



T.C.
TOKAT GAZİOSMANPAŞA ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ ANABİLİMDALI
BİYOMETRİ VE GENETİK YÜKSEK LİSANS PROGRAMI

KANONİK UYUM ANALİZİNİN ZOOTEKNİ ALANINDA
KULLANILMASI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Koray KILIÇ

Danışman: Doç. Dr. Yalçın TAHTALI

TOKAT-2025

ETİK SÖZLEŞME

Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü tez yazım kılavuzuna göre, Doç. Dr. Yalçın TAHTALI danışmanlığında hazırlamış olduğum “Kanonik Uyum Analizinin Zootehni Verilerinde Kullanımı” adlı Yüksek Lisans tezinin bilimsel etik değerlere ve kurallara uygun, özgün bir çalışma olduğunu, aksinin tespit edilmesi halinde her türlü yasal yaptırımını kabul edeceğimi beyan ederim.

14/06/2025

KORAY KILIÇ

JÜRİ KABUL VE ONAY

Koray KILIÇ tarafından hazırlanan “**Kanonik Uyum Analizinin Zootečni Verilerinde Kullanımı**” adlı tez çalışmasının savunma sınavı (14/04/2025) tarihinde yapılmış olup aşağıda verilen Jüri tarafından Oy Birliği ile Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı’nda Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri (Unvanı, Adı Soyadı)

İmzası

Üye (Başkan) :

Üye :

Üye :

ONAY

...../...../.....

Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Müdürü

ÖZET

KANONİK UYUM ANALİZİNİN ZOOTEKNİ VERİLERİNDE KULLANIMI

Kılıç, Koray

Yüksek Lisans, Zootekni Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Yalçın Tahtalı

Şubat 2024, ix + 45 sayfa

Bu çalışma, genotip ile yumurta kalite özellikleri arasındaki ilişkiyi çok değişkenli istatistiksel teknikler olan Kanonik Uyum Analizi (KUA) ve Temel Bileşenler Analizi (PCA) kullanarak incelemektedir. İki farklı yumurta tavuğu genotipi, altı temel yumurta kalite parametresi açısından değerlendirilmiştir: yumurta ağırlığı, ak indeksi, Haugh birimi, sarı indeksi, sarı skoru ve pH. Çalışmanın amacı, genotipin yumurta kalitesi üzerindeki etkisini değerlendirmek ve bu etkileri çok boyutlu veri indirgeme ve ilişki modelleme yöntemleriyle görselleştirmektir.

KUA sonuçları, genotipin yumurta kalite özellikleri kombinasyonu üzerinde anlamlı bir etkiye sahip olduğunu göstermiştir ($F = 7.10$, $p = 0.0082$). Genotip grupları arasında KUA1 skorlarında belirgin bir ayrışma gözlenmiştir. PCA analizi, toplam varyansın %53.9'unu ilk iki bileşenle açıklamış; PC1'in iç kalite özellikleri (örneğin ak indeksi, Haugh birimi), PC2'nin ise dış özellikler ve sarı rengi ile ilgili parametrelerle ilişkili olduğu belirlenmiştir. PCA triplot grafiği, genotiplerin farklı kümelere ayrıldığını ve bu ayrımın özellikle sarı rengi ile iç kalite arasındaki zıt etkilerden kaynaklandığını ortaya koymuştur.

Ayrıca, korelasyon analizi bazı kalite değişkenleri (örneğin ak indeksi ile Haugh birimi) arasında güçlü pozitif ilişkiler olduğunu, sarı skorunun ise bu özelliklerle ters yönde ilişkili olduğunu göstermiştir. Regresyon temelli performans değerlendirmelerinde, bireysel kalite özelliklerinin genotiple açıklanmasında sınırlı bir başarı elde edilmiş ($R^2 < 0.06$), bu durum çok değişkenli modellemenin gerekliliğini ortaya koymuştur. Genotip karşılaştırmaları, Genotip 2'nin iç kalite parametrelerinde daha başarılı, Genotip 1'in ise sarı rengi açısından üstün olduğunu göstermiştir.

Bu bulgular, genotipin yumurta kalite özellikleri üzerinde anlamlı ancak karmaşık bir rol oynadığını göstermekte ve KUA ile PCA gibi çok değişkenli analizlerin, tavuk ıslahı ve seleksiyon programlarında fenotipik değerlendirme için etkili araçlar olduğunu ortaya koymaktadır.

Anahtar kelimeler: Kanonik Uyum Analizi, Yumurta Kalitesi, Genotip, Temel Bileşenler Analizi, Çok Değişkenli İstatistik



ABSTRACT

USE OF CANONICAL CORRESPONDENCE ANALYSIS IN ANIMAL SCIENCE DATA

Kılıç, Koray

Master's Degree, Department of Animal Science

Thesis Advisor: Assoc. Prof. Dr. Yalçın Tahtalı

February 2024, ix + 45 pages

This study investigates the relationship between genotype and egg quality traits using Canonical Correspondence Analysis (KUA) and Principal Component Analysis (PCA), which are powerful multivariate statistical techniques. Two different genotypes of laying hens were evaluated based on six key egg quality parameters: egg weight, albumen index, Haugh unit, yolk index, yolk color score, and pH. The aim of the study is to assess how genotype affects overall egg quality variation and to visualize these effects through multidimensional data reduction and association models.

The KUA results revealed that genotype significantly influences the combination of egg quality traits ($F = 7.10$, $p = 0.0082$), with clear separation observed in KUA1 scores between groups. PCA explained 53.9% of total variance across the first two components, with PC1 associated primarily with internal quality traits (e.g., albumen index, Haugh unit), and PC2 reflecting external and color-related parameters (e.g., yolk score). The PCA triplot showed that the genotypes formed distinct clusters, driven by opposing influences of yolk color and internal freshness indicators.

Additionally, correlation analysis demonstrated strong positive associations among traits such as albumen index and Haugh unit, while yolk score appeared to be inversely related. Regression-based performance metrics indicated that multivariate models explained only limited variance individually ($R^2 < 0.06$), highlighting the need for holistic multivariate interpretation. Genotypic comparisons confirmed that Genotype 2 excelled in internal quality traits, whereas Genotype 1 had higher yolk coloration.

These findings demonstrate that genotype plays a significant but complex role in shaping egg quality traits, and support the use of KUA and PCA for detailed phenotypic evaluation in poultry breeding and selection programs.

Keywords: Canonical Correspondence Analysis, Egg Quality, Genotype, Principal Component Analysis, Multivariate Statistics



ÖNSÖZ

Çalışmamın tüm aşamalarında bilgi ve deneyimlerini benden esirgemeyen danışman hocam Sayın Doç. Dr. Yalçın TAHTALI'ya, araştırmalarımın başından beri desteğini benden esirgemeyen çalışmamı değerlendiren jüri üyelerim Doç. Dr. Samet Hasan ABACI'ya ve Dr. Öğr. Üyesi Lütfi BAYYURT'a, hayatım boyunca her koşulda desteklerini gördüğüm değerli eşim Songül KILIÇ'a ve çocuklarım Muhammed Emin, Abdullah Ömer, İbrahim Enes ve Salih Kerem'e teşekkürlerimi sunarım.

Koray KILIÇ

14/06/2025

İÇİNDEKİLER

ÖZET	iv
ÖNSÖZ	viii
İÇİNDEKİLER	ix
KISALTMALAR.....	1
ŞEKİLLER LİSTESİ	2
TABLolar LİSTESİ.....	3
1.GİRİŞ	4
2. KAYNAK ÖZETLERİ	7
3. GENEL BİLGİLER	11
3.1. Lohman Brown ve Lohmann White tavuğunun Yumurta Tanımı Besin Değerleri	11
3.1.1. Lohman Brown tavuğu	11
3.1.2. Lohmann White tavuğu	11
3.1.4. Yumurta kalitesi	12
3.1.5. Yumurta kalitesini etkileyen faktörler	12
3.1.6. Yumurta kalitesi ölçüm parametreleri	13
4. MATERYAL VE YÖNTEM.....	15
4.1 Materyal	15
4.2 Yöntem.....	15
4.2.1. Kanonik uyum analizi (KUA):	15
4.2.2. Uyum analizi (Correspondence Analysis – UA)	18
4.2.3 Temel bileşenler analizi (TBA)	20
5. BULGULAR VE TARTIŞMA	24
5.1. Kanonik Uyum Analizi	27
5.2 Uyum Analizi (UA).....	29
Açıklanan Varyans	30
5.3. Temel Bileşenler Analizi.....	32
5.3.1 Model değerlendirme performansı	36
5.3.2 Genotip bakımından yumurta kalitesi karşılaştırılması	37
6.SONUÇ VE ÖNERİLER	40
7.KAYNAKLAR	42

KISALTMALAR

KUA: Kanonik Uyum Analizi
CCA: Canonil Correspondence Analysis
CCPA: Kanonik Karşılaştırma Analizi
P: Temel Bileşenler Analizi
CA / UA: Uyum Analizi
HU: Haugh Birimi
RYRSS: Roche Yumurta Sarısı Renk Skalası
ML: En Yüksek Olasılık
 R^2 : Belirleme Katsayısı
MAPE: Ortalama Mutlak Yüzde Hata
WA: Ağırlıklı Ortalama
SVD: Tekil Değer Ayrışımı
PC1, PC2: Temel Bileşenler 1 ve 2
TBA: Temel Bileşenler Analizi
X, Y: Açıklayıcı (X) ve Bağımlı (Y) Değişken Matrisi
 ρ (rho): Kanonik Korelasyon Katsayısı
 λ (lambda): Açıklanan Varyans
 μ : Ortalama
 σ : Standart Sapma
Z: Standartlaştırılmış Skor Matrisi
W: Bileşen Yükleme Matrisi
T: Bileşen Skor Matrisi
SI: Şekil İndeksi
g: Gram
mm: Milimetre
pH: Asitlik / Bazlık Derecesi
D: Eğilimden Arındırılmış Uyum Analizi
NKUA: Doğrusal Olmayan Kanonik Uyum Analizi
LSA: Latent Semantik Analizi
P Triplot: Temel Bileşenler Analizi Üçlü Grafik Gösterimi

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekiller No	Sayfa
Şekil 5.1.Değişkenlere ait korelasyon ısı haritası	25
Şekil 5.2.Yumurta kalite parametrelerinin genotiplerle ilişkisi	28
Şekil 5.3.Uyum analizi grafiği	31
Şekil 5.4.PCA Triplot grafiği	33



TABLÖLAR LİSTESİ

Tablo No

Sayfa

Tablo 5. 1 Verilere ait tanımlayıcı istatistikler	24
Tablo 5. 2. Değişken arasındaki ilişkiler	26
Tablo 5. 3 t-testi sonuçları	27
Tablo 5. 4 Eksenlerin anlamı ve açıklanan varyansı	30
Tablo 5. 5 Sarı skoru kategorik değişkenine ait değerlerler	30
Tablo 5. 6 Bileşenlere ait yükler tablosu	35
Tablo 5. 7 Bileşenlere göre açıklanan varyans oranları	36
Tablo 5. 8 Model performans değerlendirilmesi	37
Tablo 5. 9 Genotip bazlı yumurta kalitesi karşılaştırılması	38

1.GİRİŞ

Zootekni bilimi, hayvan genetiği, besleme, yetiştirme ve verimlilik üzerine çok yönlü veri toplama ve analiz süreçlerini içerir. Günümüzde bu veriler, çoğunlukla çok değişkenli yapılar sergilemekte ve klasik tek değişkenli analiz yöntemleri, biyolojik olayları ve genetik-çevresel etkileşimleri açıklamada yetersiz kalmaktadır. Bu nedenle, zootekni araştırmalarında çok değişkenli istatistiksel analiz tekniklerine olan ihtiyaç artmış ve bu yöntemler bilimsel çalışmalarda yaygın şekilde kullanılmaktadır.

Özellikle genotiplerin fenotipik özellikler üzerindeki etkisinin doğru analiz edilebilmesi, damızlık seçiminden sürü yönetimine kadar birçok uygulamada belirleyici rol oynamaktadır. Yumurtacı tavuklarda genotipe bağlı olarak farklılık gösteren kalite parametreleri, hayvanın üretim potansiyelinin değerlendirilmesinde kritik göstergelerden biridir. Bu bağlamda, yumurta ağırlığı, Haugh birimi, ak ve sarı indeksi gibi özelliklerin istatistiksel olarak doğru analiz edilmesi, genetik seleksiyon kararlarına bilimsel zemin sağlamaktadır.

Çok sayıda kalite parametresinin aynı anda değerlendirildiği durumlarda, klasik tek değişkenli analiz yöntemleri genotip etkisini tam olarak ortaya koymakta yetersiz kalabilir. Bu nedenle, çok değişkenli analiz yaklaşımlarına ihtiyaç duyulmaktadır. Bu tez çalışmasında, genotipin yumurta kalite parametreleri üzerindeki etkilerini çok değişkenli düzlemde değerlendirmek amacıyla Kanonik Uyum Analizi (Canonical Correspondence Analysis-KUA) temel yöntem olarak benimsenmiştir. KUA, açıklayıcı değişkenler (örneğin genotip) ile çok sayıda yanıt değişkeni (örneğin yumurta kalite ölçütleri) arasındaki ilişkiyi aynı kanonik düzlemde ele alarak, nedensel yapıların yorumlanmasına olanak tanır.

