

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞI İLE İLİŞKİLİ GENLERİN FARKLI
BÜYÜME EĞRİSİ MODELLERİ İLE ARAŞTIRILMASI**

Ümit BİLGİNER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2021

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞI İLE İLİŞKİLİ GENLERİN FARKLI
BÜYÜME EĞRİSİ MODELLERİ İLE ARAŞTIRILMASI**

Ümit BİLGİNER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2021

ANTALYA

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

**TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞI İLE İLİŞKİLİ GENLERİN FARKLI
BÜYÜME EĞRİSİ MODELLERİ İLE ARAŞTIRILMASI**

**Ümit BİLGİNER
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

Bu tez 10/06/2021 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Burak KARACAÖREN (Danışman)

Prof. Dr. Yasemin ÖNER

Doç. Dr. Taki KARSLI

ÖZET

TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞI İLE İLİŞKİLİ GENLERİN FARKLI BÜYÜME EĞRİSİ MODELLERİ İLE ARAŞTIRILMASI

Ümit BİLGİNER

Yüksek Lisans Tezi, Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Burak KARACAÖREN

Haziran 2021; 284 sayfa

Bu çalışmada amaç, tavuklarda yumurta ağırlığıyla ilişkili genlerin farklı büyüme eğrisi modelleri ile analiz edilmesidir. Çalışmada, 1063 tavuktan toplanan zamana dayalı (başlangıç, 28, 36, 56, 66, 72 ve 80 haftalık) yumurta ağırlıklarının 294705 SNP ile olan ilişkisinin farklı büyüme eğrileri ile genomik analizleri gerçekleştirildi. Çalışmada ilk kez: üssel, güç, legendre polynomyalleri gibi büyüme eğrileri farklı kovaryans (oto regresif, ARMA, CS, heterojen faktör analitik, faktör analitik, Toeplitz, SAD gibi) yapıları ile denenerek yumurta ağırlığından sorumlu genomik bölgeler araştırılmıştır. Yapılan analizler sonucunda güç büyüme eğrisi ve heterojen faktör analitik kovaryans yapısı en iyi model seçilmiştir.

Bu çalışmada ham veri (1063 tavuk, 294705 SNP), akrabalığa göre seçilen tabakalar (Akrabalık katsayı 0.1 için 1063 tavuk 294702 SNP; Akrabalık katsayısı 0.2 için 1063 tavuk 294699 SNP; Akrabalık katsayısı 0.3 için 1063 tavuk 294705 SNP; Akrabalık katsayısı 0.4 için 1063 tavuk 294700 SNP; Akrabalık katsayısı 0.5 için 1063 tavuk 294697 SNP; Akrabalık katsayısı 0.6 için 1063 tavuk 294692) kullanılarak hem genomik ilişki matrisi ile hem genomik ilişki matrisi yapmadan GEMMA programı ile LMM (Doğrusal karışık model) (Linear Mixed Model) ve tip 1 ve tip 2 hatayı engellemek için çoklu karşılaştırma testleri uygulanmıştır. Yapılan analizler sonucunda en güçlü genomik sinyaller *DLEU7* genine yakın kromozom 1 üzerinde 36 haftalık yaştaki tavukların yumurta ağırlığı verilerinden alınmıştır. Bu çalışmadaki bulgular, marker destekli seleksiyon çalışmalarında ideal yumurta büyüklüğünün gelecekteki üretimi için önemli katkı sağlayabilir.

ANAHTAR KELİMELE: Büyüme Eğrisi, Genomik Seleksiyon, Genomik İlişki Çalışması, Yumurta Ağırlığı

JÜRİ: Doç. Dr. Burak KARACAÖREN

Prof. Dr. Yasemin ÖNER

Doç. Dr. Taki KARSLI

ABSTRACT

INVESTIGATION OF GENES ASSOCIATED WITH EGG WEIGHT IN CHICKENS WITH DIFFERENT GROWTH CURVE MODELS

Ümit BİLGİNER

MSc Thesis in Animal Science

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Burak KARACAÖREN

June 2021; 284 pages

The aim of this study is to analyze genes associated with egg weight in chickens with different growth curve models. In the study, genomic analysis of the associated of time-based (first egg weight, 28, 36, 56, 66, 72 and 80 weeks) egg weights collected from 1063 chickens with 294705 SNPs with different growth curves was performed. For the first time in the study, the genomic regions responsible for egg weight were investigated by testing growth curves such as exponential, Güç, legendre polynomials with different covariance structures (auto-regressive, ARMA, CS, heterogeneous factor analytical, factor analytics, Toeplitz, SAD). Güç growth curve and heterogeneous factor analytical covariance structure were selected as the best model as a result of the analysis.

In this study, LMM (Linear Mixed Model) and multiple comparison tests were applied to prevent experimental errors via GEMMA program, without making both genomic association matrix and genomic association matrix using layers (inbreeding coefficient 0.1 for 1063 chickens 294702 SNP; 1063 chickens 294699 SNP for inbreeding coefficient 0.2; 1063 chickens 294705 SNP for inbreeding coefficient 0.3; 1063 chickens 294700 SNP for inbreeding coefficient 0.4; 1063 chickens 294697 SNP for inbreeding coefficient 0.5 for 0.6 1063 chicken 294692) selected according to inbreeding. As a result of the analysis, the best genomic signals were obtained from the egg weight data of 36-week-old chickens on chromosome 1, close to the *DLEU7* gene. The findings in this thesis can make a significant contribution to the future production of ideal egg weight in marker assisted selection studies.

KEYWORDS: Egg weight, Genomic Association Study, Genomic Selection, Growth Curve

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Burak KARACAÖREN

Prof. Dr. Yasemin ÖNER

Assoc. Prof. Dr. Taki KARSLI

ÖNSÖZ

Tezimin konusunun belirlenmesinde ve yürütülmesinde yardımcı olan danışmanım Doç. Dr. Burak KARACAÖREN'e teşekkür ederim.

Bilgi ve birikimleriyle her zaman yardımcı olan değerli hocam Arş. Gör. Eymen DEMİR'e, süreç boyunca her zaman destek olan değerli arkadaşım Yunus İNAN'a, Fatma Fulya Çetin'e ve Akdeniz Üniversitesi Zootekni bölümü akademisyen kadrosuna teşekkür ederim.

Hayatımın her döneminde türlü fedakarlıklarla desteklerini gösteren değerli aileme yürekten teşekkür ederim.



İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ.....	iii
AKADEMİK BEYAN	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR	x
ŞEKİLLER DİZİNİ	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ	xix
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI.....	2
2.1. Tek nükleotit poliformizmi (SNP).....	5
2.2. Genom Boyunca İlişkilendirme Çalışmaları (GWAS).....	5
2.3. Kantitatif Karakter Lokusu (Quantitative Trait Locus - QTL)	5
2.4. Tavuklarda Genom Boyunca İlişki Çalışmaları.....	6
2.5. Büyüme Eğrisiyle İlgili Yapılan Çalışmalar.....	7
2.6. Kanatlı Hayvanlarda Yapılan Genomik Çalışmalar	9
2.7. Yumurta Ağırlığını Etkileyen Genler Üzerinde Yapılan Genomik Çalışmalar ..	13
2.8. Çoklu Karşılaştırma Testleriyle İlgili Yapılan Çalışmalar	15
2.9. Kovaryans Yapılarıyla İlgili Yapılan Çalışmalar	18
3. MATERYAL VE METOT.....	21
3.1. Materyal	21
3.2. Metot.....	21
3.2.1. Akaike bilgi kriteri (AIC).....	21
3.2.2. Bayesçi bilgi kriteri (BIC).....	21
3.2.3. Kovaryans Yapıları	22
3.2.3.1. Bileşik Simetri (Compound Symmetry, CS)	22
3.2.3.2. Birinci Dereceden Otoregresif	
(First-Order Autoregressive, AR(1))	22
3.2.3.3. Toeplitz kovaryans yapısı (TOEP).....	22
3.2.3.4. Heterojen Toeplitz (TOEPH) varyans-kovaryans modeli	22
3.2.3.5. Huynh-Feldt (HF) varyans-kovaryans modeli	23

3.2.3.6. Birinci dereceden faktör analitik	
[FA(1)] varyans-kovaryans modeli	23
3.2.3.7. Heterojen birinci dereceden otoregresif	
[ARH(1)] varyans-kovaryans.....	23
3.2.3.8. Heterojen bileşik simetri (CSH) varyans-kovaryans modeli.....	24
3.2.3.9. Yapılandırılmış Bağımlılık	
(Structured Antedependence (SAD1)) modeli.....	24
3.2.3.10. Hareketli Ortalamalı Birinci Dereceden Otoregresif	
(First-Order Autoregressive Moving-Average) ARMA(1,1))	25
3.2.4. Fonksiyonel Genom Boyunca İlişkilendirme Çalışmaları	24
3.2.5. Büyüme Eğrisi Modelleri	24
3.2.5.1. Lojistik Büyüme Eğrisi Modeli.....	24
3.2.5.2. Legendre Polinomları	25
3.2.5.3. Üssel Büyüme Eğrisi Modeli	25
3.2.5.4. Bi-üssel Büyüme Eğrisi Modeli	25
3.2.5.5. Güç Büyüme Eğrisi Modeli	26
3.2.5.6. Pharmacology Büyüme Eğrisi Modeli	26
3.2.6. Çoklu Karşılaştırma Testleri.....	26
3.2.6.1. Bonferroni Testi	26
3.2.6.2. Hochberg Yöntemi	27
3.2.6.3. Yanlış Keşif Oranı (FDR) Yöntemi	27
3.2.6.4. Benjamin-Hochberg (BH) Yöntemi	28
3.2.6.5. Sidak'ın tek adımlı (SS) prosedürleri	29
3.2.6.6. Holm Yöntemi.....	29
3.2.7. Temel bileşen analizi	30
3.2.8. GEMMA (Genome-wide Efficient Mixed Model Association.....	
Genom boyunca Etkili Karışık İlişki Modeli).....	31
4. BULGULAR	34
4.1. Güç büyüme eğrisine göre farklı kovaryans yapıları.....	46
4.2. Akrabalığa Göre Seçilen Veriler Üzerinde Yapılan İlişki Analizleri.....	59
4.2.1. Akrabalık katsayısı 0.1 için verilerin kullanılması	59
4.2.2. Akrabalık katsayısı 0.2 için verilerin kullanılması	66

4.2.3. Akrabalık katsayısı 0.4 için verilerin kullanılması	73
4.2.4. Akrabalık katsayısı 0.5 için verilerin kullanılması	80
4.2.5. Akrabalık katsayısı 0.6 için verilerin kullanılması	87
4.3. 7 zaman noktası için temel bileşen analizi	94
4.3.1. Temel bileşen analizi 1. tabaka için yapılan analizler	95
4.3.2. Temel bileşen analizi 2. tabaka için yapılan analizler	101
4.3.3. Temel bileşen analizi 3. tabaka için yapılan analizler	107
4.4. GEMMA Analizleri	113
4.5. Genomik ilişki matrisi yapılan temel bileşen analiz sonuçları	141
4.5.1. Temel bileşen 1. tabakaya yapılan analizler	141
4.5.2. Temel bileşen analizi 2. tabaka için yapılan analizler	168
4.5.3. Temel bileşen analizi 3. tabaka için yapılan analizler	192
4.6. Genomik ilişki matrisi yapılan temel bileşen analiz sonuçları	213
4.6.1. Temel bileşen 1. tabakaya yapılan analizler	213
4.6.2. Temel bileşen analizi 2. tabaka için yapılan analizler	237
4.6.3. Temel bileşen analizi 3. tabaka için yapılan analizler	261
5. TARTIŞMA	281
6. SONUÇLAR	284
7. KAYNAKLAR	285
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Tavuklarda Yumurta Ağırlığı İle İlişkili Genlerin Farklı Büyüme Eğrisi Modelleri İle Araştırılması” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

10/06/2021

Ümit BİLGİNER

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

R^2	: korelasyon katsayısı
μ	: ortalama
Ω_μ	: parametre vektörü
σ^2	: varyans
r^2	: belirleme katsayısı
r	: korelasyon katsayısı
A_m	: ortalama gerçek canlı ağırlıklar
P_m	:ortalama tahmini canlı ağırlıklar
t	:zaman
y	:yaş
A	:olgun ağırlık
B	:ağırlık başlangıç değeri
K	:maksimum büyüme hızı
Q	: keşifler arasındaki yanlış keşiflerin oranı
V	: yanlış keşiflerin sayısı
S	: gerçek keşiflerin sayısı
$n \times c$	:sabit etkiler
I_n	: $n \times n$ birim matrisi
1_n	: 1'in n -vektörü
X	: p işaretleyici n birey $n \times p$ genotip matrisi
y	: n birey için kantitatif özelliklerin bir vektörü
ε	: hata vektörü
τ^{-1}	: kalıntı hataların varyansı
λ	: İki varyans bileşeni arasındaki oran

Tezde ondalık ayraç olarak “.” nokta kullanılmıştır.

