağırlığına ulaşmaktadır. Benzer durum yumurta tavuklarında da gerçekleştirilmiş, yıllık 150 adet yumurta veren tavuklar 330 adet yumurta verecek şekilde ıslah edilmiştir.

Hayvan ıslahı bilimi, doğasının gereği olarak genetik, matematik, istatistik, bilgisayar, hayvan yetiştirme ve besleme bilim dalları ile doğrudan ilişkilidir. Hayvanlardan elde edilen verilerin tipi, dağılımları, modellenmesi, üretim şekillerinin tartışılması ve karar süreçleri matematik ve istatistik bilim dalları ile ilgilidir. Hayvanlar ve kuşaklar arasındaki farklılıklar, populasyon düzeyinde dağılımlar, hayvanlarda verimi sağlayan moleküler altyapı ise genetik biliminin alanına girmektedir. Hayvanların sahip olduğu genetik potansiyeli ürüne dönüştürmek için fizyolojik gereksinimlerinin ve uygun çevre şartlarının sağlanması da yetiştirme ve besleme bilim dallarının konularıdır. Bilgi işlem teknolojileri de bu bilim alanlarının etkileşimli bir şekilde işleyiş göstermesine olanak sağlamaktadır.

2.1.1. Kanatlı hayvan ıslahının tarihsel gelişimi

Bitki çeşitleri üzerinde yapılan araştırmalar sonucunda ortaya çıkan “Mendel Yasaları”nın, hayvanlar için de geçerli olduğu yirminci yüzyılın başlarında ortaya konulmuştur ve bu gelişmenin modern genetiğin temelini oluşturduğu kabul edilmektedir (Hunton 2006). Aynı dönemde farklı amaçla geliştirilmiş bir düzeneğin tesadüfen kapanlı folluk olarak kullanımı ile tavuklarda üreme yeteneğinin ölçülmesi sağlanmıştır. Daha sonraki 20 yıl içerisinde tavuklarda ibik tipi, tüy ve deri rengi gibi pek çok kalitatif özelliğin kalıtım mekanizması ortaya konulmuştur. Kısa süre içerisinde, bazı özelliklerin cinsiyet ile bağlantısı olduğu ve bazı özelliklerin de tam dominantlık göstermediği anlaşılmıştır. Yine aynı dönemde; iskelet şekli, tüy ve deri rengi, ibik tipi gibi kalitatif özelliklerin kalıtımı incelenmiş, letal genlerin kalıtımı ve bazı mutasyonlar ortaya konulmuştur (Muir ve Aggrey 2003, Hunton 2006).

Hayvanların verimle ilgili özellikleri kantitatif niteliktedir, bu karakterler ölçüm ve tartım ile ifade edilirler ve sürekli varyasyon gösterirler. Çok sayıda gen tarafından belirlenen ve oluşumlarında genotipin yanı sıra çevre faktörlerinin de büyük etkisi olan bu özelliklerin kalıtımı, kalitatif özelliklerin kalıtımından farklılık göstermektedir. Araştırmacılar sürekli dağılışı gösteren bu özelliklere, Mendel mantığından farklı şekilde yaklaşarak “kantitatif genetik” kavramının ortaya çıkmasını sağlamışlardır; R. A. Fisher ve S. Wright populasyon genetiği ile ilgili bazı istatistik modeller geliştirmiştir (Searle vd 1992). Yine bu dönemde yapılan çalışmalar ile akrabalık ve akrabalar arası ilişkiler açıklanmıştır. L. Lush tarafından 1945 yılında yayınlanan “Hayvan Islahı Planları” kitabında populasyon genetiği prensipleri ortaya konulmuştur. Kanatlı ıslahı prensipleri ise ilk kez 1950 yılında I. Michael Lerner tarafından yayınlanan “Populasyon Genetiği ve Hayvan Gelişimi” isimli kitapta yer almıştır. Yazarın 1958 yılında yayınlanan “Seleksiyonun Genetik Temelleri” isimli kitabı da kanatlı ıslahının önemli kilometre taşlarından biridir (Hunton 2006).

Kantitatif genetik alanındaki yeniliklerin kanatlı ıslahına aktarılmasıyla fenotipik kitle seleksiyonu çalışmaları gündeme gelmiş ve pedigrili saf hatların geliştirilmesine başlanmıştır. Yirminci yüzyılın ikinci çeyreğinde ticari üretimde kullanılan tavuklarda cinsiyete bağlı kalıttan yararlanarak günlük yaşta cinsiyet ayrımı mümkün olmuştur (Hunton 2006). Fisher’in matematiksel modellerini açıkladığı ve Lush ve Wright’ın 1931 yılında geliştirdiği “seleksiyon indeksi metodu”, 1943 yılında Hazel ve Lush tarafından ilk kez hayvan ıslahında kullanılmıştır. Hazel’in daha sonra gerçekleştirdiği çalışmalar sayesinde özelliklerin ekonomik ağırlık katsayıları dikkate alınarak birden çok özellik için seleksiyon yapma olanağına kavuşulmuştur.

C. R. Henderson 1949 yılında, Hazel’in geliştirdiği “seleksiyon indeksi yöntemi” ile “en küçük kareler yöntemi”ni bir araya getirerek karışık model eşitliklerini geliştirmiştir ve bu durum hayvan ıslahından en önemli gelişmelerden biri olarak kabul edilmektedir. Mevcut bilgilerin tümünün etkin bir şekilde kullanılmasına olanak sağlayan ve aynı zamanda esnek ve güçlü çözümler sunan karışık model eşitliklerinin uygulanması çok sayıda eşitliğin çözülmesini gerektirdiğinden, bu yöntemin yaygın olarak kullanılmaya başlanması ancak yirminci yüzyılın son çeyreğindeki bilgisayar teknolojisindeki gelişmeler sayesinde mümkün olabilmektedir (Hartmann 1989, Muir ve Aggrey 2003, Mrode 2005).

Modern tavuk ıslahını yakından etkileyen en önemli gelişmelerden birisi de, 1920’li yıllarda farklı hatların melezenmesi sonucunda yüksek verime sahip hibrit mısır bitkisinin elde edilmesidir. Aynı mekanizmadan yararlanılarak, 1940’lı yıllarda yumurta verim yönlü ilk hibrit tavuk elde edilmiştir (Hartmann 1989).

Tavukçuluk sektörünün gelişmesine paralel olarak birçok ıslah şirketi kurulmuştur. Şirketlerin ellerindeki ürünleri sürekli geliştirmesi nedeniyle, 1950’li yıllarda ıslah şirketleri arasında kıyasıya bir rekabet yaşanmıştır. Aynı yıllarda hibrit ürünlerin piyasaya girmesi ile kanatlı ıslah şirketleri için yeni bir dönem başlamıştır. O zamana kadar ellerinde seleksiyonla elde edilmiş az sayıda sürü bulunan birçok şirket piyasaya çıkan hibrit ürünler ile rekabet edemediği için iflas etmiş, ellerindeki pedigri saf hatları diğer şirketlere satmak zorunda kalmışlardır (Hunton 2006). Böylece piyasada varlığını sürdüren şirket sayısı azalmıştır.

Seleksiyonla elde edilmiş hatların ticari ürün olarak kullanımının terk edilerek hibritlerin kullanılması, öncelikle yumurta tavukçuluğu sektöründe gerçekleşmiştir. Bunun başlıca nedeni yumurta verimi ile ilgili özelliklerin kalıtım derecelerinin et verimi ile ilgili özelliklere göre daha düşük olmasıdır. Hibrit olmayan, sadece uzun dönem seleksiyon uygulanmış ve 8-9 haftalık yaşta kesim ağırlığına ulaşan etlik piliçler pazarda bir süre daha alıcı bulabilmiştir. Zaman içinde seleksiyon indekslerinin oluşturulması, karışık model eşitliklerinin uygulanmaya başlanması ve teknolojik yöntemlerin gelişmesi sonucunda hibrit ürünlerin nitelikleri çok daha fazla gelişmiş ve hibrit üreten firmalar hem yumurtacı hem de etçi pazara tamamen hakim olmuşlardır (Hunton 2006).

Hayvan ıslahında genetik parametre tahminleri için, başlangıçta ebeveyn-yavru benzerliği ve seleksiyon ile gerçekleşen kalıtım derecesi kullanılmıştır. Bu yöntemler zaman içerisinde yerlerini sınıf-içi korelasyon temelli yöntemlere bırakmıştır. (Szwaczkowski, 2003). Varyans unsurlarının tahminine yönelik ilk çalışmalar R. A Fisher tarafından yapılmıştır (Robinson 1987, Searle vd 1992). ANOVA (Analysis of Variance) yöntemi olarak bilinen bu yöntemin temel prensibi, kareler ortalamalarını beklenen değerlerine eşitledikten sonra elde edilen doğrusal eşitlik sistemini çözmekten ibarettir (Fırat 1997). Ancak, o dönemlerdeki çalışmalar sadece dengeli veriler ya da tek faktörlü dengesiz veriler ile sınırlı kalmıştır (Robinson, 1987). Henderson kendi adıyla anılan (Henderson Tip 1,2,3) yöntemleri geliştirmiştir (Searle vd 1992). ANOVA ve Henderson yöntemleri dengeli veriler için tasarlandıklarından, hayvanlardan elde edilen verilerde negatif varyans unsurları da tahmin edilebilmektedir. Çünkü uygulamada baba ile çiftleşen ana ve bunların yavru sayılarının eşit olması sıklıkla karşılaşılan bir durum değildir. Buna karşın, olabilirlik fonksiyonunu maksimize etmeye dayalı ML (Maximum Likelihood-en çok olabilirlik) ve REML (Restricted Maximum Likelihood-kısıtlanmış en çok olabilirlik) yöntemleri geliştirilmiştir (Hartley ve Rao 1967, Patterson ve Thompson 1971). Olabilirlik esasına dayalı bu iki yöntem, asimptotik normallik, tutarlılık ve parametre tanım aralığında olmak gibi özellikler taşımaktadır (Harville 1977, Fırat 2000). ML ve REML yöntemleri varyans unsurlarının negatif tahminler vermemeleri nedeniyle en çok kullanılan uygulamalar olmuşlardır. Yirminci yüzyılın son çeyreğinde elektronik tabanlı bilgi-işlemcilerin geliştirilmesi uzun hesaplamalar gerektiren ıslah çalışmalarının daha hızlı ve hatasız yapılmasına olanak vermiştir. Aynı

zaman diliminde, Henderson tarafından karışık model eşitliklerinden elde edilen damızlık değerler kullanılmaya başlanmıştır (Searle vd 1992).

Tavuk ıslahının yanı sıra hindi ve ördeklerde de ticari üretimde kullanılan hibritler elde edilmiştir. Fakat, Japon bıldırcınları da dahil olmak üzere diğer kanatlı türlerinde ticari önem taşıyan hibrit ürün elde edilmemiştir. Bıldırcınlarda uzun dönemli seleksiyon çalışmaları yapılmış ancak bu çalışmalar ticari üretime yönelik olmayıp, sadece türün model hayvan olarak kullanıldığı ıslah çalışmaları olarak literatürde yer almışlardır (Minvielle 2004).

2.1.2. Akrabalık ilişkileri

Ortak atalardan kaynaklanan genetik yapı benzerliğine “akrabalık”, benzeyen bireylere de “akraba” denilmektedir. Hayvan ıslahında akrabalık, akrabalı yetiştirme ve akrabalar arası kovaryanslar önem taşımaktadır. Akrabalığın ölçüsü olan “akrabalı yetiştirme katsayısı”, bireylere ait soy kayıtları tutulmasıyla hesaplanan, 0 ile 1 arasında değişen bir değerdir. Akrabalı yetiştirme katsayısı, bireyde bir lokusta bulunan iki allelin ortak atalardan gelme olasılığını veya homozigot lokusların, bireyin sahip olduğu tüm lokuslara oranını ifade etmektedir. Akrabalı yetiştirme katsayısı, bir populasyonda belirli bir lokus bakımından homozigot bireylerin oranı veya homozigot lokusların popülasyondaki tüm lokuslara oranı olarak da tanımlanmaktadır (Kumlu 2003). Akrabalı yetiştirme katsayısı (F), ilk olarak 1922’de Sewall Wright tarafından ortaya konulmuştur ve aşağıdaki eşitlikle hesaplanır;

$$F_x = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n+1} (1 + F_A) \right] \quad (2.1)$$

Eşitlikte F_x , X bireyinin akrabalı yetiştirme katsayısını; n , ortak atadan ebeveynler yolu ile kaç bağlantı olduğunu; F_A , ortak atanın akrabalı yetiştirme katsayısını ifade etmektedir. Akrabalı yetiştirme katsayısı, sayısal değerlerin çok küçük boyutlara düşmesinden dolayı genellikle 5-6 kuşaktan daha fazla hesaplanmamaktadır. Akrabalık derecesi, iki bireyin soy bilgilerinden faydalanılarak aralarındaki ilişkiyi ölçmektedir. Akrabalık katsayısı 0-2 arasında değer almaktadır ve aşağıdaki eşitlik ile hesaplanır.

$$R_{XY} = \frac{\sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n_1+n_2} (1+F_A) \right]}{\sqrt{(1+F_X)(1+F_Y)}} \quad (2.2)$$

Eşitlikte R_{XY} , X ve Y bireyleri arasındaki akrabalık katsayısını; n_1 ve n_2 , ilgili yolları; F_A , ortak atanın akrabalı yetiştirme katsayısını F_X ve F_Y , X ve Y bireylerinin akrabalı yetiştirme katsayılarını ifade etmektedir (Saxton 2004).

Akrabalı yetiştirme, popülasyonda ortalamaya göre daha fazla akraba olan bireylerin çiftleştirilmesiyle gerçekleşmektedir, dolayısıyla akrabalı yetiştirme ile homozigotlaşma artmaktadır. Seleksiyon ile birlikte uygulanan akrabalı yetiştirme, istenen özellikleri ortaya çıkaran genlerin hızlı şekilde bir araya toplanmasını sağlamaktadır. Akrabalı yetiştirme, yararlı etkisinin yanında istenmeyen yönde

gerçekleşebilen homozigotlaşmalar nedeniyle sorunlara da yol açmaktadır. Özellikle kalıtım derecesi düşük karakterler bakımından fenotipik varyasyon azalmakta, üreme ve yaşama gücü gibi özelliklerde gerilemeler gerçekleşebilmektedir. Ayrıca, akrabalı yetiştirmenin sebep olduğu homozigotlaşma, genellikle resesif letal genlerin ve kalıtsal anormalliklerin ortaya çıkmasına yol açmaktadır.

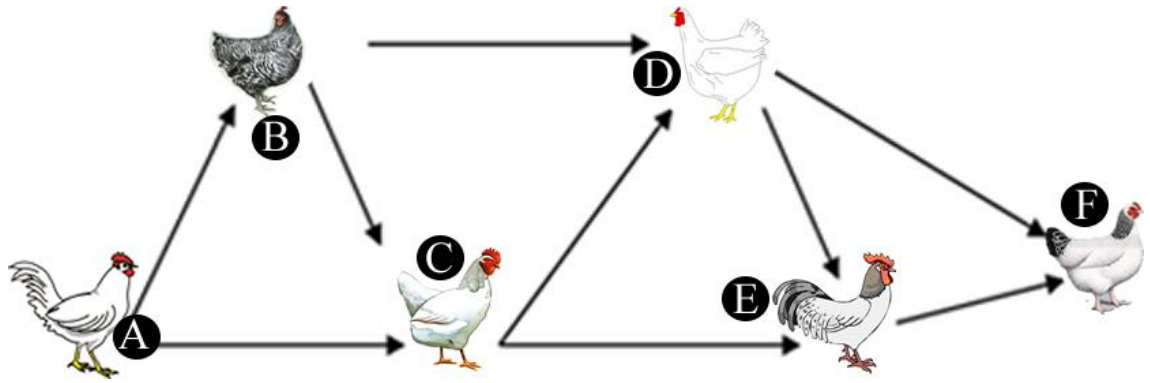
Akrabalı yetiştirme ile bazı gen birleşimleri sabitlenmekte ve uygun seleksiyon yöntemleri ile bunların sonraki kuşaklara aktarımı gerçekleşmektedir. Bu işlem sonucunda, ilerleyen kuşaklar “saf ırk” veya “saf hat” yapısını kazanmaktadır. Farklı genotipik yapıdaki saf hatların melezlenmesi ile hibrit niteliğine sahip genotipik yapıların elde edilmesi mümkün olmaktadır. Günümüzde ticari üretimde kullanılan kanatlı hibritleri bu mekanizma ile elde edilmiştir (Pollock 1999).

Kanatlı ıslahında, yumurta verimi gibi cinsiyete bağlı özellikler ile damızlık hayvanlardan elde edilmesi mümkün olmayan kesim-karkas özellikleri gibi karakterlerin tahmin edilmesi için akraba bireylerin verimlerinden faydalanılmaktadır (Mrode 2005). Karışık model eşitlikleri aracılığıyla gerçekleştirilebilen bu tahminler için bireyler arasındaki akrabalık ilişkilerini içeren akrabalık matrislerinin oluşturulması gerekmektedir (Szwaczkowski 2003).

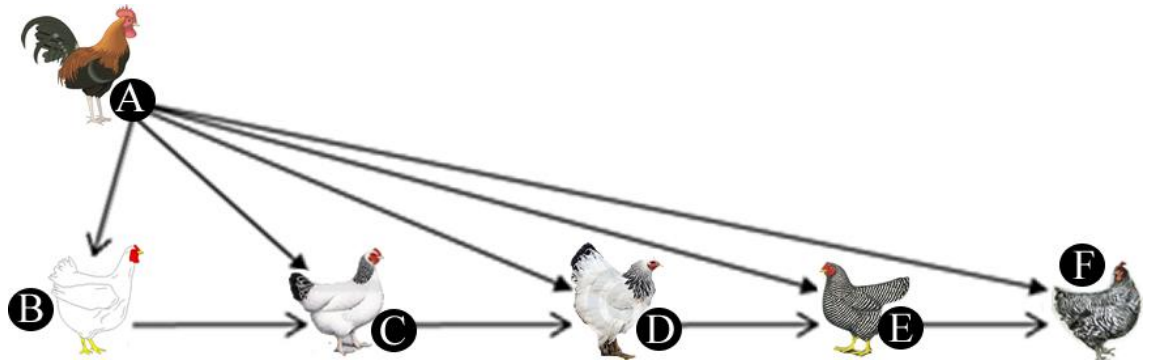
Klonlama ve bitkilerde gerçekleşen kendileme gibi bazı yetiştirme tipleri popülasyonda akrabalığın hızla artmasını sağlamaktadır. Hayvan ıslahında akrabalı yetiştirme katsayısının en hızlı artışı, ebeveyn-yavru ve öz kardeş çiftleşmeleriyle gerçekleşmektedir. Üvey kardeşler, büyük ebeveyn-büyük yavru, amca-kuzen, hala-kuzen çiftleşmeleri ise daha düşük artışa yol açmaktadır, kuzen çiftleştirmesinde ise en düşük akrabalı yetiştirme katsayı artışı elde edilmektedir (Saxton 2004). Aşağıda kanatlı hayvan ıslahında en yaygın kullanılan çiftleştirme tipleri hakkında ayrıntılı bilgi verilmiştir.

Ebeveyn-Yavru Çiftleştirmesi: Bu çiftleştirme yöntemi genellikle saf ırk veya saf hat elde etmek için uygulanmaktadır. Ebeveyn-yavru çiftleştirmesi, ebeveynlerin yavrularla yer değiştirmesi ile gerçekleşen “genç ebeveyn-yavru çiftleştirmesi” ve sürekli aynı ebeveynin yavruları ve yavrularının yavrularıyla çiftleşmesiyle gerçekleşen “hat yetiştirme” olarak iki şekilde gerçekleşmektedir. Genç ebeveyn-yavru çiftleştirmesi özellikle kanatlı ıslahında hat içi familyalarda horozlar ile kızlarının çiftleştirilmesi şeklinde uygulanır. Hat yetiştirme çiftleştirmesinin seleksiyon ile birlikte uygulanma olanağı olmadığından, kanatlı hayvan ıslahında kullanılmamaktadır (Singh ve Kumar 1994). Şekil 2.1’de genç ebeveyn-yavru çiftleştirmesi, Şekil 2.2’de ise hat yetiştirme için örnek soy izleri gösterilmiştir. Söz konusu örnekler için akrabalık ilişkilerinin incelenmesinde kullanılan programlardan biri olan SAS program kodları ve sayısal çözümler EK 1 ve EK 2’de yer almaktadır.

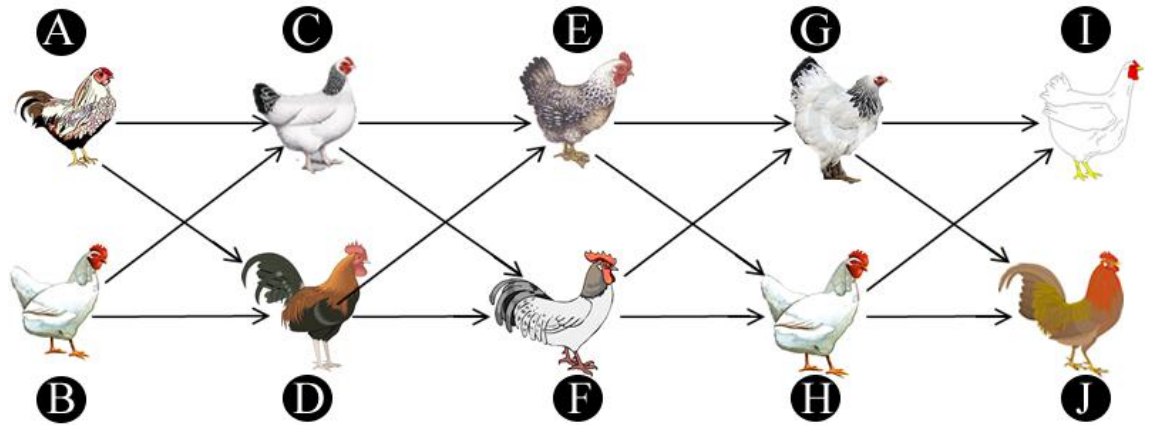
Öz Kardeş Çiftleştirmesi: Akrabalı yetiştirme katsayısının hızlı bir şekilde arttırılmasını sağlayan çiftleştirme tiplerinden biri de öz kardeş çiftleşmesidir. Saf hat ve saf ırk elde etmek için pratik bir uygulama olan bu çiftleştirme tipi özellikle melezlemelerde kullanılacak hatların oluşturulmasında sıklıkla kullanılmaktadır (Singh and Kumar, 1994). Öz kardeş çiftleşmesi için örnek soy izleri Şekil 2.3’te sunulmuştur. Öz kardeş çiftleştirmesi örneğinin SAS programında çözümü EK 3’te bulunmaktadır.



Şekil 2.1. Genç-ebeveyn-yavru çiftleşmelerine örnek soy izleri

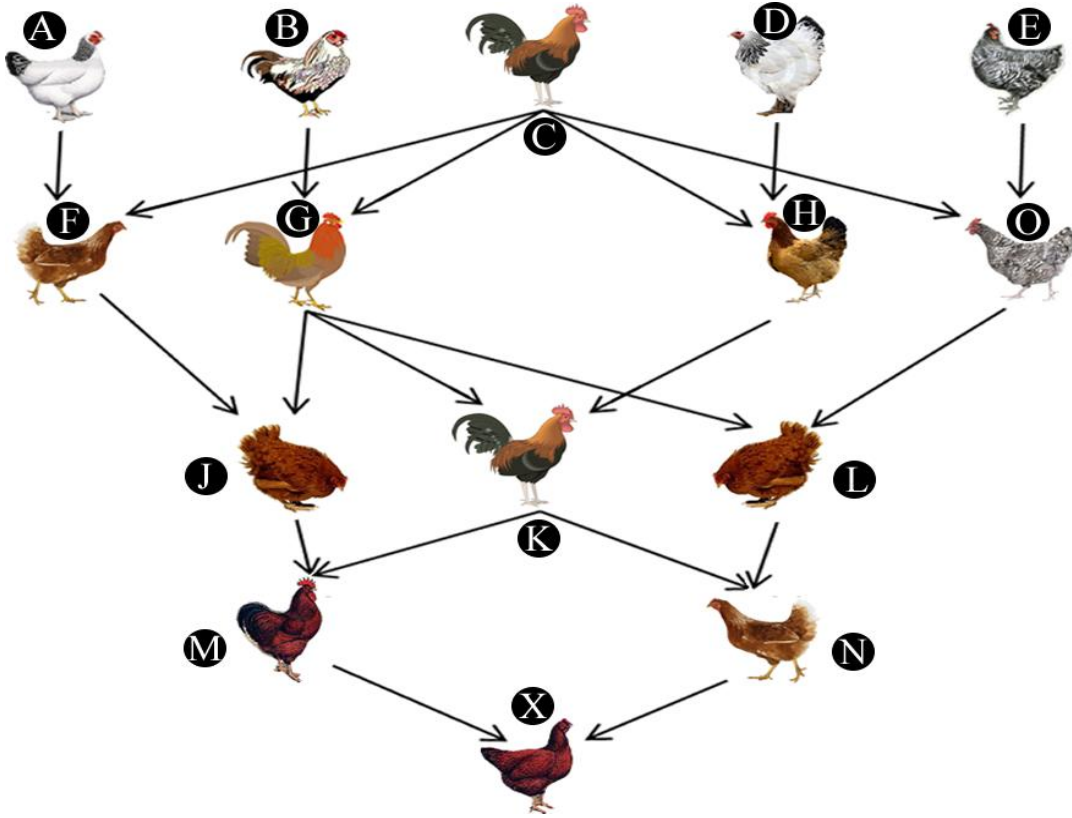


Şekil 2.2. Hat yetiştirme çiftleşmesine örnek soy izleri

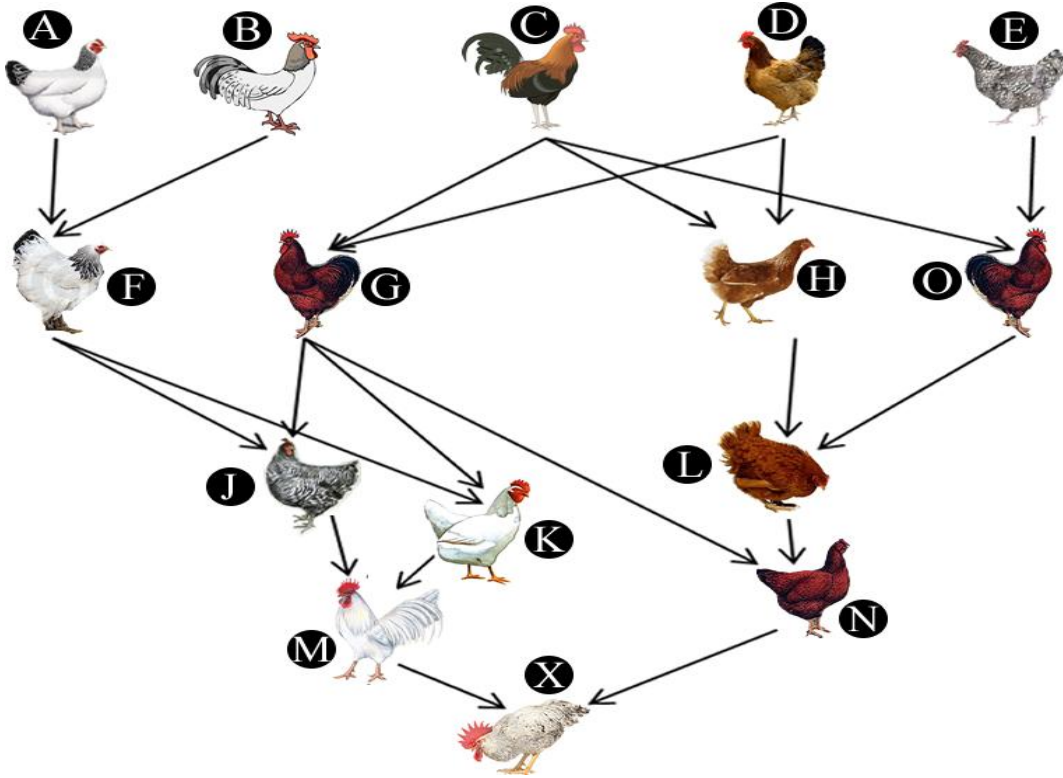


Şekil 2.3. Öz kardeş çiftleşmesine örnek soy izleri

Üvey Kardeş Çiftleştirme: Yukarıda sıralanan çiftleştirmelere göre akrabalık derecesinde daha az artış sağlayan üvey kardeş çiftleştirme, akrabalığın kontrollü bir şekilde yükseltilmesi için kullanılan bir sistemdir (Singh ve Kumar 1994). Şekil 2.4'te örnek bir üvey kardeş çiftleşmesine ait soy izleri bulunmaktadır, örneğin SAS programında çözümü EK 4'te bulunmaktadır.



Şekil 2.4. Üvey kardeş çiftleşme örneği soy izleri



Şekil 2.5. Karışık çiftleşmeler içeren soy izleri

Karışık Çiftleştirme: İslah çalışmalarında seleksiyon gruplarının paraleli olarak elde tutulan kontrol sürülerinde karışık çiftleştirme uygulanmaktadır. Aralarında akrabalık ilişkisi olan ve olmayan bireylerin şansa bağlı çiftleşmelerini içeren karışık yapıdaki soy izleri Şekil 2.5'te sunulmuştur. Söz konusu örneğin SAS programında çözümü EK 5'te yer almaktadır.

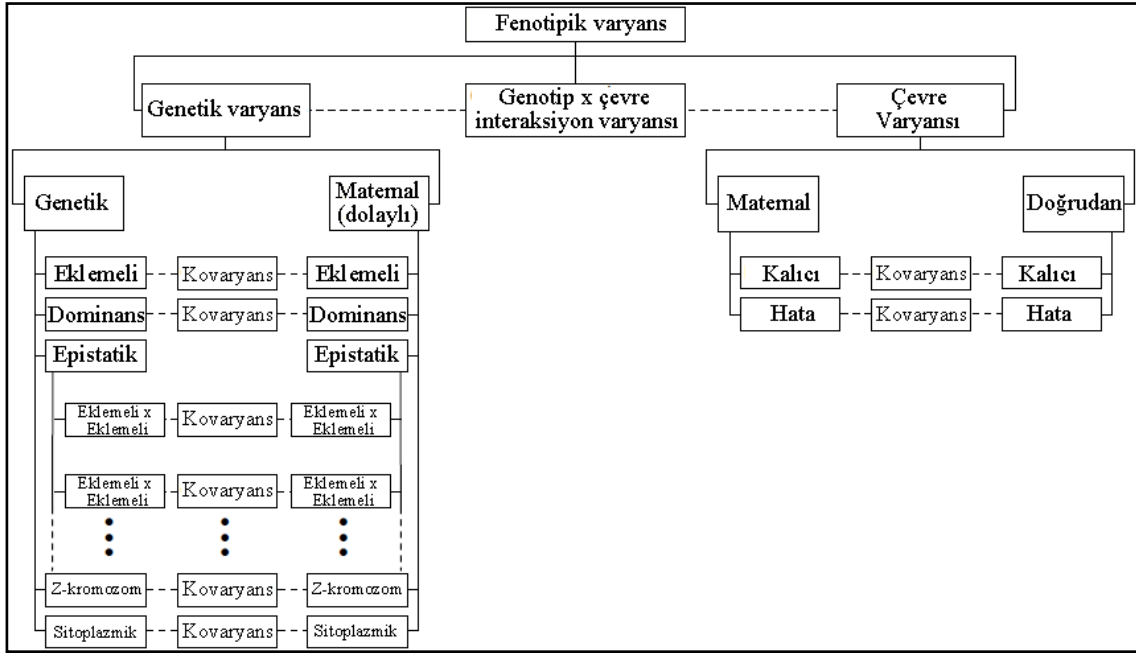
2.1.3. Varyasyon kaynakları

Hayvanlarda gözlenen karakterler, kesikli dağılış gösteren kalitatif (niteliksel) ve sürekli dağılış gösteren kantitatif (niceliksel) olmak üzere iki grupta toplanmaktadır (Szwaczkowski 2003). Kalitatif özellikler, genellikle ekonomik önem taşımayan, az sayıda gen tarafından belirlenen ve çevresel unsurlardan etkilenmeyen renk ve ibik tipi gibi karakterlerdir. Bu özellikler popülasyonda kesikli varyasyon gösterirler ve olasılık ile ölçülürler. Hayvan ıslahında üzerinde durulan ve ekonomik önem taşıyan başlıca karakterler ise kantitatif niteliktedir. Bu özellikler sürekli dağılış gösterir, çok sayıda gen tarafından belirlenir ve çevresel faktörlerden etkilenmektedir. Kantitatif özellikler bakımından bireyler arasında gözlenen farklılığa “fenotipik varyasyon”, ölçüsüne de “fenotipik varyans(σ_P^2)” denilmektedir. Fenotipik varyans, genetik (σ_G^2) ve çevre varyansından (σ_E^2) meydana gelmektedir. 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 (Şekil 2.6). Çevre varyansı ise makro, mikro ve sabit çevre unsurlarından meydana gelmektedir. Bu durum aşağıdaki eşitlikle özetlenebilir (Szwaczkowski 2003).

$$\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 \quad (2.3)$$

$$\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_Z^2 + \sigma_{Ep}^2 + \sigma_{Et}^2 + \sigma_{Em}^2 + 2\text{cov}_{GxE} + \sigma_{GxE}^2$$

σ_P^2	=	Fenotipik varyans
σ_A^2	=	Eklemeli genetik varyans
σ_D^2	=	Dominantlık varyansı
σ_Z^2	=	Epistatik etki varyansı
σ_{Emi}^2	=	Mikro çevre varyansı
σ_{Ema}^2	=	Makro çevre varyansı
σ_{Efix}^2	=	Sabit çevre varyansı
cov_{GxE}	=	Genotip x çevre interaksiyon kovaryansı
σ_{GxE}^2	=	Genotip x çevre interaksiyon varyansı



Şekil 2.6. Kanatlı hayvanlarda fenotipik varyansın unsurları (Szwaczkowski 2003)

Eklemeli gen etkileri düzenli bir şekilde yavrulara aktarılır ve hayvan ıslahında yoğun olarak söz konusu gen etkilerinden kaynaklanan genetik varyasyon üzerinde durulur. Eklemeli olmayan gen etkilerinin yavrulara aktarılması ve bu tip etkilerin meydana getirdiği varyansın toplam varyanstaki payı dikkate alınmayacak kadar azdır, ancak saf hat ve melez denemelerinde özel istatistiksel yöntemlerle tahmin edilebilmektedir (Becker 1992).

Çevre koşulları ebeveynlerden yavrulara aktarılmaz ve bazı durumlarda kalıtsal yapıdan kaynaklanan varyasyon çevre koşulları etkisiyle ortadan kalkabilir. Bir hayvanın genetik potansiyelini sergileyebilmesi için uygun çevre koşulları gereklidir, bu nedenle damızlık hayvanlar ve ticari hibritler için üniform ve nitelikli çevre sağlamak gerekmektedir. Hangi hayvana hangi yönde etki yaptığı bilinmeyen etkiler “mikro çevre faktörleri” olarak tanımlanır, belirli hayvanlara belirli yönde etki yapan faktörler ise “makro çevre faktörleri” olarak tanımlanır (Becker 1992). Örneğin familya içerisindeki öz kardeş grubu üzerinde makro çevre faktörü olan maternal etki söz konusudur. Makro çevre faktörlerinin etki yönleri bilinmekte ve istatistik yöntemlerle ölçülebilmektedir. Mikro çevre faktörleri ise etkisi ve yönü bilinmeyen, sürekli dağılış gösteren ve istatistik hata unsuru içinde yer alan tesadüfi etkilerdir. Çevre varyansını oluşturan bir diğer unsur da “sabit çevre faktörleri”dir (Becker 1992, Soysal 2002). Bazı çevre faktörlerinin etkileri aynı hayvanın tekrarlanan verimlerini daima aynı yönde etkiler. Örneğin, erken dönemde hastalık geçiren bir tavuğun yumurta kabuğunun sürekli olarak bozuk olması, kalıcı sabit çevre etkisidir. Bazı sabit çevre faktörlerinin etkileri ise şansa bağlı olarak olumlu ya da olumsuz şekilde çeşitli dönemlerde ortaya çıkabilmektedir. Böyle etkilere ise “geçici sabit çevre faktörleri” adı verilir. Örneğin iklim birinci kuluçka döneminde olumlu yönde etki yaparken, ikinci kuluçka döneminde olumsuz yönde etkiler ortaya çıkarabilir.

2.1.4. Varyans unsurları ve kalıtım derecesi tahminleri

Fenotipik varyansı oluşturan her bir eklemeli genetik unsurun sayısal değerleri ve fenotipik varyanstaki payları ırk, hat, ve sürülerde farklılık göstermektedir; bu nedenle de ıslah çalışmalarında ölçülmesi zorunludur. Varyans unsurlarının tahmin edilmesinde kullanılan farklı tahminciler bulunmaktadır. Hayvan ıslahı ile uğraşan araştırmacılar, varyans unsurlarını elde etmek için başlangıçta Henderson ve ANOVA yöntemlerini kullanmışlardır. Bu yöntemler dengeli verilerde yeterli olmasına rağmen, pratikte baba ve ana başına düşen yavru sayısının eşit olmaması durumunda hatalı tahminler elde edilmesine yol açmaktadır (Fırat 2000). Bu sorun olabilirlik yöntemlerinin kullanılmasıyla ortadan kaldırılmıştır. Maksimum olabilirlik (ML) ve kısıtlanmış maksimum olabilirlik (REML) yöntemleri, olabilirlik fonksiyonunu parametre uzayında maksimize ederek varyans unsurlarını tahmin etmektedir. Söz konusu olabilirlik tahmincileri, seleksiyona tabii tutulmuş populasyonlar için de kullanılabilir. Bununla birlikte ML, sabit etkilerden kaynaklanan serbestlik derecesindeki kaybı dikkate almaması nedeniyle yanlış tahmin verebilmektedir. Bu yanlışlık sorunu REML yöntemi kullanılarak giderilmiştir (Fırat 1996). Son yıllarda bilgisayar teknolojisindeki gelişmeler sayesinde, varyans unsurlarının tahmini için Bayesian yöntemleri de kullanılmaya başlanmıştır. Posterior dağılımların tahminleri için kullanılan Bayesian algoritmalarından biri olan “Gibbs örnekleme yöntemi”, karışık bir doğrusal modeldeki varyans unsurlarının tahmini için de kullanılmaktadır (Fırat 1996). Günümüzde varyans unsurlarının tahmin edilmesinde en çok kullanılan yöntemler REML ve Gibbs örnekleme yöntemleridir.

Uygun yöntem ve modellerle varyansın ölçülmesi ve unsurlarına ayrılması sonucunda kalıtım derecesi, tekrarlanma derecesi, genetik korelasyon, genotip-çevre interaksyonu, damızlık değer, genetik değişim ve genetik yönelim gibi değerler doğru ve yansız şekilde elde edilebilmektedir (Szwaczkowski 2003).

“Kalıtım derecesi (h^2)”, en genel anlamıyla fenotipik değerlerin ne ölçüde genlerden kaynaklandığını gösteren ve ebeveynlerin genetik yapısının ne kadarının yavrulara aktarılabilirliğini belirten bir katsayıdır. Genotipik varyansın (σ_G^2) fenotipik varyanstaki (σ_P^2) payı olarak tanımlanan “geniş anlamli kalıtım derecesi” şu eşitlikle tahmin edilmektedir;

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} \quad (2.4)$$

Hayvan ıslahında tüm genetik etkileri kapsayan geniş anlamli kalıtım derecesi yerine, sadece eklemeli gen etkilerini (σ_A^2) içeren “dar anlamli kalıtım derecesi” kullanılmaktadır ve aşağıdaki eşitlikle tahmin edilmektedir;

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \quad (2.5)$$

Kalıtım derecesi bireylere ait bir değer olmayıp populasyon için tahmin edilen bir parametredir, 0 ile 1 arasında değişen değerler almakta ve yüzde olarak ifade edilmektedir. Bir özelliğin kalıtım derecesi 0-0,20 aralığında ise “düşük”, 0,20-0,40 aralığında ise “orta” ve 0,40’tan büyük bir değerde ise “yüksek seviyeli” olarak kabul edilir. Herhangi bir özellik için uygulanacak ıslah yöntemi o özelliğin kalıtım derecesi seviyesine göre belirlenmektedir. Kalıtım derecesi populasyon için tahmin edilen bir parametre olduğundan, akrabalı yetiştirme, melezleme, mutasyon, seleksiyon, göç gibi olaylara bağlı olarak değişebilir (Soysal 2002).

Kanatlı hayvanlar genellikle, sürü içerisindeki aile yapısında çiftleştirilmekte, aile yapısı ise bir erkek birey ve onunla çiftleşen farklı sayıda dişi bireylerden oluşmaktadır. Bu tip bir aileden elde edilen yavrular öz ve üvey kardeşlerdir ve toplanan verilerin istatistik analizi iç içe sınıflandırılmış deneme desenine (nested design) göre gerçekleştirilmektedir. Analizde varyans unsurları; hatlarda aile, aile içi horoz, horoz içi tavuk ve ailelere göre; horoz ve horoz içi tavuklardan oluşmaktadır. Konuyla ilgili sayısal bir örnek EK 6’da sunulmuştur. Örnekte benzetim yoluyla elde edilmiş, 20 erkek, 180 dişi ebeveynden ve onların 900 yavrusuna ait kısmi yumurta verimleri bulunmaktadır. SAS programında REML, ML, Mivque ve Henderson Tip 1 tahmin edicileri kullanılarak varyans unsurları ve kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir.

2.1.5. Kovaryans unsurları ve genetik korelasyon tahminleri

Hayvan ıslahında üzerinde durulan özellik sayısının birden fazla olması durumunda, özellikler arası ilişkilerin de dikkate alınması gerekmektedir. İki özellik arasındaki ilişkinin yönünü ve sayısal büyüklüğünü gösteren ölçüte “kovaryans (Cov_{xy})”, yönünü ve seviyesini gösteren ölçüte ise “korelasyon” denilmektedir (Düzgüneş vd 2003). Özellikler arasındaki ilişkiler fenotipik ve genetik olmak üzere iki türdür. İki özellik arasındaki fenotipik ilişki, söz konusu iki özelliğin o çevre koşulları altındaki ilişkisini belirlemek için kullanılır. Hayvan ıslahı açısından ise, iki özellik arasında yalnızca genetik kökenli ilişki önemlidir. “Genetik korelasyon katsayısı (r_G)”, iki özellik arasındaki eklemeli genetik kovaryansın her iki özelliğe ait eklemeli genetik standart sapmalara bölünmesiyle tahmin edilmektedir:

$$r_G = \frac{Cov_{xy}}{\sqrt{\sigma_x^2} \sqrt{\sigma_y^2}} \quad (2.6)$$

Genetik korelasyon, aynı bireyde iki ya da daha çok özelliği etkileyen genler seti arasındaki ilişkiyi ifade etmektedir. Bu durum genlerin birden çok özellik üzerine pleotropik etkisinden, gen bağılılığı etkisinden, genlerin rastgele bir araya gelmesinden ve seleksiyon etkisinden ileri gelebilmektedir (Kumlu 2003).

İki veya daha fazla özellik için yapılan ıslah çalışmalarında, dikkate alınan özellikler arasındaki ilişki pozitif ise, genetik korelasyon katsayısının büyüklüğüne bağlı olarak, özelliklerden biri için yapılacak iyileştirme diğer özellik bakımından da iyileşmeye yol açacaktır. Islah çalışmasında ele alınan iki özellik arasındaki genetik ilişki negatif (antagonizm) ise, diğer bir ifadeyle genetik korelasyon katsayısı negatif ise, özelliğin birinde gerçekleştirilecek iyileştirme diğerinin kötüleşmesi ile

sonuçlanacaktır. Antagonist ilişkinin varlığında da, uygun yöntemler kullanılarak her iki özelliğin iyileştirilmesi gerçekleştirilebilir ancak bu durumda genetik ilerleme daha yavaş olacaktır (Savaş 2003). Konuyla ilgili sayısal bir örnek EK 7’de sunulmuştur. Örnekte benzetim yoluyla iç içe sınıflandırılmış deneme desenine göre eşeysel olgunluk yaşı ve yumurta ağırlığı özelliklerini içeren bir veri seti kullanılmıştır. İki özellik arasındaki genetik korelasyon ve kalıtım dereceleri çok özellikli yöntemle SAS programında tahmin edilmiştir.

2.1.6. Damızlık değer ve seleksiyon indeksi

Bilindiği üzere klasik ıslahta, hayvanların herhangi bir kantitatif özelliğini belirleyen genler bilinmemektedir. Dolayısıyla o hayvanların fenotiplerinden faydalanılarak genetik yapının tahmini söz konusudur. Hayvan ıslahının temelini oluşturan kantitatif genetik teorisi, canlıların fenotipik ölçüm ve akrabalık ilişkilerinden yararlanılarak damızlık değerlerini tahmin edilmesine dayanmaktadır (Savaş 2003). Bu tanımlamadan yola çıkarak, bir hayvanın i. özelliğinin damızlık değeri (DD_i), o hayvana ait fenotipik değerden (x) populasyon ortalaması ($\bar{x}$) ve çevreden (E) kaynaklanan etkilerin çıkarılması ile bulunur (Savaş 2003, Kumlu 2003).

$$DD_i = x - \bar{x} - E \quad (2.7)$$

Damızlık değer, ortalamadan sapma olarak ifade edilir ve populasyonda hem pozitif hem de negatif damızlık değere sahip hayvanlar bulunur. Bir bireye ait damızlık değerinin kendi veriminden tahmin edilmesi durumunda, bireyin fenotipik değerinin (x) populasyon ortalamasından ($\bar{x}$) farkının o özelliğin kalıtım derecesi (h^2) ile çarpımına eşittir (Savaş 2003).

$$DD_i = h^2(x - \bar{x}) \quad (2.8)$$

Damızlık değer tahminlerinde, hayvanın kendi fenotipinin yanı sıra akrabalarının verimleri de kullanılabilir. Hayvanın damızlık değerinin doğru olarak saptanması çok önemlidir. Başlangıçta damızlık değer olarak fenotipik değerler kullanılmış ancak özellikle düşük kalıtım dereceli özelliklerde büyük sorunlarla karşılaşmıştır. Daha sonra damızlık değerler için sınırlı düzeyde de olsa, hem genetik ilişkiler hem de akrabalık ilişkilerini içeren çeşitli indeks yöntemleri geliştirilmiştir. Söz konusu yöntemlerde üzerinde durulan özellik veya özellikler hakkında bilgi sağlayabilen kaynak sayısı birden fazla ise, damızlık değer bu unsurlar dikkate alınarak tahmin edilir. Bu şekilde, aynı özellik için birden fazla bilgi kaynağı kullanmak veya değerlendirmede birden fazla özelliği dikkate almak, ya da hem birden fazla özellik hem de birden fazla bilgi kaynağına dayanarak seleksiyon kriteri elde etmek için yapılan işlemler “seleksiyon indeksi” oluşturmak olarak ifade edilmektedir (Orojpourmaraghi 2002). Ancak bu yöntemde, çevresel unsurlardan kaynaklanan sabit faktörlere göre standartlaştırma yapmak gerekmektedir ve sonuçlar yanıltıcı çıkabilmektedir.

2.1.7. Karışık model eşitlikleri

Henderson, en küçük kareler eşitlikleri ile akrabalık ilişkilerini ve genetik ilişkileri aynı modelde bir araya getirerek, “karışık model eşitliklerini” geliştirmiştir. Aynı modelde yer alan sabit etkilere ait en iyi doğrusal yansız tahmin (BLUE; Best Linear Unbiased Estimation) değerlerini ve şansa bağlı etkiler için en iyi doğrusal yansız kestirim (BLUP; Best Linear Unbiased Prediction) değerlerini elde etmiştir. BLUP değerleri, bireyler için saptanan “ıslah değeri” (breeding value) ya da diğer ismiyle “damızlık değeri”lerdir. Sabit ve rastgele etkilerden oluşan doğrusal karışık model aşağıda verilmiştir.

$$y = X\beta + Zu + e \quad (2.9)$$

Burada β , bilinmeyen sabit etkiler vektörünü; u , tahmin edilmek istenen damızlık değerleri içeren, ortalaması sıfır, varyansı $A\sigma_a^2$ olan rastgele etkiler vektörünü; A , eklemeli genetik ilişkiler matrisini ifade etmektedir. X ve Z , sırasıyla β ve u etkileri için tanımlanan desen matrisleridir. Modelde e , ortalaması sıfır, varyansı $R\sigma_e^2$ olan u 'dan bağımsız, şansa bağlı hata vektörünü; y ise ortalaması $X\beta$, varyansı $R\sigma_e^2 + ZUZ'\sigma_u^2$ olan gözlemler vektörünü temsil etmektedir. Modelin açık hali şu şekildedir;

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{bmatrix} \quad (2.10)$$

Karışık model eşitliklerinin çözümü ile elde edilen tahmin parametereleri doğrusal, sapmasız ve minimum hata varyansına sahiptir. Modeldeki β sabit etkiler için tahmin edilen BLUE değerlerini, u ise şansa bağlı etkilerin en iyi doğrusal sapmasız tahmin (BLUP) değerlerini vermektedir. Akrabalık ilişkilerini içeren bir akrabalık matrisinin en küçük kareler eşitliğine dahil edilmesiyle, BLUP yönteminde bireyler arasındaki tüm akrabalık ilişkileri dikkate alınabilmektedir. Fakat çok sayıda bireyin değerlendirmeye alındığı durumlarda akrabalık matrisinin tersinin hesaplanmasında karşılaşılan zorluklar nedeniyle yöntemin hayvan ıslahında uygulanması uzun yıllar mümkün olamamıştır (Mrode 2005).

Şekil 2.7, BLUP yöntemini açıklamak amacıyla verilmiş basit bir örnektir. Örnekteki 1, 2, 3, 4 ve 5 numaralı bireylere ait verimler sırasıyla 7, 9, 10, 6 ve 9'dur.

$$\begin{array}{c}
 \mathbf{Y} = \begin{bmatrix} 7 \\ 9 \\ 10 \\ 6 \\ 9 \end{bmatrix}
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 \begin{array}{ccc}
 (7) & 1 & (9) & 2 & (10) & 3 \\
 & \searrow & \swarrow & \searrow & \swarrow \\
 & (6) & 4 & (9) & 5
 \end{array}
 \end{array}
 \quad b = [\mu]$$

$$\mathbf{X} = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{Z} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{u} = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \end{bmatrix} \quad \mathbf{e} = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \end{bmatrix}$$

Şekil 2.7. BLUP örneği için karışık model eşitliğinde desen matrisleri

Söz konusu örneğin karışık model eşitliklerinden faydalanılarak çözümü için verim kayıtlarını içeren $\mathbf{Y}$ vektörü, sabit etkileri içeren $\mathbf{X}$ matrisi (örnekte verimle ilgili bir sabit etki bulunmadığından 1'lerden oluşan vektör) ve şansa bağlı etkileri içeren $\mathbf{Z}$ matrisleri (verim kaydı bulunan bireyler için tanımlanan birim matrisi) oluşturulmuştur. Eşitlikteki $\mathbf{k} = \sigma_E^2 / \sigma_A^2$ değeri, modelde dikkate alınan genetik unsurlara göre değişiklik göstermekle birlikte, eğer tek özellik üzerinde duruluyor ve özellik için varyans unsurları tahmin edilmemiş ise, pratik olarak $\mathbf{k} = (1 - h^2) / h^2$ eşitliği kullanılabilir (Mrode 2005). Aşağıda karışık model eşitliğindeki $\mathbf{X}'\mathbf{X}$, $\mathbf{X}'\mathbf{Z}$, $\mathbf{Z}'\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$, $\mathbf{X}'\mathbf{Y}$ ve $\mathbf{Z}'\mathbf{Y}$ ile $\mathbf{A}^{-1}$ matrisleri oluşturulması ve genel matris eşitliğinin çözümü gösterilmektedir.

$$\begin{array}{c}
 \mathbf{X}'\mathbf{X} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{X}'\mathbf{X} = 5
 \end{array}$$

$$\begin{array}{c}
 \mathbf{X}'\mathbf{Z} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{X}'\mathbf{Z} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}
 \end{array}$$

$$\mathbf{Z}'\mathbf{X} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{Z}'\mathbf{X} = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{Z}'\mathbf{Z} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Örnekte üzerinde durulan özellik için kalıtım derecesinin 0,50 olduğu varsayılmış ve $\mathbf{k} = \frac{1-0.5}{0.5} = 1$ değeri kullanılmıştır.

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & \frac{1}{2} & 0 \\ 0 & 1 & 0 & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \\ 0 & 0 & 1 & 0 & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & 0 & 1 & \frac{1}{4} \\ 0 & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & \frac{1}{4} & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \mathbf{A}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{5}{2} & \frac{1}{2} & 0 & -1 & 0 \\ \frac{1}{2} & 3 & \frac{1}{2} & -1 & -1 \\ 0 & \frac{1}{2} & \frac{5}{2} & 0 & -1 \\ -1 & -1 & 0 & 3 & 0 \\ 0 & -1 & -1 & 0 & 3 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{X}'\mathbf{Y} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 7 \\ 9 \\ 10 \\ 6 \\ 9 \end{bmatrix} \quad \mathbf{X}'\mathbf{Y} = [41] \quad \mathbf{Z}'\mathbf{Y} = \begin{bmatrix} 7 \\ 9 \\ 10 \\ 6 \\ 9 \end{bmatrix}$$

Karışık model eşitliğini oluşturan matris elemanları, yukarıdaki gibi oluşturulmuş ve aşağıda gösterilen genel eşitlikte yerlerine yerleştirilmiştir.

$$\begin{array}{ccc} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{Y} \\ \begin{bmatrix} 5 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix} & \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ \frac{5}{2} & \frac{1}{2} & 0 & -1 & 0 \\ \frac{1}{2} & 3 & \frac{1}{2} & -1 & -1 \\ 0 & \frac{1}{2} & \frac{5}{2} & 0 & -1 \\ -1 & -1 & 0 & 3 & 0 \\ 0 & -1 & -1 & 0 & 3 \end{bmatrix} & \begin{bmatrix} 41 \\ 7 \\ 9 \\ 10 \\ 6 \\ 9 \end{bmatrix} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \mathbf{A}^{-1} & \mathbf{Z}'\mathbf{Y} \end{array} = \begin{bmatrix} \mu \\ a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \end{bmatrix}$$

Matris eşitliğinin çözülmesi ile elde edilen ortalama ve tahmin değerleri (BLUP) şu şekildedir;

$$\begin{bmatrix} \mu \\ a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 8,30 \\ -0,96 \\ 0,08 \\ 0,88 \\ -1,06 \\ 0,55 \end{bmatrix}$$

BLUP tekniği, farklı yoğunlukta seleksiyon uygulanan ve aynı kuşakta olmayan bireylerin eş zamanlı karşılaştırılmasını sağlayabilir; ayrıca çevre etkilerine göre verimleri düzeltme ve damızlık değer tahmin etme işlemlerini tek aşamada gerçekleştirilmeye olanak tanır (Akbaş 1994 ve 1995, Quinton 2003). Zaman içerisinde akrabalık matrisinin tersini, doğrudan pedigri bilgilerinden faydalanarak gerçekleştiren algoritmalar bulunmuş ve akrabalık matrislerinde çeşitli zenginleştirmeler gerçekleştirilmiştir. Bu gibi uygulamalar, BLUP tekniğinin hayvan ıslahında kullanımını kolaylaştırmış ve yaygınlaştırmıştır. Tüm bu çabalar ve gelişen bilgi-işlem teknolojisi sayesinde artık günümüzde tüm dünyada damızlık değerlerin tahmin edilmesinde BLUP tekniği yaygın olarak kullanılmaktadır (Mrode 2005).

BLUP tekniği, başlangıçta hayvan gruplarındaki babalar için damızlık değer tahmin etmek üzere (baba modeli) geliştirilmiştir, ancak zaman içerisinde birey modeli (animal model), indirgenmiş birey modeli (reduced model), büyük ebeveyn modeli (grandsire model) gibi farklı modeller de tasarlanmıştır. Başlangıçta tek bir özellik için kurgulanan karışık model eşitlikleri, zamanla çok özellikli analizlere uygun şekilde düzenlenmiş ve moleküler genetik alanındaki yenilikler paralelinde marker destekli BLUP modelleri geliştirilmiştir (Mrode 2005).

Kanatlı hayvanlarda karışık model eşitlikleri ile seleksiyon indekslerinin karşılaştırıldığı az sayıda çalışma gerçekleştirilmiştir. Akbar vd (1986) küçük ölçekli ıslah programlarında geleneksel seleksiyon indekslerinden başka çok değişkenli uygulamaların da dikkate alınmasını önermişlerdir. Szwaczkowski vd (1997) seleksiyon indeksi yaklaşımını kullanan bir yöntem yanında BLUP yöntemini de kullanarak 1423 adet Beyaz Leghorn ve 1069 adet Rhode Island Red tavuğuna ait yumurta ağırlığı ve yumurta verimi özellikleri bakımından damızlık değerleri tahmin etmişlerdir. İki özellik bakımından öz kardeş gruplarının iki farklı yöntemle tahmin edilen damızlık değerleri arasındaki sıra korelasyon değerleri Beyaz Leghornlar için 0,94, Rhode Island Redler için de 0,87 olarak hesaplanmıştır. Her iki hatta da babaların bir özellik bakımından damızlık değerleri arasındaki sıra korelasyonu 0,87-0,95 arasında bulunmuştur. Mielenz vd (1996) tavuklarda uygulanan ıslah programlarından çoklu özellikler için BLUP ve seleksiyon indeksi yöntemlerinin toplam genetik ilerleme ve akrabalığa etkisini karşılaştırmak amacıyla bir benzetim çalışması yürütmüşlerdir. Farklı sürü büyüklükleri (570, 1140 ve 2280) ve değişik sayılarda baba familyaları (1, 2, 4, 8, 16, 32 ve 64) esas alınarak toplam 40 kuşak seleksiyon yapıldığı varsayılmış ve sonuçlar karşılaştırılmıştır.

Bütün sürü büyüklükleri ve baba familyası sayısının 2'den büyük olduğu koşullarda, BLUP yönteminden yararlanmanın daha fazla genetik ilerleme sağladığı ortaya konulmuştur. BLUP yönteminin sağladığı üstünlük, yukarıda belirtilen üç sürü büyüklüğü için sırasıyla % 1,3-4,9, % 1,2-4,3 ve % 1,1-4,0 arasında değişmiştir. Jeyaruban vd (1995), benzetim tekniğiyle elde edilmiş bir yumurtacı tavuk populasyonunda cinsiyete bağlı özellikler için damızlık değerleri hem değişik seleksiyon indeksleri hem de BLUP yöntemiyle tahmin ederek karşılaştırmışlardır. Çalışmada birbiri ile akraba olmayan 30 erkek ve 300 dişiden oluşan bir sürüyü temel ıslah populasyonu olarak kabul etmişler ve üzerinde durulan özelliğin kalıtım derecesinin düşük, orta ve yüksek olduğunu varsaymışlardır. Araştırmada, dikkate alınan her koşulda BLUP yöntemiyle sağlanan genetik ilerlemenin farklı indekslerle sağlanan genetik ilerlemeden yüksek olduğu sonucuna varılmıştır. Ayrıca BLUP yöntemi ile seçilen populasyonlarda akrabalı yetiştirme katsayısı daha yüksek bulunmuştur.

2.1.8. Tek özellikli birey modeli

Damızlık değer tahminlerinde kullanılan karışık model eşitlikleri içerisinde, çeşitli üstün özellikleri nedeniyle en yaygın kullanım alanına sahip yöntem “birey modeli”dir. Diğer modellere göre işlem hacmi daha yüksek olan birey modelinin kullanımı, bilgisayar teknolojisindeki gelişmelere paralel olarak artmıştır. Model ile populasyondaki bütün bireyler, verim kaydı olsun ya da olmasın, birlikte değerlendirilebilmektedir. Bireylerin akrabalarına ait verimlerin bilinmesi durumunda, bu yöntemle verim kaydı olmayan bireyler için de damızlık değerler tahmin edilebilmektedir. Yöntemin bu üstünlüğü sayesinde, horozların yumurta verimi gibi cinsiyete bağlı özellikler için ya da seleksiyon sürüsünde ölçülemeyen kesim ile ilgili özelliklere ait damızlık değerler akraba bireylerin verim kayıtlarından faydalanılarak tahmin edilebilmektedir. Tek özellik için gerçekleştirilecek analizde, karışık model eşitliği bir önceki başlıkta açıklandığı şekildedir ve aşağıda tekrar verilmiştir;

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \frac{\sigma_a^2}{\sigma_e^2} \mathbf{A}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{Y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{Y} \end{bmatrix} \quad (2.11)$$

Tek özellikli birey modeline ait bir örnek EK 8'de sunulmuştur. Örnekte 10 erkek, bunlarla çiftleşen 30 dişi ve bunların 90 yavrusuna ait Y_1 (6. hafta canlı ağırlığı), Y_2 (yumurta ağırlığı), Y_3 (eşeyssel olgunluk yaşı) ve Y_4 (yumurta verimi, adet) verileri benzetim yöntemiyle elde edilmiştir. Örnekte, bireyler için damızlık değerler tek özellikli birey modeli kullanılarak SAS programında çözülmüştür.

2.1.9. Çok özellikli birey modeli

Modern kanatlı ıslahında seleksiyon, ekonomik öneme sahip birden fazla özelliği dikkate alacak şekilde uygulanmaktadır. Söz konusu özelliklerin hem fenotipik hem de genetik ilişkileri dikkate alınmak durumundadır ve bu özellikler farklı hatlarda değişik şekillerde kombine edilmekte, farklı kuşaklarda güncellenmektedir (Szwaczkowski 2003). Çok özellikli BLUP yöntemi, çok özelliği dikkate alan seleksiyon çalışmalarında esneklik sağlayan en iyi metodolojidir. İlk kez 1976 yılında

Henderson ve Quaas tarafından gerçekleştirilen çok özellikli BLUP uygulamasının en önemli avantajı, elde edilen tahmin değerlerinin daha sapmasız olmasıdır. Sapmasızlığın nedeni, incelenen özellikler için tahmin edilen genetik ve çevre unsurlarından kaynaklanan kovaryansların doğrudan hesaplamalara dahil edilebilmesidir. Kovaryanslar arasındaki mutlak farklılıklar da sapma miktarlarını doğrudan etkilemektedir, örneğin kalıtım dereceleri ve genetik-çevre korelasyonları eşit olan iki özellik için hesaplanan tek özellikli BLUP değerleri ile çok özellikli BLUP değerleri de eşit olmaktadır. Ayrıca çok özellikli BLUP, kalıtım derecesi düşük özellikler için de daha kullanışlıdır. Çok özellikli BLUP uygulamasının dezavantajı ise fazla işlem hacmi gerektirmesidir (Mrode 2005). Çok özellikli karışık model eşitliği, aşağıda verilen matris notasyonlarıyla gösterilmiştir.

$$\mathbf{y}_1 = \mathbf{X}_1 \mathbf{b}_1 + \mathbf{Z}_1 \mathbf{a}_1 + \mathbf{e}_1$$

$$\mathbf{y}_2 = \mathbf{X}_2 \mathbf{b}_2 + \mathbf{Z}_2 \mathbf{a}_2 + \mathbf{e}_2$$

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}' \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \otimes \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{a}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{X} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{Z} = \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix}, \quad \hat{\mathbf{b}} = \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}}_1 \\ \hat{\mathbf{b}}_2 \end{bmatrix}, \quad \hat{\mathbf{a}} = \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{a}}_1 \\ \hat{\mathbf{a}}_2 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{y} = \begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}}_1 \\ \hat{\mathbf{b}}_2 \\ \hat{\mathbf{a}}_1 \\ \hat{\mathbf{a}}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'_1 \mathbf{R}^{11} \mathbf{X}_1 & \mathbf{X}'_1 \mathbf{R}^{12} \mathbf{X}_2 & \mathbf{X}'_1 \mathbf{R}^{11} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{X}'_1 \mathbf{R}^{12} \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{X}'_2 \mathbf{R}^{12} \mathbf{X}_1 & \mathbf{X}'_2 \mathbf{R}^{22} \mathbf{X}_2 & \mathbf{X}'_2 \mathbf{R}^{21} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{X}'_2 \mathbf{R}^{22} \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{Z}'_1 \mathbf{R}^{11} \mathbf{X}_1 & \mathbf{Z}'_1 \mathbf{R}^{12} \mathbf{X}_2 & \mathbf{Z}'_1 \mathbf{R}^{11} \mathbf{Z}_1 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}^{11} & \mathbf{Z}'_1 \mathbf{R}^{12} \mathbf{Z}_2 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}^{12} \\ \mathbf{Z}'_2 \mathbf{R}^{21} \mathbf{X}_1 & \mathbf{Z}'_2 \mathbf{R}^{22} \mathbf{X}_2 & \mathbf{Z}'_2 \mathbf{R}^{21} \mathbf{Z}_1 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}^{21} & \mathbf{Z}'_2 \mathbf{R}^{22} \mathbf{Z}_2 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}^{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}'_1 \mathbf{R}^{11} \mathbf{y}_1 + \mathbf{X}'_2 \mathbf{R}^{12} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{X}'_2 \mathbf{R}^{21} \mathbf{y}_1 + \mathbf{X}'_2 \mathbf{R}^{22} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{Z}'_1 \mathbf{R}^{11} \mathbf{y}_1 + \mathbf{Z}'_1 \mathbf{R}^{12} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{Z}'_2 \mathbf{R}^{21} \mathbf{y}_1 + \mathbf{Z}'_2 \mathbf{R}^{22} \mathbf{y}_2 \end{bmatrix}$$

Modelde bulunan $\mathbf{X}$, $\mathbf{Y}$, $\mathbf{Z}$ elemanları daha önce açıklanmıştır; modelde $\mathbf{G}$ özellikler arasındaki eklemeli genetik etkiler için varyans-kovaryans matrisini ifade etmektedir, eşitlikte bulunan $\mathbf{R}$ ise çevresel etkiler için varyans-kovaryans matrisidir.