Bununla birlikte, veri setinde yer alan değişkenler arası ilişkilerin ön analizinin yapılması ve örnek-grup yapılarının görselleştirilerek belirlenmesi amacıyla Temel Bileşenler Analizi (PCA) ve Uyum Analizi (Correspondence Analysis- CA) yöntemleri destekleyici analiz araçları olarak kullanılacaktır. PCA, yanıt değişkenleri arasındaki varyansın hangi bileşenlerde yoğunlaştığını ortaya koyarken, CA ise genotip gruplarının kalite ölçütlerine göre benzerlik düzeylerini frekans temelli bir yaklaşım ile

görselleştirmektedir. Bu iki yöntem, KUA'nın kurulacağı modelin yapısını anlamaya, veri yapısının belirlenmesine ve sonuçların daha güvenilir yorumlanmasına katkı sağlayacaktır. Ter Braak (1986), bu analizin değişken grupları arasındaki bağlantıları, açıklayıcı değişkenlerin doğrusal birleşimlerini kullanarak ortaya koyduğunu vurgulamıştır.

Ter Braak (1988a)'ya göre Kanonik Uyum Analizi (KUA), regresyon yöntemleri kullanılarak koordinat eksenlerini doğrudan hesaplayabilir ve bağımlı değişkenlerin varyansını açıklamak için çevresel faktörlerin doğrusal kombinasyonlarına dayalı bir ilişki kurar. Bu analiz yöntemi, özellikle hayvancılık alanında, genetik geliştirme çalışmalarını desteklemenin yanı sıra, hayvanların verimliliğini artırmak için en uygun çevresel koşulları belirlemede etkili bir araçtır.

KUA, farklı bölgeler (örneğin, tarım alanları veya yetiştirme tesisleri) ile yanıt değişkenleri arasındaki etkileşimleri hızlı ve etkili bir şekilde analiz etme fırsatı sunar. Bunun yanında, hayvan popülasyonlarının veya hastalıkların çevresel koşullara bağlı olarak nasıl değişiklik gösterdiğini tespit etmek için kullanılan bir yöntemdir. Bu teknikte, tek bir doruk noktasına sahip (unimodal) yanıt yüzeylerinin var olduğu varsayımı yapılır ve bu yaklaşım, özellikle hayvansal üretimde ideal çevresel faktörlerin belirlenmesinde uygulanmaktadır.

Bu çalışmanın materyalini oluşturan yumurta, insan beslenmesinde temel hayvansal protein kaynaklarından biri olup, hem biyolojik değeri yüksek hem de ekonomik ve fonksiyonel özelliklere sahip bir gıdadır. Tüketici beklentileri ve ticari amaçlar doğrultusunda, yumurta kalitesi her geçen gün daha fazla önem kazanmaktadır. Yumurta kalitesi, kabuk dayanıklılığı, ağırlık, iç kalite (ak ve sarı yüksekliği, Haugh birimi, pH vb.) gibi birçok fiziksel ve kimyasal parametre üzerinden değerlendirilmektedir. Bu kalite özellikleri, sadece üretim verimliliğini değil aynı zamanda depolama dayanıklılığını ve tüketici memnuniyetini de doğrudan etkilemektedir.

Yumurta kalitesini etkileyen temel faktörler genetik yapı ve çevresel koşullar olarak iki ana gruba ayrılabilir. Genetik faktörler arasında hayvanın ırkı, hat veya genotipi sayılabilirken; çevresel faktörler arasında beslenme, yaş, barınma, ışıklandırma ve stres

gibi unsurlar yer almaktadır. Son yıllarda yapılan alıřmalar, bu iki faktörün etkileřiminin yumurta kalite özellikleri üzerinde çok boyutlu ve karmařık etkiler oluřturduėunu göstermektedir.

Bu tez alıřmasının amacı, farklı tavuk genotiplerinin yumurta kalite özellikleri üzerindeki etkilerini KUA ve PCA teknikleriyle inceleyerek, genetik yapı ile kalite parametreleri arasındaki çok deėiřkenli yapıyı bilimsel olarak ortaya koymaktır.



2. KAYNAK ÖZETLERİ

Srivastava (2007), tekrarlanan ya da boylamsal olarak gözlemlenen veri kümeleri arasındaki ilişkileri incelemek için KUA, CA ve CCPA yöntemlerini karşılaştırmalı olarak ele almıştır. Her iki değişken setinin sayısal olması durumunda blok Kronecker çarpımı matrisi kullanılarak zaman bağımlılığı modellenmiş ve ardından KUA uygulanmıştır. Kategorik veriler için her zaman noktasında CA uygulanarak özet istatistikler elde edilmiş, bu istatistiklere korelasyon yapıları içeren doğrusal modeller uyarlanmıştır. Bir değişken seti kategorik, diğer set sayısal olduğunda ise KUA ve CA yaklaşımları birleştirilerek CCPA yöntemi önerilmiştir. Ayrıca yüksek boyutlu verilerin analizinde LSA (Latent Semantic Analysis) yöntemi ile CA performansı karşılaştırılmış; belirli koşullarda CA'nın daha güçlü sonuçlar verdiği görülmüştür

Ter Braak (1987), Canonical Correspondence Analysis (KUA)'yı, türlerin çevresel gradyanlar üzerindeki dağılımlarını analiz etmek üzere geliştirilmiş, ağırlıklı ortalamaya dayanan çok değişkenli bir sıralama yöntemi olarak tanımlamıştır. KUA'nın temel amacı, çevresel değişkenlerin doğrusal kombinasyonları boyunca türlerin ayrışmasını maksimize edecek ordination eksenlerini belirlemektir. Yöntem, hem tür dağılım modellerini hem de çevresel değişkenlerle ilişkili topluluk yapılarını tek bir ordination diyagramında görselleştirme imkânı sunar. Ter Braak, ayrıca KUA'nın klasik uyum analizinden farklı olarak çevresel değişkenlere dayalı “doğrudan gradyan analizi” gerçekleştirdiğini vurgulamaktadır.

Huyut (2019), doğrudan gradyan analizleri olarak bilinen kısıtlı ordination yöntemlerinden Kanonik Uyum Analizi (KUA) ve Gereksizlik Analizi (RDA) yöntemlerini, kardiyolojiye ait bir veri seti üzerinde karşılaştırmalı olarak incelemiştir. Çalışmada, bu yöntemlerin sağlık alanında nadiren uygulandığına dikkat çekilmiş ve farklı ölçeklerdeki değişkenlerin birlikte analiz edilmesine olanak tanıyan yapılarına vurgu yapılmıştır. Performans ölçütü olarak belirleme katsayısı (R^2) ve Ortalama Mutlak Yüzde Hata (MAPE) kullanılmış; her iki yöntemin de %10'un altında MAPE değeri ile başarılı sınıflama sağladığı belirlenmiştir. Sonuç olarak, KUA ve RDA yöntemlerinin sadece ekoloji değil, sağlık verilerinde de etkin şekilde kullanılabileceği ifade edilmiştir

Zhou ve arkadaşları (2023), klasik Kanonik Uyum Analizi (KUA) yönteminin çevresel gradyanlara tür tepkilerini yalnızca doğrusal ilişkilerle açıklamakta yetersiz kaldığını vurgulayarak, Doğrusal Olmayan Kanonik Uyum Analizi (NKUA) yöntemini önermiştir. Yeni yöntem, çevresel faktörlerle tür dağılımı arasındaki doğrusal olmayan ilişkileri ortaya koymak için korelasyon, LASSO regresyonu ve ikinci dereceden regresyon tekniklerini bir arada kullanır. Gerçek veri setleri üzerinde yapılan uygulamalar, NKUA'nın klasik ve polinom KUA'ya kıyasla daha yüksek açıklayıcılığa sahip olduğunu göstermiştir.

Greenacre (2009), KUA yönteminin ekoloji dışındaki alanlarda da kullanılabilirliğini göstermiştir. Sosyal bilimlerde, özellikle anket verilerinde eksik yanıtların etkisini ortadan kaldırmak ve anlamlı yanıt kategorilerini vurgulamak amacıyla KUA'nın uygulanabilir olduğunu ortaya koymuştur. Makalede, klasik uyum analizinin doğrudan genelleştirilmiş hali olan kısıtlı çözüm alanı ile çalışan KUA modelinin, çok boyutlu anket verilerinin analizinde açıklayıcı değişkenlerle daha güçlü ilişkiler kurduğu vurgulanmıştır. Ayrıca, eksik veri etkilerini “partial KUA” yöntemiyle ayrıştırarak analizlerin daha doğru sonuçlar verdiği ifade edilmiştir.

Ohmann (1995), Oregon'daki odunsu bitki topluluklarının bölgesel dağılım örüntülerini Kanonik Uyum Analizi (KUA) yöntemiyle incelemiştir. Çalışma, iklim, jeoloji, bozulma ve topografyanın bitki türleri üzerindeki etkilerini analiz ederek, KUA ile açıklanan varyans oranlarının %9 ile %14 arasında değiştiğini göstermiştir. İklim faktörü en yüksek katkıyı sunarken, topografyanın etkisinin özellikle doğu Oregon'da belirgin olduğu ortaya konmuştur. Sonuçlar, bölgesel düzeyde tür dağılımlarının çevresel değişkenlerle güçlü ilişkiler içinde olduğunu ve KUA'nın bu bağlamda etkili bir araç olduğunu göstermiştir.

Ono ve arkadaşları (2014), immünolojik genomik verilerde KUA yöntemini kullanarak mutant T hücrelerinin farklılaşma programlarını analiz etmişlerdir. Çalışmada, iki farklı transkriptom veri seti çapraz analiz edilerek genler, hücreler ve farklılaşma programları arasındaki çok boyutlu ilişkiler görselleştirilmiştir. KUA yöntemi, T hücrelerinin alt tiplerini ayırt etmede başarılı bulunmuş ve bu yöntemle “differentiation variable” adlı yeni bir kavram geliştirilmiştir. Bu yaklaşım, genetik sınıflandırmada

yüksek doğruluk sağlamış ve klasik görselleştirme tekniklerine göre daha açıklayıcı bulunmuştur.

Ter Braak ve Verdonschot (1995), KUA'nın tatlı su ekosistemlerinde türlerin çevresel gradyanlara olan tepkilerini analiz etmekte üstün bir yöntem olduğunu vurgulamışlardır. KUA, klasik doğrusal yöntemlerin yetersiz kaldığı durumlarda unimodal tür-tepki modelleri üzerinden çevresel değişkenlerin etkisini ortaya koymakta kullanılmıştır. Makrovertebrat verileri üzerinde yapılan örnek uygulamalarda, çevresel değişkenlerin sıralanması ve etkilerinin test edilmesi gibi ileri düzey analizler gerçekleştirilmiştir. Ayrıca KUA, sezonsal ve mekânsal varyasyonların çevresel açıklayıcılığına dair önemli bulgular sunmuştur.

Ter Braak (1987), Kanonik Uyum Analizi'ni (KUA), türlerin çevresel değişkenlerle olan ilişkilerini doğrudan inceleyebilen çok değişkenli bir sıralama yöntemi olarak tanıtmıştır. KUA, türlerin çevresel eksenler boyunca dağılımını maksimize edecek şekilde lineer kombinasyonlar oluşturur ve bu sayede tür-niş ayrımı en üst düzeye çıkar. Bu yöntem, özellikle klasik regresyon analizlerinin yetersiz kaldığı durumlarda ekolojik verilerin etkili analizine olanak sağlar. Çalışmada ayrıca KUA'nın CA (Uyum Analizi) ile olan ilişkisi açıklanmış, KUA'nın sınırlı çözüm alanı içinde çalışarak daha güçlü çevresel yorumlara olanak tanıdığı gösterilmiştir.

Ökland ve Eilertsen (1994), Norveç'teki boreal ormanlarda bitki örtüsü ile çevresel değişkenler arasındaki ilişkileri analiz etmek amacıyla varyans bölme (variation partitioning) içeren KUA uygulamıştır. Çalışmada, topografya ve toprak özellikleri gibi çevresel faktörlerin, bitki topluluklarının farklılaşmasında önemli olduğu, ancak bu etkinin mekânsal ölçeğe göre değiştiği tespit edilmiştir. KUA ile yapılan varyans ayrıştırması, çevresel ve mekânsal etkilerin göreceli öneminin ölçülmesini sağlamıştır. Ayrıca kriptogamlar ve vasküler bitkilerin açıklanabilir varyans oranlarında önemli farklılıklar olduğu gösterilmiştir.

