

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

HAYVAN ISLAHINDA BOĞA MODELİNİN GIBBS ÖRNEKLEMESİ
KULLANILARAK BAYESIAN ANALİZİ

132996

Aşkın GALİÇ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

132886

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

2002

T.C. YÜKSEKÖĞRETİM KURULU
DOKÜMANTASYON MERKEZİ

**HAYVAN ISLAHINDA BOĞA MODELİNİN GIBBS ÖRNEKLEMESİ
KULLANILARAK BAYESIAN ANALİZİ**

AŞKIN GALİÇ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

2002

Bu çalışma, 2002.01.0121.01 proje numarası ile Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından desteklenmiştir.

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

HAYVAN ISLAHINDA BOĞA MODELİNİN GIBBS ÖRNEKLEMESİ
KULLANILARAK BAYESIAN ANALİZİ

AŞKIN GALİÇ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

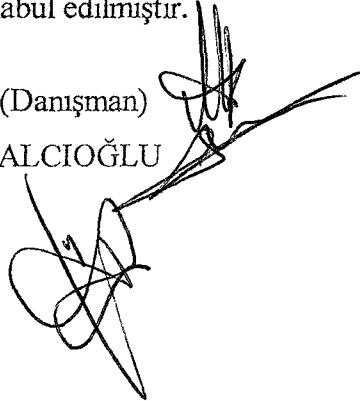
ZOOOTEKNİ ANABİLİM DALI

Bu tez 3./1./2003 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından (9.0) not takdir edilerek
Oybirliği/Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. M.Ziya FIRAT (Danışman)

Yrd.Doç.Dr. M. Soner BALCIOĞLU

Doç. Dr. Yavuz AKBAŞ



ÖZET

HAYVAN ISLAHINDA BOĞA MODELİNİN GİBBS ÖRNEKLEMESİ KULLANILARAK BAYESIAN ANALİZİ

AŞKIN GALİÇ

Yüksek lisans tezi, Zootekni Anabilim Dalı
Kasım 2002, 40 Sayfa

Populasyon veya populasyonu temsil eden örneklerin tanımlanmasında en çok yararlanılan değerlerin başında varyans gelir. Varyans, standart sapma ve varyasyon katsayısı gibi bir populasyon içindeki değişkenliği tanımlamaya yarayan istatistiklerin hesaplanmasında gereklidir. Ayrıca “gözlenen bu değişkenliğin ne kadarı genetiğe mal edilebilir?” sorusunun cevabı olan ve genetiğin temel bir taşı olan kalıtım derecesi de, hayvan ıslahında büyük önem taşır. Genetik parametrelerin tahmininde genellikle olabilirlik teorisine dayalı yöntemler (ML ve REML) ve Bayesian yöntemleri kullanılmaktadır. Islah çalışmalarında karşılaşılan sorunların çözümünde en son tekniklerin kullanılması fikrinden hareketle, bu çalışmada Gibbs örnekleme yöntemi üzerinde durulmuştur. Gibbs örnekleme, müşterek veya marjinal yoğunluklar doğrudan doğruya elde edilmeseler dahi, yorumlamalar yapılmasına izin veren sayısal bir integral yöntemidir. Tam şartlı yoğunluk fonksiyonlarının tamamından sırayla değişkenlerin üretilmesi esasına dayanmaktadır. Tam şartlı yoğunluk, modelde bütün diğer parametreler verildiğinde bir değişkenin yoğunluğudur.

Bu çalışmada, baba-bir üvey kardeş aile yapısına sahip, farklı büyüklüklerdeki aileler ve kalıtım dereceleri kullanılarak Monte Carlo yöntemiyle 500 veri seti simüle edilmiş, herbir veri seti için, varyans unsurları ve fonksiyonlarının tahminleri farklı istatistiksel yöntemlerle elde edilmiş ve yöntemlerin sonuçları karşılaştırılmıştır.

ANAHTAR KELİMELEER: Gibbs örnekleme, kalıtım derecesi, parametre tahmini, varyans.

JÜRİ: Doç. Dr. M.Ziya FIRAT (Danışman)

Yrd.Doç.Dr. M. Soner BALCIOĞLU

Doç. Dr. Yavuz AKBAŞ

ABSTRACT

BAYESIAN ANALYSIS FOR SIRE MODEL USING GIBBS SAMPLING IN ANIMAL BREEDING

AŞKIN GALİÇ

M Sc. in Animal Science

**Adviser: Assoc. Prof. Dr. M. Ziya FIRAT
November, 2002, 40 pages**

Variance is most often used value in the description of a population or samples that are taken from the population. It is necessary for the computation of the statistics such as standard deviation and coefficient of variation, which are useful to describe variability within a population. Also, the heritability, that is the answer to the question “ what percentage of the observed variability is attributable to genetics?” and a cornerstone of quantitative genetics, plays an important role in animal breeding. Generally the methods based on probability theory (ML and REML) and Bayesian are used in the estimation of genetic parameters. From the point of view of using the latest techniques in solving problems that are faced with in animal breeding experiments, Gibbs sampling approach is considered in this study. Gibbs sampling is a method of numerical integration that allows inferences to be made about joint or marginal densities, even those densities cannot be evaluated directly. It is based on generation, in sequence, of variables from all of the full conditional densities. Full conditional density is the density of a variable given all other parameters in the model.

In this study, 500 data sets using different number and sizes of families and heritabilities for half-sib sire family structure are simulated using Monte Carlo method. For each data set, the estimates of variance components and functions of them are obtained employing different statistical methods and the results of these methods are then compared.

KEY WORDS: Gibbs sampling, heritability, parameter estimation, variance.

COMMITTEE : Assoc. Prof. M.Ziya FIRAT

Assist. Prof. M. Soner BALCIOĞLU

Assoc. Prof. Yavuz AKBAS

ÖNSÖZ

Bu çalışmanın hazırlanmasında emeği geçen ve her türlü desteğini esirgemeyen danışmanım Sayın Doç. Dr. Mehmet Ziya FIRAT'a (Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi) çok teşekkür ederim. Ayrıca, tez kapsamında hazırlanan projeye maddi destek sağlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Projeleri Yönetim Birimi'ne ve çalışma boyunca manevi desteklerini görmüş olduğum aileme, arkadaşlarıma ve nişanlım F. Mine ÇOKSU'ya teşekkürlerimi sunarım.



İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ	iii
İÇİNDEKİLER	iv
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	v
ŞEKİLLER DİZİNİ	vi
ÇİZELGELER DİZİNİ	vii
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL BİLGİLER ve KAYNAK TARAMALARI	4
2.1. Varyans Unsurları ve Tarihçesi	4
2.2. Bayesian Yorumlamaya Bir Örnek	8
2.3. Simülasyon Nedir?	10
3. MATERYAL VE METOT	13
3.1. Deneme Deseni ve Model	13
3.2. Monte Carlo Simülasyonu	14
3.3. Varyans Unsurlarının Tahmin Yöntemleri	15
3.3.1. Varyans analiz yöntemi (ANOVA)	15
3.3.2. Maksimum olabilirlik yöntemi (ML)	18
3.3.3. Kısıtlanmış maksimum olabilirlik yöntemi (REML)	20
3.3.4. Boğa modeli ve Gibbs örnekleme	21
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	26
5. SONUÇ	35
6. KAYNAKLAR	36
ÖZGEÇMİŞ	40

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

Cov	Kovaryans
e_{ij}	Rasgele hata terimi
γ	Boğa ve hata varyanslarının oranı, σ_s^2 / σ_e^2
h^2	Kalıtım derecesi
$\hat{h}^2$	Kalıtım derecesinin tahmini
M_b, M_w	Gruplar arası ve gruplar içi kareler ortalaması
μ	Genel ortalama
n	Her boğaya ait döl sayısı
∂	Kısmi türev operatörü
α	Oransal olarak
s	Boğa sayısı
s_i	i . boğanın etkisi
σ_e^2	Hata varyansı
σ_s^2	Boğalar arası varyans
$\hat{\sigma}_x^2$	Varyans unsurlarının tahminleri, $x=e, s$; hata ve boğa varyans unsurlarının tahminleri
S_b, S_w	Boğalar arası ve boğalar içi kareler toplamı
y_{ij}	i . boğanın j . dölüne ait gözlem değeri

Kısaltmalar

ANOVA	Analysis of Variance (Varyans Analizi)
BLUP	Best Linear Unbiased Predictor (En İyi Yansız Tahmin Edici)
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
ML	Maximum Likelihood (Maksimum Olabilirlik)
REML	Restricted Maximum Likelihood (Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik)
K.T.	Kareler Toplamı
K.O.	Kareler Ortalaması

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1 Farklı kalıtım dereceleri ve aile büyüklükleri için σ_s^2 'nin ANOVA tahmininin negatif olma olasılıkları	31
Şekil 4.2. $h^2=0.1$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	32
Şekil 4.3. $h^2=0.3$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	32
Şekil 4.4. $h^2=0.6$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	32
Şekil 4.5. $\sigma_s^2=0.025$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	33
Şekil 4.6. $\sigma_s^2=0.075$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	33
Şekil 4.7. $\sigma_s^2=0.15$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	33
Şekil 4.8. $\sigma_e^2=0.975$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	34
Şekil 4.9. $\sigma_e^2=0.925$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	34
Şekil 4.10. $\sigma_e^2=0.85$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları.....	34

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Varyans Analiz Tablosu	15
Çizelge 3.2. ANOVA, ML ve REML tahmin edicileri.....	21
Çizelge 4.1. Farklı kalıtım dereceleri (h^2), boğa sayıları (s) ve boğa başına düşen döl sayısı (n) kullanılarak simüle edilmiş deneme desenleri.....	26
Çizelge 4.2. Varyans unsurları ve fonksiyonları için kullanılan değişik başlangıç değerleri.....	26
Çizelge 4.3. $h^2 = 0,1$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalama (ORT) ve standart sapmaları (SS).....	27
Çizelge 4.4. $h^2 = 0,3$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalama (ORT) ve standart sapmaları (SS).....	28
Çizelge 4.5. $h^2 = 0,6$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalama (ORT) ve standart sapmaları (SS).....	29

1. GİRİŞ

Hayvan ıslahı, gelecekte gerçekleşmesi beklenen yetiştirme ve pazar koşullarında en yüksek kazancı sağlayacak genotipik değere sahip hayvanları elde etme ve çoğaltma konularını kapsayan bir bilim dalıdır (Kumlu 1999). En yüksek ekonomik kazancı sağlayacak genotipleri elde etmeyi ve yetiştiricilere sunmayı amaç edinmiş olan hayvan ıslahı çalışmaları, tek tek hayvanlar (bireyler) yerine, populasyon veya populasyonu temsil eden hayvan gruplarını kapsar.

Populasyon ya da populasyondan alınan örneklerin tanımlanmasında en çok yararlanılan değerlerin başında varyans gelir. Gözlemlerin aritmetik ortalamadan sapmalarının karelerinin ortalaması olarak ifade edilen varyans, standart sapma ve varyasyon katsayısı gibi bir populasyon içindeki değişkenliği tanımlamaya yarayan istatistiklerin hesaplanmasında gereklidir (Hohenboken 1985). Fakat bilindiği gibi pratikte, ilgi duyulan populasyondan alınan bir örnekle yetinme zorunluluğu vardır. Populasyondan alınan bir örnek için varyans hesaplanırken dikkat edilmesi gereken nokta, populasyona ait varyansın kullanımının yanlışlığı yol açacağıdır. Çünkü hiçbir örneğin büyüklüğü, populasyon büyüklüğü kadar olamaz.

Yukarıda açıklandığı üzere, bir populasyondan alınan örnekte, ilgi duyulan özelliğe ait varyans hesaplanabilir. Fakat bu noktada bazı sorular akla gelir:

- Gözlenen bu değişkenliğin ne kadarı genetiğe mal edilebilir?
- Bireyler arasındaki farklılıklar ne oranda kuşaklara geçebilir?
- Bir bireyin fenotipi, o özellik açısından genetik değerini tahmin etmede ne kadar güvenilirdir?

Tüm bu sorulara cevap “kalıtım derecesi”dir.

Kalıtım derecesinin alacağı en büyük değer bir, en küçük değer ise sıfırdır. Birinci hale kalitatif karakterlerde, ikinci hale ise akraba hatlarda veya uzun süre kapalı tutulan, başka sürülerden gen aktarımı yapılmayan sürülerde yaklaşılabılır (Düzgüneş vd 1991).

Kalıtım derecesi dar anlamda, eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranıdır. Ayrıca, fenotipteki her bir birim değişime karşılık, damızlık değerde olması beklenen değişim; yani regresyon katsayısı olarak da düşünülebilir (Hohenboken 1985). Kalıtım derecesi, biyolojik bir sabit değildir; karakteri etkileyen gen sayısı, gen frekansları ve karakterle ilgili çevresel faktörler tarafından oluşturulan varyasyon miktarına bağlı olarak değişir.

Bir özelliğe ait kalıtım derecesinin bilinmesi, bireylerin damızlık değerlerinin tahmin edilmesinde, etkili yetiştirme planlarının oluşturulmasında ve seleksiyondan elde edilen başarının tahmininde gereklidir. Kalıtım derecesi kavramını, kantitatif genetik teori ve pratiğinin bir temel taşı olarak düşünmek, abartı olmayacaktır.

Bir hayvanın genetik değeri, fenotipi ortaya çıkaran eklemeli ve eklemeli olmayan gen etkileri ile populasyon ortalamasından oluşur. Hayvan ıslahı çalışmalarında asıl ilgi odağı ise, bireyin genotipik değerinden çok damızlık değeridir. Çünkü damızlıkta kullanılan birey, yalnızca eklemeli gen etkilerini döllerine aktarabilmektedir. Eklemeli gen etkilerinin toplamı ise bireyin damızlık değeri demektir (Kumlu 2002).