Çok özellikli birey modeline ait bir örnek EK 9'da sunulmuştur. Örnekte 10 erkek, bunlarla çiftleşen 30 dişi ve bunların 90 yavrusuna ait $\mathbf{Y}_1$ (6. hafta canlı ağırlığı), $\mathbf{Y}_2$ (yumurta ağırlığı), $\mathbf{Y}_3$ (eşeyssel olgunluk yaşı) ve $\mathbf{Y}_4$ (yumurta verimi, adet) verileri benzetim yöntemiyle elde edilmiştir. Örnekte bireyler için damızlık değerler çok özellikli birey modeli kullanılarak SAS programında çözülmüştür.

2.1.10. Seleksiyon

Sürüde istenen yönde en iyi damızlık değerlere sahip hayvanların seçilip, bir sonraki kuşağın ebeveynleri olarak tayin edilmelerine “seleksiyon” denilmektedir. Seleksiyon, gelecek kuşaktaki genetik yapının değiştirilmesini sağlayan bir ıslah yöntemidir (Crawford 1990, Falconer ve Mackay 1996, Savaş 2003). Bir özellik için gerçekleştirilen seleksiyon sonucunda beklenen genetik değişim, $\Delta G = h^2 S$ eşitliği ile ifade edilmektedir; h^2 , seleksiyon kriteri olan özelliğin kalıtım derecesi; S ise seçilen bireylerin fenotipik üstünlüklerinin ortalamasıdır ($S = \sum P_{ijk} - \mu_i/n$). Bu eşitlik, kalıtım derecesinin isabet derecesine dönüştürülmesiyle $\Delta G = r_A \sigma_A S / \sigma_P$ şeklide ifade

edilebilmektedir. Fenotipik üstünlüğün, fenotipik standart sapmaya bölünmesiyle elde edilen değer “i” ile gösterilip, “seleksiyon yoğunluğu” olarak adlandırılır. Yoğunluk oranı, seçilenlerin yüzdesinin standart normal dağılım tablosundan bulunan değere oranlanmasıyla elde edilmektedir. Genetik ilerleme eşitliğinde, seleksiyon üstünlüğü standart sapma cinsinden yazıldığında $\Delta G = h\sigma_A i$ eşitliği elde edilmektedir. Görüldüğü üzere, bir özellik için bir kuşaklık seleksiyonla elde edilebilecek genetik ilerleme isabet derecesi, eklemeli genetik standart sapma ve seleksiyon üstünlüğü ile doğru; fenotipik standart sapma ile ters orantılıdır (Crawford 1990, Falconer ve Mackay 1996).

Seleksiyonun birden fazla özellik için gerçekleştirilmesi durumunda beklenen genetik ilerleme $\Delta G = GP^{-1}S$ eşitliğiyle tahmin edilmektedir. Burada **G** eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi, **P** fenotipik varyans-kovaryans matrisi, **S** ise her bir özellik için seleksiyon üstünlüklerini içeren vektördür (Falconer 1989).

2.2. Japon Bildircinlarının Islahına Yönelik Araştırmalar

Türe özgü avantajları nedeniyle Japon bildircinleri üzerinde yapılmış çok sayıda bilimsel araştırma bulunmaktadır. Tez konusuna paralellik gösterecek şekilde, yapılmış olan çalışma sonuçları büyüme özellikleri, yemden yararlanma, karkas verimi ile yumurta verimi ve döllülük alt başlıkları altında özetlenecektir.

2.2.1. Büyüme

Genellikle model hayvan olarak kullanılan Japon bildircinleri ile yapılan ıslah çalışmalarının büyük bir çoğunluğunda 4-6 haftalık yaşlar için uygulanan kısa dönemli fenotipik kitle seleksiyonu uygulanmıştır (Marks ve Lepore 1968, Türedi 1986, Dinç 1988, Tozluca 1993, Akşit 1996, Oğuz ve Türkmüt 1999a, Yolcu vd 2006). Bu çalışmalarda 4-5 kuşaklık kısa dönemlerde bile başarılı sonuçlar alınmıştır ve ilk kuşaklarda oldukça yüksek düzeyde genetik değişim sağlanmıştır (Marks ve Lepore 1968, Oğuz ve Türkmüt 1999a). Bunun yanı sıra, pek çok çalışmada uzun dönemli fenotipik kitle seleksiyonu uygulanmıştır; bunlardan en etkileyici olanı H. L. Marks tarafından gerçekleştirilmiş olup, 30 yılı aşkın süreyle devam ettirilen bu çalışmada 90 kuşaktan fazla seleksiyon yapılmıştır (Marks ve Lepore 1968, Marks 1971, Darden ve Marks 1988a, 1988b, Marks 1991a, Marks 1996). Kontrol grubuna ait 4. hafta canlı ağırlığın 88 g olduğu söz konusu çalışmada, 80 kuşak sonunda seleksiyon grubunun 4. hafta canlı ağırlığı 253 g’a yükselmiştir (Marks 1991a). Marks tarafından geliştirilen P ve I hatlarında 1-20., 21-40., 41-60., 61-80. ve 81-97. kuşaklarda 4. hafta canlı ağırlığı için gerçekleşen kalıtım dereceleri sırayla 0,29 ve 0,22, 0,17 ve 0,00, 0,12 ve 0,05, 0,07 ve 0,16, 0,11 ve -0,10 olarak hesaplamıştır. Marks (1996) 97 kuşaklık seleksiyon sonrasında genetik varyasyonun halen devam ettiğini, ancak gerçekleşen kalıtım derecelerinin düştüğünü ve bunun eklemeli genetik varyanstaki azalmadan kaynaklandığını bildirmiştir. Dördüncü hafta canlı ağırlığı için uzun dönemli seleksiyon uygulamasının, ileri yaşlara ait canlı ağırlık değerleriyle, ilk yumurta yaşıyla ve yumurta ağırlığıyla pozitif genetik ilişkili; döllülük, kuluçka randımanı ve yumurta verimi ile negatif genetik ilişkili olduğu tespit edilmiştir (Marks 1996). Benzer sonuçlar diğer uzun dönemli seleksiyon çalışmalarında da elde edilmiştir (Caron vd 1990, Toelle vd 1991, Anthony vd 1996, Aggrey vd 2003, Hyankova vd 2008).

Japon bıldırcınları için çıkış ağırlığına ait kalıtım dereceleri, çeşitli araştırmacılar tarafından çok farklı seviyelerde tahmin edilmiştir. Söz konusu parametre Magda vd (2010) ile Sarı vd (2010) tarafından 0,74, Singh (2009) tarafından 0,98 olarak yüksek seviyelerde bulunurken; Sezer vd (2006, 2007) tarafından 0,20-0,24, Özsoy ve Orhan (2011) tarafından 0,35, Resende vd (2005) tarafından 0,33 olarak orta seviyede tahmin edilmiştir. Söz konusu özellik bakımından en düşük kalıtım derecesi Akbaş vd (2004) tarafından 0,007 olarak tahmin edilmiştir.

Pek çok araştırmacı (Toelle vd 1991, Akbaş ve Yaylak 2000, El-Deen vd 2005, Resende vd 2005, Nariñ vd 2010a) bıldırcınlarda haftalık canlı ağırlıklar için orta-yüksek düzeyde kalıtım dereceleri tahmin etmişlerdir. Akbaş vd (2004) tarafından şansa bağlı regresyon yöntemiyle tahmin edilen 1-6. haftalara ait kalıtım dereceleri 0,39 ile 0,61 arasında bulunmuştur. Söz konusu çalışmada artan yaşla birlikte fenotipik varyansın eklemeli genetik ve kalıcı çevre varyansına göre daha fazla artış gösterdiği; bu nedenle de özellikle son haftalara ait kalıtım derecesi tahminlerinin daha düşük bulunduğu bildirilmiştir. Buna paralel olarak, REML tahmincisi ile çok özellikli yöntem kullanan Saatci vd (2003), Japon bıldırcınlarında ilk 0-6. haftalık yaşa ait kalıtım derecelerini sırasıyla 0,51, 0,32, 0,20, 0,21, 0,20, 0,15 ve 0,14 olarak tahmin etmişlerdir. Aynı tür ile çalışan Singh (2009) ise 3-6. haftalara ait canlı ağırlıklar için kalıtım derecelerini sırasıyla 0,62, 0,48, 0,38 ve 0,36 olarak bildirmiştir.

Japon bıldırcınlarında 4. hafta canlı ağırlığı için kalıtım derecesi Magda vd (2010) tarafından 0,30, Kumari vd (2009) tarafından ise 0,30-0,36 arasında tahmin edilmiştir. Buna karşılık, pek çok araştırmacıya göre 4. hafta canlı ağırlığına ait kalıtım derecesi tahminleri yüksek seviyelidir (Sarı vd 2010, Singh 2009, Toelle vd 1991, Shokoohmand vd 2007, Sezer vd 2006, Sezer 2007, Özsoy ve Orhan 2011, Nariñ vd 2010a, Akbaş ve Yaylak 2000, Resende vd 2005).

Pek çok araştırmada 5. hafta canlı ağırlığına ait kalıtım dereceleri yüksek düzeyde (0,41-0,61) tahmin edilmiştir (Akbaş ve Yaylak 2000, Akbaş vd 2004, Sezer vd 2006, Sezer 2007, Shokoohmand vd 2007, Nariñ vd 2010a). Buna karşılık Vali vd (2005), Singh (2009), Özsoy ve Orhan (2011) beşinci hafta canlı ağırlığı için kalıtım derecelerini sırasıyla 0,26, 0,36, 0,38 olarak orta düzeyde tahmin etmişlerdir. Söz konusu haftaya ait kalıtım derecesi Saatci vd (2003) tarafından ise 0,14 gibi düşük bir düzeyde tahmin edilmiştir.

Japon bıldırcınlarında haftalık canlı ağırlık değerleri arasındaki genetik korelasyonların yüksek seviyeli olduğu ve fenotipik korelasyonlardan daha yüksek oldukları çeşitli araştırmacılar tarafından bildirilmiştir (Akbaş vd 2004, Sezer vd 2006, Nariñ vd 2010a). Sezer vd (2006) haftalık canlı ağırlıklar arasındaki genetik korelasyonların 0,46 ile 0,98 arasında değiştiğini bildirmiş; Akbaş vd (2004) 2-4, 2-6 ve 4-6 haftalık canlı ağırlıklar arasındaki genetik korelasyonları sırasıyla 0,84, 0,80 ve 0,87 olarak tahmin etmişlerdir. Fenotipik korelasyon katsayılarında olduğu gibi, çıkış ağırlığı ile haftalık canlı ağırlıklar arasındaki genetik korelasyonlar düşük-orta seviyeli bulunmuştur (Resende vd 2005, Sarı vd 2010, Özsoy ve Orhan 2011).

Büyüme, üzerinde durulan özellik bakımından birim zamanda oluşan kütle ve hacim değişiminin ifadesidir (Akbaş ve Oğuz 1998). Bilim insanları uzun yıllardan beri

büyümenin farklı matematiksel fonksiyonlarla ifade edilmesi ile ilgili çalışmalar yapmaktadır. Büyümenin doğrusal olmayan regresyon yöntemleriyle modellenmesinde biyolojik anlamlar taşıyan 3-4 parametrelili modeller kullanılmıştır. Genel olarak tüm modellerde aynı anlamı taşıyan ve hayvanın erişebileceği en yüksek ağırlığı temsil eden parametreye “ergin ağırlık” (asimptotik ağırlık) parametresi adı verilmektedir. Ölçülen özellik bakımından zaman noktaları arasındaki değişime büyüme hızı, söz konusu hızı tahmin etmeye yarayan parametreye “anlık büyüme hızı” parametresi denilmektedir. Sigmoid yapıdaki büyüme eğrileri, büyüme hızının arttığı (hız kazanan) dönem ve azaldığı (hız kesen) dönem olmak üzere iki evreden oluşmaktadır (Yakupoglu, 1999). İki evrenin birbirinden ayrıldığı noktaya “bükülme noktası” adı verilir ve bu nokta aynı zamanda en yüksek büyüme hızını temsil etmektedir. Büyüme eşitliklerinin türevleri alındığında mutlak büyüme hızı ve bağıl büyüme hızı eşitlikleri elde edilmektedir. Bu eşitlikler belirli zaman noktaları arasındaki ağırlık kazancı ve ağırlık kazanç değişim oranlarının parametrik yaklaşımla tahminlerini elde etmek amacıyla kullanılmaktadır (Aggrey 2004).

Büyüme verilerinin modellenmesi amacıyla Japon bıldırcınlarında gerçekleştirilmiş birçok çalışmada uyum iyiliği kriterleri bakımından en iyi modelin, üç parametrelili Gompertz modeli olduğu belirlenmiştir (Tzeng ve Becker, 1981, Anthony vd 1986, 1991, Akbaş ve Oğuz 1998, Alkan vd 2009, Narinç vd 2010b).

Bıldırcınların büyümesini Gompertz modeli ile inceleyen Akbaş ve Oğuz (1998), Kızılkaya vd (2005) ve Alkan vd (2009) ergin ağırlık parametresini (β_0) sırasıyla 208,3-239,5 g, 221,74-225,50 g ve 204-224 g aralıklarında tahmin etmişlerdir. Narinç vd (2009, 2010a)’nin tahminleri ise 210,7 g ve 222,1 g’dir. Bunun yanında, Alkan vd (2009) β_0 parametresini, canlı ağırlığı arttırmak için seleksiyon uygulanmış bir sürüde 295-306 g, canlı ağırlığı azaltmak üzere seleksiyon uygulanmış bir sürüde 151-164 g olarak tahmin etmişlerdir. Bir başka çalışmada bıldırcınlara embriyonik dönemde termal manipülasyon uygulayan araştırmacılar (Alkan vd 2012), yine Gompertz modeli ile büyüme eğrilerini incelemişler, β_0 parametrelerinin 203-241 g arasında değiştiğini bildirmişlerdir. İslah çalışmaları ya da çevresel uygulamaların bıldırcınlarda büyümeyi ve büyüme eğrisi parametrelerini değiştirmeleri beklenen bir durumdur (Akbaş ve Yaylak 2000, Narinç vd 2010b).

Gompertz modelinin integrasyon katsayı parametresi (β_1), Akbaş ve Oğuz (1998) tarafından seleksiyon uygulanmamış bir sürüde 3,89, Kızılkaya vd (2005) tarafından da 3,82 olarak tahmin edilmiştir. Bunun yanında, bıldırcınlarda β_1 parametresini Akbaş ve Yaylak (2000) 3,40, Alkan vd (2009) 3,26-3,41, Narinç vd (2009) 3,66, Narinç vd (2010a ve b) 3,31 ve 3,44 olarak tahmin etmişlerdir. Anlık büyüme hızını temsil eden β_2 parametresi ise farklı araştırmacılar tarafından 0,055-0,084 aralığında tahmin edilmiştir (Akbaş ve Oğuz 1998, Akbaş ve Yaylak 2000, Kızılkaya vd 2005, Alkan vd 2009, Narinç vd 2009, 2010a) tarafından tahmin edilmiştir. β_2 parametresi için küçük değerler tahmin edilmesi, geç olgunlaşmayı ve beraberinde yüksek ergin ağırlığı ifade etmektedir. Buna karşılık, yüksek β_2 değerleri ise erken olgunlaşmayı ve daha düşük ergin ağırlığı temsil etmektedir (Akbaş ve Yaylak 2000, Ersoy vd 2006). Canlı ağırlığı arttırmak üzere seleksiyon uygulayan Akbaş ve Oğuz (1998), bıldırcınlarda bükülme noktası yaşı ve ağırlığını 19,75 gün ve 88,13 g olarak saptamışlardır, şansa bağlı çiftleşen kontrol grubunda ise söz konusu özellikler 20,20

gün ve 76,62 g olarak bildirmişlerdir. Kızılkaya vd (2010) tarafından gerçekleştirilen araştırmada, Gompertz modelinin bükülme noktası yaşına ait değerler 16,19 ve 17,05 gün, bükülme noktası ağırlığına ait değerler 81,57 ve 82,96 g bulunmuştur. Alkan vd (2009) tarafından canlı ağırlığı arttırmak amacıyla yüksek canlı ağırlık grubu bıldırcınlarda bükülme noktası yaşı ve ağırlığı değerleri dişilerde 15,68 gün ve 113 g, erkeklerde 17,64 gün ve 108 g; kontrol grubu dişilerde 18,27 gün ve 82,3 g, erkeklerde 17,99 gün ve 75 g olduğu bildirilmiştir. Yine bıldırcınlarla yapılan çalışmalarda (Akbaş ve Oğuz 1998, Akbaş ve Yaylak 2000, Balcıoğlu vd 2005, Narinç vd (2009), β_0 - β_1 ve β_0 - β_2 parametreleri arasındaki fenotipik ilişkiler için negatif, β_1 - β_2 için pozitif değerler tespit edilmiştir. Narinç vd (2010a), ergin ağırlık ile anlık büyüme hızı parametreleri arasındaki yüksek negatif korelasyonun, tahmin edilen ergin ağırlığa ulaşma yaşının ölçümün yapıldığı yaştan uzak bir dönemde gerçekleşeceği anlamına geldiğini ifade etmişlerdir.

Kanatlı hayvanlar ile ilgili literatürde, parametrik yöntemle tahmin edilen mutlak büyüme hızı ve bağıl büyüme hızı değerlerine ilişkin sınırlı sayıda çalışma bulunmaktadır. Hindilerde parametrik ve parametrik olmayan yöntemlerle haftalık bağıl büyüme hızlarını tahmin eden Maruyama vd (1998), eşeyler arasında söz konusu özellik bakımından farklılık olduğunu bildirmişlerdir. Aggrey (2004) etlik piliç ebeveynlerinde mutlak ve bağıl büyüme hızlarını araştırdığı çalışmasında, ıslah çalışmalarına özellikle bağıl büyüme hızlarının dahil edilmesi gerektiği sonucuna varmıştır. Bıldırcınlarda 11-28. günler arasındaki bağıl büyüme bakımından iki yönlü ve uzun dönemli seleksiyonun birçok özelliği etkilediğini sonucuna varılmıştır (Hyankova ve Knizetova 2009, Hyankova vd 2001, 2003). Bıldırcınlarda haftalık mutlak ve bağıl büyüme hızlarını inceleyen Narinç vd (2010d), söz konusu özelliklere ait kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonları tahmin etmişlerdir.

Bıldırcınlarda Gompertz büyüme modeli parametreleri için genetik parametre tahminleri yapan araştırma sayısı oldukça sınırlıdır. Bunun nedeni, bıldırcınlarda büyüme ile ilgili genetik iyileştirme çalışmalarının neredeyse tamamının sabit yaşlardaki canlı ağırlıklar için yapılmış olmasıdır. Ergin ağırlık parametresi (β_0) için kalıtım derecesi Akbaş ve Oğuz (1998) tarafından 0,56, Narinç vd (2010a) tarafından 0,42 olarak yüksek seviyede tahmin edilmiştir. Ancak Akbaş ve Oğuz (1998), genetik parametrelere ait standart hata değerlerinin oldukça yüksek bulunmasından hareketle, genetik parametre tahminlerini gerçekleştirdikleri örnek büyüklüğünün yetersiz olabileceğini ve daha büyük bir veri setiyle söz konusu analizleri gerçekleştirmenin yerinde olacağını belirtmişlerdir. Diğer taraftan, araştırmacılar bir başka çalışmalarında (Akbaş ve Yaylak 2000) β_0 parametresi için kalıtım derecesini 0,18 olarak düşük düzeyde tahmin etmişlerdir.

Biyolojik bir sabit olan β_1 parametresi için kalıtım derecesi Narinç vd (2010a) tarafından 0,21 olarak tahmin edilmiştir. Buna paralel olarak söz konusu özelliğe ait kalıtım derecesi diğer araştırmalarda da düşük-orta seviyelerde bulunmuştur (Akbaş ve Oğuz 1998, Akbaş ve Yaylak 2000). Anlık büyüme hızı (β_2) parametresi için kalıtım derecesi Akbaş ve Oğuz (1998) tarafından 0,38 bulunmuştur. Söz konusu parametere Akbaş ve Yaylak (2000) tarafından 0,32 olarak tahmin edilmiş, araştırmacılar bükülme noktası yaşı ve ağırlığı özelliklerine ait kalıtım derecesi tahminlerinin de düşük-orta seviyelerde olduğu bildirmişlerdir. Benzer sonuçlar Narinç vd (2010a) tarafından da

bildirilmiştir, araştırmacılar bükülme noktası yaşı ve ağırlığı için kalıtım derecelerini sırasıyla 0,08 ve 0,36 olarak tahmin etmişlerdir.

2.2.2. Yemden yararlanma

Okan ve Uluocak (1992), 3-5. haftalar arasında dişi ve erkek bıldırcınların yem tüketimlerini sırasıyla 272,2 ve 246,6 g, yem dönüşüm oranlarını 4,41 ve 6,07 bulmuşlardır. Yalçın vd (1998), bir besleme denemesinde kontrol grubu bıldırcınlarının 3-5. haftalar arası ortalama yem tüketimini 302,96 g, yem dönüşüm oranını 3,85 olarak saptamışlardır. Chumpawadee vd (2009) tarafından, bir yem denemesinde standart rasyonla beslenen bıldırcınların 3-5. haftalar arası yem tüketiminin 229,04 g, söz konusu dönemde yem dönüşüm oranının 3,47 olduğu bildirilmiştir. Narinç ve Aksoy (2012), yem kısıtlaması uygulanmamış kontrol grubu bıldırcınlarında ilk dört haftalık yem tüketiminin 400,37 g, yem dönüşüm oranının 2,78 olduğunu bildirmişlerdir.

Marks (1980) tarafından 4. hafta ağırlığını arttırmak için uzun dönem seleksiyon yapılmış grup ile kontrol grubu farklı protein içerikli karmalarla beslemiş ve ilk dört haftalık kümülatif yem dönüşüm oranları seleksiyon hattında 2.34-2.41, kontrol hattında ise 2.72-2.91 olarak bulmuştur. Pym vd (1998) tarafından gerçekleştirilen bir araştırmada, 10 kuşak şansa bağlı çiftleşmiş bıldırcınların 28-42. günler arasındaki yem dönüşüm oranları 4,23 olarak bulunmuştur. Bıldırcınlarda bağıl büyüme hızını arttırmak ve azaltmak amacıyla seleksiyon uygulayan Hyankova vd (2001), 3-5. haftalar arasında yem tüketimlerini kontrol ile büyüme hızı artırılmış ve azaltılmış gruplarda sırasıyla 292,6, 336 ve 261,8 g, yem dönüşüm oranlarını da aynı sırayla 4,93, 4,29 ve 5,47 olarak bulmuşlardır. Varkoohi vd (2010), bıldırcınlarda dört haftalık kümülatif yem dönüşüm oranı için 4 kuşak fenotipik kitle seleksiyonu uyguladıkları çalışmalarında, söz konusu özellik için kalıtım derecesini 0,67 bulmuşlardır. Söz konusu araştırmada ilk dört haftalık yem tüketimi ve yem dönüşüm oranları için kalıtım derecesi tahminlerinin yüksek seviyeli olduğunu bildirmişlerdir.

Akşit vd (2003) tarafından bıldırcınlarda 3-5. haftalar arası yem tüketim ortalaması 228 g, söz konusu özellik için kalıtım derecesi tahmini 0,54 olarak bulunmuştur. Çalışmada yemden yararlanma özelliği için kalıtım derecesi 0,25 olarak tahmin edilmiş; yemden yararlanma ile yem tüketimi ve karkas ağırlığı arasındaki genetik korelasyonlar -0,18 ve -0,72; yem tüketimi ve karkas ağırlığı arasındaki genetik korelasyon ise 0,42 tahmin edilmiştir. Altan vd (2004) yumurta verim dönemindeki bıldırcınlarda kalıtım derecesi tahminlerinin yem tüketimi için 0,30-0,46 aralığında, yem dönüşüm oranı için 0,05-0,50 aralığında olduğunu bildirmişlerdir.

2.2.3. Karkas verimi

Farklı yaş ve cinsiyetlerdeki bıldırcınların kesim ve karkas özelliklerini araştıran Singh ve Panda (1987), sıcak karkas verimlerinin % 60,3-69,7 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Kesim ve karkas özellikleri bakımından cinsiyet karşılaştırması yapan Caron vd (1990), 45 günlük yaşta kesilen bıldırcınların sıcak karkas randımanının dişilerde % 65,9, erkeklerde % 71,7 olduğunu bildirilmişlerdir. Farklı yaşlarda kesilen Japon bıldırcınlarında kesim ve karkas özelliklerini karşılaştıran Yalçın vd (1995), 5 ve 6 haftalık yaşta kesilen bıldırcınların sıcak karkas randımanlarını % 73 ve % 70

olduğunu bildirmişlerdir. Söz konusu araştırmada yaş ile birlikte kesim ve karkas parçalarının ağırlıklarının arttığı ancak but haricindeki diğer kısımların oranlarının değişmediği saptanmıştır.

Kırkpınar ve Oğuz (1995), Yalçın vd (1996), Baylan vd (1997), Chumpawadee vd (2009) 5 haftalık yaşta kesilen bıldırcınlarda sıcak karkas randımanının % 69,5-77,56 aralığında saptandığını bildirilmişlerdir. Kırmızıbayrak ve Altınel (2001) farklı yaşlarda (4-6. haftalarda) kesilen bıldırcınların sıcak karkas randımanının % 70,38, 69,69, 68,33 olduğunu bildirmişlerdir. Baylan vd (1997), Mori vd (2005), Ocak vd (2009), Şeker vd (2009), Bonos vd (2010) gerçekleştirdikleri araştırmalarında 6 haftalık yaşta kesilen bıldırcınların sıcak karkas randımanlarını % 70,9-76,37 arasında olduğunu bildirmişlerdir.

Dördüncü hafta canlı ağırlığı için üç kuşak boyunca farklı yoğunluklarda seleksiyon uygulayan Türkmüt vd (1999), eşeysel olgunluk yaşından 12 hafta sonra kestikleri bıldırcınlarda sıcak karkas randımanlarının % 60,33-64,40 arasında olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada canlı ağırlık için gerçekleştirilen seleksiyonun karkas randımanını etkilemediği sonucuna varılmıştır. Beşinci hafta canlı ağırlığı için 11 kuşak iki yönlü seleksiyon uygulayan Alkan vd (2010), kontrol grubu ile ağır ve hafif grup bıldırcınlarının 6. hafta sıcak karkas randımanlarını sırasıyla % 66,0, 67,8 ve 67,6 olarak saptamışlardır ve seleksiyonun karkas randımanını değiştirmediğini saptamışlardır. Burada sıralanan iki çalışmanın sonuçlarının aksine, Yolcu vd (2006) 5. hafta canlı ağırlığını arttırmak için yapılan seleksiyonun karkas randımanını arttırdığı sonucuna varmışlardır. Aynı çalışmada canlı ağırlığı arttırılmış ve azaltılmış bıldırcınlarda sıcak karkas randımanı sırasıyla % 70 ve 67 olarak saptanmıştır. Japon bıldırcınlarında bağlı büyüme hızına göre 18 kuşak fenotipik kitle seleksiyonu uygulayan Hyankova vd (2008), 5. hafta karkas randımanı ortalamasını % 71,4 olarak bulmuşlardır. Dördüncü hafta canlı ağırlığı için dört kuşak fenotipik kitle seleksiyonu uygulayan Khaldari vd (2010), 4. hafta karkas randımanının tüm kuşaklarda % 60-64 arasında değerler aldığını bildirmişlerdir. Araştırmacıların 4. hafta göğüs ağırlığını seleksiyon kriteri olarak kullandığı bir başka çalışmalarında (Khaldari vd 2011) karkas randımanları seleksiyon ve kontrol hatlarında % 63 ve % 60 olarak bulunmuştur.

Schüler vd (1996) Japon bıldırcınlarında kesim ve karkas özellikleri için kalıtım derecelerinin orta-yüksek seviyelerde olduğunu bildirilmişlerdir. Akşit vd (2003) 5 haftalık yaşta kesilen bıldırcınların karkas randımanı ortalamasını % 70,58 olarak bulmuşlar, varyans unsurlarından faydalananarak kalıtım derecesini 0,10 olarak tahmin etmişlerdir. Winter (2005), 7 haftalık yaşta kesilen bıldırcınların karkas randımanı ortalamasını % 73 olarak saptamış, kalıtım derecesini ise Gibbs örneklemesi yöntemini kullanılarak 0,84 olarak tahmin etmiştir. Üzerinde herhangi bir seleksiyon uygulanmamış 6 haftalık yaşta 1589 adet bıldırcını kesime sevk eden Lotfi vd (2011) karkas randımanını % 59 gibi düşük bir değer bulmuş ve söz konusu özellik için kalıtım derecesi 0,12 olarak tahmin etmişlerdir.

2.2.4. Yumurta verimi ve döllülük

Bıldırcınlarda yumurta verimi ve döllülük özelliklerini konu alan çalışmaların çoğu çevresel uygulamaların sonuçlarını içermektedir, bir kısmı da farklı özellikler için

gerçekleştirilen seleksiyonun etkilerini araştırmak amacıyla gerçekleştirilmiştir. Sınırlı sayıda çalışma ise yumurta verimi için seleksiyona yöneliktir.

El-Ibiary vd (1966) bildiricınların 100 günlük yumurta verimlerinin 41,7-45,7 adet olduğunu bildirmişlerdir. Başka bir çalışmada ise bildiricınların 1, 2 ve 3 aylık yumurta verimleri sırasıyla 24,2, 48,7 ve 71,7 adet olarak bulunmuştur (Kesici 1973). Nestor vd (1983) bildiricınlarda üreme ile ilgili araştırmalarında, 120 günlük yumurta veriminin 104,66 adet olduğunu bildirmişlerdir. Bildiricınlarda uzun dönemli üreme özelliklerini araştıran Sachdev ve Ahuja (1986), 50 haftalık yumurta verimi ortalamasının 205,7 adet olduğunu saptamışlardır. Gildersleeve vd (1987), dört kuşak boyunca şansa bağlı çiftleşen Japon bildiricınlarında 6 ve 20 haftalar arasında yumurta verimlerinin kuşaklarda sırasıyla 69, 75, 80 ve 78 adet olduğunu bildirmişlerdir. Koçak vd (1995) tarafından gerçekleştirilen bir araştırmada, bildiricınların 25 haftalık yumurta verimi ortalamalarının 83,97 adet olduğu saptanmıştır. Drbohlav ve Metodiev (1996) ise 150 günlük yaştaki bildiricınların yumurta verim ortalamasının 80,4 adet olduğunu bildirmişlerdir.

Camcı vd (2002) eşeyssel olgunluk yaşı bakımından erken, orta ve geç dönem gruplarına ayırdıkları Japon bildiricınlarında 24 haftalık yaştaki yumurta verimlerini gruplar için sırasıyla 113,3, 109,8 ve 107,0 adet bulmuşlardır. Kılıç (2005) büyütme döneminde farklı yem kısıtlaması uygulanan Japon bildiricınlarında 18 haftalık yumurta veriminin 56,76-69,46 adet, 24 haftalık yumurta veriminin ise 88,92-105,20 adet arasında olduğunu bildirmiştir.

Farklı karmalarla beslenen bildiricınlarda 4. hafta canlı ağırlığı için iki yönlü seleksiyon gerçekleştiren Marks (1991), 8-16 haftalar arasındaki yumurta verimlerinin 70,9 ile 74,4 arasında değiştiğini bildirmiştir. Testik vd (1993) farklı genotipik yapıdaki Japon bildiricınlarında canlı ağırlığı arttırmaya yönelik seleksiyon uygulamış, seleksiyon gruplarında yumurta veriminin kontrol gruplarına göre daha düşük seviyelerde olduğunu belirlemişlerdir. Söz konusu araştırmada 300 günlük yumurta verimi seleksiyon gruplarında 160,7 ve 159,3 adet, kontrol gruplarında ise 165,8 ve 164,3 adet bulunmuştur. Beşinci hafta canlı ağırlığını arttırmak amacıyla 2 kuşaklık seleksiyon uygulayan Nacar vd (1997), seleksiyon ve kontrol hatlarında 17 haftalık yumurta verimini 95,93 ve 103,58 adet olarak bulmuşlar, seleksiyon ile canlı ağırlığı arttırmada başarılı olunduğunu ancak bunun yumurta veriminde gerileme ile sonuçlandığını bildirmişlerdir. Beşinci hafta canlı ağırlığı için 5 kuşak boyunca iki yönlü seleksiyon uygulayan Karabağ vd (2010), kontrol ile yüksek ve düşük canlı ağırlık gruplarında 195 günlük yaştaki yumurta verimlerini sırasıyla 144,1, 137,1 ve 146,5 adet olarak bildirmişlerdir. Bildiricınlarda yumurta verimi için heterozis incelemek üzere 98 günlük yumurta verimine göre 13 kuşak seleksiyon uygulayan Minvielle vd (1998, 2000a, 2000b), 4 saf hat ve 4 resiprokal melez hat geliştirmişlerdir. Söz konusu araştırmada hatların 2 aylık yumurta verimleri 44,60-57,01 adet arasında, 13 aylık yumurta verimleri ise 245,4-332,7 adet arasında bulunmuş, yumurta verimi için gerçekleşen kalıtım derecelerinin 0,05-0,11 aralığında olduğu bildirilmiştir.

Bildiricınlarda üreme özelliklerini inceleyen Panda vd (1980), döllülük oranının ortalama % 73,78 olduğunu bildirmişlerdir. Gildersleeve vd (1987), dört kuşak boyunca şansa bağlı çiftleşen bildiricınlarda 6 ve 20. haftalar arasında döllülük oranlarının

sırasıyla % 97,6, 90,8, 92,4 ve 94,8 olduğunu bildirmişlerdir. Bıldırcınlarda üreme özelliklerinin araştırıldığı başka bir çalışmada ise döllülük oranının % 79,3 olduğu bulunmuştur (Koçak vd 1991).

Japon bıldırcınlarında erkek/dişi oranının döllülük üzerindeki etkisinin araştırıldığı çalışmalarda (Janda 1975, Gulati vd 1980, Sreenivasaiah ve Ramappa 1985, Erensayın 2002, İpek vd 2004) çiftleştirme oranının etkisi önemli bulunmuş, en yüksek döllülük oranlarının 1/1, 1/2 ve 1/3 oranlarındaki çiftleşmelerle elde edildiği sonucuna varılmıştır. Söz konusu çalışmaların sonuçlarına göre döllülük oranları 1/1 çiftleştirmelerinde % 97,6-77,67 arasında, 1/2 çiftleştirmelerinde % 94,44-82,40 arasında, 1/3 çiftleştirmelerinde % 94,77-65,80 arasındadır. Damızlık yaşının kuluçka sonuçlarına etkisini araştıran Uluocak vd (1996), 8-22. haftalar arasında ikişer haftalık aralıklarla ölçülen döllülük oranlarının sırayla % 88,57, 91,42, 95,00, 95,00, 97,14, 94,28, 88,57 ve 95,71 olduğunu bildirmişlerdir.

Japon bıldırcınlarında dördüncü hafta canlı ağırlığını arttırmak için 30 kuşaktan fazla seleksiyon uygulayan Anthony vd (1996), seleksiyonun yumurta verimi ve döllülük üzerinde negatif etkilerinin olduğunu bildirmişlerdir. Yine Japon bıldırcınlarında, iki yönlü ve iki ayrı seleksiyon yoğunluğunda 4. hafta canlı ağırlığı için 3 kuşak fenotipik kitle seleksiyonu gerçekleştiren Oğuz ve Türkmüt (1999a ve b), canlı ağırlığı arttırmak için uygulanan seleksiyonun döllülük oranını da arttırdığını ileri sürmüşlerdir. Söz konusu çalışmada döllülük oranlarının canlı ağırlığı arttırmak için seleksiyon yapılan hatlarda % 81,11-83,57; ters yönde seleksiyon yapılan hatlarda % 76,56-78,04 olduğu bildirilmiştir. Özdemir ve Poyraz (2000) 3 kuşak akrabalı yetiştirilmiş bıldırcınlarda üreme ve verim özelliklerini incelemiş, başlangıç ve üç kuşakta döllülük oranlarının akrabalı yetiştirilenlerde % 83,2, 51,8, 72,4 ve 72,2, şansa bağlı çiftleşenlerde % 84,0, 79,5, 75,9 ve 74,2 olduğunu bildirmişlerdir.

Söz konusu sürüde bireysel canlı ağırlıklar haftalık olarak ölçülmüş, 3 haftalık yaşta cinsiyetler belirlenmiş ve rastgele seçilen 120 dişi-40 erkek bıldırcın ana hattı için bir başlangıç sürüsü (*AHBS*) oluşturmak amacıyla bireysel damızlık kafeslerine yerleştirilmiştir. Aynı sürüden benzer şekilde seçilen 120 dişi-40 erkek bıldırcın da baba hattı için başlangıç sürüsü (*BHBS*) oluşturmak üzere bireysel damızlık kafeslerine yerleştirilmiştir.

Ana Hattı Seleksiyon Sürüsü 1 (AHSS-1): *AHBS* olarak isimlendirilen, her biri üç dişi-bir erkekten oluşan 40 ailedeki bıldırcınlar 10 haftalık yaşa geldiğinde, iki hafta süreyle yumurtaları toplanmıştır (yumurtalar kuluçka makinesine haftalık olarak iki parti halinde konulmuştur). Günlük olarak toplanan döller yumurtalar çevre kontrollü (16 °C sıcaklık, % 70 oransal nem) bir yumurta depolama odasında bir hafta boyunca pedigree kayıtlarına göre depolanarak kuluçka makinesine bir ön ısıtma uygulaması sonrasında yerleştirilmiştir. Deneme boyunca tüm sürülerden toplanan döller yumurtalar için aynı depolama ve ön ısıtma işlemleri uygulanmıştır. *AHBS*'den toplanan yaklaşık 1200 yumurta belirtilen şekilde iki parti (haftalık) halinde kuluçka makinesine yerleştirilmiştir. Kuluçka süresi sonunda makineden çıkan civcivlere kanat numarası takılmış ve pedigreeli civcivler üç hafta boyunca grup tipi büyütme kafeslerinde barındırılmıştır. Üçüncü hafta canlı ağırlığı ölçümü sırasında cinsiyet ayrımı yapılmış, şansa bağlı olarak toplam 160 erkek ve 480 adet dişi bıldırcın seçilerek 160 ailelik *AHSS-1* oluşturulmuştur. Bıldırcınlar bireysel damızlık yumurtacı kafeslere yerleştirilmiştir.

Baba Hattı Seleksiyon Sürüsü 1 (BHSS-1): *AHSS-1*'in oluşturulmasında uygulanan yöntemler tekrarlanarak *BHBS*'deki 40 aileden 160 ailelik *BHSS-1* elde edilmiştir.

Kesim Sürüsü 1 (KS-1): *BHSS-1*'deki seleksiyon kriterlerinden biri olan karkas verimini saptamak üzere, *BHSS-1* sürüsü 10 haftalık yaşta iken, iki hafta boyunca döller yumurta toplanmış, iki parti halinde (haftalık toplanan yumurtalardan oluşmaktadır) kuluçka makinesine konulmuş ve bunlardan elde edilen toplam 689 adet civciv (erkek-dişi karışık) *KS-1* olarak ayrılmıştır. *BHSS-1* sürüsünde çiftleştirme uygulaması esnasında gerçekleşen yüksek agresyon nedeniyle özellikle damızlık erkek bıldırcınların belirli bir kısmında yaralanmalar meydana gelmiştir. Bu durum toplam döller yumurta sayısında azalmaya olmuş ve dolayısıyla *KS-1* sürüsündeki bıldırcın sayısı hedeflenenin altında kalmıştır. Söz konusu bıldırcınlar grup kafeslerinde barındırılmış ve mevcut kesimhane koşullarından dolayı tümünü aynı gün kesmek mümkün olamamış, bu nedenle bıldırcınlar ardarda üç gün (34, 35 ve 36 günlük yaşlarda) kesilmişlerdir.

Çalışmada oluşturulan tüm ana hattı sürülerindeki ailelerde, yüksek oranda döllerlik sağlamak amacıyla, her sürüdeki erkek bıldırcınlar 15 hafta boyunca her gün aile içindeki dişilerden biriyle çiftleştirilmiştir. Baba hattı sürülerinde ise bu uygulama sadece döller yumurta toplama dönemlerinde gerçekleştirilmiştir. *AHSS-1* ve *BHSS-1* sürülerindeki bıldırcınlarda, seleksiyon kriterleri olan özelliklere ait ölçümler toplandıktan sonra, damızlık değer tahminleri yapılmış ve her iki sürüden en iyi 40 erkek ile 120 dişi bıldırcın, sonraki kuşağın (*AHSS-2* ve *BHSS-2*) ebeveynleri olarak seçilmiştir. Seleksiyonda yanlılığı önlemek amacıyla sürülerde damızlık olarak seçilen

bireylerin tümünden mümkün olduğu kadar eşit sayıda yavru alınmıştır. Bu amaçla AHSS-1’de her anadan ortalama 9,93, BHSS-1’de ise 9,10 yavru elde edilmiştir.

BHSS-2 sürüsündeki damızlık bıldırcınların karkas verimini saptamak üzere, KS-1’dekine benzer şekilde KS-2 elde edilmiştir. Söz konusu sürüde bir önceki uygulamadaki aksaklıklardan edinilen deneyimle daha erken yaşlarda çiftleşme alıştırması gerçekleştirilmiş ve bu sayede toplam 1218 adet bıldırcından oluşan KS-2 elde edilebilmiştir. KS-2’ye ait bıldırcınlar 34, 35 ve 36 günlük yaşlarda kesilmiştir.

3.2. Barındırma ve Besleme

Denemede kullanılan tüm bıldırcınlar amaca uygun şekilde çok katlı kafeslerde barındırılmış, yem ve su kısıtlaması uygulanmamıştır. Ayrıca tüm sürülerde ve tüm dönemlerde günlük 18 saatlik aydınlatma programı uygulanmıştır. Başlatma, büyütme ve yumurta verim dönemine ait ayrıntılar aşağıda yer almaktadır.

Çizelge 3.1. Başlatma ve besi dönemlerinde kullanılan karma yem

Ham Madde	Karışım (1000 kg)
Mısır	510,00
Soya Küspesi	285,00
Yağlı Soya	110,00
Tavuk Unu	50,00
DCP	18,00
Mermer Tozu	8,30
Bitkisel Yağ	7,50
Tuz	3,50
Vitamin-Mineral	2,50
DL-Methionin	2,00
Threonin	1,25
Mycopurge, Orego Stim	1,60
Lysin	0,35
Besin Değeri	
HP (%)	23,05
ME (Kcal/kg)	2889,00
Ham Yağ (%)	5,82
Kalsiyum (%)	0,99
Kuru madde (%)	88,42

Denemede kullanılan tüm sürüler ilk üç hafta boyunca çevre kontrollü bir büyütme odasında yer alan büyütme kafeslerinde barındırılmışlardır. Isıtıcı ve altı katlı olan bu kafeslerin 96x43x21 cm boyutlarındaki bölmelerine 50’şer adet civciv yerleştirilmiştir (82,56 cm²/bıldırcın). İlk üç gün 32 °C sıcaklık uygulanmış, her üç günde 1 °C düşürülerek ikinci hafta sonunda 27 °C sıcaklık sağlanmıştır. Besi ve yumurta verim dönemindeki bıldırcınlar çevre kontrollü kümeslerde barındırılmış, sabit

kümes içi sıcaklık (27 °C) sağlanmıştır, böylece verim özellikleri üzerindeki farklı mevsimsel etkilerin ortadan kaldırılması hedeflenmiştir.

KS haricindeki tüm sürülerde 21 günlük yaşta cinsiyet ayrımı yapılmış ve bu işlemin sonrasında bıldırcınlar bireysel damızlık kafeslerine aktarılmıştır. Beş katlı bireysel damızlık kafeslerinin her katında 22x25x30 cm boyutlarında 10 bölme bulunmaktadır. Her bölmeye bir dişi yerleştirilmiştir ve dişiler üç günde bir ailenin erkek bireyiyle birlikte barındırılmıştır (275 cm²/bıldırcın). *KS-1* ve *KS-2*'deki bıldırcınlar ise 21 günlük yaşta 6 katlı grup besi kafeslerine aktarılmışlardır. Altı katlı besi kafeslerinin her katında 19x55x21 cm boyutlarında beş adet bölme bulunmaktadır (150 cm²/bıldırcın).

KS-1 ve *KS-2*'de deneme boyunca (0-5 hafta), diğer sürülerde ise ilk üç hafta esnasında kullanılan başlatma ve besi yeminin içeriği Çizelge 3.1'de sunulmuştur. Kesim sürüleri dışındaki sürülerde 3. haftadan itibaren kullanılan damızlık yeminin içeriği ise Çizelge 3.2'de gösterilmektedir. Söz konusu karma yemler toz halinde kullanılmıştır.

Çizelge 3.2. Damızlık bıldırcınlar için kullanılan karma yem

Ham Madde	Karışım (1000 kg)
Mısır	520,00
Soya Küspesi	132,00
Yağlı Soya	150,00
Ayçiçeği Küspesi	72,00
Tavuk Unu	50,00
DCP	19,00
Mermer Tozu	47,45
Tuz	3,50
Vitamin-Mineral	2,50
DL-Methionin	1,75
Mycopurge, Orego Stim	1,30
Lysin	0,50
Besin Değeri	
HP (%)	19,99
ME (Kcal/kg)	2799,00
Ham Yağ (%)	5,74
Kalsiyum (%)	2,56
Kuru madde (%)	88,73

3.3. Verilerin Toplanması

AHBS ve *BHBS*'yi oluşturan 40'ar ailede haftalık canlı ağırlıklar ölçülmüştür. *BHBS*'de 3-5. haftalar arası yem tüketimi ile *AHBS*'de 20 haftalık yaşa kadar yumurta verimi (YV) bireysel olarak ölçülmüştür. *AHBS*'de döllülük oranının tespiti için 10, 11, 14, 15, 17 ve 18 haftalık yaşlarda tüm döllu yumurtalar günlük olarak toplanmış, bir

haftalık depolama süreci sonrasında kuluçka makinesine konulmuş, embriyonik gelişimin 15. gününde tüm yumurtalar kırılarak döllülük kontrolü yapılmıştır (Santos vd 2013).

AHSS-1'de kullanılan seleksiyon kriterleri, 5. hafta canlı ağırlığı (CA) ile yine 5. hafta bağıl büyüme hızı (BBH), 20 haftalık kısmi yumurta verimi (YV) ve döllülük oranı (DO) olarak belirlenmiştir. *BHSS*'de seleksiyon kriteri olarak kullanılan özellikler ise sırasıyla 5. hafta canlı ağırlığı (CA), 21-35. günler arası kümülatif yem dönüşüm oranı (YDO), büyüme eğrisi bükülme noktası yaşı (BNY) ve karkas verimi (KV)'dir.

AHSS-1'de çıkıştan itibaren haftalık canlı ağırlık tartımları bireysel olarak gerçekleştirilmiştir. Bildircinlar bireysel kafeslere 21. günde cinsiyet tayini yapıldıktan sonra aktarıldığından, bireysel yem tüketimi ancak 21-35. günler arasında saptanabilmiştir. *AHSS-1* bildircinlarında bireysel YV 6-20. haftalar arasında günlük olarak kayıt edilmiş ve sayısal olarak (adet) değerlendirilmiştir. Söz konusu sürüde haftalık canlı ağırlık değerleri kullanılarak Gompertz büyüme modeli ile her bildircin için ayrı ayrı büyüme analizleri gerçekleştirilmiş (Akbaş ve Yaylak 2000), büyüme eğrisi parametreleri, haftalık mutlak büyüme oranları, haftalık bağıl büyüme oranları belirlenmiştir (Aggrey 2004, Narinç vd 2010a). Burada sıralanan tüm özellikler, genetik değişimleri ortaya koyabilmek amacıyla *AHSS-2*'de ölçülmüştür.

BHSS-1'de çıkıştan itibaren haftalık bireysel canlı ağırlık tartımları yapılmıştır. Yem tüketimi 3-5. haftalarda bireysel olarak ölçülmüştür. *BHSS-1*'de haftalık canlı ağırlık artışı ve haftalık yem tüketim miktarlarından faydalanılarak yem dönüşüm oranları hesaplanmıştır. Söz konusu sürüde haftalık canlı ağırlık değerleri kullanılarak, Gompertz büyüme modeli ile her bildircin için ayrı ayrı büyüme analizleri gerçekleştirilmiş; büyüme eğrisi parametreleri, bükülme noktası yaşı ve ağırlığı ile haftalık mutlak bağıl büyüme hızları belirlenmiştir (Akbaş ve Yaylak 2000). *BHSS-1*'e ait KV'yi saptamak üzere, 689 adet bildircinden oluşan *KS-1*'deki hayvanların tümü 34, 35 ve 36 günlük yaşta kesime sevk edilmiştir. Kesim öncesinde 4 saat süre ile yem kaldırılmıştır. Kesim, kanama, ıslak yolma ve iç açmayı takiben boyun ve karın yağı dahil, yenilebilir iç organlar hariç şekilde sıcak karkas ağırlıkları saptanmıştır (Yalçın vd 1995). *BHSS-1* bildircinlarında seleksiyon yapıldıktan sonra oluşturulan *BHSS-2* bildircinlarında da üzerinde durulan tüm özellikler için veriler aynı yöntemlerle toplanmıştır. *BHSS-2* bildircinlarından elde edilen ve toplam 1218 bildircinden oluşan *KS-2*'deki hayvanların da tümü 34, 35 ve 36 günlük yaşta *KS-1*'deki uygulamalara paralel şekilde kesilmiş ve KV saptanmıştır.

3.4. Verilerin Değerlendirilmesi ve İstatistiksel Analizler

Bu konu başlığı altında *AHBS*, *BHBS*, *AHSS-1*, *BHSS-1*, *KS-1*, *AHSS-2*, *BHSS-2*, *KS-2*'den elde edilen verilere ait tanımlayıcı istatistikler, hipotez testleri, büyüme eğrisi analizleri, genetik parametre tahminleri ve damızlık değer tahminlerinin gerçekleştirilmesiyle ilgili detaylı bilgiler sunulmuştur. Parametrik testlerin normallik varsayımı gereği, verilerin normalliği SAS 9.3 programının UNIVARIATE prosedürü kullanılarak Kolmogorov-Smirnov testiyle sınanmıştır (SAS Ins 2011). Çizelge 3.3'te de görüldüğü üzere, normal dağılış göstermeyen YV, DO ve YDO verilerinin normal dağılışa uydurulması amacıyla parametrik dönüşüm yöntemlerinden Box-Cox

dönüşümü uygulanmıştır (Box ve Cox 1964). YV ve DO özelliklerinin dönüşüm sonrasında da normal dağılış göstermemesi üzerine, parametrik olmayan dönüşüm yöntemlerinden Rank dönüşümü uygulanmış ve böylece normallik sağlanmıştır (Aulchenko vd 2007). Dönüşüm uygulanan veriler sadece hipotez testlerinde kullanılmış, tanımlayıcı istatistikler ve genetik analizler için orijinal veriler kullanılmıştır. REML tahmincisinin özelliklerinden dolayı, verilerin dönüştürülmüş olması varyans unsurlarının tahmininde sapmalara neden olmamaktadır (Savas vd 1999). Ancak, Gianola vd (1990) ıslah amaçlı çalışmalarda dönüştürülmüş verilerin kullanılmasını tavsiye etmemektedir. Araştırmacılara göre dönüşümün toplam varyasyonda yol açtığı değişim, genetik bilginin kaybı anlamına gelmektedir. Ayrıca dönüşüm uygulanmış veriler kullanılarak gerçekleştirilen bazı çalışmalarda hayvanların damızlık değerlerinde beklenmedik değişimler gerçekleştiği bildirilmiştir (Foster 1991, Besbes vd 1993, Arslan ve Kara 2003)

Çizelge 3.3. Çalışmaya konu olan özellikler için Kolmogorov-Simirnov normallik testi sonuçları (P değerleri)

Özellikler	Orjinal	Box-Cox Dönüşümü	Rank Dönüşümü
Ana Hattı Sürüleri			
CA ₀	0,121	-	-
CA ₇	0,115	-	-
CA ₁₄	0,075	-	-
CA ₂₁	0,118	-	-
CA ₂₈	0,109	-	-
CA ₃₅	0,141	-	-
CA ₄₂	0,089	-	-
CA ₄₉	0,075	-	-
CA ₅₆	0,086	-	-
BBH	0,154	-	-
YV	0,000	0,002	0,200
DO	0,003	0,013	0,200
Baba Hattı Sürüleri			
CA ₀	0,162	-	-
CA ₇	0,108	-	-
CA ₁₄	0,113	-	-
CA ₂₁	0,124	-	-
CA ₂₈	0,081	-	-
CA ₃₅	0,077	-	-
CA ₄₂	0,096	-	-
CA ₄₉	0,102	-	-
CA ₅₆	0,074	-	-
BNY	0,121	-	-
YDO	0,016	0,3125	-
KV	0,067	-	-

3.4.1. Tanımlayıcı istatistikler ve hipotez testleri

Bıldırcınlarında ölçülen özellikler için ortalama, standart sapma, varyasyon katsayısı, en küçük ve en büyük gözlem değerleri gibi tanımlayıcı istatistikler hesaplanmıştır. Haftalık canlı ağırlık değerleri bakımından *AHBS*, *AHSS-1*, *AHSS-2* ve

aynı zamanda *BHBS*, *BHSS-1*, *BHSS-2* sürüleri arasındaki farklılığın ortaya konulmasında profil analizi tekniğinden yararlanılmıştır (Mendeş vd 2007, Nariç vd 2007, Ohaegbulem ve Nwobi 2009). Profil analizi çok değişkenli varyans analizinin (MANOVA) özel bir halidir. Söz konusu yöntem, aynı deneme ünitesinden farklı özelliklere ait ölçümler alındığında ya da aynı deneme ünitesinden bir özelliğe ait farklı zaman noktalarında ölçümler alındığında kullanılmaktadır. Profil analizi ile temel olarak üç hipotez test edilmektedir. Bunlar, profillerin paralellik testi (H_{01}), örtüşmelerine (H_{02}) ve seviyelerine (H_{03}) ilişkin testlerdir. Profil analizinde üzerinde en çok durulan test paralellik testidir. Diğer testler paralellik koşulunun sağlanması durumunda uygulanmaktadır. Paralellik testinde bağımsız değişkenin farklı seviyelerini içeren gruplara ait profillerin paralelliği test edilmektedir. Bağımlı değişkene ait ölçümlerin birbirini izleyen noktaları arasındaki farklar, bağımsız değişkenin tüm seviyelerinde aynı ise grupların profilleri paraleldir. Paralellik testine ilişkin sıfır hipotezi:

$$H_{01} : \begin{bmatrix} \mu_{12} - \mu_{11} \\ \mu_{13} - \mu_{12} \\ \vdots \\ \mu_{1p} - \mu_{1(p-1)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_{22} - \mu_{21} \\ \mu_{23} - \mu_{22} \\ \vdots \\ \mu_{2p} - \mu_{2(p-1)} \end{bmatrix} = \dots = \begin{bmatrix} \mu_{g2} - \mu_{g1} \\ \mu_{g3} - \mu_{g2} \\ \vdots \\ \mu_{gp} - \mu_{g(p-1)} \end{bmatrix} \quad (3.1)$$

ya da genel olarak,

$$H_{01} : C\mu_1 = C\mu_2 = \dots = C\mu_g \quad (3.2)$$

şeklinde gösterilebilir. Eşitliklerde “**g**” bağımsız değişkenin içerdiği grup sayısı, “**p**” ise bu ölçümlerin alındığı zaman noktalarını ifade etmektedir. Paralelliğin sınanmasında kullanılan bazı çok değişkenli test istatistikleri (Wilk’s Lambda, Pillai’s Trace, Hotelling-Lawley Trace ve Roy’s Greatest Root) bulunmaktadır (Srivastava 1987), çalışmada “Wilk’s Lambda” test istatistiği kullanılmıştır, söz konusu istatistik aşağıdaki eşitlikle ifade edilmektedir:

$$\Lambda = \frac{|S_e|}{|S_h + S_e|} = \prod \frac{1}{1 + \lambda_i} \quad (3.3)$$

Burada S_e , grup içi hata kareler toplamı vektör çarpımı ve S_h , gruplar arası hata kareler toplamı vektör çarpımı matrisleridir.

YV, DO, YDO özellikleri ile her iki hat için de hesaplanmış olan büyüme eğrisi parametreleri (β_0 , β_1 , β_2) ve seleksiyona konu olan hesap değerleri (BNY, BBH) özelliklerinin sürüler bakımından farklılığı varyans analizi ile test edilmiştir ve 0,01 düzeyinde anlamlı farklılık saptandığı durumlarda Duncan çoklu karşılaştırma testi ile gruplar arasındaki farklılıklar ortaya konulmuştur. Varyans analizinde aşağıdaki istatistiksel model kullanılmıştır.

$$Y_{ijkl} = \mu + s_i + e_{ij}$$

μ : test edilen özellik bakımından genel ortalama

s_i : i seviyesindeki sürü etkisi

e_{ij} : şansa bağlı hata

Sadece baba hattı sürülerinde ölçülen KV, *BHBS* sürüsünde saptanmadığı için, söz konusu özellik bakımından *BHSS-1* ve *BHSS-2* arasındaki farklılığın sınanmasında t test istatistiği kullanılmıştır. Tüm tanımlayıcı istatistikler ve hipotez testleri SAS 9.3 paket programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir (SAS Ins 2011).

3.4.2. Büyüme eğrisi analizleri

Bıldırcınlarda canlı ağırlığın zamana bağlı ve doğrusal olmayan değişimini matematiksel bir fonksiyon ile ifade etmek amacıyla, söz konusu tür için en uygun model olduğu bildirilen (Tzeng ve Becker 1981, Anthony vd 1991, Akbaş ve Oğuz 1998, Alkan vd 2009) Gompertz modeli kullanılmıştır. Gompertz büyüme eğrisi modeli şu şekildedir;

$$y = \beta_0 \cdot \exp(-\beta_1 \cdot \exp(-\beta_2 \cdot t)) \quad (3.4)$$

Modelde “t” zamanı, “y” canlı ağırlığı ifade etmektedir. Model parametrelerinden β_0 , ergin (asimptotik) ağırlığı; β_1 , integrasyon sabitini; β_2 , anlık büyüme hızını temsil etmektedir (Akbaş ve Yaylak 2000, Narinç vd 2009, 2010a).

Büyüme modelinin uygulamasında, β_0 parametresi için başlangıç değeri (b_0) bireyin ölçülen en yüksek canlı ağırlık değeri kabul edilmiştir. β_1 parametresi için başlangıç değeri $b_1 = ((y_2 - y_1) / (t_2 - t_1)) / b_0$ eşitliğiyle hesaplanmıştır. Burada y_1 ve y_2 ağırlık değişkeninin t_1 ve t_2 en geniş zaman aralığı değerlerine karşılık gelen en büyük ve en küçük değerleri; b_0 ise β_0 parametresinin başlangıç değeridir. β_2 parametresinin başlangıç değeri $b_2 = \ln(b_0) - \ln(y_0)$ eşitliği ile elde edilmektedir (Bilgin ve Esenbuğa 2003). Modelin bükülme noktası ağırlığı (BNA) ve bükülme noktası yaşı (BNY) şu şekilde hesaplanmıştır:

$$BNA = \beta_0 / e \quad (3.5)$$

$$BNY = \ln(\beta_1) / \beta_2 \quad (3.6)$$

Model parametrelerinin tahmini SAS 9.3 NLIN prosedürü kullanılarak Levenberg-Marquardt iterasyon yöntemiyle gerçekleştirilmiştir (Ricklefs 1985, SAS Ins 2011).

Gompertz büyüme modeli kullanılarak, haftalık mutlak büyüme hızları $MBH = [\beta_2 \beta_0 \beta_1 \exp(-\beta_1 \exp(-\beta_2 t)) \exp(-\beta_2 t)]$ eşitliğiyle ve bağıl büyüme hızları da $BBH = [\beta_2 (\ln(\beta_0) - \ln(y_i))]$ eşitliğiyle hesaplanmıştır (Aggrey 2004, Narinç vd 2010d).

3.4.3. Bireylerde ölçülemeyen özelliklerin tahmini

AHSS-1 ve *AHSS-2*'de sadece dişilerde ölçülen bir özellik olan YV bakımından erkeklerin değerlendirilebilmesi amacıyla karışık doğrusal model eşitliklerinden birey modeli kullanılmıştır. *AHSS-1* bıldırcınları için *AHBS* ve *AHSS-1*'de sürülerindeki tüm bireylere ait *AHSS-2* bıldırcınları için ise *AHBS* ve *AHSS-1* ve *AHSS-2* sürülerindeki tüm bireylere ait akrabalık ilişkilerini içeren akrabalık matrisleri oluşturulmuş ve karışık model eşitlikleri çözülmüştür (Mrode 2005). Benzer şekilde, damızlık olarak kullanılan *BHSS-1* ve *BHSS-2* sürülerinde KV özelliğini saptamak olanaksız olduğundan dolayı her iki sürü için söz konusu özellik *KS-1* ve *KS-2* sürülerinde ölçülmüş, böylece birey modeliyle mevcut tüm akraba kayıtlarından faydalanılarak tahminler yapılmıştır.

3.4.4. Genetik parametre tahminleri

AHSS-1 ve *AHSS-2* bıldırcınlarında CA, BBH, YV ve DO; baba hattında ise CA, YDO, BNY ve KV özelliklerine ait verilerin istatistiksel analizinde aşağıdaki karışık doğrusal model (3.7) kullanılmıştır:

$$y = X\beta + Zu + e \quad (3.7)$$

Yukarıdaki çok değişkenli karışık doğrusal modelin, ana (3.8) ve baba (3.9) hatlarına ait verilerin analizinde kullanılmak üzere oluşturulan matris gösterimleri aşağıda sunulmuştur.

$$\begin{bmatrix} Y_{CA} \\ Y_{BBH} \\ Y_{YV} \\ Y_{DO} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_{CA} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & x_{BBH} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & x_{YV} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & x_{DO} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_{CA} \\ \beta_{BBH} \\ \beta_{YV} \\ \beta_{DO} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_{CA} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & z_{BBH} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & z_{YV} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & z_{DO} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_{CA} \\ u_{BBH} \\ u_{YV} \\ u_{DO} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_{CA} \\ e_{BBH} \\ e_{YV} \\ e_{DO} \end{bmatrix} \quad (3.8)$$

$$\begin{bmatrix} Y_{CA} \\ Y_{YDO} \\ Y_{BNY} \\ Y_{KV} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_{CA} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & x_{YDO} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & x_{BNY} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & x_{KV} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_{CA} \\ \beta_{YDO} \\ \beta_{BNY} \\ \beta_{KV} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_{CA} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & z_{YDO} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & z_{BNY} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & z_{KV} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_{CA} \\ u_{YDO} \\ u_{BNY} \\ u_{KV} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_{CA} \\ e_{YDO} \\ e_{BNY} \\ e_{KV} \end{bmatrix} \quad (3.9)$$

İki ve 3.9 nolu modelde yer alan y , her dört özellik için gözlem değerlerini içeren vektördür ve $y \sim N(\mu, V)$ şeklindedir, ortalamalar vektörü μ olan ve varyans-kovaryans matrisi V olan çok değişkenli normal dağılım göstermektedir. Burada X , sabit etkilere ait desen matrisi; β , sabit etkiler vektörüdür. Z , şansa bağlı etkilere ait desen matrisi; u ise eklemeli genetik etkiler vektörüdür. Model $E(y) = X\beta$, $\text{var}(u) = G$, $\text{var}(e) = R$, $\text{var}(y) = ZGZ' + R$ şeklinde tanımlamalar içermektedir (Mrode 2005). Burada G matrisleri baba ve ana hatlarında eklemeli genetik etkileri (3.10 ve 3.12), R matrisleri de hatayı (3.11 ve 3.13) temsil eden varyans-kovaryans matrislerdir. Çalışmada eklemeli genetik (G) ve hata (R) varyans-kovaryans bileşenlerinin REML yöntemi ile tahmin edilmesinde SAS programının PROC MIXED prosedürü kullanılmıştır (SAS Ins 2011).