Kısaltmalar

A	: Adenin
AIC	: Akaike Information Criterion
AR1	: First-Order Autoregressive
ARH1	: First-Order Autoregressive Heterogeneous
ARMA(1,1)	: First-Order Autoregressive Moving-Average
BIC	: Bayesian Information Criterion
BH	: Benjamin-Hochberg yöntemi
C	: Sitozin
CS	: Bileşik Simetri
CSH	: Heterojen bileşik simetri kovaryans modeli
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit
FA1	: Birinci dereceden faktör analitik kovaryans modeli
FAH1	: Birinci dereceden heterojen faktör analitik kovaryans modeli
FAO	: Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
FDR	: False Discovery Rate
FGWAS	: Functional Genome Wide Association Analysis
FWER	: Family-wise Error Rate
G	: Guanin
GEMMA	: Genome-wide Efficient Mixed Model Association
GÖH	: Göreceli Ölçüm Hatası
GTH	: Göreceli Tahmin Hatası
GWAS	: Genome-wide Association Study
Krm	: Kromozom

HF	: Huynh-Feldt (HF) varyans-kovaryans modeli
OKTH	: Ortalama Kare Tahmin Hatası
REML	: Sınırlı Maksimum Olabilirlik Tahmini
L	: Olabilirlik
LMM	: Linear Mixed Model
MCMC	: Markov Zinciri Monte Carlo
MLE	: Maksimum Olabilirlik Tahmini
SAD1	: Structured Antedependence
SNP	: Tek Nükleotid Polimorfizmi
T	: Timin
TOEP	: Toeplitz kovaryans yapısı
TOEPH	: Heterojen Toeplitz varyans-kovaryans modeli
TBA1	: Temel Bileşen Analizi 1. tabaka
TBA2	: Temel Bileşen Analizi 2. tabaka
TBA3	: Temel Bileşen Analizi 3. tabaka
QTL	: Quantitative Trait Locus

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Bu çalışmada gerçekleştirilen aşamalar ve gerçekleştirilen analizlerin şematik olarak gösterimi	33
Şekil 4.1. İlk yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin Manhattan şekli	34
Şekil 4.2. 28 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin Manhattan şekli	35
Şekil 4.3. 36 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin Manhattan şekli	36
Şekil 4.4. 56 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin Manhattan şekli	37
Şekil 4.5. 66 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin Manhattan şekli	37
Şekil 4.6. 72 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin Manhattan şekli	38
Şekil 4.7. 80 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin Manhattan şekli	39
Şekil 4.8. 7 zaman noktası temel bileşen analizi	94
Şekil 4.9. İlk yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	114
Şekil 4.10. İlk yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	119
Şekil 4.11. 28 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	121
Şekil 4.12. 28 haftalık yaştaki tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	123
Şekil 4.13. 36 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	125
Şekil 4.14. 36 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	127
Şekil 4.15. 56 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	129
Şekil 4.16. 56 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	131
Şekil 4.17. 66 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi	133

Şekil 4.18. 66 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	135
Şekil 4.19. 72 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi	137
Şekil 4.20. 72 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	139
Şekil 4.21. 80 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	141
Şekil 4.22. 80 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	143
Şekil 4.23. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	145
Şekil 4.24. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	147
Şekil 4.25. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	149
Şekil 4.26. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	151
Şekil 4.27. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	153
Şekil 4.28. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	155
Şekil 4.29. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	157
Şekil 4.30. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	159

Şekil 4.31. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	161
Şekil 4.32. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	163
Şekil 4.33. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	165
Şekil 4.34. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	167
Şekil 4.35. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	169
Şekil 4.36. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	171
Şekil 4.37. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	173
Şekil 4.38. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	175
Şekil 4.39. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	177
Şekil 4.40. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	179
Şekil 4.41. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	181
Şekil 4.42. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	183

Şekil 4.43. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	185
Şekil 4.44. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	187
Şekil 4.45. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	189
Şekil 4.46. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	191
Şekil 4.47. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	193
Şekil 4.48. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	195
Şekil 4.49. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	197
Şekil 4.50. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	199
Şekil 4.51. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	201
Şekil 4.52. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	203
Şekil 4.53. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	205
Şekil 4.54. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	207

Şekil 4.55. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	209
Şekil 4.56. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	211
Şekil 4.57. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	213
Şekil 4.58. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	215
Şekil 4.59. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi.....	217
Şekil 4.60. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği	219
Şekil 4.61. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	221
Şekil 4.62. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	223
Şekil 4.63. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	225
Şekil 4.64. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	227
Şekil 4.65. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	229
Şekil 4.66. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	231

Şekil 4.67. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	233
Şekil 4.68. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	235
Şekil 4.69. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	237
Şekil 4.70. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	239
Şekil 4.71. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	241
Şekil 4.72. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	243
Şekil 4.73. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	245
Şekil 4.74. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	247
Şekil 4.75. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	249
Şekil 4.76. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	251
Şekil 4.77. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	253
Şekil 4.78. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	255

Şekil 4.79. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	257
Şekil 4.80. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	259
Şekil 4.81. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	261
Şekil 4.82. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	263
Şekil 4.83. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	265
Şekil 4.84. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	267
Şekil 4.85. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	269
Şekil 4.86. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	271
Şekil 4.87. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	273
Şekil 4.88. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	275
Şekil 4.89. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	277
Şekil 4.90. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	279

Şekil 4.91. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi	281
Şekil 4.92. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği.....	283
Şekil 4.93. <i>DLEU7</i> geni gösterimi	283



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Yumurtanın besin değerleri	1
Çizelge 1.2. Dünya yumurta üretiminde ilk 20 ülke.....	3
Çizelge 4.1. 7 zaman dilimine ait tanımlayıcı istatistikler.....	36
Çizelge 4.2. Büyüme eğrisi uyum özetleri.....	37
Çizelge 4.3. Legendre2 büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri	42
Çizelge 4.4. Legendre3 büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri	43
Çizelge 4.5. Legendre4 büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri	44
Çizelge 4.6. Pharmacology büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri	45
Çizelge 4.7. Üssel büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri.....	46
Çizelge 4.8. Bi-Üssel büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri	47
Çizelge 4.9. Güç büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri	48
Çizelge 4.1. Güç büyüme eğrisi AR1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	49
Çizelge 4.11. Güç büyüme eğrisi ARH1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	50
Çizelge 4.12. Güç büyüme eğrisi ARMA(1,1) kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	51
Çizelge 4.13. Güç büyüme eğrisi CS kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	52
Çizelge 4.14. Güç büyüme eğrisi CSH kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	53
Çizelge 4.15. Güç büyüme eğrisi FA1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	54
Çizelge 4.16. Güç büyüme eğrisi FAH1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	55
Çizelge 4.17. Güç büyüme eğrisi SAD1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	56
Çizelge 4.18. Güç büyüme eğrisi SI kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	57

Çizelge 4.19. Güç büyüme eğrisi TOEP kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	58
Çizelge 4.20. Güç büyüme eğrisi TOEPH kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	59
Çizelge 4.21. Güç büyüme eğrisi VS kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	60
Çizelge 4.22. Güç Büyüme Eğrisi FAH1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	61
Çizelge 4.23. Güç ve Legendere2 büyüme eğrisi uyum özetleri.....	61
Çizelge 4.24. Güç büyüme eğrisi FAH kovaryans yapısı uyum özeti	61
Çizelge 4.25. Legendere2 büyüme eğrisi FAH kovaryans yapısı uyum özeti.....	61
Çizelge 4.26. Legendre2 FAH kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları	62
Çizelge 4.27. Akralalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	63
Çizelge 4.28. Akralalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	64
Çizelge 4.29. Akralalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	65
Çizelge 4.30. Akralalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	66
Çizelge 4.31. Akralalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	67
Çizelge 4.32. Akralalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	68
Çizelge 4.33. Akralalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	69
Çizelge 4.34. Akralalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	70

Çizelge 4.35. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	71
Çizelge 4.36. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	72
Çizelge 4.37. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	73
Çizelge 4.38. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	74
Çizelge 4.39. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	75
Çizelge 4.40. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	76
Çizelge 4.41. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	77
Çizelge 4.42. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	78
Çizelge 4.43. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	79
Çizelge 4.44. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	80
Çizelge 4.45. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	81
Çizelge 4.46. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	82
Çizelge 4.47. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	82

Çizelge 4.48. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	85
Çizelge 4.49. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	85
Çizelge 4.50. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	86
Çizelge 4.51. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	87
Çizelge 4.52. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	88
Çizelge 4.53. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	89
Çizelge 4.54. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	90
Çizelge 4.55. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	91
Çizelge 4.56. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	92
Çizelge 4.57. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	93
Çizelge 4.58. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	94
Çizelge 4.59. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	95

Çizelge 4.60. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	96
Çizelge 4.61. 7 zaman noktasına dayanan temel bileşen analiz sonuçları.....	97
Çizelge 4.62. TBA1 akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	98
Çizelge 4.63. TBA1 akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	99
Çizelge 4.64. TBA1 akrabalık katsayısı 0.3 için 602 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	100
Çizelge 4.65. TBA1 akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	101
Çizelge 4.66. TBA1 akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	102
Çizelge 4.67. TBA1 akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	103
Çizelge 4.68. TBA2 akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	104
Çizelge 4.69. TBA2 akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	105
Çizelge 4.70. TBA2 akrabalık katsayısı 0.3 için 602 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	106
Çizelge 4.71. TBA2 akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	107
Çizelge 4.72. TBA2 akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	108
Çizelge 4.73. TBA2 akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	109
Çizelge 4.74. TBA3 akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	110
Çizelge 4.75. TBA3 akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	111
Çizelge 4.76. TBA3 akrabalık katsayısı 0.3 için 602 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	112

Çizelge 4.77. TBA3 akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	113
Çizelge 4.78. TBA3 akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	114
Çizelge 4.79. TBA3 akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	115
Çizelge 4.80. İlk yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	116
Çizelge 4.81. İlk yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi.....	118
Çizelge 4.82. 28 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	120
Çizelge 4.83. 28 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	122
Çizelge 4.84. 36 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili SNP listesi	124
Çizelge 4.85. 36 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	126
Çizelge 4.86. 56 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	128
Çizelge 4.87. 56 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP	130
Çizelge 4.88. 66 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	132
Çizelge 4.89. 66 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP	134

Çizelge 4.90. 72 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	136
Çizelge 4.91. 72 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	138
Çizelge 4.92. 80 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	140
Çizelge 4.93. 80 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	142
Çizelge 4.94. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	144
Çizelge 4.95. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	146
Çizelge 4.96. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	148
Çizelge 4.97. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	150
Çizelge 4.98. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	152
Çizelge 4.99. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	154
Çizelge 4.100. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	156
Çizelge 4.101. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	158

Çizelge 4.102. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	160
Çizelge 4.103. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	162
Çizelge 4.104. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	164
Çizelge 4.105. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	166
Çizelge 4.106. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	168
Çizelge 4.107. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	170
Çizelge 4.108. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	172
Çizelge 4.109. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	174
Çizelge 4.110. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	176
Çizelge 4.111. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	178
Çizelge 4.112. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	180
Çizelge 4.113. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	182

Çizelge 4.114. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	184
Çizelge 4.115. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	186
Çizelge 4.116. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	188
Çizelge 4.117. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	190
Çizelge 4.118. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	192
Çizelge 4.119. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	194
Çizelge 4.120. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	196
Çizelge 4.121. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	198
Çizelge 4.122. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	200
Çizelge 4.123. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	202
Çizelge 4.124. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	204
Çizelge 4.125. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	206

Çizelge 4.126. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	208
Çizelge 4.127. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	210
Çizelge 4.128. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	212
Çizelge 4.129. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	214
Çizelge 4.130. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	216
Çizelge 4.131. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	218
Çizelge 4.132. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	220
Çizelge 4.133. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	222
Çizelge 4.134. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	224
Çizelge 4.135. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	226
Çizelge 4.136. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	228
Çizelge 4.137. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	230

Çizelge 4.138. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	232
Çizelge 4.139. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	234
Çizelge 4.140. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	236
Çizelge 4.141. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	238
Çizelge 4.142. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	240
Çizelge 4.143. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	242
Çizelge 4.144. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	244
Çizelge 4.145. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	246
Çizelge 4.146. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	248
Çizelge 4.147. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	250
Çizelge 4.148. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	252
Çizelge 4.149. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	254

Çizelge 4.150. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	256
Çizelge 4.151. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	258
Çizelge 4.152. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	260
Çizelge 4.153. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	262
Çizelge 4.154. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	264
Çizelge 4.155. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	266
Çizelge 4.156. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	268
Çizelge 4.157. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	270
Çizelge 4.158. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	272
Çizelge 4.159. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	274
Çizelge 4.160. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	276
Çizelge 4.161. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	278

Çizelge 4.162. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi	280

Çizelge 4.163. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi	282



1. GİRİŞ

Tavukçuluk sektörü günümüzde önemli bir endüstri olmuş ve halen ilerlemeye devam etmektedir. Türkiye’de tavuk sektörü sürekli büyüyen, ihracatını hızlı bir şekilde artıran, yoğun iş istihdamı sağlayan ve tarımı destekleyen yapısıyla Türkiye ekonomisine katkı sağlayan önemli sektörlerden biridir. Yumurta, binlerce yıldır bilinen, dünyanın her yerinde rahatlıkla üretilen, çok çeşitli şekillerde ve kolayca pişirilip tüketilebilen, ucuz, lezzetli ve besin değeri yüksek bir gıdadır. Protein içeriği yüksek olan yumurta; birçok vitamin ve minerali içermesinden dolayı sağlıklı beslenmede büyük rol oynamaktadır. Yumurtanın %58’i beyazı, %30’u sarısı ve kalan %12’si kabuktan oluşur.