Boğa modeli de, damızlık olarak kullanılan boğaların damızlık değerlerini tahmin etmek amacıyla geliştirilmiş bir modeldir. Boğa modeli, baba bir üvey kardeş benzerliğine dayanan damızlık değer tahminlerinde, ancak aşağıdaki varsayımların gerçekleşmesi halinde kullanılabilir:

- Boğalar, populasyonu temsil eden bir grup inekle (anayla) tesadüfen çiftleştirilmişlerdir.
- Herbir ananın değerlendirilmeye alınan yalnızca bir yavrusu vardır.
- Analar birbirleriyle akraba değildirler.
- Yavruya ait yalnızca bir verim (örneğin yalnızca bir laktasyon verimi) kullanılmaktadır.

Bir boğa modeli uygulaması, döllerine ait veriler kullanılarak boğaların değerlendirilmesine kılavuzluk eder (Mrode 1996). Boğa modelinin asıl avantajı,

hayvan modeliyle karşılaştırıldığında, sadece boğaların değerlendirilmeye alınması nedeniyle eşitlik sayısının azalmasıdır.

Hayvan ıslahı çalışmalarında biyometri yöntemlerinden yararlanılır. Saf yetiştirme ve melezleme çalışmalarında populasyon parametrelerini, damızlık değerlerini ve genetik ilerlemeyi tahmin etmek ve ıslah yöntemleri hakkında karar vermek için, bugünkü bilimsel ve teknolojik koşullarda biyometri yöntemlerinden yararlanmak zorunludur (Kumlu 1999).

Bu çalışmada, hayvan ıslahında tek değişkenli bir boğa modeli aracılığıyla, Gibbs örneklemesinin Monte Carlo simülasyon tekniğiyle elde edilen verilerle nasıl kullanıldığı incelenmiştir. Değişik parametre değerleri ve baba bir üvey kardeş aile yapısından alınan veriler kullanılarak Gibbs örnekleme yönteminde elde edilen sonuçlar ile varyans analizi (ANOVA), maksimum olabilirlik (ML) ve kısıtlanmış maksimum olabilirlik (REML) metotlarından elde edilen sonuçlar verilmiş, genetik ve fenotipik parametrelerle bunların fonksiyonlarının posterior dağılımlarının tahminleri karşılaştırılmıştır. Model ve Monte Carlo simülasyonu, Materyal ve Metod kısmında açıklanmış, analiz sonuçları da Bulgular ve Tartışma kısmında, çizelge ve şekiller yardımıyla sunulmuştur. Sonuç bölümünde ise, ele geçen sonuçların kullanım imkanları ve alanları üzerinde durulmuştur.

2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMALARI

2.1. Varyans Unsurları ve Tarihçesi

Varyans unsurları, çiftlik hayvanlarının genetik ıslahı teori ve uygulamalarında, özellikle genetik varyasyon kaynaklarını tayin etmede ve seçilecek damızlık adayı erkek ve dişi çiftlik hayvanlarının ekonomik değeri yüksek özellikleri bakımından damızlık değerlerini belirlemede sıkça kullanılmaktadır (Fırat ve Bek 1997). Verilen bir parametrik modelde hayvan ıslahında uygulanacak ıslah metodunun saptanması için gerekli olan, incelenen karakterin kalıtım derecesi ve damızlıkta kullanılacak hayvanların genetik yapılarının tahmininde yararlanılan damızlık değeri gibi genetik parametreler, varyans unsurları kullanılarak hesaplanırlar (Bek vd 1998). Varyans analizinde varyasyon kaynakları, özellikle hayvan ıslahçıları için faydalı olan, kendi beklenen unsurlarına parçalanırlar. Henderson (1953), ortagonal olmayan veriler için varyans unsurları tahmininin esaslarını ortaya koymuştur. Hayvan ıslahçıları varyans unsurlarını tahmin etmek için Henderson'un I, II ve III nolu metotlarını kullanmışlardır. Genetik ve çevresel etkilere ait varyans unsurlarının tahminleri, ıslah planlarının formüle edilmesini, boğa ve ineklerin değerlendirilmesi için gerekli yöntemlerin geliştirilmesini mümkün kılmıştır.

Deneme desenlerine göre kurulmuş seleksiyon denemelerinden veya alan kayıtlarından elde edilen verilerin istatistiksel analizi, hayvan ıslahı ve genetik araştırmalarda oldukça önemlidir. Son yıllarda bilgisayar teknolojisindeki ilerlemelere paralel olarak istatistik yöntemlerde de hızlı gelişmeler olmuş, daha karmaşık ve gerçekçi modeller uydurmak ve yorumlamaya ilişkin problemleri çözmek olanaklı hale gelmiştir.

Scheffe'nin (1956) bildirdiğine göre, Legendre ve Gauss sabit etkiler modeli üzerinde çalışmakla beraber, model yazmamışlardır. İlk rasgele model ise Airy tarafından aşağıdaki gibi verilmiştir:

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij} \quad (1)$$

Model (1)'de yer alan μ genel ortalamayı, α_i faktörün i 'inci düzeyinin etkisini ve e_{ij} tesadüfi hatayı, y_{ij} ise gözlemleri temsil etmektedir.

Verilen model, astronomi ile ilgili çalışmalar sonucu ortaya çıkmış olup, biyolojik bilimlerdeki kullanımı kantitatif genetikle uğraşan istatistikçilere dayanır. Varyans unsuru terimini ise ilk defa Fisher (1935), toplam varyansa katkıda bulunan hata varyansını tanımlamak için kullanmıştır.

Varyans unsurlarının tahminleri, hayvan ıslahında sıkça kullanılmaktadır. Kullanım amaçlarının bazıları aşağıdaki gibidir:

- i. Seleksiyon indekslerinin oluşturulması,
- ii. Karışık model BLUP'ın (en iyi doğrusal yansız tahmin edici) hesaplanması,
- iii. Kalıtım derecesi, genetik, çevresel ve fenotipik korelasyonlar gibi genetik parametrelerin tahmini,
- iv. Islah programlarının planlanması,
- v. Kantitatif karakterlerin genetik mekanizmalarının yorumu (Bek vd 1998)

Genetik ve çevresel varyans modellerinin istatistiksel analiz yöntemleri, teori ve daha çok hesaplama tekniklerindeki ilerlemelere bağlı olarak son yüzyıl boyunca gelişmiştir. Son 40 yılda, varyans unsurlarının tahmini için çeşitli yöntemler geliştirilmiştir. Bunlardan en önemlileri Varyans Analizi (ANOVA), özellikle Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik (REML) olmak üzere olabilirlik teorisine dayalı yöntemler ve Bayesian yöntemleridir.

Varyans analiz metodunu (ANOVA) kullanarak varyans unsurlarını tahmin etmedeki temel prensip, kareler ortalamalarını beklenen değerlerine eşitledikten sonra elde edilen doğrusal eşitlik sistemini çözmekten ibarettir. ANOVA'yı kullanarak varyans unsurlarını tahmin etme problemi, birçok kişinin dikkatini çekmiştir. Henderson (1953), varyans analiz yöntemini dengesiz veriler için genişletmiş ve varyans unsurlarının tahminlerini elde etmek için üç tane yöntem tanımlamıştır. I ve II nolu yöntemler kullanıldığında varyans unsurları negatif tahminlenebilmektedir. Sabit ve tesadüf etkilerin her ikisine de sahip olan III nolu yöntem, negatif tahmin elde edilmesi

problemını kısmen gidermektedir. Negatif varyansların elde edilmesinden, uygun olmayan bir modelin kullanılması daima sorumlu tutulmuştur (Smith ve Murray 1984). Fakat model doğru olsa dahi negatif değerler meydana geldiğinden bu iddia pek tatmin edici değildir.

Daha sonra, ANOVA tahminlerinin bir takım zayıflıkları olduğu anlaşılmış ve doğal olarak alternatifler aranmaya başlanmıştır. Bunun sonucunda da maksimum olabilirlik (ML) metodu gündeme gelmiştir (Searle vd 1992). ML ile tahminleme, rasgele ve karışık modelde, verilerin bir dağılışa sahip olmasını gerektirir. İlk olarak Crump (1947, 1951) dengeli ve dengesiz veriler için tek yönlü sınıflandırma üzerinde durmuştur. Herbach (1959) dengeli veriler için maksimum olabilirlik tahmin edicilerini ortaya koymuştur. ML yöntemi ile ilgili bir başka önemli çalışma da Hartley ve Rao'nun (1967) birçok değişik model (karışık ve rasgele modeller, kovaryeteli veya kovaryetesiz modeller, dengeli veya dengesiz verilere ait modeller) geliştirdiği çalışmadır.

Harville ve Callanan (1990), varyans unsurları tahminindeki olabilirlik temeline dayanan metotların, kantitatif genetikçiler arasında prestij kazandığını belirtmişlerdir. Özellikle “kısıtlanmış maksimum olabilirlik” ya da kısaca REML olarak bilinen prosedür (Thompson 1962, Patterson ve Thompson 1971), hayvan yetiştirmede sıkça kullanılan bir yöntemdir. Bu yaklaşım, olabilirlik fonksiyonunun sadece sabit etkilere bağlı olmayan kısmı ile ilgilenilmesi esasına dayanır. Harville (1974), REML’de sabit etkilerin istenmeyen parametreler olarak görüldüğünü ve integrale dışarı atıldığını, böylece varyans unsurları hakkındaki yorumlamaların birlikte yerine getirildiğini bildirmiştir.

Bayesian metotları, (ko)varyans unsurlarını tahminlemede alternatif sunmaktadır (Lessa de Assis vd 2002). Varyans unsurlarının Bayesian yöntemi kullanılarak tahmin edilmesi, tek yönlü sınıflandırmada dengeli verilerle uğraşan Hill’e (1965, 1967) dayanır. Birçok araştırmacı da, hem içiçe, hem de faktöriyel düzende iki yönlü sınıflandırmalarda konuyu devam ettirmişlerdir (Khuri ve Sahai 1985).

Kendall ve Buckland konuyla ilgili olarak Bayesian yorumlamanın 'parametreleri, araştırmacının bilgisini yansıtan prior dağılımlara sahip olan rasgele değişkenler olarak dikkate alan bir yorumlama tarzı' olduğunu belirtmişlerdir (Gianola ve Fernando 1986). Birçok Bayesian probleminde, uygun yorumlamalar yapabilmek için parametrelerin marjinal dağılımlarına ihtiyaç duyulmaktadır. Bununla birlikte, müşterek posterior dağılımların karmaşıklığı nedeniyle, parametrelerin veya bunların fonksiyonlarının marjinal dağılımlarını analitik yöntemlerle elde etmek zor veya imkansızdır. Bu durum birçok uygulamalı problemler, örneğin varyans unsurları hakkındaki yorumlamalar için geçerlidir.

Bayesian yönteminin tek olumsuz tarafı bilgisayar yoğunluklu oluşu ve analitik integrale gereksinim göstermesidir. Bu durum geçmişte geçerli bir sorun olmakla beraber, güçlü bilgisayarların devreye girmesiyle giderek kolaylaşmaktadır. Gibbs örnekleme gibi Markov Chain Monte Carlo (MCMC) yöntemlerinin kullanılmasında yakın zamanlarda elde edilen başarılar katlı integrallerin alınmasını kolay hale getirmiştir. Bayesian temelli bir metot olan Gibbs Örnekleme, belirli bir dağılımdan rasgele değerler üreten iteratif bir esasa dayanmaktadır. Gibbs örnekleme Geman ve Geman (1984) tarafından Bayesian görüntü analizi üzerine yapılan bir çalışma ile tanıtılmıştır. Daha sonraları, Gelfand ve Smith (1990) Gibbs örnekleme ve diğer Monte Carlo metotlarını kapsamlı bir biçimde incelemişlerdir. Gelfand vd (1990) de yaptıkları çalışmada Gibbs örneklemesini bir çok modele uygulamışlardır. Hayvan ıslahı uygulamalarında ise Gibbs örnekleme yöntemi ilk kez Wang vd (1993,1994) ile Fırat vd (1997) tarafından kullanılmış, tek değişkenli boğa ve hayvan modellerinde genetik ve fenotipik parametrelerin tahmini elde edilmiştir (Fırat ve Kumlu 2002, Ünver vd 2002). Benzer şekilde, Sorensen vd (1994)'nin yaptığı çalışma, Gibbs örneklemesinin tanınmasında etkili olmuştur.

Bu çalışmada, simülasyonla farklı aile büyüklüklerine ait veriler türetilmiş ve bunlardan farklı yöntemler vasıtasıyla genetik parametre tahminleri elde edilmiştir. Daha sonra da kullanılan farklı varyans unsurları tahmin yöntemleri birbirleriyle karşılaştırılmıştır. Çalışma sonucunda beklenen, Gibbs örneklemesinin yararlılığının, problemin boyutuna bağlı olarak artacağıdır. Bunun nedeni, Gibbs örneklemesinin

yüksek boyutlarda, engelleyici zorlukta olan integralleri hesaplamaktan kaçınılmasını sağlamasıdır.

2.2. Bayesian Yorumlamaya Bir Örnek

Bayesian hesaplamanın çok basit bir şeklini ortaya koyması bakımından aşağıdaki örnek verilmiştir. Çünkü bu örnek bütün popülasyonu tanımlayan bir parametrenin tahmini ile değil, tek bir bireyin durumu (gen var veya yok) ile ilgilenir ve çok küçük miktarda veri içerir. (Gelman vd 1995).