Söz konusu özelliklere ait kalıtım dereceleri (h^2) ile özellikler arasındaki genetik korelasyonlar (r_g), 3.14 ve 3.15 numaralı eşitliklerde sunulduğu şekilde, SAS programının IML (interaktif matris dili) prosedürü kullanılarak tahmin edilmiştir (SAS Ins 2011).

Kalıtım derecelerinin ve genetik korelasyonların standart hata değerleri Waldmann ve Ericsson (2006) tarafından önerilen şekilde hesaplanmıştır. Kalıtım derecesi için standart hata değerleri 3.16 numaralı eşitlik kullanılarak, genetik korelasyon için standart hata değeri ise 3.17 numaralı eşitlik kullanılarak hesaplanmıştır.

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_A^2(CA) & \sigma_A(CA-YDO) & \sigma_A(CA-BNY) & \sigma_A(CA-KV) \\ \sigma_A^2(YDO) & \sigma_A(YDO-BNY) & \sigma_A(YDO-KV) & \\ \sigma_A^2(BNY) & \sigma_A(BNY-KV) & & \\ \sigma_A^2(KV) & & & \end{bmatrix} \quad (3.10)$$

$$R = \begin{bmatrix} \sigma_E^2(CA) & \sigma_E(CA-YDO) & \sigma_E(CA-BNY) & \sigma_E(CA-KV) \\ \sigma_E^2(YDO) & \sigma_E(YDO-BNY) & \sigma_E(YDO-KV) & \\ \sigma_E^2(BNY) & \sigma_E(BNY-KV) & & \\ \sigma_E^2(KV) & & & \end{bmatrix} \quad (3.11)$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_A^2(CA) & \sigma_A(CA-BBH) & \sigma_A(CA-YV) & \sigma_A(CA-DO) \\ \sigma_A^2(BBH) & \sigma_A(BBH-YV) & \sigma_A(BBH-DO) & \\ \sigma_A^2(YV) & \sigma_A(YV-DO) & & \\ \sigma_A^2(DO) & & & \end{bmatrix} \quad (3.12)$$

$$R = \begin{bmatrix} \sigma_E^2(CA) & \sigma_E(CA-BBH) & \sigma_E(CA-YV) & \sigma_E(CA-DO) \\ \sigma_E^2(BBH) & \sigma_E(BBH-YV) & \sigma_E(BBH-DO) & \\ \sigma_E^2(YV) & \sigma_E(YV-DO) & & \\ \sigma_E^2(DO) & & & \end{bmatrix} \quad (3.13)$$

$$h^2 = \frac{2\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_E^2} \quad (3.14)$$

$$r_{g(12)} = \frac{\sigma_{12}}{\sqrt{\sigma_{a(1)}^2 \sigma_{a(2)}^2}} \quad (3.15)$$

$$SH(h^2(i)) \approx \sqrt{\left(h^2(i)\right)^2 \left[\frac{\text{Var}(\hat{\sigma}_A^2(i))}{\hat{\sigma}_A^4(i)} + \frac{\text{Var}(\hat{\sigma}_E^2(i))}{\hat{\sigma}_E^4(i)} - \frac{2\text{Cov}(\hat{\sigma}_A^2(i), \hat{\sigma}_E^2(i))}{\hat{\sigma}_A^2(i) \hat{\sigma}_E^2(i)} \right]} \quad (3.16)$$

$$SH_{rg(i,j)} \approx \sqrt{\hat{r}_{g(i,j)}^2 \left[\frac{\text{Var}(\hat{\sigma}_a^2(i))}{4\hat{\sigma}_a^4(i)} + \frac{\text{Var}(\hat{\sigma}_a^2(j))}{4\hat{\sigma}_a^4(j)} - \frac{\text{Var}(\hat{\sigma}_a(i,j))}{\hat{\sigma}_a^2(i,j)} + \frac{2\text{Cov}(\hat{\sigma}_a^2(i), \hat{\sigma}_a^2(j))}{4\hat{\sigma}_a^2(i) \hat{\sigma}_a^2(j)} - \frac{2\text{Cov}(\hat{\sigma}_a^2(i), \hat{\sigma}_a(i,j))}{2\hat{\sigma}_a^2(i) \hat{\sigma}_a(i,j)} - \frac{2\text{Cov}(\hat{\sigma}_a(i,j), \hat{\sigma}_a^2(j))}{2\hat{\sigma}_a(i,j) \hat{\sigma}_a^2(j)} \right]} \quad (3.17)$$

3.4.5. Damızlık değer tahminleri

Çok özellikli BLUP değerlerinin elde edildiği karışık doğrusal model gösterimi 3.18 numaralı eşitlikte sunulmuştur. Araştırmada ana ve baba hatlarında dörder özellik için karışık doğrusal model eşitlikleri çözülmüştür, söz konusu dört özellikli karışık doğrusal model eşitliğinin matris gösterimi 3.19 numaralı eşitlikte gösterilmiştir.

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z' \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + A^{-1} \otimes G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (3.18)$$

$$\begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \\ \beta_4 \\ u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ u_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1'R^{11}X_1 & X_1'R^{12}X_2 & X_1'R^{13}X_3 & X_1'R^{14}X_4 & X_1'R^{11}Z_1 & X_1'R^{12}Z_2 & X_1'R^{13}Z_3 & X_1'R^{14}Z_4 \\ X_2'R^{21}X_1 & X_2'R^{22}X_2 & X_2'R^{23}X_3 & X_2'R^{24}X_4 & X_2'R^{21}Z_1 & X_2'R^{22}Z_2 & X_2'R^{23}Z_3 & X_2'R^{24}Z_4 \\ X_3'R^{31}X_1 & X_3'R^{32}X_2 & X_3'R^{33}X_3 & X_3'R^{34}X_4 & X_3'R^{31}Z_1 & X_3'R^{32}Z_2 & X_3'R^{33}Z_3 & X_3'R^{34}Z_4 \\ X_4'R^{41}X_1 & X_4'R^{42}X_2 & X_4'R^{43}X_3 & X_4'R^{44}X_4 & X_4'R^{41}Z_1 & X_4'R^{42}Z_2 & X_4'R^{43}Z_3 & X_4'R^{44}Z_4 \\ Z_1'R^{11}X_1 & Z_1'R^{12}X_2 & Z_1'R^{13}X_3 & Z_1'R^{14}X_4 & Z_1'R^{11}Z_1 + A^{-1}G^{11} & Z_1'R^{12}Z_2 + A^{-1}G^{12} & Z_1'R^{13}Z_3 + A^{-1}G^{13} & Z_1'R^{14}Z_4 + A^{-1}G^{14} \\ Z_2'R^{21}X_1 & Z_2'R^{22}X_2 & Z_2'R^{23}X_3 & Z_2'R^{24}X_4 & Z_2'R^{21}Z_1 + A^{-1}G^{21} & Z_2'R^{22}Z_2 + A^{-1}G^{22} & Z_2'R^{23}Z_3 + A^{-1}G^{23} & Z_2'R^{24}Z_4 + A^{-1}G^{24} \\ Z_3'R^{31}X_1 & Z_3'R^{32}X_2 & Z_3'R^{33}X_3 & Z_3'R^{34}X_4 & Z_3'R^{31}Z_1 + A^{-1}G^{31} & Z_3'R^{32}Z_2 + A^{-1}G^{32} & Z_3'R^{33}Z_3 + A^{-1}G^{33} & Z_3'R^{34}Z_4 + A^{-1}G^{34} \\ Z_4'R^{41}X_1 & Z_4'R^{42}X_2 & Z_4'R^{43}X_3 & Z_4'R^{44}X_4 & Z_4'R^{41}Z_1 + A^{-1}G^{41} & Z_4'R^{42}Z_2 + A^{-1}G^{42} & Z_4'R^{43}Z_3 + A^{-1}G^{43} & Z_4'R^{44}Z_4 + A^{-1}G^{44} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X_1'R^{11}Y_1 + X_1'R^{12}Y_2 + X_1'R^{13}Y_3 + X_1'R^{14}Y_4 \\ X_2'R^{21}Y_1 + X_2'R^{22}Y_2 + X_2'R^{23}Y_3 + X_2'R^{24}Y_4 \\ X_3'R^{31}Y_1 + X_3'R^{32}Y_2 + X_3'R^{33}Y_3 + X_3'R^{34}Y_4 \\ X_4'R^{41}Y_1 + X_4'R^{42}Y_2 + X_4'R^{43}Y_3 + X_4'R^{44}Y_4 \\ Z_1'R^{11}Y_1 + Z_1'R^{12}Y_2 + Z_1'R^{13}Y_3 + Z_1'R^{14}Y_4 \\ Z_2'R^{21}Y_1 + Z_2'R^{22}Y_2 + Z_2'R^{23}Y_3 + Z_2'R^{24}Y_4 \\ Z_3'R^{31}Y_1 + Z_3'R^{32}Y_2 + Z_3'R^{33}Y_3 + Z_3'R^{34}Y_4 \\ Z_4'R^{41}Y_1 + Z_4'R^{42}Y_2 + Z_4'R^{43}Y_3 + Z_4'R^{44}Y_4 \end{bmatrix}$$

Söz konusu eşitliklerde **X** sabit etkiler için desen matrisi, **Z** şansa bağlı etkiler için dağılan birey desen matrisidir. **y** vektörü verimleri içermekte, **X** matrisi ise sabit etki alt seviyelerindeki verimlerin bireylere göre dağılışını temsil etmekte, **Z** matrisi de tüm bireyleri ifade etmektedir. **Z** ve **Y** matrislerinin yapısal durumlarına göre, karışık model eşitliklerinde farklı modeller oluşturulabilir, bu çalışmada birey modeli kullanılmıştır (Szwaczkowski 2003, Mrode 2005). Temel kural olarak, birey modelinde **Z** matrisinin bölünmesiyle elde edilen iki matristen “birim matris” verim kaydı olan bireyleri, “sol matris” ise ebeveynleri temsil etmektedir. Modelde **G** eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi, **R** hata varyans-kovaryans matrisi, **A** akrabalık derecelerini içeren akrabalık matrisini temsil etmektedir. Akrabalık matrisleri SAS programının INBREED prosedüründe, çok özellikli karışık model eşitliklerinin çözümü ise SAS IML prosedüründe gerçekleştirilmiştir (SAS Ins 2011).

3.5. Seleksiyon

AHSS-I'de CA, BBH, YV ve DO özelliklerine ait veriler ile *BHSS-I*'de CA, YDO, BNY ve KV'ye ait veriler kullanılarak her iki hattaki tüm bireyler için çok

özellikli BLUP değerleri bir üst başlıkta açıklandığı şekilde tahmin edilmiştir (Mrode 2005). Her hayvana ait bir indeks değeri oluşturmak üzere, dikkate alınan özelliklere ait BLUP değerleri eşit ekonomik ağırlık katsayılarıyla çarpılmıştır. Böylece her hayvana ait damızlık değerler çok özellikli bir indekse dönüştürülmüştür. Her iki hattaki erkek ve dişi bireylerin en yüksek indeks değeri gösteren % 25'lik kısmı bir sonraki kuşağın ebeveynleri olarak seçilmiştir.

3.6. Seleksiyonla Gerçekleşen Genetik Değişim ve Yönelim

AHSS-1 ve *BHSS-1*'de, damızlık değerlerine göre seçilen bireylerin sürü ortalamasından fenotipik farklılıkları ölçülmüş ve seleksiyon üstünlükleri bulunmuştur. Özellikler bakımından seleksiyon öncesi ve sonrasındaki fenotipik farklılıklar genetik ilerleme olarak hesaplanmıştır. Genetik ilerlemenin seleksiyon üstünlüğüne bölünmesiyle gerçekleşen kalıtım dereceleri de elde edilmiştir. *AHBS*, *BHBS*, *AHSS-1*, *BHSS-1*, *KS-1*, *AHSS-2* ve *BHSS-2* bıldırcınlarının tahmin edilen damızlık değer ortalamaları bulunmuş ve bunlar kullanılarak kuşaklara göre genetik yönelimler hesaplanmıştır (Kumlu 2003).

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Araştırmada elde edilen veriler ana ve baba hatlarında ayrı ayrı değerlendirilmiş ve bulgular iki başlık altında sunulmaktadır.

4.1. Ana Hattı

Ana hattı sürülerinde (*AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2*) haftalık canlı ağırlıklar, Gompertz büyüme eğrisi parametreleri, bükülme noktası yaşı ve ağırlığı, haftalık mutlak ve bağıl büyüme hızı değerleri, 20 haftalık yaşa kadar toplam yumurta verimi ve döllülük oranı özellikleri üzerinde durulmuştur. Söz konusu özellikler için, öncelikle tanımlayıcı istatistikler sunulmuş ve ana hattı sürülerinde söz konusu özellikler için farklılıkları sınamak amacıyla hipotez testleri yapılmıştır. Bir sonraki aşamada ana hattı seleksiyon kriterleri olan CA, BBH, YV ve DO özellikleri için çok özellikli genetik parametre tahminleri sunulmuş ve bulgular mevcut literatür bildirişleriyle karşılaştırılmıştır. Son olarak da, gerçekleştirilen seleksiyon sonrasında meydana gelen genetik değişimler ve yönelimler tartışılmıştır.

4.1.1. Tanımlayıcı istatistikler ve hipotez testleri

AHBS, *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınlarında çıkış ağırlığı, 8 haftalık yaşa kadar haftalık canlı ağırlıklar, 20 haftalık yaşa kadar toplam yumurta verimi ve döllülük oranları için tanımlayıcı istatistikler sırasıyla Çizelge 4.1, 4.2 ve 4.3'te sunulmuştur. Söz konusu özellikler bakımından kuşaklar arasındaki farklılıkları ortaya koymak amacıyla gerçekleştirilen profil analizi, varyans analizi ve çoklu karşılaştırma testlerinin sonuçları Çizelge 4.4'te gösterilmiştir.

Çizelge 4.1. *AHBS* bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
CA ₀ ,g	159	7,92	11,37	0,90	0,07	5,78	9,98
CA ₇ ,g	159	24,24	18,41	4,46	0,35	11,90	34,30
CA ₁₄ ,g	159	57,17	15,21	8,70	0,69	32,40	81,10
CA ₂₁ ,g	159	103,25	10,60	10,94	0,87	66,90	133,40
CA ₂₈ ,g	159	140,45	9,37	13,16	1,04	97,10	174,70
CA ₃₅ ,g	159	174,40	11,16	19,46	1,54	133,40	229,20
CA ₄₂ ,g	159	193,15	12,07	23,32	1,85	144,10	242,20
CA ₄₉ ,g	159	200,38	11,47	22,99	1,82	148,30	250,10
CA ₅₆ ,g	159	205,25	10,95	22,48	1,78	121,00	257,80
YV, adet	119	76,72	21,43	9,78	0,65	9,00	96,00
DO, %	159	75,77	22,66	18,25	0,56	0,00	100,00

Çizelge 4.1-4.3'ten görüleceği üzere, çıkış ağırlığını temsil eden CA₀ özelliği bakımından *AHBS* ve *AHSS-1* bıldırcınlarında saptanan ortalamalar, birbiriyle benzer (7,92 ve 8,19 g), *AHSS-2*'de belirlenen ortalamadan (8,78 g) daha düşük bulunmuştur ($P<0,01$, Çizelge 4.4). Söz konusu çizelgelerden görüleceği üzere benzer farklılık CA₇,

CA₁₄ ve CA₂₁ için de saptanmış, AHSS-2’de belirlenen ortalamalar AHBS ve AHSS-1’e ait ortalamalardan daha yüksek bulunmuştur (tümünde P<0,01) Bildiricilerde 4-6 haftalık canlı ağırlıkları arttırmak için seleksiyon uygulanan birçok araştırmada (Marks ve Lepore 1968, Caron vd 1990, Toelle vd 1991, Anthony vd 1996, Narinç vd 2005, Yolcu vd 2005), bulgularımıza paralel olarak seleksiyon uygulamasının diğer haftalara ait canlı ağırlıkları da pozitif yönde etkilediği bildirilmiştir.

Çizelge 4.2. AHSS-1 bildiricilerinde bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
CA _{0,g}	624	8,19	11,24	0,92	0,04	5,26	11,34
CA _{7,g}	624	26,35	18,99	5,01	0,2	11,90	41,90
CA _{14,g}	624	61,21	15,54	9,51	0,38	30,60	85,60
CA _{21,g}	624	101,09	11,04	11,16	0,45	66,50	138,00
CA _{28,g}	624	142,11	10,17	14,45	0,58	78,30	189,20
CA _{35,g}	624	174,66	10,83	18,91	0,76	124,70	230,30
CA _{42,g}	624	195,01	12,59	24,54	0,98	121,70	275,00
CA _{49,g}	624	202,34	11,82	23,92	0,96	141,30	278,20
CA _{56,g}	624	207,17	11,05	22,89	0,92	151,60	282,50
YV, adet	624	76,16	19,60	14,92	0,60	0,00	92,00
DO, %	624	78,88	27,15	21,42	0,86	0,00	100,00

Çizelge 4.3. AHSS-2 bildiricilerinde bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
CA _{0,g}	640	8,78	8,68	0,76	0,03	6,50	10,89
CA _{7,g}	640	30,25	12,68	3,84	0,15	18,90	40,09
CA _{14,g}	640	63,55	11,34	7,21	0,28	42,40	83,76
CA _{21,g}	640	104,11	9,76	10,16	0,40	74,87	133,90
CA _{28,g}	640	138,49	9,36	12,96	0,51	84,10	179,60
CA _{35,g}	640	178,30	10,40	18,54	0,73	117,50	241,20
CA _{42,g}	640	206,88	11,61	24,01	0,95	126,00	266,22
CA _{49,g}	640	213,47	10,81	23,08	0,91	124,41	286,10
CA _{56,g}	640	218,88	10,69	23,39	0,92	138,80	286,30
YV, adet	640	78,70	15,12	11,90	0,47	13,00	97,00
DO, %	640	80,22	34,43	27,62	1,09	0,00	100,00

Araştırmada 28. gün canlı ağırlık ortalamaları AHBS’de 140.45 g, AHSS-1’de 142.11 g, AHSS-2’de 138.49 g olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1-4.3). Önceki haftalar için gözlenen durumun aksine, 4. hafta canlı ağırlığı bakımından AHSS-2 bildiricilerinin diğer sürülere göre daha düşük değerler göstermiş olması (P<0,01, Çizelge 4.4) dikkat çekicidir. Bu durumun bazı seleksiyon kriterlerinin etkisiyle gerçekleştiği düşünülmektedir. Araştırmada saptanan 28. gün canlı ağırlık ortalamaları Narinç vd (2009) ile Sarı vd (2010) tarafından bildirilen değerlerle (143,27 g ve 140,43

g) uyumlu, Khaldari vd (2010) ve Varkoochi vd (2011) tarafından bildirilen değerlerden (168,6 g ve 181,7 g) düşük bulunmuştur.

Son 40 yıl içerisinde Japon bıldırcınlarına yönelik araştırma sonuçları incelendiğinde, haftalık canlı ağırlık özellikleri bakımından büyük değişim gözlenmektedir. Sefton ve Siegel (1974), Chahil vd (1975), Darden ve Marks (1988), Marks (1991) seleksiyon uygulanmamış bıldırcınlarda 4. hafta canlı ağırlık değerlerinin 80,2-93,1 g arasında değerler aldığını bildirmiş, oysa son dönemde gerçekleştirilen araştırmalarda (Yolcu 2005, Hyankova ve Knizetova 2009, Narinç vd 2009, Sarı vd 2010, Khaldari vd 2010) söz konusu özelliğin 128,03-181,7 g arasında değerler aldığı bildirilmiştir. Minvielle (2004) bıldırcınların göçmen kuşlar olduğunu ve şansa bağlı çiftleşen sürülerde yıllara göre canlı ağırlık değerleri bakımından gözlenen ağırlık farklılıklarının entansif koşullara adaptasyon ile meydana geldiğini ileri sürmüştür.

Araştırmada 5. hafta canlı ağırlık ortalamaları *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınlarında sırasıyla 174,40, 174,66 ve 178,30 g olarak bulunmuştur. Söz konusu değerler Toelle vd (1991) ve Sarı vd (2010) bildirişleriyle (170 g ve 176 g) uyumlu, Kırmızıbayrak (1996), İnal vd (1996), Yolcu (2005), Narinç vd (2009) tarafından bildirilen ortalamalardan (156,1-165,8 g) yüksektir. *AHSS-2* bıldırcınları için saptanan 5. hafta canlı ağırlık ortalamasının *AHBS* ve *AHSS-1* bıldırcınlarına ait değerlerden yüksek olduğu belirlenmiştir ($P<0,01$, Çizelge 4.4). Beşinci hafta canlı ağırlığını arttırmak için beş kuşak seleksiyon uygulayan Yolcu (2005), başlangıç sürüsünde 165,8 g olan 5. hafta ağırlığının birinci kuşakta 173,7 g'a yükseldiğini bildirmiştir. Japon bıldırcınlarında haftalık canlı ağırlıkları arttırmak için gerçekleştirilen seleksiyon çalışmalarının tümünde, seleksiyon kriteri olan canlı ağırlık değerinin birinci kuşakta önemli düzeyde artış gösterdiği bildirilmiştir (Marks ve Lepore 1968, Dinç 1988, Caron vd 1990, Tozluca 1993, Akşit 1996, Anthony vd 1996, Oğuz ve Türkmüt 1999a, Yolcu vd 2005).

Çizelge 4.4. Ana hattı sürülerinde bazı özelliklerin hipotez testlerine ait sonuçlar

	CA ₀	CA ₇	CA ₁₄	CA ₂₁	CA ₂₈	CA ₃₅	CA ₄₂	CA ₄₉	CA ₅₆	YV	DO
Yöntem	Profil analizi										Varyans analizi
P	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	Ö.D.
<i>AHBS</i>	b	b	c	a	a	b	b	b	b	b	-
<i>AHSS-1</i>	b	b	b	b	a	b	b	b	b	b	-
<i>AHSS-2</i>	a	a	a	a	b	a	a	a	a	a	-

AHSS-2 bıldırcınlarında 6-8 haftalık yaşlara ait canlı ağırlık ortalamaları *AHBS* ve *AHSS-1* için saptanan ortalamalardan yüksek bulunmuştur ($P<0,01$, Çizelge 4.4). Bu durum, uygulanan çok özellikli seleksiyonun 5. hafta canlı ağırlığını arttırmanın yanında, sonraki haftalara ait canlı ağırlık değerlerinde de artışa yol açtığını göstermektedir. Japon bıldırcınlarında sabit yaş canlı ağırlığını arttırmak için seleksiyon uygulanan çoğu araştırmada benzer bulgular saptanmıştır (Marks 1991a, Yolcu vd 2005, Alkan vd 2010). Özellikle birbirine yakın haftalara ait canlı ağırlıklar arasında pozitif yönde yüksek genetik korelasyonlar bulunduğu bilinmektedir (Sezer vd 2006,

Akbaş vd 2004, Narinç vd 2010a). Söz konusu yüksek genetik korelasyonlar nedeniyle 5. hafta canlı ağırlığını arttırmak için gerçekleştirilen seleksiyonun 6-8 haftalık yaşlarda da artışa yol açtığı düşünülmektedir.

Araştırmada *AHBS*, *AHSS-1*, *AHSS-2* bıldırcınlarının 20 haftalık yaştaki yumurta verimleri sırasıyla 76,72, 76,16, 78,70 adet olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.1-4.3). Bulgularımız, Gildersleeve vd (1987)'nin bildirişleriyle uyumludur, söz konusu araştırmada dört kuşak boyunca şansa bağlı çiftleşen Japon bıldırcınlarının 6-20. haftalar arasında yumurta verimleri 69-80 adet arasında bulunmuştur. Bıldırcınların yumurta verimlerinin saptanmasına yönelik az sayıdaki bilimsel çalışmada farklı yaş aralıklarındaki yumurta verimleri üzerinde durulmuştur (Nestor vd 1983, Drbohlav ve Metodiev 1996, Camcı vd 2002, Kılıç 2005, Minvielle vd 2010). *AHSS-2* bıldırcınlarının yumurta verim ortalaması diğer iki sürüye ait ortalamalardan yüksektir ($P<0,01$, Çizelge 4.4). Bu bulguya paralel olarak, Japon bıldırcınlarında yumurta verimini ve canlı ağırlığı arttırmak için üç kuşak seleksiyon yapan Shebl vd (1996) canlı ağırlık bakımından % 11,34, yumurta verimi bakımından % 7,55 ise artış gerçekleştiğini bildirmişlerdir. Bıldırcınlarda canlı ağırlığı arttırmaya yönelik seleksiyon uygulayan birçok araştırmacı ise yumurta veriminde önemli gerilemeler gerçekleştiğini bildirmişlerdir (Marks 1991b, Nacar 1997). Bu durumun aksine, yumurta verimini arttırmak ve azaltmak amacıyla 5 kuşak seleksiyon yapan Nestor vd (1983) yumurta verimindeki değişimlerin canlı ağırlığı etkilemediğini ileri sürmüşlerdir.

Bu araştırmada saptanan döllülük ortalamaları *AHBS*, *AHSS-1*, *AHSS-2* için sırasıyla % 75,77, 78,88 ve 80,22 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1-4.3). Söz konusu bulgularımız, döllülük oranını % 73,78 ile 84,00 arasında bildiren çok sayıda araştırmacının (El-Ibiary vd 1966, El-Fiky 1994, Panda vd 1980, Koçak vd 1991, Oğuz ve Türkmüt 1999, Özdemir ve Poyraz 2000) sonuçlarıyla uyumlu, buna karşılık döllülük oranını % 82,40 ile 97,60 arasında bildiren araştırmacıların (Janda 1975, Marks 1979, Gulati vd 1981, Sreenivasaiah ve Ramappa 1985, Uluocak ve Nacar 1996, Erensayın 2002, İpek vd 2003) bildirdiği değerlerden daha düşüktür. *AHBS*, *AHSS-1*, *AHSS-2* bıldırcınları için saptanan döllülük oranları arasında istatistiksel olarak anlamlı farklılık bulunmamıştır (Çizelge 4.4). Bulgularımıza benzer şekilde Nestor ve Bacon (1983) dördüncü hafta canlı ağırlığı için yaptıkları çift yönlü seleksiyonun döllülük oranını etkilemediği sonucuna varmışlardır. Buna karşılık bazı araştırmacılar (Marks 1979, Anthony vd 1996, Yolcu 2005), canlı ağırlık için gerçekleştirilen seleksiyonun döllülük oranını azalttığını, Oğuz ve Türkmüt (1999b) ise canlı ağırlığı arttırmak için uygulanan seleksiyonun döllülük oranını da arttırdığını bildirmişlerdir. Araştırmacılar diğer kanatlı türlerinde seleksiyonla canlı ağırlığı arttırılmış erkeklerde görülen libido azalmasının döllülükte azalmaya yol açtığını ancak bıldırcınlarda eşeysel dimorfizmin ters yönde olmasından dolayı döllülükte gerileme gerçekleşmediğini ileri sürmüşlerdir.

4.1.2. Büyüme eğrisi analizleri

Bu başlık altında sırasıyla ana hattına ait üç farklı sürü için Gompertz büyüme eğrisi modeliyle gerçekleştirilen analizler sonucu elde edilen büyüme eğrisi parametreleri ile bükülme noktası yaşı (BNY) ve ağırlığı (BNA) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler ve büyüme eğrisi grafikleri, bağıl büyüme hızı (BBH) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler ve grafikler, mutlak büyüme hızı (MBH)

değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler ile grafikler sunulmuştur. Ayrıca büyüme eğrisi parametreleri, BNA ve BNY ile BBH_{35} değerleri bakımından sürüler arasındaki farklılıkları ortaya koymak üzere yapılan varyans analizi ve çoklu karşılaştırma testlerinin sonuçları yer almıştır. *AHBS*, *AHSS-1*, *AHSS-2*'ye ait haftalık canlı ağırlıklar kullanılarak Gompertz modeli ile gerçekleştirilen analizler sonucunda tahmin edilen β_0 , β_1 ve β_2 parametreleri ile BNY ve BNA özelliklerine ait tanımlayıcı istatistikler Çizelge 4.5, 4.6 ve 4.7'de sunulmuştur. *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınları için gözlem değerleri ve Gompertz modelinin tahmin değerleri kullanılarak çizilen büyüme eğrisi grafikleri sırasıyla 4.1, 4.2, ve 4.3'te gösterilmiştir, Şekil 4.4 ise *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınlarına ait büyüme eğrilerini bir arada içermektedir. Söz konusu özellikler bakımından sürüler arasındaki farklılıkların ortaya konulması amacıyla gerçekleştirilen varyans analizi ile çoklu karşılaştırma testlerine ait sonuçlar ise Çizelge 4.14'te yer almaktadır.

Gompertz büyüme eğrisi modelinin ergin ağırlık parametre (β_0) değerleri *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınları için sırasıyla 219,19, 223,23 ve 245,36 g olarak tahmin edilmiştir (Çizelge 4.5-4.7). *AHSS-2* bıldırcınlarında β_0 için belirlenen ortalama *AHBS* ve *AHSS-1* için saptanan değerlerden yüksek bulunmuştur ($P<0,01$, Çizelge 4.14). Araştırmada saptanan değerlerle uyumlu olarak, seleksiyon uygulanmamış şansa bağlı çiftleştirilmiş Japon bıldırcınlarında büyüme eğrisi β_0 parametresini Akbaş ve Oğuz (1998) 208.3-239.5 g aralığında, Hyankova vd (2001) 222,1 g, Kızılkaya vd (2005) 221.74-225.50 g aralığında, Alkan vd (2009) 204-224 g aralığında, Narinç vd (2009 ve 2010a) sırasıyla 210.7 ve 222.1 g olarak tahmin etmişlerdir. Buna karşılık, Anthony vd (1986) söz konusu parametre için erkeklerde 117,7 g, dişilerde 122,0 g; Aggrey vd (2003) ise erkeklerde 104,42 g, dişilerde 144,01 g gibi bulgularımıza nazaran bir hayli düşük değerler tahmin etmişlerdir. Bu farklılığın her iki çalışmada da canlı ağırlık değerleri düşük hatlar kullanılması sonucu ortaya çıktığı düşünülmüştür.

Çizelge 4.5. *AHBS* için Gompertz model parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler

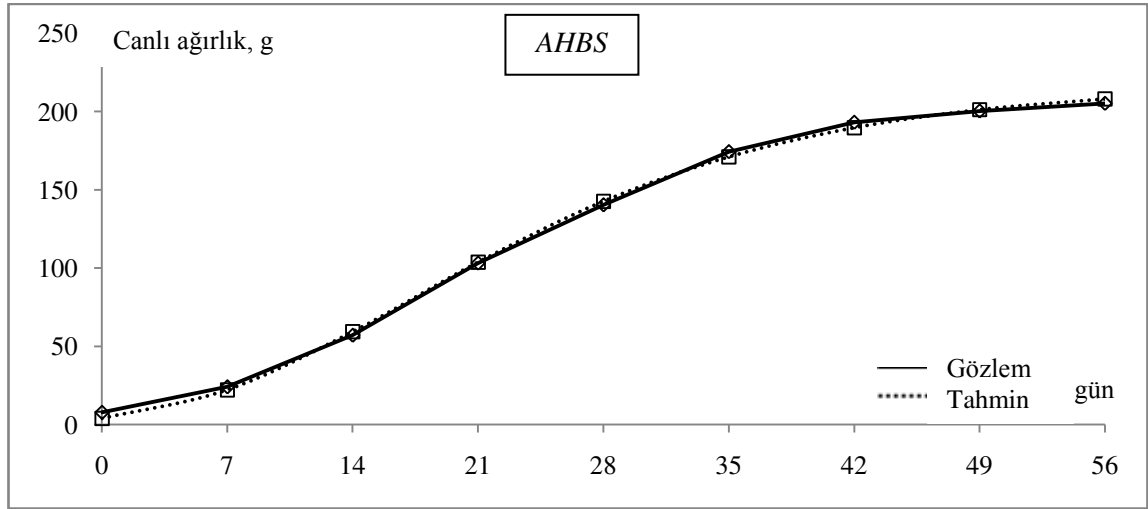
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
β_0	159	219,19	13,11	28,75	2,28	156,50	299,76
β_1	159	4,19	17,02	0,71	0,06	3,14	8,31
β_2	159	0,081	15,82	0,01	0,00	0,06	0,15
BNY, gün	159	17,40	13,04	2,27	0,18	12,90	25,77
BNA, g	159	80,65	13,11	10,58	0,84	57,58	110,29

Çizelge 4.6. *AHSS-1* için Gompertz model parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler

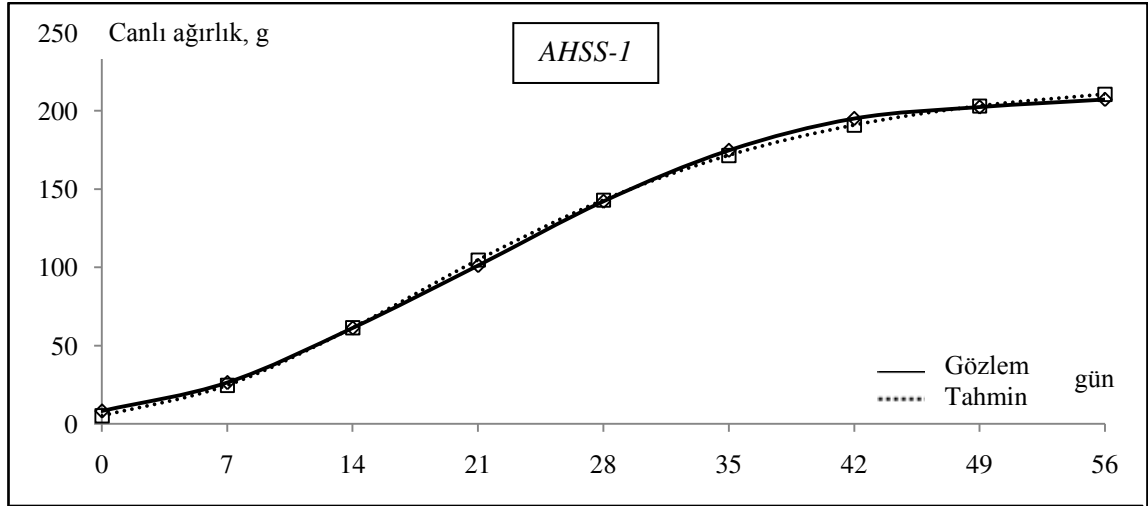
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
β_0	624	223,21	13,68	30,54	1,22	149,67	326,17
β_1	624	3,92	16,23	0,64	0,03	2,90	10,58
β_2	624	0,079	14,61	0,01	0,00	0,05	0,13
BNY, gün	624	17,38	13,25	2,30	0,09	12,28	26,73
BNA, g	624	82,12	13,68	11,24	0,45	55,07	120,01

Çizelge 4.7. AHSS-2 için Gompertz model parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
β_0	640	245,36	15,88	38,97	1,22	131,74	359,29
β_1	640	3,57	8,43	0,30	0,03	2,68	4,73
β_2	640	0,070	15,99	0,01	0,00	0,03	0,15
BNY, gün	640	18,53	17,29	3,20	0,09	9,98	49,03
BNA, g	640	90,27	15,88	14,34	0,45	48,47	242,57



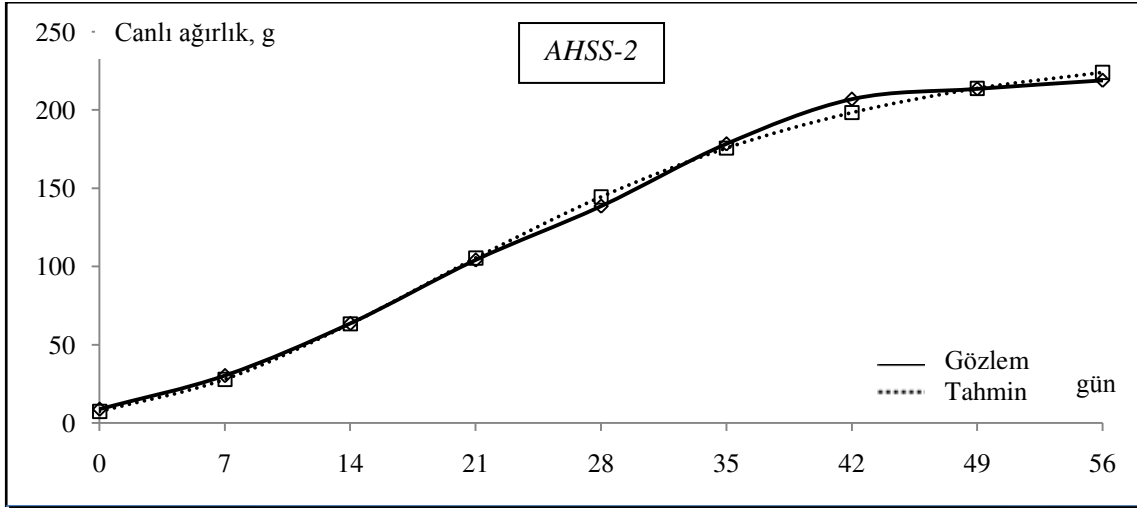
Şekil 4.1. AHBS bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi



Şekil 4.2. AHSS-1 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi

AHSS-1 ve AHSS-2 için tahmin edilen β_0 parametreleri sırasıyla 223,21 (Çizelge 4.6) ve 245,36'dır (Çizelge 4.7). Araştırmada elde edilen bu sonuçlara göre bir kuşaklık çok özellikli seleksiyon sonucunda β_0 parametresinde % 9'luk bir artış gerçekleştiği söylenebilir.

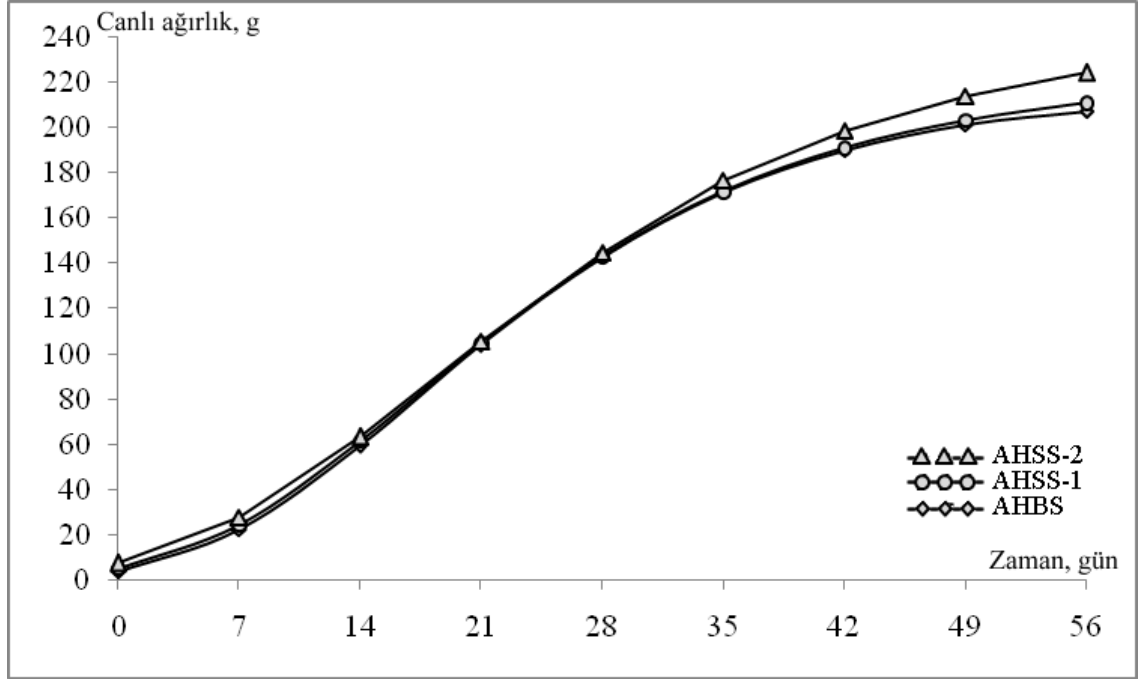
Seleksiyon ile gerçekleşen ağırlık değişimlerinin büyüme eğrisi parametrelerini de etkilediği birçok araştırmacı (Hyankova vd 2001, Alkan vd 2009, Nariñ vd 2009) tarafından vurgulanmıştır. Dördüncü hafta canlı ağırlığını arttırmak için seleksiyon yapılmış bıldırcınların büyüme eğrilerini inceleyen Akbaş ve Oğuz (1998), beş kuşak seleksiyon sonucunda β_0 parametresinde % 15 oranında artış gerçekleştiğini bildirmişlerdir. Başka bir çalışmada ise Aggrey vd (2003) 30 kuşak boyunca 4. hafta canlı ağırlığı için iki yönlü seleksiyon yapmış, ağırlığı artan hattın erkeklerinde β_0 parametresinin % 104 arttığını bildirmiştir.



Şekil 4.3. AHSS-2 bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi

Çizelge 4.5-4.7'den görüleceği üzere AHSS-2 bıldırcınlarında Gompertz büyüme eğrisinin integrasyon sabitini temsil eden β_1 parametresi 3.57 olarak tahmin edilmiş, AHBS ve AHSS-1 için tahmin edilen değerlerden (sırasıyla 4,19 ve 3,92) düşük bulunmuştur ($P<0,01$, Çizelge 4.14).

Söz konusu parametreyi Akbaş ve Oğuz (1998) seleksiyon uygulanmış bir sürüde 3,91, kontrol grubunda 3.89; Kızılkaya ve ark (2005) ise dişilerde 3.88, erkeklerde 3,70 olarak tahmin etmişlerdir. Bunun yanında, Nariñ vd (2009)'nin bildirişine göre β_1 parametresi, canlı ağırlığı arttırmaya yönelik seleksiyon uygulanmış bıldırcınlarda 3,44, şansa bağlı çiftleşen grupta 3,66; dişilerde ve erkeklerde ise sırasıyla 3,48 ve 3,62'dir. Araştırmacılar bir başka çalışmasında (Nariñ vd 2010a), β_1 parametresi ile hem asimptotik ağırlık hem de haftalık canlı ağırlık değerleri arasında negatif yönlü yüksek genetik korelasyonlar olduğunu, bu sebeple canlı ağırlık artışına neden olacak genetik ya da çevresel etkenlerin β_1 parametresinde azalmaya yol açacağını ileri sürmüşlerdir. Akbaş ve Yaylak (2000)'in bulguları da bu görüşü destekleyici niteliktedir. Bunun yanı sıra söz konusu her iki araştırmada da (Akbaş ve Yaylak 2000, Nariñ vd 2010a) β_1 ve β_2 parametreleri arasında pozitif yönde genetik korelasyon bulunduğu, buna karşılık her iki parametrenin de β_0 ile negatif yönlü ve güçlü bir genetik ilişki içinde olduğu sonucu vurgulanmıştır. Dolayısıyla araştırmada çok özellikli seleksiyon uygulaması sonucunda AHSS-2'de β_0 parametresinde gözlenen artışa paralel olarak diğer iki parametre (β_1 ve β_2) tahminlerinde azalmaya yol açmış olması beklenen bir durumdur.



Şekil 4.4. *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi grafikleri

Sigmoid yapıdaki Gompertz modelinin BNY değeri *AHSS-2* için 18,53 gün olarak (Çizelge 4.7) tahmin edilmiş, *AHBS* ve *AHSS-1* için tahmin edilen değerlerden (17,40 ve 17,38 gün, Çizelge 4.5 ve 4.6) yüksek bulunmuştur ($P<0,01$, Çizelge 4.14). Bıldırcınlarda kısa dönemli seleksiyonun BNY özelliğini etkilediğini bildiren Kızılkaya vd (2006), söz konusu özelliğin kontrol grubunda 24,5 gün, canlı ağırlığı azaltılmış grupta 22,3 gün olduğunu bildirmişlerdir. Seleksiyon ile canlı ağırlığı artırılmış bıldırcınların BNY değerlerini şansa bağlı çiftleşen kontrol grubuyla karşılaştıran Akbaş ve Oğuz (1998) ise anlamlı bir fark bulunmadığını, ancak canlı ağırlık ortalamaları erkeklerden yüksek olan dişilerin bükülme noktası yaşının da yüksek (erkek 18,74; dişi 21,22 gün) olduğunu bildirmişlerdir. Benzer sonuca ulaşan Aggrey (2009), BNY ortalamalarını erkekler ve dişiler için 17,5 ve 22,26 gün olarak saptamıştır.

Çizelge 4.5-4-7'den görüleceği üzere *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* için hesaplanan BNA ortalamaları sırasıyla 80,65, 82,12 ve 90,27 g olarak bulunmuştur, uygulanan seleksiyonun BNA değerlerinde artışa neden olduğu belirlenmiştir ($P<0,01$, Çizelge 4.14). Canlı ağırlık için 10 kuşak çift yönlü seleksiyon uygulayan Anthony vd (1986)'ne göre BNA ortalamaları, düşük canlı ağırlık, kontrol ve yüksek canlı ağırlık gruplarında sırasıyla, 41,4, 44,1 ve 63,1 g'dır, araştırmacılar uygulanan seleksiyonun BNA bakımından gruplar arasında farklılıklara yol açtığı sonucuna varmışlardır. Söz konusu araştırmada, grupların 42 günlük canlı ağırlık değerleri 70-120 g arasındaydı, BNA değerlerinin de düşük olması normaldir. Alkan vd (2009) ise 5. hafta canlı ağırlığı için 11 kuşaklık çift yönlü seleksiyon sonucunda düşük canlı ağırlık, kontrol ve yüksek canlı ağırlık gruplarında BNA değerlerini sırasıyla 58,20, 78,65 ve 110,50 g olarak tahmin etmişlerdir. Bu alanda yapılmış pek çok çalışmada (Akbaş ve Oğuz 1998, Hyankova vd 2001, Kızılkaya vd 2006, Narinç vd 2009) canlı ağırlık için gerçekleştirilen seleksiyonun BNA değerlerini etkilediği ortaya konulmuştur.

Çizelge 4.8'den görüleceği üzere *AHBS* bildiricileri için Gompertz modeli kullanılarak tahmin edilen haftalık BBH değerlerine ait ortalamalar BBH_0 için % 27, BBH_7 için % 18, BBH_{14} için % 14 olarak hesaplanmıştır ve artan yaşla birlikte azalmıştır. Benzer eğilim, *AHSS-1* ve *AHSS-2* için de geçerlidir (Çizelge 4.9 ve 4.10). Bağlı büyüme hızlarına ait grafiklerde (Şekil 4.5-4.8) bu eğilim açık bir şekilde görülmektedir. Bu çalışma sonuçlarına paralel olarak Nariñ vd (2010d) Japon bildiricilerinde haftalık bağlı büyüme hızlarının 1-6 haftalık yaşlar arasında sırasıyla % 26,81, 15,85, 8,91, 4,97, 2,95, 1,74, 0,94 olduğunu bildirmişlerdir.

Bu çalışmada ana hattında seleksiyon kriterlerinden biri olan 35 günlük yaştaki BBH değeri *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* için sırasıyla % 1,75, 1,80 ve 2,04 olarak tahmin edilmiş olup (Çizelge 4.7-4.9), *AHSS-2* için belirlenen ortalama diğer sürülerden yüksek bulunmuştur ($P < 0,01$, Çizelge 4.14).

Çizelge 4.8. *AHBS* bildiricilerinde haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

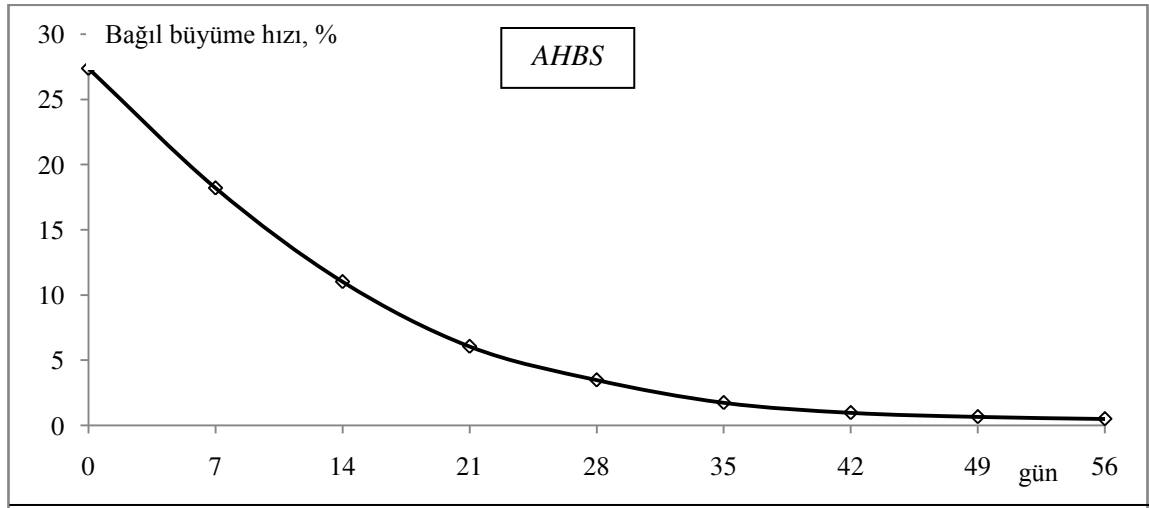
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
BBH_0	159	27,36	13,56	3,27	0,14	0,20	0,47
BBH_7	159	18,20	15,00	2,45	0,11	0,14	0,30
BBH_{14}	159	11,02	14,63	1,88	0,09	0,07	0,19
BBH_{21}	159	6,06	13,38	0,82	0,04	0,04	0,10
BBH_{28}	159	3,49	22,37	0,69	0,03	0,01	0,06
BBH_{35}	159	1,75	37,06	0,61	0,03	0,00	0,04
BBH_{42}	159	0,98	39,95	0,42	0,02	-0,01	0,02
BBH_{49}	159	0,67	59,84	0,26	0,01	-0,03	0,01
BBH_{56}	159	0,51	69,20	0,21	0,01	0,00	0,06

Çizelge 4.9. *AHSS-1* bildiricilerinde haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

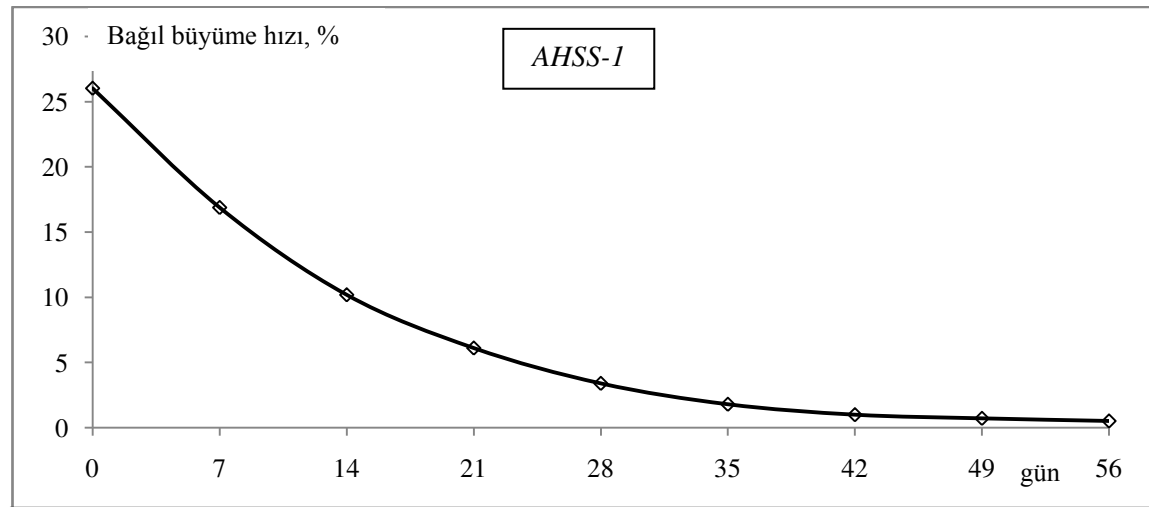
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
BBH_0	624	26,02	12,7256	3,31	0,13	16,83	38,32
BBH_7	624	16,88	14,9525	2,52	0,10	10,96	26,46
BBH_{14}	624	10,19	18,9237	1,93	0,08	7,18	38,85
BBH_{21}	624	6,11	13,1000	0,80	0,03	4,10	10,67
BBH_{28}	624	3,40	22,9496	0,78	0,03	1,40	7,28
BBH_{35}	624	1,80	34,3370	0,62	0,02	-0,26	3,56
BBH_{42}	624	1,00	41,6140	0,42	0,02	-0,62	3,86
BBH_{49}	624	0,72	40,4741	0,29	0,01	-0,41	3,04
BBH_{56}	624	0,52	58,5535	0,31	0,01	-0,56	1,65

Çizelge 4.10. *AHSS-2* bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

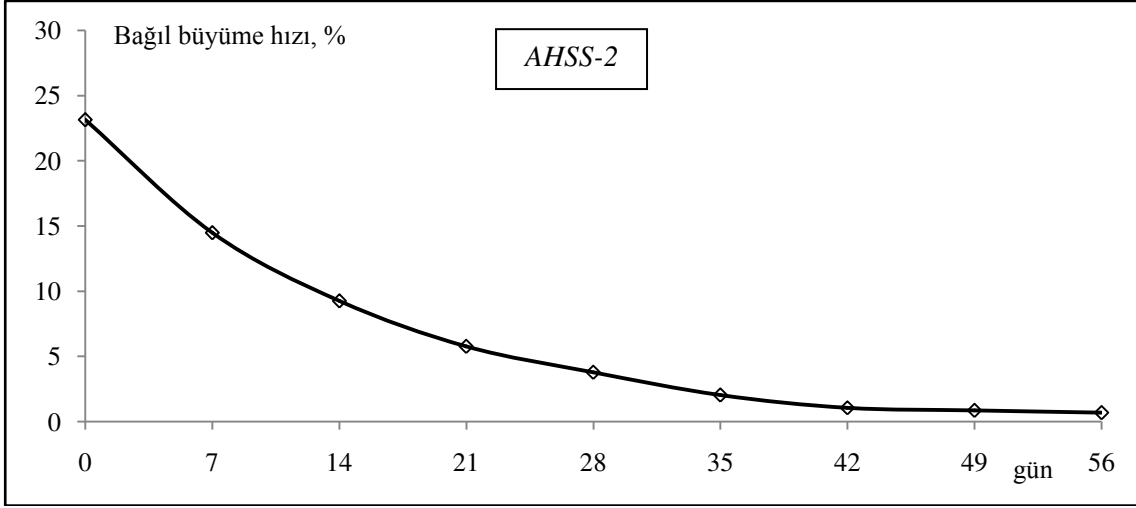
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
BBH ₀	640	23,15	12,9717	3,00	0,12	11,86	41,05
BBH ₇	640	14,48	11,1829	1,62	0,06	8,72	23,32
BBH ₁₄	640	9,26	9,9195	0,92	0,04	5,78	13,22
BBH ₂₁	640	5,78	10,8370	0,63	0,02	1,83	7,80
BBH ₂₈	640	3,78	17,2893	0,65	0,03	0,69	5,44
BBH ₃₅	640	2,04	32,3078	0,66	0,03	-0,22	4,10
BBH ₄₂	640	1,07	38,5924	0,41	0,02	-0,56	3,43
BBH ₄₉	640	0,87	35,2883	0,31	0,01	0,12	3,02
BBH ₅₆	640	0,70	41,2325	0,29	0,01	-0,80	2,29



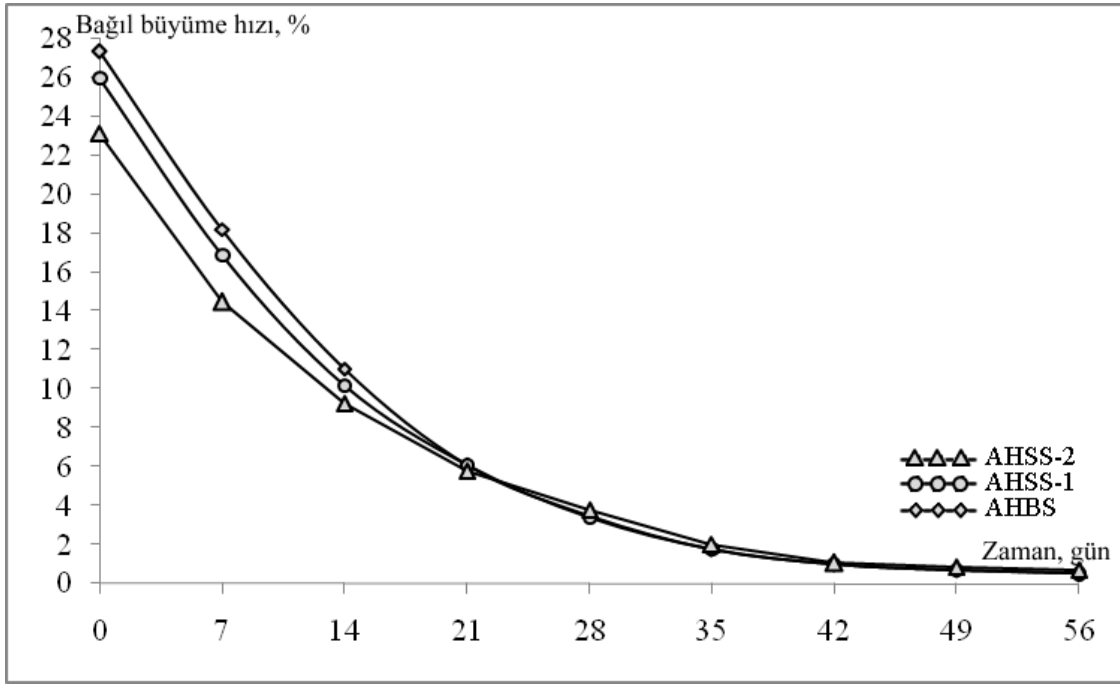
Şekil 4.5. *AHBS* bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrileri



Şekil 4.6. *AHSS-1* bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrileri



Şekil 4.7. AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrileri



Şekil 4.8. AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık BBH eğrisi

Dördüncü hafta canlı ağırlığı için 30 kuşak iki yönlü seleksiyon uygulayan Aggrey (2003b)'e göre, bıldırcınlarda ilk üç haftalık bağıl büyüme hızları bakımından canlı ağırlığı arttırılmış hatta yüksek değerler tahmin edilmiş, ancak sonraki haftalarda düşük canlı ağırlık grubunda daha yüksek bağıl büyüme hızı saptamıştır. Araştırmacı gerçekleştirilen seleksiyonun haftalık bağıl büyüme hızlarını etkilediğini bildirmiş, ayrıca ergin ağırlığı tam olarak tanımlayabilmek için canlı ağırlık ölçümlerinin olabildiğince ileri yaşlara kadar yapılması gerektiğini aksi taktirde asimptotik ağırlık (β_0) parametresinin hatalı tahmin edileceğini ve bunun da son haftalara ait bağıl büyüme hızlarının düşük tahmin edilmesine yol açabileceğini ileri sürmüştür. Bıldırcınlarda 11-28. günler arasındaki bağıl büyüme hızına göre 6 kuşak, iki yönlü seleksiyon

gerçekleştiren Hyankova vd (2001) seleksiyon sonrasında kümülatif bağıl büyüme oranları bakımından % 4,4 artış ve % 2,95 azalma gerçekleştiğini bildirmişlerdir.

AHBS, *AHSS-1* ve *AHSS-2* için tahmin edilen haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler sırasıyla Çizelge 4.11, 4.12 ve 4.13'te sunulmuştur. MBH ortalamalarından faydalanılarak *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* için çizilen grafikler Şekil 4.9, 4.10 ve 4.11'de gösterilmiştir. Literatürde Japon bıldırcınlarında MBH özelliklerinin belirlendiği tek çalışma Narinç vd (2010d) tarafından gerçekleştirilmiş, araştırmacılar 1-6 haftalık MBH ortalamalarının sırasıyla 2,51, 5,20, 6,63, 5,91, 4,38, 2,96, 1,90 g/gün olduğunu bildirmişlerdir. Narinç vd (2010d)'nin bulguları bu çalışma sonuçlarıyla uyumlu bulunmuştur. MBH değerleri günlük canlı ağırlık artışının parametrik yaklaşımla, bir başka ifadeyle, doğrusal olmayan regresyon modeli kullanılarak tahmin edilmesidir (Aggrey 2004). Canlılarda büyüme, birikimli bir yapıya sahiptir ve her bir zaman noktasında gözlenen varyasyon kendinden sonra gelen düzeyde de temsil edilmektedir. Oysa MBH zaman noktaları arasındaki değişimi ifade etmektedir. Eisen vd (1986) büyüme üzerinde genetik ve çevresel faktörlerin etkisinin araştırılmasında MBH özelliğinden yararlanmak yerine BBH değerlerinin dikkate alınması gerektiğini ileri sürmüş, Aggrey (2004) de, bu görüşü destekleyerek, daha çok BBH özelliği üzerinde durulması gerektiğini bildirmiştir.