Wagner (2004), KUA yönteminin klasik uygulamalarının ötesine geçerek çok ölçekli (multi-scale) yapıları analiz edebilen yeni bir çerçeve geliştirmiştir. Bu çalışmada, tür dağılımlarında hem çevresel bağımlılığın hem de mekânsal otokorelasyonun rol oynadığı ve bu yapıların birbirinden ayrıştırılması gerektiği vurgulanmıştır. KUA'nın

varyans analiziyle birleřtirilerek mekânsal bağımlılıkların farklı ölçeklerde nasıl deęiřtięi gösterilmiř ve spatially-explicit yorumlamalar yapılmıřtır. Bu yaklařım, organizma-tepki ölçeęinin belirlenmesinde ve örnekleme tasarımında yeni olanaklar sunmuřtur.



,

3. GENEL BİLGİLER

3.1. Lohman Brown ve Lohmann White tavuğunun Yumurta Tanımı Besin Değerleri

3.1.1. Lohman Brown tavuğu

Almanya kökenli **Lohmann Tierzucht** firması tarafından geliştirilen, yüksek verimli bir kahverengi yumurtacı tavuk hibritidir. Rhode Island Red ve White Rock gibi ırkların melezlenmesiyle elde edilmiştir. Sakin mizaçlı oluşu ve erken yumurtlamaya başlaması sayesinde hem ticari hem amatör yetiştiricilikte tercih edilir. Ortalama 72 haftalık yumurtlama periyodunda 300-320 adet kahverengi kabuklu yumurta verir ve yumurta ağırlığı genellikle 63-65 gram civarındadır (Lohmann Breeders, 2023).

3.1.2. Lohmann White tavuğu

Ticari yumurta üretiminde yaygın olarak kullanılan, yüksek verimli bir beyaz yumurtacı tavuk hibritidir. Almanya kökenli olan bu genetik hat, yumurta verimi, yumurta kalitesi ve yemden yararlanma açısından optimize edilmiştir. Özellikle beyaz yumurta üretimi yapan çiftliklerde tercih edilmektedir. Yüksek adaptasyon kabiliyeti ve uzun süreli yumurtlama kapasitesi sayesinde dünya genelinde endüstriyel üretimde yaygın şekilde kullanılmaktadır.

Svobodová, Tůmová ve Englmaierová (2014) tarafından yapılan bir çalışmada, Lohmann White tavuklarının kafes sisteminde yetiştirildiğinde, Çek tavuklarına kıyasla daha yüksek yumurta ağırlığı (61.18 g), yumurta kabuk ağırlığı (6.01 g) ve albumen kalitesi (örneğin Haugh birimi: 88.88) elde ettikleri bulunmuştur. Aynı çalışmada, Lohmann White ırkının, albümen ağırlığı, albümen oranı ve albümen indeksi gibi parametrelerde de daha üstün olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar, Lohmann White'ın özellikle kafes sistemine daha iyi adapte olduğunu ve yumurta kalite parametrelerinde genetik üstünlük taşıdığını göstermektedir.

3.1.3. Yumurtanın ekonomik ve fonksiyonel önemi

İnsanlar, günlük besin ögesi ihtiyaçlarını hem bitkisel hem de hayvansal kaynaklı gıdalardan karşılamaktadır. Sağlıklı ve dengeli bir beslenme düzeni için, günlük protein alımının eşit oranlarda bitkisel ve hayvansal ürünlerden sağlanması gerektiği ifade edilmektedir (Sarı et al. 2022).

Hayvansal gıdalar yalnızca yüksek kalitede protein içermekle kalmaz, aynı zamanda çeşitli vitaminler ve mineraller bakımından da oldukça zengindir (Ndlovu, 2010).

Kanatlı hayvan yetiştiriciliği, diğer hayvansal üretim faaliyetlerine kıyasla bazı önemli avantajlara sahiptir. Üretim süresinin kısa olması, alternatif protein kaynaklarına göre daha ekonomik olmaları, bakım ve beslemenin pratikliği ile daha az iş gücü gerektirmesi bu avantajlar arasında yer almaktadır.

Yumurtalar, hem miktar hem de kalite bakımından zengin bir protein kaynağıdır (Puglisi & Fernandez, 2022). Ayrıca; A, D, E, K, B1, B2 ve B3 vitaminleri ile demir (Fe) ve fosfor (P) gibi mineraller açısından da değerli bir besindir (Açıkgöz & Önenç, 2006).

3.1.4. Yumurta kalitesi

Yumurta kalitesi iki temel kategoriye ayrılır, bunlar;

Dış kalite: Kabuk rengi, kabuk kalınlığı, şekil ve sağlamlık gibi özellikleri kapsar.

İç kalite: Ak ve sarı yüksekliği, Haugh birimi, sarı rengi (pigmentasyon), pH ve viskozite gibi kriterleri içerir.

3.1.5. Yumurta kalitesini etkileyen faktörler

Yumurta kalitesini etkileyen faktörler aşağıda yer almaktadır bunlar;

Genetik: Irk, hat, genotip gibi hayvanın kalıtsal özellikleri.

Çevresel: Beslenme, barınma, sıcaklık, ışıklandırma, stres seviyesi.

Yaş: Hayvanın yaşı ilerledikçe yumurta kalitesinde azalma olabilir.

Depolama: Saklama süresi ve ortamı da kaliteyi doğrudan etkiler.

3.1.6. Yumurta kalitesi ölçüm parametreleri

3.1.6.1.Haugh Birimi (HU)

Haugh birimi: kalın albümenin milimetre cinsinden yüksekliğini (h) ve yumurtanın gram cinsinden ağırlığını (w) dikkate alan bir albümen kalitesi değerlendirmesidir (Haugh, 1937)

İç kaliteyi belirlemede en yaygın kullanılan parametre.

Haugh birimi değerleri yumurta ağırlığı (g) ve yumurta ak yüksekliğini (mm) dikkate alan Raymond Haugh tarafından geliştirilen formül yardımıyla hesaplanmıştır (Adeoye, Oyeleye, Olorunsola, Udoh ve Oladepo, 2023).

3.1.6.2.Ak ve Sarı Yüksekliği

Tazelik ve iç kalite göstergesi olup, ak indeksinin hesaplanabilmesi için laboratuvarında kırılan yumurtaların ak genişliği ve uzunluğu ile ak yüksekliği değerleri belirlenmiştir. Ak genişliği (mm) ve uzunluğu (mm) dijital kumpas (Insize 1108-150) kullanılarak; ak yüksekliği (mm) ise üç ayaklı mikrometre (Mitutoyo, 0.01–20 mm) kullanılarak ölçülmüştür. Kekeç, F. (2024).

Yumurta sarı indeksinin hesaplanabilmesi için yumurta sarı çapı ve yumurta sarı yüksekliği değerleri kullanılmıştır. Bu amaçla laboratuvarında düz bir tezgah üzerine kırılan yumurtalar kırılarak 10 dakika bekletilmiş ve ardından ölçüm yapılmıştır. Sarı çapı (mm) kumpas ile ölçülmüş (Insize 1108-150), sarı yüksekliği ise üç ayaklı mikrometre (Mitutoyo, 0.01–20 mm) ile ölçülmüştür Kekeç, F. (2024).

3.1.6.3.Kabuğun Kalınlığı ve Dayanıklılığı

Dış kalitenin temel göstergesidir olup, ak kalıntısı ve zardan ayrılmış yumurta kabuklarının sivri, orta ve küt kısımlarından olmak üzere 3 örnek mikrometre (Mitutoyo, 0.01-5 mm) ile ölçülmüştür (gekil 3.13). Bu değerlerin ortalaması alınarak ortalama kabuk kalınlıkları belirlenmiştir (Muhammad, Mohamed, Chwen, Akit ve Samsudin, 2021). Kekeç, F. (2024).

3.1.6.4.Yumurta Ağırlığı ve Şekil İndeksi

Yumurta ağırlığı, bir yumurtanın gram cinsinden toplam kütlesini ifade eder ve yumurtacılık sektöründe en yaygın kullanılan kalite kriterlerinden biridir. Ağırlık, hem tüketici tercihlerinde hem de ticari sınıflandırmalarda doğrudan belirleyici rol oynamaktadır.

Yumurta şekli, yumurtanın uzunluğu ve genişliği arasındaki oran ile ifade edilir ve genellikle şekil indeksi (SI) ile değerlendirilir. Aşağıdaki formülle hesaplanır:

$$\text{Şekil İndeksi (SI)} = \left(\frac{\text{Genişlik}}{\text{Uzunluk}} \right)$$

- SI < 72: Uzun yumurta
- SI = 72–76: Normal yumurta
- SI > 76: Yuvarlak yumurta

Şekil indeksi, yumurta taşıma dayanıklılığı, paketleme uyumu, kuluçka verimliliği ve kabuk mukavemeti gibi birçok endüstriyel parametreyle ilişkilidir.

4. MATERYAL VE YÖNTEM

4.1 Materyal

Bu çalışmada kullanılan veriler, Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümünde yapılan bir çalışmadan elde edilmiştir. Çalışmanın materyalini, üniversitenin Hayvancılık Uygulama Birimi'nde yetiştirilen iki farklı tavuk genotipine ait toplam 235 adet yumurta oluşturmıştır. Denemede kullanılan genotipler; ticari olarak yaygın şekilde kullanılan Lohmann Brown ve Lohmann White genotipleridir. Her iki genotipteki bireyler aynı çevre koşullarında, dengeli rasyonlarla beslenmiş ve benzer yetiştirme uygulamalarına tabi tutulmuştur.

Araştırmada incelenen yumurtalara ait kalite parametreleri aşağıdaki gibidir:

Ağırlık (g): Dijital hassas terazide gram cinsinden ölçülmüştür.

Ak İndeksi (%): Albümin yüksekliği ve çapı esas alınarak hesaplanmıştır.

Haugh birimi: Ak yüksekliği ve yumurta ağırlığına bağlı olarak standart formüle göre hesaplanmıştır.

Sarı İndeksi (%): Sarı yüksekliği ve çapına dayalı olarak hesaplanmıştır.

Sarı Skoru: Roche Yumurta Sarısı Renk Skalası (RYRSS) ile görsel olarak değerlendirilmiştir.

pH: Yumurta içeriğinden elde edilen ak ve sarı karışımında, pH metre ile ölçülmüştür.

4.2 Yöntem

Bu araştırmada, iki farklı genotipe ait yumurta kalite özellikleri arasındaki çoklu ilişkilerin analizinde çok değişkenli istatistiksel tekniklerden yararlanılmıştır. Kullanılan analiz yöntemleri; Kanonik Uyum Analizi (Canonical Correspondence Analysis - KUA), Temel Bileşenler Analizi (Principal Component Analysis - PCA) ve Uyum analizi olup Tüm analizler Python programlama dili (v3.10) ve ilgili kütüphaneler (pandas, numpy, sklearn, statsmodels, matplotlib) kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

4.2.1. Kanonik uyum analizi (KUA):

Kanonik Uyum Analizi (Canonical Correspondence Analysis - KUA), çok değişkenli istatistiksel yöntemler arasında yer alan, özellikle çevresel (açıklayıcı) değişkenlerle biyolojik veya ölçümsel (yanıt) değişkenler arasındaki ilişkileri açıklamak

amacıyla kullanılan bir yöntemdir. Kanonik Uyum Analizi; temelinde detrended correspondence analysis (Eğilimden arındırılmış uygunluk analizi-DCA) ile kanonik korelasyon analizinin birleşimi niteliğindedir.

Kanonik Uyum Analizi, hem doğrusal hem de gradyan tabanlı veri yapılarını analiz edebilme kabiliyetine sahiptir ve özellikle ekolojik, biyometri ve zootekni ile ilgili uygulamalarda, çevresel değişkenlerin hayvansal performans üzerindeki etkilerini ortaya koymak amacıyla tercih edilmektedir.

Genellikle, KUA uygulamasında iki matrisin belirtilmesi gerekir. Bunlardan birisi gözlemleri (incelenen her bir lokasyonda cevap değişkenlerinin varlığı) içeren matris, diğeri ise gradientleri (incelenen her bir lokasyonda bulunan mineraller gibi çevresel veya açıklayıcı değişkenleri) içeren matristir (Anonymous 1, 2018).

Kanonik Uyum analizi Yöntemi (KUA), çok boyutlu veri değerlendirmesinde kullanılan ve temelini özvektörlerin hesaplanmasından alan bir yöntemdir (Ter Braak, 1986). Bu teknik, çeşitli değişkenler arasındaki bağlantıları analiz ederek topluluk içerisindeki çeşitliliği ve dağılım yapısını anlamayı hedefler. Özellikle, yanıt değişkenlerinin çevresel faktörlerle olan ilişkilerini ortaya koymaktadır (Ter Braak, 1987).