Örneğimizde hemofili hastalığı üzerinde durulmuştur. Hemofili, X kromozomuna bağlı resesif karakterli bir hastalıktır. Bilindiği gibi erkekler bir X ve bir de Y kromozomuna sahipken, kadınlar iki tane X kromozomuna sahiptir. Yani, bir erkek annesinden hastalığa yol açan geni taşıyan X kromozomu aldığı anda hasta olurken, iki kromozomundan birisinde hastalığa yol açan gen bulunan bir kadın bundan etkilenmez. Hastalık, her iki kromozomunda da hastalık geni bulunan dişiler için genellikle öldürücü olsa da, insan popülasyonundaki frekansı düşük olduğundan bu çok seyrek görülür.

Prior Dağılışı

Hemofili geni taşıyıcısı bir anneden olan, hasta bir erkek kardeşe sahip bir kadın düşünölsün. Ayrıca babanın da sağlıklı olduğu kabul edilirse, kadında gen bulunması olasılığı yarı yarıya olur. Bilinmeyen nicelik (kadının durumu) iki hale sahiptir: kadın ya gen taşıyıcısı ($\theta = 1$) ya da değil ($\theta = 0$). Yukarıda verilen bilgilere dayanarak bilinmeyen θ parametresi için prior dağılışı basit olarak şöyle yazılabilir:

$$p(\theta = 1) = p(\theta = 0) = \frac{1}{2}$$

Model ve Olabilirlik

Verilen prior bilginin ışığında, bu kadının erkek çocuklarının hastalıktan etkilenme durumlarına bakılsın. Bunun için kadının sağlıklı iki tane oğlu olduğu varsayölsün. $y_i = 1$ hasta, $y_i = 0$ ise sağlıklı çocuğı temsil etsin. Çocukların ikiz olmadığı kabul edildiğinde,

θ bakımından iki çocuğa ait sonuçlar birbirinden bağımsız olacaktır. Bu iki bağımsız bilgi ile aşağıdaki olabilirlik fonksiyonu yazılabilir:

$$p(y_1 = 0, y_2 = 0 | \theta = 1) = (0.5)(0.5) = 0.25$$

$$p(y_1 = 0, y_2 = 0 | \theta = 0) = (1)(1) = 1$$

Bu gösterimler şunu ifade eder:

Kadın bir taşıyıcı ise, kadına ait herbir erkek çocuğun genden etkilenme yani hasta olma olasılığı % 50, iki çocuğun da hasta olma olasılığı ise % 25 olur. Kadın taşıyıcı değilse, ona ait erkek çocuğun sağlıklı olma ihtimali 1'e çok yakın olur (aslında anne taşıyıcı olmasa bile erkek çocuğun hasta olma ihtimali sıfır değildir, fakat bu risk (mutasyon oranı) çok küçüktür ve bu örnek için ihmal edilebilir).

Posterior Dağılışı

Bayes kuralı ile, şimdi verilerdeki bilgi ile ön bilgi birleştirilebilir; özellikle kadının gen taşıyıcısı olduğuna dair posterior olasılık üzerinde durulsun. Verilerin (y_1, y_2) tümünü temsilen y kullanıldığında bu olasılık şöyle bulunur:

$$\begin{aligned} p(\theta = 1 | y) &= \frac{p(y | \theta = 1) p(\theta = 1)}{p(y | \theta = 1) p(\theta = 1) + p(y | \theta = 0) p(\theta = 0)} \\ &= \frac{(0.25)(0.5)}{(0.25)(0.5) + (1)(0.5)} = \frac{0.125}{0.625} = 0.2 \end{aligned}$$

Veri Ekleme

Kadının üçüncü bir çocuğa sahip olduğunu ve onun da sağlıklı olduğunu varsayalım. Bu durumda, tüm hesaplamayı baştan yapmak gereksizdir. Az önceki posterior dağılışı, yeni prior dağılışı olarak kullanılabilir:

$$p(\theta = 1 | y_1, y_2, y_3) = \frac{(0.5)(0.2)}{(0.5)(0.2) + (1)(0.8)} = 0.111$$

Aksine üçüncü çocuğun hasta olduğu varsayılırsa, kadının taşıyıcı olduğuna ilişkin posterior olasılığın 1 olduğu kolayca görülebilir (mutasyon olasılığı ihmal edildiğinde).

2.3. Simülasyon Nedir?

Simülasyon en geniş anlamı ile bir olay veya faaliyetin taklididir. Fakat bu iş gerçek durumla karşı karşıya gelinmeden yapılmaktadır. Bu anlamda aktörlerin yaptıkları provalar, askeri tatbikatlar ve çocukların çeşitli oyunları birer simülasyondur (Sezgin 1999).

Bilimde bir problemin, bir uygulamalı matematik veya analitik modelle formüle edilmesi de geniş anlamda bir simülasyondur. Fakat simülasyon terimi günümüzde daha kısıtlı bir anlam kazanarak analitik çözümleri kapsam dışında bırakmıştır. Simülasyon, gerçek bir sistem için bir model kurma süreci olup, amacı ya sistemin davranışını anlamak ya da sistemin işletilmesindeki farklı stratejileri değerlendirmektir. Bir olaya benzetme yoluyla yapılan yaklaşımlarda simülasyon, oyun, model örnekleme ve Monte Carlo metodları gibi terimler bazen eş anlamlı olarak kullanılmaktadır. Fakat bu kavramlar arasında az da olsa bazı farklar vardır. Bütün simülasyonlar içinde en ilgi çekeni Monte Carlo metodlarıdır. Bu terim bir problemin bir şans süreci yardımıyla çözülmesi anlamına gelmektedir. Bu da çeşitli ihtimal çalışmalarından rasgele sayılar üretilmesine dayanır.

Her bilim dalı bu simülasyon uygulamalarının bol örneklerine sahiptir. Tarım, beşeri faaliyetlerin en karmaşıklarından biri olarak diğer bilim dallarıyla bağlantılıdır ve onlardaki gelişmeleri takip etmek zorundadır. Kullandığı materyal ve etkilendiği faktörler itibarıyla çok karışık modeller gerektiren tarım, simülasyon metodlarının uygulanması için ideal bir alandır.

Simülasyon, değişik bilim dallarına ait bilgi ve becerileri bir araya toplayan bir faaliyettir. Bir yandan bahse konu olan bilim dalının iyi bilinmesini gerektirirken, diğer yandan da matematik ve istatistik yanında modelleme bilgisini gerektirir. Hatta optimum büyüklük ve yapıda bir simülasyon programı yapmak, çalışmanın algoritmasını isabetli bir şekilde kurmak, estetik unsurlar taşıyan bir sanattır. Bu bakımdan çoğu zaman bu tip araştırmalar bir ekip çalışmasının ürünü olarak ortaya

çıkar. Banks ve Carson'a göre Bir simülasyonun yapılması için başlıca adımlar şöyle sıralanabilir (Sezgin 1999):

1. Problemin formüle edilmesi
2. Amaçların ve genel proje planının belirlenmesi
3. Modelin kurulması
4. Veri toplama
5. Bilgisayar için program yazma ve bir simülasyon paketine bilgileri girmek suretiyle kodlamanın yapılması
6. Programın doğru çalışıp çalışmadığının incelenmesi
7. Modelin gerçek sisteme uyup uymadığının araştırılması
8. Simülasyon denemesinin planının kurulması
9. Programın çalıştırılarak verilerin üretilmesi, sonuçların analiz edilmesi
10. Simülasyon denemesinin daha fazla tekrarlamaya gerek olup olmadığına karar verilmesi
11. Programın dokümantasyonunun yapılması ve sonuç raporlarının hazırlanması
12. Varılan sonuçların uygulamaya aktarılması

Tarımın bütün dalları, arz ettikleri karmaşık yapı dolayısıyla simülasyon uygulamaları için en cazip alanlardır. Temel bilimlerden mühendislik ve sosyal bilimlere kadar her bilim dalı ile yakın ilişki ve etkileşim içinde olan tarımda uygun modellerin kurulması ve simülasyonların yapılması derin ve geniş bir bilgi birikimi gerektirir.

İngiliz Kolombiyası'ndaki som balığı çiftliklerini ele alan Loose (1978), buralardaki iki türün üreme hızları, dışarıya kaçma ve dışarıdan göç etme oranlarını kullanıp, değişik avlama metotlarını gözden geçirerek optimal avlama tekniğini bulmuştur. Mevsim içi avlanmalar için avcı tekneleri açısından değişken yakalama katsayıları kullanan bir üretim fonksiyonunu incelemiş ve modele genel bir analitik çözüm getirmiştir. Sanders ve Cartwright (1979) ise hayvanların besi performanslarını simüle ederek sığır yetiştiricileri için bir model geliştirmişlerdir.

Çağımızda, bilimdeki gelişmeler üssel bir fonksiyona dayanmakta, bu fonksiyonun katlanma zamanı ise yaklaşık on yıl olarak tahmin edilmektedir. Yani birçok bilim dalındaki bilgiler her on yılda iki katına çıkmaktadır. Buna paralel olarak simülasyon ve matematik modeller ile ilgili birçok çalışmalar ortaya çıkmaktadır. Dolayısıyla simülasyonun, model geliştirme ve hipotezleri test etme sırasında karşılaşılan zorlukları yenmede araştırmacı ve bilim adamlarının etkin bir yardımcısı olduğu söylenebilir.



3. MATERYAL VE METOT

3.1. Deneme Deseni ve Model

Boğa modeli, genellikle sığır gibi uzun generasyon aralığı bulunan uniporlar (bir batında bir yavru veren) için kullanılan bir modeldir. Her boğa belli sayıda dişiye verilir ve ölçümler bunlardan elde edilen döllerde yapılır. Başlangıç popülasyonu, erkek ve dişilerin elde edildiği gruptur (Soysal 1998).

Bir grup boğanın büyük bir boğa popülasyonundan şansa bağlı olarak seçildiği, her bir boğanın birden fazla inekle çiftleştirildiği ve her bir inekten sadece bir döl elde edildiği varsayılın. Ebeveynlerin değil de döllerin fenotipik değerleri ölçülmektedir. Böylece, farklı boğanın döller arasında akrabalık yokken aynı boğaya ait döller üvey kardeşler (baba-bir üvey kardeş). Boğa modelinde kalıtım derecesi baba-bir üvey kardeşler arası korelasyondan hesaplanır. Bu deneme deseni bir çok ıslah çalışması için oldukça faydalıdır. Genellikle, aynı generasyona ait baba-bir üvey kardeş gruplarından farklı generasyonlara ait ebeveyn ve döllere göre daha kolay bir biçimde karşılaştırılabilir ölçümler elde edilir.

Tek bir değişken için böylesi bir deneme desenine ait basit şansa bağlı baba-bir üvey kardeş boğa modeli aşağıdaki gibi verilebilir.

$$y_{ij} = \mu + s_i + e_{ij} \quad (i = 1, \dots, s; j = 1, \dots, n) \quad (2)$$

Bu, baba bir üvey kardeş ailelerinin üyelerinin bir özelliğe ait gözlemlerinin modeli olup, s boğanın olduğu ve bunların her birinin farklı analardan n tane dölle sahip olduğu varsayılmıştır. Bu modelde, y_{ij} i 'inci boğa ailesinin j 'inci dölüne ait fenotipik değer, μ genel ortalama, s_i i 'inci boğaya ait rasgele etki ve e_{ij} baba bir üvey kardeş familyaları içi değişkenliği temsil eden hata terimidir. Şansa bağlı etkiler s_i ve e_{ij} karşılıklı olarak birbirlerinden bağımsız dağılış gösterirler ve $s_i \sim N(0, \sigma_s^2)$, $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$ ve

$Cov(s_i, e_{ij})=0$. Böylece $y_{ij} \sim N(\mu, \sigma_s^2 + \sigma_e^2)$ 'dir. Burada σ_s^2 ve σ_e^2 varyans unsurları olup, sırasıyla boğa ve hata varyanslarını temsil eder.

Model (2)'ye ait diğer varsayımlar aşağıdadır. Hatalar arasındaki bütün kovaryanslar sıfırdır:

$$Cov(e_{ij}, e_{i'j'})=0 \quad i' \neq i \text{ ve } j \neq j'$$

Buna benzer şekilde, s_i terimleri için aşağıdaki kovaryans verilebilir.

$$Cov(s_i, s_{i'})=0 \quad \forall i \neq i'$$

ve herbir s_i ile bütün e_{ij} 'lerin kovaryansı şöyledir.

$$Cov(s_i, e_{i'j})=0 \quad \forall i, i' \text{ ve } j'$$

s_i 'ler ve e_{ij} 'lerin normalliği varsayımı altında bu sıfır kovaryanslar, bağımsızlığı ifade etmektedir.