Çizelge 4.11. *AHBS*'de haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

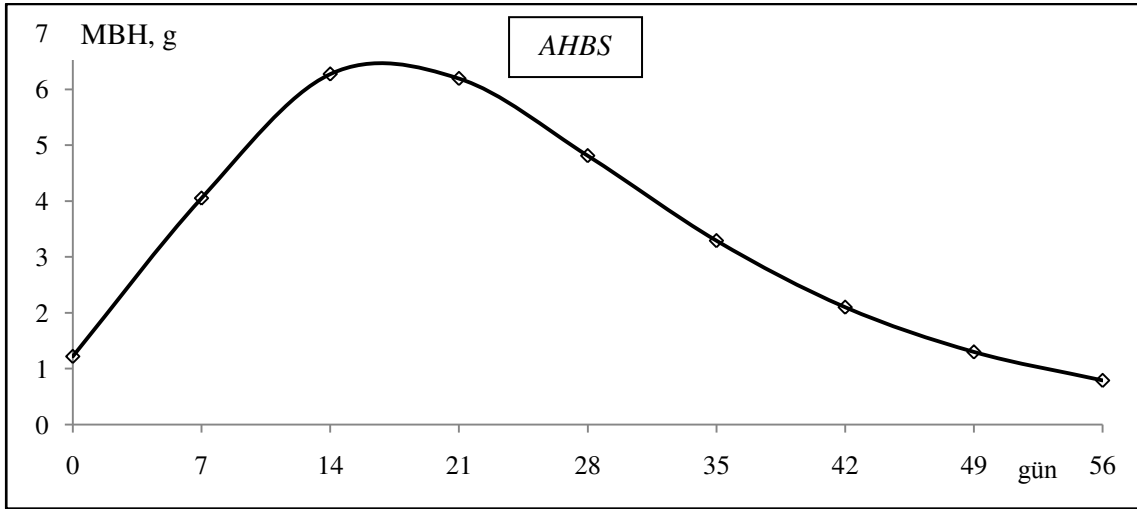
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
MBH ₀	159	1,22	34,20	0,42	0,03	0,06	2,14
MBH ₇	159	4,05	15,49	0,63	0,05	1,83	5,82
MBH ₁₄	159	6,27	13,41	0,84	0,07	4,27	10,26
MBH ₂₁	159	6,19	12,10	0,75	0,06	4,52	8,31
MBH ₂₈	159	4,81	16,84	0,81	0,06	2,71	6,21
MBH ₃₅	159	3,29	24,88	0,82	0,06	1,14	5,21
MBH ₄₂	159	2,10	33,81	0,71	0,06	0,41	4,20
MBH ₄₉	159	1,30	42,99	0,56	0,04	0,14	3,16
MBH ₅₆	159	0,79	52,28	0,41	0,03	0,05	2,32

Çizelge 4.12. *AHSS-1*'de haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

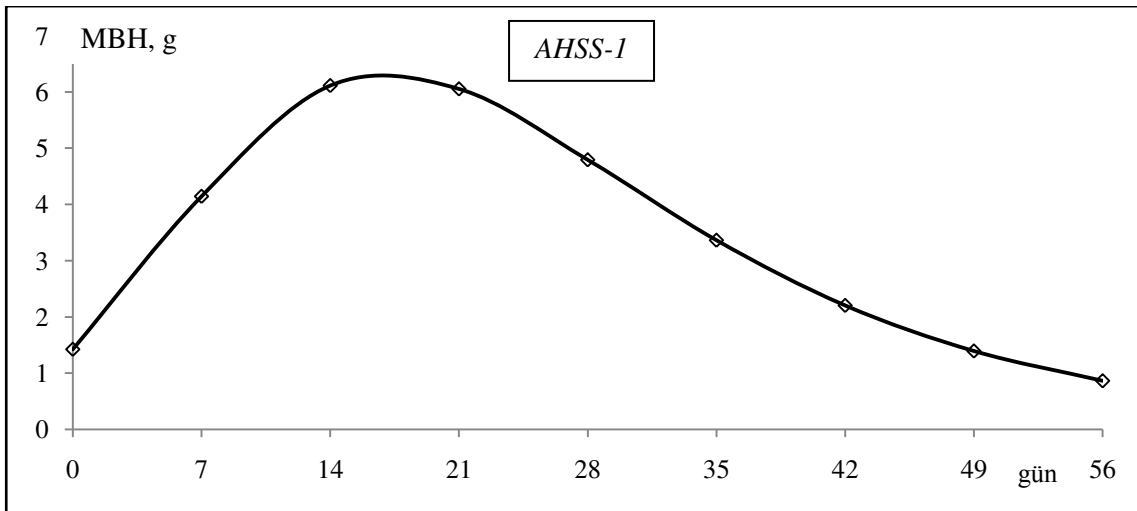
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
MBH ₀	624	1,42	30,19	0,43	0,02	0,01	2,57
MBH ₇	624	4,14	15,26	0,63	0,03	0,67	6,00
MBH ₁₄	624	6,11	12,28	0,75	0,03	3,91	8,55
MBH ₂₁	624	6,05	12,10	0,73	0,03	4,15	8,31
MBH ₂₈	624	4,79	16,50	0,79	0,03	2,71	7,11
MBH ₃₅	624	3,36	23,80	0,80	0,03	1,20	5,26
MBH ₄₂	624	2,20	32,22	0,71	0,03	0,50	4,58
MBH ₄₉	624	1,39	41,10	0,57	0,02	0,21	3,78
MBH ₅₆	624	0,86	50,26	0,43	0,02	0,08	3,01

Çizelge 4.13. AHSS-2’de haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

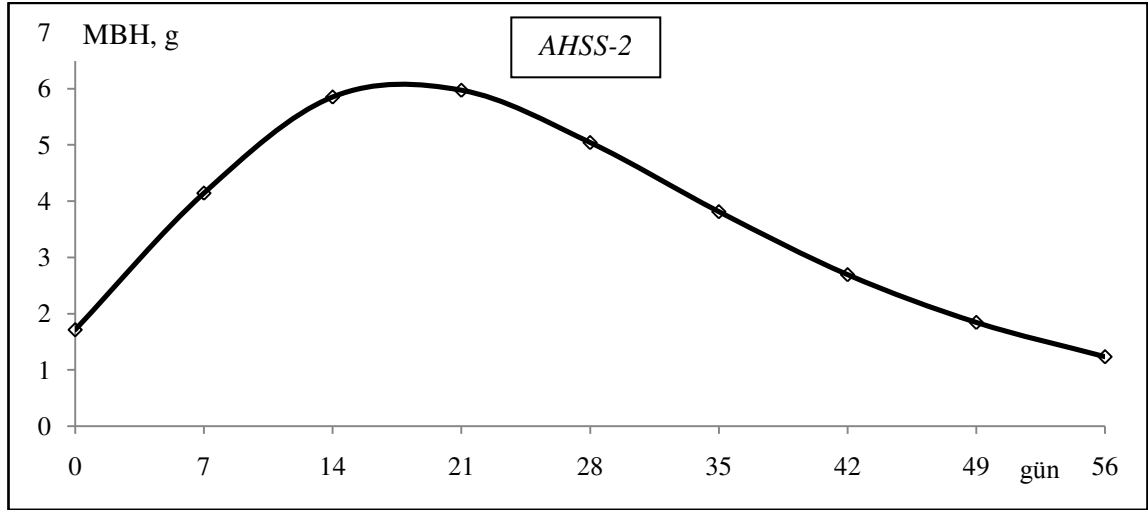
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
MBH ₀	640	1,71	16,70	0,29	0,01	0,90	2,49
MBH ₇	640	4,14	14,26	0,59	0,02	2,25	6,56
MBH ₁₄	640	5,85	12,46	0,73	0,03	2,99	8,32
MBH ₂₁	640	5,97	11,48	0,69	0,03	3,10	7,93
MBH ₂₈	640	5,04	15,39	0,77	0,03	1,20	6,88
MBH ₃₅	640	3,81	22,38	0,85	0,03	0,43	6,11
MBH ₄₂	640	2,69	30,67	0,83	0,03	0,15	6,52
MBH ₄₉	640	1,84	39,93	0,73	0,03	0,05	6,65
MBH ₅₆	640	1,23	50,44	0,62	0,02	0,02	6,54



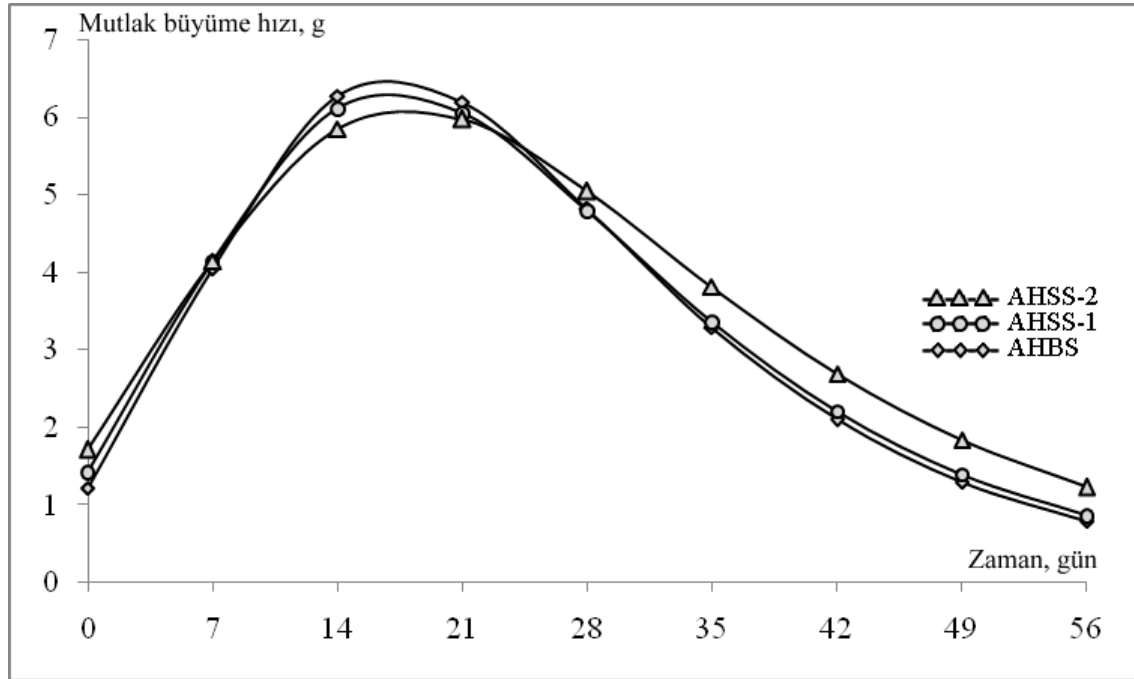
Şekil 4.9. AHBS bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrisi



Şekil 4.10. AHSS-1 bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrisi



Şekil 4.11. AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrisi



Şekil 4.12. AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 bıldırcınlarına ait haftalık MBH eğrileri

Çizelge 4.14. Ana hattı sürülerinde büyüme eğrisi parametreleri, BNA, BNY ve BBH özellikleri için varyans analizi sonuçları

	β_0	β_1	β_2	BNY	BNA	BBH ₃₅
P	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01
AHBS	b	a	a	b	b	b
AHSS-1	b	b	b	b	b	b
AHSS-2	a	c	c	a	a	a

4.1.3. Genetik parametre tahminleri

Bu başlık altında ana hattı sürüleri için seleksiyon kriteri olarak kullanılan 5. hafta CA ve BBH ile YV ve DO özellikleri üzerinde durulacaktır. *AHSS-1* için seleksiyon kriterlerine ait eklemeli genetik etkileri içeren varyans-kovaryans matrisi Çizelge 4.15'te, çevresel etkileri içeren varyans-kovaryans matrisi Çizelge 4.16'da sunulmuş, söz konusu özellikler için tahmin edilen kalıtım dereceleri ve özellikler arasındaki genetik korelasyonlar Çizelge 4.17'de gösterilmiştir. Aynı özellikler için *AHSS-2* bıldırcınlarına ait eklemeli genetik ve çevre varyans-kovaryans matrisleri Çizelge 4.18 ve 4.19'da sunulmuştur, ilgili özelliklere ait kalıtım dereceleri ve aralarındaki genetik korelasyon tahminleri Çizelge 20'de verilmiştir.

Çizelge 4.15. *AHSS-1* için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi

	CA	BBH	YV	DO
CA	76,9074	-0,0071	-2,8654	-11,0413
BBH	-0,0071	0,0000044	-0,0066	-0,0013
YV	-2,8654	-0,0066	35,0422	36,0089
DO	-11,0413	-0,0013	36,0089	49,6894

AHSS-1 ve *AHSS-2* bıldırcınlarının 5. hafta canlı ağırlığı için kalıtım dereceleri sırasıyla 0,42 (Çizelge 4.17) ve 0,29 (Çizelge 20) olarak yüksek ve orta düzeylerde tahmin edilmiştir. Japon bıldırcınlarında 5. hafta canlı ağırlığı için kalıtım derecesi tahmini yapılan çok sayıda çalışma bulunmaktadır. Araştırma bulgularımıza paralel olarak pek çok çalışmada söz konusu özelliğe ait kalıtım derecesi orta-yüksek düzeylerde bulunmuştur; bu parametre Toelle vd (1991) tarafından 0,59, Akbaş ve Yaylak (2000) tarafından 0,69, Akşit vd (2002) tarafından 0,49, Akbaş vd (2004) tarafından 0,55, Adeogun ve Adeoye (2004) tarafından 0,89, Balcıoğlu vd (2005) tarafından 0,70, Sezer vd (2007) tarafından 0,50, Dionello vd (2008) tarafından 0,45, Singh (2009) tarafından 0,38, Nariç vd (2010a) tarafından 0,52, Sarı vd (2010) tarafından 0,45 ve Sarı vd (2011) tarafından 0,40 tahmin edilmiştir. Bunun yanında, bıldırcınların 5. hafta canlı ağırlığının kalıtım derecesini Saatci vd (2003 ve 2006) sırasıyla 0,15 ve 0,13 olarak düşük düzeyde tahmin etmişlerdir. Söz konusu çalışmalarda örnek büyüklüğünün yetersiz olması ya da kalıtım derecesi tahminindeki işlem hataları nedeniyle böyle bir sonucun elde edildiği tahmin edilmektedir.

Çizelge 4.16. *AHSS-1* için çevre varyans-kovaryans matrisi

	CA	BBH	YV	DO
CA	285,1500	-0,0218	42,6288	25,6757
BBH	-0,0218	0,0000350	0,0031	0,0024
YV	42,6288	0,0031	189,2300	119,4000
DO	25,6757	0,0024	119,4000	466,2100

Araştırmada *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınlarının 5. hafta BBH özelliğine ait kalıtım dereceleri sırasıyla 0,22 ve 0,19 olarak düşük-orta düzeylerde tahmin edilmiştir. Literatürde Japon bıldırcınlarında haftalık bağıl büyüme hızları için genetik parametre

tahmini sadece Narinç vd (2010d) tarafından gerçekleştirilmiştir. Çalışmada söz konusu özelliğe ait kalıtım derecesi 0,12 olarak düşük düzeyde tahmin edilmiştir.

Çizelge 4.17. *AHSS-1* için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar

	CA	BBH	YV	DO
CA	0,42±0,03			
BBH	-0,38±0,02	0,22±0,01		
YV	-0,06±0,01	-0,53±0,04	0,31±0,01	
DO	-0,18±0,01	-0,09±0,01	0,86±0,05	0,19±0,01

Çizelge 4.18. *AHSS-2* için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi

	CA	BBH	YV	DO
CA	50,1156	-0,0047	-3,9318	-0,3109
BBH	-0,0047	0,0000041	0,0001	-0,0059
YV	-3,9318	0,0001	14,2897	6,5281
DO	-5,3109	-0,0059	6,5281	10,6205

Çizelge 4.19. *AHSS-2* için çevre varyans-kovaryans matrisi

	CA	BBH	YV	DO
CA	294,5000	-0,0362	44,3827	16,6339
BBH	-0,0362	0,0000390	-0,0147	-0,0087
YV	44,3827	-0,0147	127,6900	86,3157
DO	16,6339	-0,0087	86,3157	592,2100

Çizelge 4.20. *AHSS-2* için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar

	CA	BBH	YV	DO
CA	0,29±0,03			
BBH	-0,32±0,03	0,19±0,04		
YV	-0,15±0,02	0,01±0,01	0,20±0,02	
DO	-0,23±0,03	-0,89±0,05	0,53±0,06	0,04±0,01

Yirmi haftalık yaşa kadar olan yumurta verimi özelliği için kalıtım dereceleri *AHSS-1*'de 0,31, *AHSS-2*'de ise 0,20 olarak tahmin edilmiştir. *AHSS-1* bıldırcınlarında tahmin edilen orta seviyeli kalıtım derecesi ile benzer sonuçlar Strong vd (1976), El-Fiky vd (2000), Tawefeuk (2001) ve Abdel-Mounsef (2005) tarafından da bildirilmiştir; araştırmacılar 70 günlük yumurta verimi için kalıtım derecelerini sırasıyla 0,26, 0,36, 0,34 ve 0,33 olarak tahmin etmişlerdir. Bunun yanında *AHSS-1*'de saptanan sonuçlarla uyumlu olarak Minvielle vd (1997, 1998) sırasıyla 13 haftalık yumurta verimi için 0,39, 18 haftalık yumurta verimi için 0,32 kalıtım derecesi tahminleri bildirmişlerdir. Sittmann vd (1966) 12 haftalık yumurta verimi için kalıtım derecesini 0,20; Koçak vd (1991) 25 haftalık yaşa kadar olan yumurta verimi için kalıtım derecesini 0,21 olarak tahmin etmişlerdir. Bunun yanında, Bahie El-Deen (2008) 13 haftalık yaşa kadar

yumurta verimi için, Schuler vd (1998) 150 günlük yumurta verimi için, Shebl vd (1996) ile Aboul-Hassan (2001) ise 70 günlük yumurta verimi için kalıtım derecelerini sırasıyla 0,23, 0,20, 0,15 ve 0,15 olarak tahmin etmişlerdir. *AHSS-2* bıldırcınlarında YV özelliği için tahmin edilen kalıtım derecesi Koçak vd (1991), Bahie El-Deen (2008), Schuler vd (1998), Shebl vd (1996) ve Aboul-Hassan (2001) tarafından bildirilen değerler ile uyumlu bulunmuştur. Buna karşılık Kumari vd (2009), 20 haftalık yaşa kadar olan yumurta verimi için kalıtım derecesini 0,68 olarak tahmin etmişler, yine benzer şekilde Hidalgo vd (2011) 4 farklı hatta 27 haftalık yumurta verimleri için kalıtım derecelerini 0,82-0,96 aralığında tahmin etmişlerdir. Dionello vd (2011), 42-70. ve 127-154. günler arası yumurta verimleri için kalıtım derecelerinin 0,07 ve 0,09 olduğunu bildirmişlerdir. Anlaşılabileceği üzere *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınlarının YV özelliği için bu çalışmada tahmin edilen kalıtım dereceleri, Kumari vd (2009) ile Hidalgo vd (2011) tarafından bildirilen değerlerden düşük, Dionello vd (2011) tarafından bildirilen değerlerden yüksek bulunmuştur.

Çizelge 4.17 ve 4.20'den görüleceği üzere *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınlarında DO özelliği için kalıtım dereceleri 0,19 ve 0,04 olarak düşük seviyede tahmin edilmiştir. Japon bıldırcınlarında DO özelliği için kalıtım derecesi pek çok araştırmacı tarafından düşük düzeyde tahmin edilmiştir; El-Fiky (1991) tarafından 0,07, Sharaf (1992) tarafından 0,11, El-Fiky vd (1994) tarafından 0,07 ve Abdel-Fattah vd (2006) tarafından 0,13 olarak bildirilmiştir. Bunun aksine, Tawefeuk (1995) ve Abdel-Mounsef (2005) bıldırcınlarda döllülüğe ait kalıtım derecelerinin orta seviyeli olduğunu ileri sürmüşler, söz konusu özellik için kalıtım derecelerini sırasıyla 0,27 ve 0,29 olarak tahmin etmişlerdir. Fakat kanatlı hayvanlarda üreme özelliklerine ait kalıtım derecelerinin düşük olduğu, tavuklarda (Gowe vd 1993) ve hindilerde (Nestor vd 2000) gerçekleştirilen çalışmalar ile ortaya konulmuştur.

Araştırmada CA ile BBH arasındaki genetik korelasyonlar *AHSS-1*'de -0,38, *AHSS-2*'de -0,32 olarak tahmin edilmiştir (Çizelge 4.17 ve 4.20). Literatürde bıldırcınlarda söz konusu iki özellik arasındaki genetik ilişkinin incelendiği herhangi bir araştırmaya rastlanılmamıştır. Hyankova vd (2001) 11-28. günler arasındaki bağıl büyüme hızını arttırmak üzere seleksiyon uygulanmış bıldırcınlarda ilk 4 haftalık canlı ağırlıkların gerilediğini bildirmişlerdir. Dördüncü hafta canlı ağırlığı için 30 kuşak iki yönlü seleksiyon uygulayan Aggrey (2003b), 4. hafta BBH ortalamasının düşük canlı ağırlık hattında daha yüksek olduğunu, buna karşılık yüksek canlı ağırlık hattında ise daha düşük bulunduğunu saptamıştır. Her iki araştırmanın sonuçları da, BBH ile haftalık canlı ağırlık değerleri arasında negatif yönlü genetik ilişki olduğunu işaret etmektedir.

Çizelge 4.17 ve 4.20'den de görüleceği üzere CA ile YV özellikleri arasındaki genetik korelasyon *AHSS-1*'de -0,06, *AHSS-2*'de -0,15 olarak tahmin edilmiştir. Bulgularımızla paralel olarak Arıtürk vd (1978) 6. hafta canlı ağırlığı ile 90 günlük yumurta verimi arasındaki genetik korelasyonu -0,14 olarak tahmin etmişlerdir. Bir başka çalışmada (Yolcu 2005) iki farklı bıldırcın hattına ait 5. hafta canlı ağırlığı ile 100 günlük yumurta verimleri arasındaki genetik korelasyonlar -0,02 ve -0,05 olarak tahmin edilmiştir. Dördüncü hafta canlı ağırlığı ile 12, 16 ve 20 haftalık yumurta verimleri arasındaki genetik ilişkileri inceleyen Kumari vd (2009), söz konusu parametreleri sırasıyla -0,12, -0,12 ve -0,16 olarak tahmin etmişlerdir. Buna karşılık bazı araştırmacılar

söz konusu genetik ilişkinin düşük düzeyde, ancak pozitif yönde olduğunu bildirmişlerdir. Örneğin, Mielenz vd (2006) 6 haftalık yaş canlı ağırlığı ile 200 günlük yumurta verimi arasındaki genetik ilişkinin 0,07 olduğunu; Abdel-Mounsef (2005) ise çıkış ağırlığı ile 70 günlük yumurta verimi arasında pozitif bir genetik ilişki (0,08) olduğunu ileri sürmüşlerdir. Oysa, kanatlı hayvanlarda canlı ağırlık ile yumurta verimi arasında negatif genetik ilişki olduğu, tavuklarda (Besbes vd 1992) ve hindilerde (Nestor vd 2000) gerçekleştirilen araştırmalarla ortaya konulmuştur.

DO ile CA arasındaki genetik korelasyonlar *AHSS-1*'de -0,18, *AHSS-2*'de -0,23 olarak tahmin edilmiştir (Çizelge 4.17 ve 4.20). Literatür bilgilerinde Japon bıldırcınlarında DO ile CA özellikleri arasındaki genetik korelasyonları varyans-kovaryans unsurlarından faydalananarak tahmin eden bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bununla birlikte Marks (1996) 97 kuşak 4. hafta canlı ağırlığını arttırmak amacıyla gerçekleştirilen seleksiyon sonucunda döllülük oranında önemli gerilemeler olduğunu, döllülük ile 4. hafta canlı ağırlığı arasında negatif yönlü genetik ilişki olduğunu ileri sürmüştür. Benzer yönde görüş bildiren Anthony vd (1996), 4. hafta canlı ağırlığı için 30 kuşak seleksiyon sonucunda döllülüğün oldukça düştüğünü saptamışlardır. Söz konusu her iki çalışmanın bulguları, araştırmamızda CA ve DO özellikleri arasında tahmin edilen genetik korelasyonları destekler niteliktedir. Bunun yanı sıra diğer kanatlı türlerinde yapılan çalışmalarda döllülüğün canlı ağırlıkla negatif genetik ilişkili olduğu ortaya konulmuştur (Barbato vd 1998, Decuypere vd 2003, Nestor vd 2000).

Çizelge 4.17 ve 4.20'den de görüleceği üzere BBH ile YV arasındaki genetik korelasyonlar *AHSS-1*'de -0,53, *AHSS-2*'de 0,01 olarak tahmin edilmiştir. Erken dönemde büyüme hızının artmasıyla canlı ağırlık azalmakta, dolayısıyla eşeysel olgunluk yaşı artmaktadır (Camcı vd 2002, Reddish vd 2003, Sezer 2007, Magda vd 2010). Bıldırcınlarda 11-28. günler arası BBH için kısa dönemli çift yönlü seleksiyon yapan Hyankova ve Novotna (2007), BBH özelliği azaltılan hatta eşeysel olgunluk yaşının artış gösterdiğini bildirmişlerdir. Çalışmada BBH ve YV arasında *AHSS-1*'de tahmin edilen negatif yüksek genetik korelasyonun eşeysel olgunluk yaşı yüksek olan bıldırcınların 20 haftalık yaşa kadar olan toplam yumurta veriminin daha düşük olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Bu araştırmada gerçekleştirilen çok özellikli seleksiyon sonucunda elde edilen *AHSS-2*'nin eşeysel olgunluk bakımından daha homojen olduğu böylece söz konusu sürüde BBH ile YV arasındaki negatif ilişkinin ortadan kalktığı düşünülmektedir.

Çizelge 4.17 ve 4.20'den de görüleceği üzere BBH ile DO arasındaki genetik korelasyonlar *AHSS-1*'de düşük (-0,09), *AHSS-2*'de yüksek (-0,89) düzeyde tahmin edilmiştir. Literatürde bıldırcınlarda BBH ile DO arasındaki genetik ilişkinin belirlendiği bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bunun yanında, Hyankova ve Novotna (2007) düşük BBH yönünde seleksiyon uygulanmış bıldırcınlarda farklı yaşlarda ölçülen testis ve yumurtalık ağırlıklarının BBH özelliği arttırılmış bıldırcınlara göre daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada yumurta verimi ile döllülük arasında *AHSS-1*'de 0,86, *AHSS-2*'de 0,59 düzeylerinde yüksek genetik korelasyonlar tahmin edilmiştir (Çizelge 4.17 ve 4.20). Japon bıldırcınlarında yumurta verimi ile döllülük arasındaki genetik ilişkinin incelendiği bir çalışma bulunamamıştır. Diğer kanatlı türlerinde yumurta verimi ile döllülük arasında pozitif yönlü yüksek genetik ilişki olduğu bilinmektedir (Beaumont 1992).

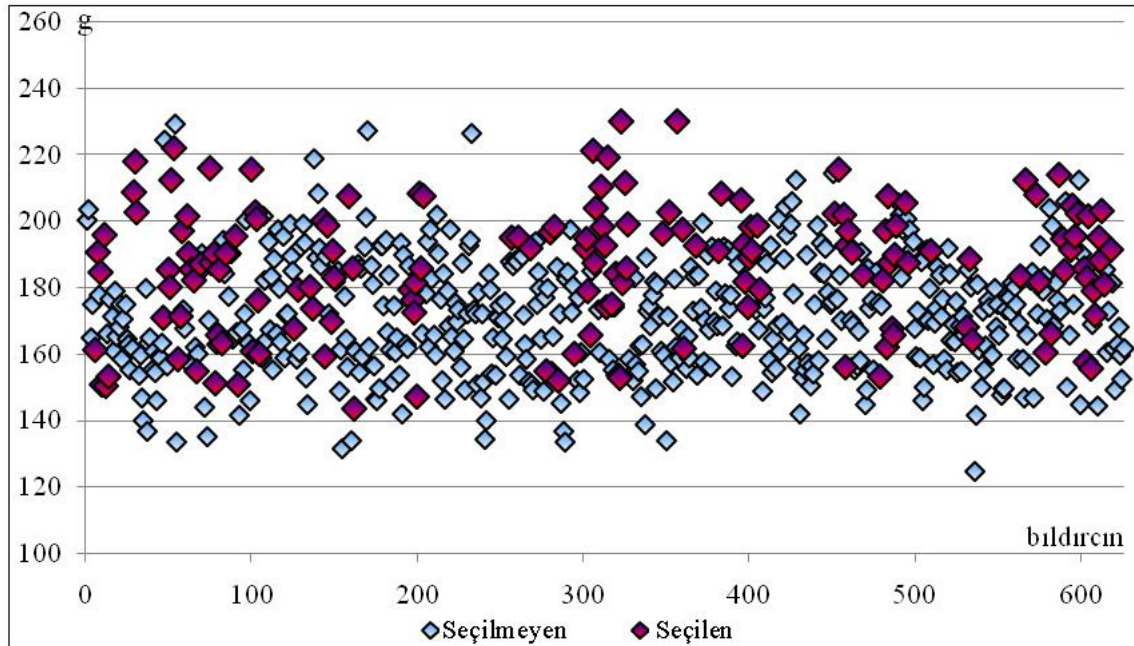
4.1.4. Seleksiyon

Ana hattı sürülerinde seleksiyon kriteri olan CA, BBH, YV ve DO özellikleri için çok özellikli karışık model eşitliklerinden damızlık değerler tahmin edilmiş, buna dayanarak seleksiyon yapılmıştır. Söz konusu özellikler için hesaplanan seleksiyon üstünlükleri, genetik ilerlemeler ve gerçekleşen kalıtım dereceleri Çizelge 4.21’de sunulmuştur.

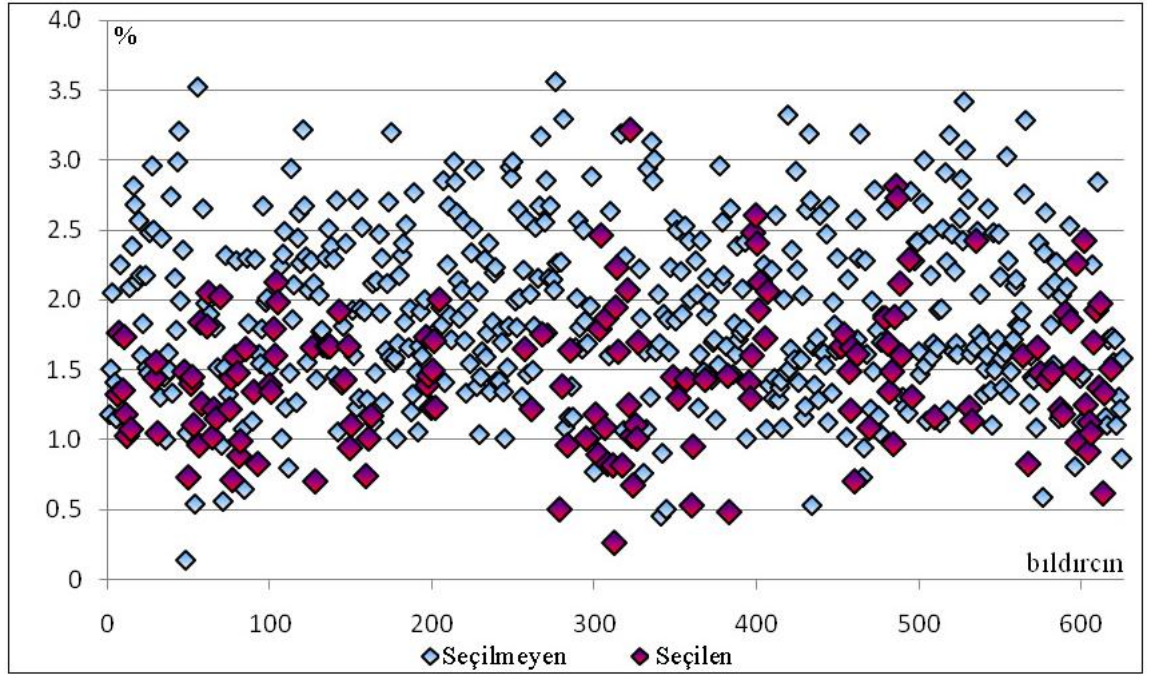
Çizelge 4.21. Ana hattında seçilen özellikler için seleksiyon üstünlükleri, genetik ilerlemeler ve gerçekleşen kalıtım dereceleri

	Seleksiyon üstünlüğü	Genetik ilerleme	Gerçekleşen Kalıtım Derecesi
CA ₃₅	7,6348	3,6400	0,4768
BBH ₃₅	0,0043	0,0024	0,5583
YV	5,5532	2,5400	0,4574
DO	7,6261	1,3400	0,1757

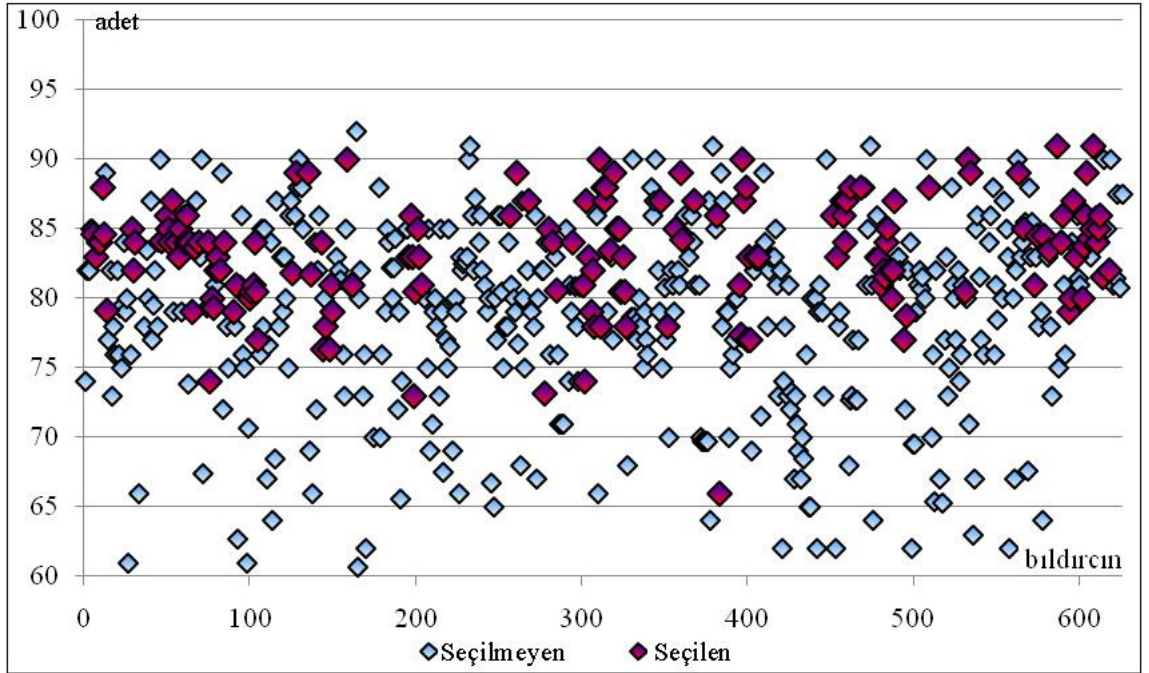
Bilindiği üzere, seleksiyon üstünlüğü seleksiyonun tek ya da çok özellik için yapılmasına, seleksiyon yoğunluğuna, üzerinde durulan özelliğin kalıtım derecesi ile eğer özellik birden fazlaysa aralarındaki eklemeli genetik kovaryansa bağlı olarak farklılık göstermektedir (Soysal 2002). Bu sebeple farklı seleksiyon çalışmalarında aynı özellik için hesaplanan seleksiyon üstünlüklerini karşılaştırmak, aynı şartlar oluşturulmadığı takdirde mümkün değildir. AHSS-1 sürüsünde sırasıyla CA, BBH, YV ve DO özellikleri bakımından seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı Şekil 4.13, Şekil 4.14, Şekil 4.15 ve Şekil 4.16’da sunulmuştur.



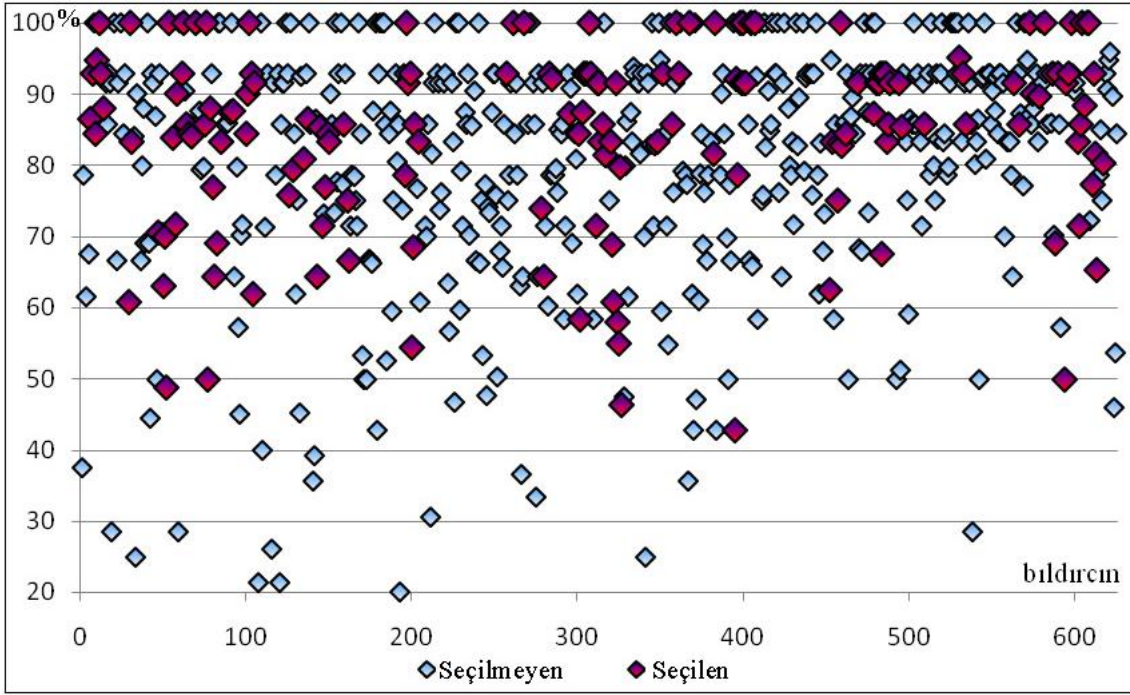
Şekil 4.13. AHSS-1’de CA özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı



Şekil 4.14. AHSS-I’de BBH özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı



Şekil 4.15. AHSS-I’de YV özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı



Şekil 4.16. *AHSS-I'*de DO özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı

Tek özellikli seleksiyon yöntemleri (fenotipik kitle seleksiyonu, seleksiyon indeksi ya da BLUP) ile gerçekleşen genetik ilerlemenin çok özellikli yöntemler ile sağlanan ilerlemeden daha yüksek olduğu bilinmektedir (Becker 1992). Araştırmada CA özelliği için bir kuşaklık çok özellikli seleksiyon ile sağlanan genetik ilerleme 3,64 g (% 2,08) olarak bulunmuştur. Beşinci hafta canlı ağırlığı için 5 kuşak fenotipik kitle seleksiyonu yapan Yolcu (2005), ilk kuşakta 7,6 g (% 3,89) genetik ilerleme gerçekleştirdiğini, 5 kuşak sonunda ortalama genetik ilerlemenin 4,75 g/kuşak (% 2,43) olduğunu bildirmiştir. Bildircinlilerde 4. hafta canlı ağırlığı için uzun dönemli fenotipik kitle seleksiyonu yapan Marks (1968), ilk 6 kuşakta ortalama genetik ilerlemenin % 5,38, 15 kuşak sonundaki genetik ilerlemenin ise % 4,25 olduğunu bildirmiştir, yazar (Marks 1996), 97 kuşak sonunda ise genetik ilerlemenin çok düşük düzeylere vurgulamıştır. Aynı yönde bulgulara ulaşan Oğuz ve Türkmüt (1999), 4. hafta canlı ağırlığı için yapılan seleksiyonda genetik ilerlemelerin 1. ve 2. kuşaklarda sırasıyla 14,29 ve 3,99 g olduğunu; Baylan ve Uluocak (1999) 5. hafta canlı ağırlığı için yapılan seleksiyonda genetik ilerlemelerin 1. ve 2. kuşaklarda 8,78 g ve 5,80 g olduğunu bildirmişlerdir.

Seleksiyon denemelerinde ilk kuşaklarda sağlanan genetik ilerlemenin sonraki kuşaklardan daha yüksek olduğu çeşitli araştırmacılar (Caron vd 1990, Marks 1996, Nestor vd 2000) tarafından bildirilmiştir. Seleksiyon sonucunda eklemeli genetik varyanstaki azalmanın bu sonuca neden olduğu bilinmektedir (Becker 1992, Soysal 2002). Oysa çok özellikli seleksiyonun eklemeli genetik varyansta yol açtığı azalma daha düşüktür ve bu durum ıslah çalışmalarının sürdürülebilirliği açısından önem taşımaktadır (Belonsky ve Kennedy 1988, Falconer 1989). Bu çalışmada gerçekleştirilen çok özellikli seleksiyon sonucunda CA, BBH, YV ve DO özelliklerinin

eklemeli genetik varyanslarında sırasıyla % 6, % 1, % 6 ve % 8 azalma olduğu belirlenmiştir (çizelge olarak sunulmamıştır, Çizelge 4.15 ve 4.18'den yararlanılarak hesaplanmıştır). Eklemeli genetik varyanslardaki söz konusu azalmalar kalıtım derecelerinin de azalmasına neden olmuş ve dolayısıyla CA, BBH, YV ve DO özellikleri için *AHSS-2* sürüsünde tahmin edilen kalıtım dereceleri (sırasıyla 0,29, 0,19, 0,20 ve 0,04) *AHSS-1* sürüsünde tahmin edilen kalıtım derecelerinden (sırasıyla 0,42, 0,22, 0,31 ve 0,19) daha düşüktür. Benzer şekilde Yolcu (2005) başlangıç sürüsünde 0,73 olan 5. hafta canlı ağırlığının kalıtım derecesinin, 2. kuşakta 0,22'ye gerilediğini ve 5. kuşak sonunda 0,39 olduğunu bildirmiştir. Uzun dönemli seleksiyon çalışması yapan Marks (1996); 4. hafta canlı ağırlığının kalıtım derecelerini 1-20., 21-40., 41-60., 61-80. kuşaklarda sırayla 0,29, 0,17, 0,12 0,07 saptamışlardır. Yine bulgularımıza paralel şekilde Marks (1996), 97 kuşaklık seleksiyon sonucunda genetik varyasyonun devam ettiğini ancak gerçekleşen kalıtım derecelerinin düştüğünü ve bunun eklemeli genetik varyanstaki azalmadan kaynaklandığını bildirmiştir.

Çizelge 4.21'den görüleceği üzere seleksiyonla gerçekleşen kalıtım dereceleri CA₃₅, BBH₃₅, YV ve DO özellikleri için sırasıyla 0,48, 0,56, 0,46 ve 0,18 olarak hesaplanmıştır. Bildiricilerde gerçekleştirilen birçok ıslah çalışmasında (Caron vd 1990, Marks 1996, Yolcu 2005) kalıtım dereceleri seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemeden faydalanılarak hesaplanmıştır. Gerçekleşen kalıtım derecesi, döl-ebeveyn regresyonu ya da kardeşler arasında sınıflar içi korelasyon yöntemleriyle gerçekleştirilmiştir. Seleksiyonla gerçekleşen kalıtım derecesi seleksiyonun tekrarlandığı denemelerden hesaplanmaktadır. Dolayısıyla bu hesaplamada kuşaklar üzerinden birikimli ilerleme ve seleksiyon üstünlüğü kullanılmaktadır. Gerçek kalıtım derecesi ise seleksiyonun her kuşağında, dengeye ulaşmaya kadar azalmaktadır. Aynı durum seleksiyonda sağlanan ilerleme için de geçerlidir. Oysa birikimli hesaplamalarda seleksiyonla sağlanan ilerleme doğrusal olmamaktadır. Seleksiyonda i. kuşaktan i+1. kuşağa gerçekleşen kalıtım derecesi, i. kuşakta sapmasız olarak elde edilmektedir. Dolayısıyla sadece ilk seleksiyon döngüsünde gerçekleşen kalıtım derecesi sapmasız olarak elde edilmekte, oysa diğer kuşaklarda hesaplanan tüm kalıtım dereceleri sapmalı olmaktadır. Bu yüzden modern kanatlı ıslahında seleksiyonla gerçekleşen kalıtım derecelerinin kullanılması tavsiye edilmemektedir (Soysal 1992).

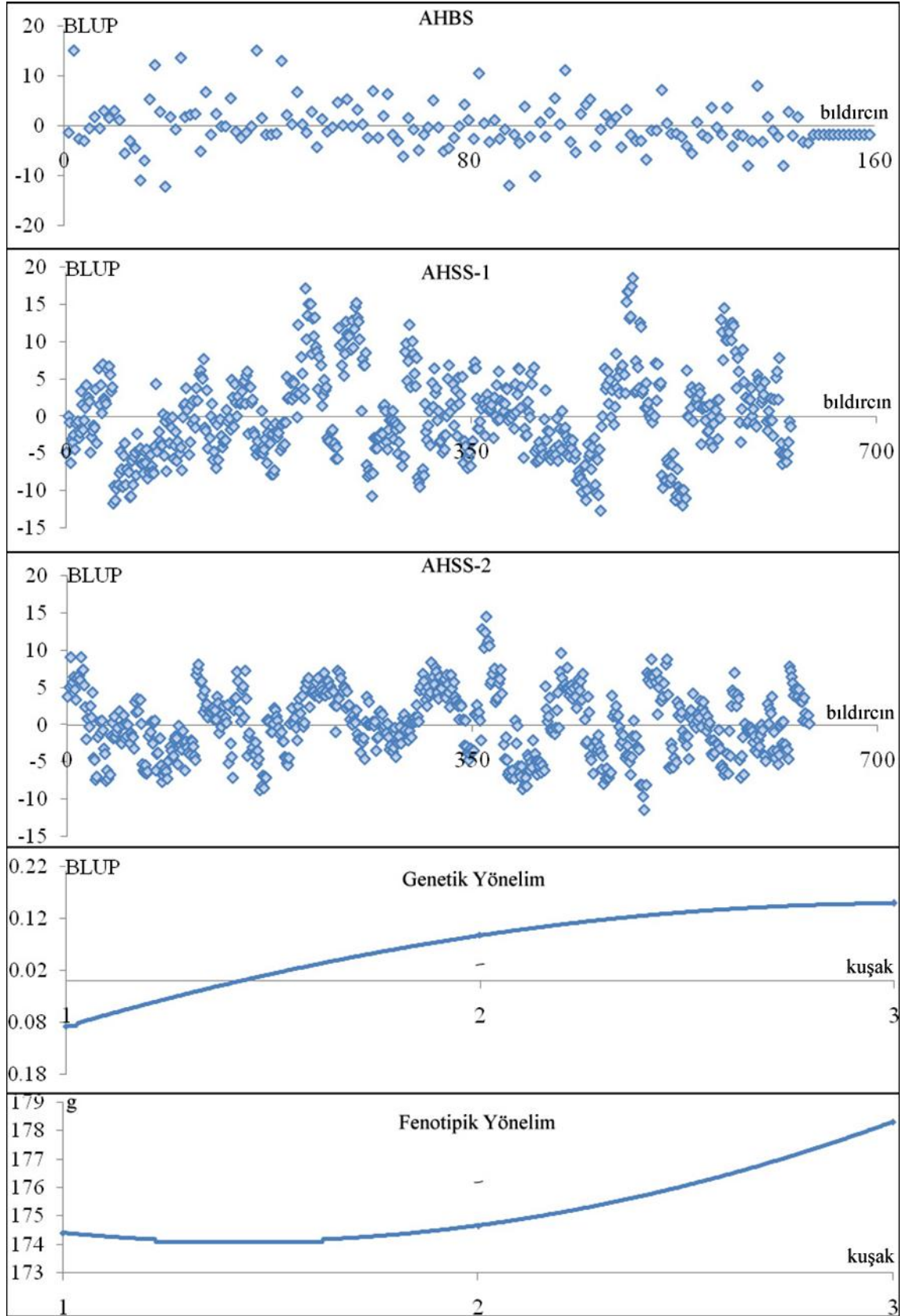
Marks (1996) 4. hafta canlı ağırlığı için uzun dönemli seleksiyon uygulamasının, ileri yaşlara ait canlı ağırlık değerleriyle, ilk yumurta yaşıyla ve yumurta ağırlığıyla pozitif genetik ilişkili; döllülük, kuluçka randımanı ve yumurta verimi ile negatif genetik ilişkili olduğu bildirmiştir. Benzer sonuçlar canlı ağırlık için fenotipik kitle seleksiyonu uygulanan diğer uzun dönemli seleksiyon çalışmalarında da elde edilmiştir (Caron vd 1990, Toelle vd 1991, Anthony vd 1996). Bu çalışmada uygulanan çok özellikli seleksiyon ile CA, BBH, YV özelliklerinde istatistiksel olarak anlamlı genetik ilerlemeler sağlanmıştır ($P < 0,01$, Çizelge 21). Çalışmamızda CA ile BBH, YV ve DO özellikleri arasında; BBH₃₅ ile YV ve DO özellikleri arasında negatif genetik korelasyonlar olduğu ve seleksiyon sonrasında CA₃₅-YV, CA₃₅-DO, BBH₃₅-DO özellikleri arasındaki genetik korelasyonlarda artış olduğu belirlenmiştir. Söz konusu özellikler arasındaki negatif genetik korelasyonlar göz önünde bulundurulduğunda, ilerleyen kuşaklarda her özellik açısından eşit ağırlıkla gerçekleştirilecek seleksiyon ile belirli bir seviyeden sonra ilerleme sağlamanın mümkün olmayacağı düşünülmektedir. Eklemeli genetik varyanstaki azalma ve özellikler arasındaki negatif yönlü eklemeli

genetik kovaryanstaki artışın etkisiyle belirli bir genetik platoya ulaşıldıktan sonra aynı seleksiyon yöntemiyle seçilen bireyler için hesaplanan seleksiyon üstünlüğünün sıfıra yakın olacağı ve genetik ilerlemenin mümkün olmayacağı öngörülmektedir (Falconer 1989, Becker 1992).

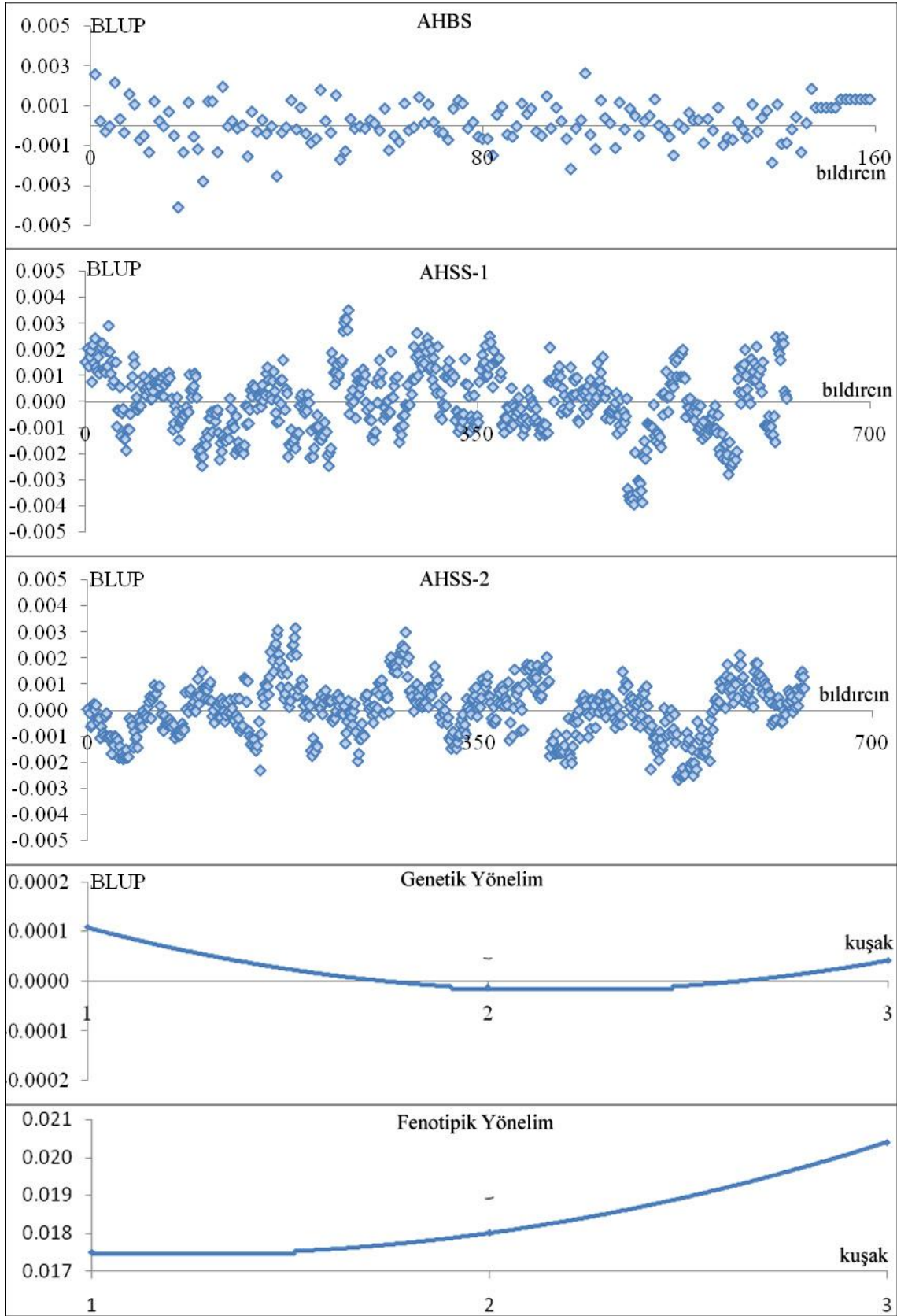
4.1.5. Genetik yönelim

Islah programlarının uygulandığı populasyonlarda hayvanların damızlık değerlerinin giderek yükselmesi beklenir. Belirli bir dönem içerisinde değerlendirilen farklı kuşaklardan bireylerin damızlık değerlerine ait ortalamalar “genetik yönelim” olarak ifade edilmektedir. Genetik yönelimin tahmin edilmesi, yürütülen ıslah programının izlenmesi ve değerlendirilebilmesi açısından gerekli bir işlemdir (Kumlu 2003).

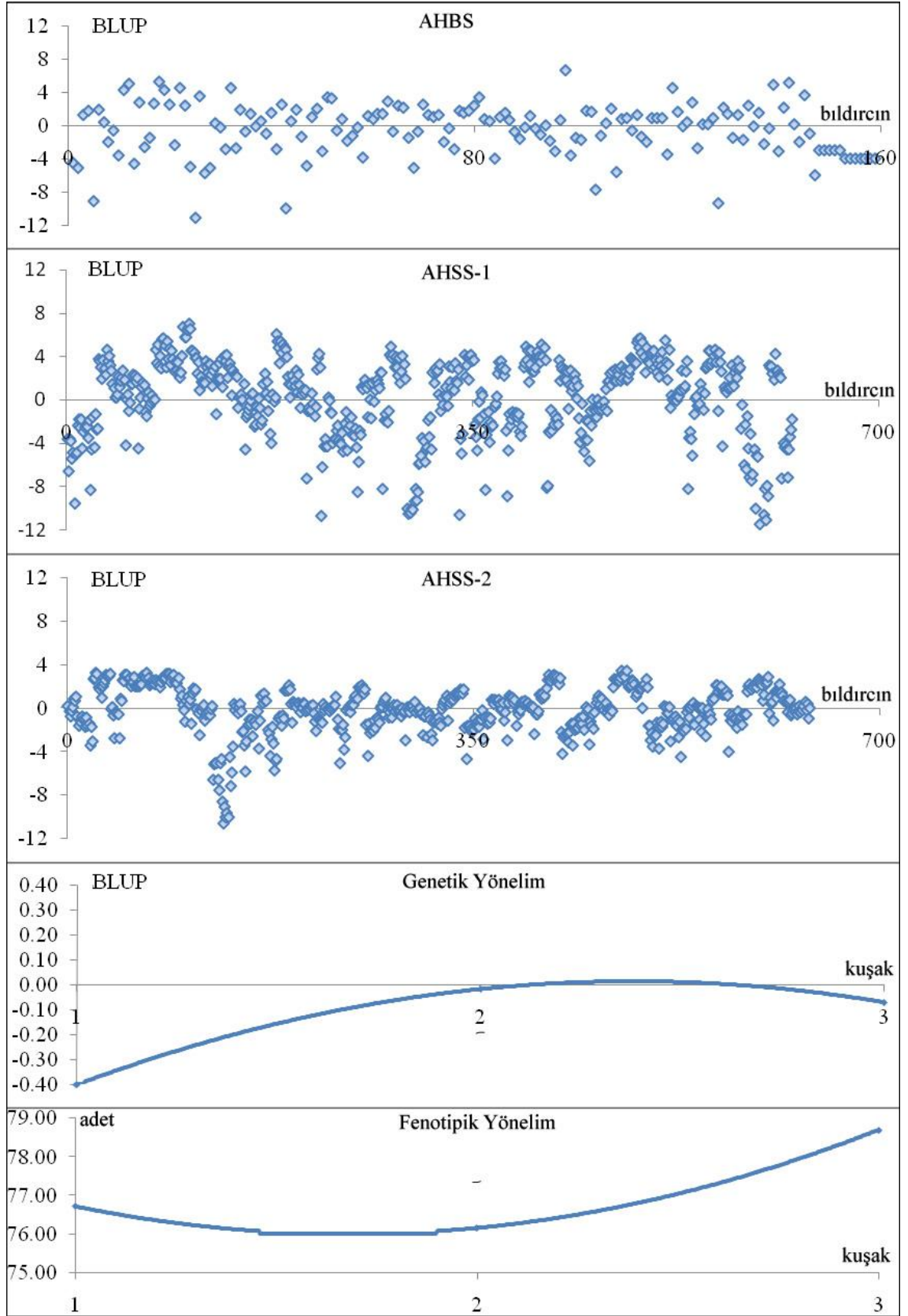
CA özelliği için *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* sürülerinde tahmin edilen BLUP değerlerinin ortalamaları sırasıyla -0,087, 0,053 ve 0,120 olarak bulunmuştur. *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* sürülerinde BLUP ortalamaları BBH özelliği için 0,000109, -0,000013 ve 0,000043; YV özelliği için -0,399617, -0,015532 ve -0,068872; DO özelliği için -0,360538, -0,005145 ve -0,110020 olarak bulunmuştur. Ana hattı sürülerindeki bireylerin söz konusu özellikler için tahmin edilen BLUP değerleri ile genetik ve fenotipik yönelimlere ilişkin grafikler sırasıyla Şekil 4.17-4.20’de gösterilmiştir.



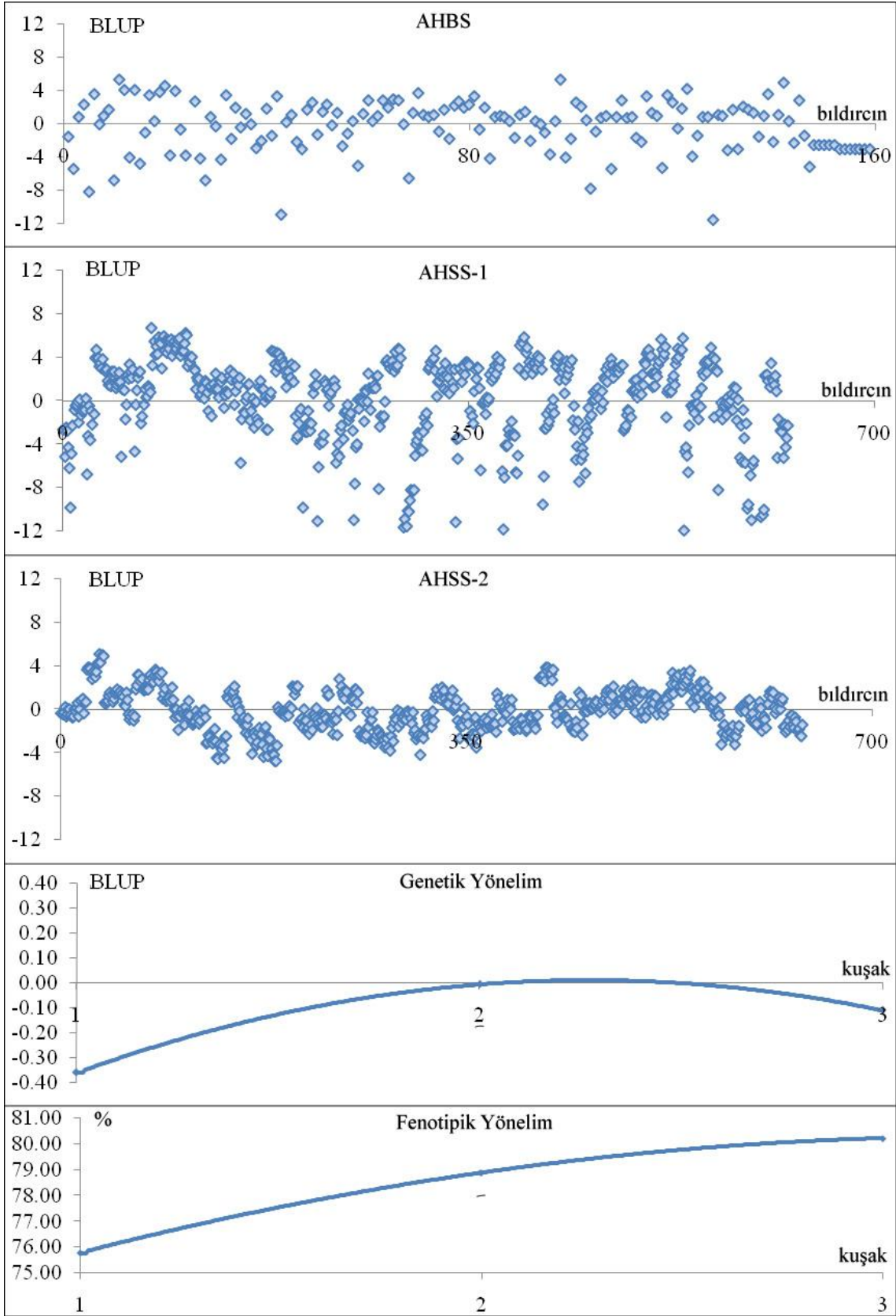
Şekil 4.17. Ana hattında CA için BLUP değerleri ile fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri



Şekil 4.18. Ana hattında BBH₃₅ için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri



Şekil 4.19. Ana hattında YV için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri



Şekil 4.20. Ana hattında DO için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik fenotipik ve genetik yönelimlerin grafiksel gösterimleri

4.2. Baba Hattı

Baba hattı sürülerinde (*BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2*) haftalık canlı ağırlıklar, Gompertz büyüme eğrisi parametreleri, bükülme noktası yaşı ve ağırlığı, haftalık mutlak ve bağıl büyüme hızı değerleri, 3-5. haftalar arası kümülatif yem dönüşüm oranı ve karkas randımanı özellikleri üzerinde durulmuştur. Söz konusu özellikler için tanımlayıcı istatistikler sunulmuş ve ilgili sürülerde adı geçen özellikler için farklılıkları sınamak amacıyla hipotez testleri gerçekleştirilmiştir. Baba hattında seleksiyon kriterleri olan CA, BNY, YDO ve KV özellikleri için çok özellikli genetik parametre tahminleri sunulmuş ve mevcut literatür bilgileriyle karşılaştırılmıştır. Çok özellikli karışık doğrusal model eşitliklerinden yararlanılarak gerçekleştirilen seleksiyon sonrasında meydana gelen genetik değişimler ve genetik yönelimler tartışılmıştır.

4.2.1. Tanımlayıcı istatistikler

BHBS, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bıldırcınlarında çıkıştan 8. haftaya kadar haftalık canlı ağırlıklar, 3-5. haftalar arası yem dönüşüm oranı ve sıcak karkas randımanlarına ilişkin tanımlayıcı istatistikler sırasıyla Çizelge 4.22-4.24'te sunulmuştur. Söz konusu özellikler bakımından kuşaklar arasındaki farklılıkları ortaya koymak amacıyla gerçekleştirilen profil analizi, varyans analizi ve çoklu karşılaştırma testlerinin sonuçları da Çizelge 4.25'te gösterilmiştir.

Çıkış ağırlığı bakımından *BHSS-2*'de belirlenen ortalama (9,01 g, Çizelge 4.24), *BHBS* ve *BHSS-1* bıldırcınlarına ait ortalamalardan (7,99 g ve 8,15 g; Çizelge 4.22 ve 4.23) daha yüksek bulunmuştur ($P<0,01$, Çizelge 4.25). Çalışmada ana hattı sürülerinde de benzer sonuçla karşılaşılmış, ayrıca birçok araştırmacı (Wilhelmson 1975, Baik ve Marks 1993, Reddish vd 2003, Aggrey vd 2003, Narinç vd 2009, Baylan vd 2009, Devi vd 2010) tarafından da seleksiyon ile canlı ağırlığı arttırılan ya da azaltılan bıldırcınların yumurta ağırlıklarının ve buna bağlı olarak civciv çıkış ağırlıklarının değiştiği bildirilmiştir.

Çizelge 4.22. BHBS bıldırcınlarında bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
CA ₀ , g	157	7,99	10,19	0,81	0,06	5,26	11,12
CA ₇ , g	157	25,64	16,12	4,13	0,33	9,70	34,50
CA ₁₄ , g	157	58,05	14,83	8,61	0,68	25,80	83,40
CA ₂₁ , g	157	104,99	11,67	12,25	0,97	50,00	138,00
CA ₂₈ , g	157	141,07	10,05	14,18	1,12	62,00	181,00
CA ₃₅ , g	157	174,25	12,06	20,78	1,65	84,10	227,30
CA ₄₂ , g	157	193,56	13,41	25,95	2,06	94,40	275,00
CA ₄₉ , g	157	201,40	13,26	26,71	2,12	96,40	278,20
CA ₅₆ , g	157	207,92	12,45	25,88	2,05	117,60	273,20
YDO	157	4,63	18,74	1,09	0,04	1,90	8,53
KV, %				saptanmamıştır			

Çizelge 4.23. *BHSS-1* bildiricilerinde bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
CA ₀ , g	625	8,15	9,81	0,83	0,03	6,18	10,98
CA ₇ , g	625	26,72	15,30	5,01	0,20	14,00	46,80
CA ₁₄ , g	625	60,72	15,67	10,14	0,41	32,70	89,20
CA ₂₁ , g	625	103,88	12,45	12,19	0,49	55,00	131,80
CA ₂₈ , g	625	140,35	10,05	14,10	0,56	64,50	183,70
CA ₃₅ , g	625	177,79	11,23	19,97	0,80	89,00	236,80
CA ₄₂ , g	625	198,96	11,01	21,91	0,88	104,70	255,60
CA ₄₉ , g	625	203,42	10,72	21,80	0,87	135,00	265,30
CA ₅₆ , g	625	209,78	10,61	22,25	0,89	154,30	270,00
YDO	625	4,24	24,93	1,05	0,04	1,91	10,72
KV, %	625	69,77	4,20	2,93	0,12	55,36	85,61

Çizelge 4.24. *BHSS-2* bildiricilerinde bazı özelliklere ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
CA ₀ , g	602	9,01	9,12	0,82	0,03	6,70	12,05
CA ₇ , g	602	30,02	12,13	3,64	0,15	16,22	40,60
CA ₁₄ , g	602	64,52	11,28	7,17	0,29	38,60	84,20
CA ₂₁ , g	602	107,20	11,39	11,85	0,48	58,36	133,26
CA ₂₈ , g	602	144,13	10,60	15,07	0,61	59,20	181,63
CA ₃₅ , g	602	182,82	9,60	17,55	0,72	132,61	233,25
CA ₄₂ , g	602	213,81	12,68	27,12	1,11	136,54	267,20
CA ₄₉ , g	602	224,94	11,62	26,14	1,07	150,12	291,73
CA ₅₆ , g	602	229,32	11,15	25,56	1,04	173,10	304,30
YDO	602	4,08	19,45	0,81	0,03	2,24	8,33
KV, %	602	70,78	3,75	1,53	0,02	62,03	77,57

Çizelge 4.25'te yer alan profil analizi sonuçları dikkate alındığında, çıkıştan itibaren 8 haftalık yaşa kadar olan tüm haftalarda *BHSS-2* sürüsüne ait canlı ağırlıklar *BHBS* ve *BHSS-1* ortalamalarından daha yüksek ortalamalar tespit edilmiştir ($P < 0,01$). Çeşitli araştırmacılar (Marks ve Lepore 1968, Türedi 1986, Dinç 1988, Tozluca 1993, Marks 1996, Akşit 1996, Yolcu vd 2006) tarafından 4-6. hafta ağırlığını arttırmak için gerçekleştirilen seleksiyon çalışmaları sonucunda, diğer haftalara ait canlı ağırlık ortalamalarının da arttığı bildirilmiştir. Akbaş vd (2004), Sezer vd (2006) ve Nariç vd (2010a) haftalık canlı ağırlıklar arasında pozitif yönlü yüksek genetik korelasyonlar tahmin etmişlerdir. Araştırmacılar söz konusu yüksek genetik korelasyonlar nedeniyle seleksiyona konu olan belirli bir yaşa ait canlı ağırlığın arttırılmasının diğer yaşlara ait canlı ağırlık değerlerinde de artışa neden olduğunu bildirmişlerdir.