Çizelge 1.1. Yumurtanın besin değerleri (Anonim1)

Besin Elementi	Bütün	Beyaz	Sarı
Enerji (kkal)	75	17	59
Protein (g)	6.25	3.52	2.78
Toplam Yağ (g)	5.01	0	5.12
Toplam Karbonhidrat (g)	0.6	0.3	0.3
Yağ Asitleri	4.33	0	4.33
Doymuş Yağlar (g)	1.55	0	1.55
Tekli Doymamış Yağlar (g)	1.91	0	1.91
Çoklu Doymamış Yağlar (g)	0.68	0	0.68
Kolesterol (mg)	213	0	213
Tiamin (mg)	0.031	0.002	0.028
Riboflavin (mg)	0.254	0.151	0.103
Niasin (mg)	0.036	0.031	0.005
B6 Vitamini	0.070	0.001	0.0069
Folat (mcg)	23.5	1.0	22.5
Vitamin B12 (mcg)	0.50	0.07	0.43
Vitamin A (IU)	317.5	0	317.5

Çizelge 1.1.'in devamı

Vitamin E (mg)	0.70	0	0.70
Vitamin D (IU)	24.5	0	24.5
Kolin (mg)	215.1	0.42	214.6
Biotin (mcg)	9.98	2.34	7.58
Kalsiyum (mg)	25	2	23
Demir (mg)	0.72	0.01	0.59
Magnezyum (mg)	5	4	1
Bakır (mg)	0.007	0.002	0.005
İyot (mg)	0.024	0.001	0.023
Çinko (mg)	0.55	0	0.55
Sodyum (mg)	63	55	7
Manganez (mg)	0.012	0.001	0.011

Yumurta, anne sütünden sonra insan vücudun ihtiyacı olan tüm besin maddelerini içeren tek besin kaynağıdır. Yumurta A, D, E ve B Grubu vitaminleri ile diğer vitaminleri de içinde barındırır. Yumurtada proteinden elde edilen fayda yüzde 93.7 iken, bu değer sütte yüzde 84.5, balıkta yüzde 76, sığır etinde de yüzde 74.3 olarak belirtilmiştir. Bir yumurtada bulunan 5 gram civarındaki yağın 1.5 gramı doymuş, kalanını doymamış yağ asitleri oluşturmaktadır. Yumurta, kalp-damar hastalıkları için risk faktörü olan doymuş yağ asitlerini düşük oranda içermektedir (Çelebi vd., 2011). 2018 yılında kişi başı yumurta tüketimi Arjantin'de 280 adet, Japonya'da 333 adet, Almanya'da 230 adet Türkiye' de ise 214 adettir (YUM-BİR, 2018). Türkiye'de tavuk yumurtası üretimi, tavukçuluk sektörünün hızlı gelişmesiyle birlikte 2010 yılından sonra sürekli artış göstermektedir. Yumurta üretimi 2018 yılında 22,3 milyar adet ile rekor seviyeye ulaşmıştır. Son yıllarda üretime olan talebin artmasıyla, yumurta tavukçuluğu sektöründe ciddi artışlar meydana gelmiştir. Bu artışlarla beraber ülkemizin her bölgesinde ticari ve hobi amaçlı yumurta tavukçuluğu yapılmaktadır.

Çizelge 1.2. Dünya yumurta üretiminde ilk 20 ülke (FAO, 2018)

Sıra	Ülke	Üretim (Ton)
1	Çin	31.338.856
2	ABD	6.258.795
3	Hindistan	4.847.500
4	Japonya	2.601.173
5	Brezilya	2.547.171
6	Meksika	2.171.198
7	Endonezya	1.527.135
8	Türkiye	1.250.075
9	Fransa	955.000
10	Ukrayna	886.500
11	Malezya	857.584
12	Almanya	826.200
13	Arjantin	813.000
14	Kolombiya	799.000
15	İran	782.000
16	İngiltere	752.000
17	İtalya	740.320
18	Kanada	550.000
19	Bangladeş	491.000
20	Mısır	428.700

Ticari yumurta üretiminde, yumurtalar A ve B sınıfı olarak kategorize edilmektedir. Taze yumurtalar A sınıfıdır ve üreticilerden her gün toplanması gerekir. Ancak yumurtaların çiftlikte tutulduğu sıcaklığın 18°C'yi geçmemesi koşulu ile toplama ve dağıtım her iki-üç gününde bir gerçekleştirilebilir. A sınıfı yumurtalar, ağırlık yönünden; XL- Çok büyük (73 gram ve üzeri), L- Büyük (63-73 gram), M- Orta boy (53-63 gram) ve S- Küçük (53 gramın altında) şeklinde gruplandırılır. B sınıfı yumurtalar ise, ikinci kalite, konserve edilmiş, saklanmış yumurtalar, pastörize yumurta ürünlerinin üretiminde

kullanılan veya endüstriyel kullanıma özgü yumurtalardır. B sınıfı yumurtaların ağırlık yönünden sınıflandırılmasına gerek yoktur. Endüstriyel yumurtalar insan tüketimine sunulmaz. Bu yumurtalar; sabun, şampuan, kedi köpek maması ve benzeri ürünlerin üretiminde kullanılır (Anonim2).

Gıda güvenliği için artan bir gereksinimle, kimyasalların ve antibiyotiklerin kullanımının azaltılması ve patojenlere karşı genetik direncin artırılması gerekmektedir. Bu yeni özelliklerin geleneksel seleksiyonla ölçülmesi zor ve maliyetlidir. Son zamanlarda hayvancılıkta gelişen moleküler ve istatistiksel teknikler, verimle ilişkili genlerin tespit edilmesine imkan sağlamıştır. Son 80 yılda, seleksiyon ve ıslah çalışmaları sayesinde, hem yumurta hem de et üretim özelliklerinde olağanüstü ilerleme kaydedilmiştir (Burt 2005).

Tavukçulukta genetik ve genomik çalışmalar hem kuramsal hem de uygulamalı genetik açısından önem arz etmektedir (Karacaören, 2017). Çevre şartlarından doğacak çeşitlilik en aza indirgeneceği için ilgilenilen fenotip ile ilgili genlerin etkisi ve ilişkili SNP'ler daha doğru bir şekilde belirlenebilecektir. Bu çalışmanın ana amacı tavuklardan (n=1063) toplanan zamana dayalı (başlangıç, 28, 36, 56, 66, 72 ve 80 haftalık) yumurta ağırlıklarının 294705 SNP ile olan ilişkisinin farklı büyüme eğrileri ile genomik analizlerinin gerçekleştirilmesidir. Liu vd., (2018) geleneksel tekli SNP regresyonunu kullanarak yumurta ağırlığı ile ilgili bazı genomik bölgeler belirlemiş olsa da bu çalışmada ilk kez lojistik, üssel, güç, legendre polynomyalleri gibi büyüme eğrileri farklı kovaryans (oto regresif, ARMA, CS, faktor analitik, Toeplitz, SAD) yapıları ile denenerek yumurta ağırlığından sorumlu genomik bölgeler incelenmiştir.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Tek nükleotit poliformizmi (Single Nucleotide Polymorphism- SNP)

Moleküler biyoloji ve genetik alanındaki gelişmeler populasyonların genetik yapılarının ve QTL'lerinin belirlenebilmesine olanak sağlamıştır. Moleküler genetik çalışmalar sonucunda, protein ve DNA markerleri (RFLP, Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi; RAPD, Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA; AFLP, Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi; SSR, Basit Dizi Tekrarları; SNP, Tek Nükleotid Polimorfizmi) gibi çeşitli teknikler geliştirilmiştir. SNP'ler, DNA dizisinde meydana gelen tek bazlık değişimlerdir. Tek nükleotid polimorfizmleri genomda promotor (regülatör SNP), intron (intron SNP) veya ekzon (sinonim yada sinonim olmayan SNP) bölgelerinde bulunabilmektedir (Işık, 2010). SNP markerleri, çiftlik hayvanlarında genetik çeşitliğin belirlenmesinde, QTL analizlerinde ve genomik seleksiyon çalışmalarında kullanılmaktadır (Aktaş ve Sönmez, 2011). Genomda yaygın rastlanılan bir polimorfizm olması, verimlerin miktar yada kalitesini etkilemesi yanında hastalıklara direnç yada duyarlılık ile ilişkili olması endeniyle her geçen gün kullanımı artmaktadır.

2.2. Kantitatif Karakter Lokusu (Quantitative Trait Locus - QTL)

QTL, genellikle birbirleriyle ve çevreyle olan genetik etkileşimler yoluyla karmaşık bir özelliğin fenotipik varyasyonunu etkileyen genetik bölgelerdir. Bunlar genellikle QTL haritalaması olarak bilinen istatistiksel bir genetik analiz yoluyla tanımlanır. Çiftlik hayvanlarında, genomik haritalamanın temel amacı, verimle ilişkili özelliklerde fenotipik varyasyonu etkileyen genleri tanımlamak ve karakterize etmektir.

2.3. Genom Boyunca İlişkilendirme Çalışmaları (GWAS)

Kantitatif özellikler birçok gen ve çevresel faktör tarafından kontrol edilmektedir. Hayvancılıktaki verimle ilişki özelliklerin çoğu, kantitatif özelliklerdir, örneğin seleksiyon adaylarının damızlık değerlerini tahmin etmek veya bunun altında yatan genlerin veya kromozomal bölgelerin haritalandırılması amacıyla bu özellikler analiz edilmektedir. Daha önceki yıllarda yapılan kantitatif özellikler lokusu (QTL) haritalama çalışmalarında F2 melezleri veya üvey kardeş tasarımları gibi deneysel popülasyonlarda QTL haritaları için seyrek genetik marker haritaları ve bağlantı analizi kullanılmıştır (Weller 1990). Çiftlik hayvanlarında 2004 yılına kadar QTL haritalamacılığında mikrosatelitler yaygın olarak kullanılmıştır. Bu çalışmalarda markerler aracılığıyla segregasyona uğrayan QTL'leri bulmak amaçlanmıştır. Bu çalışmalardaki önemli bir engel, bir ailede belirlenen kantitatif özellik lokusunun başka ailelerde bulunmamasıdır. Bunun en önemli sebebi markerlerin QTL'den uzak olmasıdır. 2000'lerin başında Tek Nükleotid Polimorfizmlerinin (SNP) bulunmasıyla yeni araştırmalara başlandı. İşlevsel mutasyonlar SNP'nin kendisinde olabilir. Hızlı doğru ve ucuz genotiplemeye uygundur. Böylece QTL çalışmaları sadece aile çalışmalarına bağlı olmaktan kurtulmuştur. Bağlantı dengesizliği (LD) yapısı popülasyondaki ailelerden yaratılabilir. İlişki çalışmaları ile deneme desenleri, örneklem büyüklüğü, çoklu hipotez testleri nadir alleller ve etki büyüklüğü, kapsama, tarama konularını dikkate almalıdır.

Hayvancılıkta genom boyunca ilişki çalışmaları (GWAS) ile, et kalitesi ve miktarı, buzağılama kolaylığı, süt verimi, yağ ve protein yüzdesi, doğurganlık özellikleri, yumurta üretimi gibi ekonomik öneme sahip özelliklerle ilişkilendirme çalışmaları

artmaktadır. Genellikle, ırkların farklı genetik mimarisi ve karmaşık özelliklerin poligenik doğası nedeniyle, aynı türün farklı ırklarında farklı bölgeler ve farklı genlerin aynı özellik ile ilişkili olduğu bulunmuştur. Dikkatli yapılırsa, GWAS, çeşitli fenotiplerle ilişkili genleri tanımlamak ve karmaşık özelliklerin mekanizmalarını aydınlatmak için ideal bir yöntem olduğu görülmektedir. Genom boyunca ilişki çalışmalardan elde edilen sonuçları analiz ederken, genellikle aynı anda binlerce hipotez testi yapılmaktadır.