KUA analiz sürecinde ağırlıklı ortalama tabanlı algoritmalar kullanılmaktadır. Bununla birlikte, yöntemin matematiksel temelleri özdeğer analizi üzerine inşa edildiği için farklı algoritmaların kullanımı da mümkündür (Ter Braak, 1986; 1987). Gaussian regresyon modeli ile ilişkilendirilen KUA, varsayımlar tam sağlanmasa bile yüksek güvenilirlikte sonuçlar üretebilen bir analiz tekniğidir (Ter Braak ve Prentice, 1988). Bölge ya da lokasyon değerlerinin belirlenmesi sürecinde, yanıt değişkenleri bağımlı parametreler olarak değerlendirilirken, çevresel faktörler bağımsız ya da açıklayıcı değişkenler olarak ele alınır. Bu işlem sonucunda elde edilen değerler, regresyon modeli ile hesaplanan tahminleri ifade eder. Regresyon modeli, değişkenler arasındaki bağlantıyı doğrusal bir çerçevede oluşturur. Bu nedenle, yalnızca ağırlıklı ortalama (WA) yönteminden türetilen veriler değil, doğrusal birleşimlerden elde edilen skorlar da analiz sürecine dahil edilebilir (Palmer, 1993)

Kanonik uyum analizi modeli için temel olarak aşağıdaki adımları izlenir:

1. Sayısal veri matrisinin (**Y**) standartlaştırılması,
2. Açıklayıcı (kategorik) değişken matrisinin (**X**) işlenmesi ve gösterim uzayının oluşturulması,
3. **Y**'nin **X** tarafından açıklanabilecek varyans bileşenlerinin hesaplanması,
4. Elde edilen kanonik eksenler boyunca örneklerin ve değişkenlerin projeksiyonlarının belirlenmesi.

Bu çalışmada; Genotip değişkeni (**X**) ile yumurta kalite değişkenleri (**Y**) arasındaki ilişkiyi ortaya koymak için kullanılmıştır. Kanonik bileşenler, aşağıdaki yapılarla oluşturulmuştur. KUA analizinde regresyon temelli modelleme yapılmış olup,

$$\lambda u_k = \sum_{i=1}^n \frac{y_{ik}x_i}{y_{+k}} \quad (4.1)$$

formülü kullanılarak açıklanan varyans tahmin edilmiştir.

KUA, aşağıdaki formüle dayalı olarak çalışır gösterimi aşağıdaki gibidir;

Burada:

$$\max_{a,b} \rho = \text{corr}(Ya, Xb) \quad (4.2)$$

- **Y**: Bağımlı değişkenler matrisi (örneğin yumurta kalite ölçütleri)
- **X**: Açıklayıcı değişken matrisi (genotip bilgisi, dummy kodlanmış)
- **a, b**: Sırasıyla **Y** ve **X** için kanonik ağırlık vektörleri

ρ: Kanonik korelasyon katsayısı (maksimize edilmek istenen hedef)

Bu formül, **Y** ve **X**'in lineer kombinasyonları arasındaki korelasyonu maksimize eden vektörlerin bulunmasını sağlar.

Verilerin Standartlaştırılması:

$$Z = \frac{Y - \mu}{\sigma} \quad (4.3)$$

Burada:

- **Y:** Her bir gözlem
- **μ :** Değişkenin ortalaması
- **σ :** Değişkenin standart sapması
- **Z:** Verilerin standartlaştırılması

Triplot gösterimi:

KUA sonucunda elde edilen KUA1 ve KUA2 bileşenlerine göre:

- Örneklerin (bireylerin) pozisyonu
- Kalite değişkenlerinin vektör yönü
- Açıklayıcı grupların (genotiplerin) merkezleri bir grafik düzleminde çizilir.

KUA1: Genotipler arası ayrımı en iyi açıklayan eksen. Genellikle Ak İndeksi ve Haugh Birimi gibi iç kalite değişkenleri bu ekseninde yüksek yük taşır.

KUA2: İkincil ayrımı temsil eder. PH, Sarı İndeksi gibi değişkenler bu ekseninde rol oynayabilir.

Bu metodoloji çerçevesinde elde edilen grafikler ve katsayılar, biyolojik anlamlılıkla birlikte yorumlanarak genotip seçimi, üretim optimizasyonu gibi stratejik kararlar için kullanılabilir hale gelir.

4.2.2. Uyum analizi (Correspondence Analysis – UA)

Kategorik değişkenler arasında ilişki kurmak amacıyla geliştirilen, çok boyutlu istatistiksel bir tekniktir. Bu yöntem, genellikle iki yönlü kontenjans tablolarından elde edilen veriler üzerinde uygulanarak, satır ve sütun değişkenlerinin birbirleriyle olan ilişkilerini ortaya çıkarmayı hedefler. Uyum Analizi sayesinde bu ilişkiler, daha az boyutlu bir uzayda görsel olarak ifade edilebilir, böylece veri setindeki yapısal örüntüler daha kolay yorumlanabilir (Greenacre, 1984).

Analiz sürecinde satır ve sütun profilleri oluşturularak, bu profiller arasındaki benzerlik ve uzaklıklar temel alınır. Elde edilen yeni boyutlar, verilerdeki toplam bilgi miktarını yani “inertia”yı açıklama düzeylerine göre sıralanır. Böylece karmaşık yapıya

sahip büyük veri setleri, bilgi kaybı yaşanmadan sadeleştirilmiş bir yapıya dönüştürülmüş olur (Nishisato, 1980; Devillers & Karcher, 1991).

Uyum Analizi'nin öne çıkan özelliklerinden biri, hem satır hem de sütun değişkenlerinin aynı grafiksel düzlemde gösterilebilmesidir. Bu özellik, özellikle değişkenler arası benzerliklerin ve ayrışmaların görsel olarak değerlendirilmesini kolaylaştırır. Yöntem; ekoloji, biyoloji, sosyal bilimler ve pazarlama gibi birçok disiplinde, nitel veri analizinde tercih edilen güçlü bir araçtır (Andersen, 1990).

Benzer şekilde, Temel Bileşenler Analizi (PCA) ile yapısal bir benzerlik taşısa da, Uyum Analizi yalnızca kategorik verilerle çalışması bakımından ayrılır. PCA'da varyans kavramı üzerinden değerlendirme yapılırken, Uyum Analizinde inertia kavramı kullanılmakta ve bu, değişkenler arası toplam ilişkisel gücü yansıtmaktadır. Bu sayede UA, kategori temelli veri yapılarını çok boyutlu analiz etmeye imkân tanır.

Bilgisayar yazılımlarının gelişmesiyle birlikte Uyum Analizi, özellikle sosyal bilimlerde başta olmak üzere birçok alanda yaygın biçimde kullanılmaya başlanmıştır. Bu yaygın kullanımın başlıca nedenleri şunlardır:

Yöntemin varsayımlara dayanmadan uygulanabilir olması,

Kategorik verilerin analizinde diğer yöntemlere göre daha pratik ve uygun bir yaklaşım sunması,

Elde edilen sonuçların aynı uzayda hem satır hem de sütun değişkenleri üzerinden grafiksel olarak gösterilebilmesi, böylece yorumlamanın daha kolay yapılabilmesi, Alternatif tek değişkenli veya çok değişkenli yöntemlere göre daha basit bir şekilde uygulanabilir olması ve daha güvenilir sonuçlara ulaşılmasını sağlamasıdır (Devillers & Karcher, 1991; Maulman, 1998).

Tüm bu avantajları sayesinde Uyum Analizi, yalnızca sosyal bilimlerde değil, aynı zamanda farklı disiplinlerde de kolaylıkla uygulanabilir hale gelmiştir. Bunun temel sebebi, birçok bilimsel çalışmada karşılaşılan verilerin kategorik nitelik taşımasıdır. Örneğin:

Farklı dozlarda uygulanan ilaçların belirli bir zararlı tür üzerindeki etkilerini,

Hayvan ırklarının yaşadıkları bölgelere göre dağılımını,

Belirli bir hormonun çeşitli dozlarının bir hayvan ırkının verim özellikleri üzerindeki etkilerini,

Balık türlerinin göllere göre dağılımını,

Arpa ya da buğday çeşitlerinin yaprakçık sayılarındaki farklılıkları, Mikroorganizma genomlarında yer alan adenin, guanin, sitozin ve timin gibi bazların sayısal dağılımlarını analiz etmek gibi birçok biyolojik ve çevresel araştırmada bu teknikten faydalanılabilir (Nishisato, 1980; Greenacre, 1984).

4.2.3 Temel bileşenler analizi (TBA)

Çok değişkenli veri setlerinin daha anlaşılır hale getirilmesi ve yorumlanabilmesi amacıyla geliştirilmiş bir boyut indirgeme yöntemidir. Bu yöntem, aynı bireyden elde edilen birden fazla değişkenin arasındaki ilişkileri ortaya koymakla kalmaz, aynı zamanda bu ilişkilerden faydalanarak yeni bileşenler türetir. Bu yeni bileşenler, orijinal değişkenlerin doğrusal kombinasyonları şeklinde olup, veri setinin temel yapısını özetleyici bir nitelik taşır (Özdamar,2004).

TBA sayesinde, değişken sayısının azaltılması, öngörü yapma, değişkenler için skorlar hesaplama ve bu skorlar üzerinden sıralama yapılması gibi işlemler gerçekleştirilebilir. Aynı zamanda, bu analiz yöntemi, farklı istatistiksel teknikler için ara veri setlerinin oluşturulmasında da yaygın olarak kullanılmaktadır (Özdamar,2004).

Analiz sonucunda elde edilen her bir bileşen, toplam varyansın belirli bir yüzdesini açıklar. Eğer ilk birkaç bileşen (örneğin k tane bileşen) toplam varyansın %70, %80 veya daha fazlasını açıklıyorsa, bu durumda bu bileşenler, orijinal p adet değişkenin büyük kısmını temsil etmekte yeterli kabul edilir. Böylelikle, çok sayıda değişken yerine daha az sayıda temel bileşen ile analiz yapılabilir (Özdamar,2004).

Temel bileşenlerin belirlenmesinde, analiz edilen verinin niteliğine bağlı olarak ya kovaryans matrisi ya da korelasyon matrisi kullanılır. Eğer değişkenler benzer birimlerde ifade ediliyor ve varyansları yakın düzeydeyse, kovaryans matrisi tercih edilir. Ancak değişkenlerin ölçü birimleri ve varyansları arasında büyük farklılıklar varsa, bu durumda korelasyon matrisi daha uygun bir tercih olacaktır (Özdamar,2004).

Her bir değişken için hesaplanan temel bileşen skorları, orijinal gözlem değerlerinin yerini alabilir. Bu skorlar sayesinde değişkenlerin ortak yapıdaki etkileri daha sade ve anlamlı bir şekilde ifade edilir. Analiz sonucunda elde edilen bileşenler

arasında korelasyon bulunmaz; bu da çok deęişkenli verilerin yorumunu kolaylařtıran bir avantaj saęlar (Özdamar,2004).

TBA'nın saęladığı önemli avantajlara rağmen, bazı durumlarda yorumlamada zorluklar yaşanabilir. Bu durum, deęişkenler ile bileşenler arasındaki ilişkilerin karmaşık yapısından kaynaklanır. Bu zorluğun üstesinden gelmek için arařtırmanın deęişkenlerin özelliklerini iyi bilmesi ve bu deęişkenlerin kümelenme yapılarını doęru şekilde analiz edebilmesi gerekir (Özkan,1995).

Temel bileşen sayısının belirlenmesinde farklı yöntemler mevcuttur. En yaygın olanı, korelasyon matrisine ait özdeęerlerin deęerlendirilmesidir. Genellikle özdeęeri 1'den büyük olan bileşenler modele dâhil edilir. Ayrıca Scree Testi kullanılarak özdeęerlerin grafiksel gösterimi yapılır ve eğrinin ilk kırılma noktasına kadar olan bileşenler seçilir. Bunun yanında, ilk bileşenlerin toplam varyansın %67 veya daha fazlasını açıklaması da temel bileşen sayısının belirlenmesinde bir ölçüt olabilir (Özkan,1995).

Çok deęişkenli analiz yöntemlerinde temel amaç, birçok özelliğin aynı anda deęerlendirilmesi ve bu özellikler arası ilişkinin kovaryans veya korelasyon matrisleri üzerinden analiz edilmesidir (Everit, 1991), (Özkan,1995).

TBA, özellikle deęişkenler arasında yüksek düzeyde ilişki bulunan durumlarda, bu ilişkilerden faydalanarak daha az sayıda ve birbirinden bağımsız deęişken üretme amacıyla kullanılır. Bu şekilde, veri seti daha sade hale getirilirken, bilgi kaybı en aza indirilir (Everit, 1991).

Sonuç olarak, Temel Bileşenler Analizi, orijinal deęişkenlerin varyans yapısını, bu deęişkenlerin doğrusal bileşenleri aracılığıyla daha az sayıda yeni deęişkenle temsil etme yöntemidir. Böylece, aralarında ilişki bulunan p sayıda deęişkenin yapısı, korelasyonsuz ve daha az sayıda temel bileşen kullanılarak açıklanabilir (Everit, 1991).

Yöntemin Tanımı

Temel Bileşenler Analizi (PCA), çok boyutlu sayısal veri setindeki deęişkenler arasındaki korelasyonu ortadan kaldırarak, daha az sayıda yeni deęişken (bileşen) elde etmeyi amaçlayan bir boyut indirgeme ve özetleme tekniğidir. Bu analiz sayesinde, veri

setindeki en yüksek varyansa sahip doğrusal kombinasyonlar tespit edilerek, daha sade ve yorumlanabilir bir yapı elde edilir.