Çizelge 4.22-4.24'ten görüleceği üzere 4. hafta canlı ağırlık ortalamaları *AHBS*'de 141,07 g, *AHBS-1*'de 140,35 g, *AHBS-2*'de 144,13 g olarak bulunmuştur. Bu

sonuçlar ana hattında saptanan sonuçlarla (138,49-142,11 g) ve bazı araştırmacılar (Sezer vd 2006, Shokoohmand vd 2007, Sezer 2007, Narinç vd 2009, Sarı vd 2010) tarafından bildirilen değerlerle (134,50-143,41 g) uyumludur. Bildiricilerde 4. hafta canlı ağırlığı ortalamalarını bazı araştırmacılar (Sefton ve Siegel 1974, Chahil vd 1975, Darden ve Marks 1988, Kırmızıbayrak 1996, Aboul-Hassan 2000, Aggrey vd 2003, Saatci vd 2003, Adeogun ve Adeoye 2004, Aggrey 2009, Singh 2009) bulgularımızdan 84,87-123,00 g aralığında, bulgularımızdan bir hayli düşük, bazı araştırmacılar (Baylan vd 2009, Kumari vd 2009, Devi vd 2010, Khaldari vd 2010) ise 168,6-248,35 g gibi yüksek değerlerde bulmuşlardır.

Çizelge 4.22-4.24'ten görüleceği üzere 5. hafta canlı ağırlık ortalamaları *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bildiricilerinde sırasıyla 174,25, 177,79 ve 182,82 g olarak bulunmuştur. Söz konusu değerler ana hattı sürülerinde saptanan 5. hafta canlı ağırlıklarıyla ve pek çok araştırmacının (Toelle vd 1991, Sarıca vd 2005, Yolcu 2005, Narinç vd 2010a, Sarı vd 2010) bildirişleriyle (170,00-186,77 g) uyumlu bulunmuştur. Buna karşılık çok sayıda araştırmacı (Kırmızıbayrak 1996, Akşit vd 2002, Aggrey vd 2003, Adeogun ve Adeoye 2004, Saatci vd 2005, Winter 2005, Aggrey 2009, Singh 2009, Narinç vd 2009) bulgularımızın bir hayli altında (91,63-167,53) bildirişte bulunmuşlardır. Baylan vd (2009) ile Hyankova vd (2008) ise bildiricilerin 5. hafta canlı ağırlık ortalamalarını oldukça yüksek (188,2-302,2 g) saptamışlardır. Çizelge 4.25'ten görüleceği üzere *BHSS-2* bildiricilerinin 5. hafta canlı ağırlığı diğer sürülere ait ortalamalardan daha yüksek bulunmuş ($P<0,01$), çok özellikli seleksiyon sonucunda 5. hafta canlı ağırlığında % 2,75'lik artış sağlanmıştır. Üç farklı hat ile çalışan Baylan vd (2007), tek özellikli seleksiyon ile ilk kuşakta 5. hafta canlı ağırlığında % 3,32-9,12 oranında artış olduğunu bildirmişlerdir. Söz konusu çalışmadaki fenotipik değişimin yüksek olmasının, sadece tek özellik (5. hafta canlı ağırlığı) için seleksiyon yapılmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Benzer şekilde Yolcu (2005) de 5. hafta canlı ağırlığını arttırmak için yapılan fenotipik kitle seleksiyonun ilk kuşakta % 4,55'lik artışla sonuçlandığını bildirmiştir.

Çizelge 4.25. Baba hattı sürülerine ait bazı özelliklerin hipotez testleri sonuçları

	CA ₀	CA ₇	CA ₁₄	CA ₂₁	CA ₂₈	CA ₃₅	CA ₄₂	CA ₄₉	CA ₅₆	YDO	KV
Yöntem	Profil analizi									Varyans analizi	
P	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01
<i>AHBS</i>	b	b	b	b	b	b	b	b	b	c	-
<i>AHSS-1</i>	b	b	b	b	b	b	b	b	b	b	b
<i>AHSS-2</i>	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a

BHBS, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bildiricilerinde 6. hafta canlı ağırlık ortalamaları sırasıyla 193,56, 195,96 ve 213,81 g olarak bulunmuştur (Çizelge 4.22-4.24). Bildiricilerde 6 haftalık canlı ağırlık ortalamalarını Kırmızıbayrak ve Altinel (2001) 191,3 g, Adeogun ve Adeoye (2004) 197 g, Sezer (2007) 192,3 g, Hyankova vd (2008) 197,6 g, Narinç vd (2010a) 200,5 g olarak bildirmişlerdir; bu sonuçlar bulgularımızla uyumludur. Buna karşılık bazı araştırmacılar 6. hafta canlı ağırlık ortalamalarını daha düşük bildirmişlerdir; Yalçın vd (1995) 176,0 g, Kul vd (2006) 184,4 g, Ghosh vd

(2008) 185,8 g, Seker vd (2009) 183,9 g, Magda vd (2010) 172,2 g, Shokoohmand vd (2007) 176,0 g, Kalpak ve Sogut (2009) 174,6 g, Alkan vd (2010) 183,6 g, olarak saptamışlardır. Bununla birlikte literatürde Japon bıldırcınlarında 6. hafta canlı ağırlığı için oldukça düşük değerlerin saptandığı araştırmalar da mevcuttur. Lepore ve Marks (1971), Sefton ve Siegel (1974), Kadry vd (1986), Aggrey vd (2003) ve Shit vd (2010) 6. hafta canlı ağırlığı için 100,3-126,8 g arasında ortalamalar bildirmişlerdir.

Japon bıldırcınlarında haftalık canlı ağırlıklar arasında yüksek genetik ilişkiler bulunmaktadır ve herhangi bir haftaya ait canlı ağırlığı arttırmak için gerçekleştirilen seleksiyonun diğer yaşlara ait ağırlıklarda da artışa neden olduğu daha önce de belirtilmiştir. Dolayısıyla bu çalışmada baba hattı sürülerinin seleksiyon kriterlerinden biri olan 5. hafta canlı ağırlığındaki artışa paralel olarak diğer haftalara ait ağırlıkların artması beklenen bir durumdur. İlgili kısımda anlatıldığı üzere, benzer durum ana hattı sürülerinde de saptanmıştır. Beşinci hafta canlı ağırlığını arttırmak için 5 kuşak seleksiyon uygulayan Yolcu (2005), 0-5. haftaya ait canlı ağırlık artışlarının % 3,14, 4,39, 6,31, 5,61, 4,85, 12,53 olarak gerçekleştiğini bildirmişlerdir. Başka bir kısa dönemli seleksiyon çalışmasında Aboul-Seoud (2008) tarafından 4. hafta canlı ağırlığını arttırmak için yapılan 3 kuşaklık fenotipik kitle seleksiyonu sonucunda çıkış, 2. ve 6. hafta canlı ağırlıklarında sırasıyla % 10,05, 16,74 ve 11,88'lik artışlar saptanmıştır. Diğer taraftan 4. hafta canlı ağırlığını arttırmak için uzun süreli (30 kuşak) seleksiyon yapılan bıldırcınların çıkış ağırlığında % 26,66, 1-8 haftalık ağırlıklarda ise sırasıyla % 77,83, 100,01, 110,73, 103,79, 102,58, 95,50, 92,46 ve 92,36 oranında artışlar gerçekleşmiştir (Aggrey vd 2003). Bu bildirişlere dayanarak Japon bıldırcınlarında 4, 5 ya da 6. hafta ağırlıklarını arttırmak için uygulanan uzun dönemli seleksiyon çalışmalarında diğer yaşlara ait canlı ağırlıklarda artışların kısa dönemli çalışmalarda saptananlara göre daha yüksek olduğu söylenebilir.

Baba hattı sürülerinde seleksiyon kriterlerinden biri olan 3-5. haftalar arası yem dönüşüm oranı (YDO) ortalamaları *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* sürüleri sırasıyla 4,63, 4,24 ve 4,08 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.22-4.24). Japon bıldırcınlarında yemden yararlanmayı konu alan araştırmalarda 3-5. haftalar arasındaki yem dönüşüm oranı Akşit vd (2002) tarafından 3,64, Chumpawadee vd (2009) tarafından 3,47 ve Bonos vd (2010) tarafından 2,95 olarak hesaplamışlardır. Söz konusu sonuçlar bulgularımızdan daha düşüktür. Buna karşılık söz konusu dönemdeki yem dönüşüm oranını Yalçın vd (1998) 3,86, Kul vd (2006) 4,52-4,78, Baylan vd (2009) 3,89-4,36 ve Seker vd (2009) 4,15-5,07 bulmuşlardır, söz konusu ortalamalar bulgularımıza yakındır.

Çalışmada en yüksek yem dönüşüm oranı *BHBS* bıldırcınlarında, en düşük yem dönüşüm oranı da *BHSS-2* bıldırcınlarında saptanmıştır ($P<0,01$, Çizelge 4.25). Aynı çizelgeden görüleceği üzere *BHBS* ve *BHSS-1* bıldırcınları arasında da yem dönüşümü bakımından anlamlı bir farklılık ($P<0,01$) söz konusudur. Bu durumun bireysel yem tüketimi ölçümlerinin yapıldığı damızlık kafeslerinin farklı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. *BHBS* bıldırcınlarının bireysel yemliklerinin kapaksız olması nedeniyle oluşan yem saçımının yem tüketiminde etkili olduğu tahmin edilmektedir. Çok özellikli seleksiyon ile *BHSS-2* bıldırcınlarında yem dönüşüm oranında % 3,92 iyileşme gerçekleşmiştir ($P<0,01$). Literatürde bıldırcınlarda yem dönüşüm oranının ıslahına yönelik bir çalışmaya rastlanılmıştır. Varkoohi vd (2010) tarafından 4 haftalık kümülatif yemden yararlanma için yapılan seleksiyon ile başlangıç sürüsünde 2,68 olan

yem dönüşüm oranı 4 kuşak sonunda 2,13 olmuştur. Araştırmacılar özellikle ilk haftalarda bireysel yem tüketimlerini saptamanın zorluğundan dolayı yem dönüşüm oranlarını aile düzeyinde hesaplamışlardır. Söz konusu araştırmada yem dönüşüm oranındaki iyileşmenin canlı ağırlıkta da dolaylı olarak artışa neden olduğu belirtilmiş, 4. hafta canlı ağırlığında % 16,4 artış gerçekleştiğini bildirmişlerdir. Benzer bulgular bağıl büyüme hızı için seleksiyon yapan Knizetova vd (1996), Hyankova vd (2001) tarafından da bildirilmiştir ve bu durum araştırma sonuçlarımızla uyumludur.

Araştırmada *BHBS* bıldırcınlarından kesim sürüsü elde edilmemiş, bu nedenle söz konusu sürüde karkas randımanı hesaplanmamıştır (Çizelge 4.22). Çizelge 4.23 ve 4.24'ten görüleceği üzere *BHSS-1* ve *BHSS-2* bıldırcınları için karkas randımanı ortalamaları sırasıyla % 69,77 ve 70,78 olarak bulunmuştur, sürüler arasındaki farklılık istatistiksel olarak anlamlıdır ($P < 0,01$, Çizelge 4.25). Bu araştırmada saptanan karkas randımanları Kırkpınar ve Oğuz (1995), Kırmızıbayrak ve Altinel (2001), Akşit vd (2002), Mori vd (2005), Kul vd (2006) tarafından bildirilen değerlerle (sırasıyla % 69,78, 69,69, 70,58, 71,10, 69,66) uyumludur. Literatürde Japon bıldırcınlarında karkas randımanını seleksiyon kriteri olarak kullanan herhangi bir çalışmaya rastlanılmamıştır. Bunun yanında farklı özellikler için uygulanan seleksiyonun karkas randımanı üzerindeki etkileri araştırılmıştır (Türkmüt vd 1999, Alkan vd 2010, Yolcu vd 2006, Hyankova vd 2008, Khaldari vd 2010, Khaldari vd 2011). Türkmüt vd (1999) ve Alkan vd (2010) sırasıyla 4. ve 5. hafta canlı ağırlıklarını arttırmak için uyguladıkları seleksiyonun karkas randımanını etkilemediğini bildirmişlerdir. Bu görüşün aksine Yolcu vd (2006) ise 5. hafta canlı ağırlığını arttırmak ve azaltmak için yapılan seleksiyon sonucunda karkas randımanlarında da aynı yönde değişim olduğunu ileri sürmüşlerdir. Oysa etlik piliçlerde gerçekleştirilen pek çok araştırmada (Mallard ve Douaire 1988, Chambers 1990, Griffin 1996, Le Bihan-Duval vd 1998, Deeb ve Lamont, 2002; Zerehdaran vd 2004) canlı ağırlık artışının dolaylı olarak yem tüketimi ve abdominal yağlanmayı arttırdığı, abdominal yağ içeriği ile karkas randımanı arasında yüksek negatif genetik korelasyon olduğu, bunun sonucunda da canlı ağırlık artışının dolaylı olarak karkas randımanında azalmaya yol açtığı bildirilmektedir. Bu çalışmada da benzer sonuçlar saptanmış ancak çok özellikli seleksiyon ile negatif genetik ilişkili özelliklerde iyileşme sağlanmıştır.

4.2.2. Büyüme eğrisi analizleri

Araştırmada *BHBS*, *BHSS-1*, *BHSS-2* bıldırcınlarının haftalık canlı ağırlık değerlerinden faydalanılarak Gompertz büyüme eğrisi modeli ile doğrusal olmayan regresyon analizleri gerçekleştirilmiş, model parametreleri (β_0 , β_1 , β_2), BNY ve BNA özelliklerine ait tanımlayıcı istatistikler Çizelge 4.26, 4.27 ve 4.28'de sunulmuştur. Söz konusu özellikler bakımından sürüler arasında farklılıkların ortaya konulması amacıyla gerçekleştirilen varyans analizi ve çoklu karşılaştırma testlerine ait sonuçlar Çizelge 4.29'da sunulmuştur.

BHBS, *BHSS-1*, *BHSS-2* bıldırcınları için Gompertz büyüme eğrisi modelinin ergin ağırlık parametre (β_0) değerleri sırasıyla 222,28 228,03, 260,01 g olarak tahmin edilmiştir. *BHBS* ve *BHSS-1* sürüleri için tahmin edilen β_0 değerleri *AHBS* ve *AHSS-1* bıldırcınları için tahmin edilen değerlerle ve Hyankova vd (2001), Kızılkaya vd (2005), Alkan vd (2009), Narinç vd (2009), Narinç vd (2010a), Alkan vd (2012) tarafından

bildirilen değerler (204,0-239,5 g) ile uyumlu, Anthony vd (1986) ve Aggrey vd (2003) tarafından bildirilen değerlerden (119,9-124,22 g) yüksek bulunmuştur. BHSS-2 bıldırcınları için tahmin edilen β_0 değeri *BHBS* ve *BHSS-1* için tahmin edilen değerlerden yüksek bulunmuştur ($P<0,01$). Söz konusu değer için bir kuşaklık çok özellikli seleksiyon sonucunda % 14,02 artış sağlanmıştır ($P<0,01$). Canlı ağırlığı arttırmak için kısa dönemli seleksiyon yapan birçok araştırmacı (Akbaş ve Oğuz 1998, Hyankova vd 2001, Alkan vd 2009, Nariç vd 2009) tarafından çalışma bulgularıyla uyumlu sonuçlar bildirmişlerdir. Uzun dönemli seleksiyon çalışmalarında ise β_0 değerinde gerçekleşen değişimler çok daha yüksek olabilmektedir. Aggrey vd (2003) tarafından 4. hafta canlı ağırlığı için çift yönlü yapılan seleksiyon sonucunda β_0 değerleri ağırlığı azaltılan hatta % 43 azalmış, ağırlığı arttırılan hatta ise % 84,76 artmıştır.

Çizelge 4.26. *BHBS* bıldırcınlarında Gompertz büyüme modeli parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
β_0	157	222,28	14,95	33,23	2,64	129,19	310,50
β_1	157	3,95	13,20	0,52	0,04	3,13	7,04
β_2	157	0,075	15,22	0,01	0,00	0,05	0,12
BNY, gün	157	17,42	12,53	2,18	0,17	13,02	23,66
BNA, g	157	81,78	14,95	12,23	0,97	47,53	114,24

Çizelge 4.27. *BHSS-1* bıldırcınlarında Gompertz büyüme modeli parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
β_0	625	228,03	17,96	35,16	2,61	160,85	356,39
β_1	625	3,90	13,87	0,49	0,02	2,63	7,18
β_2	625	0,074	14,06	0,01	0,00	0,01	0,11
BNY, gün	625	17,59	14,62	2,57	0,10	12,02	28,32
BNA, g	625	83,74	27,96	23,97	0,96	59,18	116,77

Çizelge 4.28. *BHSS-2* bıldırcınlarında Gompertz büyüme modeli parametrelerine ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
β_0	602	260,01	15,19	39,49	1,61	178,13	462,89
β_1	602	3,65	10,60	0,39	0,02	2,62	5,84
β_2	602	0,068	15,65	0,01	0,00	0,04	0,11
BNY, gün	602	19,35	15,69	3,04	0,12	13,14	35,60
BNA, g	602	95,66	15,19	14,53	0,59	65,54	170,30

Gompertz modelinin β_1 parametreleri *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bıldırcınları için sırasıyla 3,95, 3,90 ve 3,65 olarak tahmin edilmiştir. Araştırma bulguları Japon bıldırcınlarında büyümeyi Gompertz modeli ile inceleyen araştırmacılar Akbaş ve Oğuz (1998), Kızılkaya vd (2005), Narinç vd (2009) tarafından bildirilen değerler (3,66-3,89) ile uyumlu, Akbaş ve Yaylak (2000), Alkan vd (2009), Narinç vd (2010a) tarafından bildirilen değerlerden (3,39-3,44) yüksek bulunmuştur. Balcıoğlu vd (2005) 5. hafta canlı ağırlığı için beş kuşaklık çift yönlü fenotipik kitle seleksiyonu sonucunda β_1 parametrelerini düşük canlı ağırlık hattında 4,03, yüksek canlı ağırlık hattında 3,99 olarak tahmin etmişlerdir. Araştırmacılar seleksiyon sonucunda β_1 parametresi bakımından hatlar arasında anlamlı bir farklılık olduğunu bildirmişlerdir. Benzer sonuçlar Akbaş ve Oğuz (1998) tarafından da vurgulanmış, söz konusu parametre seleksiyon uygulanmış sürüde 3,91, kontrol grubunda 3.89 olarak tahmin edilmiştir. Çalışma sonuçlarıyla uyumlu olarak Narinç vd (2009) β_1 parametresinin canlı ağırlığı arttırmaya yönelik seleksiyon uygulanmış bıldırcınlarda 3,44, şansa bağlı çiftleşen bıldırcınlarda 3,66 olduğunu bildirmişlerdir.

Çalışmada anlık büyüme hızını temsil eden β_2 parametresi *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bıldırcınlarında sırasıyla 0,075, 0,074 ve 0,068 olarak tahmin edilmiştir. Anlık büyüme hızı parametresinin düşük değerlerde olması büyümenin daha uzun bir döneme yayılmasını ifade etmektedir. Aynı zamanda bu durum ergin ağırlık parametresinin yüksek bir değere tekabül etmesi anlamına gelmektedir. Seleksiyon ya da çevresel etkilerle canlı ağırlığı arttırmaya yönelik çalışmalar sonucunda β_2 parametresinde azalma olması beklenen bir durumdur.

Japon bıldırcınlarında seleksiyon etkilerinin Gompertz modeli ile incelendiği çalışmalarda (Akbaş ve Oğuz 1998, Alkan vd 2009, Narinç vd 2009) β_2 parametresi bakımından hatlar arasında anlamlı farklılık bulunmamış, ancak eşeyler arasında β_2 parametresi bakımından önemli farklılıklar saptanmış, dişiler için saptanan değerlerin erkeklerden daha düşük olduğu bildirilmiştir. Söz konusu çalışmalarda seleksiyon ile β_2 bakımından farklılık gözlenmemesi uygulanan seleksiyonun sadece birkaç kuşak sürmesinden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Bu çalışmada bir kuşaklık çok özellikli seleksiyon ile β_2 parametresi bakımından *BHSS-2* bıldırcınları için saptanan ortalama *BHBS* ve *BHSS-1*'den yüksek bulunmuştur ($P<0,01$). β_2 parametresinde gerçekleşen bu değişimin nedeninin canlı ağırlığı destekleyen diğer seleksiyon kriterlerinin etkisiyle ortaya çıktığı düşünülmektedir.

Çizelge 4.29. Baba hattı sürülerinde büyüme eğrisi parametreleri, BNA, BNY ve BBH₃₅ özellikleri için varyans analizi sonuçları

	β_0	β_1	β_2	BNY	BNA	BBH ₃₅
P	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01	<,01
<i>AHBS</i>	b	a	a	b	b	b
<i>AHSS-1</i>	b	a	a	b	b	b
<i>AHSS-2</i>	a	b	b	a	a	a

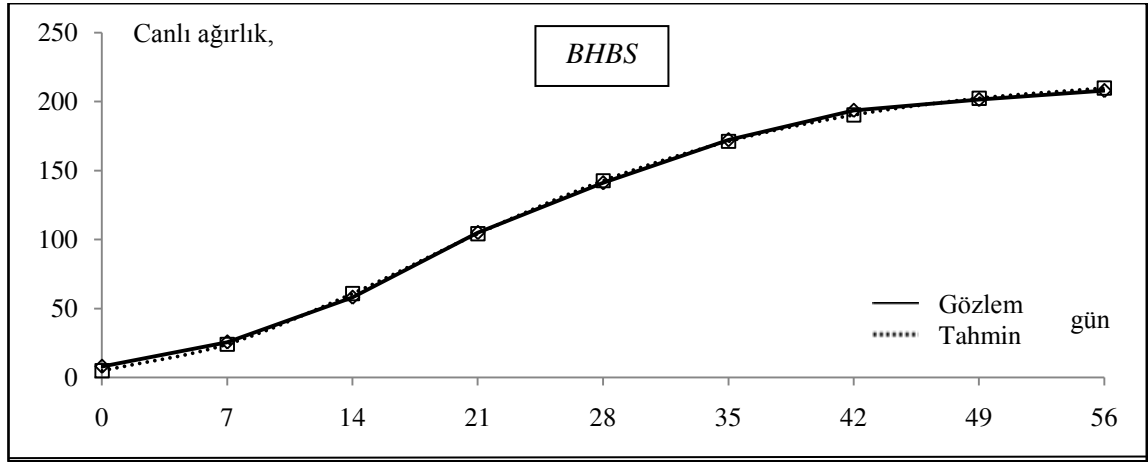
Gompertz büyüme eğrisinin bükülme noktası yaşı *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* için sırasıyla 17,42, 17,59 ve 19,35 gün olarak tahmin edilmiştir. Japon bıldırcınlarında BNY değerini Anthony vd (1986) 17,0 gün, Akbaş ve Oğuz (1998) 20,2 gün, Hyankova vd (2001) 16,9, Aggrey vd (2003) 16,7 gün, Balcıoğlu vd (2005) 19,7 gün, Aggrey (2009) 19,8 gün, Alkan vd (2009) 18,1 gün olarak çalışma sonuçlarıyla uyumlu değerlerde bulmuşlardır. Bunun yanında BNY değerlerini Akbaş ve Yaylak (2000) 22,7 gün, Kızılkaya vd (2006) 24,5 gün yüksek değerlerde, Kızılkaya vd (2005) 16,19 gün, Narinç vd (2009) 15,8 gün gibi düşük değerlerde bulmuşlardır. Araştırmada yapılan seleksiyon sonucunda *BHSS-2* bıldırcınlarının 1,76 gün daha geç bükülme noktası yaşına ulaştıkları belirlenmiştir ($P<0,01$). Benzer şekilde Hyankova vd (2001) bağıl büyüme hızı için gerçekleştirilen seleksiyonun BNY özelliğini etkilediğini bildirmiş, yüksek büyüme hızına sahip bıldırcınların bükülme noktası yaşının da arttığını vurgulamışlardır.

Kızılkaya vd (2006) bıldırcınlarda kısa dönemli seleksiyonun BNY özelliğini etkilediğini, şansa bağlı çiftleşen bıldırcınlara göre canlı ağırlığı azaltılmış grupta BNY değerinin 1,7 gün azaldığını bildirmişlerdir. Bunun yanında kısa dönemli seleksiyon çalışmalarında BNY özelliğinin değişmediğini bildiren araştırmalar da bulunmaktadır (Akbaş ve Oğuz 1998, Narinç vd 2009). Seleksiyon ile canlı ağırlığı arttırılmış bıldırcınların BNY değerlerini şansa bağlı çiftleşen kontrol grubuyla karşılaştıran Akbaş ve Oğuz (1998) anlamlı bir fark bulunmadığını, ancak canlı ağırlık ortalamaları erkeklerden yüksek olan dişilerin bükülme noktası yaşının da yüksek (erkek 18,74; dişi 21,22 gün) olduğunu bildirmişlerdir. Benzer sonuçlara ulaşan Aggrey (2009) BNY ortalamalarını erkekler için 17,5 gün, dişiler için 22,26 gün bulmuştur.

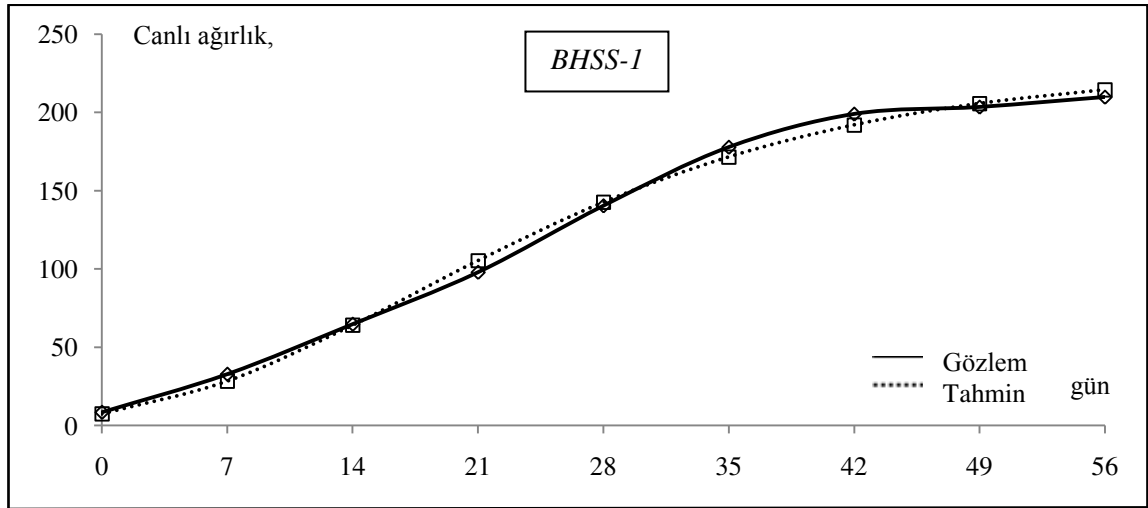
BNA özelliği bakımından *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* için hesaplanan ortalamalar sırasıyla 81,78, 83,74 ve 95,66 g olarak bulunmuş, uygulanan seleksiyonun *BHSS-2* BNA değerlerinde artışa neden olduğu belirlenmiştir ($P<0,01$). Araştırma bulgularına paralel olarak Japon bıldırcınlarında canlı ağırlığı arttırmak için gerçekleştirilen seleksiyon çalışmalarının büyüme eğrileriyle incelendiği araştırmaların tamamında uygulanan seleksiyonun BNA özelliğinde artışa neden olduğu bildirilmiştir (Anthony vd 1986, Akbaş ve Oğuz 1998, Balcıoğlu vd 2005, Kızılkaya vd 2006, Narinç vd 2009, Alkan vd 2009).

Akbaş ve Oğuz (1998) 4. hafta canlı ağırlığı için 5 kuşak seleksiyon yapılmış bıldırcınlarında BNA özelliğindeki artışın 11,51 g olduğunu, Narinç vd (2009) ise 4. hafta canlı ağırlığı için 4 kuşak seleksiyon yapılmış bıldırcınlarda BNA özelliğindeki artışın 9,48 g olduğunu bildirmişlerdir. Balcıoğlu vd (2005) 5. hafta canlı ağırlığı için 5 kuşak seleksiyon yapılmış bıldırcınlarda BNA özelliğinde 15,9 g artış olduğunu bildirmiş, Alkan vd (2009) aynı sürülerde 11. kuşak sonunda BNA özelliğindeki artışın 32,3 g olduğunu bildirmişlerdir. Bunun yanında bağıl büyüme hızı için iki yönlü fenotipik kitle seleksiyonu yapan Hyankova vd (2001) BNA değerlerinin bağıl büyüme hızı arttırılmış hatta 109,1 g, azaltılmış hatta 90,1 g, şansa bağlı çiftleşen kontrol hattında 97,4 g olduğunu bildirmişler ve seleksiyonun BNA özelliği üzerinde etkili olduğunu ileri sürmüşlerdir.

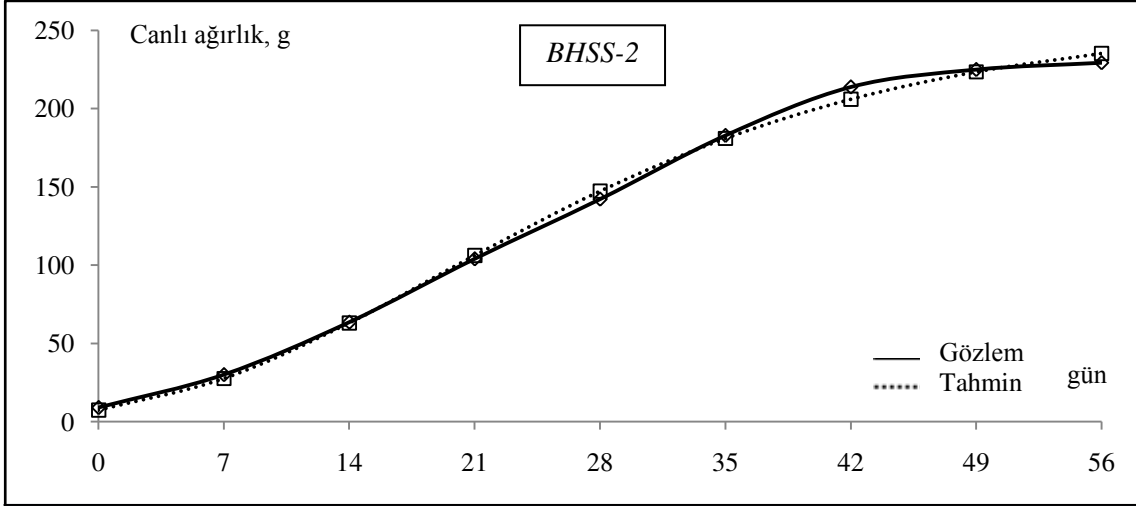
BHBS, *BHSS-1*, *BHSS-2* bıldırcınları için gözlem değerleri kullanılarak ve Gompertz modelinin tahmin değerleri kullanılarak çizilen büyüme eğrisi grafikleri sırasıyla Şekil 4.21, 4.22, ve 4.23'te gösterilmiştir.



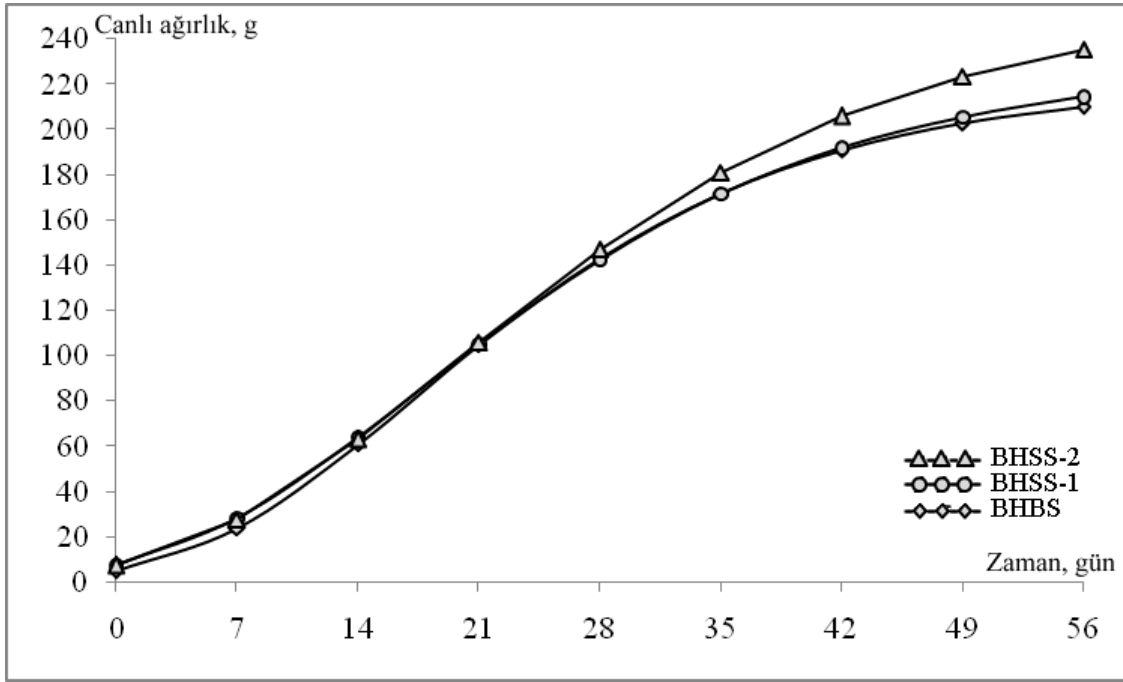
Şekil 4.21. *BHBS* bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi



Şekil 4.22. *BHSS-1* bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi



Şekil 4.23. *BHSS-2* bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrisi



Şekil 4.24. *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bıldırcınlarının Gompertz modeliyle çizilen büyüme eğrileri

BHBS, *BHSS-1*, *BHSS-2* için Gompertz modeli kullanılarak tahmin edilen haftalık BBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler Çizelge 4.30, 4.31 ve 4.32’de sunulmuş, söz konusu özellikler için çizilen grafikler Şekil 4.25, 4.26 ve 4.27’de gösterilmiştir.

Çizelge 4.30. *BHBS* bildiricilerinde haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
BBH ₀	602	26,34	13,00	3,42	0,27	16,23	38,32
BBH ₇	602	17,10	12,88	2,20	0,17	11,79	24,37
BBH ₁₄	602	10,57	13,57	1,44	0,11	8,04	18,22
BBH ₂₁	602	5,80	11,36	0,66	0,05	4,21	8,20
BBH ₂₈	602	3,42	21,28	0,73	0,06	1,89	4,98
BBH ₃₅	602	1,68	29,86	0,56	0,04	0,74	3,20
BBH ₄₂	602	1,02	38,68	0,39	0,03	0,00	2,67
BBH ₄₉	602	0,73	33,53	0,24	0,02	0,12	1,66
BBH ₅₆	602	0,46	64,34	0,30	0,02	-0,40	1,05

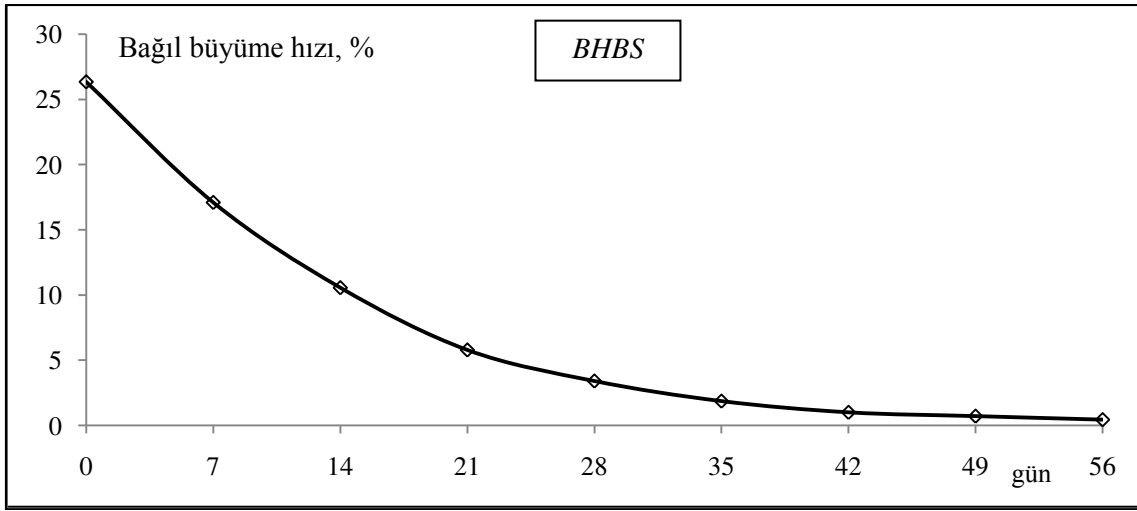
Araştırmada ana hattı seleksiyon kriterlerinden biri olan 35 günlük yaştaki BBH değeri *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* için sırasıyla % 1,68, 1,71 ve 1,81 olarak tahmin edilmiştir. Bildiricilerde 5. hafta için tahmin edilen BBH değerleri *AHBS* ve *AHSS-1* bildiricilerinde tahmin edilen ortalamalar ile uyumlu bulunmuştur.

Çizelge 4.31. *BHSS-1* bildiricilerinde haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
BBH ₀	625	23,90	12,39	2,96	0,12	5,98	34,57
BBH ₇	625	14,12	13,42	1,89	0,08	4,27	25,58
BBH ₁₄	625	9,17	16,33	1,50	0,06	3,88	18,55
BBH ₂₁	625	6,11	13,90	0,85	0,03	3,80	9,16
BBH ₂₈	625	3,46	20,39	0,70	0,03	1,03	5,66
BBH ₃₅	625	1,71	34,58	0,61	0,02	-0,06	3,57
BBH ₄₂	625	1,00	37,09	0,37	0,01	-0,84	3,08
BBH ₄₉	625	0,85	31,61	0,27	0,01	-0,25	2,80
BBH ₅₆	625	0,64	43,53	0,28	0,01	-0,13	2,59

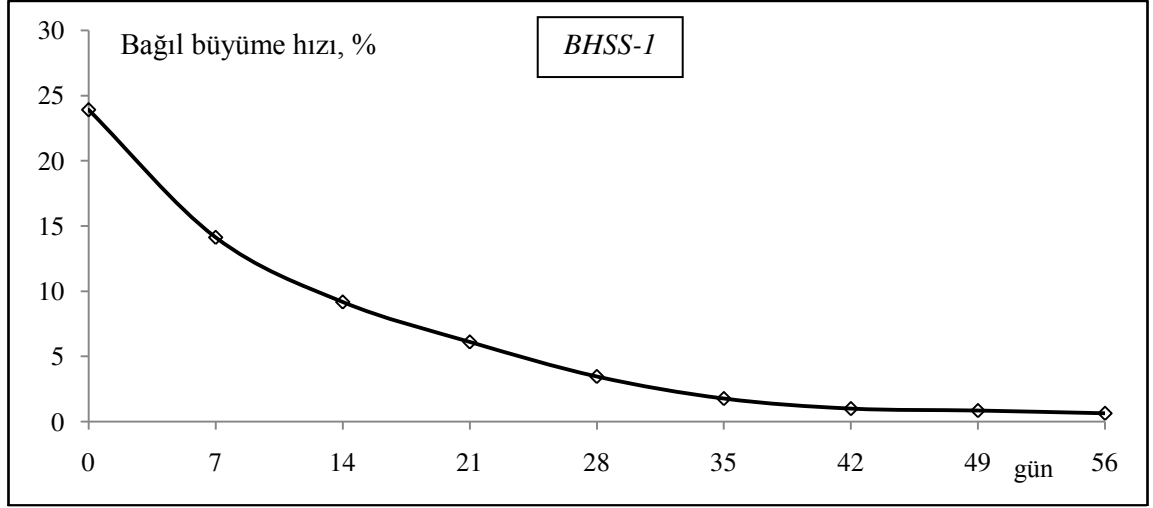
Çizelge 4.32. *BHSS-2* bıldırcınlarında haftalık BBH (%) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
BBH ₀	602	22,71	13,31	3,02	0,12	13,62	36,03
BBH ₇	602	14,53	12,24	1,78	0,07	8,82	22,18
BBH ₁₄	602	9,41	12,04	1,13	0,05	5,89	14,01
BBH ₂₁	602	6,05	13,55	0,82	0,03	3,31	10,46
BBH ₂₈	602	3,90	17,28	0,67	0,03	1,98	7,59
BBH ₃₅	602	1,81	28,42	0,63	0,03	0,53	3,89
BBH ₄₂	602	1,21	36,14	0,44	0,02	0,18	2,88
BBH ₄₉	602	0,89	32,40	0,29	0,01	-0,01	2,03
BBH ₅₆	602	0,76	39,41	0,30	0,01	-0,11	1,85

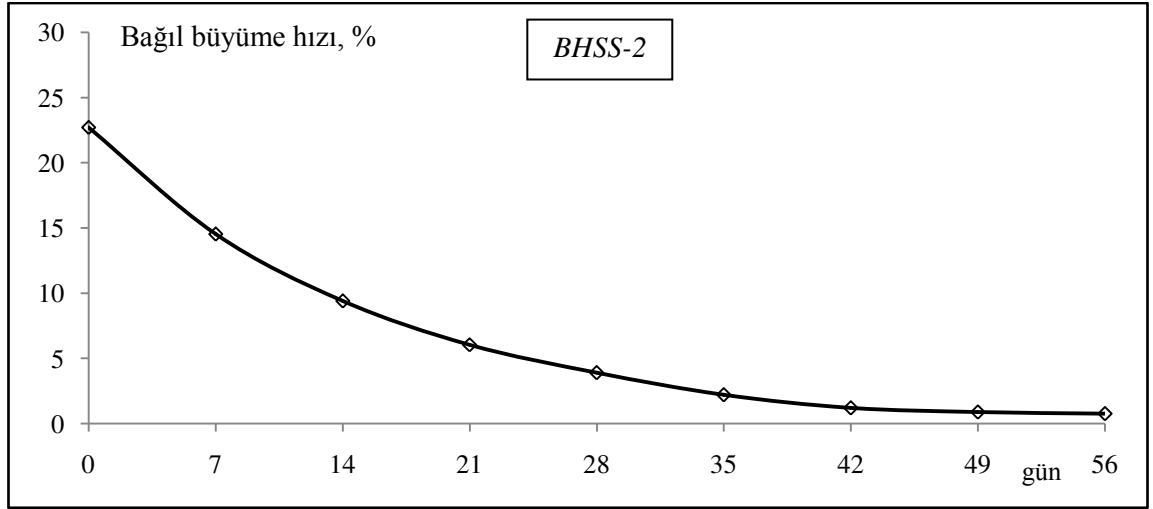


Şekil 4.25. *BHBS* bıldırcınlarına ait haftalık BBH (%) eğrisi

Araştırmada uygulanan çok özellikli seleksiyon sonrasında *BHSS-2* için 1-8 haftalık BBH değerleri sırasıyla % 22,71, 14,53, 9,41, 6,05, 3,90, 1,81, 1,21, 0,89, 0,76 olarak tahmin edilmiştir. Haftalık BBH değerleri *AHSS-2* sürüsü için tahmin edilen değerlerle (sırasıyla % 23,15, 14,48, 9,26, 5,78, 3,78, 2,04, 1,07, 0,87, 0,70) ve Narinç vd (2010d) tarafından bildirilen haftalık bağıl büyüme hızları ile uyumlu bulunmuştur.



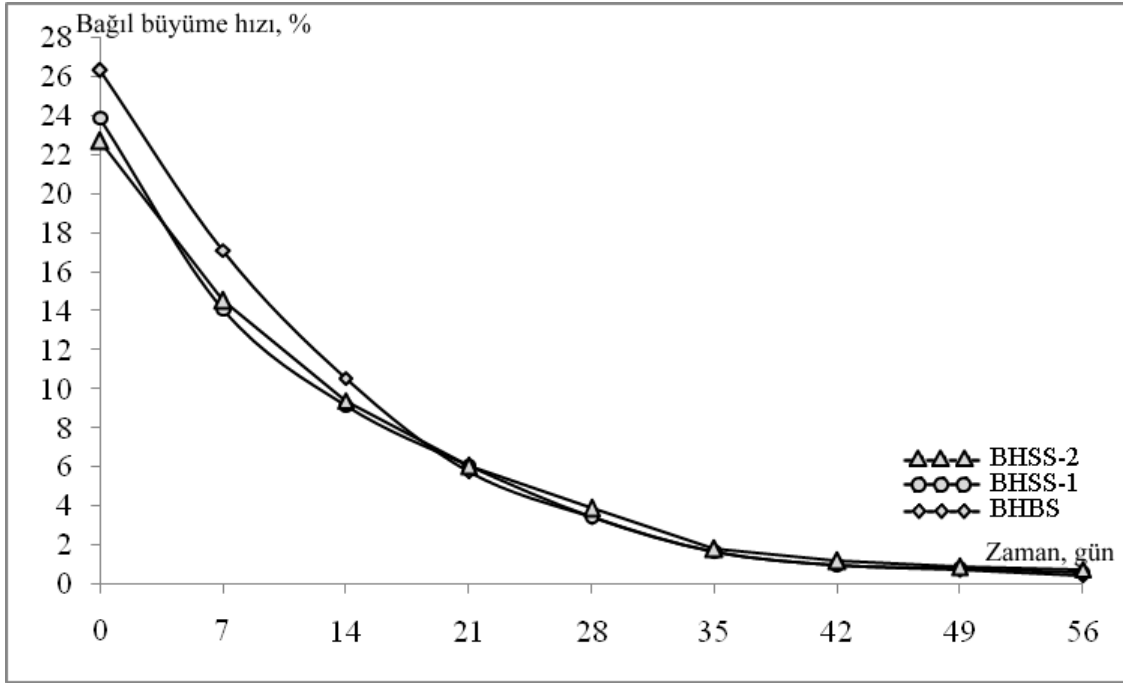
Şekil 4.26. *BHSS-1* bıldırcınlarına ait haftalık BBH (%) eğrisi



Şekil 4.27. *BHSS-2* bıldırcınlarına ait haftalık BBH (%) eğrisi

Araştırmada *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* için tahmin edilen haftalık MBH değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler sırasıyla Çizelge 4.33, 4.34 ve 4.35'te sunulmuştur. MBH ortalamalarından faydalanılarak *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* için çizilen grafikler Şekil 4.29, 4.30 ve 4.31'de gösterilmiştir.

Çalışmada *BHSS-1* bıldırcınlarının ilk iki haftalık MBH ortalamaları *BHSS-2* bıldırcınlarından yüksek olduğu halde sonraki haftalarda *BHSS-2* bıldırcınlarının MBH ortalamaları daha yüksek değerler almıştır. Erken dönem büyüme hızlarında gerçekleşen bu değişimin seleksiyon kriterlerinden biri olan BNY özelliğinin dolaylı etkisiyle ortaya çıktığı düşünülmektedir.



Şekil 4.28. *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bıldırcınlarının haftalık BBH eğrileri

Çizelge 4.33. *BHBS* bıldırcınlarında haftalık MBH (g) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

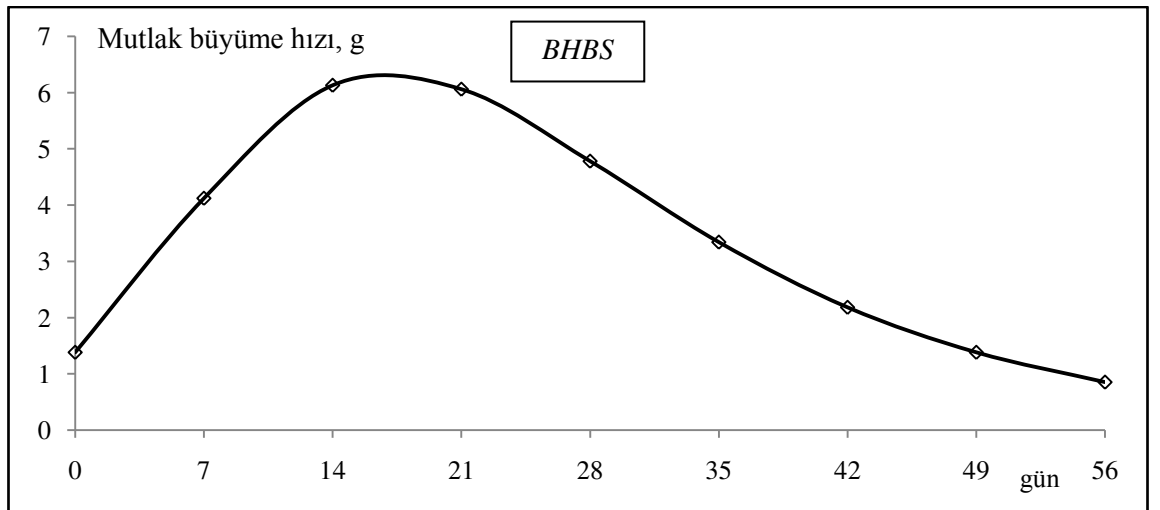
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
MBH ₀	157	1,38	27,18	0,37	0,03	0,12	2,04
MBH ₇	157	4,12	14,48	0,60	0,05	1,69	5,51
MBH ₁₄	157	6,13	12,50	0,77	0,06	2,42	8,11
MBH ₂₁	157	6,06	12,43	0,75	0,06	2,70	8,02
MBH ₂₈	157	4,78	17,26	0,82	0,07	2,55	6,59
MBH ₃₅	157	3,34	24,97	0,83	0,07	1,52	5,21
MBH ₄₂	157	2,18	33,46	0,73	0,06	0,70	3,93
MBH ₄₉	157	1,38	42,11	0,58	0,05	0,31	2,83
MBH ₅₆	157	0,85	50,79	0,43	0,03	0,14	2,11

Çizelge 4.34. *BHSS-1*' haftalık MBH (g) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

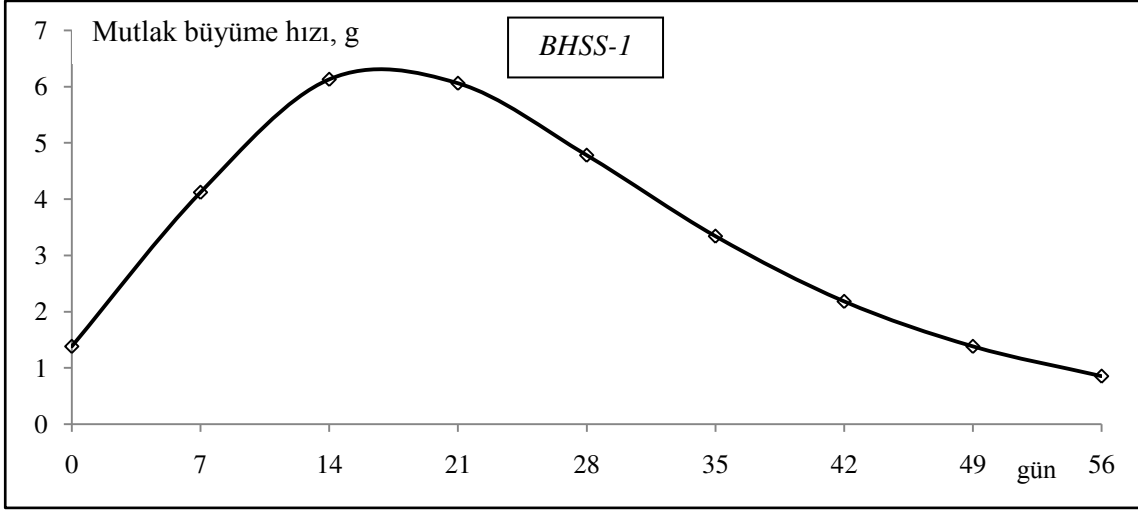
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
MBH ₀	625	1,74	25,52	0,44	0,02	0,11	2,69
MBH ₇	625	4,18	15,89	0,66	0,03	1,34	6,01
MBH ₁₄	625	5,82	12,42	0,72	0,03	1,67	8,03
MBH ₂₁	625	5,81	11,92	0,69	0,03	2,04	7,69
MBH ₂₈	625	4,76	15,41	0,73	0,03	2,45	7,10
MBH ₃₅	625	3,49	21,59	0,75	0,03	1,53	5,60
MBH ₄₂	625	2,39	28,96	0,69	0,03	0,81	4,43
MBH ₄₉	625	1,58	37,16	0,59	0,02	0,41	3,76
MBH ₅₆	625	1,03	46,64	0,48	0,02	0,21	4,21

Çizelge 4.35. *BHSS-2*'de haftalık MBH (g) değerlerine ait tanımlayıcı istatistikler

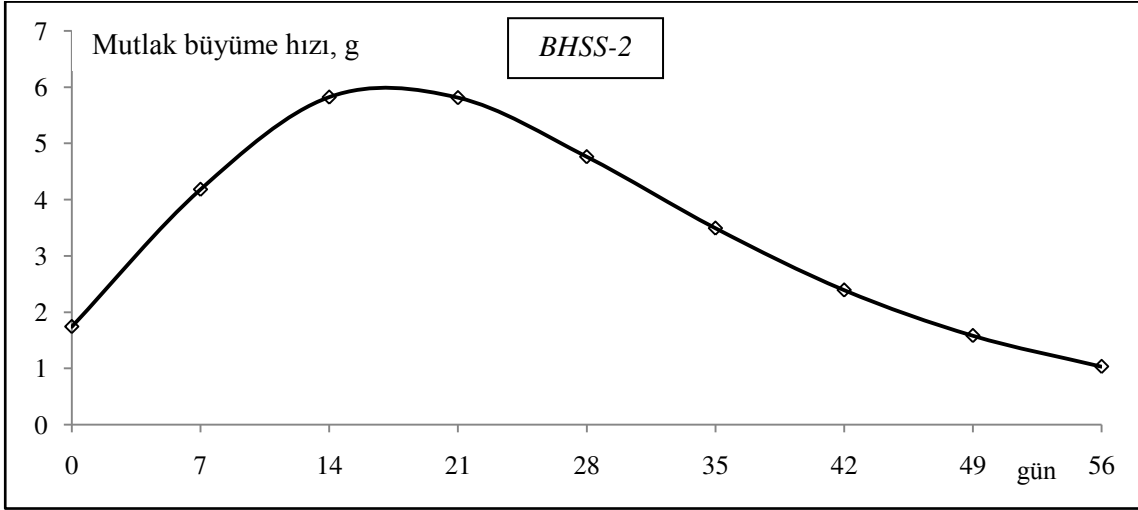
Özellik	N	Ortalama	Varyasyon Katsayısı	Standart Sapma	Standart Hata	En Küçük Gözlem	En Büyük Gözlem
MBH ₀	602	1,67	19,61	0,33	0,01	0,35	2,67
MBH ₇	602	4,08	13,75	0,56	0,02	2,18	6,12
MBH ₁₄	602	5,92	12,90	0,76	0,03	3,52	7,97
MBH ₂₁	602	6,22	12,47	0,78	0,03	3,98	8,06
MBH ₂₈	602	5,39	15,66	0,84	0,03	3,23	7,20
MBH ₃₅	602	4,16	21,71	0,90	0,04	2,00	6,61
MBH ₄₂	602	3,01	29,09	0,87	0,04	0,99	6,06
MBH ₄₉	602	2,08	37,22	0,78	0,03	0,46	5,42
MBH ₅₆	602	1,41	45,98	0,65	0,03	0,21	4,86



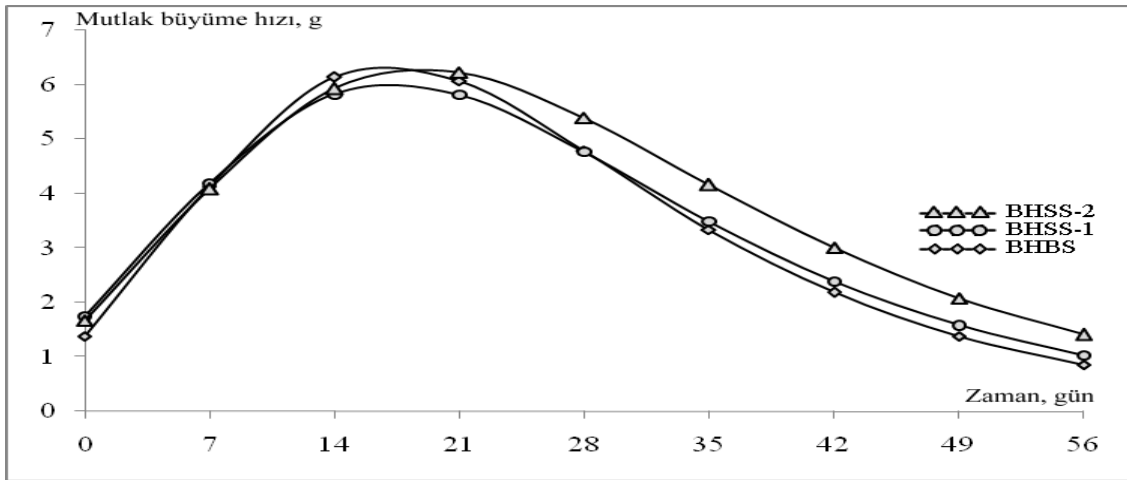
Şekil 4.29. *BHBS* bıldırcınlarına ait haftalık MBH (g) eğrisi



Şekil 4.30. *BHSS-1* bildircinlarına ait haftalık MBH (g) eğrisi



Şekil 4.31. *BHSS-2* bildircinlarına ait haftalık MBH (g) eğrisi



Şekil 4.32. *BHBS*, *BHSS-1* ve *BHSS-2* bildircinlarının haftalık MBH (g) eğrileri

4.2.3. Genetik parametre tahminleri

Araştırmada *BHSS-1* için seleksiyon kriterleri olan 5. hafta canlı ağırlığı, Gompertz büyüme eğrisi modelinin bükülme noktası yaşı, 3-5 haftalar arası yem dönüşüm oranı ve karkas randımanı özellikleri için eklemeli genetik etkileri içeren varyans-kovaryans matrisi Çizelge 4.36'da, çevresel etkileri içeren varyans-kovaryans matrisi Çizelge 4.37'de sunulmuş, söz konusu özellikler için tahmin edilen kalıtım dereceleri ve özellikler arasındaki genetik korelasyonlar Çizelge 4.38'de gösterilmiştir. *BHSS-2* bıldırcınlarında ölçülen aynı özellikler için eklemeli genetik ve çevre varyans-kovaryans matrisleri Çizelge 4.39 ve 4.40'ta sunulmuştur. *BHSS-2*'de CA, BNY, YDO ve KV özelliklerine ait kalıtım dereceleri ve aralarındaki genetik korelasyon tahminleri Çizelge 41'de gösterilmiştir.

BHSS-1 ve *BHSS-2*'de 5. hafta canlı ağırlığı için kalıtım dereceleri (sırasıyla 0,36 ve 0,23) orta düzeyde tahmin edilmiştir. Söz konusu değerler *AHSS-1* ve *AHSS-2* bıldırcınları için tahmin edilen değerlerle (sırasıyla 0,42 ve 0,29) uyumlu bulunmuştur. Araştırma bulgularına paralel olarak 5. hafta canlı ağırlığı için kalıtım derecelerini Singh (2009) 0,38 ve Sarı vd (2011) 0,40 olarak tahmin etmişlerdir. Japon bıldırcınlarında 5. hafta canlı ağırlığı için kalıtım derecesi tahmin eden diğer araştırmacılar (Toelle vd 1991, Akbaş ve Yaylak 2000, Akşit vd 2002, Akbaş vd 2004, Adeogun ve Adeoye 2004, Balcıoğlu vd 2005, Sezer vd 2007, Dionello vd 2008, Singh 2009, Narinç vd 2010a, Sarı vd 2010) söz konusu parametrenin yüksek düzeyde olduğunu bildirmişlerdir.

Çizelge 4.36. *BHSS-1* için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi

	CA	BNY	YDO	KV
CA	71,9611	-4,2731	-0,2089	-2,8893
BNY	-4,2731	1,5780	-0,0294	0,5790
YDO	-0,2089	-0,0294	0,0682	0,0778
KV	-2,8893	0,5790	0,0778	2,3472

Çizelge 4.37. *BHSS-1* için çevre varyans-kovaryans matrisi

	CA	BNY	YDO	KV
CA	332,1700	-19,6170	-11,0709	0,8227
BNY	-19,6170	14,3125	0,7992	0,3723
YDO	-11,0709	0,7992	0,9006	-0,0926
KV	0,8227	0,3723	-0,0926	6,2289

Çizelge 4.38. *BHSS-1* için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar

	CA	BNY	YDO	KV
CA	0,36±0,05			
BNY	-0,40±0,05	0,20±0,01		
YDO	-0,09±0,01	-0,09±0,02	0,14±0,03	
KV	-0,22±0,03	0,30±0,04	0,19±0,02	0,55±0,06

Araştırmada Gompertz modelinin bükülme noktası yaşı için kalıtım dereceleri *BHSS-1*'de 0,20, *BHSS-2*'de 0,21 olarak düşük-orta seviyelerde tahmin edilmiştir. Akbaş ve Oğuz (1998) Japon bıldırcınlarında BNY özelliği için kalıtım derecesinin 0,18 olduğunu bildirmişler, benzer bulgulara ulaşan Narinç vd (2010a) ise söz konusu özelliğin kalıtım derecesinin düşük düzeyde (0,08) olduğunu ileri sürmüşlerdir.

Çizelge 4.39. *BHSS-2* için eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi

	CA	BNY	YDO	KV
CA	34,8038			
BNY	-4,2902	0,9552		
YDO	-0,1958	-0,0474	0,0416	
KV	-0,2295	0,0784	0,0004	0,0669

Çizelge 4.40. *BHSS-2* için çevre varyans-kovaryans matrisi

	CA	BNY	YDO	KV
CA	272,8100			
BNY	-2,4085	8,2526		
YDO	-4,1352	-1,0069	0,6216	
KV	-0,0655	0,0460	0,0040	0,1864

Çizelge 4.41. *BHSS-2* için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar

	CA	BNY	YDO	KV
CA	0,23±0,03			
BNY	-0,74±0,06	0,21±0,03		
YDO	-0,16±0,01	-0,24±0,02	0,13±0,01	
KV	-0,15±0,02	0,31±0,05	0,01±0,01	0,53±0,04

Bıldırcınların cinsiyet ayrımı yapılarak bireysel yemlikli kafeslere alındığı 3. haftadan 5 haftalık yaşa kadar yem dönüşüm oranı (YDO) özelliği için kalıtım dereceleri *BHSS-1*'de 0,14, *BHSS-2*'de 0,13 olarak tahmin edilmiştir. Akşit vd (2002) bıldırcınlarda 3-5 haftalar arası yemden yararlanma özelliği için kalıtım derecelerini ana varyans unsuru ile 0,04, baba varyans unsuru ile 0,76, her ikisini de kullanarak 0,25 ve akrabalık ilişkilerini de kullanarak 0,26 olarak tahmin etmişlerdir. Yem dönüşüm oranı içerisinde hem yem tüketimi hem de canlı ağırlık kazancının kombinasyonunu barındırmaktadır. Özellikle yem tüketiminin hatasız olarak ölçülmesi her zaman mümkün olmamakta, bireysel yem tartımındaki hatalar, hayvanların yem saçımı gibi çevresel nedenlerle hata varyansı artmakta, dolayısıyla eklemeli genetik varyansın fenotipik varyanstaki payı azalmakta ve kalıtım derecesi düşmektedir. Örneğin Japon bıldırcınlarında yumurta veriminin farklı dönemlerinde yem dönüşüm oranı için kalıtım derecelerini 10-14 haftalar arasında 0,50 gibi yüksek düzeyde tahmin edilirken, 15-19 haftalar arasında ise 0,05 gibi düşük seviyeli olarak tahmin edilmiştir (Altan vd 2004). Varkoohi vd (2010) Japon bıldırcınlarında ilk dört haftalık yem dönüşüm oranı için dört kuşak seleksiyon yapmış, gerçekleşen kalıtım derecesinin 0,67 olduğunu bildirmiştir. Ancak Varkoohi vd (2011) aynı sürüde ilk dört haftalık kalıtım derecesini varyans

unsurlarından yararlanarak 1,71 gibi kuram dışı bir değer tahmin etmişlerdir. Bıldırcınlarda ilk 45 günlük yem dönüşüm oranı için kalıtım derecesi tahmin eden Bahie El-Deen vd (2008), üç sürüde söz konusu parametrenin 0,31, 0,23 ve 0,44 olduğunu bildirmişlerdir.