2.4. Tavuklarda Genom Boyunca İlişki Çalışmaları

Canlı ağırlık ve büyüme, kümes hayvanları endüstrisi için önemli ekonomik özelliklerdendir. Bu nedenle, bu özellikleri etkileyen DNA polimorfizmlerinin tanımlanması arzu edilir. Çeşitli GWAS çalışmaları, büyüme özellikleri söz konusu olduğunda Gallus gallus kromozomları 1 ve 4'ün (GGA1, GGA4) özellikle ilgi çekici olduğunu bulmuştur. Gu vd., (2011), Çin tarım üniversitesinin tavuk F2 kaynak popülasyonunda 60 k SNP panelinin kullanımıyla, tavuk kromozomu 4 (GGA4) üzerinde 9 farklı SNP markerlerini içeren toplam 26 SNP etkisi bildirmiştir. Uzunluğu ~ 8.6 Mb olan bir bölgenin (71.6 - 80.2 Mb), 7-12. haftalarda geç büyüme için çok sayıda önemli SNP etkisine sahip olduğu tespit edilmiştir. Yumurta sayısı ve ilk yumurtlama yaşı, yumurtacı tavuk ırklarında istenen iki üretim özelliğidir. Yumurta sayısı ile ilişkili bir SNP'nin, büyüme faktörü reseptörüne bağlı protein 14 (GRB14) geninin intron12'sinde bulunduğu ve büyüme faktörü reseptör bağlayıcı bir proteini kodladığı bildirilmiştir. İnsanlarda ve memelilerde, GRB14 mRNA'nın yumurtalık, karaciğer, böbrek, iskelet kası ve benzerlerinde yüksek düzeyde ifade edildiği bulundu, ancak GRB14'nın tavuktaki işlevi tanımlanmamış olmasına rağmen, insülin benzeri büyüme faktörü sistemi ile birleşebileceği raporlanmıştır. Yumurtacı ırklarda yumurta üretimini etkiler. Tek Oz / ten- m homolog 2'nin intron2'sindeki bir SNP (ODZ2) geninin ilk yumurta yaşı ile önemli ölçüde ilişkili olduğu bildirilmiştir. Teneurin-2 olarak da bilinen ODZ2, bir nöronal hücre yüzey proteinini kodlar ve sinir sisteminin gelişiminde önemli bir rol oynar. Teneurin'in gelişen tavuk beyinde ve özellikle retina ve optik tektumu içeren görsel sistemde belirgin bir şekilde eksprese edildiği raporlanmıştır. Teneurin-2, tavukların cinsel olgunluğu üzerinde etkili olabileceği belirtilmiştir (Liu, 2011).

GWAS çalışmaları, Marek hastalığı ve Newcastle hastalığının genetiğine ilişkin bir fikir sağlamıştır. Adını Macar veteriner Jozsef Marek'den alan Marek hastalığı, herpes virüsünün neden olduğu oldukça bulaşıcı bir viral hastalıktır. Wolc vd., (2012) tarafından yapılan bir çalışmanın sonuçları, GGA 2, 3, 4, 9, 15, 18 ve 21 kromozomları üzerindeki bazı bölgelerin Marek hastalığına karşı direnç ile ilişkili olduğunu öne sürdü. Serpinler, BCL-2 proteinleri gibi birçok gen; tümör nekroz faktör reseptör süper ailesi, üye 11a (TNFRSF11A) , unc-13 homolog D (UNC13D), sfingosin, FG tekrarlı ArfGAP 1 (AGFG1), mitojenle aktive edilmiş protein kinaz kinaz 4 (MAP2K4), IGFBP7; reseptör (TNFRSF) - etkileşimli serin-treonin kinaz 1 (RIPK1), tanımlandı. Ayrıca, yolak akson rehberlik reseptörü, homolog 1 (ROBO1) ve ROBO2 genleri dahil, tavuk kromozomu 1'in proksimal ucundan yaklaşık 100 Mb'deki bölge , Newcastle hastalığı virüsüne (NDV) karşı antikör tepkisi üzerinde güçlü bir etkiye sahiptir. tavuklarda. Bu çalışma, NDV'ye karşı konakçı immün tepkisi üzerine daha fazla araştırma yapılmasının yolunu açmaktadır (Luo ve diğerleri, 2013).

Uemoto vd., (2009) tavuklarda büyüme ve karkas özelliklerini etkileyen QTL'nin genetik haritalaması üzerine yaptıkları çalışmada, Shamo ırkı ve White Plymouth Rock

çaprazlanarak F2 populasyonu oluşturulmuştur. Bu çalışmada amaç, karkas ağırlığı, karın yağ ağırlığı, göğüs kası ağırlığı ve uyluk kası ağırlığı gibi büyüme özelliklerini ve karkas özelliklerini etkileyen QTL'nin varlığını doğrulamaktır. Toplam 14 QTL bulunmuş ve bunlardan 7 QTL değerlendirilmiştir. Bu çalışma vücut ağırlığı, karkas ağırlığı ve karın yağ ağırlığını etkileyen önemli QTL tanımlanmıştır.

Karmaşık verimle ilgili bölgeler yakınındaki mutasyonlar, moleküler genetikteki ilerlemeler sayesinde tespit edilebilmektedir. Çevre şartlarının diğer çiftlik hayvanlarınıninkine göre daha homojen olması ve kuşaklar arası sürenin az olması gibi nedenlerden dolayı tavukçulukta genomik çalışmaları hem uygulamalı hem de kuramsal genetik için önem arz etmektedir. Literatürde tavuklarda yumurta ağırlığından sorumlu genetik ve genomik faktörlerle ilgili sınırlı sayıda çalışma mevcuttur. Bununla birlikte yumurta ağırlığı hem ıslahçı açısından hem de tüketici açısından en önemli özelliklerden bir tanesidir. Yumurta ağırlığının kalıtımsallığının yüksek olduğu önceki çalışmalarda gösterilmiştir. Yumurta ağırlığının kalıtım derecesi genel olarak yüksek olduğu için, istenen yönde değiştirilmesi diğer özelliklere göre daha kolaydır. Bu bağlamda tavukçulukta genetik ve genomik çalışmaları hem kuramsal hem de uygulamalı genetik açısından önem arz etmektedir. Çevre şartlarından doğacak çeşitlilik en aza indirgeneceği için ilgilenilen fenotip ile ilgili genlerin etkisi ve ilişkili SNP'ler daha doğru bir şekilde belirlenebilecektir. Bu bağlamda bu çalışmanın ana amacı farklı büyüme eğrileri ve kovaryans yapıları ile yumurta ağırlığı için tavuklarda genomik ilişki analizlerinin gerçekleştirilmesi ve varsa ilgili gen ve/veya genomik bölgelerin belirlenmesidir.

2.5. Büyüme Eğrisiyle İlgili Yapılan Çalışmalar

Kaplan vd. (2017) Japon Bildircinları üzerinde yaptıkları çalışmada seleksiyon uygulanmamış, rastgele çiftleşen bir Japon bildircinı sürüsünde büyüme özellikleri için kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonları tahmin etmişlerdir. Çalışmada toplam 1108 bildircin kullanılmıştır. Bildircinların canlı ağırlıkları kuluçkadan çıktıktan sonra 6 hafta boyunca ölçülmüştür. Veriler Gompertz büyüme modeli ile analiz edilerek ve model parametreleri tahmin edilmiştir. Araştırmada kısıtlanmış maksimum olabilirlik tahmin yöntemi kullanılmıştır. Diğer büyüme özellikleri ile kıyaslandığında bükülme noktası ağırlığı kendine özgü avantajlarından dolayı kesim yaşını belirlemek üzere gerçekleştirilecek bir ıslah çalışmasında seleksiyon kriteri olarak kullanılabileceği bildirilmiştir.

Türker vd. (2017) yumurtacı hibrit Lohmann Brown ve Atak-S sürülerinde yaptığı çalışmada 24-80 haftalar arasında dörder haftalık olarak ölçülen yumurta ağırlıkları bakımından iki genotipin karşılaştırılmasını ve yumurta ağırlıklarının zamana bağlı değişiminin modellenmiştir. Eğri tahmin yöntemleri ve doğrusal olmayan regresyon modelleri kullanılarak yapılan çalışmada, 3 ampirik model (doğrusal, kuadratik, kübik) ve üç mekanistik model (Gompertz, Logistic, Von Bertalanffy) kullanılmıştır. Çalışmanın sonucunda en doğru sonucun Gompertz modeli ile elde edildiği belirlenmiştir.

Yakupoğlu ve Atil (2001) tarafından yapılan çalışmada, Cobb ve Hubbard ticari piliç sürülerinde haftalık vücut ağırlığı değerleriyle Gompertz ve von Bertalanffy fonksiyonları kullanılarak analiz edilmiş ve Gompertz modelinin von Bertalanffy'den daha iyi açıkladığını bildirmişlerdir.

Narinç vd. (2010) randomize bir Japon bıldırcın sürüsünün büyüme verileri için on büyüme fonksiyonunu (Gompertz, Richards, Lojistik, Bertalanffy, Brody, Negatif Üstel, Morgan-Mercer-Flodin ve üç Hiperbolastik model) karşılaştırmıştır. Gompertz modelinin, uygunluk kriterlerine göre tüm aday modeller arasında Japon bıldırcını için en uygun olduğu belirtilmiştir.

Özkan ve Kocabaş (2004) bıldırcınlarda büyüme eğrileri üzerine yaptıkları çalışmada, Gompertz, Bertalanffy ve Logistik modellerin kullanıldığı ve çalışmada her iki cinsiyet için de Logistik modeli diğer modellere göre daha iyi sonuç verdiği bildirilmiştir.

Lusk (2007), 2 leptin SNP'nin, ticari olarak beslenen nispeten büyük bir sığır örneğinden tahmin edilen vücut ağırlığı ve sırt yağı için büyüme eğrisi parametreleri üzerindeki etkisini araştırmıştır. İki SNP (UASMS2 ve R25C) için, 1,653 dana ve düve genotiplendirilmiştir. Kesime kadar her hayvan için en fazla 4 seri vücut ağırlığı ölçümü ve sırt yağı kalınlığının ultrason tahminleri alınmıştır. Çalışmada veri analizinde, her bir SNP'nin büyüme eğrisi parametreleri üzerindeki bireysel ve ortak etkisini belirlemek için doğrusal olmayan karma modellerin tahmini gerçekleştirilmiştir. Brody büyüme eğrisi, vücut ağırlığı verilerine uyarlanmıştır. R25C SNP'deki varyasyonlar, büyüme parametrelerini tek başına veya UASMS2 SNP ile kombinasyon halinde önemli ölçüde etkilememiştir. UASMS2 SNP'deki varyasyonlar, vücut ağırlığı büyümesi için Brody büyüme eğrisi parametrelerinde anlamlı çıkmıştır ($P < 0.001$). R25C ve UASMS2 SNP'nin birleşik etkisini içeren modeller, verilere en iyi uyumu sağladı. Genotipler, sırt yağ büyümesi için güç fonksiyonu parametrelerinde önemli ölçüde farklılık göstermiştir ($P < 0.001$).

Ersöz ve Alpan (1994) tarafından yapılan doğrusal olmayan büyüme modellerinin incelenmesi ve parametre tahmini çalışmasında, büyümeyi tanımlayan modeller karşılaştırılarak doğrusal olmayan büyüme için en uygun istatistik modelin belirlenmesi amaçlanmıştır. Richards büyüme modeli üç dönemde kuluçkadan çıkan civcivlerde ve üç dönemi bir arada ele alan tüm biyolojik materyal için büyümeyi en iyi belirleyen model olduğu sonucuna varılmıştır. Uyum ve güvenilirlik konusunda Richards modelini sırasıyla Brody, Stevens, Bertalanffy, Gompertz ve Lojistik modelleri izlemiştir.