3.2. Monte Carlo Simülasyonu

FORTTRAN programlama dilinde yazılmış bir program ile, basit şansa bağlı boğa modeli (2) için Monte Carlo simülasyon yöntemi kullanılarak farklı aile büyüklükleri ve kalıtım derecelerinde üretilen veri setleri, bu araştırmanın materyalini oluşturmaktadır. Bu simülasyon birkaç aşamada gerçekleştirilmiştir. İlk aşamada, her bir boğa için ortalaması 0 ve varyansı 1 olan standart normal dağılıştan S_i ($i=1, \dots, s$) ve i 'inci boğanın j 'inci döllerini için yine standart normal dağılıştan E_{ij} ($i=1, \dots, s$; $j=1, \dots, n$) şansa bağlı standart normal değerleri simüle edilir. İkinci aşamada, bu standart normal değerler boğa ve hata etkilerine ait standart sapmalar (σ_s ve σ_e) ile çarpılmak suretiyle ortalamaları 0 ve varyansları sırasıyla σ_s^2 ve σ_e^2 olan (2) nolu modeldeki s_i ve e_{ij} tesadüf değişkenleri elde edilir. Simülasyonun son aşamasında ise hayvanların fenotipik değerleri $y_{ij} = \mu + S_i\sigma_s + E_{ij}\sigma_e$ (veya kısaca $y_{ij} = \mu + s_i + e_{ij}$) şeklinde elde edilir. Buna göre, örneğin n adet dölle sahip 1 nolu boğanın fenotipik değerleri aşağıdaki gibi simüle edilir.

$$\begin{aligned}
y_{11} &= \mu + S_1\sigma_s + E_{11}\sigma_e \\
y_{12} &= \mu + S_1\sigma_s + E_{12}\sigma_e \\
&\vdots \\
y_{1n} &= \mu + S_1\sigma_s + E_{1n}\sigma_e
\end{aligned}$$

Bu durumda fenotipik değerlerin ortalaması μ ve varyansı $\sigma_p^2 = \sigma_s^2 + \sigma_e^2$ olacaktır. Bu simülasyonda, μ sabit değeri 0 ve fenotipik varyans (σ_p^2) 1 olarak alınmıştır, fakat kalıtım derecesi ($4\sigma_s^2/\sigma_p^2$) farklı büyüklüklerde seçilmiştir. Ayrıca, burada dikkat edilmesi gereken husus, tek bir boğa için $n+1$ adet şansa bağlı standart normal değerlerin birbirlerinden bağımsız olarak simüle edildikleridir. Böylece s_i ve e_{ij} 'lerin farklı kombinasyonlarının çarpımlarının beklenen değerleri sıfır olur.

Çalışma için, farklı miktardaki istatistiksel bilgiyi temsil eden farklı aile büyüklüklerine sahip 18 deneme deseni simüle edilmiştir ve deneme desenleri Çizelge 4.1'de verilmiştir. Bu çizelgeden de görüleceği gibi, boğa başına düşen döl sayısı (n), 8'den 16'ye değişirken boğa sayısı (s), 10 ile 80 arasında değişmektedir. En küçük deneme deseni 8 dölle sahip 10 boğa olan deneme deseni; en büyük deneme deseni ise 1280 kayıta sahip 80 boğa ve boğa başına 16 döl bulunan deneme desenidir. Veriler, Çizelge 4.2'de görülen farklı kalıtım derecesi (h^2) değerleri (ve buna bağlı olarak farklı σ_s^2 , σ_e^2 ve γ değerleri) kullanılarak tesadüfi olarak simüle edilmişlerdir. Analizin bu kısmı için tüm simülasyonlarda 500 defa tekrarlanan örnekler kullanılmıştır. Diğer bir ifade ile, herbir deneme deseni için 500 veri seti simüle edilmiş ve sonuçlar ve diğer analizler bu 500 veri setinin ortalaması ile elde edilmiştir.

Çizelge 4.1. Farklı kalıtım dereceleri (h^2), boğa sayıları (s) ve boğa başına düşen döl sayısı (n) kullanılarak simüle edilmiş deneme desenleri

$h^2=0.1$		$h^2=0.3$		$h^2=0.6$	
s	n	s	N	s	n
10	8	10	8	10	8
	16		16		16
25	8	25	8	25	8
	16		16		16
80	8	80	8	80	8
	16		16		16

Çizelge 4.2. Varyans unsurları ve fonksiyonları için kullanılan değişik başlangıç değerleri

Parametreler	Başlangıç Değerleri		
	1	2	3
σ_s^2	0.0250	0.0750	0.1500
σ_e^2	0.9750	0.9250	0.8500
γ	0.0256	0.0811	0.1765
h^2	0.1000	0.3000	0.6000

3.3. Varyans Unsurlarının Tahmin Yöntemleri

3.3.1. Varyans analiz yöntemi (ANOVA)

Dengeli verilerden varyans unsurlarını tahmin etmenin temel prensibi, kareler ortalamalarını beklenen değerlerine eşitleyerek elde edilen doğrusal eşitlikler sistemini varyans unsurları için çözmektir. Örneğin, (2) nolu tek yönlü varyans unsurları modelinde gruplar arası ve gruplar içi kareler ortalamaları M_B ve M_W kendi beklenen değerlerine eşitlenmiştir. Sonuçları Çizelge 3.1’ de verilen varyans analiz tablosu şeklinde özetlemek geleneksel hale gelmiştir. Bu çizelgeden elde edilen ANOVA tahmin edicileri, boğalar arası varyans σ_s^2 ve hata varyansı, σ_e^2 aşağıdaki gibidir.

$$\hat{\sigma}_s^2 = (M_b - M_w) / n \quad \text{ve} \quad \hat{\sigma}_e^2 = M_w \quad (3)$$

Henderson’un (1953) geliştirdiği I. yöntem, dengeli verilerdeki kareler toplamının karşılığı olan, dengesiz verilerdeki kareler toplamını kullanır; Yöntem II modelde mevcut olan tüm sabit etkiler için verilerde düzeltme yaptıktan sonra düzeltilmiş bu verilere Yöntem I’i uygular ve Yöntem III doğrusal bir model ve bunun alt modellerini fit ederek elde edilen kareler toplamına dayanmaktadır (Bek vd 1998). Dengesiz verilerde, I ve II nolu yöntemler kullanılarak elde edilen interaksiyonlara ait kareler toplamının pozitif olması gerekmediğinden sonuçta elde edilen varyans unsurları negatif olabilir. Sabit ve şansa bağlı etkilerin her ikisine de sahip karışık bir model kullanılmasına izin veren III nolu yöntem, kareler toplamının negatif olma probleminin üstesinden gelse dahi varyans unsurlarının negatif tahminleri hala ortaya çıkabilir.

Çizelge 3.1. Varyans Analiz Tablosu

Var. Kay	s.d.	K.T.	K.O.	B(K.O.)
Boğalar arası	$s - 1$	$S_b = n \sum_{i=1}^s (\bar{y}_i - \bar{y}_{..})^2$	$M_b = S_b / (s - 1)$	$\sigma_e^2 + n\sigma_s^2$
Boğalar içi	$s(n-1)$	$S_w = \sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_i)^2$	$M_w = S_w / s(n-1)$	σ_e^2

Varyans unsurlarının tahmininde kullanılan Henderson'un yöntemleri ile ilgili diğer bir problem ise yöntemlerin çok iyi bir şekilde tanımlanmamış olmasıdır. Yani, hangi ANOVA tablosundan hangi kareler ortalamasının kullanılması gerektiği her zaman açık değildir (Searle 1971). Bu yöntemlerin varyans unsurlarını tahmin eden genel bir yonteme nasıl genelleştirileceği ise tam açık değildir. Henderson yöntemlerinin bazı sorunları olmasına rağmen, bu yöntemlerden elde edilen parametre tahminleri, ABD'de süt sığırlarının genetik ilerlemesinde ve diğer hayvan ıslahı programlarında önemli gelişmeler elde edilmesini sağlamışlardır.

ANOVA yönteminde, birçok bilim adamının dikkatini çeken esas sorun negatif varyans tahminleridir. Varyans unsurlarının nokta tahminleri pozitif olsa dahi, güven aralıkları negatif değerler içerebilir. Varyansın negatif tahmini sorunu (veya çoklu değişken durumunda negatif tanımlı kovaryans matrisi elde edilmesi) özellikle dikkat çekicidir ve tahmin yöntemlerinin tabiatında tahmin edicilerin negatif olmasını önleyecek hiçbir şey mevcut değildir. Diğer bir ifade ile, $\hat{\sigma}_e^2$ daima pozitif olmasına karşın, diğer tahmin ediciler negatif tahminler verebilir. Örneğin, tesadüf etkileri s_i ve e_{ij} kendi aralarında bağımsız olduğunu varsayan tek yönlü varyans unsuru modelinde (2) gruplar arası varyans, σ_s^2 'nin yansız tahmin edicisi $\hat{\sigma}_s^2$ negatif bir değer olabilir.

Bundan dolayı, $M_b < M_w$ verecek şekilde tek yönlü varyans unsurları modeli ile analize tabi tutulan verilerde (3), $\hat{\sigma}_s^2$ 'nin negatif tahmini elde edilir. Bek vd'nin (1998) bildirdiğine göre negatif tahmininin iki tane açıklaması vardır:

- i. varsayılan model yanlış olabilir ve
- ii. istatistiksel hata esas fiziksel durumu gizlemektedir.

Bu özellik, boğa etkileri (s_i) ve hata etkilerinin (e_{ij}) normal dağılış gösterdiği varsayılırsa, şaşırtıcıdır. Diğer taraftan, eğer bir tesadüf etkiler modelinde negatif bir tahmin elde edildiği zaman, varyansı sıfıra eşitlemeyi tavsiye eden Scheffe (1961)'nin bu önerisine uyularak $\hat{\sigma}_s^2$ 'nin değeri pozitif yapmaya kalkışılırsa, bu yansızlık özelliğini ortadan kaldıracak, ayrıca (3)'deki $\hat{\sigma}_s^2$ 'nin karmaşık olan dağılış teorisini daha da karmaşık hale getirecektir.

Çoklu değişken analizinde de negatif tahminlerle karşılaşılabilir. Hill ve Thompson (1978)'un gösterdiği gibi varyans analizinden elde edilen genetik parametre tahminleri, büyük olasılıklarla genetik varyans matrisi tahmininin negatif tanımlı olmasına yol açabilirler. Eğer bu matris daha sonra seleksiyon indekslerinin oluşturulmasında kullanılırsa çok anlamlı olmayan sonuçlar elde edilebilir.

Geleneksel yöntemde karşılaşılan ikinci problem, yorumlamaların varsayımlardan sapmalara karşı duyarlı olmasıdır. Örneğin, Scheffe (1961), boğa etkilerinde (s_i) normallik olmaması ve hatalardaki (e_{ij}) bağımsızlığın noksanlığının, tek yönlü modeldeki parametreler hakkında yorumlama yapmada kullanılan dağılış kriteri üzerine önemli etkilere sahip olacağını göstermiştir. Tiao ve Ali (1971), varyans unsurları hakkındaki yorumlama üzerine normal dağılış olmayışın etkisini araştırmıştır. İncelemeleri sonucu, boğa varyansına ilişkin yorumlamaların dağılışa ait varsayımların yerine getirilmesine oldukça duyarlı olduğunu ortaya koymuşlardır.

Boğa varyansı tahmininin ($\hat{\sigma}_s^2$) negatif olma olasılığı aşağıdaki denklem ile hesaplanır (Searle vd 1992)

$$\Pr\{\hat{\sigma}_s^2 < 0\} = \Pr\left\{F(s-1, s(n-1)) < \frac{\sigma_s^2}{n\sigma_s^2 + \sigma_e^2}\right\}.$$

Burada $F(s-1, s(n-1))$, serbestlik dereceleri $(s-1)$ ve $s(n-1)$ olan F-dağılışına sahip bir tesadüf değişkenidir.

3.3.2. Maksimum olabilirlik yöntemi (ML)

Boğa modeli (2)'e ait olabilirlik fonksiyonu aşağıdaki gibi tanımlanabilir (Fırat ve Bek 1997)

$$L(\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{1}{2}sn} (\sigma_e^2)^{\frac{1}{2}sn}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} \left[\sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \mu - s_i)^2 \right] \right\}. \quad (4)$$

Bu fonksiyonun s_i 'lere göre integrali alınırsa aşağıdaki fonksiyon elde edilir,

$$L(\mu, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) \propto \int \dots \int L(\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) ds_1 \dots ds_s \\ \alpha (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}s(n-1)} (\sigma_e^2 + n\sigma_s^2)^{-\frac{1}{2}s} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \left[\frac{\sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_{i.})^2}{\sigma_e^2} + \frac{n \sum_{i=1}^s (\bar{y}_{i.} - \mu)^2}{\sigma_e^2 + n\sigma_s^2} \right] \right\}. \quad (5)$$

Bazı matematiksel düzenlemeler sonucu (5) nolu fonksiyon hata kareler ve boğalar arası kareler toplamı formunda aşağıdaki gibi de yazılabilir,

$$L(\mu, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}s(n-1)} (\sigma_e^2 + n\sigma_s^2)^{-\frac{1}{2}s} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \left[\frac{HKT}{\sigma_e^2} + \frac{BKT + sn(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{\sigma_e^2 + n\sigma_s^2} \right] \right\} \quad (6)$$

Buradaki HKT ve BKT Çizelge 3.1'de verilen hata kareler toplamı (S_w) ve boğalar arası kareler toplamıdır (S_b). ML tahmin edicilerini elde edebilmek için önce (6) nolu fonksiyonun logaritması alınarak log olabilirlik fonksiyonu elde edilir. Bu fonksiyonun model parametrelerine göre kısmi türevlerini almak ve bu kısmi türevleri sıfıra eşitlemek suretiyle her bir parametrenin ML tahmin edicisi bulunur. Buna göre (6) nolu fonksiyonun logaritması aşağıda verilmiştir,

$$l = \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\}) \propto -\frac{1}{2}s(n-1) \log(\sigma_e^2) - \frac{1}{2}s \log(\lambda) - \frac{HKT}{2\sigma_e^2} - \frac{BKT + sn(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{2\lambda}. \quad (7).$$

Notasyonu basitleştirmek için $\lambda = \sigma_e^2 + n\sigma_s^2$ olarak alınmıştır. Logaritmik fonksiyonun, üzerinde durulan parametreler için kısmi türevleri şöyle alınır,

$$\frac{\partial \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\})}{\partial \mu} = \frac{sn(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{\lambda} \quad (8)$$

$$\frac{\partial \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\})}{\partial \sigma_e^2} = -\frac{s(n-1)}{2\sigma_e^2} + \frac{HKT}{2\sigma_e^4} = -\frac{s(n-1)}{2\sigma_e^4} \left[\sigma_e^2 - \frac{HKT}{s(n-1)} \right] = \quad (9)$$

$$\frac{\partial \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\})}{\partial \lambda} = -\frac{s}{2\lambda} + \frac{BKT + sn(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{2\lambda^2} \quad (10)$$