Araştırmada karkas randımanı için kalıtım derecesi *BHSS-1*'de 0,55, *BHSS-2*'de 0,53 olarak tahmin edilmiştir. Söz konusu kalıtım derecesi tahminleri aynı özellik için El-Full vd (2001) tarafından bildirilen 0,60 değeriyle uyumlu, Kawahara ve Saito (1976) ile Winter (2005) tarafından bildirilen 0,69 ve 0,84 değerlerden düşük, Aksit vd (2002), Vali vd (2005), Narinç vd (2010c), Lotfi vd (2011), tarafından bildirilen değerlerden (0,10-0,25) yüksek bulunmuştur.

BHSS-1 için CA ile BNY özellikleri arasındaki genetik korelasyon -0,40 tahmin edilmiş, *BHSS-2* için ise aynı özellikler arasındaki genetik ilişki -0,74 düzeyinde tahmin edilmiştir. Gompertz büyüme eğrisinin bükülme noktası yaşı ile integrasyon sabiti (β_1) doğru, anlık büyüme hızı (β_2) ile ters orantılıdır. Akbaş ve Yaylak (2000) tarafından β_2 parametresi ile çıkıştan 5 haftalık yaşa kadar olan canlı ağırlıklar arasındaki genetik korelasyonlar sırasıyla -0,20, 0,31, 0,53, 0,90, 0,91 olarak tahmin edilmiştir. Bu durumda 3. haftadan sonraki canlı ağırlıkları arttırmak için yapılacak seleksiyon ile anlık büyüme hızında artış ve dolayısıyla bükülme noktası yaşında azalma olması beklenmektedir. Bu nedenle her iki sürüde de CA ile BNY özellikleri arasındaki genetik korelasyonların negatif tahmin edildiği düşünülmektedir. Aggrey vd (2003) 4. hafta canlı ağırlığı için 30 kuşak iki yönlü seleksiyon yapılmış bıldırcınlarda BNY özelliğinin ağır hatta 16,73 gün, hafif hatta 22,16 gün olduğunu bildirmişlerdir. Araştırma bulgularıyla paralel olarak Mignon-Grasteau vd (2000) tarafından etlik piliç ebeveyn sürüsünde yapılan araştırmada bükülme noktası yaşı ile 8 haftalık ağırlık arasında -0,60 genetik korelasyon tahmin edilmiştir.

Çalışmada CA ile YDO özellikleri arasındaki genetik korelasyonlar *BHSS-1* için -0,09, *BHSS-2* için -0,16 olarak tahmin edilmiştir. Literatürde Japon bıldırcınlarında canlı ağırlık ve yem dönüşüm özellikleri arasındaki genetik korelasyonların tahmin edildiği bir araştırma bulunmamaktadır. Etlik piliçlerde yapılan çalışmalar sonucunda canlı ağırlık ve ağırlık artışı özellikleri ile yem tüketimi arasında pozitif yönde yüksek genetik korelasyon olduğu, buna bağlı olarak büyüme özellikleri ile yem dönüşüm oranı (yem/ağırlık artışı) arasında negatif yönde düşük genetik korelasyonlar olduğu bilinmektedir (Chambers 1990). Çeşitli araştırmacılar (Pym ve Nicholls 1979, Friars 1984) tarafından etlik piliç ve hindilerde saptanan bulgular araştırmada canlı ağırlık ve yem dönüşüm oranı özellikleri arasında tahmin edilen genetik korelasyonlar ile paralellik göstermektedir.

Araştırmada CA ile KV özellikleri arasındaki genetik korelasyonlar *BHSS-1*'de -0,22, *BHSS-2*'de -0,15 olarak tahmin edilmiştir. Birçok çalışmada canlı ağırlığı arttırmak için yapılan seleksiyonun karkas ağırlığını arttırmasına rağmen karkas randımanı üzerinde etkisi olmadığı ileri sürülmüştür (Campion vd 1982, Caron vd 1990, Oğuz vd 1996, Alkan vd 2010, Varkoohi vd 2010). Bu durum canlı ağırlık artışının iç organ çevresinde ve vücut boşluğunda yağ birikimini arttırmasıyla ve karkas oranında azalmaya yol açmasıyla açıklanabilir. Toelle vd 1991 canlı ağırlık ile karın yağı arasında 0,34, Narinç vd (2010c) ise karkas ağırlığı ile karın yağı arasında 0,71, karkas

oranı ile karın yağı oranı arasında -0,89 düzeyinde yüksek genetik korelasyonlar tahmin etmişlerdir. Kesim yaşı ile eşeyssel olgunluk yaşı birbirine yakın bir tür olan bıldırcınlarda üreme organlarındaki gelişimin de canlı ağırlık ile karkas oranı arasında negatif genetik ilişkiye yol açtığı düşünülmektedir. Çalışma sonuçlarıyla uyumlu olarak Ricard ve Rouvier (1967, 1969) etlik piliçlerde canlı ağırlıklar ile karkas randımanı arasında negatif ve düşük yönde genetik korelasyonlar tahmin etmişlerdir. Bunun aksine görüş bildiren Zerehdaran vd (2004) ve Gaya vd (2006) ise canlı ağırlık ile karkas randımanı arasındaki genetik ilişkinin düşük düzeyde ve pozitif olduğunu bildirmişlerdir. Etlik piliçlerde eşeyssel olgunluk yaşı ile kesim yaşının birbirinden uzak olması nedeniyle söz konusu pozitif yönlü tahminlerin ortaya çıkabileceği düşünülmektedir.

BHSS-1 için YDO ile BNY özellikleri arasındaki genetik korelasyon -0,09 olarak tahmin edilmiş, *BHSS-2* için ise aynı özellikler arasındaki genetik ilişki -0,24 düzeyinde tahmin edilmiştir. Kanatlı hayvanlar için sigmoidal yapıdaki büyüme eğrilerinin bükülme noktası yemden yararlanma bakımından da bir dönüm noktasıdır. Bükülme noktasına kadar artış gösteren canlı ağırlık kazancı en yüksek büyümenin gözlemlendiği bu noktadan sonra azalma eğilimindedir. Bu nedenle yem tüketimi sabit kalsa bile yem dönüşüm oranı azalmaktadır. Bükülme noktası yaşındaki artışın yem dönüşüm oranı ile pozitif yönlü genetik ilişkili olduğunu bildiren çalışmalar bulunmaktadır (N'Dri vd 2006). Ancak söz konusu çalışmalarda YDO özelliği bükülme noktası yaşının öncesi ve sonrasındaki dönemleri kapsayacak şekilde ölçülmüştür. Bu çalışmada bükülme noktası yaşının 17-20 günler arasında olduğu saptanmış, oysa yem dönüşüm oranı bıldırcınların cinsiyet tayini yapıp bireysel bölmelere alınmasından sonra 21-35. günler arasında ölçülebilmektedir. YDO ile BNY özellikleri arasındaki genetik ilişkinin negatif yönlü bulunmasının nedeninin yem tüketiminin ölçüldüğü dönemin yetersizliğinden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Araştırmada BNY ile KV arasındaki genetik korelasyonlar *BHSS-1* ve *BHSS-2* için sırasıyla 0,30 ve 0,31 olarak tahmin edilmiştir. Daha önce de belirtildiği üzere bükülme noktası yaşının artması ile gelişme daha uzun döneme yayılmakta, büyüme hızı azalmakta ve eşeyssel olgunluk yaşı da artmaktadır. Bu durumun doğal bir sonucu olarak eşeyssel organlardaki gelişimden ve yağlanmadan kaynaklanan ağırlık artışı azalmakta ve karkas randımanında artış olması beklenmektedir.

BHSS-1 bıldırcınlarında KV ile YDO özelliği arasındaki genetik korelasyon 0,19 olarak tahmin edilmiş, çok özellikli seleksiyon sonrasında iki özellik arasında anlamlı bir genetik ilişki bulunamamıştır. Literatürde Japon bıldırcınlarında karkas randımanı ile yem dönüşüm oranı arasındaki genetik ilişkinin incelendiği bir araştırmaya rastlanılmamıştır. Chambers (1990) ve Zerehdaran vd (2005) etlik piliçlerde yem dönüşüm oranı ile karkas randımanı arasında pozitif yönlü orta düzeyli genetik ilişki olduğunu bildirmişlerdir. Hyankova vd (2001 ve 2008) 11-28 günler arasındaki bağıl büyüme için çift yönlü yapılan seleksiyon sonucunda yem dönüşüm oranı ve karkas randımanlarında gerçekleşen değişimlerin paralel olduğunu bildirmişlerdir. Benzer bulgular 4. hafta canlı ağırlığı için iki yönlü uzun dönem seleksiyon yapan Marks (1993) tarafından da bildirilmiştir.

4.2.4. Seleksiyon

Baba hattı sürülerinde seleksiyon kriteri olan CA, BNY, YDO ve KV özellikleri için çok özellikli karışık model eşitliklerinden damızlık değerler tahmin edilmiş, seleksiyon yapılmış ve söz konusu özellikler için seleksiyon üstünlükleri, genetik ilerlemeler ve gerçekleşen kalıtım dereceleri Çizelge 4.42’de sunulmuştur. CA, BNY, YDO ve KV özellikleri için seleksiyon üstünlükleri sırasıyla 16,76 g, 3,14 gün, 0,24 ve % 1,98 olarak hesaplanmıştır. Seleksiyonla CA, BNY, YDO ve KV özellikleri için sırasıyla 5,03 g, 1,93 gün, -0,16, % 1,01 genetik ilerlemeler elde edilmiştir. Söz konusu özellikler için seleksiyonla gerçekleşen kalıtım dereceleri sırasıyla 0,30, 0,61, 0,68, 0,51 olarak tespit edilmiştir.

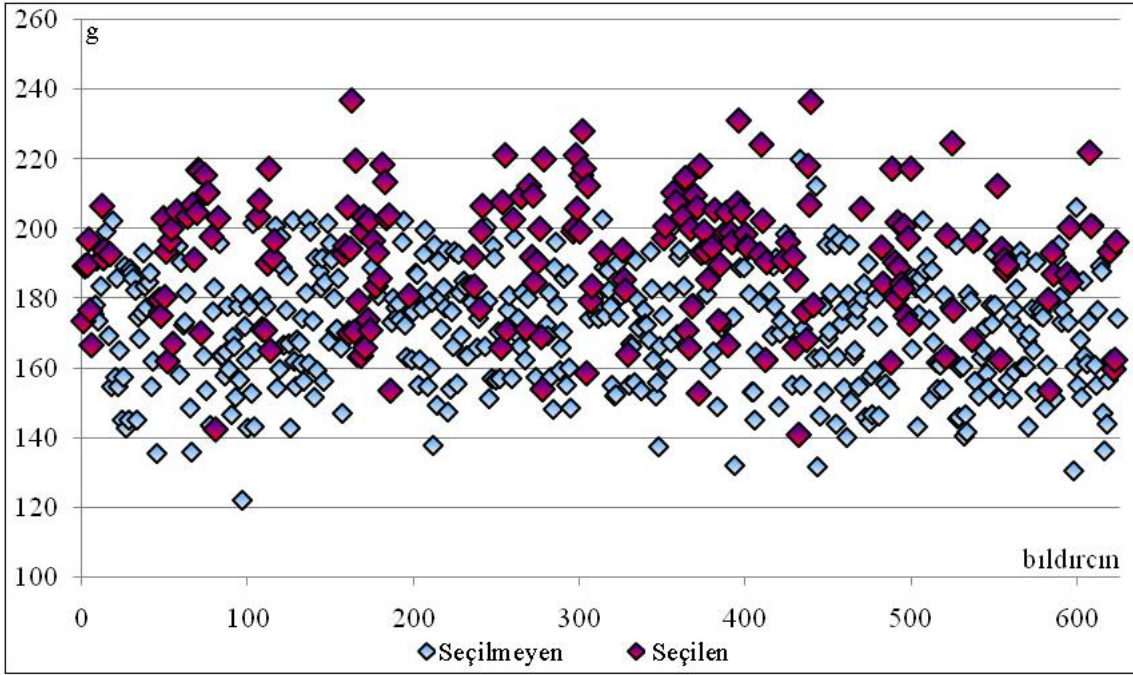
Ana hattında CA özelliği için seleksiyon üstünlüğü baba hattında belirlenen değerden düşük bulunmuş, ancak söz konusu özellik için tahmin edilen kalıtım dereceleri ise ana hattında daha yüksek tahmin edildiği halde baba hattında % 0,75 yüksek genetik ilerleme sağlanmıştır. Aynı seleksiyon yoğunluğunda yapılan seleksiyonda ana ve baba hattında genetik ilerlemeler bakımından karşılaşılan bu farklılığa CA özelliği üzerindeki negatif etkisi olan özelliklerin ana hattında daha yüksek etkiye sahip olmasının neden olduğu düşünülmektedir.

Çizelge 4.42. Baba hattında seçilen özellikler için seleksiyon üstünlükleri, genetik ilerlemeler ve gerçekleşen kalıtım dereceleri

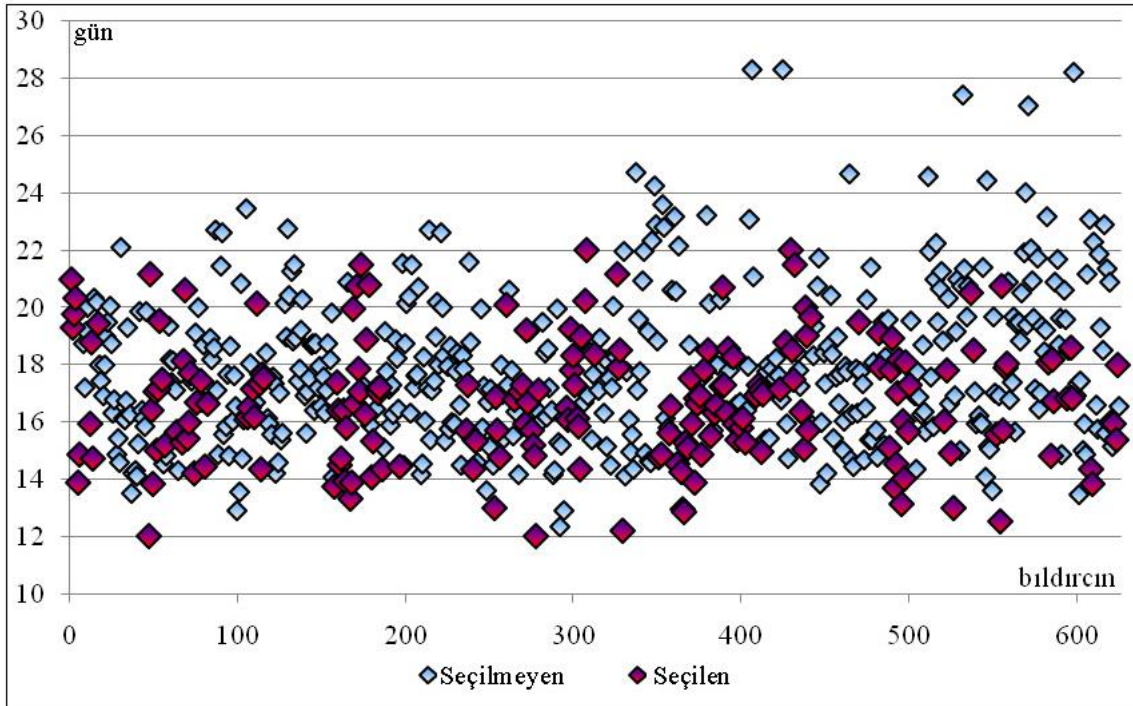
	Seleksiyon üstünlüğü	Genetik ilerleme	Gerçekleşen Kalıtım Derecesi
CA	16,7633	5,0300	0,3001
BNY	3,1411	1,9300	0,6144
YDO	-0,2345	-0,1600	0,6822
KV	1,9827	1,0100	0,5094

Daha önce de belirtildiği üzere seleksiyon üstünlüğü ve dolayısıyla seleksiyonla gerçekleşen genetik ilerleme seleksiyon yoğunluğu, fenotipik standart sapma, kalıtım derecesi, tek ya da çok özellik üzerinde durulması gibi pek çok faktörle ilgilidir ve aynı koşulları taşımayan çalışma sonuçlarını karşılaştırmak mümkün değildir. Araştırmada CA, BNY, YDO ve KV özellikleri bakımından *BHSS-1* sürüsünde seçilen bireylerin fenotipik değerleri sırasıyla Şekil 4.33, Şekil 4.34, Şekil 4.35 ve Şekil 4.36’da sunulmuştur.

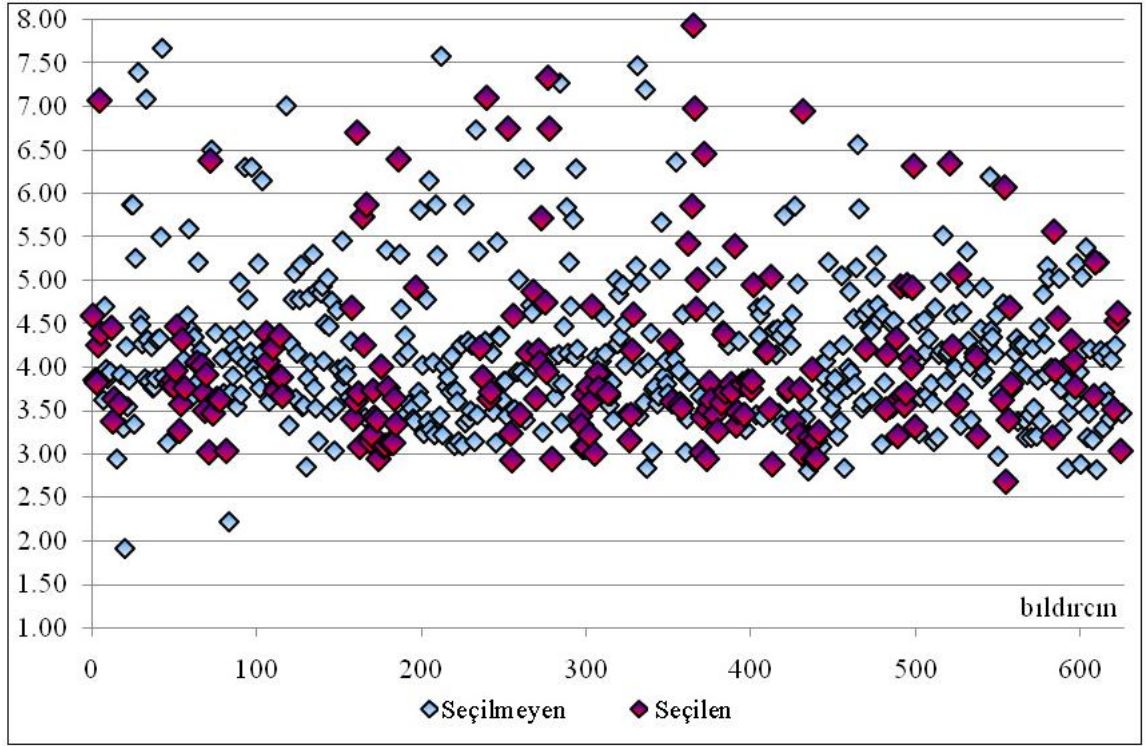
Kavuncu vd (1986) 5. hafta canlı ağırlığını arttırmak için 6 kuşak seleksiyon yapmış, en yüksek genetik ilerlemenin ilk kuşakta elde edildiğini bildirmiş, söz konusu özellik için seleksiyonla gerçekleşen kümülatif kalıtım derecesinin 0,50 olduğunu bildirmişlerdir. Uluocak vd (2002) 5. hafta canlı ağırlığını arttırmak için yaptıkları seleksiyon çalışmasında 1. kuşakta dişilerin % 50’sini, erkeklerin % 20’sini seçerek seleksiyon üstünlüğünün 22,6 g, seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemenin 8,05 g (% 3,88), gerçekleşen kalıtım derecesinin 0,36 olduğunu bildirmişlerdir.



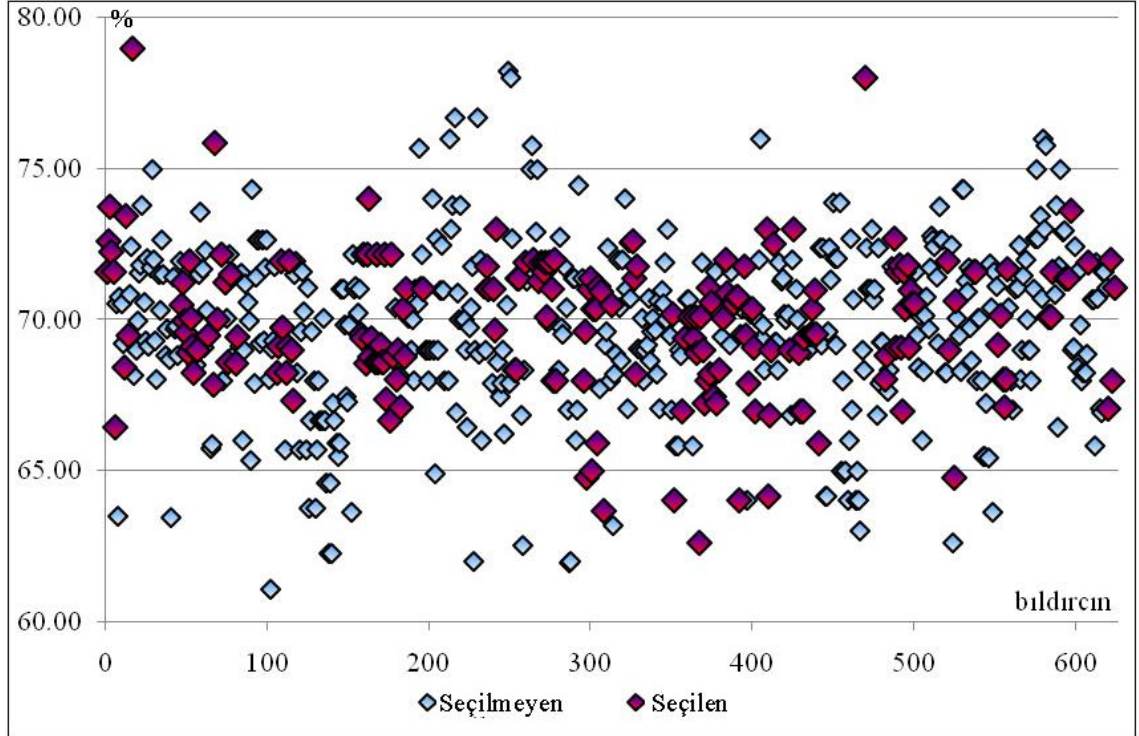
Şekil 4.33. BHSS-I’de CA özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı



Şekil 4.34. BHSS-I’de BNY özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı



Şekil 4.35. BHSS-I’de YDO özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı



Şekil 4.36. BHSS-I’de KV özelliği için seçilen ve seçilmeyen bireylerin fenotipik değerlerinin dağılımı

Literatürde bildiricilerde büyüme eğrilerinin bükülme noktası yaşı için yapılan bir seleksiyon çalışması bulunmamaktadır. Canlı ağırlık için yapılan seleksiyonun BNY üzerine dolaylı etkisini araştıran Anthony vd (1986, 1991) ağırlığı arttırılan grupta bükülme noktası yaşının azaldığını, iki özellik arasında negatif genetik ilişki olduğunu ileri sürmüştür. Benzer şekilde bu çalışmada da CA ile BNY özelliği arasında negatif genetik ilişki saptanmış, ancak uygulanan çok özellikli seleksiyon ile hem CA hem de BNY özelliği için genetik ilerlemeler sağlanmıştır. Varkoohi vd (2010) ilk dört haftalık yem dönüşüm oranı için 4 kuşaklık seleksiyon yapmış, 1. kuşakta seleksiyon üstünlüğünün % 10,22, genetik ilerlemenin % 8,21, gerçekleşen kalıtım derecesinin 0,80 olduğunu bildirmişlerdir. Varkoohi vd (2010) dört kuşak seleksiyon sonunda yem dönüşüm oranının 2,68'den 2,13'e indiğini, genetik ilerlemenin gitgide azaldığını ve gerçekleşen kümülatif kalıtım derecesinin 0,67 olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacılar 4 kuşak sonunda yem dönüşüm oranında % 20,52 iyileşme gözlenirken 4. hafta canlı ağırlığının da dolaylı olarak % 16,40 arttığını bildirmiş, yem dönüşüm oranı ile canlı ağırlık arasında negatif genetik korelasyon olduğunu ileri sürmüşlerdir. Varkoohi vd (2010) tarafından saptanan bulgular araştırma sonuçlarıyla uyum içerisinde bulunmuştur. Araştırmada uygulanan çok özellikli seleksiyon ile KV özelliğinde % 1,45'lik artış sağlanmıştır ($P<0,01$). Literatürde bildiricilerde karkas randımanı için gerçekleştirilen bir seleksiyon çalışması bulunmamaktadır. Ancak, canlı ağırlığı arttırmak için gerçekleştirilen çalışmaların çoğunda karkas veriminin değişmediği vurgulanmıştır (Campion vd 1982, Caron vd 1990, Oğuz vd 1996, Alkan vd 2010, Varkoohi vd 2010).

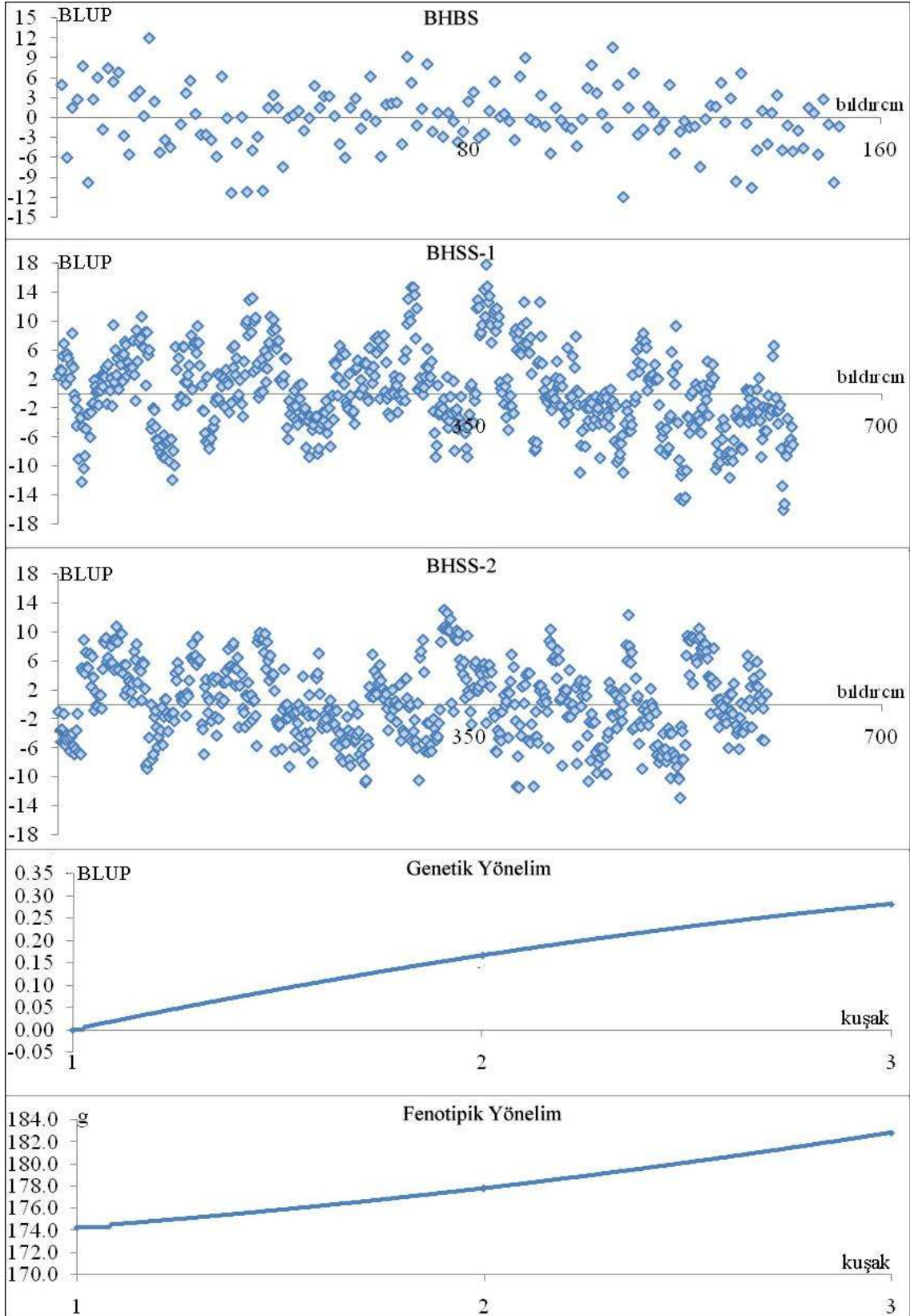
Ana hattı sürülerinde genetik değişimler incelenirken belirtildiği üzere seleksiyon denemelerinde ilk kuşaklarda sağlanan genetik ilerlemeler sonraki kuşaklardan yüksek olmaktadır (Caron vd 1990, Marks 1996, Nestor vd 2000, Khaldari vd 2011). Bu duruma eklemeli genetik varyanstaki azalmanın neden olduğu bilinmektedir. Oğuz ve Türkmüt (1999) uzun dönemli seleksiyon denemelerinde seleksiyon yoğunluğunu arttırarak seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemenin arttırılmasının mümkün olmayacağını, her kuşakta seçilen bireylerin sayısının azaltılmasının etkileri küçük fakat yararlı allelleri azaltacağını bildirmiş, seçilenlerin sayısı arttıkça genetik varyansın korunacağını ve genetik değişimin daha fazla olacağını ileri sürmüşlerdir. Araştırmada yapılan seleksiyon sonucunda CA ve KV özelliklerinin eklemeli genetik varyanslarında sırasıyla % 6 ve % 1 azalma gerçekleşmiş, BNY ve YDO özelliklerinin eklemeli genetik varyanslarında değişim olmamıştır. Benzer şekilde ana hattında da CA özelliğinin eklemeli genetik varyansında % 6'lık azalma saptanmıştır.

Araştırmada *BHSS-1* sürüsünde CA özelliğinin kalıtım derecesi 0,36 olarak tahmin edilirken *BHSS-2* sürüsünde 0,23 olarak tahmin edilmiştir. BNY, YDO ve KV özelliklerinin kalıtım derecesi tahminlerinde kuşaklar arasında önemli değişimler olmamıştır. *BHSS-1* sürüsünde CA ile BNY ve CA ile YDO özellikleri arasındaki genetik korelasyonlar sırasıyla -0,40 ve -0,09 olarak tahmin edilmiş, seleksiyon sonrasında *BHSS-2* sürüsünde aynı genetik korelasyonlarda negatif yönde önemli artışlar saptanmış, CA ile BNY ve CA ile YDO özellikleri arasındaki genetik korelasyonlar sırasıyla -0,74 ve -0,24 olarak tahmin edilmiştir. *BHSS-1* ve *BHSS-2* sürülerinde CA-KV, BNY-KV, BNY-YDO, YDO-KV özellikleri arasındaki genetik korelasyonlar bakımından önemli farklılıklar saptanmamıştır.

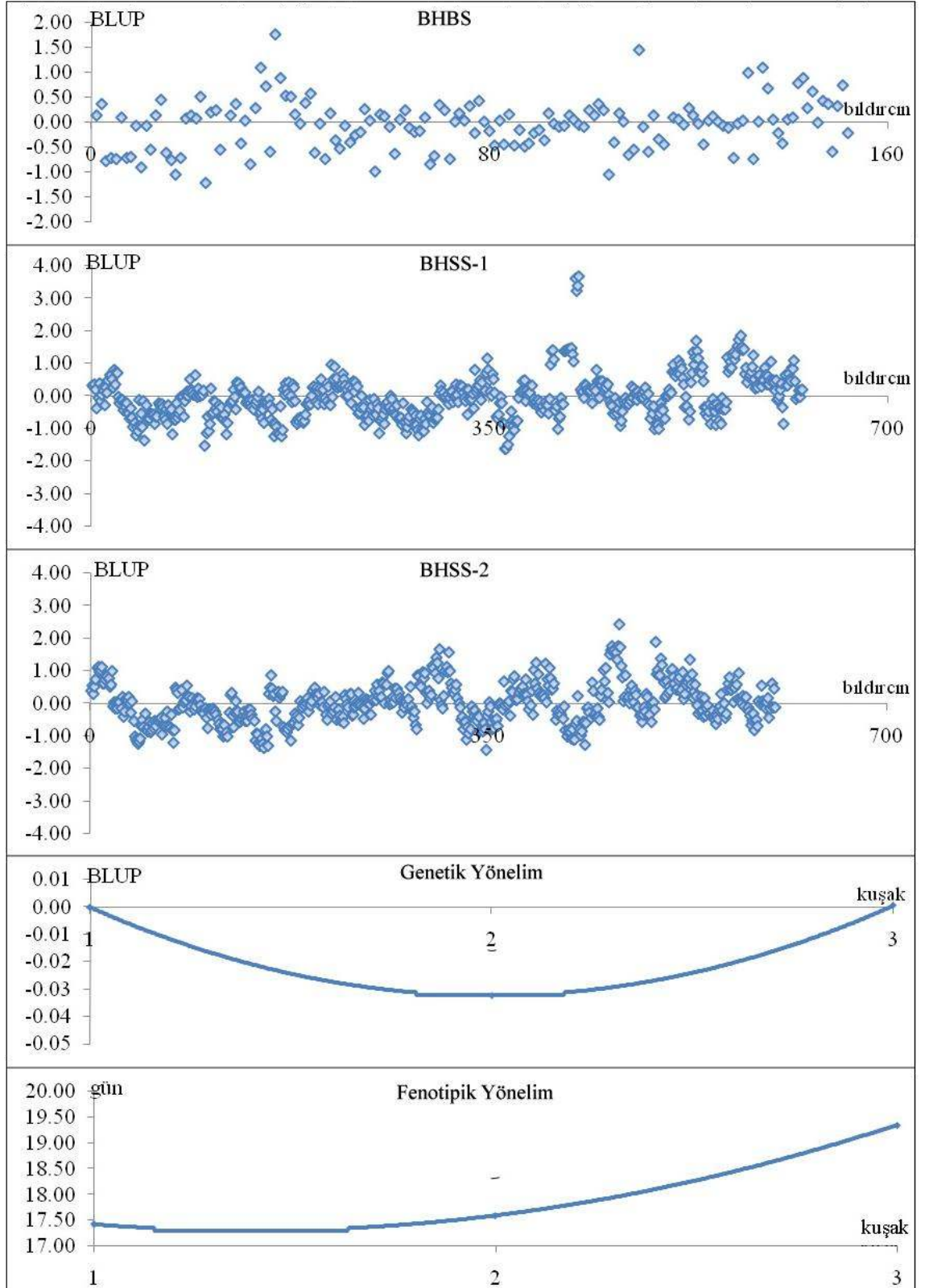
4.2.5. Genetik yönelim

Islah programlarının uygulandığı populasyonlarda hayvanların damızlık değerlerinin giderek yükselmesi beklenir. Belirli bir dönem içerisinde değerlendirilen farklı kuşaklara ait bireylerin damızlık değerlerine ait ortalamalar genetik yönelim olarak ifade edilmektedir. Genetik yönelimin tahmin edilmesi, yürütülen ıslah programının izlenmesi ve değerlendirilebilmesi açısından gerekli bir işlemdir (Kumlu 2003).

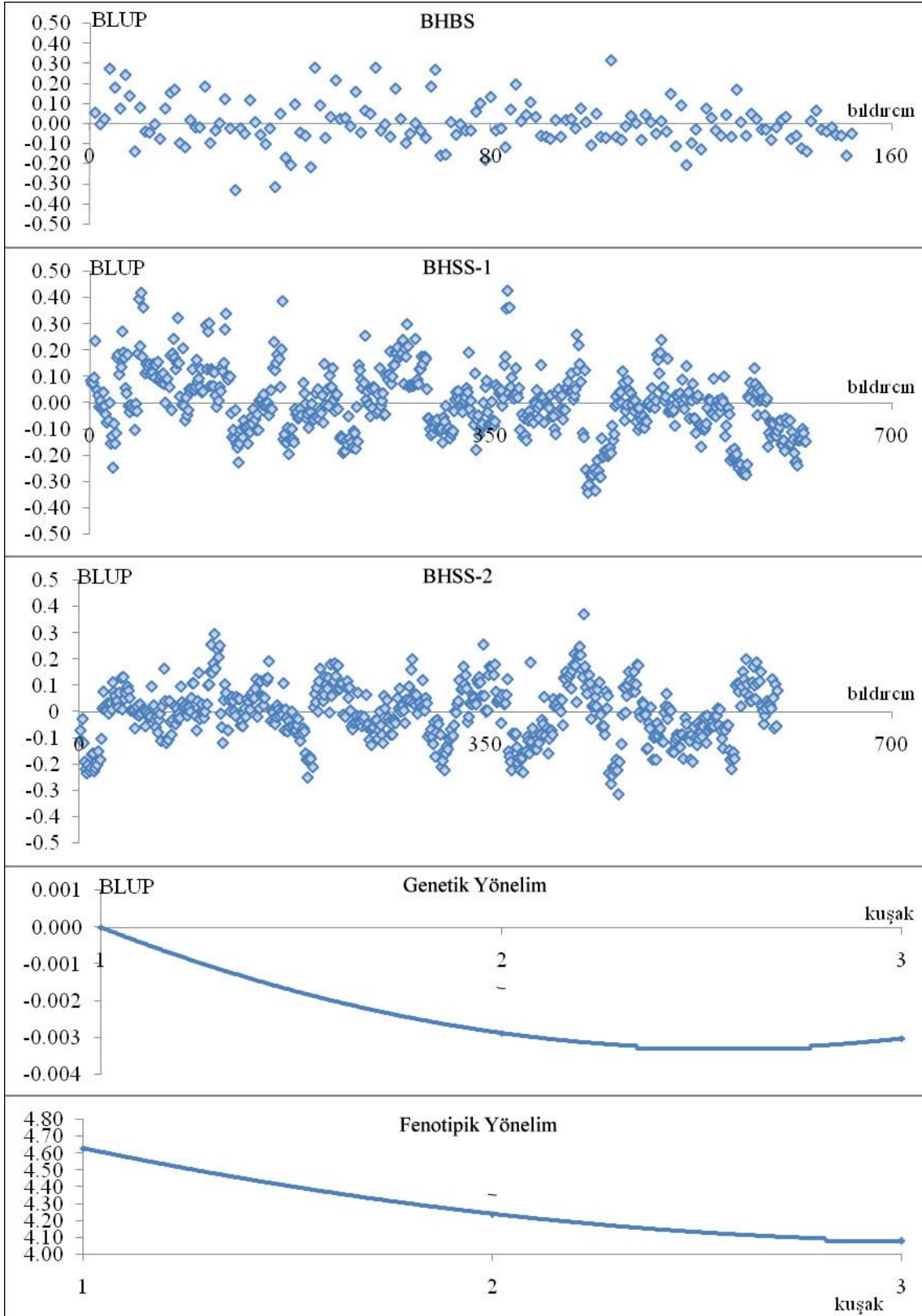
CA özelliği için *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* sürülerinde tahmin edilen BLUP değerlerinin ortalamaları sırasıyla -0,087, 0,053, 0,120 bulunmuştur. *AHBS*, *AHSS-1* ve *AHSS-2* sürülerinde BLUP ortalamaları BBH özelliği için 0,000109, -0,000013, 0,000043; YV özelliği için -0,399617, -0,015532, -0,068872; DO özelliği için -0,360538, -0,005145, -0,110020 olarak bulunmuştur. Araştırmada ana hattı sürülerinde CA, BBH, YV ve DO özellikleri için tahmin edilen BLUP değerleri, genetik ve fenotipik yönelimler sırasıyla Şekil 4.37, Şekil 4.38, Şekil 4.39 ve Şekil 4.40'da gösterilmiştir.



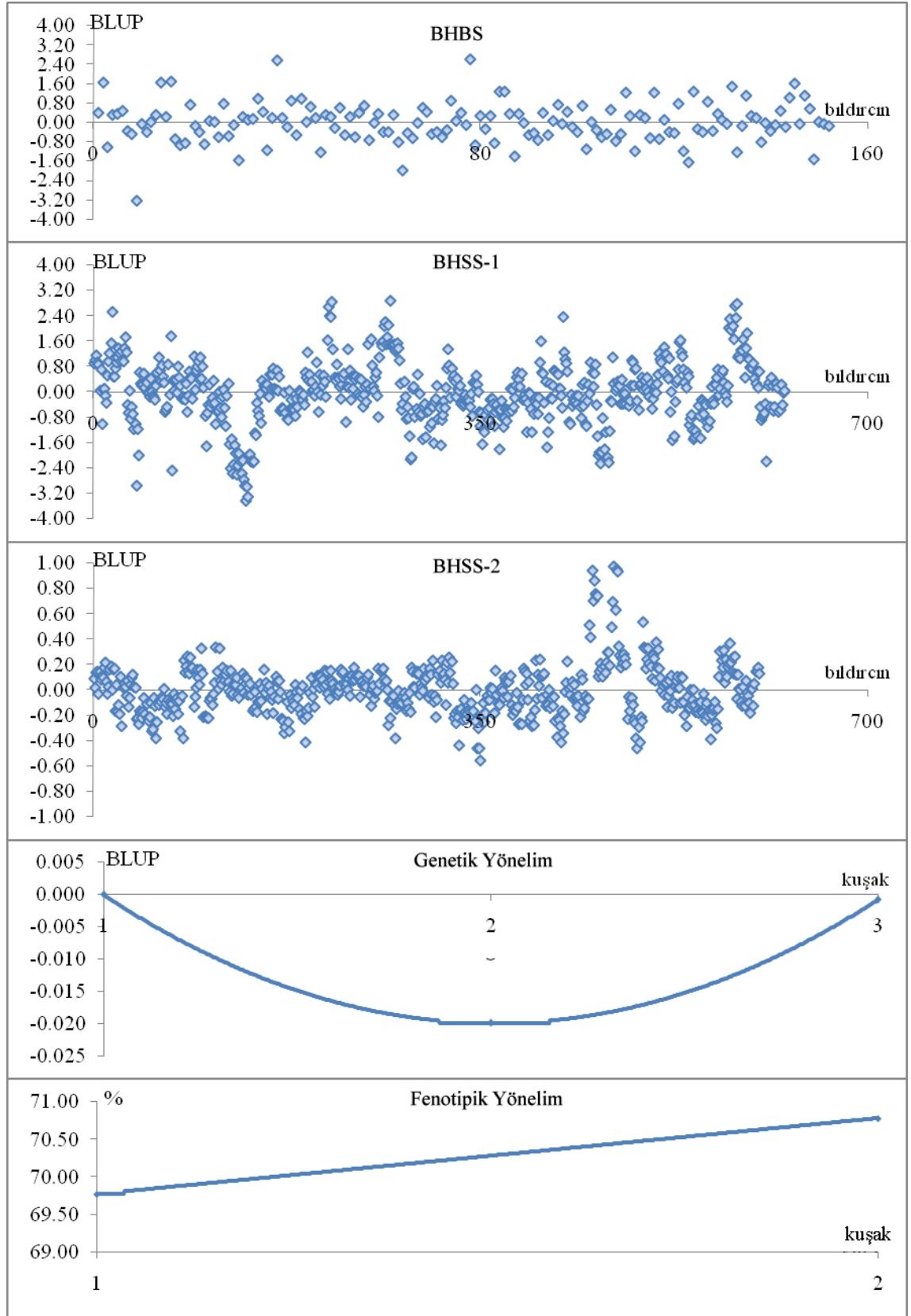
Şekil 4.37. Baba hattında CA (g) özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler



Şekil 4.38. Baba hattında BNY özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler



Şekil 4.39. Baba hattında YDO özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler



Şekil 4.40. Baba hattında KV özelliği için BLUP değerleri, fenotipik ve genetik yönelimlere ait grafikler

5. SONUÇ

Bu çalışmada pedigrı kaydı oluşturulan yaklaşık 5000 bıldırcın kullanılmış, çok özellikli karışık doğrusal modellerden birey modeli ile bıldırcın türünde ilk kez çok özellikli BLUP değerlerine göre iki paralel hatta seleksiyon gerçekleştirilmiş ve yöntem tanıtılmıştır. Modern kanatlı ıslahının ilk aşamalarından biri olan ana ve baba hatlarının geliştirilmesi, bunların hat içi seleksiyonunda uygulanacak yöntemler hakkında bilgi verilmiştir. Bunun yanında ebeveyn sürülerde ölçülmesi mümkün olmayan, ana hattında yumurta verimi (cinsiyete bağlı özellik) ve baba hattında karkas verimi özellikleri için mevcut tüm akrabalık bilgilerinden faydalanmaya olanak sağlayan karışık doğrusal model eşitlikleri ile damızlık değerler tahmin edilmiştir.

Ana hattında CA, BBH, YV, DO özellikleri, baba hattında CA, BNY, YDO, KV özellikleri seleksiyon kriterleri olarak kullanılmıştır. Her iki hatta da toplam 8 özellik için yapılan seleksiyon sonucunda ana hattındaki DO özelliği hariç tüm özellikler için istatistiksel olarak anlamlı genetik ilerlemeler sağlanmıştır ($P<0,01$). Japon bıldırcınlarında yapılan seleksiyon çalışmalarının çoğunda 4-6 haftalık yaşlara ait canlı ağırlıklar için fenotipik kitle seleksiyonu uygulanmış, seleksiyon sonrasında diğer özelliklerde gerçekleşen dolaylı etkiler incelenmiştir. Bu çalışmada canlı ağırlık ile yem dönüşüm oranı ($r_{g(CA-YDO)}$), döllülük oranı ($r_{g(CA-DO)}$), bağıl büyüme hızı ($r_{g(CA-BBH)}$); yumurta verimi ile döllülük oranı ($r_{g(YV-DO)}$), karkas randımanı ile yem dönüşüm oranı ($r_{g(KV-YDO)}$), bağıl büyüme hızı ile yumurta verimi ($r_{g(BBH-YV)}$) ve döllülük oranı ($r_{g(BBH-DO)}$), bükülme noktası yaşı ile yem dönüşüm oranı ($r_{g(BNY-YDO)}$) ve karkas randımanı ($r_{g(BNY-KV)}$) özellikleri arasındaki genetik korelasyonlar eklemeli genetik varyans-kovaryans unsurlarından faydalanılarak literatürde ilk kez tahmin edilmiştir.

Ana ve baba hatlarının her ikisinde de seleksiyon kriteri olan CA özelliği için kalıtım dereceleri *AHSS-1*'de 0,42, *BHSS-1*'de 0,36 olarak tahmin edilmiş, seleksiyon sonrasında söz konusu özellik bakımından *AHSS-1*'de % 1,92 genetik ilerleme gerçekleşirken, *BHSS-1*'de ise kalıtım derecesi daha düşük olmasına rağmen % 2,83 genetik ilerleme gerçekleşmiştir. Çok özellikli seleksiyon sonucunda *BHSS-2*'de gerçekleşen bu genetik ilerlemenin YDO özelliğindeki genetik iyileşmenin dolaylı etkisiyle gerçekleştiği düşünülmektedir. Çalışmada hem ana hem de baba hattında Gompertz doğrusal olmayan regresyon modeli ile büyüme analizleri gerçekleştirilmiş, ana hattında BBH, baba hattında BNY özellikleri seleksiyon kriterleri olarak kullanılmıştır. Her iki özelliğin de ergin yaş canlı ağırlıklarıyla negatif genetik ilişkili olduğu belirlenmiş, buna rağmen canlı ağırlığı arttırmaya yönelik çok özellikli bir ıslah programıyla geliştirilebilecekleri ortaya konulmuştur. Benzer şekilde canlı ağırlık ile yumurta verimi ve canlı ağırlık ile karkas randımanı özellikleri arasında da negatif genetik ilişkiler tahmin edilmiş, çok özellikli karışık doğrusal model eşitliklerinden faydalanılarak yapılan seleksiyon sonucunda söz konusu özelliklerin tümünde önemli genetik ilerlemeler elde edilmiştir.

Seleksiyon denemelerinde eklemeli genetik varyanstaki azalmadan dolayı aynı seleksiyon yoğunluğunda genetik ilerlemenin zamanla azalması beklenmektedir. Çok özellikli seleksiyon ile eklemeli genetik varyanstaki azalma daha yavaş olmaktadır ve bu durum da ıslah çalışmalarının sürdürülebilirliği açısından önem taşımaktadır. Ancak çok özellikli seleksiyon yöntemlerinde eklemeli genetik varyanslarda azalma

gözlenirken özellikler arasındaki negatif kovaryansların yükselmesi söz konusudur. Bu durum da ıslah çalışmalarının sürdürülebilirliğini sınırlayıcı bir etkiye sahiptir. Araştırmada çok özellikli seleksiyon ile ana hattında CA, BBH, YV, DO, baba hattında CA₃₅ ve KV özelliklerinin eklemeli genetik varyanslarında sırasıyla % 6, % 1, % 6, % 8, % 6 ve % 1 azalma gerçekleşmiş, BNY ve YDO özelliklerinin eklemeli genetik varyanslarında değişim olmamıştır. Bunun yanında seleksiyon sonrasında ana hattında canlı ağırlık ile yumurta verimi ($r_{g(CA-YV)}$) ve döllülük oranı ($r_{g(CA-DO)}$), bağıl büyüme hızı ile döllülük oranı ($r_{g(BBH-DO)}$), baba hattında ise canlı ağırlık ile bükülme noktası yaşı ($r_{g(CA-BNY)}$) özellikleri arasındaki negatif genetik korelasyonlarda önemli artışlar olduğu belirlenmiştir. Söz konusu özellikler arasındaki negatif genetik korelasyonların ilerleyen kuşaklarda daha da yükseleceği göz önünde bulundurulduğunda, her özellik için eşit ağırlıklarla gerçekleştirilecek seleksiyonu sürdürmek mümkün olamayacaktır. Bu duruma eklemeli genetik varyanslardaki azalma ve özellikler arasındaki negatif yöndeki eklemeli genetik kovaryanslardaki artış neden olmaktadır.

Çok özellikli seleksiyon ile ilerleyen kuşaklarda özellikler bakımından sürüler belirli bir genetik platoya ulaştıktan sonra aynı seleksiyon yöntemiyle seçilen bireyler için hesaplanan seleksiyon üstünlüğünün sıfıra yakın olacağı ve genetik ilerlemenin mümkün olmayacağı düşünülmektedir. Çok özellikli seleksiyon ile genetik ilerleme mümkün olduğu kadar yükseldikten sonra ana hattından şansa bağlı olarak 3 yeni hat, baba hattından da iki yeni hat oluşturulmalıdır. Elde edilecek 3 yeni ana hattında CA, YV ve DO özellikleri ve 2 yeni baba hattında CA ve BNY özellikleri için farklı ağırlık katsayıları kullanılmalı ve her bir hatta bir özellik diğerlerinden daha yüksek ağırlık alarak seleksiyon sürdürülmeli ve belirli aralıklarla önemli heterozis elde etmek amacıyla hatların test melezlemesi yapılması gerekmektedir. Böylece eklemeli gen etkileri bakımından saflaştırılan 3 ana ve 2 baba hatlarının melezlenmesi sonucunda elde edilecek yeni 2'li, 3'lü ve 4'lü melez kombinasyonlarında eklemeli olmayan gen etkilerinin araştırılması ve hibrit nitelikli melezler elde edilmesi mümkün olabilecektir.

Islah çalışmaları yüksek kaynak, yeterli fiziksel altyapı, uzun süre ve sabır gerektirmektedir. Bu çalışmada sınırlı kaynaklar ile ancak iki hat üzerinde durulabilmiş ve kısa bir proje uygulama süresinde (18 ay) çok özellikli karışık model eşitlikleri kullanılarak sadece bir kuşaklık seleksiyona yer verilebilmiştir. Fakat et verim yönlü bıldırcın ıslahı konusunda yapılması gereken uygulamalar ve yöntemler detaylı bir şekilde sunulmuştur. Islah konusunda akrabalık matrislerinin oluşturulmasından tek ya da çok özellikli genetik parametre tahminlerine, karışık model eşitliklerinin çözümlerine kadar tüm uygulamalar için SAS program kodları ıslah ile ilgili araştırmacıların kullanımına sunulmuştur. Bu çalışma farklı kanatlı türlerinde de yapılacak ıslah çalışmalarına kaynak oluşturabilmesi için uygun bir şekilde kurgulanmıştır.

6. KAYNAKLAR

- ABDEL-FATTAH, M.H. 2006. Selection for increased body weight and growth rate in Japanese quail. Ph.D. Thesis (unpublished), Faculty of Agriculture, Al-Azhar University, Cairo, Egypt, 186 p.
- ABDEL-MOUNSEF, N.A. 2005. Non genetic factors affecting some productive traits in Japanese quail. M.Sc. Thesis (unpublished), Faculty of Agriculture, Al-Azhar University, Cairo, Egypt, 122 p.
- ABOUL-HASSAN, M.A. 2000. Comparative study of growth traits in two strains of Japanese quail. *Fayoum J. Agric. Res. and Dev.*, 14:189-197.
- ABOUL-HASSAN, M.A. 2001. Selection for high egg production in Japanese quail. 1- Direct and correlated responses. *Al-azhar Journal of Agricultural Research*, 34: 25-40.
- ABOUL-SEUD, D.I.M. 2008. Divergent selection for growth and egg production traits in Japanese quail. Ph.D. Thesis (unpublished), Faculty of Agriculture, Al-Azhar University, Cairo, Egypt, 174 p.
- AGGREY, S.E. 2002. Comparison of three non-linear and spline regression models for describing chicken growth curves. *Poultry Science*, 81: 1782–1788.
- AGGREY, S.E., ANKRA-BADU, B.A. and MARKS, H.L. 2003. Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. *Poultry Science*, 82: 538–542.
- AGGREY, S.E. 2004. Modelling the effect of nutritional status on pre-asymptotic and relative growth rates in a random-bred chicken population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121 (4): 260-268.
- AGGREY, S.E. 2009. Logistic nonlinear mixed effects model for estimating growth parameters. *Poultry Science*, 88: 276–280.
- AKBAR, M.K., GYLES, N.R. and BROWN, C.J. 1986. Theory and application of selection indices for the improvement of modern poultry stocks. *Bulletin*, Arkansas Agricultural Experiment Station, Arkansas University. No. 888.
- AKBAŞ, Y. 1994. Damızlık degerin “en iyi sapmasız tahminleyicisi” BLUP yöntemi. *Hayvansal Üretim*, 35: 13-22.
- AKBAŞ, Y. 1995. Seleksiyon indeksi ve farklı BLUP uygulamalarının karşılaştırılması. 2. *Ulusal Ekonometri ve İstatistik Sempozyumu*, İzmir, bildiri kitabı: 393-406.
- AKBAŞ, Y., and OĞUZ, I. 1998. Growth curve parameters of line of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four-week body weight. *Archiv für Geflügelkunde*, 62: 104–109.

- AKBAŞ, Y. and YAYLAK, E. 2000. Heritability estimates of growth curve parameters and genetic correlations between the growth curve parameters and weights at different age of Japanese quail. *Archiv für Geflügelkunde*, 64 (4): 141-146.
- AKBAŞ, Y., TAKMA, Ç. and YAYLAK, E. 2004. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *South African Journal of Animal Science*, 34: 104-109.
- AKŞİT, M. 1996. Japon bıldırcınlarında (*coturnix coturnix Japonica*) canlı ağırlık yönünde yapılan seleksiyonun kimi verim özelliklerine etkisi. *Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 7: 1-4.
- AKŞİT, M., OĞUZ, İ., AKBAŞ, Y., ALTAN, Y. and ÖZDOĞAN, M. 2003. Genetic variation of feed traits and relationships to some meat production traits in Japanese quail (*coturnix coturnix Japonica*). *Archiv für Geflügelkunde*, 67 (2): 76-82.
- ALKAN, S., MENDEŞ, M., KARABAĞ, K. and BALCIOĞLU, M. S. 2009. Effects short term divergent selection for 5-week body weight on growth characteristics in Japanese quail. *Archiv Für Geflügelkunde*, 73 (2): 124-131.
- ALKAN, S., KARABAĞ, K., GALİÇ, A., KARSLI, T. and BALCIOĞLU, M.S. 2010. Determination of body weight and some carcass traits in Japanese quails (*coturnix coturnix Japonica*) of different lines. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 16 (2): 277-280.
- ALKAN, S., NARİNÇ, D., KARSLI, T., KARABAĞ, K. and BALCIOĞLU, M.S. 2012. Effects of thermal manipulations during early and late embryogenesis on growth characteristics in Japanese quails. *Archiv für Geflügelkunde*, 76 (3): 184-190.
- ALTAN, Ö., OĞUZ, İ., AKBAS, Y., and AKŞİT, M. 2004. Genetic variability of residual feed consumption (RFC) and its relationships with some production traits and fear response in Japanese quail hens (*coturnix coturnix japonica*). *Archive für Geflügelkunde*, 68 (5): 223-229.
- ANTHONY, N.B., NESTOR, K.E. and BACON, W.L. 1986. Growth curves of Japanese quail as modified by divergent selection for 4-week body weight. *Poultry Science*, 65: 1825-1833.
- ANTHONY, N.B., EMMERSON, D.A., NESTOR, K.E. BACON, W.L. SIEGEL, P.B. and DUNNINGTON, E.A. 1991. Comparison of growth curves of weight selected populations of turkeys, quail and chickens. *Poultry Science*, 70: 13-19.
- ANTHONY, N.B., NESTOR, K.E. and MARKS, H.L. 1996. Short term selection for four-week body weight in Japanese quail. *Poultry Science*, 71: 1985-1993.
- ARITÜRK, E., AKSOY, F.T. and SENGÖR, E. 1978. Bıldırcınlarda (*coturnix coturnix Japonica*) kalıtım dereceleri ve çeşitli korelasyonların saptanmasında çevre şartlarının etkisi. Tübitak Proje No. VHAG-357, Ankara.

- ARSLAN, S. ve KARA, K. 2003. Box-Cox transformasyonunun yumurta verimlerine ait genetik ve fenotipik parametre tahminlerine etkisi. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 13 (1): 1-7
- AULCHENKO, Y. S., RIPKE, S., ISAACS, A. and VAN DUIJN, C.M. 2007. GenABEL: an R package for genome-wide association analysis. *Bioinformatics*, 23: 1294-1296.
- BAHIE EL-DEEN, M. 1991. Selection and correlated response for dressing percentage in Japanese quail. M. Sc. Thesis (unpublished), Faculty of Agriculture, Alexandri. University, Egypt, 134 p.
- BAHIE EL-DEEN, M., SHEBL, M.K., ABDALLAH, G.A. and DEBES, A.B. 2005. Using selection index to improve some performance traits in Japanese quail females. *Egypt Poultry Science*, 25 (II): 449-460.
- BAHIE EL-DEEN, M., EL TAHAWY, W.S., ATTIA, Y.A. and MEKY, M.A. 2008. Inheritance of age at sexual maturity and its relationships with some production traits of Japanese quails. *Egypt Poultry Science*, 28: 1217-1232.
- BAIK, D. H. and MARKS, H.L. 1993. Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environments 7. Heterosis and combining ability among diallel crosses following twenty-seven generations of selection. *Poultry Science*, 72: 1449-1458.
- BALCIOĞLU, M.S., YOLCU, H.I., FIRAT, M.Z., KARABAĞ, K. and ŞAHİN, E. 2005. Japon bıldırcınlarında canlı ağırlık ve canlı ağırlık artışına ait genetik parametre tahminleri. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 17 (1): 81-85.
- BARBATO, G. F. 1992. Divergent selection for exponential growth rate at fourteen or forty-two days of age. 1. Early responses. *Poultry Science*, 71: 1985-1993.
- BARBATO, G. F., CRAMER, P. and HAMMERSTEDT, R. H. 1998. Evaluation of an in vitro sperm-egg binding assay assessing male infertility. *Biology of Reproduction*, 58: 686-699.
- BAYLAN, M., AYASAN, T. ULUOCAK, A.N. and OKAN, F. 1997. The effect of sex and age on growing parameters in quails. Proceedings of *the Trakya Region II. Animal Symposium*, (TRAS'97), Tekirdağ, Turkey, pp: 331-334.
- BAYLAN, M. ve ULUOCAK, A.N. 1999. Bıldırcınlarda değişik yaşlardaki canlı ağırlığa göre seleksiyonun verimliliği. YUTAV'99 Uluslararası Tavukçuluk Fuarı ve Konferansı, İstanbul, Bildiri kitabı: 626-632.
- BAYLAN, M., CANOĞULLARI, S., ŞAHİN, A. ÇOPUR, G. and BAYLAN, M. 2009. Effects of different selection methods for body weight on some genetic parameters in Japanese quail. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 8 (7): 1385-1391.

- BEAUMONT, C. 1992. Genetic parameters of the duration of fertility in hens. *Canadian Journal of Animal Science*, 72: 193–201.
- BECKER, W. A. 1992. Manual of quantitative genetics. 5th ed. Academic Enterprises, Pullman, WA.
- BELONSKY, G.M. and KENNEDY, B.W. 1988. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. *Journal of Animal Science*, 68: 1124-1130.
- BESBES, B., DUCROCQ, V., FOULLEY, J.L., PROTAIS, M., TAVERNIER, A., TIXIER BOICHARD, M. and BEAUMONT, C. 1992. Estimation of genetic parameters of egg production traits of laying hens by restricted maximum likelihood applied to a multiple-trait reduced animal model. *Genetics Selection Evolution*, 24: 539-552.
- BESBES, B., DUCROCQ, V., FOULLEY, J. L., PROTAIS, M., TAVERNIER, A., TIXIER BOICHARD, M. and BEAUMONT, C. 1993. Box-Cox transformation of egg-production traits of laying hens to improve genetic parameter estimation and breeding evaluation. *Livestock Production Science*, 33:313–326.
- BİLGİN, Ö.C. ve ESENBUĞA, N. 2003. Doğrusal olmayan büyüme modellerinde parametre tahmini. *Hayvansal Üretim*, 44 (2): 81-90.
- BONOS, E., CHRISTAKI, P. and FLOROU, P. 2010. Performance and carcass characteristics of Japanese quail as affected by sex or mannan oligosaccharides and calcium propionate. *South African Journal of Animal Science*, 40(3): 173-184.
- BOX, G.E.P., and COX, D.R. 1964. An analysis of transformations. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B (Statistical Methodology)*, 26:211–252.
- CAMCI, Ö., ERENSAYIN, C. and AKTAN, S. 2002. Relations between age at sexual maturity and some production characteristics in quail. *Archiv Fur Geflugelkunde*, 66: 280-282.
- CAMPION, D.R., MARKS, H.L. and RICHARDSON, L.R. 1982. An analysis of satellite cell content in the semimembranosus muscle of Japanese quail (*coturnix coturnix Japonica*) selected for rapid growth. *Acta Anatomica*, 112: 9–13.
- CARON, N., MINVIELLE, F., DESMARAIS, M. and POSTE, L.M. 1990. Mass selection for 45-day body weight in Japanese quail: Selection response, carcass composition, cooking properties, and sensory characteristics. *Poultry Science*, 69: 1037-1045.
- CHAHIL, P.S. and JOHNSON, W.A. 1974. Intra-sire regression of offspring on dam as a measure of the additive genetic variance for five week body weight in *coturnix coturnix Japonica*. *Poultry Science*, 53: 2070-2072.