Keskin (1999) Japon bıldırcınlarında büyüme eğrilerinin genetik analiziyle ilgili yaptığı çalışmada, büyüme eğrisi parametrelerine ait kalıtım dereceleri ve büyüme eğrisi parametreleri arasındaki fenotipik ve genetik korelasyonlar belirlenerek bu parametrelerin seleksiyon kriteri olarak kullanılabilme imkanını tartışmıştır. Elde edilen sonuçlara dayanarak, Gompertz modeline ait her üç parametrenin de seleksiyon kriteri olarak kullanılabilmesi, asimptotik canlı ağırlık parametresinin seleksiyon kriteri olarak kullanılması ile canlı ağırlık artışı bakımından önemli bir genetik ilerlemenin sağlanabileceği ve diğer parametrelere göre yapılacak seleksiyonun canlı ağırlığa göre yapılacak seleksiyonla elde edilecek genetik ilerleme kadar başarılı olamayacağı ileri sürülmüştür.

Eleroğlu vd. (2016) etlik piliçlerde büyümeyi doğrusal olmayan modeller kullanarak karşılaştırmak amacıyla yaptıkları bu çalışmada, Ross 308 hattının cinsiyet ayırımı yapılmış 240 adet günlük yaşta etlik civciv kullanmıştır. Etlik civcivler her bölmede 10 dişi ve 10 erkek olacak şekilde karışık 20 hayvan, 3 tekerrürlü tesadüf

parselleri deneme deseninde rastgele dağıtılmışlardır. Altı haftalık deneme boyunca haftalık bireysel tartımlar yapılarak veriler toplanmıştır. Büyüme eğrilerinin karşılaştırılması amacıyla Gompertz ve Lojistik modeller kullanılmıştır. Bu çalışmanın sonucunda etlik piliç kesim yaşı 42 gün veya altında bulunduğu ve her iki modelden elde edilen parametrik değerlerle bu süre içinde gözlenen büyüme verilerinin yüksek oranda uyumluluğu olduğu, doğrusal olamayan Gompertz ve Lojistik modeller ticari etlik piliç yetiştiriciliğinde büyümenin takip edilmesinde kullanılabileceğini belirtmiştir. Ancak, gezen veya organik üretim gibi besi süresini uzatan yetiştirme sistemlerinde uygulanacak büyüme modellerinin uyumunda farklılık gözlenebileceğini bildirmişlerdir.

2.6. Kanatlı Hayvanlarda Yapılan Genomik Çalışmalar

Tuiskula-Haavisto vd. (2002) tarafından yapılan çalışmada, yumurtacı hatların genom taramasıyla yumurta kalitesi ve verim özelliklerini etkileyen QTL'lerin belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu amaçla, yumurta kabuğu kalınlığı ve yumurta beyazı inceltme açısından farklılık gösteren iki yumurtacı hat, bu özellikler için ayrışan bir haritalama popülasyonu oluşturmak için melezlenmiştir. Haritalama popülasyonu, 9 kromozomu ve beş küçük bağlantı grubunu kapsayan 99 mikrosatelit lokusu için genotiplendirildi. Bağlantı haritaları, birden çok marker ve en küçük kareler yaklaşımı kullanılarak 14 özelliği etkileyen QTL bölgesinde kullanıldı. 2, 3, 4, 5 ve 8 ve Z kromozomunda bulunan ve altı önemli QTL tespit edilmiştir. 2. kromozom üzerinde yumurta akı inceltmesini etkileyen kromozom Z üzerinde ise yumurta kalınlığı için, önemli bir QTL bulundu. Üretim özellikleri için en ilginç alan, aynı alanda vücut ağırlığı, yumurta ağırlığı ve yem alımı için oldukça önemli QTL etkilerinin tespit edildiği kromozom 4'teydi. İlk yumurta yaşını, yumurta ağırlığını ve yumurta sayısını etkileyen bir alan Z kromozomu üzerinde bulunduğu bildirilmiştir.

Minvielle vd. (2006) yaptıkları çalışmada, japon bıldırcınlarının büyümesini, yem tüketimini, yumurta üretimini, tonik immunitateyi ve vücut sıcaklığını etkileyen QTL'nin tespit edilmesi için mikrosatelit haritası çıkarmıştır. Çalışmada, 434 dişi bıldırcın ile yapılan bir deneyde ticari özellikler ve daha temel karakterler için QTL'yi saptamak ve tespit edilen QTL'nin konumunu, ilk tavuk genomu taramalarındakilerle karşılaştırılmıştır. CJA01 gen bölgesinde tonik immobilitate için önemli bir QTL bulunmuştur ve CJA01 ve CJA03 gen bölgelerinde vücut sıcaklığı için kromozom boyunca önemli QTL tespit edildiği bildirilmiştir.

Wolc vd. (2014) yaptıkları çalışmada, tüm genom tahmini için geliştirilen analiz yöntemlerini kullanarak tavukların yumurta üretimi ve kalite özellikleri ile ilişkili genomik bölgeleri bulmayı amaçlamışlardır. Genetik varyansın %32'sini açıklayan en büyük QTL, vücut ağırlığı için 78 Mb'de 4. kromozom üzerinde bulunduğu ancak diğer özellikler üzerinde pleiotropik etkileri olduğu raporlanmıştır.

Esmailzadeh vd. (2012) yaptıkları çalışmada, kromozom 1'de büyümeyi etkileyen kantitatif özellik lokuslarının (QTL) tanımlama amaçlanmıştır. Canlı ağırlık verileri, Japon bıldırcın ırkından oluşturulan yarı kardeş bir aileden alındı. Vücut ağırlığını 3, 4, 5 ve 6 haftalıkken etkileyen ortalama QTL, günlük ortalama canlı ağırlık artışı ve yem tüketimi için dolaylı bir kriter olan Kleiber oranı, 0–23 cm'de kromozom

1'de haritalandı. Japon Bildiricn ailesi ve QTL etkisinin büyüklüğü, standart sapma biriminde 0.6 ile 1.1 arasında değişmiştir.

Sasaki vd. (2004) yaptıkları çalışmada, White Leghorn ve Rhode Island Red ırklarından elde edilen 265 tavuğu içeren ve 123 mikrosatelit markeri için genotiplenen bir F2 popülasyonu oluşturmuşlardır ve QTL'yi tespit etmek için kullanmışlardır. 96 marker, 25 otozomal bağlantı grubunda haritalanmıştır ve 13 marker, bir Z kromozomal bağlantı grubunda eşlendi. Kromozom 4 ve 27'de vücut ağırlığı için önemli QTL, 4. kromozom üzerinde yumurta ağırlığı ve 11. kromozom üzerinde yumurta kabuğu renginde kızarıklık tespit edilmiştir. Z kromozomu üzerindeki önemli bir QTL, ilk yumurtlama yaşıyla bağlantılı bulunmuştur. Önemli QTL, F2 popülasyonundaki fenotipik varyansın % 6-19'unu açıklayabildiği bildirilmiştir.

Schreiweis vd. (2006) yaptıkları çalışmanın birincil amacı, bir tavuk popülasyonunda yumurta özellikleri, yumurta üretimi ve vücut ağırlığı ile ilişkili kantitatif özellik lokuslarını (QTL) belirlemektir. Yumurtacı (Beyaz Leghorn tavukları) ve broiler (Cobb-Cobb horozları) hatları, 508 tavukluk bir F2 popülasyonu oluşturmak için melezlenmiştir. 29 özellik için fenotipler (yumurtadan 6 haftaya kadar haftalık vücut ağırlığı, yumurta, yumurta sarısı, sarısı ve kabuk ağırlığı dahil yumurta özellikleri, kabuk kalınlığı, kabuk delinme skoru, kabuk yüzdesi ve 35 ve 55 haftalık yumurta kabuğu rengi, ve 16 ila 55 haftalık yumurta üretimi) kaynak popülasyonunun tavuklarında ölçülmüştür. 28 otozomal grup üzerinde 120 mikrosatelit markerlerin genotipleri belirlendi ve varsayılan QTL'yi belirlemek için aralık haritalaması yapıldı. Kromozom 2 ve 4'teki iki bölgeyi temsil eden 11 QTL testi, % 5 genom açısından önemli bulunmamıştır. Bu QTL yumurta rengini, yumurta ve albümin ağırlığını, kabuk yüzdesini, vücut ağırlığını ve yumurta üretimini etkilediği belirtilmiştir. 4. kromozom üzerinde QTL bölgesi, birden çok kaynak popülasyonunda çeşitli özelliklerle önemli ölçüde ilişkili kritik bir bölge olarak tanımlayan birden çok QTL çalışmasıyla tutarlı olduğu bildirilmiştir.

Zhou vd. (2006) tavuklarda fenotipik özellikleri etkileyen kromozomal bölgeleri tanımlamak için genom boyunca ilişki analizi üzerine yaptıkları çalışmada, ekonomik öneme sahip kantitatif özellikleri kontrol eden kromozomal bölgeleri ve QTL'yi tespit etmek için bir genom taraması kullanılmıştır. 8 kantitatif özellik için, kromozom bakımından % 1 anlamlı düzeyde canlı ağırlık artışıyla ilişkili toplam 13 önemli QTL tespit edildiği bildirilmiştir.

Zhuang vd. (2018) tavuklarda yumurta ağırlığı ile ilişkili genomik varyasyonları tanımlamak için genom boyunca bir ilişki çalışması yapmışlar. GGA1'deki bir 90 Kb genomik bölgenin (169.42 Mb ~ 169.51 Mb) 36 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı ile anlamlı bir şekilde ilişkili olduğunu ve ayrıca potansiyel olarak 28, 56 ve 66 haftalık yumurta ağırlığı ile ilişkili olduğunu ortaya koymaktadır. İki gen (*DLEU7* ve *MIR15A*) bu önemli bölgeye haritalanabilir ve yumurta ağırlığını pleiotropik bir şekilde etkileyebilir. Ayrıca, embriyogenez ve organogenez işlemlerinde yer alan bir gen (GGA1'de *CECR2*) ve iki gen (GGA3'te *MEIS1* ve *SPRED2*), sırasıyla ilk yumurta ağırlığı ve 56. hafta yumurta ağırlığı ile ilgili aday genler olarak kabul edildiği belirtilmiştir.

Liao vd. (2016) tarafından yapılan çalışmada, 252 Dongxiang ve 252 White Leghorn tavuklarında genom dizileme yoluyla genotipleme yapılmıştır. Genom boyunca

ilişkilendirme çalışmaları, ırklar arasında daha az bağlantı dengesizliği (LD) nedeniyle hassasiyeti artırılabilir, Dongxiang ve White Leghorn ırklarında büyüme ve yumurta özelliklerinin altında yatan varyantları tanımlamak için 156.575 SNP ile GWAS yapıldı. Yapılan analiz sonucunda büyüme ve yumurta özellikleriyle ilişkili 32 SNP ortaya koyulmuştur.

Fulton vd. (2012) yaptıkları çalışmada ticari yumurtlacı tavuklarda ovokaliksin-32 genindeki değişim ve yumurta üretimi ile yumurta kalitesi özellikleri arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. *Ovocalycin-32 (OCX32)*, yumurta kabuğunun dış katmanlarında ve kütikülde bulunan bir matris proteinidir. Bu nedenle, *OCX32* ticari kanatlı hayvan popülasyonlarındaki yumurta kabuğu özelliklerinin seçimi için aday bir gendir. *OCX32* geninin 2-6 ekzonlarının sekiz kahverengi ve beyaz ticari yumurtacı hatlarında sıralanması, 28 SNP ortaya koydu. Her iki eksonda da tam bağlantı dengesizliğindeki SNP kümeleri bulundu, hem eksonlarda hem de 6. kromozomda bulunmuştur. *OCX32* proteininin toplam 19 farklı versiyonu veya protein sekansı haplotipleri, ticari hatlarda önemli farklılıklar ortaya çıkardı. Sürekli ilişki çalışmaları, *OCX32*'nin beyaz yumurtacı hatlarda kabuk rengi üzerinde önemli bir etkisi olduğunu ve albümen yüksekliği, erken yumurta ağırlığı, ve yumurta sarısı ağırlığı üzerinde önemli etkileri olduğunu ortaya koydu. Her iki eksonda da tam bağlantı dengesizliğindeki SNP kümeleri bulundu, hem eksonlarda hem de 6'da bulundu. *OCX32* proteininin toplam 19 farklı versiyonu veya protein sekansı haplotipleri, ticari hatlarda önemli farklılıklar ortaya çıkarıldığı bildirilmiştir.

Liu vd. (2011) Leghorn ve cüce tavuklarda genom boyunca ilişkilendirme analizi (GWAS) çalışmasında, 57.636 marker içeren yüksek yoğunluklu bir SNP dizisi ile yumurta üretimi ve kalite özelliklerinin altında yatan ilişkili varyantları tanımlamaya çalışmışlardır. Her birey için ilk yumurta yaşı, ilk yumurta ağırlığı 21 ve 56 haftalık yaştaki yumurta sayısı bakımından birçok anlamlı SNP de tespit edilmiş ve bazılarının önceden bildirilmiş QTL bölgelerinde yer aldığı raporlanmıştır.