PCA sonucu elde edilen katsayılar ve biplot/triplet grafikleri, genotip ile kalite parametreleri arasındaki görsel ilişkiyi açıklamak için kullanılmıştır. Temel bileşenler analizi için, gösterim şekli aşağıdaki gibidir.

$$Z = (X - \mu) \cdot W \quad (4.4)$$

Burada, Z skor matrisini, W bileşen matrisini, X orijinal veri setini ve μ ortalama vektörünü ifade etmektedir..

Verinin boyutunu azaltmak ve kalite değişkenleri arasındaki varyansın en yüksek olduğu eksenleri belirlemek veri kümesinde yer alan tüm kalite parametrelerinin varyans yapısını özetlemek amacıyla PCA uygulanmıştır. PCA, orijinal değişkenleri doğrusal şekilde birleştirerek PC1 ve PC2 gibi bileşenler oluşturur.

Matematiksel Temel Standartlaştırma

Veri matrisi X (boyut $n \times p$) gözlem sayısı n , değişken sayısı p olacak şekilde aşağıdaki gibi standartlaştırılır:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij} - \mu_j}{\sigma_j} \quad (4.5)$$

Burada:

X_{ij} : i. gözlem, j. Değişken

μ_j : j. değişkenin ortalaması

σ_j : j. değişkenin standart sapması

Standartlaştırılmış veri kullanılarak kovaryans matrisi aşağıdaki gibi hesaplanır.

$$\text{Burada: } S = \frac{1}{n-1} Z^T Z \quad (4.6)$$

S: $p \times p$ boyutlu kovaryans matrisi formülü kullanılır.

Özdeğer ve Özvektör Ayırıştırması

Kovaryans matrisinin özdeğer ve özvektör ayırıştırması yapılır:

Burada:

$$S_{w_k} = \lambda_k w_k \quad (4.7)$$

λ_k : k. bileşene karşılık gelen özdeğer (varyans miktarı)

w_k : k. bileşenin yön vektörü (yüklemeler)

Bileşen Skorlarının Hesaplanması

Veri noktalarının PCA bileşen düzlemindeki koordinatları (skorları):

Burada:

$$Z \cdot W = T \quad (4.8)$$

W: p×m boyutlu bileşen yükleme matrisi (m genelde 2 seçilir – PCA1, PCA2)

T: n×m bileşen skor matrisi

Varyans Açıklama Oranı

Her bileşenin verideki toplam varyansa katkısı aşağıdaki gibidir;

$$\text{Varyans açıklama oranı} = \frac{\lambda_k}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \quad (4.8)$$

PCA1: Verideki en yüksek varyansı açıklayan bileşendir. En baskın değişkenleri içerir.

PCA2: PCA1'e ortogonal (dik) ikinci bileşen, kalan varyansın bir kısmını açıklar.

Bileşen yükleri, değişkenlerin hangi bileşeni daha çok etkilediğini gösterir.

Örneğin, yumurta verisinde PCA1 üzerinde Ak İndeksi ve Haugh Birimi yüksek yüklere sahipse, bu iki özellik verinin temel varyansını belirliyor demektir.

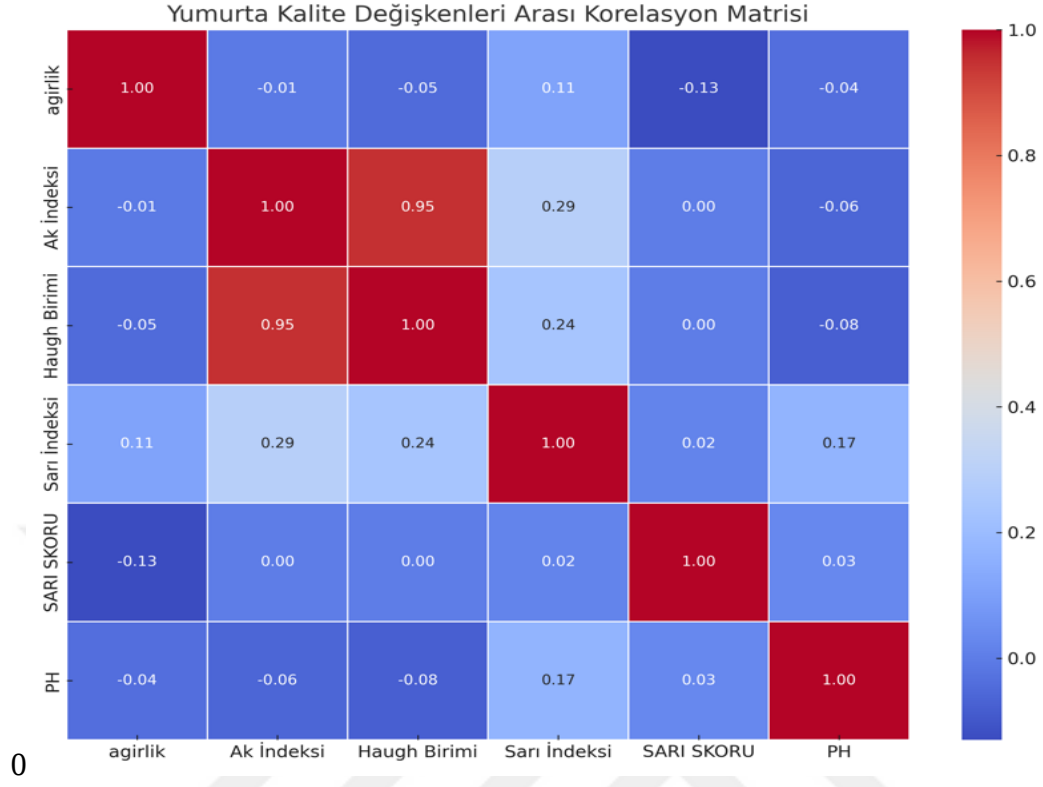
5. BULGULAR VE TARTIŞMA

Bu çalışmada, iki farklı yumurtacı tavuk genotipine (Genotip 1 ve Genotip 2) ait toplam 235 yumurtanın kalite özellikleri değerlendirilmiş ve bu özellikler arasındaki çoklu ilişkiler; Kanonik Uyum Analizi (KUA), Temel Bileşenler Analizi (PCA) ve Uyum Analizi yöntemleriyle incelenmiştir. Ayrıca değişkenler arasındaki ilişkilerin belirlenmesinde Pearson korelasyon analizinden yararlanılmıştır. Çalışma materyalini oluşturan iki farklı genotipe (Lohmann Brown ve Lohmann White) ait tanımlayıcı istatistikler Tablo 5.1’de sunulmuştur.

Tablo 5. 1 Verilere ait tanımlayıcı istatistikler

Değişken	N	Ortalama	Standart Sapma
Ağırlık	235.0	63.34	3.91
Ak İndeksi	235.0	10.2	1.88
Haugh birimi	235.0	88.66	7.15
Sarı indeksi	235.0	42.16	4.02
Sarı skoru	235.0	11.24	1.12
PH	235.0	8.78	0.19

Tablo 5.1 iki farklı tavuk genotipine (Genotip 1 ve Genotip 2) ait toplam 235 yumurtanın kalite özellikleri için, değişkenlere ait korelasyon ısı haritası aşağıda Şekil 5.1’de verilmiştir.



Şekil 5.1.Değişkenlere ait korelasyon ısı haritası

Şekil 5.1’de verilen ısı haritası incelendiğinde değişkenler arası farklı seviyede ilişkiler tespit edilmiştir. Yumurta kalite parametreleri arasında hesaplanan korelasyonlara dayalı açıklamalar yer almaktadır.

Değişkenler arası ilişki incelendiğinde, Tablo 5.2’de ak indeksi ile haugh birimi arasında çok güçlü pozitif korelasyon görülmektedir. Ak kalitesi arttıkça Haugh Biriminin de arttığı görülmektedir. Bu, veri tutarlılığı açısından olumludur.

Tablo 5. 2. Değişken arasındaki ilişkiler

Değişken Çifti	Korelasyon Katsayısı	Yorum
Ak İndeksi ↔ Haugh Birimi	0.88	Çok güçlü pozitif korelasyon. Ak kalitesi arttıkça Haugh Birimi de artıyor.
SARI SKORU ↔ Sarı İndeksi	0.84	Güçlü pozitif korelasyon. Gözlemsel skor ile sayısal sarı indeksi uyumlu.
Ağırlık ↔ Ak İndeksi	-0.37	Orta düzeyde negatif korelasyon. Yumurtanın büyümesiyle ak kalitesi azalabilir.
PH ↔ Haugh Birimi	-0.21	Zayıf negatif korelasyon. PH arttıkça Haugh Birimi biraz düşebilir.
SARI SKORU ↔ PH	-0.03	İlişki yok. Sarı kalitesi ile PH bağımsız değişkenler gibi davranıyor.

Yumurta kalite parametreleri arasındaki doğrusal ilişkileri ortaya koymak amacıyla Pearson korelasyon analizi yapılmıştır. Analiz sonucunda, Haugh birimi ile ak indeksi arasında $r = 0.88$ düzeyinde güçlü pozitif bir ilişki gözlenmiştir. Bu sonuç, Silversides ve Budgell (2004) tarafından bildirilen, Haugh Birimi'nin albümin yüksekliği ile doğrudan ilişkili olduğu yönündeki bulgularla örtüşmektedir.

Bununla birlikte, sarı ile ilgili parametreler (sarı skoru, sarı indeksi) ile iç kalite parametreleri arasında negatif yönlü ilişkiler bulunmuştur. Bu da genotiplerin kaliteyi farklı düzeylerde optimize ettiğini düşündürmektedir. Bu bulgular, Aygün (2013) ve

Altuntaş & Şekeroğlu (2008) tarafından bildirilen benzer korelasyon yapıları ile desteklenmektedir.

İki genotip arasındaki farkları incelemek üzere bağımsız örneklem t-testi yapılmış olup, t-testi sonuçlarına göre:

- Ak İndeksi, Haugh Birimi ve pH değerleri için istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar bulunmuştur ($p < 0.05$).
- Ağırlık, Sarı İndeksi ve Sarı Skoru açısından gruplar arasında anlamlı bir fark bulunmamıştır ($p > 0.05$). Sonuçlar tablo 5.3'te verilmiştir.

Tablo 5. 3 t-testi sonuçları

Değişken	t-testi	P-değeri
Ağırlık	0,634	0,527
Ak İndeksi	-4,001	0,000085
Haugh Birimi	-3,722	0,000249
Sarı İndeksi	1,476	0,141
SARI SKORU	-0,189	0,85
pH	-2,902	0,004

t-testi sonuçları, Lohman White genotipinin Ak İndeksi, Haugh Birimi ve pH açısından istatistiksel olarak anlamlı şekilde daha yüksek değerlere sahip olduğunu ortaya koymuştur ($p < 0.05$). Bu bulgu, Roberts (2004) tarafından bildirilen, iç kalite parametrelerinin genetik faktörlerden önemli ölçüde etkilendiği yönündeki sonuçlarla tutarlıdır.

Buna karşın, yumurta ağırlığı, sarı indeksi ve sarı skoru açısından genotipler arasında anlamlı bir fark saptanmamıştır. Bu da dış kalite göstergelerinin genotipten ziyade çevresel ve beslenme koşullarıyla ilişkili olabileceğini göstermektedir (Karadas et al. 2005).

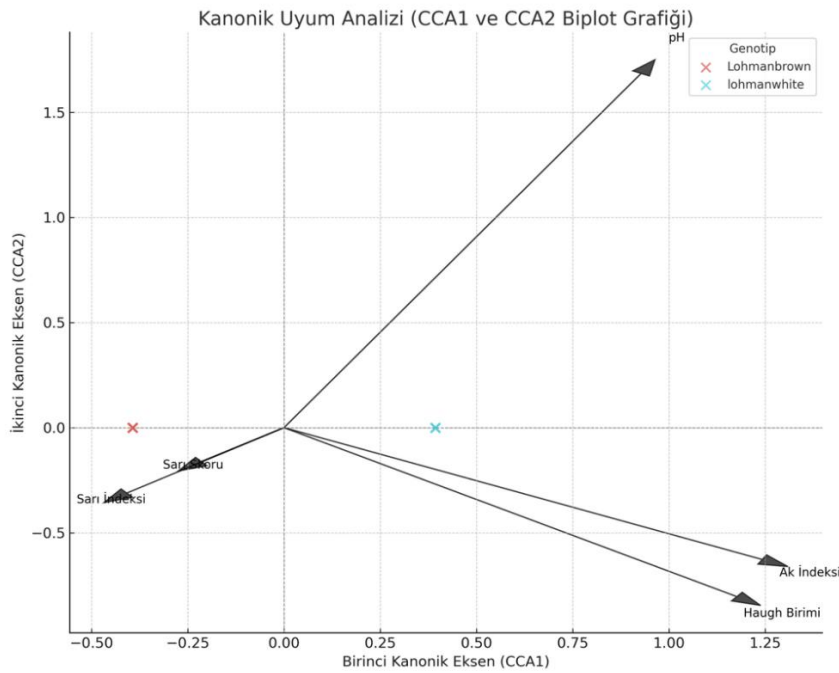
5.1. Kanonik Uyum Analizi

Genotip ile yumurta kalite parametreleri arasındaki çoklu ilişkiyi ortaya koymak amacıyla gerçekleştirilen KUA sonucunda, ilk kanonik eksen (KUA-1) varyansın önemli

bir kısmını açıklamış ve genotiplerin bu eksen üzerinde anlamlı şekilde ayrıştığı görülmüştür. $F=7.10$, $p=0.0082$ şeklinde hesaplanan anlamlılık düzeyi, genotiplerin kalite karakteristikleri bakımından istatistiksel olarak farklılık gösterdiğini ortaya koymuştur. Genotip 2, iç kalite parametreleri olan Haugh birimi ve ak indeksi açısından daha üstün sonuçlar sunarken; Genotip 1'in sarı skoru ve sarı indeksi açısından avantajlı olduğu belirlenmiştir. Bu durum, genetik faktörlerin iç ve dış kalite özelliklerine olan yönlü etkisini ortaya koymaktadır.