- CHAMBERS, J.R. 1990. Genetics of growth and meat production in chickens. Pages 599–643 in: Poultry Breeding and Genetics. R. D. Crawford, ed. Elsevier Science Publishing Co., New York.
- CHUMPAWADEE, S. CHINRASRI, O. and SANTAWEESEK, S. 2009. Effect of dietary inclusion of cassava yeast as probiotic source on growth performance and carcass percentage in Japanese quails. *Pakistan Journal of Nutrition*, 8 (7): 1036-1039.
- CRAWFORD, R.D. 1990. Origin and history of poultry species. in: Poultry Breeding and Genetics (Crawford, R.D., Ed.), Elsevier, Amsterdam, The Netherlands, pp. 1-41.
- DARDEN J.R. and MARKS, H.L. 1988a. Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environments. 1. Genetic and correlated responses to selection. *Poultry Science*, 67: 519–529.
- DARDEN, J.R. and MARKS, H.L. 1988b. Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environments. 2. Influence of selection for growth on water and feed intake patterns, abdominal fat and carcass lipid characteristics. *Poultry Science*, 67, 1111-1122.
- DECUYPERE, E., MALHEIROS, R.D., MORAES, V.M.B., BRUGGEMAN, V. 2003. Fisiologia do embrião. in: MACARI, M.; GONZALES, E. Manejo da incubação. Campinas: FACTA, p.65-94.
- DEEB, N. and LAMONT, S.J. 2002. Genetic architecture of growth and body composition in unique chicken populations. *Journal of Heredity*, 93: 107–118.
- DEVI K, S., GUPTA, B.R., PRAKASH, M.G., QUDRATULLAH, S. and REDDY, A.R. 2010. Genetic studies on growth and production traits in two strains of Japanese quails. *Tamilnadu Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 6 (5): 223-230.
- DİNÇ, Z. 1988. Japon bıldırcınlarında (*coturnix coturnix Japonica*) 5. hafta canlı ağırlığa ait genetik varyans unsurlarının çeşitli metotlarla yapılan tahminleri arasındaki uyum. Yüksek lisans tezi (basılmamış), Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, 89 s.
- DIONELLO, N.J.L., CORREA, G.S.S., SILVA, M.A., CORREA, A.B. and SANTOS, G.G. 2008. Genetic trajectory estimates of meat type quail lines using random regression models. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 60: 454-460.
- DRBOHLAV, V. and METODIEV, S. 1996. Possibility of selection on laying intensity in Japanese quail (*coturnix coturnix Japonica*). *Bulgarian Journal of Agriculture Science*, 2: 497-500.
- DÜZGÜNES, O., ELİÇİN, A. ve AKMAN, N. 2003. Hayvan Islahı. III. Baskı. A.Ü. Ziraat Fak. Yayınları., Yayın No: 1437, Ders Kitabı: 419.

- EISEN, J.S., MYERS, P.Z. and WESTERFIELD, M. 1986. Pathway selection by growth cones of identified motoneurons in live zebrafish embryos. *Nature*, 320: 269-271.
- EL-FIKY, F.A. 1991. Genetic studies on some economic traits in Japanese quail. Ph.D. Thesis (unpublished), Faculty of Agriculture, Al-Azhar University, Cairo, Egypt.
- EL-FIKY, F.A. and ABOUL-HASSAN, M. A. 1994. Inheritance of feed utilization during different laying periods in Japanese quail. 1. Variance components and heritabilities. *Al-azhar journal of Agricultural Research*, 20: 71-86.
- EL-FIKY, F.A., SHAMMA, T.A. and EL-OKSH, H.A. 1994. Genetic parameters of some productive and reproductive traits in Japanese quail. *Faculty of Meteorology, Environment and Arid Land Agriculture Science Journal*, 5: 45-60.
- EL-FIKY, F.A. and ABOUL-HASSAN, M.A. 1995. Inheritance of feed utilization during different laying periods in Japanese quail. 2. Genetic and phenotypic correlations. *Al-azhar journal of Agricultural Research*, 21: 439 – 452.
- EL-FIKY, F.A. ABOULHASSAN, M.A. BATTA, S.S. and ATTALAH, G.E. Y. 2000. Comparative study of egg production traits in two strains of Japanese quail. *Fayoum Journal of agricultural Research and Development*, 14: 198-205.
- EL-FIKY, F.A. 2005. Selection for high body weight at sex weeks of age in Japanese quail. Direct and correlated responses. *Al-azhar journal of Agricultural Research*, 42: 15-27.
- EL-FULL, E.A., ALI, A.A., ABDEL FATTAH, M.H. and KHALIFA, M. A. 2001. Genetic parameters of some carcass characteristics and chemical composition in Japanese quail. *Egypt Poultry Science*, 21: 741-763.
- EL-IBIARY, H.M., GODFREY, E.F. AND SHAFFINER, C.S. 1966. Correlation between growth and reproductive traits in Japanese quail. *Poultry Science*, 45: 463-468.
- EL-SAYED, T.M., ABDEL-NABY, F.M. and YEHIA, G.M. 1993. Feed efficiency inheritance in Japanese quail. 3- Correlated responses. *Egypt Poultry Science*, 13: 103-109.
- EMMERSON, D.A. 1997. Commercial approaches to genetic selection for growth and feed conversion in domestic poultry. *Poultry Science*, 76: 1121–1125.
- ERENSAYIN, C. 2002. Japon bıldırcınlarında (*coturnix coturnix Japonica*) ebeveyn yaşının döllülük, embriyonik ölüm ve çıkım gücüne etkisi. *Hayvancılık Araştırma Dergisi*, 12 (1): 47–50.
- ERSOY, I.E., MENDEŞ, M. and AKTAN, S. 2006. Growth curve establishment for American Bronze turkeys, *Archiv Tierzucht*, 49 (3): 293-299.

- FALCONER, D.S. and MACKAY, T.F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics (4th Ed.), Longman, London, 358 p.
- FAO. 2010. Poultry meat and eggs. Viale delle Terme di Caracalla, Rome, Italy, 257 p.
- FIRAT, M.Z. 1996. A comprehensive review of history and use of variance components with special reference to animal breeding. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 20 (5): 343-351.
- FIRAT, M.Z. and BEK, Y. 1997. Investigation of maximum likelihood methods for variance component estimations. *Çukurova University Journal of Agriculture Faculty*, 12 (1): 1-8.
- FIRAT, M.Z. 2000. Dengeli iki-seviyeli şansa bağlı iç-içe düzenlenmiş denemelerde varyans bileşenlerinin tahmini için varyans analiz, maksimum olabilirlik ve kısıtlanmış maksimum olabilirlik metotlarının karşılıklı olarak incelenmesi. *Anadolu Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 1: 105-113.
- FOSTER, W.H. 1991. The estimation of rate of lay from partrecord data. *British Poultry Science*, 22: 399-405.
- FRIARS, G.W. 1984. Relationships among growth, carcass composition and feed utilization in broilers. *The Thirty-Third National Breeders Conference*, St. Louis, Missouri, proceeding book: 88-93.
- GAYA, L.G., FERRAZ, J.B. REZENDE, F.M. MOURÃO, G.B. MATTOS, E.C. ELER, J.P. and MICHELAN FILHO, T. 2006. Heritability and genetic correlation estimates for performance and carcass and body composition traits in a male broiler line. *Poultry Science*, 85: 837-843.
- GHOSH, H. K., HALDER, G., SAMANTA, G. and KOLEY, S. 2008. Effect of dietary supplementation of organic acid and mannan oligosaccharide on the plasma minerals and carcass traits of Japanese quail (*coturnix coturnix Japonica*). *Research in Veterinary Science Journal*, 1: 44-49.
- GIANOLA, D., IM, S., FERNANDO, R.L. and FOULLEY, J.L. 1990. Mixed model methodology and the Box-Cox transformation: A Bayesian approach. User Notes. Springer-Verlag, Berlin, 98 p.
- GILDERSLEEVE, R.P., SATTERLEE, D.G., SCOTT, T.R., MCREE, D.I., PARKHURST, C.R. and COOK, M.E. 1987. Hematology of Japanese quail selected for high or low serum corticosterone responses to complex stressors. *Comparative Biochemistry and Physiology*, 86: 569-573.
- GÖĞER, H., YURTOĞULLARI, Ş. ve AKMAN, N. 2007. Kahverengi yumurtacı saf hatların yumurta verim özellikleri bakımından seleksiyonu. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 7 (1): 5-10.

- GÖĞER, H., YURTOĞULLARI, Ş. and DEMİRTAŞ, Ş.E. 2010. Effects of applied index selection approach on egg production traits in two pure breed brown egg layers, *Trends in Animal and Veterinary Science Journal*, 1(2): 75-78.
- GORDON, S.H., and CHARLES, D.R. 2002. Niche and organic chicken products. Nottingham, K., University Press.
- GOWE, R.S., FAIRFULL, R.W., MCMILLAN, I. and SCHMIDT, G.S. 1993. A strategy for maintaining high fertility and hatchability in a multiple-trait egg stock selection program. *Poultry Science*, 72: 1433-1448.
- GRIFFIN, H. 1996. Understanding genetic variation in fatness in chickens. Pages 35–38 *In Annual Report 95/96*. Roslin Institute, Edinburgh, UK.
- GULATI, D.P., NAKAMURA, T. and TANABE, Y. 1981. Diurnal variations in plasma LH, progesterone, testosterone, estradiol, and estrone in the Japanese quail. *Poultry Science*, 60: 668-673.
- 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.
- HARTMANN, W. 1989. From Mendel to multinational in poultry breeding. *World's Poultry Science Journal*, 45: 5–26.
- HARVILLE, D.A. 1977. Maximum Likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. *Journal of the American Statistical Association*, 72: 320-338.
- HAVENSTEIN, G.B., FERKET, P.R. and QURESHI, M.A. 2003. Growth, livability and feed conversion of 1957 versus 2001 Broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*, 82: 1500-1508.
- HENDERSON, C.R. 1984. Application of linear models in animal breeding, University of Guelph, 461 p.
- HENDERSON, C.R. 1986. Recent developments in variance and covariance estimations. *Journal of Animal Science*, 63: 208-216.
- HIDALGO, A.M., MARTINS, E.N., DOS SANTOS A.L., DE QUADROS T.C.O., TON, A.P.S. and TEIXEIRA, R. 2011. Genetic characterization of egg weight, egg production and age at first egg in quails. *The Revista Brasileira de Zootecnia*, 40 (1): 95-99.
- HUNTON, P. 2006. 100 Years of poultry genetics. *World's Poultry Science Journal*, 62: 417-428.
- HYANKOVA, L., KNIZETOVA, H., DEDKOVA, L. and HORT, J. 2001. Divergent selection shape of growth curve in Japanese quail 1. Responses in Growth parameters and food conversion. *British Poultry Science*, 42: 583-589.

- HYANKOVA, L., LAŠTOVKOVA, J., MOHSEN, A. and SZEBESTOVA, Z. 2003. Carcass analysis in Japanese quail divergently selected for shape of growth curve. *54th Annual meeting of EAAP*, Roma, Italy, proceeding book: 66.
- HYÁNKOVÁ, L. and NOVOTNÁ, B. 2007. Divergent selection for shape of growth curve in Japanese quail. 3. Onset of sexual maturity and basic characteristics of early lay. *British Poultry Science* 48 (5): 551-558.
- HYANKOVA, L., NOVOTNA, B. and DARRAS, V.M. 2008. Divergent selection for shape of growth curve in Japanese quail. 4. Carcass composition and thyroid hormones. *British Poultry Science* 49: 96-102.
- HYANKOVA, L. and KNIZETOVA, H. 2009. Divergent selection for shape of growth curve in Japanese quail. 5. Growth pattern and low protein level in starter diet. *British Poultry Science* 50 (4): 451-8.
- İNAL, Ş., DERE, S., KIRIKÇI, K. ve TEPELİ, C., 1996. Japon bıldırcınlarında canlı ağırlığa göre seleksiyonun yumurta verimi, yumurta ağırlığı, fertilite, kuluçka randımanı ve yaşam gücüne etkileri. *Veteriner Bilimleri Dergisi*, 12 (2): 5-14.
- İPEK, A., ŞABAN, Ü. and YILMAZ, B. 2004. The effect live weight, male to female ratio and breeder age on reproduction performance in Japanese quails (*coturnix coturnix Japonica*). *South African Journal of Animal Science*, 34: 130–134.
- İPEK, H., YERTÜRK, M. ve AVCI, M. 2003. Yumurtlama dönemindeki bıldırcın karma yemlerine farklı oranlarda çinko ve bakır ilavesinin yumurta verim özellikleri ile bazı kan parametreleri üzerine etkisi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 14 (1): 61-64.
- JANDA, R. 1975. Some observations on the performance of Japanese quail. *Chovatel*, 14 (6): 133-134.
- JEYARUBAN, M. G., GIBSON, J. P. and GOWE, R. S. 1995. Comparison of index selection and best linear unbiased prediction for simulated layer poultry data. *Poultry Science*, 74 (10): 1566-1576.
- KADRY, A.E.H., SHAMMA, T.A. and MABROUK, M.M.S. 1986. Heritability estimates, phenotypic and genetic correlations among some traits in *Coturnix coturnix japonica*. *Al-Azhar Journal of Agricultural Sciences Sector Research*, 5: 265 -275.
- KALPAK, O. and SOGUT, B. 2009. Effect of feed restriction on growth performance of Japanese quail (*coturnix coturnix Japonica*). *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 8: 1079-1082.
- KARABAĞ, K., ALKAN, S. and BALCIOĞLU, S. M. 2010. The differences in some production and clutch traits in divergently selected Japanese quails. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 16 (3): 383-387.

- KAVUNCU, O., DÜZGÜNEŞ, O. and KESİCİ T. 1986. Correlated response of fitness to selection for 5-week body weight in japanese quails (*coturnix coturnix Japonica*) I. Early results. 3rd World Congress On Genetics Applied to Livestock Production. July 16-22. Lincoln, Nebraska, U.S.A. 431-436.
- KAWAHARA, T. and SAITO, K. 1976. Genetic parameters of organ and body weights in the Japanese quail. *Poultry Science*, 55: 1247-1252.
- KESİCİ, T. 1973. Japon bıldırcınlarında yumurta verimi ve büyüme ile ilgili karakterlere eklemeli ve eklemeli olmayan gen etkilerinin araştırılması. 4. Bilim Kongresi, Ankara ss. 1-7.
- KHALDARI, M., PAKDEL, A., MEHRABANI Y., NEJATI J. A. and BERG, P. 2010. Response to selection and genetic parameters of body and carcass weights in Japanese quail selected for 4 week body weight. *Poultry Science*, 89: 1834-1841
- KHALDARI, M., MEHRABANI, Y., PAKDEL, A., NEJATI, A. J. and PEER, B. 2011. Response to family selection and genetic parameters in Japanese quail selected for four week breast weight. *Archiv Tierzucht*, 54 (2): 212-223.
- KILIÇ, H. M. 2005. Bıldırcınlarda büyüme dönemi sınırlı yemleme uygulamasının yumurtlama dönemi verim özelliklerine etkileri. Yüksek Lisans Tezi (Yayımlanmamış). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootekni Anabilim Dalı, Adana.
- KIRKPINAR, F. and OĞUZ, I. 1995. Influence of various dietary protein levels on carcass composition in the male quail (*coturnix coturnix Japonica*). *British Poultry Science*, 36: 605-610.
- KIRMIZIBAYRAK, T., 1996. Japon bıldırcınlarının önemli verim özellikleriyle ilgili bazı parametreler. Doktora tezi (basılmamış). İstanbul Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- KIRMIZIBAYRAK, T. ve ALTINEL, A. 2001. Japon bıldırcınlarının (*coturnix coturnix Japonica*) önemli verim özellikleriyle ilgili bazı parametreler. *İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 27. (1): 309-328.
- KIZILKAYA, K., BALCIOĞLU, M.S., YOLCU, H.İ. and KARABAĞ, K. 2005. The application of exponential method in the analysis of growth curve for japanese quail. *Archiv Für Geflügelkunde*, 69 (5): 193-198.
- KIZILKAYA, K., BALCIOĞLU, M.S. YOLCU, H. İ. KARABAĞ, K. and GENÇ, I. H. 2006. Growth curve analysis using nonlinear mixed model in divergently selected japanese quails. *Archiv Für Geflügelkunde*. 70 (4), 181-186.
- KIZILKAYA, K., GARRICK, D.J., FERNANDO, R.L., MESTAV, B. and YILDIZ, M. A. 2010. Use of linear mixed models for genetic evaluation of gestation length and birth weight allowing for heavy-tailed residual effects. *Genetics Selection Evolution*, 42: 26.

- KOÇAK, Ç., ALTAN, Ö. ve AKBAŞ, Y. 1995. Japon bıldırcınlarının çeşitli verim özellikleri üzerinde araştırmalar. *Doğa Türk. Veteriner ve Hayvancılık Dergisi*, 19: 65-71.
- KUL, S., SEKER, I. and YILDIRIM, O. 2006. Effect of separate and mixed rearing according to sex on fattening performance and carcass characteristics In Japanese quails (*Coturnix coturnix Japonica*). *Archiv Tierzucht*, 49: 607-614.
- KUMARI, P.B. , GUPTA, B.R. PRAKASH, M.G. and REDDY, A.R. 2009. Genetic study on body weights of Japanese quails. *Indian Journal of Poultry Science*, 44 (3): 199-205.
- KUMLU, S. 2003. Hayvan Islahı. Türkiye Damızlık Sığır Yetistircileri Merkez Birliği Yayınları No:1 Ankara.
- LE BIHAN-DUVAL, E., MIGNON-GRASTEAU, S. MILLET, N. and BEAUMONT, C. 1998. Genetic analysis of a selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight. *British Poultry Science*, 39: 346–353.
- LEESON, S. and SUMMERS, J. D. 2000. Broiler Breeder Production. Univ. Books, Guelph, Ontario, Canada.
- LOTFI, E. ZEREHDARAN, S. and AHANI AZARI, M. 2011. Genetic evaluation of carcass composition and fat deposition in Japanese quail. *Poultry Science*, 90 (10): 2202-2208.
- MAGDA, I., ABO SAMAHA, M., SHARAF, M. and HEMEDA, S.A. 2010. Phenotypic and genetic estimates of some productive and reproductive traits in Japanese quails. *Egyptian Poultry Science*, 30 (3): 875-892.
- MALLARD, J. and DOUAIRE, M. 1988. Strategies of selection for leanness in meat production. Pages 3–23 in *Leanness in Domestic Birds: Genetic, Metabolic and Hormonal Aspects*. B. Leclercq and C. C. Whitehead, ed. Butterworths, Essex, UK.
- MARKS, H.L. and LEPORE, P.D. 1968. Growth rate inheritance in Japanese quail. 2. Early Responses to Selection Under Different Nutritional Environments. *Poultry Science*, 47: 1540-1546.
- MARKS, H.L. 1971. Selection for four-weeks body weight in Japanese quail under two nutritional environments. *Poultry Science*, 50: 931-937.
- MARKS, H.L. 1979. Changes in unselected traits accompanying long-term selection for four-week body weight in Japanese quail. *Poultry Science*, 58: 269-274.
- MARKS, H.L. 1980. Reverse selection in a Japanese quail line previously selected for 4-week body weight. *Poultry Science*, 59: 1149-1154.

- MARKS, H.L. 1990. Genetics of growth and meat production in other Galliforms. In: *Poultry Breeding and Genetics* (Ed. Crawford, R. D.), Elsevier, pp 677-690. Amsterdam.
- MARKS, H.L. 1991a. Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environment. 4. Genetic and correlated responses from generations 12 to 20. *Poultry Science*, 70: 453-462.
- MARKS, H.L. 1991b. Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environments. 5. feed intake and efficiency patterns following nineteen generations of selection. *Poultry Science*, 70: 1047-1056.
- MARKS, H.L. 1993. Carcass composition, feed intake, and feed efficiency following long-term selection four week body weight in Japanese quail. *Poultry Science*, 72: 1005-1011.
- MARKS, H.L. 1996. Long-term selection for body weight in Japanese quail under different environments. *Poultry Science*, 75: 1198-1203.
- MARUYAMA, K., POTTS, W.J.E., BACON, W.L. and NESTOR, K.E. 1998. Modeling turkey growth with relative growth rate. *Growth, Development and Aging*, 62: 123-139.
- MENDEŞ, M., DİNÇER, E. ve ARSLAN, E. 2007. Profile analysis and growth curve for body mass index of broiler chickens reared under different feed restrictions in early age. *Archiv Tierzucht*, 50 (4): 403-411.
- MIELLENZ, N., ARENDONK, J.V., SPILKE, J., SCHULER, L. and VAN ARENDONK, J. 1996. Advantage BLUP for predicting breeding values in poultry breeding programs with multiple traits a Monte-Carlo study. *Archiv Tierzucht*, 39: 1, 69-80.
- MIELLENZ, N., RONNY R.N. and SCHULER, L. 2006. Estimation of additive and non-additive genetic variances of body weight, egg weight and egg production for quails (*coturnix coturnix Japonica*) with an animal model analysis. *Archiv Tierzucht*, 49 (3): 300-307.
- MIGNON-GRASTEAU, S., PILES, M., VARONA, L., DE ROCHAMBEAU, H. POIVEY, J.P. BLASCO, A. and BEAUMONT, C. 2000. Genetic analysis of growth curve parameters for male and female chickens resulting from selection on shape of curve. *Journal of Animal Science*, 78: 2515-2524.
- MINVIELLE, F., MONVOISIN, J.L. COSTA, J. and FRENOT, A. 1997. Quail lines selected on egg number either on pure line or on crossbred performance. *12th international symposium*, Pruhonice near Prague.
- MINVIELLE, F. 1998. Genetics and breeding of Japanese quail for production around the world. In: *Proceedings of the 6th Asian Pacific Poultry Congress*, Nagoya, Japan, Proceeding book: 122-127.

- MINVIELLE, F., HIRIGOYEN, E. and BOULAY, M., 1999. Associated effects of the rous plumage colour mutation on growth, carcass traits, egg production, and reproduction of Japanese quail. *Poultry Science*, 78: 1479-1484.
- MINVIELLE, F., GANDEMER, G., MAEDA, Y., LEBORGOYEN, G. and BOULAY, M. 2000a. Carcass characteristics of a heavy Japanese quail line under introgressions with the rous gene. *British Poultry Science*, 41: 41-45.
- MINVIELLE, F., ITO, S., INOUE-MURAYAMA, M., MIZUTANI, M. and WAKASUGI, N. 2000b. Genetic analyses of plumage colour mutations on the Z chromosome of Japanese quail. *Journal of Heredity*, 91: 499-501.
- MINVIELLE, F. 2004. The future of Japanese quail for research and production. *World's Poultry Science Journal*, 60: 500-507.
- MINVILLE, F. 2009. What are quail good for in a chicken-focused world? *World's Poultry Science Journal*, 65: 601-608.
- MINVIELLE, F., BEDHOM, B., COVILLE, J. L., ITO, S., INOUE-MURAYAMA, M. and GOURICHON D. 2010. The “silver” Japanese quail and the MITF gene: causal mutation, associated traits and homology with the “blue” chicken plumage. *BMC Genetics*, 11: 15.
- MORI, C., GARCIA C.A., PAVAN, A.C., PICCININ, A., CACHONI, C. and PIZZOLANTE, C.C. 2005. performance and carcass yield of four quail genetic groups selected for meat production. *The Revista Brasileira de Zootecnia*, 34 (3): 870-876.
- MRODE, R.A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edition, CABI Publishing, 875 Massachusetts Avenue Cambridge, MA 02139 USA.
- MUIR, W.M., and CRAIG, J. V. 1998. Improving animal well-being through genetic selection. *Poultry Science*, 77: 1781-1788.
- MUIR, W.M. and AGGREY, S.E. 2003. Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology, CABI Publishing, Oxon. UK, 484 p.
- N'DRI, A.L., MIGNON-GRASTEAU, S., SELLIER, N., TIXIER-BOICHARD, M. and BEAUMONT, C. 2006. Genetic relationships between feed conversion ratio, growth curve and body composition in slow-growing chickens. *British Poultry Science*, 47: 273-280.
- NACAR, H., ULUOCAK, A.N., BAYLAN, M. ve AYAŞAN, T. 1997. Bildircinlarda 5. hafta canlı ağırlığa göre seleksiyonun yumurta verimi ve yumurta ağırlığındaki etkileri. *Trakya Bölgesi II. Hayvancılık Sempozyumu*, Tekirdağ, Sayfa: 280-284.
- NARİNÇ, D. 2005. Japon Bildircinlarında Yüksek Canlı Ağırlık İçin Yapılan Seleksiyonun Etçi ve Yumurtacı Özellikler İle Kuluçka Sonuçlarına Etkisi.

Yüksek Lisans Tezi (Yayımlanmamış). Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootečni Anabilim Dalı, Antalya.

- NARİNÇ D., AKSOY T., İLASLAN ÇÜREK D. ve KARAMAN E. 2007. Farklı gelişme hızına sahip etlik piliçlerde büyümenin analizi. *Hayvancılık Araştırma Dergisi*, 17 (2): 1–8
- NARİNÇ, D., AKSOY, T., KARAMAN, E. ve KARABAĞ, K., 2009. Japon bıldırcınlarında yüksek canlı ağırlık yönünde uygulanan seleksiyonun büyüme parametreleri üzerine etkisi. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22 (2): 149-156.
- NARİNÇ, D., AKSOY, T. and KARAMAN, E., 2010a. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in Japanese quail. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9 (3): 501-507.
- NARİNÇ D., KARAMAN, E., FIRAT, M.Z. and AKSOY, T. 2010b. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9 (14): 1961-1966.
- NARİNÇ, D., KARAMAN, E. and AKSOY, T. 2010c. Estimation of genetic parameters for carcass traits in Japanese quail using Bayesian methods, *South African Journal of Animal Science*, 40 (4): 342-347.
- NARİNÇ, D., KARAMAN, E., KAYA, E. and AKSOY, T. 2010d. Genetic architecture of absolute and relative growth rates in Japanese Quail. *XXIIIth European Poultry Science Congress*, Tours, France.
- NARİNÇ, D. ve KARAMAN E. 2011. Kanatlı hayvan ıslahında akrabalık ve sas programı ile akrabalık matrislerinin oluşturulması. *Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 6 (2): 68-75.
- NARİNÇ, D., KARAMAN, E., FIRAT, M.Z. ve AKSOY T. 2011. Japon bıldırcınlarında bazı yumurta verim özelliklerine ait varyans unsurlarının farklı tahmin yöntemleri kullanarak elde edilmesiyle çok özellikli genetik parametre ve BLUP tahminleri, *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 17 (1): 117-123.
- NARİNÇ, D. and AKSOY, T. 2012. Effects of mass selection based on phenotype and early feed restriction on the performance and carcass characteristics in japanese quails. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 18 (3): 425-430.
- NESTOR, K.E., BACON, W.L. and LAMBIO, A.L. 1983. Divergent selection for egg production in *coturnix coturnix Japonica*. *Poultry Science*, 62: 1548-1552.
- NESTOR, K.E., ANDERSON, J.W. and PATTERSON, R.A. 2000. Genetics of growth and reproduction in the turkey. 14. Changes in genetic parameters over thirty generations of selection for increased body weight. *Poultry Science*, 79: 445–452.

- OCAK, N., ERENER, G., ALTOP, A. and KOP, C., 2009. Effect of malic acid on performance and some digestive tract traits of Japanese quails. *Poultry Science*, 46: 25-29.
- OĞUZ, İ. ve TÜRKMUT, L. 1999. Japon bıldırcınlarında (*coturnix coturnix Japonica*) canlı ağırlık için yapılan seleksiyonun bazı parametrelere etkisi. 2. Verim özellikleri ve genetik değişimler (kazançlar). *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 23: 311-319.
- OHAEBULEM, E.U. and NWOBI, F.N. 2009. Poultry feed brands selection using profile analysis. *Journal of Applied Sciences*, 9: 1368-1372.
- OKAN, F. ve ULUOCAK, A.N. 1992. Bıldırcınlarda değişik düzeylerde ham protein içeren karma yemlerin gelişmeye ve karkas özelliklerine etkileri. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 16: 557-568.
- OROJPOURMARAGHI, A. 2002. Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde mevcut rhode island red-i baba hattında ve colombian rock ana hattında seleksiyon indeksi oluşturulması. Yüksek Lisans Tezi (Yayımlanmamış). Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara, 121 s.
- ÖZDEMİR, E. ve POYRAZ, Ö. 2000. Bıldırcınlarda akrabalı yetiştirmenin verim özellikleri üzerine etkileri. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 40 (1): 48-64.
- ÖZSOY, A.N. and ORHAN, H. 2011. The prediction of genetic parameters for body weights in Japanese quails by Gibbs sampling method. *Trends in Animal and Veterinary Sciences*, 2 (1): 21-24.
- PANDA, B., AHUJA, S.D., PRAKASHBABU, M. and GULATI, D.P. 1980. Evaluation of a quail line for some important economic traits. *Indian Journal of Animal Sciences*, 50 (6): 518-520.
- PATTERSON, H.D. and THOMPSON R. 1971. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58: 545-554.
- POLLOCK, D.L. 1999. A geneticist's perspective from within a broiler primary breeder company. *Poultry Science*, 78: 414-418.
- PYM, R.A.E. and NICHOLLS, P.J. 1979. Selection for food conversion in broilers: direct and indirect responses to selection for body weight gain, food consumption and food conversion ratio. *British Poultry Science*, 20: 73-86.
- PYM, R.A.E., POPOVIC, B. and BODERO, D.A.V. 1998. Selection for breast meat yield in Japanese quail (*Coturnix coturnix Japonica*) using real time ultrasound. Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 11-16 January, Armidale, NSW, Australia, 24: 290-293.
- QUINTON, M. 2003. Use of mixed model methodology in poultry breeding: assumptions, limitations and concerns of BLUP-based selection programmes.

Pages 203–221 in *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology*. W. M. Muir and S. E. Aggrey, ed. CAB Int., Wallingford, Oxfordshire, UK.

- REDDISH, J.M., NESTOR, K.E. and LILBURN, M.S. 2003. Effect of selection for growth on onset of sexual maturity in randombred and growth-selected lines of Japanese quail. *Poultry Science*, 82: 187-191.
- RESENDE, R.O., MARTINS, E.N., GEORG, P.C., PAIVA, E., CONTI, A.C.M., SANTOS, A.I., SAKAGUTI, E.S., MURAKAMI, A.E. 2005. Variance compenents for body weight in Japanese quails (*Coturnix Japonica*). *Brazilian Journal of Poultry Science*, 7: 23-25.
- RICARD, F. and ROUVIER, R. 1967. Etude de la composition anatomique du poulet, I. *Annales de Zootechnie*, 16: 23.
- RICARD, F. and ROUVIER, R. 1969. Etude de la composition anatomique du poulet, *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 1: 145-151.
- RICKLEFS, R.E. 1985. Modification of growth and development of muscles of poultry. *Poultry Science*, 64: 1563-1576.
- ROBINSON, D.L. 1987. Estimation and use of variance components. *The Statistician*, 36: 3-14.
- SAATCI, M., AP DEWI, I. and AKSOY, A.R. 2003. Application of REML procedure to estimate the genetic parameters of weekly liveweight in one-to-one sire and dam pedigree recorded Japanese quail. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120: 23–28.
- SAATCI, M., OMED, H., AP DEWI, I. 2006. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. *Poultry Science*, 85: 185-190.
- SACHDEV, A.K. and AHUJA, S.D. 1986. Studies on the influence of body weight at sexual maturity on production traits in Japanese quail. *Indian Journal of Poultry Science*, 21: 66-68.
- SANTOS, T.C., MURAKAMI, A.E., OLIVEIRA, C.A.L. and GIRALDELLI, N. 2013. Sperm-egg interaction and fertility of Japanese breeder quails from 10 to 61 weeks. *Poultry Science*, 92: 205-210.
- SARI, M. 2009. Japon bıldırcınlarının kesim ve karkas özelliklerine ait genetik parametrelerinin REML metodu ile damızlık değerlerinin BLUP metodu ile tahmini. Doktora tezi (Yayınlanmamış), Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Kars, 147 s.
- SARI, M., SAATCI, M. ve TILKI, M. 2010. Japon bıldırcınlarında (*coturnix coturnix Japonica*) canlı ağırlığa ait özelliklerin genetik parametrelerinin REML metodu ile hesaplanması. *Kafkas Üniversitesi Veterinerlik Fakültesi Dergisi*, 16 (5): 729-733.

- SARI, M., TILKI, M. and SAATCI, M. 2011. Genetic parameters of slaughter and carcass traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix Japonica*). *British Poultry Science*, 52 (2): 169-172.
- SARICA, S., CORDUK, M. and KILINC, K. 2005. The effect of dietary L-carnitine supplementation on growth performance, carcass traits and composition of edible meat in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *The Journal of Applied Poultry Research*, 14: 709-715.
- SAVAŞ, T., VON PREISINGER, R., ROHE, R., THOMSEN, H. and KALM, E. 1999. Box-Cox transformation for poultry. *Züchtungskunde*, 71: 380-391.
- SAVAŞ, T., 2003. Hayvan ıslahı ders notları, <http://zootekni.comu.edu.tr/class/hyi/03%20turker%20savas%20hayvan%20islahi.pdf>
- SAXTON, A.M. 2004. Genetic analysis of complex traits using SAS. SAS Institute Inc., Cary, NC, 281 p.
- SAS INSTITUTE. 2011. SAS/STAT User's Guide. Version 9.2 ed. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- SCHUELER, L., HEMPEL, S.T. and MIELENZ, N. 1996. Heritabilitats koeffizienten und maternaleffekte von leistungseigenschaften der Japanischen wachtel (*coturnix coturnix Japonica*). *Archiv fur Tierzucht*, 39: 633-643.
- SCHUELER, L., MIELENZ, N. and HEMPEL, S. 1998. Asymmetry of the selection responses in performance traits of Japanese quails. Proc. 6th WCGALP. University of New England, Armidale, Australia. 26: 101-104.
- SEARLE, S.R., CASELLA, G. and McCULLOCH, C.E. 1992. Variance Components, J. W. Wiley: New York.
- SEFTON, A.E. and SIEGEL, P.B. 1974. Inheritance of body weight in Japanese quail. *Poultry Science*, 53: 1597-1603.
- ŞEKER, İ., BAYRAKTAR, M., KUL, S. and OZMEN, O. 2007. Effect of slaughter age on fattening performance and carcass characteristics of Japanese quails (*Coturnix coturnix Japonica*). *The Journal of Applied Poultry Research*, 31: 193-195.
- ŞEKER, İ., KUL, S. and BAYRAKTAR, M. 2009. Effects of group size on fattening performance, mortality rate, slaughter and carcass characteristics in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*). *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 8 (4): 688-693.
- SEZER, M., BERBEROĞLU, E. and ULUTAŞ, Z. 2006. Genetic association between sexual maturity and weekly live-weights in laying-type Japanese quail. *South African Journal of Animal Science*, 36 (2): 142-148.

- SEZER, M. 2007. Genetic parameters estimated for sexual maturity and weekly live weights of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 20 (1): 19-24.
- SHARAF, M. M. 1994. Estimates of genetic parameters for growth and carcass yields in Japanese quail. *Egyptian Poultry Science Journal*, 14: 385-400.
- SHEBL, M.K., BAHIE EL-DEEN, M. and KOSBA, M. A. 1996. Selection for 6 weeks body weight in Japanese quail – Direct and correlated responses. *Egyptian Poultry Science Journal*, 16: 703-723.
- SHIT, N., SINGH, R.P., SASTRY, K.V.H., MOHAN, J., PANDEY, N.K. and MOUDGAL, R. P. 2010. Cloacal gland size significantly alters semen production, sperm activities and fertility in different lines of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *Asian Journal of Poultry Science*, 4: 190–197.
- SHOKOOHMAND, M., EMAM JOMEH KASHAN N. and EMAMI, M.A. 2007. Estimation of heritability and genetic correlations of body weight in different age for three strains of Japanese quail. *International Journal of Agriculture and Biology*, 9 (6): 945–947.
- SINGH, R.P. and PANDA, B. 1987. Comparative carcass and meat yields in broiler and spent quails. *The Indian Journal of Animal Sciences*, 57: 904-907.
- SINGH, R.P. and KUMAR, J. 1994. Biometrical methods in Poultry Breeding. 1st Edition, Kalyani Publishers, New Delhi.
- SINGH, C.B. 2009. Estimation of genetic parameters for growth traits in Japanese quail. *Pantnagar Journal of Research*, 7 (2): 226-227.
- SITTMANN, K., ABPLANALP, H. and FRASER, R. A. 1966. Inbreeding depression in Japanese quail. *Genetics*, 54: 371-379.
- SOYSAL, M. İ. 2002. Hayvan ıslahının genetik prensipleri. Trakya Üniversitesi, Tekirdağ Ziraat Fakültesi, Yayın No:48, Tekirdağ.
- SREENIVASIAH, P. V. and RAMAPPA, B.S. 1985. Influence of mating ratio and pre-incubation storage on fertility and hatchability of Japanese quail. *World Review of Animal Production*, 21 (5): 25-28
- STRONG, C.F. NESTOR, K.E. and BACON, W.L. 1978. Inheritance of egg production, egg weight, body weight and certain plasma constituents in *Coturnix*. *Poultry Science*, 57: 1-9.
- SZWACZKOWSKI, T., WEZYK, S. and CYWA BENKO, K. 1997. Animal model vs classical selection index in the breeding value estimation of laying hens. *Animal Science Papers and Reports*, 15 (1): 47-53.
- SZWACZKOWSKI, T. 2003. Use of mixed model methodology in poultry breeding: Estimation of genetic parameters. Sayfa: 165–201 *Poultry Genetics, Breeding*

and Biotechnology. W. M. Muir ve S. E. Aggrey, ed. CAB Int., Wallingford, Oxfordshire, UK.

TAWEFEUK, F.A. 1995. Growth rate inheritance in Japanese quail. M. Sc. Thesis, (unpublished), Faculty of Agriculture, Tanta University, Egypt, 87 p.

TAWEFEUK, F.A. 2001. Studies in quails breeding using selection index for the improvement of growth and egg production in Japanese quail. Ph. D. Thesis (unpublished), Faculty of Agriculture, Tanta University, Egypt, 144 p.

TESTİK, A., ULUOCAK, N. ve SARICA, M. 1993. Değişik genotiplerdeki Japon bıldırcınlarının bazı verim özellikleri. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 17: 167-173.

THIRUVENKADAN, A. K., PRABAKARAN, R. and PANNEERSELVAM, S. 2011. Broiler breeding strategies over the decades: an overview. *World's Poultry Science Journal*, 67: 309-336.

TOELLE, V.D., HAVENSTEIN, G.B., NESTOR, K.E. and HARVEY, W.R. 1991. Genetic and phenotypic relationship in Japanese quail. *Poultry Science*, 70: 1679-1688.

TOZLUCA., A. 1993. Japon bıldırcınlarında (*coturnix coturnix Japonica*) farklı besleme şartlarında canlı ağırlığa göre yapılan seleksiyonun etkinliği ve diğer verim özellikleri üzerine etkileri üzerine bir araştırma. Doktora tezi (Yayınlanmamış). Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Konya, 112 s.

TÜREDİ, L. 1986. Japon bıldırcınlarında farklı protein seviyelerinde canlı ağırlık bakımından yapılan seleksiyon sonuçlarından bazı parametrelerin tahmin edilmesi üzerine araştırmalar. *Doğa Bilim Dergisi*, 10: 79-84.

TÜRKMUT, L., ALTAN, O., OĞUZ, İ. and YALÇIN S. 1999. Effects of selection for four week body weight on slaughter, carcass, and abdominal fat and some organ weights and blood serum parameters in Japanese quail. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 23 (1): 63-68.

TZENG, R.Y. and BECKER, W.A. 1981. Growth patterns of body and abdominal fat weight in male broiler chickens. *Poultry Science*, 60: 1101-1106.

ULUOCAK, A.N., OKAN, F. ve AYAŞAN, T., 1996. Yumurtacı bıldırcınların erkekli ve erkeksiz barındırılmalarının yumurta verim özelliklerine etkileri. *Hayvancılık 96 Ulusal Kongresi*. 18-20 Eylül 1996, İzmir. Bildiriler Cilt 1: 488-492.

ULUOCAK, N., OKAN, F., CEBECİ, Z., BAYLAN, M. ve AYAŞAN, T., 2002. Etlik bıldırcın ebeveyn hatları geliştirme çalışmaları. Proje no: TARP-2068, Tübitak Proje Sonuç Raporu.

VALI, N., EDRISS, M.A. and RAHMANI, H.R. 2005. Genetic parameters of body and some carcass trait in two quail strains. *International Journal of Poultry Science*, 4: 296-300.

- VARKOOHI, S., BABAK, M.M.S. PAKDEL, A. JAVAREMI, A.N. ZAGHARI, M. and KAUSE, A. 2010. Response to selection for feed conversion ratio in Japanese quail. *Poultry Science*, 89: 1590-1598.
- WAKASUGI, N. 1984. Japanese quail. In: Evolution of domesticated animals (Mason I.L., Ed.), Longman Inc, New-York, USA, 319-321.
- WALDMANN, P. and ERICSSON, T. 2006. Comparison of REML and Gibbs sampling estimates of multi-trait genetic parameters in Scots pine. *Theoretical and Applied Genetics*, 112: 1441-1451.
- WILHELMSON, M. 1975. Breeding experiments with Japanese quail (*Coturnix coturnix Japonica*). 1. The synthesis of a random mated population. *Acta Agricultura Scandinavica*, 25: 177-200.
- WINTER, E.M.W. 2005. Genetic parameters estimation of performance, carcass and body composition traits of meat quail. Ph. D. Thesis (unpublished), Federal University of Parana, Division of Biological Sciences the Postgraduate Program in Genetics, Curitiba, Brasil.
- YAKUPOĞLU, Ç. 1999. Etlik piliçlerde büyüme eğrilerinin karşılaştırılması. Yüksek Lisans Tezi (Yayımlanmamış). Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootekni Anabilim Dalı, İzmir, 86 s.
- YALÇIN, S., OĞUZ, I. and ÖTLEŞ, S. 1995. Carcass characteristics of quail (*Coturnix coturnix Japonica*) slaughtered at different ages. *British Poultry Science*, 36: 393-399.
- YALÇIN, S., ŞEHU, A. and KAYA, İ. 1998. Bildircin rasyonlarına katılan adi fığın (*Vicia sativa L.*) büyüme, karkas randımanı ve bazı kan parametreleri üzerine etkisi. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 22: 37-42.
- YAPICI, N., AKSOY, T. and NARİNC, D. 2006. Looking at the quail production in Turkey: The case of Antalya. *XII. European Symposium on the Quality of Eggs and Eggs Products*, Verona, Italy, Proceeding book: 1, 456.
- YOLCU, H.İ. 2005. Japon bildircinlerinde (*Coturnix coturnix Japonica*) canlı ağırlık ve yumurta verimine göre seleksiyonun etkileri. Doktora Tezi (Yayımlanmamış). Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Antalya, 89 s.
- YOLCU, H.İ., BALCIOĞLU, M.S., KARABAG, K. ve ŞAHİN, E. 2006. Japon bildircinlerinde canlı ağırlık için yapılan iki yönlü seleksiyonun ve cinsiyetin karkas ve bazı organ ağırlıklarına etkileri. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19: 185-189.
- ZEREHDARAN, S., A.L.J. VEREIJKEN, J.A.M. VAN ARENDONK, and VAN DERWAAIJ, E.H.. 2004. Estimation of genetic parameters for fat deposition and carcass traits in broilers. *Poultry Science*, 83: 521-525.

7. EKLER

EK 1. Genç ebeveyn-yavru çiftleştirme örneği

Genç ebeveyn-yavru çiftleştirme örneğinin SAS programında çözümü için aşağıdaki komutlar kullanılmıştır.

```
DATA ebeveynyavru1;  
INPUT yavru $ babaebeveyn $ anaeebeveyn $ @@;  
DATALINES;  
A . . B A .  
C A B E C B  
D C E F D E  
;  
PROC INBREED data=ebeveynyavru1 average matrix;  
VAR yavru babaebeveyn anaeebeveyn;  
RUN;
```

Average ve matrix seçeneklerinin kullanılması ile elde edilen akrabalı yetiştirme katsayıları matrisi Çizelge 7.1’de sunulmuştur. Çizelge 7.1’de diyagonalde her birey için akrabalı yetiştirme katsayıları, diyagonal dışındaki değerler ise bireyler arasındaki akrabalık derecelerini ifade etmektedir. Aynı örnek üzerinde akrabalık derecelerini hesaplamak için SAS INBREED prosedürünün cov ve matrix seçenekleri kullanılmış, bununla birlikte geçmişten gelen bir akrabalık bilgisi de (init=0,25) eklenerek ebeveynleri bilinmeyen A bireyi için bir başlangıç değeri atanmıştır. Akrabalık katsayılarının hesaplanması için kullanılan komut gövdesi aşağıda sunulmuştur. Elde edilen sonuçlar Çizelge 7.2’de gösterilmiştir.

Çizelge 7.1. Genç ebeveyn-yavru örneğinde hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayıları

Birey	Baba	Ana	A	B	C	E	D	F
A			0	0,2500	0,3750	0,3125	0,3438	0,3281
B	A		0,2500	0	0,3750	0,4375	0,4063	0,4219
C	A	B	0,3750	0,3750	0,2500	0,5000	0,5625	0,5313
E	C	B	0,3125	0,4375	0,5000	0,3750	0,5938	0,6406
D	C	E	0,3438	0,4063	0,5625	0,5938	0,5000	0,6719
F	D	E	0,3281	0,4219	0,5313	0,6406	0,6719	0,5938

```
PROC INBREED data=ebeveynyavru1 cov matrix init=0.25;  
VAR yavru babaebeveyn anaeebeveyn;  
RUN;
```

Çizelge 7.2. Genç ebeveyn-yavru çiftleşmesi örneğine ait akrabalık katsayıları

Birey	Baba	Ana	M	I	A	S	D	Z
A			1,1250	0,6875	0,9063	0,7969	0,8516	0,8242
B	A		0,6875	1,1250	0,9063	1,0156	0,9609	0,9883
C	A	B	0,9063	0,9063	1,3438	1,1250	1,2344	1,1797
E	C	B	0,7969	1,0156	1,1250	1,4531	1,2891	1,3711
D	C	E	0,8516	0,9609	1,2344	1,2891	1,5625	1,4258
F	D	E	0,8242	0,9883	1,1797	1,3711	1,4258	1,6445

EK 2. Hat yetiştirme çiftleştirme örneği

Hat yetiştirme çiftleştirme örneğinin SAS programında çözümü için aşağıdaki komutlar kullanılmıştır.

```
DATA ebeveynyavru2;  
INPUT yavru $ babaebeveyn $ anaeebeveyn $ @@;  
DATALINES;  
A . . B A .  
C A B D A C  
E A D F A E  
;  
PROC INBREED data=ebeveynyavru2 average ind;  
VAR yavru babaebeveyn anaeebeveyn;  
RUN;  
PROC INBREED data=ebeveynyavru2 cov matrix;  
VAR yavru babaebeveyn anaeebeveyn;  
RUN;
```

İlk komut gövdesinde “ind” seçeneğinin kullanımı ile 6 bireye ait akrabalı yetiştirme katsayıları bir vektör olarak elde edilebilmiştir. Buna göre A, B, C, D, E, F bireylerinin akrabalı yetiştirme katsayıları sırasıyla 0, 0, 0,2500, 0,3750, 0,4375 ve 0,4688 olarak hesaplanmıştır. İkinci komut gövdesi ile hesaplanan akrabalık katsayıları Çizelge 7.3’te sunulmuştur.

Çizelge 7.3. Hat yetiştirme örneğinde hesaplanan akrabalık katsayıları

Birey	Baba	Ana	A	B	C	D	E	F
A			1,0000	0,5000	0,7500	0,8750	0,9375	0,9688
B	A		0,5000	1,0000	0,7500	0,6250	0,5625	0,5313
C	A	B	0,7500	0,7500	1,2500	1,0000	0,8750	0,8125
D	A	C	0,8750	0,6250	1,0000	1,3750	1,1250	1,0000
E	A	D	0,9375	0,5625	0,8750	1,1250	1,4375	1,1875
F	A	E	0,9688	0,5313	0,8125	1,0000	1,1875	1,4688

EK 3. Öz kardeş çiftleştirme örneği

Öz kardeş çiftleşmesine örnek soy izleri için gerekli SAS veri dosyası aşağıdaki şekilde oluşturulmuş ve akrabalı yetiştirme katsayılarını hesaplamak için aşağıdaki komut gövdesi kullanılmış, sonuçlar Çizelge 7.4'te sunulmuştur.

```
DATA ozkardes;
INPUT yavru $ babaebeveyn $ anaebeveyn $ @@;
DATALINES;
A . . B . .
C A B D A B
E C D F C D
G E F H E F
I G H J G H
;
PROC INBREED data=ozkardes average matrix;
VAR yavru babaebeveyn anaebeveyn;
RUN;
```

Çizelge 7.4. Öz kardeş çiftleşmesi örneği için akrabalı yetiştirme katsayıları

Birey	Baba	Ana	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
A	.	.	0	0	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500
B	.	.	0	0	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500
C	A	B	0,2500	0,2500	0	0,2500	0,3750	0,3750	0,3750	0,3750	0,3750	0,3750
D	A	B	0,2500	0,2500	0,2500	0	0,3750	0,3750	0,3750	0,3750	0,3750	0,3750
E	C	D	0,2500	0,2500	0,3750	0,3750	0,2500	0,3750	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000
F	C	D	0,2500	0,2500	0,3750	0,3750	0,3750	0,2500	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000
G	E	F	0,2500	0,2500	0,3750	0,3750	0,5000	0,5000	0,3750	0,5000	0,5938	0,5938
H	E	F	0,2500	0,2500	0,3750	0,3750	0,5000	0,5000	0,5000	0,3750	0,5938	0,5938
I	G	H	0,2500	0,2500	0,3750	0,3750	0,5000	0,5000	0,5938	0,5938	0,5000	0,5938
J	G	H	0,2500	0,2500	0,3750	0,3750	0,5000	0,5000	0,5938	0,5938	0,5938	0,5000

Öz kardeşlerin çiftleşmesi örneğinde bireylerin akrabalık derecelerini ortaya koymak için aşağıdaki komut gövdesi kullanılmış ve akrabalık dereceleri matrisi Çizelge 7.5.'te sunulmuştur.

```
PROC INBREED data=ozkardes cov matrix;
VAR yavru babaebeveyn anaebeveyn;
RUN;
```

Çizelge 7.5. Öz kardeş çiftleşmesi örneği için akrabalık dereceleri

Birey	Baba	Ana	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
A			1,0000	0	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000
B			0	1,0000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000
C	A	B	0,5000	0,5000	1,0000	0,5000	0,7500	0,7500	0,7500	0,7500	0,7500	0,7500
D	A	B	0,5000	0,5000	0,5000	1,0000	0,7500	0,7500	0,7500	0,7500	0,7500	0,7500
E	C	D	0,5000	0,5000	0,7500	0,7500	1,2500	0,7500	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
F	C	D	0,5000	0,5000	0,7500	0,7500	0,7500	1,2500	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
G	E	F	0,5000	0,5000	0,7500	0,7500	1,0000	1,0000	1,3750	1,0000	1,1875	1,1875
H	E	F	0,5000	0,5000	0,7500	0,7500	1,0000	1,0000	1,0000	1,3750	1,1875	1,1875
I	G	H	0,5000	0,5000	0,7500	0,7500	1,0000	1,0000	1,1875	1,1875	1,5000	1,1875
J	G	H	0,5000	0,5000	0,7500	0,7500	1,0000	1,0000	1,1875	1,1875	1,1875	1,5000

EK 4. Üvey kardeş çiftleştirme örneği

Üvey kardeş çiftleşme örneğinin SAS veri girişi ve akrabalı yetiştirme katsayıları ile akrabalık katsayıları için gerekli komutlar aşağıda verilmiş, akrabalı yetiştirme katsayıları Çizelge 7.6’da, akrabalık katsayıları Çizelge 7.7’de sunulmuştur.

```
DATA uveykardes;  
INPUT yavru $ babaebeveyn $ anaebeveyn $ @@;  
DATALINES;
```

```
A . . B . . C . .  
D . . E . . F C A  
G C B O C E H C D  
L O G K H G J F G  
N L K M J K X M N
```

```
;  
PROC INBREED data=uveykardes average ind;  
VAR yavru babaebeveyn anaebeveyn;  
RUN;
```

```
PROC INBREED data=uveykardes cov matrix;  
VAR yavru babaebeveyn anaebeveyn;  
RUN;
```

Çizelge 7.6. Üvey kardeş çiftleştirme örneği için akrabalı yetiştirme katsayıları

Birey	Baba	Ana	Akrabalı Yetiştirme Katsayısı
A	.	.	0
B	.	.	0
C	.	.	0
D	.	.	0
E	.	.	0
F	C	A	0
G	C	B	0
O	C	E	0
H	C	D	0
L	O	G	0,1250
K	H	G	0,1250
J	F	G	0,1250
N	L	K	0,2188
M	J	K	0,2188
X	M	N	0,3047

Çizelge 7.7. Üvey kardeş çiftleştirme örneği için akrabalık katsayıları

	A	B	C	D	E	F	G	O	H	L	K	J	N	M	X
A	1,0000	0	0	0	0	0,5000	0	0	0	0	0	0,2500	0	0,1250	0,0625
B	0	1,0000	0	0	0	0	0,5000	0	0	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500
C	0	0	1,0000	0	0	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000
D	0	0	0	1,0000	0	0	0	0	0,5000	0	0,2500	0	0,1250	0,1250	0,1250
E	0	0	0	0	1,0000	0	0	0	0,5000	0	0,2500	0	0,1250	0	0,0625
F	0,5000	0	0,5000	0	0	1,0000	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,2500	0,6250	0,2500	0,4375	0,3438
G	0	0,5000	0,5000	0	0	0,2500	1,0000	0,2500	0,2500	0,6250	0,6250	0,6250	0,6250	0,6250	0,6250
O	0	0	0,5000	0	0,5000	0,2500	0,2500	1,0000	0,2500	0,6250	0,2500	0,2500	0,4375	0,2500	0,3438
H	0	0	0,5000	0,5000	0	0,2500	0,2500	0,2500	1,0000	0,2500	0,6250	0,2500	0,4375	0,4375	0,4375
L	0	0,2500	0,5000	0	0,2500	0,2500	0,6250	0,6250	0,2500	1,1250	0,4375	0,4375	0,7813	0,4375	0,6094
K	0	0,2500	0,5000	0,2500	0	0,2500	0,6250	0,2500	0,6250	0,4375	1,1250	0,4375	0,7813	0,7813	0,7813
J	0,2500	0,2500	0,5000	0	0	0,6250	0,6250	0,2500	0,2500	0,4375	0,4375	1,1250	0,4375	0,7813	0,6094
N	0	0,2500	0,5000	0,1250	0,1250	0,2500	0,6250	0,4375	0,4375	0,7813	0,7813	0,4375	1,2188	0,6094	0,9141
M	0,1250	0,2500	0,5000	0,1250	0	0,4375	0,6250	0,2500	0,4375	0,4375	0,7813	0,7813	0,6094	1,2188	0,9141
X	0,0625	0,2500	0,5000	0,1250	0,0625	0,3438	0,6250	0,3438	0,4375	0,6094	0,7813	0,6094	0,9141	0,9141	1,3047

EK 5. Karışık çiftleştirme örneği

Örnek soy izlerinden görüldüğü üzere A, B, C, D, E bireyleri birinci kuşakta, F, G, H, O bireyleri ikinci kuşakta, J, K, L bireyleri üçüncü kuşakta, X bireyi dördüncü kuşakta yer almaktadır. Bu örnekte SAS INBREED prosedürü için kuşak bilgileri de verilere eklenmiştir. Ayrıca bireylerin cinsiyet bilgileri de M (male, erkek), F (female, dişi) şeklinde veri setine eklenmiş, SAS komut dosyası sunulmuş, elde edilen sonuçlar Çizelge 7.8’de sunulmuştur.

```
DATA karisik;
INPUT kusak cinsiyet $ yavru $ babaebeveyn $ anaebeveyn $ @@;
DATALINES;
1 M A . . 1 F B . . 1 M C . .
1 F D . . 1 F E . . 2 F F C A
2 M G C B 2 F O C E 2 M H C D
3 F L O G 3 M K H G 3 F J F G
4 M N L K 4 F M J K 5 M X M N
;
PROC INBREED data=karisik cov matrix;
CLASS kusak;
VAR yavru babaebeveyn anaebeveyn;
RUN;
```

Çizelge 7.8. Karışık çiftleştirme örneğinde kuşaklara göre akrabalık katsayıları

Kuşak	Yavru	Baba	Ana	A	B	C	D	E
1	A	-	-	1,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
	B	-	-	0,0000	1,0000	0,0000	0,0000	0,0000
	C	-	-	0,0000	0,0000	1,0000	0,0000	0,0000
	D	-	-	0,0000	0,0000	0,0000	1,0000	0,0000
	E	-	-	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,0000
				F	G	O	H	
2	F	A	B	1,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
	G	C	D	0,0000	1,0000	0,2500	0,5000	
	O	C	E	0,0000	0,2500	1,0000	0,2500	
	H	C	D	0,0000	0,5000	0,2500	1,0000	
				L	K	J		
3	L	H	O	1,1250	0,1875	0,1875		
	K	G	F	0,1875	1,0000	0,5000		
	J	G	F	0,1875	0,5000	1,0000		
				N	M			
4	N	G	L	1,0000	0,0938			
	M	K	J	0,0938	1,2500			
				X				
5	X	N	M	1,0469				

INBREED prosedürünün MATINGS komutu ile veri setinde kaydı bulunan bireylerden seçilenler arasındaki çiftleşmelerle gerçekleşen akrabalık katsayıları

hesaplanabilmektedir. Karışık çiftleşme örneğinde üvey kardeş olan G-O, ebeveyn-yavru olan A-F ve X-M, öz kardeş olan J-K bireylerinin çiftleşmesi için kullanılan komut gövdesi aşağıda bulunmaktadır.

```
PROC INBREED data=karisik average;  
MATINGS G/O , A/F , X/M , J/K ;  
VAR yavru babaebeveyn anaebeveyn;  
RUN;
```

Söz konusu G-O, A-F, X-M, J-K çiftleşmeleri sonucunda akrabalı yetiştirme katsayıları sırasıyla 0,1250, 0.2500, 0,3984 ve 0,2500 olarak hesaplanmıştır.

EK 6. Farklı tahmincilerle kalıtım derecelerinin tahmini

Örnekten benzetim yoluyla elde edilmiş, 20 erkek, 180 dişi ebeveyn ve onların yaklaşık 900 yavrusuna ait kısmi yumurta verimleri (Çizelge 7.9) bulunmaktadır.