Jin vd. (2015) tarafından yapılan çalışmada, safkan Yancheng tavuklarında SLAFseq teknolojisini kullanarak yeni bir genom boyunca ilişkilendirme çalışması yapılmıştır. Fenotipik özelliklerle anlamlı bir şekilde ilişkili olan SNP GAPIT-sıkıştırılmış karışık doğrusal modeller ile tanımlanmıştır. GGA4'te 72,3 ila 82,1 Mb arasında değişen bir bölge, büyüme özellikleri üzerinde güçlü bir ilişkiye sahip olduğu bildirilmiştir. Dört gen (FAM184B, KCNIP4, MIR15A ve GLI3) vücut ağırlığı ile yakından ilişkili bulunmuştur. Bazı SNP'ler daha önce bildirilen QTL bölgeleriyle eşleştiği bildirilmiştir.

Amuzu-Aweh vd. (2018), Afrika ve Tanzanya'daki yerel tavuk ırklarında yaptıkları çalışmada, 2800 tavuk kullanarak genetik ilişkilendirme çalışması (GWAS) yapmışlardır. Genom boyunca ilişkilendirme analizi, 1. Kromozom üzerindeki antikor tepkisi için aday bir gen bölgesi de dahil olmak üzere genetik varyansın % 0.5'inden fazlasını açıklayan birkaç genomik bölgeyi ortaya çıkarmıştır.

2.7. Yumurta Ağırlığını Etkileyen Genler Üzerinde Yapılan Genomik Çalışmalar

Tavuk genom projesi ile 2004 yılında genom dizisinin açıklanması (International Chicken Genome Sequencing Consortium, 2004), kanatlı hayvan ıslahında genomik seleksiyon çalışmaların yaygın olarak kullanılmasına olanak vermiştir. Dünya’da öncü damızlık firmaları genomik bilgilerin ıslah çalışmalarında kullanılması amacıyla yoğun araştırmalar yapmaktadır. Yapılan çalışmaların bir kısmı tavuklarda yumurta ağırlığının genetik ilişkisini ortaya koymaya çalışmış ancak çoğu bir veya iki zaman noktasına odaklanmıştır. Bu da yumurtlama periyodunun tamamında yumurta ağırlığına ilişkin çok az bilginin mevcut olduğu anlamına gelmektedir (Wright vd., 2006; Liu vd., 2011).

Rome vd. (2015) tarafından yapılan çalışmada, 600K SNP çipi ile yumurta özelliklerini etkileyen QTL’ler ve bu QTL’lerin etkilerinin beslenme ve yumurta toplama yaşı arasında farklılık gösterip göstermediğinin araştırılması amaçlanmıştır. 16 yumurtlama özelliği için 131 QTL tespit edildi ve 16. ve 25. kromozomlar hariç tüm işaretli kromozomlara dağıtıldığı raporlanmıştır. Bir QTL ile açıklanan varyans yüzdesinin, beslenme ve yumurta toplama yaşına bağlı olarak çeşitli özellikler için % 2 ila 10 arasında değişiyordu. 3, 9, 10 ve Z kromozomlarının her birinde sekizden fazla QTL ile temsil edildiği bildirilmiştir. 131 QTL arasında 60’ı beslenmeye veya yumurta toplama yaşına bağlı olarak önemli ölçüde farklı bir etkiye sahip olduğu bulunmuştur. Yumurta üretimi özellikleri için, QTL $\times$ Çevre etkileşimi önemli olduğunda, SNP etkilerinin markerin çok sayıda tersine döndüğü gözlenirken, yumurta kalitesi özellikleri için, QTL $\times$ Çevre etkileşimi çoğunlukla SNP etkilerinin büyüklük farklılığından kaynaklanmakta olduğu bildirilmiştir. Sonuçlar, çok sayıda QTL’nin yumurta üretimini ve yumurta kalitesi özelliklerini etkilediğini ve yumurtacı tavukların yumurta üretimi için çevrelerine uyum sağlama yeteneğini şekillendirmede rol alan genomik bölgelerin çevresel koşullara bağlı olarak değiştiğini göstermekte olduğu bildirilmiştir.

Yi vd. (2015) GWAS serisinde Affymetrix 600 K SNP çip kullanarak, F2 populasyonunda, farklı yaşlardaki yumurta ağırlığının genetik ilişkisini ortaya koymak için bir çalışma yapmışlardır. Yapılan bu çalışmada *NCAPG* geninde bir bölge tespit etmişlerdir. Tavuk QTL veri tabanında GGA4’te yumurta ağırlığını etkileyen QTL’lerin araştırılmasından sonra, bu bölgenin Beyaz Leghorn’larda yumurta ağırlığı ile ilişkili olabileceği ileri sürülmüştür (ANIMALGENOME, 2019). Bu araştırmacılar, yumurta veriminin yüksek olduğu genç tavuklar üzerinde çalışma yaptıklarından dolayı yumurta verimi yüksek olduğu bildirilmiştir.

Sun vd. (2015) tarafından yapılan çalışmada, yumurtlama başlangıcından 72 haftalık olana kadar 11 yaş noktasında yumurta sarısı ağırlığını ölçülmüş ve genom boyunca kapsamlı bir ilişkinin parçası olarak 73. haftada folikül ağırlığını ve yumurtalık ağırlığı ölçülmüştür. Çalışmada Beyaz Leghorn ve Dongxiang tavukları arasındaki karşılıklı melezlemelerden elde edilen F2 kuşakta toplam 1.534 tavuk kullanılmıştır. Tüm yaşlar için, yumurta sarısı ağırlığı orta derecede tek nükleotid polimorfizmi tabanlı kalıtsallık tahminleri (0.25-0.38) sergilerken, folikül ağırlığı (0.16) ve yumurtalık ağırlığı (0.20) tahminleri nispeten düşüktü. Her özellik için bağımsız tek değişkenli genom boyunca taramalar sırasıyla yumurta sarısı ağırlığı, folikül ağırlığı ve yumurtalık ağırlığı ile 12, 3 ve 31 yeni önemli ilişki belirledi. *ZAR1*, *STARD13*, *ACER1b*, *ACSBG2* ve

DHRS12 gibi aday genlerin listesi yumurta sarısı ve folikül gelişiminde makul bir işlevi olduğu tespit edilmiştir. Bu genler sırasıyla embriyogenez, lipid transportu, lipoprotein sentezi ve steroid hormon metabolizmasının başlatılması için önemlidir. Çalışma ilk kez folikül ve yumurtalık ağırlığı için genom boyunca bir ilişki (GWA) analizi sağlamaktadır. Gelecek vaat eden lokusların yanı sıra potansiyel aday genlerin belirlenmesi, dinamik yumurta sarısı ağırlığı ve yumurtalık folikülü gelişiminin altında yatan genetik temeli anlamamızı büyük ölçüde geliştirecek ve farklı yaş noktalarında yumurta sarısı ağırlığının değiştirilmesi için ıslah programlarında pratik bir öneme sahip olduğunu belirtmişlerdir.

Wolc vd. (2012) tavuklarda yumurta ağırlığı ile genom ilişkisini ortaya koymak amacıyla orta yoğunluklu SNP çipleri kullanmışlardır. Yapılan çalışmada, ticari bir kahverengi yumurtacı hattında üç yaştaki yumurta ağırlığının ortalama ve standart sapması ile ilişkili genomik bölgeleri tanımlamak için genomik tahmin modeli Bayes-B kullanılmıştır. Toplam 24.425 ayrı SNP, 2900'den fazla genotipli birey veya aile kullanılarak aynı anda değerlendirilmiştir. Karşılık gelen fenotipik kayıtlar, tam kardeş soydan gelen bireysel ölçümler veya aile ortalamaları olarak temsil edildi. Genetik mimariyi tanımlamak ve en büyük etkilere sahip bölgeler hakkında istatistiksel çıkarımlar yapmak için Monte Carlo Markov Zinciri örneklerinden pencere varyanslarının posterior dağılımını kullanan yeni bir yaklaşım kullanılmıştır. Kromozom 4 üzerindeki bir QTL bölgesinin, belirli yaşlarda yumurtlanan yumurtaların ağırlığının ortalaması (% 30) ve standart sapması (% 16'ya kadar) için genetik varyansın büyük bir oranını açıkladığı bulunmuştur. Kromozom 2, 5, 6, 8, 20, 23, 28 ve Z üzerinde daha küçük etkilere sahip ek bölgeler, ortalama yumurta ağırlığı ve kromozom 13 üzerindeki bir bölge ile 26-28 haftalık yumurta ağırlığının standart sapması ile anlamlı ilişkiler gösterdi. Analiz edilen özelliklerin genetik mimarisi, sınırlı sayıda gen veya büyük etkilere sahip genomik bölge ve küçük poligenik etkilere sahip birçok bölge ile karakterize edildi. 4. kromozom üzerindeki bölge, marker destekli seleksiyon ile yumurta ağırlığının hem ortalama hem de standart sapmasını ıslah etmek için kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Liu vd. (2018) yumurta ağırlığı ile ilişkili genomik varyasyonları belirlemek için genom boyunca bir ilişki çalışması gerçekleştirmiştir. Affymetrix 600 K yüksek yoğunluklu SNP dizisini, ilk yumurtlamadan 80 haftalık yaşa kadar yedi zaman noktasında 1.078 tavukluk bir popülasyonda kullanmışlar. GGA1'deki 90 Kb'lik bir genomik bölgenin (169.42 Mb ~ 169.51 Mb) 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı ile önemli ölçüde ilişkili olduğunu ve ayrıca 28, 56 ve 66 haftalık yumurta ağırlığı ile potansiyel olarak ilişkili olduğunu ortaya koymuşturlar. Önde gelen SNP, fenotipik varyasyonun% 3.66'sını oluşturabilir, umut verici iki gen (*DLEU7* ve *MIR15A*) bu dar önemli bölgeye haritalanabilir ve yumurta ağırlığını pleiotropik bir şekilde etkileyebileceği belirtilmiştir.. Ek olarak, embriyogenez ve organogenez süreçlerinde yer alan bir gen (GGA1'de *CECR2*) ve iki gen (GGA3'te *MEIS1* ve *SPRED2*), sırasıyla ilk yumurta ağırlığı ve 56. Haftalık yumurta ağırlığı ile ilgili adaylar olarak kabul edildi. Çalışmadaki bulgular, marker destekli ıslah seleksiyonuna dayalı olarak ideal büyüklükte yumurtalar oluşturmak için değerli teorik temel sağlayabileceği bildirilmiştir.

2.8. Çoklu Karşılaştırma Testleriyle İlgili Yapılan Çalışmalar

Bölükbaşı vd. (2009) yaptıkları çalışmada, yumurtacı tavuk rasyonlarına eklenen çörek otu (*Nigella sativa*) yağının yumurta verim performansına, yumurta kalite değerleri, yumurta sarısı yağ asit kompozisyonu ve bazı kan metabolitleri üzerine etkisini araştırmayı hedeflemişlerdir. Bu çalışmada 70 haftalık yaşta 64 adet Lohman LSL hibrit yumurta tavuğu dört muamele grubuna ayrılmış ve her muamele dört tekerrürlü olarak denenmiştir. Deneme rasyonları, bazal yeme sırasıyla % 0, 1.5, 2.5 ve 3.5 ml/kg çörek otu yağı ilave edilerek hazırlanmıştır. Denemeden elde edilne verilen Spps programı aracılığıyla anova analizi yapılmıştır. Gruplar arası ortalamaların farklılığının tespitinde Duncan çoklu karşılaştırma testi kullanılmıştır. Bu çalışmanın sonunda rasyona eklenen çörek otu yağının yem tüketimi, yemden yararlanma, yumurta ağırlığı, yumurta verimi, yumurta ak, sarı ve kabuk oranını üzerinde önemli bir etkiye neden olmadığı bildirilmiştir. Yeme 3.5 ml/kg seviyesinde çörek otu yağı eklemenin serum kolesterol oranını ve kabuk kalınlığını önemli seviyede ($p<0.05$) düşürdüğünü bildirmişlerdir. Serum globülin konsantrasyonunun 2.5 ml/kg çörek otu yağı ilavesiyle önemli derecede ($p<0.05$) yükseldiği tespit edilmiştir. Yumurta sarısı tekli doymamış yağ asitleri, ekosapentaenoik asit, dokosaheksaenoik asit ve n-3 içeriği 2.5 ve 3.5 ml/kg çörek otu yağı eklenmesiyle önemli seviyede yükselmiştir. Tüm bu sonuçlar göz önüne alındığında, çörek otu yağı eklenmesinin performans değerlerini önemli seviyede etkilemediği ancak bazı kan serumu parametrelerini etkilediğini ve yumurta sarısı oranını düşürdüğünü bildirmişlerdir.