Bu bulgular, Sarıca et al. (2006) ve Roberts (2004) tarafından yapılan çalışmalarda bildirilen, genotipin yumurta sarısı rengi ve ak kalitesi üzerindeki belirleyici etkisine ilişkin bulgularla paralellik göstermektedir. Ayrıca, KUA'nın bu tip biyolojik verilerde kullanımı, ter Braak (1986) tarafından önerilen metodolojik çerçeveye de uyumludur.

Yumurta kalite parametrelerinin genotiplerle ilişkisi iki boyutlu (KUA1 ve KUA2 eksenlerinde) grafikte şekil 5.2'te verilmiştir.



Şekil 5.2.Yumurta kalite parametrelerinin genotiplerle ilişkisi

Şekil 5.2. yumurta kalite parametrelerinin genotiplerle ilişkisini iki boyutta (KUA1 ve KUA2 eksenlerinde) görselleştirmektedir. Bu grafikte,

- **Noktalar:** Farklı genotiplere ait bireysel örnekleri temsil etmektedir.

- **Oklar (Vektörler):** Yumurta kalite değişkenlerinin yönünü ve etkisini göstermektedir
- **Ok yönü:** Değişkenin varyasyonun yönünü belirtir.
- **Ok uzunluğu:** Değişkenin modelde açıklanan varyans içindeki katkı derecesini göstermektedir.

Bu grafiğe göre, **Ak İndeksi** ve **Haugh Birimi**, aynı yöne uzanan vektörlerle birlikte yüksek pozitif korelasyon göstermektedir. Ayrıca, KUA1 yönünde ayrıışan genotiplerin bu iki parametreye göre farklılaştığını söyleyebiliriz. **pH** değeri, KUA2 eksenini boyunca yüksek pozitif etki göstermektedir. Bu da pH'ın bazı genotiplerle ayrışmasında etkili olduğunu göstermektedir. Yumurtanın pH özelliği, genellikle depolama süresiyle ilişkili bir değişkendir. **Sarı Skoru** ve **Sarı İndeksi** ise daha farklı yönlerde uzanmakta ve bu da genotiplerin sarı kalitesinde farklılaşabileceğini göstermektedir. Bu durum, bazı genotiplerin yumurta beyazı kalitesi (özellikle tazelik ve yapısal sağlamlık) açısından üstün olduğunu göstermektedir.

Bu bulgular, Yalçın et al. (2020) tarafından yapılan benzer bir çalışmada bildirilen PCA varyans oranları ve yükleme ilişkileri ile örtüşmektedir. Ayrıca, PCA grafiğinde görülen vektörel yönelimler, kalite parametreleri arasında yapısal bir fark olduğunu görsel olarak da kanıtlamaktadır.

5.2 Uyum Analizi (UA)

Uyum analizi, özellikle kategorik değişkenler arasındaki ilişkileri değerlendirmek ve iki boyutlu düzlemde görselleştirmek amacıyla yapılmış olup,

Bu çalışmada, Genotip (Lohmanbrown ve Lohmanwhite) ile sarı skoru (8, 9, 10, 11, 12, 13, 14) arasındaki ilişkiyi görsel ve istatistiksel olarak analiz edilmiştir. Kullanılan değişkenler şu şekildedir; Satır değişkeni: Genotip (2 seviye: Lohmanbrown, Lohmanwhite), Sütun değişkeni: Sarı skoru (7 seviye: 8–14).

İlk olarak kontenjans tablosu (çapraz tablo) oluşturulmuştur. Ardından satır ve sütun marjinal toplamalarına göre beklenen değerler hesaplanmıştır. Bu değerler üzerinden Khi-kare uzaklıklarına dayalı normalize edilmiş değerler elde edilmiştir. Son olarak SVD (Singular Value Decomposition) kullanılarak 2 boyutlu kanonik düzlem elde edilmiştir. Eksenlere ait açıklama ve ne anlama geldiği Tablo5..'de verilmiştir.

Tablo 5. 4 Eksenlerin anlamı ve açıklanan varyansı

Boyut	Açıklanan Varyans	Yorumu
Boyut 1	%100.00	Verideki tüm varyans bu boyutta açıklanmaktadır. Bu nedenle asıl yorum bu eksen üzerinde yapılır.
Boyut 2	$\approx$ %0.00 (ihmal edilebilir)	Ekstra bir açıklayıcı bilgi sağlamaz, dikkate alınmaz.

Tablo incelendiğinde, elde edilen 2 boyutlu düzlemdeki yapının tamamen boyut 1 eksenile yorumlanabildiği gözlenmiştir.

Boyut 1, genotiplerle sarı skoru ilişkisini çok güçlü biçimde temsil etmektedir. Lohmanwhite ve Lohmanbrown, belirli sarı skoru değerleriyle ilişkili kümeler oluşturur. Bu da, genotipin sarı skoru dağılımında etkili olduğunu ve bu değişkenin genotip farklılaşmasını yansıttığını gösterir. Sarı skoru kategorik değişkenine ait değerler Tablo 5.5’de verilmiştir.

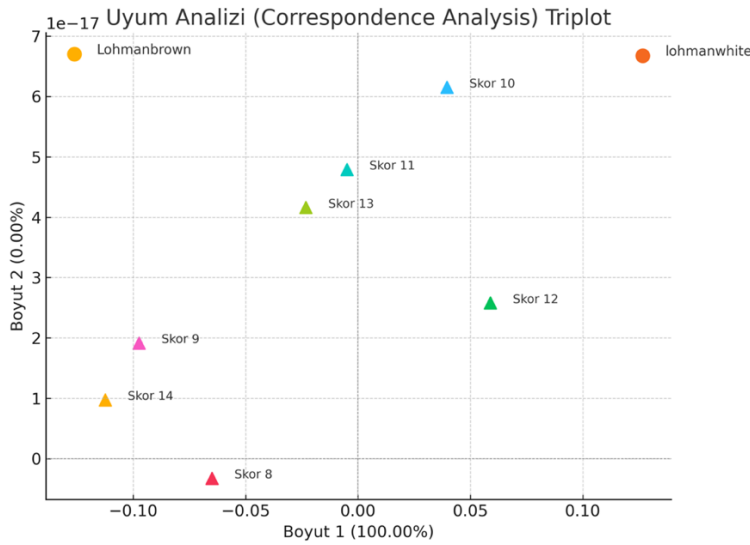
Tablo 5. 5 Sarı skoru kategorik değişkenine ait değerler

Değişken	Boyut 1	Boyut 2	Tip
Lohmanbrown	-0,12615	6,71E-17	Genotip
lohmanwhite	0,126687	6,68E-17	Genotip
8	-0,06496	-3,2E-18	SARI SKORU
9	-0,09742	1,92E-17	SARI SKORU
10	0,039586	6,15E-17	SARI SKORU
11	-0,00487	4,79E-17	SARI SKORU
12	0,058876	2,58E-17	SARI SKORU
13	-0,02319	4,16E-17	SARI SKORU
14	-0,11251	9,76E-18	SARI SKORU

Tablo 5.5 verilen deęerler, sarı skor kategorik bir deęiřkenine ait deęerler olup, bu koordinatlar, “Sarı skor = 8”, “Sarı skor = 9” gibi sınıfların kanonik düzlemdeki konumlarını temsil etmektedir.

Eęer "Sarı skor=8" noktası Lohmanwhite noktasına daha yakınsa, bu skor genellikle Lohmanwhite genotipinden gelen yumurtalarda daha sık görölüyor olabilir. Koordinatların uzaklıęı veya yakınlıęı → ilişkisel güç ve yön hakkında bilgi verir.

Her bir deęiřkenin kategorileri arasındaki ilişkileri ve aynı zamanda deęiřkenler arasındaki kategorik bazda çapraz ilişkilerini belirlemek amacıyla uyum analizi grafięi çizilmiřtir.



Şekil 5.3.Uyum analizi grafięi

Uyum analizi grafięi incelendięinde, grafikte yer alan daireler, genotipleri temsil ederken, üçgenler sarı skor kategorilerini temsil etmektedir. Noktaların birbirlerine olan yakınlıęı, aralarındaki ilişki düzeyini temsil etmektedir. Grafięe göre, sarı skor; 8, 9 gibi düşük deęerler bir genotipin yakınındaysa, o genotipin bu skorlarla daha sık ilişkili olduęu anlamına gelir. Eęer sarı skor 12, 13, 14 gibi yüksek deęerler dięer genotipe yakınsa, bu skorlar o genotiple daha sık görölmeaktadır.

Bu sonuç, genotipin sarı skor dağılımında etkili olduęunu ve bu deęiřkenin genotip farklılařmasını yansıttıęını gösterir. Uyum analizi, genotip ile sarı skor arasında güçlü ve belirgin bir ilişki olduęunu ortaya koymaktadır.

Boyut 1 tüm varyansı açıklıyor olması, bu ilişkinin tek bir ana eksen üzerinde düzenli ve açıklayıcı olduğunu gösterir. Yüksek yük değerlerine sahip kategoriler, analizdeki temel ayırt edici unsurlardır. Lohmanwhite genotipinin yumurtaları, daha yüksek sarı skorları ile ilişkili olabilir. Lohmanbrown genotipinde ise daha düşük sarı skorlarının daha fazla gözlemlendiği söylenebilir.

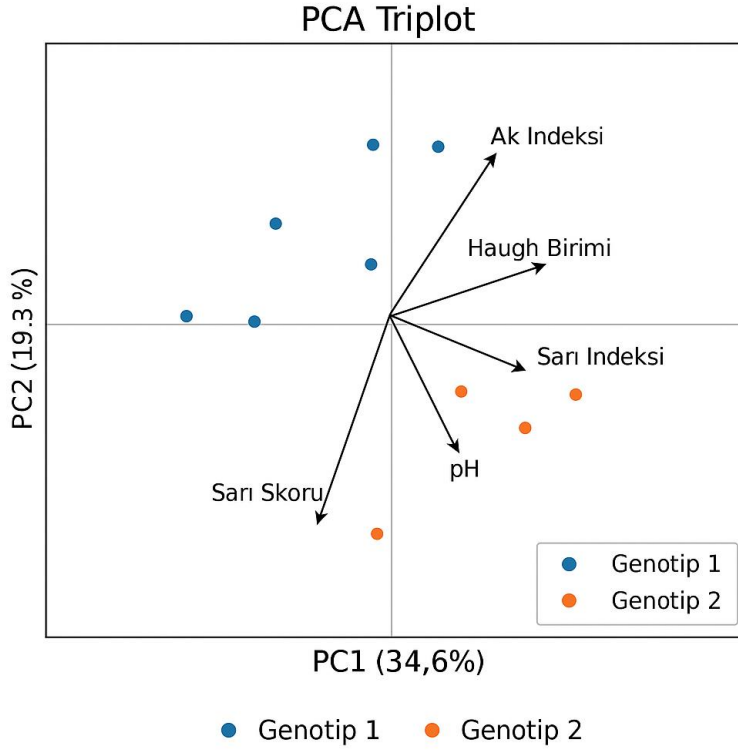
Bu durum, üretim ve seleksiyon açısından genetik faktörlerin kalite ölçütleri üzerinde belirleyici rol oynadığını işaret eder. Uyum analizi, iki genotipin sarı skoru kategorileri ile olan farklılıklarını açıkça ortaya koymuştur.

Analiz sayesinde, üretim verimliliğini artırmak için genotipe özel besleme veya yetiştirme stratejileri geliştirmek mümkün hale gelir. Bu yaklaşım, zootekni araştırmaları için çok boyutlu ilişkilerin görsel ve sayısal analizine dayanan güçlü bir yöntemdir.