Çizelge 7.9. Benzetimle elde edilmiş tek özellikli veri seti

Bıldırcın	Baba	Ana	Y.V.	Bıldırcın	Baba	Ana	Y.V.	Bıldırcın	Baba	Ana	Y.V.	Bıldırcın	Baba	Ana	Y.V.
365	921	1180	84	321	902	1014	98	86	903	1027	102	299	905	1040	112
69	901	1001	103	760	902	1014	120	701	903	1027	105	832	905	1040	98
316	904	1030	104	218	902	1014	80	85	904	1027	108	523	905	1040	96
449	901	1001	97	814	902	1014	109	642	904	1027	117	8	905	1040	117
445	908	1063	112	496	902	1014	88	236	904	1027	100	67	905	1040	95
295	901	1002	90	204	902	1015	112	210	904	1028	130	273	905	1041	121
763	901	1002	110	494	902	1015	81	408	904	1028	109	155	905	1041	120
304	901	1002	98	790	902	1015	96	660	904	1028	116	796	905	1041	138
76	901	1002	121	446	902	1015	109	596	904	1028	92	818	905	1041	100
268	901	1002	102	165	902	1015	110	74	904	1028	132	457	905	1041	108
53	901	1003	88	475	902	1016	115	303	904	1029	106	81	905	1042	129
691	901	1003	98	820	902	1016	98	864	904	1029	108	84	905	1042	111
258	901	1003	92	664	902	1016	102	448	904	1029	87	845	905	1042	91
22	901	1003	92	117	902	1016	110	694	904	1029	100	434	905	1042	117
367	901	1003	112	317	902	1016	113	767	904	1029	98	249	905	1042	100
119	901	1004	103	227	902	1017	95	731	904	1030	120	348	905	1043	100
625	901	1004	102	855	902	1017	98	512	904	1030	102	140	905	1043	101
821	901	1004	115	275	902	1017	105	822	904	1030	99	234	918	1152	123
588	901	1004	101	892	902	1017	107	233	901	1001	90	450	905	1043	106
13	903	1023	123	584	902	1017	113	620	904	1030	102	252	905	1043	117
375	901	1005	106	640	902	1018	90	7	904	1031	88	851	905	1044	132
846	901	1005	110	546	902	1018	101	209	917	1143	110	678	902	1018	135
290	901	1005	96	412	907	1057	100	181	904	1031	103	562	905	1044	120
768	901	1005	109	479	903	1018	104	263	904	1031	138	480	905	1044	131
784	902	1012	101	98	903	1018	93	738	904	1031	109	83	905	1044	86
293	901	1006	104	484	903	1019	107	502	904	1032	126	374	906	1045	129
754	901	1006	102	188	903	1019	98	106	904	1032	100	603	906	1045	106
849	901	1006	99	96	903	1019	105	783	904	1032	77	406	906	1045	107
764	901	1006	102	715	903	1019	120	73	904	1032	127	629	906	1045	106
516	901	1006	85	432	903	1019	98	852	904	1032	122	806	906	1045	95
742	901	1007	115	803	903	1020	82	700	904	1033	115	536	906	1046	104
129	901	1007	114	685	903	1020	112	224	904	1033	119	774	906	1046	116
748	901	1007	129	870	903	1020	108	898	904	1033	94	683	906	1046	98
477	901	1007	124	599	903	1020	103	807	904	1033	93	510	906	1046	111
520	901	1007	89	71	903	1020	133	361	904	1033	102	573	906	1046	100
248	901	1008	112	792	903	1021	139	283	904	1034	128	539	906	1047	105
751	901	1008	97	420	903	1021	104	24	904	1034	118	586	906	1047	120
195	901	1008	107	708	903	1021	93	553	904	1034	103	526	906	1047	98
827	901	1008	99	873	903	1021	111	240	920	1169	65	120	906	1047	108
441	901	1008	107	644	903	1021	105	344	904	1034	115	101	906	1047	111
555	901	1009	133	690	903	1022	100	381	904	1035	123	173	906	1048	94
699	901	1009	86	765	903	1022	86	270	904	1035	113	72	906	1048	135
758	901	1009	102	862	903	1022	95	728	904	1035	104	430	906	1048	103
508	901	1009	117	82	903	1022	88	606	904	1035	107	459	906	1048	125
179	902	1009	110	888	903	1022	106	23	904	1035	123	318	906	1048	98
259	902	1010	113	280	903	1023	99	452	904	1036	100	26	906	1049	108
142	902	1010	131	60	903	1023	118	537	905	1036	97	527	906	1049	89
602	902	1010	90	355	903	1023	120	535	905	1036	103	495	906	1049	121
425	902	1010	95	354	903	1023	120	661	912	1100	119	825	906	1049	104
655	902	1010	109	136	907	1055	112	339	905	1036	92	641	906	1049	129
279	902	1011	86	169	903	1024	107	189	905	1037	113	144	906	1050	98
3	902	1011	120	500	903	1024	114	310	905	1037	119	877	906	1050	103
613	902	1011	85	593	903	1024	122	335	905	1037	99	698	906	1050	96
505	902	1011	81	137	903	1024	113	753	905	1037	118	353	906	1050	95
614	902	1011	97	396	920	1172	115	1	905	1044	94	103	903	1024	104
813	902	1012	103	493	903	1025	120	25	905	1038	97	809	906	1051	107
646	901	1001	108	583	903	1025	116	476	905	1038	124	41	906	1051	95

Devamı diğer sayfada

Çizelge 7.9'un devamı

419	902	1012	107	549	903	1025	107	745	905	1038	128	554	906	1051	99
721	902	1012	125	345	903	1025	110	312	905	1038	115	637	906	1051	77
487	902	1012	102	226	903	1025	101	666	905	1038	90	895	906	1051	108
216	902	1013	95	33	903	1026	117	780	905	1039	110	153	906	1052	126
481	902	1013	129	631	903	1026	105	781	905	1039	91	38	906	1052	93
489	902	1013	94	517	903	1026	97	843	905	1039	122	68	906	1052	120
58	902	1013	104	530	903	1026	119	421	905	1039	110	59	906	1052	121
463	902	1013	114	531	903	1026	97	438	905	1039	96	208	906	1052	90
671	906	1053	130	874	908	1066	139	148	909	1079	103	250	911	1092	127
21	906	1053	114	407	908	1066	92	229	909	1079	97	319	911	1092	118
245	906	1053	116	879	908	1066	117	465	909	1079	92	382	911	1092	101
206	906	1053	116	840	908	1066	127	504	909	1079	121	627	911	1092	135
778	907	1053	109	713	921	1178	123	577	909	1079	131	514	911	1092	115
63	907	1054	83	418	908	1067	132	264	909	1080	115	347	911	1093	106
143	907	1054	121	79	908	1067	109	360	910	1080	129	398	911	1093	114
658	907	1054	127	665	908	1067	101	830	910	1080	103	55	911	1093	120
872	907	1054	126	550	908	1067	102	804	910	1080	115	440	911	1093	135
405	907	1054	108	415	908	1067	122	378	910	1080	121	9	911	1093	129
497	907	1055	107	225	908	1068	106	177	910	1081	116	456	911	1094	107
274	907	1055	107	836	908	1068	104	288	915	1126	121	482	911	1094	115
308	907	1055	80	867	908	1068	89	595	910	1081	105	124	911	1094	110
833	907	1055	103	829	908	1068	114	706	910	1081	92	32	911	1094	111
402	919	1166	111	286	908	1068	98	650	910	1081	111	57	911	1094	128
404	907	1056	111	110	920	1176	102	648	910	1082	145	503	911	1095	108
492	907	1056	126	269	908	1069	106	786	910	1082	90	615	911	1095	130
338	907	1056	107	305	908	1069	91	127	910	1082	137	854	911	1095	101
632	907	1056	106	711	908	1069	116	190	910	1082	119	515	911	1095	124
147	907	1056	108	45	908	1069	114	439	910	1082	90	866	911	1095	108
182	907	1057	134	460	908	1070	123	755	910	1083	127	692	911	1096	93
485	917	1142	120	828	908	1070	123	663	910	1083	113	652	911	1096	129
154	907	1057	111	359	908	1070	113	645	910	1083	115	707	911	1096	130
776	907	1057	126	600	908	1070	70	75	910	1083	107	747	911	1096	112
815	907	1057	113	534	908	1070	108	884	910	1083	108	194	911	1096	106
882	907	1058	110	697	908	1071	100	574	910	1084	129	416	911	1097	121
842	907	1058	90	156	908	1071	110	362	910	1084	92	667	911	1097	120
6	907	1058	119	159	909	1071	118	733	910	1084	131	737	911	1097	130
499	907	1058	127	720	909	1071	119	105	910	1084	115	380	911	1097	123
222	907	1058	134	201	909	1071	98	62	910	1084	102	325	912	1097	94
17	907	1059	128	77	909	1072	85	598	910	1085	113	392	912	1098	118
561	907	1059	99	676	909	1072	101	282	910	1085	125	215	912	1098	107
559	907	1059	105	726	909	1072	97	626	910	1085	101	470	912	1098	107
712	907	1059	104	15	909	1072	96	636	910	1085	86	4	912	1098	102
540	907	1059	103	289	909	1072	113	36	910	1085	100	422	912	1098	97
386	907	1060	126	46	909	1073	118	703	910	1086	127	400	912	1099	103
716	907	1060	108	679	909	1073	80	433	910	1086	109	837	912	1099	116
826	907	1060	81	819	909	1073	101	337	910	1086	119	180	912	1099	117
211	907	1060	130	681	909	1073	105	197	910	1086	142	186	912	1099	85
812	907	1060	126	29	909	1073	117	868	910	1086	100	466	912	1099	123
769	907	1061	129	207	909	1074	110	298	910	1087	94	462	912	1100	79
228	907	1061	111	150	909	1074	93	10	910	1087	108	314	912	1100	91
756	907	1061	102	752	909	1074	113	12	910	1087	108	256	912	1100	104
730	907	1061	108	231	909	1074	112	99	910	1087	99	749	921	1177	113
166	907	1061	112	167	909	1074	105	469	910	1087	119	729	912	1100	99
89	907	1062	110	172	909	1075	101	170	910	1088	135	619	912	1101	115
174	907	1062	102	18	909	1075	104	27	910	1088	103	409	912	1101	126
656	907	1062	117	376	909	1075	93	529	910	1088	104	668	912	1101	103
20	908	1062	117	161	909	1075	126	185	910	1088	122	239	912	1101	120
162	908	1062	109	488	909	1075	124	394	910	1088	114	50	901	1005	109
863	908	1063	131	42	909	1076	125	401	911	1089	126	883	912	1102	114
468	908	1063	107	824	909	1076	113	145	911	1089	118	722	912	1102	124
675	908	1063	124	366	909	1076	127	853	911	1089	106	777	912	1102	117
793	908	1063	129	435	909	1076	134	878	911	1089	109	634	912	1102	117
358	906	1050	123	235	909	1076	100	478	911	1089	112	798	912	1102	110
267	908	1064	112	672	909	1077	112	557	911	1090	123	887	912	1103	97
643	908	1064	114	558	909	1077	117	578	911	1090	128	242	912	1103	99
277	908	1064	112	464	909	1077	114	393	911	1090	110	323	912	1103	134
725	908	1064	122	590	909	1077	113	757	911	1090	115	346	912	1103	92
674	908	1064	106	88	909	1077	123	591	911	1090	91	604	912	1103	125

Devamı diğer sayfada

Çizelge 7.9'un devamı

552	908	1065	85	734	909	1078	114	771	911	1091	111	383	912	1104	98
659	908	1065	93	183	909	1078	102	328	911	1091	100	427	912	1104	117
92	908	1065	118	718	909	1078	133	810	911	1091	120	794	912	1104	108
213	908	1065	115	287	909	1078	97	139	911	1091	125	831	912	1104	113
134	908	1065	88	112	909	1078	93	719	911	1091	103	741	912	1104	124
543	912	1105	106	618	914	1118	121	135	915	1131	114	800	917	1144	130
542	912	1105	104	859	914	1118	109	94	915	1131	113	861	917	1144	123
616	912	1105	121	548	914	1118	111	424	915	1131	120	254	917	1144	115
857	912	1105	104	388	914	1118	129	782	915	1131	116	309	917	1144	117
219	912	1105	125	662	914	1118	145	198	915	1131	124	246	917	1144	113
251	912	1106	120	369	914	1119	136	802	915	1132	130	220	917	1145	120
847	912	1106	115	589	914	1119	94	164	915	1132	129	474	917	1145	123
187	912	1106	125	454	914	1119	76	296	915	1132	130	152	917	1145	126
176	913	1106	125	886	914	1119	98	447	915	1132	108	132	917	1145	130
284	913	1106	111	373	914	1119	103	865	915	1132	124	196	917	1145	113
670	913	1107	126	47	914	1120	130	704	916	1133	92	372	901	1004	114
311	917	1146	136	61	914	1120	119	243	916	1133	103	893	917	1146	114
178	913	1107	132	2	914	1120	130	507	916	1133	122	329	917	1146	133
149	913	1107	123	612	914	1120	103	772	916	1133	123	856	917	1146	134
262	913	1107	115	70	914	1120	124	899	916	1133	105	710	917	1146	89
14	913	1108	110	775	914	1121	99	389	916	1134	108	395	917	1147	142
569	913	1108	108	787	914	1121	115	64	916	1134	119	705	917	1147	96
848	913	1108	105	797	914	1121	109	292	916	1134	102	744	917	1147	106
580	913	1108	128	343	914	1121	133	387	916	1134	128	146	917	1147	90
230	913	1108	139	90	914	1121	123	39	916	1134	123	121	917	1147	110
766	913	1109	120	266	914	1122	100	95	916	1135	109	486	917	1148	131
356	913	1109	98	125	914	1122	127	115	916	1135	85	5	917	1148	109
533	913	1109	111	717	914	1122	108	743	916	1135	119	278	917	1148	125
611	913	1109	109	116	914	1122	119	265	916	1135	130	111	917	1148	130
301	913	1109	111	431	914	1122	89	255	916	1135	145	823	914	1116	119
805	913	1110	118	501	914	1123	121	109	916	1136	136	160	914	1117	134
31	913	1110	99	451	914	1123	113	723	916	1136	115	118	917	1149	124
244	913	1110	125	735	914	1123	111	133	916	1136	140	538	917	1149	111
453	913	1110	121	410	914	1123	113	545	916	1136	110	370	917	1149	114
563	913	1110	109	647	914	1123	120	371	916	1136	126	556	917	1149	114
443	913	1111	101	108	914	1124	127	100	916	1137	118	458	917	1150	114
610	913	1111	113	35	915	1124	104	732	916	1137	114	471	917	1150	106
247	913	1111	113	191	915	1124	117	368	916	1137	119	693	917	1150	125
811	913	1111	125	56	915	1124	109	795	916	1137	131	352	918	1150	120
653	913	1111	105	689	915	1124	129	483	916	1137	135	750	918	1150	132
900	913	1112	106	788	915	1125	128	567	916	1138	128	65	918	1151	125
414	913	1112	103	43	915	1125	116	624	916	1138	122	844	918	1151	128
126	913	1112	114	66	915	1125	127	411	916	1138	106	585	918	1151	119
300	913	1112	116	576	915	1125	131	592	916	1138	120	78	918	1151	138
579	913	1112	110	571	915	1125	116	397	916	1138	128	860	918	1151	146
560	913	1113	91	302	915	1126	115	575	916	1139	105	869	918	1152	144
633	913	1113	102	285	915	1126	117	808	916	1139	141	609	905	1043	121
203	913	1113	117	168	915	1126	105	340	916	1139	115	727	918	1152	104
897	913	1113	102	391	919	1168	124	221	916	1139	107	891	918	1152	120
785	913	1113	112	184	915	1126	108	238	916	1139	110	607	918	1152	113
686	913	1114	118	122	915	1127	120	34	916	1140	111	333	918	1153	117
28	913	1114	96	436	915	1127	114	442	916	1140	142	54	918	1153	130
858	913	1114	101	498	915	1127	113	232	916	1140	108	87	918	1153	113
51	913	1114	136	677	915	1127	124	682	916	1140	87	528	918	1153	109
649	913	1114	107	669	915	1127	100	621	916	1140	109	390	918	1153	105
816	913	1115	111	770	915	1128	135	423	916	1141	115	217	918	1154	126
297	913	1115	103	138	915	1128	119	850	916	1141	118	524	918	1154	123
491	914	1115	103	702	915	1128	96	428	916	1141	120	565	918	1154	119
130	914	1115	120	44	915	1128	115	271	916	1141	138	635	918	1154	132
294	914	1115	114	564	915	1128	95	581	917	1141	113	639	918	1154	124
544	914	1116	112	673	915	1129	90	342	917	1142	125	385	918	1155	111
871	914	1116	122	107	915	1129	114	151	917	1142	119	601	918	1155	142
114	914	1116	113	426	915	1129	121	547	917	1142	97	455	918	1155	128
513	914	1116	107	835	915	1129	100	141	917	1142	121	570	918	1155	117
205	921	1178	119	330	915	1129	128	638	904	1031	112	736	918	1155	132
657	921	1179	108	307	915	1130	116	11	912	1101	94	740	918	1156	129
568	914	1117	131	709	915	1130	100	511	917	1143	108	322	918	1156	112
48	914	1117	137	651	915	1130	131	291	917	1143	123	417	918	1156	121

Devamı diğer sayfada

Çizelge 7.9'un devamı

223	914	1117	122	276	915	1130	124	363	917	1143	120	834	918	1156	97
791	914	1117	145	19	915	1130	116	163	917	1143	128	40	918	1156	96
253	918	1157	105	49	920	1170	118	158	919	1164	129	889	921	1177	133
97	918	1157	126	759	920	1170	115	551	919	1164	137	199	921	1177	112
746	918	1157	128	472	920	1170	146	695	919	1164	122	399	913	1107	110
680	918	1157	129	379	920	1170	137	357	919	1164	140	605	921	1177	119
461	918	1157	123	331	920	1170	127	467	919	1164	109	761	921	1177	139
541	918	1158	105	315	920	1171	127	377	919	1165	160	608	921	1178	145
91	918	1158	117	572	920	1171	115	880	919	1165	123	113	908	1066	140
714	918	1158	108	739	920	1171	112	364	919	1165	113	894	921	1178	118
490	918	1158	107	801	920	1171	124	817	919	1165	109	684	917	1149	139
193	918	1158	107	881	920	1171	101	341	919	1165	141	80	921	1178	133
128	918	1159	125	875	920	1172	139	349	905	1036	117	212	921	1179	123
157	918	1159	109	525	905	1037	131	403	919	1166	124	522	921	1179	127
237	919	1159	124	841	920	1172	132	617	919	1166	111	192	921	1179	128
351	919	1159	121	272	920	1172	127	890	919	1166	112	630	917	1148	105
214	919	1159	108	334	920	1172	122	473	919	1166	102	324	921	1179	134
350	919	1160	106	16	920	1173	140	131	919	1167	116	762	921	1180	136
582	919	1160	120	896	920	1173	116	597	919	1167	116	509	921	1180	117
93	919	1160	115	30	920	1173	112	171	919	1167	124	687	921	1180	128
773	919	1160	116	838	920	1173	130	779	919	1167	110	175	921	1180	159
521	919	1160	106	566	920	1173	125	313	919	1167	132	518	901	1001	129
622	919	1161	120	202	920	1174	128	332	910	1081	133	37	919	1163	124
506	919	1161	123	724	920	1174	130	52	920	1168	118	429	919	1163	112
123	919	1161	117	320	920	1174	121	839	920	1168	119	623	919	1163	118
104	919	1161	124	327	920	1174	132	444	920	1168	121	257	919	1163	125
413	919	1161	135	326	920	1174	149	876	920	1168	110	885	919	1163	111
594	919	1162	115	799	920	1175	130	519	904	1034	113	654	920	1176	127
587	919	1162	112	102	920	1175	117	696	920	1169	116	241	920	1176	126
384	919	1162	113	688	920	1175	118	532	920	1169	124	306	908	1069	113
789	919	1162	130	260	920	1175	118	200	920	1169	106	437	920	1176	111
628	919	1162	125	281	920	1175	130	261	920	1169	137	336	920	1176	116

Örnekteki özellik için REML, ML, Mivque ve Henderson Tip 1 tahmincileri kullanılarak varyans unsurlarının tahmin edilmesi amacıyla SAS programında aşağıdaki komutlar kullanılmıştır.

```
DATA tekozellik;
INFILE 'C:\DoganSASResearch\UNIVARDATASETS\Data6HAT\hat1univar.txt';
INPUT yavru horoz tavuk yumver;
RUN;
PROC VARCOMP DATA=tekozellik METHOD= REML;
CLASS baba ana;
MODEL yumver=baba ana(baba);
RUN;
PROC VARCOMP DATA=tekozellik METHOD= ML;
CLASS baba ana;
MODEL yumver=baba ana(baba);
RUN;
PROC VARCOMP DATA=tekozellik METHOD= MIVQUE0;
CLASS baba ana;
MODEL yumver=baba ana(baba);
RUN;
PROC VARCOMP DATA=tekozellik METHOD= TYPE1;
CLASS baba ana;
MODEL yumver=baba ana(baba);
RUN;
```

Örnek veri setinde varyans unsurlarının farklı tahmincileri ile elde edilen sonuçlar ve kalıtım dereceleri Çizelge 7.10'da sunulmuştur. Kalıtım dereceleri, baba ve

ana unsurlarından elde edilen genetik varyansın iki katının fenotipik varyansa oranlanmasıyla hesaplanmaktadır.

Çizelge 7.10. Varyans unsurlarının tahmin değerleri ve kalıtım dereceleri

Varyans Unsurları	REML	ML	MIVQUE0	TYPE1
Baba	27,53	25,97	24,41	26,14
Ana	1,36	1,36	3,06	-0,78
Hata	163,83	163,83	163,52	165,71
Kalıtım Derecesi	0,30	0,29	0,29	0,27

EK 7. Varyans-kovaryans unsurlarının tahmini

Örnekte benzetim yoluyla iç içe sınıflandırılmış deneme desenine göre eşeyssel olgunluk yaşı ve yumurta ağırlığı özelliklerini içeren bir veri seti kurgulanmış, Çizelge 7.11’de sunulmuştur.

Çizelge 7.11. Bildircinların (Bild.) soy kayıtları ile birlikte ergin ağırlık (Ağr.; g) ve yumurta ağırlığı (Y.A.; g) değerleri

Bild.	Baba	Ana	Ağr.	Y.A.	Bild.	Baba	Ana	Ağr.	Y.A.	Bild.	Baba	Ana	Ağr.	Y.A.
51	6	11	153,59	11,73	101	11	21	191,35	13,08	151	16	31	160,14	10,77
52	6	11	172,03	11,03	102	11	21	177,96	13,38	152	16	31	130,44	10,72
53	6	11	161,69	11,79	103	11	21	152,07	10,76	153	16	31	161,54	11,59
54	6	11	171,19	12,26	104	11	21	194,44	11,5	154	16	31	168,34	10,33
55	6	11	171,12	13,7	105	11	21	150,37	11,1	155	16	31	181,64	11,99
56	6	12	151,01	9,8	106	11	22	145,01	7,49	156	16	32	131,15	6,98
57	6	12	169,55	9,34	107	11	22	176,94	11,46	157	16	32	181,08	10,58
58	6	12	159,31	10,05	108	11	22	173,98	9,82	158	16	32	163,91	11,38
59	6	12	168,99	10,49	109	11	22	152,23	13,18	159	16	32	157,33	9,65
60	6	12	168,85	10,93	110	11	22	162,96	13,48	160	16	32	219,14	12,94
61	7	13	198,71	11,24	111	12	23	126,08	7,38	161	17	33	190,44	14,51
62	7	13	168,44	10,18	112	12	23	172,61	11,95	162	17	33	159,7	10,71
63	7	13	168,03	9,75	113	12	23	166,85	12,26	163	17	33	178,09	10,63
64	7	13	167,58	9,52	114	12	23	187,16	14,09	164	17	33	187,74	11,11
65	7	13	166,15	15,48	115	12	23	128,06	9,5	165	17	33	156,82	10,86
66	7	14	165,9	10,74	116	12	24	156,72	11,15	166	17	34	185,48	12,89
67	7	14	163,99	10,71	117	12	24	155,79	12,27	167	17	34	163,82	9,47
68	7	14	163,82	13,32	118	12	24	184,36	11,92	168	17	34	185,42	14,48
69	7	14	163,74	11,58	119	12	24	158,13	10,51	169	17	34	179,06	10,7
70	7	14	162,86	10,45	120	12	24	178,95	10,17	170	17	34	153,96	10,65
71	8	15	161,68	10,77	121	13	25	130,05	8,15	171	18	35	168,85	9,55
72	8	15	161,13	9,89	122	13	25	185,06	9,63	172	18	35	164,96	8,44
73	8	15	160,85	9,41	123	13	25	149,59	11,06	173	18	35	173,97	11,06
74	8	15	198,18	10,57	124	13	25	167,7	13,97	174	18	35	185,78	14,77
75	8	15	158,1	9,63	125	13	25	127,47	12,58	175	18	35	192,28	12,12
76	8	16	158,02	9,95	126	13	26	139,63	11,34	176	18	36	120,3	9,22
77	8	16	157,39	6,31	127	13	26	180,55	11,51	177	18	36	157,77	10,8
78	8	16	157,29	8,76	128	13	26	161,57	10,27	178	18	36	179,18	13,29
79	8	16	157,18	9,54	129	13	26	167,07	11,2	179	18	36	193,58	9,82
80	8	16	156,32	6,46	130	13	26	174,9	10,39	180	18	36	130,97	5,87
81	9	17	156,07	7,67	131	14	27	155,02	10,62	181	19	37	195,4	10,98
82	9	17	190,1	8,97	132	14	27	164,16	10,7	182	19	37	146,89	8,97
83	9	17	155,42	9,59	133	14	27	127,99	11,41	183	19	37	180,5	12,96
84	9	17	155,2	11,44	134	14	27	188,08	16	184	19	37	180,72	11,71
85	9	17	154,19	10,11	135	14	27	116,93	10,89	185	19	37	157,81	10,66
86	9	18	153,34	8,79	136	14	28	156,96	12,32	186	19	38	159,27	11,13
87	9	18	153,32	12,37	137	14	28	169,54	11,54	187	19	38	167	9,7
88	9	18	152,93	7,4	138	14	28	170,53	8,44	188	19	38	159,72	11,5
89	9	18	152,13	8,93	139	14	28	157,05	13,6	189	19	38	203,19	13,45
90	9	18	150,91	9,97	140	14	28	174,23	14,38	190	19	38	144,23	8,55
91	10	19	149,04	8,71	141	15	29	156,21	9,33	191	20	39	174,27	11,35
92	10	19	148,97	9,88	142	15	29	144,32	11,96	192	20	39	150,49	9,55
93	10	19	198,58	12,55	143	15	29	174,05	12,43	193	20	39	165,43	11,31
94	10	19	145,76	11,23	144	15	29	183,62	12,39	194	20	39	145,68	8,92
95	10	19	144,26	11,84	145	15	29	151,45	10,6	195	20	39	157	10,59
96	10	20	193,96	12,49	146	15	30	144,15	9,02	196	20	40	170,32	14,39
97	10	20	149,85	8,4	147	15	30	158,92	8,37	197	20	40	184,17	11,14
98	10	20	137,77	7,38	148	15	30	137,39	9,01	198	20	40	169,56	12,58
99	10	20	134,48	8,07	149	15	30	203,01	8,4	199	20	40	181,48	12,82
100	10	20	133,68	8,9	150	15	30	200,13	11,11	200	20	40	155,62	11,86

SAS MIXED prosedüründe çok özellik için varyans-kovaryans matrisleri, genetik korelasyonlar ve kalıtım derecelerinin hesaplanması için aşağıdaki komutlar kullanılmıştır.

```
DATA hat6;
INFILE
'C:\DoganSASResearch\MULTIVARDATASETS\Data6HAT\hat1multivar.txt';
INPUT bildircin baba ana esolgagr yumagr;
RUN;
data cokozellik;
set
hat6 (rename=(esolgagr =verim))
hat6 (rename=(yumagr =verim));
if esolgagr =. then ozellik=1 ;
if yumagr =. then ozellik=2 ;
drop esolgagr yumagr ;
run;
PROC MIXED DATA=cokozellik COVTEST ASYCOV ASYCORR;
CLASS ozellik baba ana bildircin ;
MODEL verim = ozellik ;
RANDOM ozellik /TYPE=UN SUB=baba G GCORR ;
REPEATED ozellik/TYPE=UN SUB=bildircin*baba*ana(baba) R RCORR;
ODS OUTPUT COVPARMS=_varcomp ASYCOV=_cov ASYCORR=_corr ;
RUN;
```

İki özellik için varyans unsurları REML tahmincisiyle tahmin edilmiş ve “unstructured” kovaryans yapısında genetik ve çevre varyans kovaryans matrisleri oluşturulmuş, analiz sonucunda eşeyssel olgunluk ağırlığı ve yumurta ağırlığı verileri için elde edilen varyans-kovaryans tahmin değerleri Çizelge 7.12’de, asimptotik varyans-kovaryans matrisi Çizelge 7.13’te ve asimptotik korelasyon matrisi Çizelge 7.14’te sunulmuştur.

Çizelge 7.12. Varyans-kovaryans matrisi

	Kaynak	Tahmin	Standart Hata	Z Değeri	Z Olasılık
UN(1,1)	Eklemeli Genetik	69,35019	47,91784	1,45	0,07391
UN(2,1)	Eklemeli Genetik	1,179931	2,765169	0,43	0,669589
UN(2,2)	Eklemeli Genetik	0,208077	0,291359	0,71	0,237564
UN(1,1)	Çevre	273,2484	49,8881	5,48	2,16E-08
UN(2,1)	Çevre	9,301318	3,646451	2,55	0,010748
UN(2,2)	Çevre	2,603059	0,475251	5,48	2,16E-08

Çizelge 7.13. Asimptotik varyans-kovaryans matrisi

	Kovaryans Parametreleri					
	1	2	3	4	5	6
UN(1,1)	2296,119	57,24358	1,435751	-497,765	-16,9438	-0,57676
UN(2,1)	57,24358	7,646157	0,348762	-16,9438	-2,65932	-0,16141
UN(2,2)	1,435751	0,348762	0,08489	-0,57676	-0,16141	-0,04517
UN(1,1)	-497,765	-16,9438	-0,57676	2488,823	84,71901	2,883817
UN(2,1)	-16,9438	-2,65932	-0,16141	84,71901	13,2966	0,807063
UN(2,2)	-0,57676	-0,16141	-0,04517	2,883817	0,807063	0,225864

Çizelge 7.14. Asimptotik korelasyon matrisi

	Kovaryans Parametreleri					
	1	2	3	4	5	6
UN(1,1)	1	0,432024	0,102838	-0,20822	-0,09697	-0,02533
UN(2,1)	0,432024	1	0,432892	-0,12283	-0,26374	-0,12283
UN(2,2)	0,102838	0,432892	1	-0,03968	-0,15193	-0,32623
UN(1,1)	-0,20822	-0,12283	-0,03968	1	0,465708	0,121632
UN(2,1)	-0,09697	-0,26374	-0,15193	0,465708	1	0,465708
UN(2,2)	-0,02533	-0,12283	-0,32623	0,121632	0,465708	1

İki özellik için yapılan analiz sonucunda elde edilen değerler kullanılarak SAS/IML prosedürü ile özelliklerin kalıtım dereceleri, özellikler arasındaki genetik korelasyon ve bu parametrelere ait standart hata değerleri aşağıdaki kodlarla hesaplanabilmektedir.

```
PROC IML;
USE _varcomp;
  READ ALL VAR {Estimate} WHERE (Subject="baba") INTO _gvarcomp;
CLOSE _varcomp;
USE _varcomp;
  READ ALL VAR {Estimate} WHERE (Subject="baba*ana*bildi (baba) ")
INTO _rvarcomp;
CLOSE _varcomp;
h_2esolagr= 4 * (_gvarcomp[1,1]) / (_gvarcomp[1,1] + _rvarcomp[1,1]);
h_2yumagr = 4 * (_gvarcomp[3,1]) / (_gvarcomp[3,1] + _rvarcomp[3,1]);
USE _cov;
  READ all var {CovP1 CovP2 CovP3} into _cov;
CLOSE _cov;
r = _gvarcomp[2,1]/sqrt(_gvarcomp[1,1]*_gvarcomp[3,1]);
a = _cov[1,1]/(4*( _gvarcomp[1,1])**2) ;
ab=_cov[2,2]/(( _gvarcomp[2,1])**2) ;
b = _cov[3,3]/(4*( _gvarcomp[3,1])**2) ;
c1=(2*_cov[1,3])/(4*( _gvarcomp[1,1]*_gvarcomp[3,1]));
c2=(2*_cov[1,2])/(2*( _gvarcomp[1,1]*_gvarcomp[2,1]));
c3=(2*_cov[2,3])/(2*( _gvarcomp[2,1]*_gvarcomp[3,1]));
var_r=(r*r)*(a+b+ab+c1-c2-c3);
SE_r =sqrt(var_r) ;

PRINT
  h_2esolagr [format=6.2]
```



```
h_2yumagr [format=6.2]  
r          [format=6.2]  
SE_r      [format=6.2];
```

RUN;

Gerçekleştirilen hesaplamalar sonucunda eşeyssel olgunluk ağırlığı için baba varyans unsurundan hesaplanan kalıtım derecesi 0,81, yumurta ağırlığı için baba varyans unsurundan hesaplanan kalıtım derecesi 0,30, iki özellik arasındaki genetik korelasyon 0,31 ve genetik korelasyonun standart hata değeri 0,62 olarak bulunmuştur.

EK 8. Tek özellikli birey modeline ait örnek

Tek özellikli birey modeline ait bir örnekte 10 erkek, bunlarla çiftleşen 30 dişi ve bunların 90 yavrusuna ait Y_1 (6. hafta canlı ağırlığı), Y_2 (yumurta ağırlığı), Y_3 (eşeyssel olgunluk yaşı) ve Y_4 (yumurta verimi, adet) verileri benzetim yöntemiyle elde edilmiş, Çizelge 7.15'te sunulmuştur.

Çizelge 7.15. Bildircinların (Bild.) soy kayıtları ile birlikte Y_1 (6. hafta canlı ağırlığı), Y_2 (yumurta ağırlığı), Y_3 (eşeyssel olgunluk yaşı) ve Y_4 (yumurta verimi, adet) verileri

Bıld	Baba	Ana	Y_1	Y_2	Y_3	Y_4	Bıld	Baba	Ana	Y_1	Y_2	Y_3	Y_4
41	1	11	233,64	13,73	52	128	86	6	26	122,32	13,25	46	124
42	1	11	222,25	11,77	53	128	87	6	26	118,48	14,17	45	125
43	1	11	238,57	15,82	58	127	88	6	26	222,33	12,35	46	110
44	1	12	214,75	11,51	45	130	89	6	27	242,06	15,05	47	115
45	1	12	212,48	11,42	51	130	90	6	27	224,28	11,93	47	107
46	1	12	230,77	13,77	51	125	91	6	27	229,49	14,78	53	114
47	1	13	134,73	14,08	53	122	92	6	28	241,38	15,88	47	110
48	1	13	229,14	14,24	45	117	93	6	28	238,39	15,19	54	120
49	1	13	228,44	13,17	46	117	94	6	28	232,2	13,74	46	116
50	2	14	176,58	14,14	39	124	95	7	29	194,09	14,01	53	113
51	2	14	201,24	11,31	43	129	96	7	29	192,4	10,84	45	113
52	2	14	198,09	8,49	48	123	97	7	29	198,5	13,68	43	118
53	2	15	168,76	13,1	36	117	98	7	30	206,02	9,92	47	117
54	2	15	208,22	12,85	52	107	99	7	30	210,56	11,98	48	119
55	2	15	206,22	10,11	44	114	100	7	30	196,51	9,61	45	116
56	2	16	184,13	10,69	48	104	101	7	31	189,3	11,01	56	118
57	2	16	185,27	9,03	47	123	102	7	31	186,08	9,83	47	118
58	2	16	172,69	9,41	38	119	103	7	31	193,98	8,43	53	129
59	3	17	186,63	9,03	44	111	104	8	32	215,86	13,06	48	106
60	3	17	189,87	10,98	38	125	105	8	32	211,35	11,69	44	111
61	3	17	205	12,44	35	118	106	8	32	169,1	12,27	48	116
62	3	18	232,72	14,84	51	101	107	8	33	220,11	13,54	48	115
63	3	18	222,3	13,6	44	122	108	8	33	210,36	10,2	40	118
64	3	18	211,19	14,1	46	110	109	8	33	214,15	12,04	47	117
65	3	19	202,37	14,25	42	122	110	8	34	209,91	12,3	45	118
66	3	19	204,4	10,14	46	128	111	8	34	207,23	13,92	46	118
67	3	19	206,07	10,42	53	120	112	8	34	210,88	14,57	40	116
68	4	20	254,52	15,52	44	118	113	9	35	196,13	12,73	47	116
69	4	20	212,16	11,33	45	121	114	9	35	190,54	10,43	43	116
70	4	20	254,53	13,16	46	109	115	9	35	193,59	15,13	44	117
71	4	21	145,27	14,41	46	121	116	9	36	190,05	9,41	47	115
72	4	21	198,64	12,25	48	119	117	9	36	194,84	9,71	46	111
73	4	21	245,26	13,12	47	120	118	9	36	193,99	12,35	49	111
74	4	22	242,25	15,7	44	103	119	9	37	190,17	12,12	43	107
75	4	22	224,85	11,51	43	118	120	9	37	130,85	12,06	40	128
76	4	22	167,61	16,86	58	116	121	9	37	177,87	12,99	47	116
77	5	23	222,12	11,97	42	123	122	10	38	226,68	12,92	49	116
78	5	23	227,03	16,04	41	118	123	10	38	223,56	13,37	54	81
79	5	23	237,59	11,7	47	114	124	10	38	227,58	12,37	42	114
80	5	24	239,88	15,79	51	114	125	10	39	218,4	13,05	45	112
81	5	24	240,97	11,77	50	107	126	10	39	212,4	9,06	46	112
82	5	24	236,33	15,29	44	103	127	10	39	214,42	15,74	45	115
83	5	25	235,55	13,34	50	114	128	10	40	213,91	12,41	49	116
84	5	25	165,7	13,52	43	112	129	10	40	216,11	14,77	50	115
85	5	25	149,76	15,69	43	121	130	10	40	222,74	12,41	49	112

Bir özellik için gerçekleştirilecek analizde karışık model eşitliği daha önce açıklaması yapılan şekildedir;

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \mathbf{A}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{Y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{Y} \end{bmatrix}$$

Öncelikle varyansların hesaplanması ve her bir özellik için $k = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$ değerlerinin elde edilmesi gerekmektedir. Bu işlem GLM, VARCOMP ve MIXED prosedürlerinden herhangi birisi kullanılarak gerçekleştirilebilmektedir. Örnek veri setinde bu işlemi PROC MIXED ile gerçekleştirmek için aşağıdaki kodlar kullanılmıştır;

```
DATA hat8;
INFILE 'C:\Documents and Settings\Xp\Desktop\SEMİNER 2\Seminer İcin
SAS Dosyaları\hat8.txt';
INPUT bildircin baba ana esolgagr yumagr esolgyas yumver;
RUN;
DATA cokozellik;
SET
hat8 (rename=(esolgagr =verim))
hat8 (rename=(yumagr =verim))
hat8 (rename=(esolgyas =verim))
hat8 (rename=(yumver =verim)) ;
IF esolgagr =. THEN ozellik=1 ;
IF yumagr =. THEN ozellik=2 ;
IF esolgyas =. THEN ozellik=3 ;
IF yumver =. THEN ozellik=4 ;
DROP esolgagr yumagr esolgyas yumver; RUN;
PROC MIXED DATA=cokozellik COVTEST ASYCOV ASYCORR METHOD=REML;
CLASS ozellik baba ana bildircin ;
MODEL verim = ozellik ;
RANDOM ozellik /TYPE=UN SUB=baba G GCORR ;
RANDOM ozellik /TYPE=UN SUB=ana(baba) G GCORR ;
REPEATED ozellik/TYPE=UN SUB=bildircin*baba*ana(baba) R RCORR;
ODS OUTPUT COVPARMS=_varcomp ASYCOV=_cov ASYCORR=_corr ; RUN;
```

Akrabalık matrisinin oluşturulması için aşağıdaki SAS kodları kullanılmaktadır;

```
DATA hat8akrabalik;
INFILE 'C:\Documents and Settings\Xp\Desktop\SEMİNER 2\Seminer İcin
SAS Dosyaları\hat8akrabalik.txt';
INPUT bildircin baba ana @@;
RUN;
PROC INBREED DATA=hat8akrabalik COVAR OUTCOV=amatrix;
VAR bildircin baba ana;
RUN;
```

PROC MIXED’de gerçekleştirilen analiz sonucunda elde edilen “_varcomp” çıktı verisi ve INBREED prosedüründe oluşturulan akrabalık derecesi matrisinin çıktısı “amatrix” SAS/IML’ye data olarak okutulup, k değerlerinin hesaplanması ve akrabalık matrisi için gereksiz sütunların atılması gerekmektedir. Bu işlemler için gerekli olan SAS/IML komutları şu şekildedir;

```
DATA L2data;
SET amatrix;
PARM=1; ROW=_n_;
RUN;
```

```

PROC IML;
USE L2data;
READ ALL INTO L2data; A=L2data[1:130,5:134];
CLOSE L2data;
USE _varcomp;
    READ ALL VAR {Estimate} WHERE(Subject="baba") INTO _gbvarcomp;
CLOSE _varcomp;
USE _varcomp;
    READ ALL VAR {Estimate} WHERE(Subject="ana(baba)") INTO
_gavarcomp;
CLOSE _varcomp;
USE _varcomp;
    READ ALL VAR {Estimate} WHERE(Subject="baba*ana*bildi(baba)")
INTO _rvarcomp;
CLOSE _varcomp;
k_1 = _rvarcomp[1,1] / (_gbvarcomp[1,1] + _gavarcomp[1,1]);
k_2 = _rvarcomp[3,1] / (_gbvarcomp[3,1] + _gavarcomp[3,1]);
k_3 = _rvarcomp[6,1] / (_gbvarcomp[6,1] + _gavarcomp[6,1]);
k_4 = _rvarcomp[10,1] / (_gbvarcomp[10,1] + _gavarcomp[10,1]);

PRINT
k_1 [format=6.2]
k_2 [format=6.2]
k_3 [format=6.2]
k_4 [format=6.2];
RUN;

```

Her bir özellik için hata varyansının eklemeli genetik varyansa oranı olan k1, k2, k3, k4 değerleri sırasıyla 1,99, 2,87, 5,47 ve 2,55 olarak hesaplanmıştır. IML prosedürünün “print” komutu kullanılarak “AA” matrisi çağırıldığında 130x130’luk akrabalık matrisi görüntülenmektedir. Söz konusu akrabalık matrisinin kısmi görüntüsü Şekil 7.1’de gösterilmiştir.

Akrabalık matrisi ve k değerleri hesaplandıktan sonra SAS/IML’de karışık model eşitliği oluşturulup BLUP değerlerinin hesaplanması için aşağıdaki kodlar kullanılmıştır.

```

proc iml;
x=j(90,1,1);
z1=j(90,40,0);
z2=I(90);
z=z1||z2;
use hat8;
read all var {esolgagr} into y;
G=inv(A)*k_1;
xx=x`*x;
xz=x`*z;
zx=z`*x;
zz=z`*z+G;
xy=x`*y;
zy=z`*y;
M1=(xx||xz)/(zx||zz);
M2=(xy//zy);
BLUPdegerleri=inv(M1)*M2;
print BLUPdegerleri;

```

	COL1	COL2	COL3	COL4	COL5	COL6				
ROW1	1	0	0	0	0	0				
ROW2	0	1	0	0	0	0				
ROW3	0	0	1	0	0	0				
ROW4	0	0	0	1	0	0				
ROW5	0	0	0	0	1	0				
ROW6	0	0	0	0	0	1				
ROW7	0	0	0	0	0	0				
ROW8	0	0	0	0	0	0				
ROW9	0	0	0	0	0	0				
ROW10	0	0	0	0	0	0				
ROW11	0	0	0	0	0	0				
ROW12	0	0	0	0	0	0				
ROW13	0	0	0	0	0	0				
ROW14	0	0	0	0	0	0				
ROW15	0	0	0	0	0	0				
ROW16	0	0	0	0	0	0				
ROW17	0	0	0	0	0	0				
ROW18	0	0	0	0	0	0				
ROW19	0	0	0	0	0	0	COL127	COL128	COL129	COL130
ROW20	0	0	0	0	0	0				
						ROW115	0	0	0	0
						ROW116	0	0	0	0
						ROW117	0	0	0	0
						ROW118	0	0	0	0
						ROW119	0	0	0	0
						ROW120	0	0	0	0
						ROW121	0	0	0	0
						ROW122	0.25	0.25	0.25	0.25
						ROW123	0.25	0.25	0.25	0.25
						ROW124	0.25	0.25	0.25	0.25
						ROW125	0.5	0.25	0.25	0.25
						ROW126	0.5	0.25	0.25	0.25
						ROW127	1	0.25	0.25	0.25
						ROW128	0.25	1	0.5	0.5
						ROW129	0.25	0.5	1	0.5
						ROW130	0.25	0.5	0.5	1

Şekil 7.1. SAS çıktı dosyasında akrabalık matrisine ait kısmi görüntü

Eşeyssel olgunluk ağırlığına ait değerler için karışık model eşitliklerinin çözümü gerçekleştirilip BLUP değerleri hesaplandıktan sonra sırasıyla yumurta ağırlığı, eşeyssel olgunluk yaşı ve yumurta verimleri için de aynı hesaplamaları yapmak ve BLUP değerlerini görüntülemek için aşağıdaki komutlar kullanılmaktadır;

```
proc iml;  
  x=j(90,1,1);  
  z1=j(90,40,0);  
  z2=I(90);  
  z=z1||z2;  
  use hat8;  
  read all var {yumagr} into y2;  
  G=inv(A)*k_2;  
  xx=x`*x;  
  xz=x`*z;  
  zx=z`*x;  
  zz=z`*z+G;  
  xy2=x`*y2;  
  zy2=z`*y2;  
  M3=((xx||xz)/(zx||zz));  
  M4=(xy2//zy2);  
  BLUPyumagr=inv(M3)*M4;  
  
  x=j(90,1,1);  
  z1=j(90,40,0);  
  z2=I(90);  
  z=z1||z2;
```

```

use hat8;
read all var {esolgyas} into y3;
G=inv(A)*k_3;
xx=x`*x;
xz=x`*z;
zx=z`*x;
zz=z`*z+G;
xy3=x`*y3;
zy3=z`*y3;
M5=(xx|xz)/(zx|zz);
M6=(xy3/zy3);
BLUPesolgyas=inv(M5)*M6;

x=j(90,1,1);
z1=j(90,40,0);
z2=I(90);
z=z1||z2;
use hat8;
read all var {yumver} into y4;
G=inv(A)*k_4;
xx=x`*x;
xz=x`*z;
zx=z`*x;
zz=z`*z+G;
xy4=x`*y4;
zy4=z`*y4;
M7=(xx|xz)/(zx|zz);
M8=(xy4/zy4);
BLUPyumver=inv(M7)*M8;
PRINT BLUPesolgagr BLUPyumagr BLUPesolgyas BLUPyumver;
RUN;

```

Özellikler için karışık model eşitliklerinin ayrı ayrı çözümü gerçekleştirildikten sonra elde edilen tek özellikli BLUP değerleri Çizelge 7.16'da sunulmuştur.

Çizelge 7.16. Dört özellik için tek özellikli BLUP tahmin değerleri

No	Y ₁	Y ₂	Y ₃	Y ₄	No	Y ₁	Y ₂	Y ₃	Y ₄
1	8,191	0,435	1,956	6,291	66	-0,510	-0,653	-0,450	3,289
2	-13,976	-1,165	-1,332	1,000	67	-0,175	-0,611	0,136	1,976
3	0,526	-0,327	-1,109	0,752	68	18,581	0,799	-0,323	0,105
4	8,220	0,777	0,117	-0,240	69	10,088	0,177	-0,240	0,597
5	9,116	0,875	-0,440	-1,810	70	18,583	0,449	-0,156	-1,371
6	1,471	0,971	0,674	-0,570	71	-11,459	0,622	0,049	1,257
7	-7,948	-1,151	1,009	1,083	72	-0,759	0,302	0,216	0,929
8	1,291	-0,030	-0,719	-1,066	73	8,588	0,431	0,132	1,093
9	-17,905	-0,553	-0,719	-0,901	74	10,791	1,036	0,017	-2,961
10	11,015	0,167	0,563	-4,539	75	7,302	0,414	-0,066	-0,500
11	9,852	0,325	1,520	3,194	76	-4,174	1,208	1,190	-0,828
12	4,232	-0,236	0,330	3,457	77	10,236	0,291	-0,888	0,783
13	-5,893	0,346	0,107	-0,360	78	11,221	0,895	-0,972	-0,037
14	-3,296	-0,279	-0,568	3,317	79	13,338	0,251	-0,469	-0,693
15	-2,172	-0,022	-0,419	-1,685	80	15,672	1,020	0,377	-2,399
16	-8,509	-0,863	-0,345	-0,632	81	15,891	0,423	0,293	-3,547
17	-5,787	-0,613	-1,560	0,470	82	14,961	0,946	-0,209	-4,203
18	7,270	0,612	0,225	-2,294	83	4,565	0,641	-0,014	-1,133
19	-0,957	-0,326	0,225	2,576	84	-9,439	0,668	-0,600	-1,461
20	13,968	0,104	-0,358	-0,124	85	-12,635	0,990	-0,600	0,015
21	-6,384	0,076	0,089	1,456	86	-25,901	0,517	0,139	1,584
22	0,636	0,597	0,386	-1,572	87	-26,671	0,654	0,055	1,748
23	8,448	0,050	-0,668	1,108	88	-5,849	0,384	0,139	-0,713
24	13,140	0,431	0,448	-2,973	89	12,445	0,888	0,564	-1,158
25	-12,473	0,394	-0,221	0,055	90	8,880	0,424	0,564	-2,471
26	-24,251	0,039	-0,271	1,390	91	9,924	0,847	1,066	-1,322
27	11,617	0,281	0,473	-1,638	92	13,303	1,168	0,564	-1,428
28	14,105	0,651	0,473	-0,322	93	12,703	1,066	1,150	0,212
29	-3,290	0,275	-0,011	-0,912	94	11,462	0,851	0,480	-0,444
30	1,041	-0,577	-0,085	0,142	95	-6,897	-0,173	0,998	-0,492
31	-5,699	-0,849	1,105	1,853	96	-7,236	-0,643	0,328	-0,492
32	-3,681	-0,112	0,108	-1,935	97	-6,013	-0,222	0,160	0,329
33	3,765	-0,263	-0,264	0,303	98	-2,774	-1,143	0,461	0,605
34	1,207	0,345	-0,562	0,566	99	-1,864	-0,837	0,545	0,933
35	-1,717	0,137	-0,339	0,138	100	-4,681	-1,189	0,294	0,441
36	-1,930	-0,691	0,256	-1,441	101	-8,821	-1,097	1,760	1,484
37	-14,259	0,001	-0,636	0,402	102	-9,466	-1,272	1,007	1,484
38	6,634	0,051	0,336	-4,146	103	-7,883	-1,480	1,509	3,288
39	1,609	-0,047	-0,333	-0,460	104	1,004	-0,002	-0,158	-2,966
40	2,772	0,164	0,560	0,067	105	0,100	-0,205	-0,493	-2,146
41	12,737	0,482	2,050	5,862	106	-8,371	-0,119	-0,158	-1,326
42	10,454	0,191	2,133	5,862	107	4,833	0,006	-0,329	-0,554
43	13,726	0,792	2,552	5,698	108	2,878	-0,490	-0,999	-0,062
44	6,703	-0,086	0,918	6,300	109	3,638	-0,217	-0,412	-0,226
45	6,248	-0,100	1,421	6,300	110	1,765	0,081	-0,716	0,048
46	9,915	0,249	1,421	5,480	111	1,228	0,321	-0,633	0,048
47	-13,388	0,543	1,486	3,392	112	1,960	0,418	-1,135	-0,280
48	5,541	0,567	0,816	2,572	113	-9,840	-0,167	-0,447	-0,390
49	5,401	0,408	0,900	2,572	114	-10,961	-0,508	-0,782	-0,390
50	-12,820	-0,396	-1,502	3,046	115	-10,349	0,189	-0,698	-0,226
51	-7,876	-0,816	-1,167	3,866	116	-11,144	-1,012	-0,174	-1,214
52	-8,508	-1,235	-0,749	2,882	117	-10,184	-0,968	-0,258	-1,870
53	-13,939	-0,441	-1,685	-0,193	118	-10,354	-0,576	-0,006	-1,870
54	-6,027	-0,478	-0,345	-1,834	119	-16,049	-0,315	-0,918	-1,756
55	-6,428	-0,884	-1,015	-0,685	120	-27,942	-0,324	-1,169	1,689
56	-13,390	-1,157	-0,646	-1,885	121	-18,515	-0,186	-0,583	-0,280
57	-13,162	-1,403	-0,730	1,231	122	11,184	0,131	0,618	-3,701
58	-15,684	-1,347	-1,484	0,575	123	10,559	0,198	1,036	-9,442
59	-6,004	-0,940	-1,436	-0,380	124	11,365	0,049	0,031	-4,029
60	-5,354	-0,650	-1,939	1,916	125	7,516	0,109	-0,024	-2,816
61	-2,321	-0,433	-2,190	0,768	126	6,313	-0,484	0,060	-2,816
62	8,456	0,444	-0,032	-3,176	127	6,718	0,508	-0,024	-2,324
63	6,367	0,260	-0,618	0,269	128	7,080	0,103	0,720	-1,940
64	4,140	0,335	-0,450	-1,700	129	7,521	0,454	0,804	-2,104
65	-0,917	-0,043	-0,785	2,304	130	8,850	0,103	0,720	-2,596

EK 9. Çok özellikli birey modeline ait örnek

Çok özellikli karışık doğrusal model eşitliklerinin SAS programında çözümü için EK 8’de bulunan dört özellikli veri seti yeniden kullanılmıştır. Tek özellik için karışık model eşitliklerinde oluşturulan akrabalık matrisi aynı şekilde çok özellik için de kullanılırken, hata varyansının genetik varyansa oranı (k) yerine hata varyans-kovaryans matrisi (R) ve eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi (G) eşitliklere dahil edilmektedir. Akrabalık, R ve G matrislerini oluşturmak için aşağıdaki kodlar kullanılmaktadır.

```
DATA cokozeellik;
INFILE 'C:\Documents and Settings\Xp\Desktop\SEMİNER 2\Seminer İcin
SAS Dosyaları\verimler.txt';
INPUT bildiricin baba ana esolgagr yumagr esolgyas yumver;

DATA akrabalik;
INFILE 'C:\Documents and Settings\Xp\Desktop\SEMİNER
2\blup_seminer\akrabalik.txt';
INPUT bildiricin baba ana;

PROC INBREED DATA=akrabalik covar matrix outcov=Amatrisi ;
VAR bildiricin baba ana;
RUN;

DATA ozellikler;
SET
cokozeellik(RENAME =(esolgagr=verim))
cokozeellik(RENAME =(yumagr=verim))
cokozeellik(RENAME =(esolgyas=verim))
cokozeellik(RENAME =(yumver=verim));
IF esolgagr =. THEN ozellik=1 ;
IF yumagr   =. THEN ozellik=2 ;
IF esolgyas =. THEN ozellik=3 ;
IF yumver   =. THEN ozellik=4 ;
DROP esolgyas yumagr esolgyas yumver;
RUN;

PROC MIXED DATA=ozellikler COVTEST ASYCOV ASYCORR METHOD=REML;
CLASS ozellik baba ana bildiricin;
MODEL verim = ozellik;
RANDOM ozellik /TYPE=UN SUB=baba G GCorr;
        RANDOM ozellik /TYPE=UN SUB=ana(baba) G GCorr;
        REPEATED      /TYPE=UN SUB=bildiricin*baba*ana(baba) R RCorr;
ODS OUTPUT COVPARMS=_varcomp R=_R;
RUN;

PROC IML;
USE _R;
READ ALL VAR {col1 col2 col3 col4} INTO _R;
CLOSE _R;

USE _varcomp;
    READ ALL VAR {Estimate} WHERE(Subject="baba") INTO _gbvarcomp;
CLOSE _varcomp;
USE _varcomp;
    READ ALL VAR {Estimate} WHERE(Subject="ana(baba)") INTO
_gavarcomp;
```



```

CLOSE _varcomp;
USE _varcomp;
  READ ALL VAR {Estimate} WHERE (Subject="baba*ana*bildi (baba) ")
INTO _rvarcomp;
CLOSE _varcomp;

g_1  = _gbvarcomp[1,1]  + _gavarcomp[1,1] ;
g_2  = _gbvarcomp[2,1]  + _gavarcomp[2,1] ;
g_3  = _gbvarcomp[3,1]  + _gavarcomp[3,1] ;
g_4  = _gbvarcomp[4,1]  + _gavarcomp[4,1] ;
g_5  = _gbvarcomp[5,1]  + _gavarcomp[5,1] ;
g_6  = _gbvarcomp[6,1]  + _gavarcomp[6,1] ;
g_7  = _gbvarcomp[7,1]  + _gavarcomp[7,1] ;
g_8  = _gbvarcomp[8,1]  + _gavarcomp[8,1] ;
g_9  = _gbvarcomp[9,1]  + _gavarcomp[9,1] ;
g_10 = _gbvarcomp[10,1] + _gavarcomp[10,1];

_G
=(g_1||g_2||g_4||g_7)/(g_2||g_3||g_5||g_8)/(g_4||g_5||g_6||g_9)/(g_
7||g_8||g_9||g_10);

G=INV(_G);

R=INV(_R);

USE Amatrisi;
READ ALL INTO AA ;
A=AA[1:130,5:134];
x1=j(90,1,1);
x2=j(90,1,1);
x3=j(90,1,1);
x4=j(90,1,1);

z1z=j(90,40,0);
z2z=I(90);

z1=z1z||z2z;
z2=z1z||z2z;
z3=z1z||z2z;
z4=z1z||z2z;

USE ozellikler;

read all var {verim} where (ozellik=1) into y1;
read all var {verim} where (ozellik=2) into y2;
read all var {verim} where (ozellik=3) into y3;
read all var {verim} where (ozellik=4) into y4;

```

Tüm matrisler oluşturulduktan sonra genel eşitlikte yerlerine konulup BLUP değerlerinin hesaplanması aşağıdaki kodlarla gerçekleştirilmektedir.

```

xx11=x1`*R[1,1]*x1; xx12=x1`*R[1,2]*x2; xx13=x1`*R[1,3]*x3;
xx14=x1`*R[1,4]*x4;

xx21=x2`*R[2,1]*x1; xx22=x2`*R[2,2]*x2; xx23=x2`*R[2,3]*x3;
xx24=x2`*R[2,4]*x4;

xx31=x3`*R[3,1]*x1; xx32=x3`*R[3,2]*x2; xx33=x3`*R[3,3]*x3;
xx34=x3`*R[3,4]*x4;

```

```
xx41=x4`*R[4,1]*x1; xx42=x4`*R[4,2]*x2; xx43=x4`*R[4,3]*x3;
xx44=x4`*R[4,4]*x4;
```

```
xx=(xx11||xx12||xx13||xx14)/(xx21||xx22||xx23||xx24)/(
xx31||xx32||xx33||xx34)/(xx41||xx42||xx43||xx44);
```

```
xz11=x1`*R[1,1]*z1; xz12=x1`*R[1,2]*z2; xz13=x1`*R[1,3]*z3;
xz14=x1`*R[1,4]*z4;
```

```
xz21=x2`*R[2,1]*z1; xz22=x2`*R[2,2]*z2; xz23=x2`*R[2,3]*z3;
xz24=x2`*R[2,4]*z4;
```

```
xz31=x3`*R[3,1]*z1; xz32=x3`*R[3,2]*z2; xz33=x3`*R[3,3]*z3;
xz34=x3`*R[3,4]*z4;
```

```
xz41=x4`*R[4,1]*z1; xz42=x4`*R[4,2]*z2; xz43=x4`*R[4,3]*z3;
xz44=x4`*R[4,4]*z4;
```

```
xz=(xz11||xz12||xz13||xz14)/(xz21||xz22||xz23||xz24)/(
xz31||xz32||xz33||xz34)/(xz41||xz42||xz43||xz44);
```

```
zx11=z1`*R[1,1]*x1; zx12=z1`*R[1,2]*x2; zx13=z1`*R[1,3]*x3;
zx14=z1`*R[1,4]*x4;
```

```
zx21=z2`*R[2,1]*x1; zx22=z2`*R[2,2]*x2; zx23=z2`*R[2,3]*x3;
zx24=z2`*R[2,4]*x4;
```

```
zx31=z3`*R[3,1]*x1; zx32=z3`*R[3,2]*x2; zx33=z3`*R[3,3]*x3;
zx34=z3`*R[3,4]*x4;
```

```
zx41=z4`*R[4,1]*x1; zx42=z4`*R[4,2]*x2; zx43=z4`*R[4,3]*x3;
zx44=z4`*R[4,4]*x4;
```

```
zx=(zx11||zx12||zx13||zx14)/(zx21||zx22||zx23||zx24)/(
zx31||zx32||zx33||zx34)/(zx41||zx42||zx43||zx44);
```

```
zz11=z1`*R[1,1]*z1+inv(A)*G[1,1]; zz12=z1`*R[1,2]*z2+inv(A)*G[1,2];
```

```
zz13=z1`*R[1,3]*z3+inv(A)*G[1,3]; zz14=z1`*R[1,4]*z4+inv(A)*G[1,4];
```

```
zz21=z2`*R[2,1]*z1+inv(A)*G[2,1]; zz22=z2`*R[2,2]*z2+inv(A)*G[2,2];
```

```
zz23=z2`*R[2,3]*z3+inv(A)*G[2,3]; zz24=z2`*R[2,4]*z4+inv(A)*G[2,4];
```

```
zz31=z3`*R[3,1]*z1+inv(A)*G[3,1]; zz32=z3`*R[3,2]*z2+inv(A)*G[3,2];
```

```
zz33=z3`*R[3,3]*z3+inv(A)*G[3,3]; zz34=z3`*R[3,4]*z4+inv(A)*G[3,4];
```

```
zz41=z4`*R[4,1]*z1+inv(A)*G[4,1]; zz42=z4`*R[4,2]*z2+inv(A)*G[4,2];
```

```
zz43=z4`*R[4,3]*z3+inv(A)*G[4,3]; zz44=z4`*R[4,4]*z4+inv(A)*G[4,4];
```

```

zz=(zz11||zz12||zz13||zz14)/(zz21||zz22||zz23||zz24)/(
(zz31||zz32||zz33||zz34)/(zz41||zz42||zz43||zz44);

xy11=x1`*R[1,1]*y1; xy12=x1`*R[1,2]*y2; xy13=x1`*R[1,3]*y3;
xy14=x1`*R[1,4]*y4;

xy21=x2`*R[2,1]*y1; xy22=x2`*R[2,2]*y2; xy23=x2`*R[2,3]*y3;
xy24=x2`*R[2,4]*y4;

xy31=x3`*R[3,1]*y1; xy32=x3`*R[3,2]*y2; xy33=x3`*R[3,3]*y3;
xy34=x3`*R[3,4]*y4;

xy41=x4`*R[4,1]*y1; xy42=x4`*R[4,2]*y2; xy43=x4`*R[4,3]*y3;
xy44=x4`*R[4,4]*y4;

xy=(xy11+xy12+xy13+xy14)/(xy21+xy22+xy23+xy24)/(
(xy31+xy32+xy33+xy34)/(xy41+xy42+xy43+xy44);

zy11=z1`*R[1,1]*y1; zy12=z1`*R[1,2]*y2; zy13=z1`*R[1,3]*y3;
zy14=z1`*R[1,4]*y4;

zy21=z2`*R[2,1]*y1; zy22=z2`*R[2,2]*y2; zy23=z2`*R[2,3]*y3;
zy24=z2`*R[2,4]*y4;

zy31=z3`*R[3,1]*y1; zy32=z3`*R[3,2]*y2; zy33=z3`*R[3,3]*y3;
zy34=z3`*R[3,4]*y4;

zy41=z4`*R[4,1]*y1; zy42=z4`*R[4,2]*y2; zy43=z4`*R[4,3]*y3;
zy44=z4`*R[4,4]*y4;

zy=(zy11+zy12+zy13+zy14)/(zy21+zy22+zy23+zy24)/(
(zy31+zy32+zy33+zy34)/(zy41+zy42+zy43+zy44);

yy=xy/zy;

xzxz=((xx||xz)/(zx||zz));

D = INV(xzxz)*yy;

PRINT D;
RUN;

```

Çok özellikli karışık doğrusal model eşitliklerinin çözülmesiyle elde edilen BLUP değerleri Çizelge 7.17’de sunulmuştur.

Çizelge 7.17. Dört özellik için çok özellikli BLUP tahminleri

No	Y ₁	Y ₂	Y ₃	Y ₄	No	Y ₁	Y ₂	Y ₃	Y ₄
1	17,955	0,425	3,626	7,332	66	-3,860	-0,570	0,748	3,803
2	-21,857	-1,323	-1,770	0,588	67	-1,968	-0,431	0,776	3,396
3	-4,309	-0,252	-0,358	-0,144	68	22,134	1,334	1,827	-0,802
4	12,340	0,805	0,892	-0,888	69	6,697	0,350	0,725	0,301
5	11,495	0,935	0,254	-2,995	70	15,862	1,036	0,996	-1,695
6	10,168	0,720	0,636	-0,938	71	-5,189	-0,228	-0,483	-0,114
7	-12,136	-1,031	-0,262	3,346	72	1,818	0,061	0,394	0,797
8	-1,644	0,040	-0,577	-1,673	73	12,809	0,648	1,489	1,127
9	-19,500	-0,984	-2,118	-1,251	74	14,172	1,199	0,116	-4,254
10	7,487	0,665	-0,322	-3,378	75	6,354	0,460	0,320	-0,988
11	18,598	0,645	2,997	4,882	76	11,723	0,778	0,861	-0,589
12	3,569	-0,137	1,409	3,887	77	7,529	0,454	0,670	-0,288
13	-4,212	-0,084	-0,780	-1,438	78	14,535	1,032	0,803	-2,120
14	-1,912	-0,358	0,680	2,932	79	9,908	0,636	0,678	-0,952
15	-3,534	-0,015	-0,922	-2,207	80	23,058	1,509	1,483	-2,179
16	-16,412	-0,950	-1,527	-0,137	81	12,919	0,963	0,376	-2,846
17	-16,200	-0,836	-1,719	-1,175	82	14,817	1,302	-0,102	-5,279
18	11,600	0,874	0,372	-2,426	83	9,876	0,702	0,547	-1,306
19	0,291	-0,289	0,988	3,457	84	-7,895	-0,093	-1,658	-3,540
20	10,473	0,604	0,884	-0,346	85	-4,279	0,041	-1,023	-2,452
21	-3,629	-0,291	0,025	1,257	86	-17,359	-0,901	-1,551	0,103
22	5,496	0,492	-0,016	-1,799	87	-16,530	-0,830	-1,524	-0,089
23	5,892	0,288	0,709	0,453	88	-2,861	0,002	-0,633	-1,307
24	13,420	0,949	0,551	-2,325	89	18,989	1,206	1,383	-1,146
25	-7,816	-0,301	-1,006	-1,122	90	6,954	0,597	-0,010	-2,205
26	-20,801	-1,124	-1,865	0,046	91	18,475	1,118	1,505	-0,449
27	11,667	0,736	0,769	-0,957	92	21,327	1,420	1,379	-1,944
28	19,302	1,108	1,732	-0,027	93	25,624	1,399	2,599	1,135
29	-0,375	0,128	-0,487	-1,592	94	16,557	1,031	1,306	-0,665
30	-4,832	-0,364	-0,272	0,638	95	-1,914	-0,184	-0,041	0,758
31	-6,928	-0,795	0,497	4,300	96	-12,256	-0,732	-1,139	0,081
32	-5,690	-0,189	-0,987	-1,638	97	-4,971	-0,310	-0,432	0,200
33	0,276	-0,050	0,185	0,522	98	-10,834	-0,876	-0,393	2,327
34	3,770	0,278	0,225	-0,556	99	-4,832	-0,538	0,199	2,503
35	0,703	0,089	-0,035	-0,399	100	-14,618	-1,043	-0,879	1,785
36	-7,922	-0,482	-0,756	-0,009	101	-8,657	-0,966	0,474	4,965
37	-12,282	-0,591	-1,327	-0,843	102	-15,904	-1,276	-0,492	3,726
38	2,435	0,404	-0,778	-3,456	103	-10,963	-1,291	0,866	7,080
39	-1,115	-0,009	-0,311	-0,786	104	-1,505	0,149	-0,939	-2,885
40	6,167	0,271	0,768	0,863	105	-5,545	-0,129	-1,147	-2,373
41	23,814	0,736	4,182	7,454	106	-9,639	-0,432	-1,248	-1,348
42	18,151	0,369	3,780	7,880	107	4,565	0,286	0,297	-0,494
43	31,463	1,145	4,969	7,869	108	-6,874	-0,364	-0,758	-0,662
44	8,187	-0,097	2,597	6,671	109	0,533	0,013	0,057	-0,050
45	10,410	-0,053	3,039	7,623	110	0,735	0,102	-0,086	-0,705
46	17,257	0,446	3,327	6,422	111	3,828	0,304	0,141	-0,888
47	-3,439	-0,405	0,540	3,199	112	2,395	0,348	-0,359	-2,307
48	10,797	0,485	1,507	1,922	113	-7,662	-0,364	-0,866	-0,614
49	9,044	0,348	1,443	2,283	114	-15,194	-0,783	-1,604	-0,861
50	-12,590	-0,800	-0,762	1,092	115	-4,635	-0,108	-0,795	-1,400
51	-9,733	-0,865	0,138	3,461	116	-18,432	-1,070	-1,704	-0,010
52	-15,241	-1,215	-0,331	3,661	117	-18,515	-0,998	-1,962	-0,922
53	-19,530	-0,897	-2,393	-2,487	118	-12,107	-0,613	-1,402	-0,966
54	-7,281	-0,319	-1,033	-1,342	119	-18,731	-0,788	-2,503	-2,944
55	-14,808	-0,805	-1,534	-0,805	120	-26,219	-1,430	-2,376	-0,112
56	-23,549	-1,249	-2,546	-1,497	121	-15,004	-0,737	-1,617	-0,928
57	-21,496	-1,454	-1,321	2,209	122	9,900	0,702	0,233	-2,170
58	-28,769	-1,657	-2,607	-0,173	123	2,327	0,762	-2,104	-7,994
59	-20,262	-1,078	-2,117	-1,278	124	5,090	0,544	-0,558	-3,542
60	-14,579	-0,849	-1,210	0,018	125	3,886	0,412	-0,402	-2,633
61	-12,124	-0,543	-1,507	-1,892	126	-4,642	-0,171	-0,941	-1,758
62	9,958	0,844	-0,010	-3,333	127	9,200	0,734	0,082	-2,640
63	8,203	0,498	0,676	-0,413	128	6,927	0,412	0,406	-0,597
64	4,376	0,464	-0,272	-2,534	129	12,164	0,763	0,750	-1,061

ÖZGEÇMİŞ

Doğın Nari 1980 yılında İstanbul'da doğdu. İlk, orta, lise öğrenimini İstanbul'da tamamladı. 1998 yılında girdiğı Kahramanmaraş Sütü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü'nden 2002 yılında Ziraat Mühendisi (Zootečníst) olarak mezun oldu. 2002-2006 yılları arasında, Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootečni Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans öğrenimini tamamladı. 2005 yılından beri Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü'nde araştırma görevlisi olarak görev yapmaktadır.