Köksal ve Küçükersan (2012) yaptıkları çalışmada yumurtacı tavuk rasyonlarına eklenen humat ve bitki ekstraktı karışımının; yumurta verimi, yem tüketimi, yemden yararlanma oranı, yumurta iç ve dış kalite özellikleriyle kan serumunda kolesterol, trigliserid ve protein değerleri üzerine etkilerini araştırmışlardır. Bu denemede dört grup oluşturulmuş, her bir grupta kendi içersinde 10 alt gruba ayrılmıştır. Her bir alt grupta beş adet olacak şekilde denemenin tamamında 200 adet, 24 haftalık yaşta yumurta tavuğu (Hyline White-98) kullanılmıştır. Deneme 1 kontrol ve 3 deneme grubu (1,5 g/kg humat, 0,75 g/kg bitki ekstraktı karışımı ve 1,5 g/kg humat ile 0,75 g/kg bitki ekstraktı karışımı birarada) şeklinde gerçekleştirilmiştir. Tamamı 16 hafta süren bu çalışmanın sonunda incelenen parametrelerden canlı ağırlık, yem tüketimi, yumurta ağırlıkları, yumurta dış ve iç kalite değerleri, serum toplam protein, kolesterol ve trigliserid düzeyleri ile antikor düzeyleri açısından gruplar arasında dikkate değer herhangi bir farklılık belirlenmemiştir. Grup ortalamaları arasındaki farkı tespit etmek için anova, farkın önemlilik kontrolü için de çoklu karşılaştırma yöntemlerinden Duncan testini uygulamışlardır. Gruplardaki ölüm oranı açısından farklılığın olup olmadığını Ki-Kare testi kullanarak belirlemişlerdir. Rasyonlarına humat eklenen gruplarda yumurta veriminin diğer gruplara göre önemli seviyede düştüğünü belirlemişlerdir ($p<0,05$). Yem dönüşüm oranı açısından rasyonlarına ekleme yapılan grupların tamamında kontrol grubuna göre daha olumsuz sonuçlar belirlemişlerdir ($p<0,05$). Sonuç olarak, katkı maddelerinin farklı dozlarda ve farklı yaş grubundaki yumurta tavuklarındaki etkilerinin araştırılmasının faydalı olacağını bildirmişlerdir.

Atasoy vd. (2001) yaptıkları araştırmada Denizli ve yumurtacı tavuk sürüsünde yumurta kalite özellikleri araştırılmıştır. Her iki genotipte yumurta ağırlığı ile şekil indeksi, kabuk kalınlığı, sarı indeksi, ak indeksi ve haugh birimi gibi yumurta kalitesi

özellikleriyle yumurtanın sarı rengi özelliği araştırılmıştır. Gruplara ait ortalamalar arasındaki farkın belirlenmesinde iki yönlü varyans analizi, farklar arasındaki önemliliğin kontrolü için çoklu karşılaştırma testlerinden Duncan testi uygulanmıştır. Sarı indeksi bakımından genotipler arası farkın önemsiz bulunduğu bildirilmiştir. Sonuç itibarıyla, Denizli ırkında yumurtanın önemli kalite özellikleri bakımından yüksek varyasyon bulunduğu bildirilmiştir.

Çelik vd. (2014) yaptıkları çalışmada Japon bıldırcınlarında farklı tüy renginin yumurta kalite özelliklerine etkilerini araştırmayı hedeflemişlerdir. Bu çalışmada kullanılan yumurta kalite özellikleri, şekil indeksi, sarı ağırlığı, ak indeksi, sarı indeksi, ak ağırlığı, ak yüksekliği, kabuk kalınlığı ve haugh birimi değişkenleri dikkate alınmıştır. Denemede 4 farklı tüy rengine (beyaz, koyu kahverengi, sarı ve orijinal) sahip 247 adet bıldırcın kullanılmıştır. Çalışma 4 hafta sürdürülmüştür. Elde edilen verilere tesadüf blokları deneme planında varyans analizi ve birbirinden farklı renk etkilerinin belirlenmesinde Tukey testi uygulanmıştır. Varyansların homojenliği kontrolü için Levene testi yapılmıştır. Araştırma sonunda, tüy renkleri, şekil indeksi ($P<0.05$), ak indeksi, sarı indeks, sarı ağırlığı ve ak ağırlığı üzerinde önemli etkide bulunmuştur ($P<0.01$). Şekil indeksinde sarı ve orijinal renkli bıldırcınlar arasındaki farklılık önemli bulunmuştur ($P<0.05$). Ak indeksinde beyaz-koyu kahverengi, beyaz-sarı, beyaz-orijinal, koyu kahverengi-orijinal ve sarı-orijinal renkler; sarı indeksinde beyaz-sarı, beyaz-orijinal, koyu kahverengi-sarı ve koyu kahverengi orijinal renkler; sarı ağırlığında beyaz-orijinal, koyu kahverengi-orijinal ve sarı-orijinal renkli bıldırcınlar arasındaki farklılık önemlidir ($P<0.01$). Ak ağırlığında beyaz-orijinal, koyu kahverengi-sarı, koyu kahverengi-orijinal ve sarı-orijinal renkli bıldırcınlar arasındaki farklılık önemli bulunmuştur ($P<0.01$). Ak yüksekliği, haugh birimi ve kabuk kalınlığı değerlerinde tüy rengine göre önemli bir farklılık bulunmamıştır. Sonuç olarak, orijinal tüy renginin yumurta kalite özelliklerine daha fazla etkisinin görülmediği bildirilmiştir.

Topal ve Emsen (2011) yaptıkları çalışmada, Morkaraman ve İvesi yapağlarının bazı morfolojik özelliklerini tespit etmeyi amaçlamışlardır. Bu çalışmada materyal olarak, 20 adet Morkaraman ve 20 adet İvesi ırkından yapağı örnekleri kullanılmıştır. Morkaraman ve İvesi yapağı örneklerinde; lüle uzunluğu, sırasıyla, 9.366 cm ve 11.747 cm, elyaf uzunluğu 15.596 cm ve 17.905 cm, incelik 32.877 mikron ve 31.246 mikron, sortiman 46'S ve 48'S, olarak tespit edilmiştir. Yapılan varyans analizi sonunda, Morkaraman ve İvesi ırkları arasında lüle ve elyaf uzunluğu bakımından gözlenen farklılık %5önem seviyesinde önemli bulunmuştur incelik ortalamaları arasındaki farklılık önemsiz bulunmuştur.

Genç ve Soysal (2018) çalışmalarında, parametrik testlerin kullanılması istatistik olarak testin gücü bakımından önemli olduğunu ve bu sebeple parametrik testlerden sonra grup ortalamaları parametrik çoklu karşılaştırma testleriyle karşılaştırıldığını belirtmişlerdir. Çalışmada bu testlerden; Asgari Önemli Fark, Duncan, Tukey (a), Student Newman Keuls, Lineer Bağıntılar (Linear contrasts), Bonferroni, Scheffe ve Dunnet Metodları incelenmiştir. Varyans analizinin varsayımları sağlanamamışsa parametrik testler yerine, parametrik olmayan testlerin kullanılması gerekmektedir. Bu amaçla parametrik olmayan çoklu karşılaştırma testlerinden; Hollander-Wolfe, Parametrik Olmayan Bonferroni ve Parametrik Olmayan Tukey HSD yöntemleri incelenmiştir.

Ancak, bazı araştırmalar parametrik çoklu karşılaştırma testlerinin de parametrik olmayan testlerden sonrada kullanılabileceğini göstermiştir.

Alkan vd. (2008) yaptıkları çalışmada, kınalı kekliklerde erkek-dişi oranı 1:1, 1:2, 1:3 ve 1:4 olmasının bazı kuluçka sonuçlarına etkilerinin belirlenmesi amaçlamışlardır. Araştırma tesadüf parselleri deneme deseninde dört tekerrürlü olarak yürütülmüştür. Elde edilen veriler Kruskal-Wallis testi ile analiz edilmiştir. Elde edilen bulgulardan, farklı erkek-dişi oranının döllülük, çıkış gücü, kuluçka randımanı, kabukaltı ve embiryonik ölümler üzerine etkilerinin önemli olmadığı belirlenmiştir. Döllülük oranı değerleri 1:1, 1:2, 1:3 ve 1:4 gruplarında sırasıyla 83.47 ± 5.89 , 77.08 ± 5.93 , 69.92 ± 3.55 ve 68.01 ± 6.58 çıkış gücü değerleri aynı sırayla 87.68 ± 6.26 , 74.43 ± 6.84 , 84.40 ± 5.43 ve 85.79 ± 3.51 olarak hesaplanmıştır. Kuluçka randımanı değerleri ise 72.97 ± 6.15 , 57.13 ± 6.40 , 59.31 ± 6.21 ve 58.68 ± 6.86 olarak tespit edilmiştir. Sonuç itibariyle, erkek başına düşen dişi sayısı arttıkça döllülük oranı azalmakta, döllülük ve embiryonik ölüm oranlarına bağlı olarak da kuluçka randımanı ve çıkış gücü değişmekte olduğunu bildirmişlerdir.

Çelik vd. (2014) yaptıkları bu çalışmada, Türk Alaca atlarında renk faktörünün çeşitli vücut ölçülerine olan etkisi parametrik olmayan testler ile araştırmışlardır. Parametrik olmayan testlerden Kruskal-Wallis, Medyan ve JoncheereTerpstra testleri uygulanmıştır. Kruskal-Wallis testi sonuçlarına göre cidago yüksekliği, vücut uzunluğu ve ön incik çevresi değerlerinde istatistik olarak %5 önem seviyesinde önemli farklılık bulunmuştur. Medyan testine göre vücut uzunluğu ($P < 0.01$), göğüs çevresi ve ön incik çevresi değerlerinde istatistik olarak önemli farklılık tespit edilmiştir ($P < 0.05$). Vücut uzunluğu değerleri Kruskal-Wallis testi sonucunda Doru Alaca ile Alaca Doru, Alaca Yağız, Kırçıl Yağız Alaca, Kula Alaca ($P < 0.05$) ve Yağız Alaca atları arasında istatistiksel olarak önemli farklılık bulunmuştur ($P < 0.01$). Ön incik çevresi değerleri Kruskal-Wallis testine göre Doru Alaca atlar ile Alaca Doru, Alaca Yağız, Yağız Alaca atları ve Kula Alaca atlar ile Alaca Doru, Alaca Yağız ve Yağız Alaca atları arasında istatistiki olarak önemli farklılık bulunmuştur ($P < 0.05$). Cidago yüksekliği değerleri Kruskal-Wallis testine göre Doru Alaca atlarla Alaca Yağız, Kırçıl Yağız Alaca ($P < 0.05$) ve Yağız Alaca atları arasında istatistiki olarak önemli farklılık tespit edilmiştir ($P < 0.01$). Cidago yüksekliği, göğüs çevresi, vücut uzunluğu ve ön incik çevresi değerleri bakımından Doru Alaca atlarının diğer atlardan daha fazla farklılık oluşturduğunu bildirmişlerdir.

Güney vd. (2015) yaptıkları araştırmada ticari hindi sürülerinde kümeste ve kesimhanede yapılan refah ölçümlerinin eşeye bağlı değişimini incelemiştir. Kesimden 1 hafta önce 3 adet dişi ve 3 adet erkek hindi sürüsünde örneklenen ortalama 100 adet hindide yürüyüş ve gagalama hasarı, 50 adet hindide ayak tabanı dermatiti, metatarsus eklemide amonyak yanığı ve göğüs derisinde kirlilik-irritasyon görülme sıklığı ve şiddeti kaydedilmiştir. Aynı sürülerde kesimhanede yürüyüş puanlaması dışındaki ölçümler tekrarlanmıştır. Ek olarak çarpmaya bağlı morluklar kaydedilmiş ve göğüs derisindeki değişiklikler göğüs ödemi ve dermatit olarak sınıflandırılmıştır. Erkek ve dişi bireylerin ele alınan özellikler için oluşturulan skor gruplarına dağılımı ki-kare testiyle, skor değerlerinin eşeye bağlı değişimi ise Wilcoxon Kruskal-Wallis yöntemi ile analiz edilmiştir. Çalışmada dişilerde ayak tabanı dermatiti ve diğer refah problemlerinin oranı, Avrupa'da en son saha çalışmalarında elde edilen sonuçlarla uyumlu olarak, erkeklerden

daha yüksek bulunmuştur. Bu sonuçlar dişi kümeslerinde birim alana konulan hayvan sayısının erkek hindilerden fazla olması ile ilişkilendirilebileceği bildirilmiştir.