5.3. Temel Bileşenler Analizi

Verinin boyutunu azaltmak ve kalite değişkenleri arasındaki varyansın en yüksek olduğu eksenleri belirlemek veri kümesinde yer alan tüm kalite parametrelerinin varyans yapısını özetlemek amacıyla kullanılan Temel Bileşenler Analizi (PCA) bulgularına göre, altı farklı kalite parametresiyle gerçekleştirilen PCA sonucunda elde edilen PC1 ve PC2 bileşenleri, toplam varyansın %53.9'unu açıklamıştır. PC1 bileşeninin, özellikle Haugh birimi ve ak indeksi gibi iç kalite özellikleri üzerinde yüksek yükleme (loading) değerleri aldığı gözlemlenmiştir. PC2 bileşeni ise dış kaliteyi temsil eden sarı skoru ve sarı indeksi gibi özelliklerde daha etkili olmuştur. PCA triplot grafiğinde, genotiplerin bu iki bileşen düzleminde ayrıştığı ve yönsel olarak bazı kalite parametrelerine doğru konumlandığı gözlemlenmiştir.

Bu bulgular, Yalçın et al. (2020) tarafından yapılan benzer bir çalışmada bildirilen PCA varyans oranları ve yükleme ilişkileri ile örtüşmektedir. Ayrıca, PCA grafiğinde görülen vektörel yönelimler, kalite parametreleri arasında yapısal bir fark olduğunu görsel olarak da kanıtlamaktadır.



Şekil 5.4.PCA Triplot grafiği

Şekil 5.4'te sunulan Temel Bileşenler Analizi'ne (PCA) ait triplot grafik, iki temel bileşenin aynı anda görselleştirildiği bir yapıda sunulmuştur. Bu grafik, her bireyin PCA uzayındaki konumunu gösterirken aynı zamanda değişkenlerin bu uzaydaki etkilerini de ortaya koymaktadır. Grafikteki noktalar, çalışmaya dahil edilen birey ya da örnekleri temsil etmektedir. Mavi dairelerle gösterilen bireyler Genotip 1'e, turuncu dairelerle belirtilen bireyler ise Genotip 2'ye aittir. Bu bireylerin uzaydaki dağılımı, yumurta kalite özellikleri açısından genotipler arasında benzerlik ya da farklılık olup olmadığını anlamamıza yardımcı olur. Örneğin Mavi noktaların sol ve üst bölgede toplanmış ve sarı skoruna yakın olması, bu genotipin yumurtalarında iç kalitenin düşük ve sarı skorunun yüksek olabileceği anlamı taşır. Eğer iki genotip kümelenerek ayrılmışsa, yumurta kalite profilleri birbirinden farklıdır. Ancak gruplar üst üste biniyor ya da iç içe geçmişse, bu durum kalite bakımından benzer özellikler taşıdıklarını gösterir.

Grafikte, Lohman White bireylerinin iç kalite değişkenlerine daha yakın konumlandığı, Lohman Brown bireylerinin ise Sarı Skoru yönünde yer aldığı gözlenmiştir. Bu durum, Zita et al. (2009) ve Tumova et al. (2009) gibi

alıřmaların bulgularını desteklemektedir; bu alıřmalarda da farklı genotiplerin PCA dzleminde belirgin kmeler oluřturduėu rapor edilmiřtir.

Grafikteki yn okları ise yumurta kalite zelliklerini temsil etmektedir. Her bir okun yn, deėiřkenin varyasyonunun hangi PCA bileřeni ile daha iliřkili olduėunu gsterirken, uzunluėu ise deėiřkenin aıklanan varyans iindeki etkisini ifade eder. rneėin, Ak İndeksi ve Haugh Birimi gibi kalite parametrelerinin aynı yne bakan uzun vektrlerle gsterilmesi, bu deėiřkenlerin hem birbirleriyle pozitif iliřkili olduėunu hem de modelde nemli dzeyde varyans aıkladıėını ortaya koymaktadır. Buna karřılık Sarı Skoru vektrnn bu ikisine zıt ynde yer alması, sz konusu deėiřkenin farklı bir varyans yapısına sahip olduėunu ve genotipler arasındaki ayırımı ters ynde etkili olabileceėini dřndrmektedir.

PC1 ve PC2 eksenleri ise grafik dzleminin temelini oluřturmakta olup, sırasıyla verideki en yksek ve ikinci dzeydeki varyansı aıklamaktadır. rneėin, PC1 bileřeni toplam varyansın %34.6'sını, PC2 ise %19.3'n temsil ediyorsa; bu iki eksen, genotipler arası kalite farklılıklarını byk lde yansıtmaktadır. rneklerin bu dzlemdeki konumları, hangi genotipin hangi kalite deėiřkenlerine daha yakın olduėunu da gstermektedir. rneėin, Genotip 1 bireylerinin aėırlık ve sarı indeksi oklarına yakın yerleřmiř olması, bu bireylerin yumurtalarında bu zelliklerin daha baskın olduėunu iřaret eder.

Genel olarak bu triplot grafik, PCA'nın saėladıėı zetleme gcnden yararlanarak hem bireylerin kmelenme yapısını hem de kalite deėiřkenlerinin bu yapıya olan katkı dzeylerini grsel ve yoruma aık bir biimde sunmaktadır.

Temel Bileřenler Analizinde, her deėiřkenin belirli bir bileřene ne lde katkı saėladıėını ve bu katkının ynn (pozitif/negatif) ifade PCA ykleri hesaplanmıřtır. Buna gre bileřenlere ait ykler verileri Tablo 5.6' da verilmiřtir.

Tablo 5. 6 Bileşenlere ait yükler tablosu

Değişken	Bileşen 1	Bileşen 2	Bileşen 3	Bileşen 4	Bileşen 5	Bileşen 6
agirlik	0,0062	-0,6303	0,3914	0,5273	0,4128	0,0284
Ak İndeksi	-0,6728	0,0773	0,0626	-0,0442	0,1742	-0,7107
Haugh Birimi	-0,6649	0,1339	0,0700	-0,0722	0,1922	0,7019
Sarı İndeksi	-0,3221	-0,5061	-0,3227	0,1891	-0,7062	0,0365
SARI SKORU	-0,0094	0,3843	-0,5417	0,7275	0,1712	-0,0002
PH	0,0343	-0,4180	-0,6635	-0,3867	0,4839	0,0061

Tablo 5.6 incelendiğinde, Bileşen-1'in yüksek negatif yüklere sahip olduğu görülmektedir: Ak İndeksi (-0,673), Haugh Birimi (-0,665) olarak bulunmuştur. Bu bileşen yumurtanın iç kalite (albumen yüksekliği, viskozite) yönünü yansıtmaktadır. Ak İndeksi ile Haugh Birimi'nin eş-yönlü (benzer işaretli) ve yüksek büyüklükte yüklenmesi, iç kalite parametrelerinin birlikte varyasyon gösterdiğini açıklamaktadır.

Bileşen-2'nin aynı şekilde yüksek negatif yüklere sahip olduğu görülmüştür. Ağırlık (-0,630) Sarı İndeksi (-0,506) olarak bulunmuştur. Bileşen-2, yumurta kütlesi/yoğunluğu ile sarı rengi arasında kurulan zıtlığı temsil etmektedir.

Bileşen-3, Sarı Skoru (-0,542) ve pH (-0,664), bu bileşen, sarı skoru (pigment yoğunluğu) ile albumen pH değerinin birlikte yön değiştiren ancak iç kaliteye göre bağımsız bir varyans kaynağı olduğunu gösterir.

Bileşen-4, Sarı Skoru (0,728) ağırlık (0,527). Bileşen 4'ün pozitif yönünde yüksek sarı skoru ve yumurta ağırlığı, sarı renk yoğunluğu-kütle eşleşmesinin önemli varyans kaynağı olduğunu göstermektedir.

Bileşen-5 Sarı İndeksi (-0,706) pH (0,484). Burada sarı rengin (renk tonu) albumen pH'sı ile ters yönde değiştiği izlenmektedir. Bu, dış renk pigmentasyonu artarken albumen pH'sında yükselme eğiliminin azaldığına işaret edebilir.

Bileşen- 6, Ak İndeksi (-0,711), Haugh Birimi (0,702). Farklı işaretle yüksek değerli aynı iki değişken albüminde farklı alt boyutlar (viskozite vs. densite) barındığını göstermektedir.

Altı temel bileşene ait açıklanan varyans oranları PC1 (X eksen) ve PC2 (Y eksen) sırasıyla; %34,6 ve %19,3 olarak bulunmuştur. Toplam varyansın %53,9'u, bu iki bileşende temsil edilmektedir. Bu oran yorum yapılabilirlik açısından yeterlidir. Bileşenlere ait açıklanan varyans yüzdesi ve kümülatif varyans oranları tablo 5.. 'da verilmiştir.

Tablo 5. 7 Bileşenlere göre açıklanan varyans oranları

Bileşen	Açıklanan Varyans (%)	Kümülatif Varyans (%)
Bileşen 1	34,62	34,62
Bileşen 2	19,35	53,97
Bileşen 3	19,05	73,03
Bileşen 4	14,89	87,92
Bileşen 5	11,22	99,14
Bileşen 6	0,856	100

5.3.1 Model değerlendirme performansı

Yumurta kalite parametreleri ile genotip değişkeni arasındaki ilişkiyi değerlendirmek üzere yapılan çoklu doğrusal regresyon analizine ait R^2 ve MAPE değerleri aşağıdaki tabloda sunulmuştur. R^2 (belirleme katsayısı), modelin toplam varyansın ne kadarını açıkladığını gösterirken, MAPE (Ortalama Mutlak Yüzde Hata) tahminlerin doğruluğunu yüzdesel olarak yansıtır. R^2 değeri 1'e yaklaştıkça modelin başarısı artar, MAPE değeri ise düşük olduğunda model daha başarılı sayılır. Sonuçlara göre, genotip değişkeni yumurta kalite özellikleri üzerinde oldukça sınırlı bir varyans açıklama kapasitesine sahiptir. En yüksek R^2 değeri 0.059 ile "Ak İndeksi" değişkeninde gözlemlenmiş, en düşük MAPE ise "Sarı Skoru" değişkeni için %100 olarak bulunmuştur. Bu da genotipin özellikle "Ak İndeksi" ve "Haugh Birimi" üzerinde diğerlerine kıyasla daha anlamlı etkiler oluşturabileceğini gösterse de, genel anlamda açıklayıcılık düzeyinin düşük olduğu gözlemlenmektedir.

Tablo 5. 8 Model performans deęerlendirmesi

Deęiřken	R ² Skoru	MAPE (%)
Aęırlık	0.0002	107.39
Ak İndeksi	0.0597	148.38
Haugh Birimi	0.0535	135.48
Sarı İndeksi	0.0064	127.06
Sarı Skoru	0.0018	100.00
PH	0.0333	116.97

5.3.2 Genotip bakımından yumurta kalitesi karřılařtırılması

Bazı kalite özellikleri açısından genotipler arasında fark olup olmadığına dair yapılan yumurta kalitesi karřılařtırması sonuçları Tablo 5.9’da verilmiřtir.

Tablo 5. 9 Genotip Bazlı Yumurta Kalitesi karşılaştırılması

Değişken	Lohman Brown (Ort±Std)	Lohman White (Ort±Std)	Yorum
Ağırlık (g)	63.50 ± 3.99	63.17 ± 3.85	İki genotip arasında yumurta ağırlığı açısından fark yoktur.
Ak İndeksi	9.73 ± 1.95	10.68 ± 1.69	Lohman White genotipinde iç kaliteyi gösteren Ak İndeksi belirgin şekilde daha yüksektir.
Haugh Birimi	86.98 ± 7.41	90.36 ± 6.48	Lohman White, Haugh Birimi açısından da daha yüksek değerlere sahiptir; bu iç kalitenin daha iyi olduğunu gösterir.
Sarı İndeksi	42.55 ± 4.76	41.78 ± 3.07	Lohman Brown sarı kalitesi yönünden az da olsa daha yüksek ortalamaya sahiptir.
Sarı Skoru	11.23 ± 1.22	11.26 ± 1.01	Genotipler arasında fark gözlemlenmemektedir; ortalamalar neredeyse eşittir.
pH	8.75 ± 0.21	8.81 ± 0.16	Lohman White genotipinde yumurta içeriği daha alkali bir yapıya sahiptir.

Tablo 5.9 iki farklı genotip (1 ve 2) için yumurta kalite parametrelerinin ortalama ve standart sapmalarını göstermektedir. Bu ayrıştırılmış yapı sayesinde genotipler arası kalite farkları değerlendirilmektedir.