Bu kısmi türevler sıfıra eşitlenerek sırasıyla μ , σ_e^2 , λ için çözüldüğünde bu parametrelerin ML tahmin edicileri elde edilmiş olur,

$$\hat{\mu}_M = \bar{y}_{..}, \quad \hat{\sigma}_{M,e}^2 = \frac{HKT}{s(n-1)} = HKO \text{ ve } \hat{\lambda}_M = \frac{BKT}{s} = \left(1 - \frac{1}{s}\right) BKO.$$

Burada HKO ve BKO, sırasıyla boğalar içi (hata) ve boğalar arası kareler ortalamasıdır. Böylece σ_s^2 'nin ML tahmin edicisi aşağıdaki gibi hesaplanır

$$\hat{\sigma}_{M,s}^2 = \frac{\hat{\lambda}_M - \hat{\sigma}_{M,e}^2}{n} = \frac{(n-1)BKT - HKT}{sn(n-1)} = \frac{(1-1/s)BKO - HKO}{n}. \quad (11)$$

3.3.3. Kısıtlanmış maksimum olabilirlik yöntemi (REML)

REML tahmin edicilerinin bulunabilmesi için önce, (6) nolu olabilirlik fonksiyonunun sabit ve şansa bağlı parametrelere göre faktörize edilmesi gerekmektedir. Faktörizasyon şu şekilde ifade edilebilir

$$L(\mu, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) = L(\mu | \bar{y}_{..})L(\sigma_s^2, \sigma_e^2 | HKT, BKT),$$

burada $L(\mu | \bar{y}_{..})$, $\bar{y}_{..}$ verildiğinde μ 'nın olabilirlik fonksiyonu

$$L(\mu | \bar{y}_{..}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{1}{2}} (\lambda / sn)^{\frac{1}{2}}} \exp \left[-\frac{1}{2} \frac{(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{\lambda / sn} \right] \quad (12)$$

ve $L(\sigma_s^2, \sigma_e^2 | HKT, BKT)$ HKO ve BKO verildiğinde σ_s^2 ve σ_e^2 'nin olabilirlik fonksiyonu olup aşağıdaki gibidir,

$$L(\sigma_s^2, \sigma_e^2 | HKT, BKT) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{1}{2}(sn-1)} (\sigma_e^2)^{\frac{1}{2}s(n-1)} (\lambda)^{\frac{1}{2}(s-1)} (sn)^{\frac{1}{2}}} \exp \left[-\frac{1}{2} \left(\frac{HKT}{\sigma_e^2} + \frac{BKT}{\lambda} \right) \right]. \quad (13)$$

REML tahmini, $\sigma_s^2 \geq 0$ ve $\sigma_e^2 > 0$ parametre uzayı içinde (13) nolu eşitliği maksimize eden σ_s^2 ve σ_e^2 tahmin edicilerini elde etmekten ibarettir. Bunun logaritması şöyledir:

$$l_R = \log L(\sigma_s^2, \sigma_e^2 | HKT, BKT) = -\frac{s(n-1)}{2} \log(\sigma_e^2) - \frac{(s-1)}{2} \log(\lambda) - \frac{HKT}{2\sigma_e^2} - \frac{BKT}{2\lambda} \quad (14)$$

Bu log olabilirlik fonksiyonunun σ_e^2 ve λ 'ya göre kısmi türevleri şöyledir:

$$\frac{\partial l_R}{\partial \sigma_e^2} = -\frac{s(n-1)}{2\sigma_e^2} + \frac{HKT}{2\sigma_e^4} \quad \text{ve} \quad \frac{\partial l_R}{\partial \lambda} = -\frac{(s-1)}{2\lambda} + \frac{BKT}{2\lambda^2}.$$

σ_e^2 ve λ 'nın (dolayısı ile σ_s^2 'nin) REML tahmin edicileri, yukarıdaki kısmi türevler sıfıra eşitlenip çözümlenerek bulunur

$$\hat{\sigma}_{R,e}^2 = \frac{HKT}{s(n-1)} = HKO, \quad \hat{\lambda}_R = \frac{BKT}{s-1} = BKO, \quad \hat{\sigma}_{R,s}^2 = \frac{\hat{\lambda}_R - \hat{\sigma}_{R,e}^2}{n} = \frac{BKO - HKO}{n}. \quad (15)$$

Çizelge 3.2. ANOVA, ML ve REML tahmin edicileri

ML/REML çözümleri tarafından yerine getirilen şartlar	Yöntem	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_s^2$
$(1 - 1/s)BKO \geq HKO$	ML	HKO	$\frac{(1 - 1/s)BKO - HKO}{n}$
$(1 - 1/s)BKO < HKO$	ML	$\frac{GKT}{sn}$	0
$BKO \geq HKO$	REML	HKO	$\frac{BKO - HKO}{n}$
$BKO < HKO$	REML	$\frac{GKT}{sn - 1}$	0
	ANOVA	HKO	$(BKO - HKO)/n$

Bu bilgiler ışığında ANOVA, ML ve REML tahmin edicileri Çizelge 3.2’de özetlenmiştir. Çizelgede de görüldüğü gibi, kareler ortalamaları arasında negatifliğe yol açan bir durum olmadığında, her üç yöntemden elde edilen tahminler $\hat{\sigma}_e^2$ için aynı olmakta, $\hat{\sigma}_s^2$ için ise ANOVA ve REML yine aynı sonucu verirken ML çok az farklılık göstermektedir. Dikkati çeken diğer bir nokta da, negatif tahmin eldesi söz konusu olduğunda, ML ve REML yöntemlerinin $\hat{\sigma}_s^2$ ’yi sıfır olarak vermesidir.

3.3.4. Boğa modeli ve Gibbs örneklemesi

Boğa modelinde, baba bir üvey kardeş ailelerinin üyelerinin tek bir özelliğinden elde edilen gözlemlerin modeline ait parametreler hakkında yapılacak yorumlamalar dikkate alınır. Burada, popülasyondan alınan s boğanın olduğunu ve bunların herbirinin farklı analardan n tane dölle sahip olduğunu varsayılır. y_{ij} i ’inci ailenin j ’inci dölüne ait fenotipik değeri göstermesinin nedeni de budur ($i=1,...,s$; $j=1,...,n$).

Bazı hayvan ıslahı uygulamalarında, varyans unsurları yerine bunların oranları veya fonksiyonları hakkında yorumlamaların yapılması gerekebilir. Örneğin γ boğa ve hata varyans unsurlarının oranını, σ_s^2 / σ_e^2 , temsil etsin. Bu durumda karakterin kalıtım derecesi, h^2 , γ ’nin artan bir fonksiyonu olup $h^2 = 4/(1 + \gamma^{-1})$ şeklinde verilir. γ varyansların bir oranı olduğundan, pozitifdir. Ayrıca, (2)’deki boğa modelinin kullanımı

γ üzerine bir üst sınır konulmasını zorunlu kılar, bunu u ile gösterelim. Böylece $0 \leq \gamma \leq u$ veya $0 \leq \sigma_s^2 \leq u\sigma_e^2$ sınırları elde edilir. Yukarıda verilen baba bir üvey kardeş aile yapısı için, kalıtım derecesinin 0 ile 1 arasında olması u 'nun 1/3'e eşit olmasını gerektirir ve σ_s^2 , 0 ve $\sigma_e^2/3$ arasında değerler alır. Bu kısıtlamayı dikkate almayan bir yorumlama yöntemi kalıtım derecesi tahminlerinin kendi parametre sınırları dışında değerler almasına yol açabilir.

Bayesian analizinde ilk adım modeldeki parametrelerin prior dağılımlarının belirlenmesidir. Model (2)'deki $(\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2)$ parametrelerinin herbiri için bir prior dağılım belirlenmesi gerekmektedir. Bu parametreler için seçilecek prior dağılımlar hesaplamalar açısından uygun olmalıdırlar.

μ parametresinin başlangıç değeri hakkında çok az bilgiye sahip olunduğu varsayılarak μ 'nun prior dağılışı uniform olarak alınmıştır.

$$f(\mu) \propto \text{sabite}, \quad -\infty < \mu < \infty. \quad (16)$$

s_i hakkındaki prior varsayım, bunların bağımsız olarak ortak bir dağılıma sahip olduklarıdır ve aşağıdaki gibi verilmiştir.

$$s_i | \sigma_s^2 \sim N(0, \sigma_s^2), \quad (i = 1, \dots, s). \quad (17)$$

Varyans unsurları σ_s^2 ve σ_e^2 'nin birbirlerinden bağımsız oldukları ve invers χ^2 dağılımına sahip oldukları varsayılır. Böylece $\sigma_s^2 \sim s_s^2 / \chi^2(v_s)$ ve $\sigma_e^2 \sim s_e^2 / \chi^2(v_e)$, prior yoğunluk fonksiyonları aşağıdaki gibidir.

$$f(\sigma_s^2 | v_s, s_s^2) \propto (\sigma_s^2)^{-\frac{1}{2}(v_s+2)} \exp\left(-\frac{v_s s_s^2}{2\sigma_s^2}\right) \quad 0 \leq \sigma_s^2 \leq \sigma_e^2/3, \quad (18)$$

ve

$$f(\sigma_e^2 | v_e, s_e^2) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}(v_e+2)} \exp\left(-\frac{v_e s_e^2}{2\sigma_e^2}\right) \quad 0 < \sigma_e^2 < \infty. \quad (19)$$

(18) ve (19) nolu eşitliklerde s_s^2 ve s_e^2 , sırasıyla σ_s^2 ve σ_e^2 'nin prior beklenen değerleri olarak ifade edilebilirler. Bunlar ν_s ve ν_e serbestlik derecesine benzeyen parametrelerdir. Bu dört parametreye varyans unsurlarının prior dağılımlarının 'hiperparametreleri' olarak atıfta bulunulacaktır.

Bayesian formülasyonundaki ikinci adım, gözlenen veriler $\{y_{ij}\}$ için bilinmeyen parametrelerin olabilirlik fonksiyonunu tayin etmektir. Bu fonksiyon, verilerin bilinmeyen parametreler hakkındaki bilgiye katkısını gerçekleştirir. Olabilirlik fonksiyonu şöyledir,

$$f(\{y_{ij}\}|\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}sn} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2} \sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \mu - s_i)^2\right\}. \quad (20)$$

$(\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2)$ parametrelerinin müşterek posterior fonksiyonu, yukarıda verilen olabilirlik ve prior yoğunluk fonksiyonlarının çarpımı olup aşağıda verilmiştir,

$$f(\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}(sn+\nu_e+2)} (\sigma_s^2)^{-\frac{1}{2}(s+\nu_s+2)} \exp\left[-\frac{1}{2\sigma_s^2} \left(\sum_{i=1}^s s_i^2 + \nu_s s_s^2\right)\right] \times \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2} \left[\sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \mu - s_i)^2 + \nu_e s_e^2\right]\right\}. \quad (21)$$

Yakın zamanlarda, Gelfand ve Smith (1990) Gibbs örnekleme ve diğer Monte Carlo yöntemlerini kapsamlı bir şekilde incelemişlerdir. Gibbs örnekleme yönteminin kullanımı, sırayla bütün şartlı dağılımlardan örnekleme yaparak modeldeki bütün parametrelerin müşterek posterior yoğunluk fonksiyonuna yaklaşımda bulunur. Şartlı olasılık yoğunluk fonksiyonu [...] ile gösterilirse, (21) nolu müşterek posterior yoğunluk fonksiyonundan her bir parametrenin şartlı dağılışı aşağıdaki gibi elde edilir:

$$[\mu | \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2, \{y_{ij}\}] = N(\bar{y}_{..} - \bar{s}, \sigma_e^2 / (ns)), \quad (22)$$

$$[s_i | \mu, \sigma_s^2, \sigma_e^2, \{y_{ij}\}] = N\left(\frac{n\sigma_s^2(\bar{y}_i - \mu)}{n\sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \frac{\sigma_s^2 \sigma_e^2}{n\sigma_s^2 + \sigma_e^2}\right), \quad (i = 1, \dots, s) \quad (23)$$

$$[\sigma_s^2 | \mu, \{s_i\}, \sigma_e^2, \{y_{ij}\}] = \chi^{-2}\left(s + \nu_s, \sum_{i=1}^s s_i^2 + \nu_s \sigma_s^2\right), \quad (24)$$

$$[\sigma_e^2 | \mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \{y_{ij}\}] = \chi^{-2}\left(sn + \nu_e, \sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \mu - s_i)^2 + \nu_e \sigma_e^2\right). \quad (25)$$

Daha önce açıklanan $\sigma_s^2 / \sigma_e^2 \geq 1/3$ kısıtlamasını dikkate almayan Gibbs örneklemesinin kullanımı hayvan ıslahı uygulamalarında doğru değildir. Bu soruna çözüm, Gibbs örnekleme algoritması içersine belli bir limitten küçük veya büyük olan varyansları atacak bir rutin adapte etmektir. Algoritma aşağıdaki gibi verilebilir.