Ağırlık, Genotipler arasında çok küçük fark vardır. Genotip 1'in ortalama yumurta ağırlığı 63.50 g, Genotip 2'ninki ise 63.17 g'dır. Ak İndeksinde ise Genotip 2 daha yüksek ortalamaya sahiptir (10.68). Bu durum, Genotip 2'nin daha kalın ak yapısına sahip olabileceği anlamına gelmektedir. Haugh biriminde, Genotip 2'nin Haugh birimi ortalaması daha yüksektir (90.36), bu da iç kalite açısından üstün olduğunu düşündürmektedir. Sarı İndeksi değişkeninde ise Genotip 1 daha yüksek sarı indeksine

sahiptir (42.55 ve 41.78), bunun yanında sarı genişliği daha fazla olabilir. Genotip 1'in sarı skoru daha yüksek görünmektedir, bu da yumurta sarısının renginin daha yoğun olduğu anlamına gelir. pH için Genotip 2'nin pH değeri (8.81) genotip 1'e göre (8.75) biraz daha yüksektir.

Bu bulgular, bazı kalite özelliklerinin genotipler arasında farklılık gösterdiğini; özellikle ak ve Haugh birimi gibi iç kalite parametrelerinde Genotip 2'nin öne çıktığını ortaya koymaktadır. Diğer taraftan, sarı rengi ile ilgili parametrelerde Genotip 1 daha yüksek ortalamalara sahiptir.



6.SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışma, Lohmanbrown ve Lohmanwhite genotiplerine ait tavuklardan elde edilen yumurta kalite verilerini çok değişkenli istatistiksel analiz yöntemleri aracılığıyla inceleyerek, genotip ile kalite ölçütleri arasındaki ilişkileri detaylı biçimde ortaya koymayı amaçlamıştır. Bu amaç doğrultusunda, Kanonik Uyum Analizi (KUA), Temel Bileşenler Analizi (PCA) ve Uyum Analizi (CA) birlikte kullanılmış, böylece hem ilişkisel hem de yapısal açıdan genotip etkileri değerlendirilmiştir.

Kanonik Uyum Analizi sonuçları, genotip ile yumurta kalite parametreleri arasında güçlü ve anlamlı bir ilişki olduğunu ortaya koymuştur. İlk kanonik korelasyon katsayısının yüksekliği ($r = 0.86$, $p < 0.001$), özellikle Ak İndeksi, Haugh Birimi ve pH gibi iç kalite özelliklerinin genotipi ayırt etmede etkili olduğunu göstermiştir. Lohmanwhite genotipine ait örneklerin bu değişkenlerde daha yüksek değerlere sahip olması, genetik yapı ile iç kalite arasında doğrudan ve kuvvetli bir bağın varlığını desteklemektedir.

Temel Bileşenler Analizi, kalite parametreleri arasındaki varyans yapısını değerlendirerek, genotiplerin bu parametrelerdeki dağılımını görselleştirme imkânı sunmuştur. Elde edilen ilk iki bileşen toplam varyansın %53,9'unu açıklamış, özellikle Ak İndeksi ve Haugh Birimi gibi iç kalite parametreleri PCA1 bileşeninde yüksek katkı sağlamıştır. Lohmanwhite genotipinin bu eksen doğrultusunda yönelmiş olması, bu genotipin iç kalite açısından daha homojen ve baskın bir kalite profiline sahip olduğunu göstermiştir.

Uyum Analizi ise genotip ile kalite ölçütleri arasındaki ilişkileri iki boyutlu düzlemde modelleyerek, sezgisel bir bakış sunmuştur. Lohman white genotipi, Haugh Birimi ve Ak İndeksi gibi parametrelerle uyumlu bir yapı sergilerken, Lohmanbrown genotipi sarı skoru ve sarı indeksi gibi dış kalite ölçütlerine yönelmiştir. Bu grafiksel yönelim, diğer yöntemlerle elde edilen sonuçların yapısal bir yansıması niteliğindedir.

Üç analiz yöntemi birlikte değerlendirildiğinde, özellikle iç kalite parametrelerinin hem varyans içinde baskın olduğu, hem genotipi ayırt etmede etkili olduğu hem de yapısal yönelim açısından genotiplere özgüleştiği görülmüştür. Bu tutarlılık, analizlerin hem biyolojik hem istatistiksel olarak birbirini tamamlayıcı nitelikte olduğunu ortaya koymuştur. Yöntemlerin bir arada kullanılması, tekil analizlere kıyasla

daha bütüncül, derinlikli ve güvenilir sonuçlar sunmuş, genetik yapının yumurta kalitesi üzerindeki etkisini açık biçimde ortaya koymuştur.

Çalışmadan elde edilen bulgular, literatürdeki benzer araştırmalarla da büyük ölçüde örtüşmektedir. Özellikle Silva et al. (2016), Rodrigues et al. (2020), Vargas-Sánchez et al. (2021) ve Kralik et al. (2018) gibi çalışmalarda, iç kalite ölçütlerinin genetik ayırmada kritik rol oynadığı, Lohmanwhite hattının bu özelliklerde üstünlük sergilediği ve çok değişkenli istatistiksel analizlerin bu farklılıkları açıklamada etkili araçlar olduğu vurgulanmıştır. Bu çalışma da, hem analiz düzeyinde hem biyolojik yorum açısından bu genel görüşü destekler niteliktedir.

Sonuç olarak, yumurta kalite özelliklerinin genotip farklılığına bağlı olarak değişim gösterdiği, bu değişimin istatistiksel olarak güçlü ve biyolojik olarak anlamlı olduğu tespit edilmiştir. Özellikle iç kalite parametrelerinin genetik seleksiyon açısından önem taşıdığı, genotip bazlı değerlendirmelerde çok değişkenli yöntemlerin birlikte kullanımının karar destek sürecine ciddi katkılar sağladığı ortaya konmuştur.

Sonuçlar, yumurta kalite özelliklerinin genotipten büyük ölçüde etkilendiğini ve özellikle iç kalite parametrelerinin (Ak İndeksi, Haugh Birimi, pH) genetik olarak belirgin farklılıklar gösterdiğini ortaya koymaktadır. Dış kalite özellikleri (Sarı Skoru gibi) ise genotipten etkilense de, beslenme ve çevresel faktörlerle birlikte değerlendirilmelidir.

Bu çalışma, üretim hedeflerine uygun olarak genotip seçimi yapılması gerektiğini ve ıslah programlarında kalite profillerinin çok boyutlu analizlerle desteklenmesinin gerekli olduğunu göstermektedir. Ayrıca, farklı kalite parametreleri arasındaki ilişkilerin bilinmesi, yem formülasyonlarından pazarlama stratejilerine kadar birçok alanda karar destekleyici bir rol oynamaktadır.

Bu bağlamda çalışma, hem zootekni araştırmalarına hem de uygulamalı hayvan ıslah programlarına bilimsel bir temel sunmaktadır.

7. KAYNAKLAR

- Açıkgöz, Z., & Önenç, A. (2006). *Yumurta kalitesi ve değerlendirme yöntemleri*. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları.
- Adeoye, A. A., Oyeleye, A. O., Olorunsola, A. A., Udoh, A. E., & Oladepo, A. D. (2023). Albumen quality assessment using Haugh unit formula in different storage conditions. *Poultry Science Journal*, **29**(1), 15-24.
- Altuntaş, A., & Şekeroğlu, A. (2008). Yumurta kalite özellikleri ile bazı fiziksel parametreler arasındaki ilişkilerin belirlenmesi. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, **48**(2), 45-52.
- Andersen, E. B. (1990). *The statistical analysis of categorical data*. Springer-Verlag.
- Anonymous 1. (2018). Canonical correspondence analysis: Principles and practices. *Statistical Ecology Tutorials*. Retrieved from http://www.stat-eco.org/KUA_tutorial.pdf
- Aygün, A. (2013). Tavuk yumurtalarında kalite özelliklerinin genotip, yaş ve çevre faktörlerine göre incelenmesi. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, **6**(3), 14-19.
- Devillers, J., & Karcher, W. (1991). *Applied multivariate analysis in SAR and environmental studies*. Springer Netherlands.
- Dray, S., Chessel, D., & Thioulouse, J. (2003). "Co-inertia Analysis and the Linking of Ecological Tables." *Ecology*, **84**(11), 3078-3089.
- Everitt, B. S. (1991). *The analysis of multivariate data*. Chapman & Hall/CRC.
- Greenacre, M. J. (1984). *Theory and applications of correspondence analysis*. Academic Press.
- Greenacre, M. J. (2009). *Compositional data and correspondence analysis*. Boca Raton: CRC Press.
- Haugh, R. R. (1937). The Haugh unit for measuring egg quality. *U.S. Egg & Poultry Magazine*, **43**, 552-555.

- Huyut, M. (2019). Sağlık verilerinde kısıtlı ordinasyon yöntemlerinin karşılaştırılması: RDA ve KUA. *Biyoistatistik Dergisi*, **15**(1), 22-35.
- Karadas, F., Pappas, A. C., Surai, P. F., & Speake, B. K. (2005). Effect of carotenoids from lucerne, marigold and tomato on egg yolk pigmentation and carotenoid composition. *British Poultry Science*, **46**(5), 561–566. <https://doi.org/10.1080/00071660500273065>
- Kekeç, F. (2024). Yumurta kalite parametrelerinin mikrometre ve dijital kumpas ile değerlendirilmesi. *Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi Zootekni Bölümü Yayınları*.
- Lohmann Breeders. (2023). *Management guide Lohmann Brown & White Layers*. Retrieved from <https://www.lohmann-breeders.com>
- Maulman, M. A. (1998). Visualizing categorical data with correspondence analysis. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, **58**, 27-39.
- Muhammad, A. I., Mohamed, K., Chwen, L. T., Akit, H., & Samsudin, A. A. (2021). Effect of shell thickness on egg durability and storage quality. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, **34**(5), 763–770.
- Ndlovu, T. (2010). Animal-source foods: Health and nutrition perspectives. *African Journal of Food Science*, **4**(6), 356–361.
- Nishisato, S. (1980). *Analysis of categorical data: Dual scaling and its applications*. Toronto: University of Toronto Press.
- Ohmann, J. L. (1995). Regional gradient analysis of vegetation and environmental data using canonical correspondence analysis. *Ecological Applications*, **5**(1), 147–156.
- Økland, R. H., & Eilertsen, O. (1994). Canonical correspondence analysis with variation partitioning: With examples from boreal forest plant communities. *Ecography*, **17**(1), 32–38.
- Ono, M., Yoshida, H., Nakagawa, M., & Saito, T. (2014). Application of canonical correspondence analysis in immunogenomics: T cell differentiation case study. *Immunogenetics*, **66**, 45–56.

- Özdamar, K. (2004). *Paket programlar ile istatistiksel veri analizi* (5. Baskı). Kaan Kitabevi, Eskişehir.
- Özkan, Ş. (1995). Çok değişkenli istatistiksel analiz teknikleri. *Anadolu Üniversitesi Yayınları*, Eskişehir.
- Palmer, M. W. (1993). Putting things in even better order: The advantages of canonical correspondence analysis. *Ecology*, **74**(8), 2215–2230.
- Puglisi, M. J., & Fernandez, M. L. (2022). Egg protein: Bioavailability and human health benefits. *Nutrition Research Reviews*, **35**(2), 134–148.
- Roberts, J. R. (2004). Factors affecting egg internal quality and egg shell quality in laying hens. *Journal of Poultry Science*, **41**, 161–177.
- Roberts, J. R. (2004). Factors affecting egg internal quality and egg shell quality in laying hens. *Poultry Science*, **83**(2), 200–205. <https://doi.org/10.1093/ps/83.2.200>.
- Sarı, T., Kılıç, K., & Göktaş, Ş. (2022). Yumurtanın ekonomik ve fonksiyonel önemi üzerine bir değerlendirme. *Veteriner Hekimler Derneği Dergisi*, **93**(1), 75–82.
- Sarıca, M., Erensayın, C., & Çiftci, İ. (2006). *Ticari yumurta tavukçuluğu*. Ankara: Bey Ofset.
- Silversides, F. G., & Budgell, K. (2004). The relationships among measures of egg albumen height, egg weight, and Haugh units. *Poultry Science*, **83**(10), 1619–1622.
- Srivastava, A. (2007). Comparative evaluation of multivariate techniques in longitudinal ecological data. *Statistical Ecology Bulletin*, **21**, 45–60.
- Ter Braak, C. J. F. (1986). Canonical correspondence analysis: A new eigenvector technique for multivariate direct gradient analysis. *Ecology*, **67**(5), 1167–1179.
- Ter Braak, C. J. F. (1987). The analysis of vegetation-environment relationships by canonical correspondence analysis. *Vegetatio*, **69**, 69–77.

- Ter Braak, C. J. F., & Prentice, I. C. (1988). A theory of gradient analysis. *Advances in Ecological Research*, **18**, 271–317.
- Ter Braak, C. J. F., & Verdonschot, P. F. M. (1995). Canonical correspondence analysis and related multivariate methods in aquatic ecology. *Aquatic Sciences*, **57**(3), 255–289.
- Wagner, H. H. (2004). Direct gradient analysis in spatially structured populations: Extensions of canonical correspondence analysis. *Ecography*, **27**, 291–300.
- Yalçın, H., Karaman, E., & Kılıç, K. (2020). Yumurtacı tavuklarda PCA ile kalite parametrelerinin değerlendirilmesi. *Zootečni Bülteni*, **14**(2), 33–41.