- i) Sırasıyla her bir parametreye rasgele bir başlangıç değeri tayin edilir, μ için μ_0 , σ_s^2 için σ_{s0}^2 , σ_e^2 için σ_{e0}^2 ve $\{s_i\}$ için $\{s_{i0}\}$;
- ii) $[\mu | \{s_{i0}\}, \sigma_{s0}^2, \sigma_{e0}^2, \{y_{ij}\}]$ 'dan bir μ_1 değeri çekilir ve μ güncelleştirilir;
- iii) $[s_i | \mu_1, \sigma_{s0}^2, \sigma_{e0}^2, \{y_{ij}\}]$ 'dan s_{i1} değerleri çekilir ve s_i ($i=1, \dots, s$) güncelleştirilir;
- iv) $[\sigma_s^2 | \mu_1, \{s_{i1}\}, \sigma_{e0}^2, \{y_{ij}\}]$ 'dan σ_{s1}^2 değeri çekilir ve σ_s^2 güncelleştirilir;
- v) $[\sigma_e^2 | \mu_1, \{s_{i1}\}, \sigma_{s1}^2, \{y_{ij}\}]$ 'dan σ_{e1}^2 değerleri çekilir ve σ_e^2 güncelleştirilir;
- vi) Eğer $3\sigma_s^2 \geq \sigma_e^2$ ise iv) ve v) adımları $3\sigma_s^2 \leq \sigma_e^2$ sağlanana kadar tekrar edilir, Böylece her parametre rasgele bir sıra ile ziyaret edilmiş olunur ve bu döngü $(\mu_0, \{s_{i0}\}, \sigma_{s0}^2, \sigma_{e0}^2)$ 'dan $(\mu_1, \{s_{i1}\}, \sigma_{s1}^2, \sigma_{e1}^2)$ 'ya bir geçişi tamamlar (Geman ve Geman 1984). Posterior dağılıştan simüle edilen değerler aşağıdaki şekilde elde edilebilirler:
- vii) Adım ii)-vi) güncelleştirilmiş değerler kullanılarak ve tüm değerler kaydedilerek m defa tekrarlanır.

Eğer μ parametresi için değerler dizisinin $\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_m$ olduğunu varsayarsak, bu durumda bunlar μ 'nın marjinal posterior dağılıştan simüle edilmiş değerleri oluştururlar. Bu şekildeki Gibbs örnekleme algoritmasının kullanımı m tane Gibbs örneği $(\mu_l, \{s_{il}\}, \sigma_{sl}^2, \sigma_{el}^2)$, ($l=1, \dots, m$) üretir.

Özel bazı problemler için Gibbs örneklemesinin nasıl kullanılacağı konusunda farklı görüşler vardır. Bazı araştırmacılar sürecin başlangıcında kaydedilen değerlerin atılmasını tavsiye etmektedirler. Bunun nedeni ilk değerlerin asıl populasyon parametresine yaklaşımdan çok uzak olmalarıdır. Bazı araştırmacılar ise sadece her onuncu değerin kaydedilmesini tavsiye etmektedirler, çünkü birbirini takip eden örnekler arasında yüksek korelasyon bulunmaktadır. Bazıları da sürecin farklı başlangıç değerleri ile yeniden başlatılmasından yanalıdır. Simüle edilmiş verilerle olan deneyimler ile Raftery ve Lewis (1992)'nin bu konudaki teorik iddiaları, posterior dağılışı yakın başlangıç değerleri kullanılması halinde böyle olumsuzluklarla karşılaşılmayacağı inancına neden olmuştur.



4. BULGULAR ve TARTIŞMA

Verilerin analiziyle elde edilen sonuçlar $h^2=0,1$ için Çizelge 4.3, $h^2=0,3$ için Çizelge 4.4 ve $h^2=0,6$ için Çizelge 4.5'te verilmiştir. Ayrıca, anlaşılabilirliği arttırmak amacıyla kalıtım derecesi, boğa varyansı ve hata varyansına ait değerler kendi aralarında bir araya toplanmış ve grafiksel gösterim halinde sunulmuştur.

Çizelge 4.3. $h^2 = 0,1$ ve farklı aile büyüklükleri için dört yöntemden elde edilen değerlerin ortalama (ORT) ve standart sapmaları (SS)

Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
	Ort	SS	Ort	SS	Ort	SS	Ort	SS
				$s = 10$	$n = 8$			
ANOVA	0.0224	0.0709	0.9770	0.1606	0.0269	0.0779	0.0839	0.2782
ML	0.0285	0.0454	0.9565	0.1540	0.0317	0.0532	0.1138	0.1795
REML	0.0395	0.0540	0.9615	0.1551	0.0435	0.0627	0.1544	0.2069
GIBBS	0.0487	0.0237	0.9943	0.1512	0.0515	0.0258	0.1850	0.0846
				$s = 10$	$n = 16$			
ANOVA	0.0261	0.0402	0.9798	0.1113	0.0278	0.0431	0.1018	0.1573
ML	0.0234	0.0301	0.9737	0.1098	0.0249	0.0329	0.0932	0.1190
REML	0.0308	0.0350	0.9755	0.1101	0.0326	0.0382	0.1211	0.1359
GIBBS	0.0401	0.0208	0.9767	0.1061	0.0424	0.0228	0.1554	0.0772
				$s = 25$	$n = 8$			
ANOVA	0.0228	0.0452	0.9791	0.1072	0.0255	0.0486	0.0908	0.1798
ML	0.0265	0.0333	0.9695	0.1026	0.0286	0.0373	0.1065	0.1339
REML	0.0309	0.0360	0.9713	0.1032	0.0333	0.0403	0.1232	0.1435
GIBBS	0.0376	0.0201	0.9758	0.1028	0.0400	0.0229	0.1476	0.0782
				$s = 25$	$n = 16$			
ANOVA	0.0241	0.0255	0.9752	0.0701	0.0251	0.0266	0.0953	0.0998
ML	0.0255	0.0221	0.9733	0.0694	0.0234	0.0232	0.0897	0.0866
REML	0.0256	0.0235	0.9737	0.0695	0.0266	0.0246	0.1016	0.0912
GIBBS	0.0307	0.0149	0.9744	0.0687	0.0320	0.0158	0.1211	0.0566
				$s = 80$	$n = 8$			
ANOVA	0.0244	0.0238	0.9769	0.0582	0.0255	0.0249	0.0974	0.0942
ML	0.0244	0.0209	0.9751	0.0572	0.0254	0.0221	0.0973	0.0827
REML	0.0260	0.0214	0.9753	0.0573	0.0271	0.0226	0.1036	0.0846
GIBBS	0.0296	0.0146	0.9789	0.0543	0.0308	0.0158	0.1170	0.0573
				$s = 80$	$n = 16$			
ANOVA	0.0246	0.0140	0.9755	0.0389	0.0254	0.0146	0.0981	0.0554
ML	0.0237	0.0135	0.9753	0.0389	0.0244	0.0141	0.0946	0.0535
REML	0.0247	0.0137	0.9753	0.0389	0.0255	0.0143	0.0987	0.0542
GIBBS	0.0252	0.0104	0.9775	0.0399	0.0260	0.0107	0.1002	0.0400

Çizelge 4.4. $h^2 = 0,3$ ve farklı aile büyüklükleri için dört yöntemden elde edilen değerlerin ortalama (ORT) ve standart sapmaları (SS)

Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
	Ort	SS	Ort	SS	Ort	SS	Ort	SS
$s = 10 \quad n = 8$								
ANOVA	0.0723	0.0917	0.9269	0.1524	0.0835	0.1069	0.2749	0.3413
ML	0.0634	0.0720	0.9170	0.1488	0.0727	0.0857	0.2496	0.2706
REML	0.0802	0.0825	0.9197	0.1495	0.0915	0.0981	0.3085	0.2993
GIBBS	0.0886	0.0320	0.9505	0.1408	0.0974	0.0359	0.3383	0.1129
$s = 10 \quad n = 16$								
ANOVA	0.0783	0.0621	0.9296	0.1056	0.0860	0.0704	0.3021	0.2278
ML	0.0662	0.0538	0.9281	0.1053	0.0727	0.0612	0.2597	0.2016
REML	0.0794	0.0604	0.9285	0.1053	0.0872	0.0687	0.3069	0.2201
GIBBS	0.0857	0.0358	0.9350	0.1020	0.0937	0.0392	0.3283	0.1246
$s = 25 \quad n = 8$								
ANOVA	0.0728	0.0561	0.9288	0.1017	0.0811	0.0652	0.2872	0.2165
ML	0.0670	0.0513	0.9271	0.1009	0.0746	0.0600	0.2667	0.1998
REML	0.0742	0.0539	0.9275	0.1010	0.0825	0.0631	0.2929	0.2071
GIBBS	0.0822	0.0343	0.9343	0.1031	0.0907	0.0390	0.3195	0.1250
$s = 25 \quad n = 16$								
ANOVA	0.0732	0.0387	0.9252	0.0665	0.0798	0.0428	0.2899	0.1446
ML	0.0681	0.0370	0.9251	0.0664	0.0742	0.0409	0.2710	0.1395
REML	0.0733	0.0386	0.9251	0.0664	0.0799	0.0427	0.2902	0.1440
GIBBS	0.0794	0.0328	0.9338	0.0701	0.0863	0.0363	0.3082	0.1179
$s = 80 \quad n = 8$								
ANOVA	0.0747	0.0296	0.9268	0.0552	0.0813	0.0334	0.2973	0.1136
ML	0.0723	0.0292	0.9268	0.0552	0.0788	0.0330	0.2886	0.1126
REML	0.0747	0.0296	0.9268	0.0552	0.0813	0.0334	0.2974	0.1135
GIBBS	0.0760	0.0273	0.9320	0.0550	0.0828	0.0314	0.2995	0.1042
$s = 80 \quad n = 16$								
ANOVA	0.0741	0.0209	0.9254	0.0369	0.0803	0.0233	0.2955	0.0793
ML	0.0724	0.0207	0.9254	0.0369	0.0785	0.0230	0.2894	0.0786
REML	0.0741	0.0209	0.9254	0.0369	0.0803	0.0233	0.2955	0.0793
GIBBS	0.0753	0.0200	0.9278	0.0381	0.0816	0.0219	0.2985	0.0740

Çizelge 4.5. $h^2 = 0,6$ ve farklı aile büyüklükleri için dört yöntemden elde edilen değerlerin ortalama (ORT) ve standart sapmaları (SS)

Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
	Ort	SS	Ort	SS	Ort	SS	Ort	SS
				$s = 10$	$n = 8$			
ANOVA	0.1477	0.1229	0.8517	0.1400	0.1815	0.1566	0.5598	0.4194
ML	0.1253	0.1067	0.8487	0.1389	0.1542	0.1367	0.4902	0.3769
REML	0.1499	0.1197	0.8497	0.1392	0.1840	0.1533	0.5703	0.4024
GIBBS	0.1306	0.0387	0.8915	0.1405	0.1517	0.0441	0.5081	0.1317
				$s = 10$	$n = 16$			
ANOVA	0.1559	0.0969	0.8542	0.0970	0.1851	0.1190	0.5932	0.3192
ML	0.1354	0.0865	0.8538	0.0969	0.1608	0.1064	0.5274	0.2965
REML	0.1562	0.0964	0.8539	0.0970	0.1855	0.1185	0.5946	0.3165
GIBBS	0.1343	0.0439	0.8809	0.1003	0.1548	0.0492	0.5187	0.1477
				$s = 25$	$n = 8$			
ANOVA	0.1478	0.0734	0.8535	0.0934	0.1769	0.0941	0.5804	0.2621
ML	0.1377	0.0704	0.8535	0.0934	0.1649	0.0902	0.5465	0.2562
REML	0.1478	0.0733	0.8535	0.0934	0.1769	0.0940	0.5806	0.2614
GIBBS	0.1398	0.0424	0.8676	0.0845	0.1640	0.0490	0.5473	0.1451
				$s = 25$	$n = 16$			
ANOVA	0.1471	0.0587	0.8502	0.0611	0.1741	0.0707	0.5809	0.2020
ML	0.1391	0.0563	0.8502	0.0611	0.1646	0.0679	0.5539	0.1971
REML	0.1471	0.0587	0.8502	0.0611	0.1741	0.0707	0.5809	0.2020
GIBBS	0.1485	0.0405	0.8618	0.0593	0.1740	0.0481	0.5794	0.1412
				$s = 80$	$n = 8$			
ANOVA	0.1502	0.0393	0.8516	0.0508	0.1773	0.0490	0.5967	0.1402
ML	0.1469	0.0388	0.8516	0.0508	0.1736	0.0484	0.5859	0.1393
REML	0.1502	0.0393	0.8516	0.0508	0.1773	0.0490	0.5967	0.1402
GIBBS	0.1460	0.0372	0.8543	0.0487	0.1727	0.0455	0.5787	0.1328
				$s = 80$	$n = 16$			
ANOVA	0.1485	0.0322	0.8504	0.0339	0.1750	0.0392	0.5920	0.1120
ML	0.1460	0.0318	0.8504	0.0339	0.1720	0.0387	0.5834	0.1112
REML	0.1485	0.0322	0.8504	0.0339	0.1750	0.0392	0.5920	0.1120
GIBBS	0.1535	0.0304	0.8532	0.0349	0.1806	0.0367	0.6052	0.1049

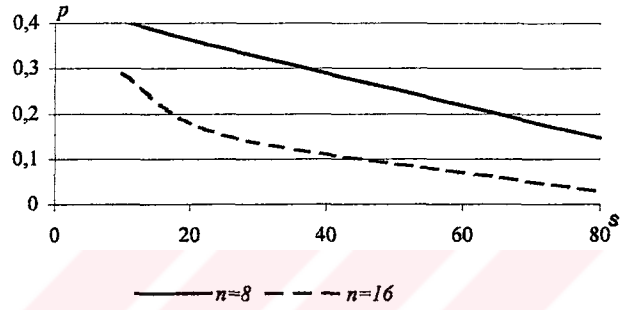
Bu çizelgelerde boğalar arası varyans ve kalıtım derecesine ait sonuçlar incelendiğinde, Çizelge 4.3 ve Çizelge 4.4'te Gibbs örneklemesinden elde edilen sonuçların, aile büyüklüğü fark etmeksizin en yüksek değerleri aldığı görülmektedir. Çizelge 4.5'te ise durum böyle değildir; ANOVA, ML ve REML tahminleri genellikle daha yüksek bulunmuştur. Hata varyansında ise durum tam tersidir. Bunun nedeni $\sigma_s^2 + \sigma_e^2 = 1$ olarak alınmış olmasıdır. Her dört yöntemden elde edilen standart sapmalar karşılaştırıldığında, Bayesian yönteminin diğerlerinden daha kesin sonuçlar verdiği ortaya çıkmaktadır.

Farklı kalıtım dereceleri ve aile büyüklükleri için σ_s^2 'nin ANOVA tahmininin negatif olma olasılıkları Şekil 4.1'de sunulmuştur. Şekilde de görüldüğü gibi, kalıtım derecesi arttıkça negatif tahmin olasılığının azalmasının yanı sıra boğa sayısının artması da bu olasılığı düşürmektedir. Ayrıca, boğa sayısı ve kalıtım derecesi sabit kaldığında, boğa başına döl sayısının artması da negatif tahmin olasılığının düşmesinde oldukça etkili olmaktadır. Bu etki düşük kalıtım derecesinde daha belirgindir. Negatif tahmin olasılığının yüksek olması, ANOVA'dan elde edilen boğalar arası varyans ve kalıtım derecesine ait tahmin değerleri, gerçek parametre değerinden uzaklaşmasına neden olarak gösterilebilir.

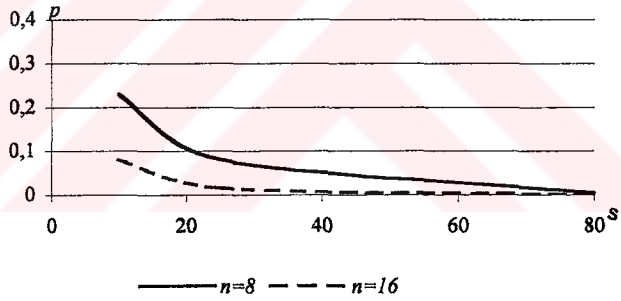
Sonuçta elde edilen kalıtım derecesinin (h^2), farklı yöntemlerle elde edilen tahminlerine ait ortalamalar Şekil 4.2, Şekil 4.3 ve Şekil 4.4'te verilmiştir. Buradan da görülebileceği gibi, örnek büyüklüğü ve kalıtım derecesi arttıkça, marjinal posterior beklenen değerler ve ANOVA, ML ve REML tahminleri gerçek parametre değerine yaklaşmaktadırlar. Bu durum, örnek büyüklüğü nispeten küçük olduğunda yüksek olasılıkla σ_s^2 'nin negatif tahminlerinin elde edilmesi gerçeğine bağlanabilir. Ayrıca kalıtım derecesi sabit tutulduğunda, aile büyüklüğündeki artmaya bağlı olarak sonuçlara ait standart sapmaların küçüldüğü görülmüştür.

Şekil 4.2'de görüldüğü gibi, küçük aile büyüklüğü ve düşük kalıtım dereceli deneme desenleri için Bayesian yöntemi h^2 'yi gerçek parametre değerinden daha fazla tahmin eder. Böyle deneme desenlerinde kalıtım derecesi artırıldığında bu kez kalıtım derecesinin gerçek parametre değerinden daha küçük tahmin edildiği görülür. Bayesian yöntemi yukarı doğru, diğer yöntemler ise nispeten aşağı doğru yanlılık gösterir. Bununla birlikte, aile büyüklüğündeki artma ile marjinal posterior beklenen değerler ile ANOVA, ML ve REML tahminleri arasındaki farklılıklar kaybolur. Şekil 4.4'deki gibi yüksek kalıtım derecesi kullanıldığında Gibbs örneklemesinden elde edilen posterior beklenen değerlerinin parametre değerinden uzak olmasının nedeni, daha fazla prior bilgiye ihtiyaç duyulmasına karşın bunun sağlanmamış olması olarak düşünülmektedir.

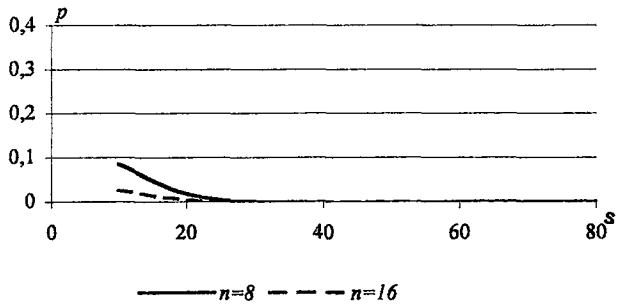
σ_s^2 'ye ait deęerler ise Şekil 4.5, Şekil 4.6 ve Şekil 4.7'de sunulmuştur. Bu şekillere bakıldığında h^2 'ye ait çıkarsamaların benzerleri yapılabilir. Zira h^2 , σ_s^2 'ye baęlıdır ve doğru orantılı olarak artar. Hata varyansı σ_e^2 'ye ait tahmin deęerleri Şekil 4.8, Şekil 4.9 ve Şekil 4.10'da verilmiştir. Bu şekillerde dikkati çeken nokta, σ_e^2 'ye ait tahmin deęerlerinin gerçek parametre deęerine yaklaşmasında boęa başına döl sayısının çok daha etkili olduğudur.



a) $h^2 = 0,1$

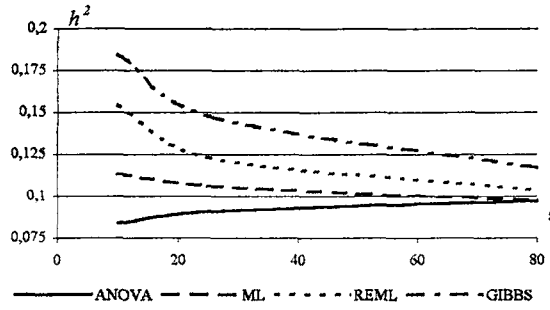


b) $h^2 = 0,3$

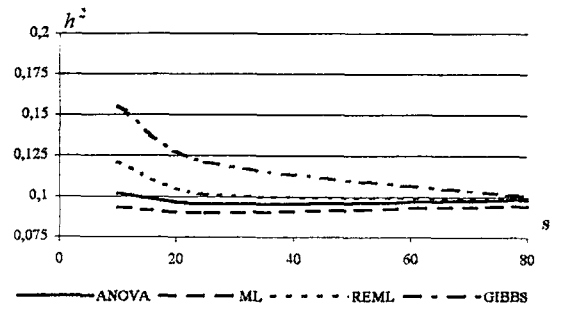


c) $h^2 = 0,6$

Şekil 4.1. Farklı kalıtım dereceleri ve aile büyüklükleri için σ_s^2 'nin ANOVA tahmininin negatif olma olasılıkları

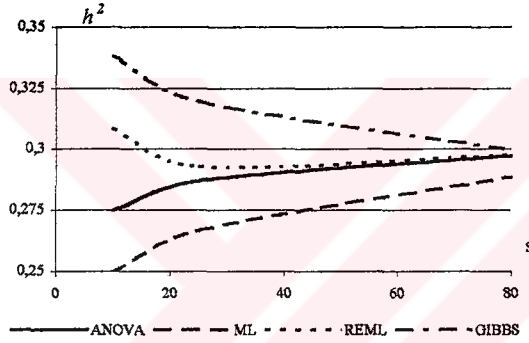


a) $n=8$

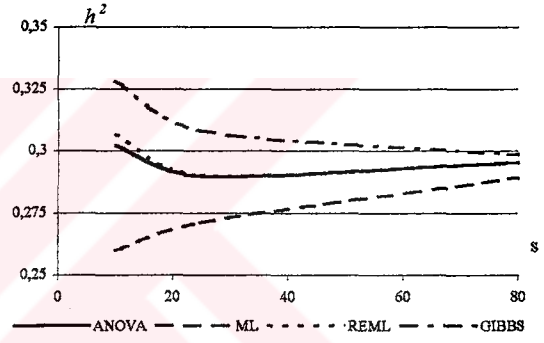


b) $n=16$

Şekil 4.2. $h^2=0,1$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları

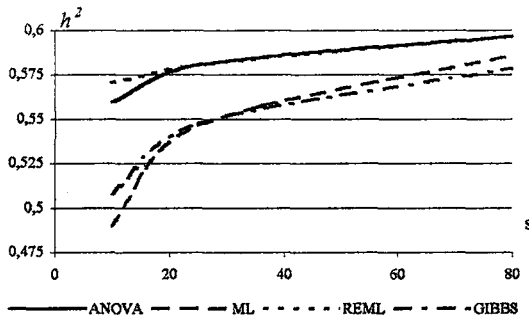


a) $n=8$

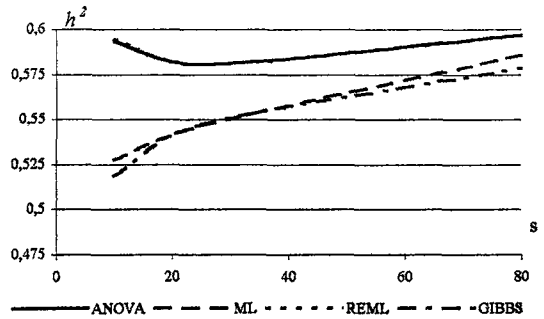


b) $n=16$

Şekil 4.3. $h^2=0,3$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları

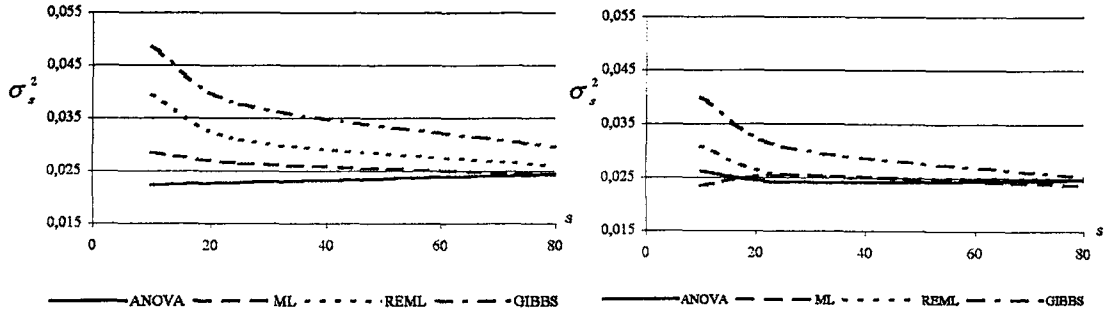


a) $n=8$



b) $n=16$

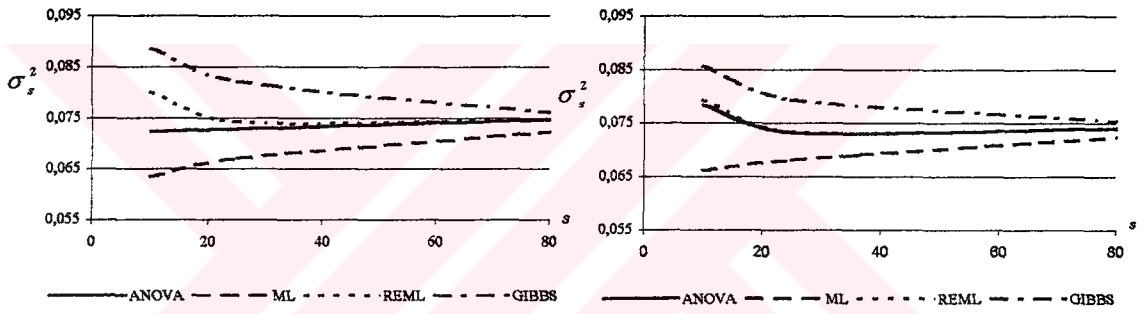
Şekil 4.4. $h^2=0,6$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları



a) $n=8$

b) $n=16$

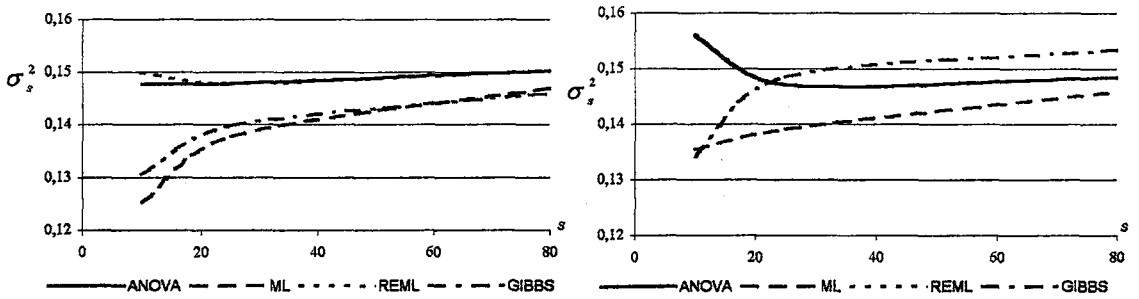
Şekil 4.5. $\sigma_s^2=0,025$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları



a) $n=8$

b) $n=16$

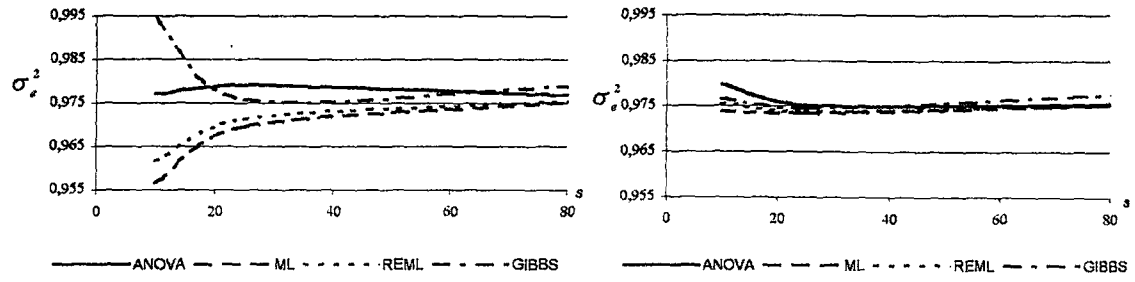
Şekil 4.6. $\sigma_s^2=0,075$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları



a) $n=8$

b) $n=16$

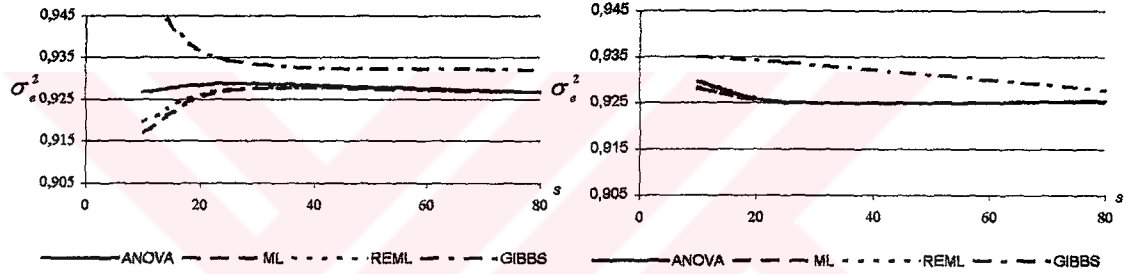
Şekil 4.7. $\sigma_s^2=0,15$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları



a) $n=8$

b) $n=16$

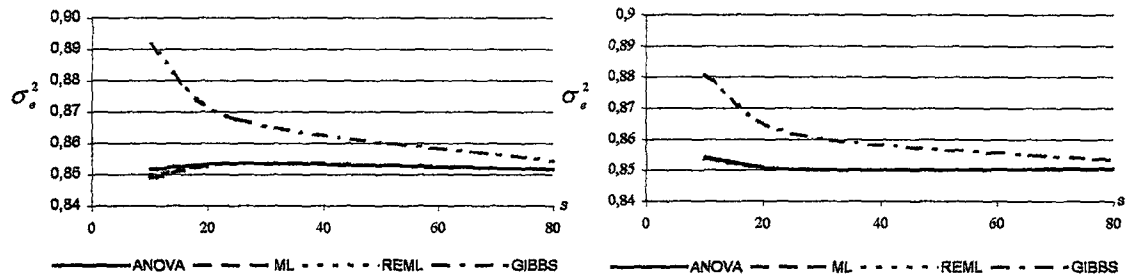
Şekil 4.8. $\sigma_e^2=0,975$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları



a) $n=8$

b) $n=16$

Şekil 4.9. $\sigma_e^2=0,925$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları



a) $n=8$

b) $n=16$

Şekil 4.10. $\sigma_e^2=0,85$ ve farklı aile büyüklükleri için 4 yöntemden elde edilen değerlerin ortalamaları

5. SONUÇ

Yapılan çalışma ile ortaya çıkan sonuçlardan ANOVA yönteminin dezavantajı görülebilir. Düşük aile büyüklüğüne sahip olan deneme desenleri kullanıldığında, boğa varyansının negatif tahmini nedeniyle elde edilen değerler istenenden uzaklaşmaktadır. Ancak olabilirliğe dayalı yöntemler sahip oldukları kısıtlamalardan dolayı böyle bir soruna yol açmazlar.

Aile büyüklüğünde meydana gelen artış, negatif tahmin sorununun ortadan kalkmasını sağlamanın yanı sıra, tahmin değerlerinin standart sapmalarının azalmasını da sağlamaktadır. Daha kesin değerlerin elde edilmesindeki bir başka faktör ise kullanılan yöntemdir. Yüksek aile büyüklüğüne sahip deneme desenlerinde marjinal posterior beklenen değerler ile ANOVA, ML ve REML yöntemlerinden elde edilen tahminler arasındaki farklar kaybolursa da bunlara ait standart sapmalar karşılaştırıldığında, Bayesian yönteminin marjinal posterior beklenen değerlerinin çok daha kesin olduğu sonucuna varılabilir.

Çalışma sonucunda, yüksek boyutlarda engelleyici zorlukta olan integralleri hesaplamaktan kaçınılmasını sağlaması nedeniyle Gibbs örneklemesinin yararlılığının, problemin boyutuna bağlı olarak arttığı görülmüştür. Ayrıca, genetik parametre tahmini sırasında, kişinin parametreler hakkındaki bilgisinin analizlere dahil edilmesi daha doğru sonuçların elde edilmesini sağlayacaktır. Bu çalışmada kullanılan Gibbs örneklemesi ile bu mümkün olduğu halde, ANOVA, ML ve REML yöntemleri kullanıldığında mümkün olmamaktadır. Bu yeni yöntemin, prior bilginin analize dahil edilmesine olanak sağlaması ve diğer üstünlükleri nedeniyle konu ile ilgili diğer yöntemlerin yerini alması beklenebilir.

6. KAYNAKLAR

- BEK, Y., FIRAT, M.Z., CEBECİ, Z. ve PEKEL, E. 1998. Çiftlik Hayvanlarının Genetik İslahında Bayesian Metodu Kullanarak Verime Etki Yapan Unsurların Tahmini Algoritmaları ve İslahı İçin En Uygun Bilgisayar Programının Geliştirilmesi, Proje No:VHAG-1221, Tubitak Bilimsel ve Teknik Araştırma Kurumu, Adana.
- CRUMP, S.L. 1947. The estimation of variance in multiple classification. Ph.D. Thesis, Iowa State University, Ames, Iowa.
- CRUMP, S.L. 1951. The present status of variance component analysis. *Biometrics*, 7: 1-16.
- DÜZGÜNEŞ, O., ELİÇİN, A. ve AKMAN, N. 1991. Hayvan İslahı (II. Baskı). Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, No: 1212, 298 ss, Ankara.
- FIRAT, M.Z. ve BEK, Y. 1997. Varyans unsurlarının tahmini için maksimum olabilirlik metodlarının karşılaştırmalı olarak incelenmesi. *Ç.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 12 (1): 1-8.
- FIRAT, M.Z., THEOBALD, C.M. and THOMPSON, R. 1997. Univariate analysis of test day milk yields of British Holstein-Friesian heifers using Gibbs sampling. *Acta Agric. Scand., Sect.A, Animal Sci.*, 47: 213-220.
- FIRAT, M.Z. ve KUMLU, S. 2002. Genetic Parameters for Milk Yield of Turkish Holstein-Friesian Cows Using Bayesian Analysis. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 19-23, 2002, (No:17-27), Montpellier, France.
- FISHER, R.A. 1935. Discussion of Neyman. *J. Roy. Statist. Soc. Supp.*, 2: 154-155.
- GELFAND, A.E. and SMITH, A.F.M. 1990. Sampling-based approaches to calculating marginal densities. *J. Amer. Stat. Assoc.* 85: 398-409.
- GELFAND, A.E., HILLS, S.E., RACINE-POON, A., and SMITH, A.F.M. 1990. Illustration of Bayesian inference in normal data models using Gibbs sampling. *J. Amer. Stat. Assoc.* 85: 972-985.
- GELMAN, A., CARLIN, J.B., STERN, H.S. and RUBIN D.B. 1995. Fundamentals of Bayesian Inference. In: *Bayesian Data Analysis*, Chapman & Hall, pp. 1-115, Suffolk, Great Britain.
- GEMAN, S. and GEMAN, D. 1984. Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 6: 721-741.

- GIANOLA, D. and FERNANDO, R.L. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Anim. Sci.*, 63: 217-244.
- HARTLEY, H.O. and RAO, J.N.K. 1967. Maximum likelihood estimation of the mixed analyses of variance model. *Biometrika*, 54: 93-108.
- HARVILLE, D.A. 1974. Bayesian inference for variance components using only error contrasts. *Biometrika*, 61: 383-385.
- HARVILLE, D.A. and CALLANAN, T.P. 1990. Computational Aspects of Likelihood Based Inference for Variance Components. In: D. Gianola and K. Hammond (Editors), *Advances in Statistical Methods for the Genetic Improvement of Livestock*, Springer-Verlag, pp.136-176, Berlin.
- HENDERSON, C.R. 1953. Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*, 9: 226-252.
- HERBACH, L.H. 1959. Properties of Model II type analysis of variance tests, A: optimum nature of the F-test for Model II in the balanced case. *Ann. Math. Stat.*, 30: 939-959.
- HILL, B.M. 1965. Inference about variance components in the one-way model. *J. Amer. Stat. Assoc.*, 60: 806-825.
- HILL, B.M. 1967. Correlated errors in the random model. *J. Amer. Stat. Assoc.*, 62: 1387-1400.
- HILL, W.G. and THOMPSON, R. 1978. Probabilities of non-positive definite between group or genetic covariance matrices. *Biometrics*, 34: 429-439.
- HOHENBOKEN, W.D. 1985. Heritability and Repeatability. In: A.B. Chapman (Editor), *General and Quantitative Genetic*. Elsevier Science Publishers, pp.77-120, Amsterdam.
- KHURI, A.I. and SAHAI, H. 1985. Variance components analysis: a selective literature survey. *Int. Stat. Rev.*, 53: 279-300.
- KUMLU, S. 1999. Hayvan Islahı. Türkiye Damızlık Sığır Yetiştiricileri Merkez Birliği Yayınları, No: 1, 198 ss, Ankara.
- KUMLU, S. 2002. Hayvan Islahı Ders Notları (Yayınlanmamıştır).
- LESSA De ASSIS, G.M., JUNIOR, J.M.C., EUCLYDES, R.F. and CORREA, F.J.C. 2002. Bayesian Inference on Variance Components using Simulated Data. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 19-23, 2002, (No:17-22), Montpellier, France.

- LOOSE, V.W. 1978. Optimal Exploitation of a Salmon Fishery: A Simulation Approach. Ph. D. Thesis. The University of British Colombia, Canada.
- MRODE, R.A. 1996. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. Cab International, 187ss, Wallingford.
- PATTERSON, H.D. and THOMPSON, R. 1971. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58: 545-554.
- RAFTERY, A.E. and LEWIS, S.M. 1992. How Many Iterations in the Gibbs Sampler? In: J.M. Bernardo, J.O. Berger, A.P. David and A.F.M. Smith (Editors), Bayesian Statistics 4, Clarendon Press, pp 763-773, Oxford.
- SANDERS, J.O. and CARTWRIGHT, T.C. 1979. A general cattle production systems model. part 2 – Procedures used for simulating animal performance. *Agricultural Systems*, 4: 289-309.
- SCHEFFE, H. 1956. Alternative models for the analyses of variance. *Ann. Math. Stat.*, 27: 251-271.
- SCHEFFE, H. 1961. The Analysis of Variance. John Wiley & Sons, New York.
- SEARLE, S.R. 1971 Topics in variance components estimation. *Biometrics*, 27: 1-76.
- SEARLE, S.R., CASELLA G., McCULLOCH C.E. 1992. Variance Components. John Wiley & Sons, 501 ss, New York.
- SEZGİN, F. 1999. Simülasyon Tekniği ve Tarımda Uygulanışı. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, No: 211, 33 ss, Erzurum.
- SMITH, D.W. and MURRAY, L.W. 1984. An alternative to Einsenharts model II and mixed model in the case of negative variance estimates. *J. Amer. Statist. Assoc.* 99: 145-151
- SORENSEN, D., WANG, C.S., JENSEN, J. and GIANOLA, D. 1994. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 26: 333-360.
- SOYSAL, M.İ. 1998. Kantitatif Genetik Prensipleri (Ders Notları). Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Matbaası, 124 ss, Tekirdağ.
- THOMPSON, W.A. 1962. The problem of negatif estimates of variance components. *Ann. Math. Stat.*, 26: 721-733.
- TIAO, G.C. and ALİ, M.M. 1971. Effect of non-normality on inferences about variance components. *Technometrics*, 23: 635-650.

- ÜNVER, Y., AKBAŞ, Y., FIRAT, M.Z. ve OĞUZ, I. 2002. Estimation of Heritability for Egg Production in Laying Hens Using MIVQUE, ML, REML and Gibbs Sampling Methods. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 19-23, 2002, (No:17-25), Montpellier, France.
- WANG, C.S., RUDLEDGE J.J. and GIANOLA, D. 1993. Marginal Inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, 25: 41-62.
- WANG, C.S., RUDLEDGE J.J. and GIANOLA, D. 1994. Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genet. Sel. Evol.*, 26: 91-115.



ÖZGEÇMİŞ

Aşkın Galiç 1978 yılında Eskişehir'in Beylikova ilçesinde doğdu. İlkokulu bu ilçede, orta ve lise öğrenimini ise Antalya'da tamamladı. 1996 yılında girdiği Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarım Ekonomisi Bölümü'nü bir yıl sonra bıraktı ve 1997 yılında girdiği Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü'nden 2000 yılında Ziraat Mühendisi olarak mezun oldu. Aynı yıl açılan yüksek lisans sınavını kazanarak, bölümün Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı'nda yüksek lisans eğitimine başladı. Halen aynı bölümde Fen Bilimleri Enstitüsü kadrosunda Araştırma Görevlisi olarak görev yapmaktadır.