2.9. Kovaryans Yapılarıyla İlgili Yapılan Çalışmalar

Akçay vd. (2012) yaptıkları araştırmada, etlik piliçlerde cinsiyetin ve yemdeki protein kısıtlamasının abdominal yağ üzerine etkisinin kovaryans analizi ile incelenmesi amaçlanmıştır. Bir günlük yaşta 360 adet erkek ve dişi civciv, kontrol (K), deneme 1 (D1) ve deneme 2 (D2) gruplarına ayrılmıştır. Besinin 1-10. günlerinde tüm gruplara % 23.10; 11-31. günlerinde K, D1 ve D2'ye sırasıyla % 21.80, 20.20 ve 18.40; 32-47. günler arasında ise yine tüm gruplara % 18.40 ham proteinli rasyon uygulanmıştır. Uygulamada kesim ağırlığı ortak değişken olarak alınmıştır. Ortak değişken (Kodeğişken), bağımlı değişkeni (abdominal yağ miktarı) tahmin etmede anlamlı bulunmuştur ($P < 0.001$). Buna göre canlı ağılıktaki 1 birimlik değişim abdominal yağ miktarını 0.013 birim artırmaktadır. Ortak değişkenin etkisi düzeltildikten sonra abdominal yağ miktarı üzerine cinsiyetin etkisi önemli ($P < 0.05$), yemdeki protein kısıtlamasının etkisi önemsiz bulunmuştur ($P > 0.05$).

Duru ve Koyuncu (2005) yaptıkları araştırmada İmroz ırkı kuzularda doğum ağırlığı için varyans unsurları ve genetik parametrelerin direkt ve anneye bağlı etkiler için farklı modeller ile birey modelinde tahmin edilmesi amaçlanmıştır. Ayrıca direkt ve anneye bağlı etkiler arasındaki genetik korelasyon da tahmin edilmiştir. Çalışmada, Marmara Hayvancılık Araştırma Enstitüsünden 1999 ve 2000 yıllarında elde edilen İmroz kuzularının doğum ve pedigrı bilgileri kullanılmıştır. Direkt ve anaya bağlı etkiler için varyans unsurları ve genetik parametreler MTDFREML kullanılarak, bireysel hayvan modelinde tahmin edilmiştir. Farklı modeller için direkt kalıtım derecesi 0.00-0.09, anaya bağlı kalıtım derecesi 0.00-0.01 arasında tahmin edilmiştir. Anaya bağlı kalıcı çevresel etki önemsiz bulunmuştur. Direkt ve anaya bağlı etkiler arasındaki genetik korelasyon Model 3 ve 4'te sırasıyla -1.00 ve 1.00 olarak tahmin edilmiştir.

Altay (2013) yaptığı çalışma, farklı deneme desenleri üzerinde varyans ve kovaryans analizinin etkinliğini belirlemek amacıyla yapılmıştır. Bu amaçla, oluşturulan yapay veri seti sırasıyla tesadüf parselleri, tesadüf blokları, latin karesi ve tesadüf parsellerinde faktöriyel deneme tertibinde uygulanarak, kovaryans analizi varyans analizi ile karşılaştırmalı olarak açıklanmaya çalışılmıştır. Kovaryans analizi, varyans analizi ve regresyon analizi tekniğinin birlikte uygulanmasıyla oluşan bir analizdir. Bu tekniğin uygulanması ele alınan deneme tertibine göre farklılık gösterse de tüm deneme tertiplerinde kovaryans analizi uygulanabilmektedir. Bu analiz homojen olmayan materyalleri alt bloklara bölerek veya bir yardımcı değişken belirleyerek daha sağlıklı sonuçlar elde edilmesine imkan sağlamakta ve denemelerde hassasiyeti artırmak için kullanılmaktadır. Bu çalışmada tüm deneme desenlerinde hata varyans oranının kovaryans analizinde varyans analizine kıyasla daha düşük değerler aldığı tespit edilmiştir. Hata varyans oranının azalması, elde edilen sonuçların güvenilirliğini artırması açısından önemli olduğu bildirilmiştir.

Yazgan vd. (2017) yaptığı çalışmada farklı sığır ırklarının besi başı ağırlıklarının besi sonu ağırlıklarına etkisi kovaryans analizi ile incelenmesi ve bu analizin SPSS programında nasıl gerçekleştirildiği üzerinde durulmuştur. Araştırmanın materyalini

Gaziantep'te bir besi çiftliğinden elde edilen Angus, Belçika Mavisi, Simental, Hereford, Limuzin ve Charolais ırklarına ait toplam 36 adet besi başı ve besi sonu canlı ağırlık kayıtları oluşturmuştur. Yapılan kovaryans analizi sonucunda besi başı ağırlıklarının besi sonuna etkisi önemli olmakla birlikte ($P < 0.05$) bu altı farklı ırka ait besi sonu ağırlık ortalamaları Angus, Belçika Mavisi, Simental, Hereford, Limuzin ve Charolais için sırasıyla 599.16 ± 36.41 , 579.83 ± 49.845 , 587.33 ± 60.767 , 593.00 ± 32.668 , 535.33 ± 62.544 ve 568.16 ± 58.437 olarak tespit edilmiş ve ırklara ait besi sonu ağırlıklarının ortalamaları arası farklar istatistiki olarak %5önem seviyesinde önemli bulunmadığı bildirilmiştir.

Demirsoy ve Akçapınar (1997) yaptıkları araştırma, kuzularda doğum ve süt emme dönemindeki canlı ağırlıklara genotip, cinsiyet, doğum tipi ve ana yaşı faktörlerinin etkisini kovaryans analizi ile incelemek amacıyla yapılmıştır. Araştırmada, Konya Hayvancılık Merkez Aratırma Enstitüsü Koyunculuk Şubesinde 1991 yılında doğan ve büyütülen 25 baş Hampshire x Merinos F1, 41baş Alman Siyah Baş x Merinos F1, 95 baş Lincoln x Merinos F1 olmak üzere toplam 161 baş kuzudan elde edilen doğum, 30., 45., 60., 75. ve 90. gün canlı ağırlık değerleri kullanılmıştır. Kuzuların canlı ağırlık değerleri kovaryans analizi ile incelenmiş ve sonuçları karşılaştırmak amacı ile En Küçük Kareler Metodu da yapılmıştır. Her iki metotla elde edilen analiz sonuçları benzer bulunmuştur. Bulunan sonuçlara göre doğum tipi incelenen bütün dönemlerde önemli bulunurken, cinsiyetin etkisi 75. ve 90. günlerde önemli, genotip ve ana yaşının etkisi ise incelenen bütün dönemlerde önemsiz olduğu bildirilmiştir.

Yapılan literatür incelenmesinde yumurta ağırlığının farklı büyüme eğrileri ve farklı kovaryans yapıları ile incelenmediği ve bu inceleme sonucunda farklı hangi gen veya genomik bölgelerin yumurta ağırlığı ile ilgili olabileceğinin araştırılmadığı gözlenmiştir. Bu çalışmanın ana amacı tavuklardan ($n=1063$) toplanan zamana dayalı (başlangıç, 28, 36, 56, 66, 72 ve 80 haftalık) yumurta ağırlıklarının 294705 SNP ile olan ilişkisinin farklı büyüme eğrileri ile genomik analizlerinin gerçekleştirilmesidir. Liu vd. (2018) geleneksel tekil SNP regresyonunu kullanarak, Karacaören (2019) logistik model ile yumurta ağırlığı ile ilgili bazı genomik bölgeler belirlemiş olsa da bu çalışmada ilk kez: üssel, güç, legendre polynomyalleri gibi büyüme eğrileri farklı kovaryans (oto regresif, ARMA, CS, faktor analitik, Toeplitz, SAD) yapıları ile denenerek yumurta ağırlığından sorumlu genomik bölgeler araştırılacaktır. Farklı büyüme eğrilerinin yumurta ağırlığı için denenmesi farklı genlerin tespit edilmesine olanak tanıyabilir ve bu da literatür için önem arzedeblecektir. Bu tezde farklı büyüme eğrileri ve kovaryans yapıları kullanılarak zamana dayalı yumurta ağırlıkları modellenerek, en uygun modelin belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu büyüme eğrisi modelleri kullanılarak genomik ilişki analizleri farklı çoklu hipotez testleri yöntemleri ile belirlenmiştir. Bu modellere farklı genomik ilişki seviyelerinin etkileri incelenmiştir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu tez çalışmasında Liu ve ark (2018) tarafından yayımlanan bir veri seti kullanılmıştır. Beijing Huadu Yukou Poultry Breeding Co., tarafından üretilen Rhode Island Red saf hattı kullanılarak deneme materyali oluşturulmuştur. Yumurta üretimi ve kalitesi için selekte edilen, 92 baba ve 801 tavuk 11. kuşaktan seçilmiş pedigree bilgisi bulunan 1078 adet tavuk ve ayrıca bu hayvanların 1063 tanesine ait genotip bilgisi mevcuttur. Haftalara göre kayıp gözlemler yine o haftalara ait diğer bireylerin yumurta ağırlığı ortalamaları alınarak tahmin edilmiştir. Bütün tavuklar bireysel kafeslerde yetiştirilmiş ve serbest yem ve sulama olanakları sunulmuştur. Bu çalışmanın materyalini toplanan zamana dayalı (başlangıç, 28, 36, 56, 66, 72 ve 80 haftalık) yumurta ağırlıkları ve 294.705 SNP oluşturmaktadır (Liu vd., 2018).

3.2. Metot

Yumurta ağırlığından sorumlu genleri belirlemek için aşağıdaki büyüme eğrileri ve kovaryans yapıları denenecek ve en uygun olanına akaike bilgi kriteri (AIC) ve Bayesçi bilgi kriteri (BIC) kullanılarak karar verilecektir.

3.2.1. Akaike bilgi kriteri (AIC)

$$-2\log+2k \text{ (Akaike 1987)}$$

3.2.2. Bayesçi bilgi kriteri (BIC)

$$-2\log(L)+k \log n \text{ (Schwarz, 1978)}$$

$\log(L)$ log olabilirlik,

k parametrelerin sayısını,

n gözlem sayısını ifade etmektedir.

Olabilirlik(L) bilgi ölçütü model uyumunda pek tercih edilmeyen bir istatistiktir, Çünkü bu ölçüt, parametre sayısını dikkate almamaktadır. Bundan dolayı karşılaştırmalar için doğrudan kullanılamaz. Varyans kovaryans model seçiminde genellikle Akaike bilgi kriteri (AIC) veya Bayesçi bilgi kriteri (BIC) kullanılır (Moser vd., 2004). Genel olarak, AIC veya BIC iki yöntem uyarınca kovaryans yapısını seçmek için kullanılabilir. AIC veya BIC değerlerinden en küçük olanı seçilir. Daha küçük bir AIC veya BIC değeri, kovaryans modelinin daha iyi uyumunu sağlar. Bu iki değer, parametrelerin sayısının etkisini hesaba katar ve böylece farklı modellerin karşılaştırılmasında doğrudan kullanılabilir.

Bu bağlamda kullanılacak büyüme eğrisi modelleri aşağıda tanımlanmıştır. Analizler R programlarında tamamlanacaktır (fGWAS: <https://github.com/wzhy2000/fGWAS>).

$$\hat{y}_i(T_i) = \mu + X_i' \alpha + \sum_{j=0}^2 \xi(j == S_i) * g_j(T_i) + e_i(T_i) + \varepsilon_i(T_i) \quad (1)$$

$$\xi(j == S_i) \begin{cases} 1, \text{eğer SNP } S_i \text{'nin genotipi } j \text{ olarak kodlanmışsa,} \\ 0, \text{eğer SNP } S_i \text{ genotipi } j \text{ olarak kodlanmamışsa} \end{cases} \quad (2)$$

1 numaralı eşitlikte: $\tilde{y}_l(T_i)$ T_i zaman için, i . bireyin gözlemi, μ genel ortalamayı, X_i' $p \times 1$ 'lik kovaryateler vektörünün devriği, $g_j(T_i)$ j . genotip T_i zamanı için ortalama genotipi, α ile p adet kovaryateye ait regresyon katsayı vektörü, ξ ile SNP etkileri için belirteç fonksiyon (2'de verildiği üzere): gösterilmiştir e_i ve ε_i ise kalıcı ve rassal çevre etkileridir ve bunların sıfır ortalamalı ve belli kovaryans yapılarına sahip olup normal dağıldıkları kabul edilmiştir. Kovaryans yapıları aşağıda verilmiştir.

3.2.3. Kovaryans Yapıları

3.2.3.1. Bileşik Simetri (Compound Symmetry, CS)

Bileşik Simetri (CS) matris formunda aşağıdaki gibi yazılabilir.

$$\begin{bmatrix} \sigma^2 + \sigma_1 & \sigma_1 & \sigma_1 & \sigma_1 \\ & \sigma^2 + \sigma_1 & \sigma_1 & \sigma_1 \\ & & \sigma^2 + \sigma_1 & \sigma_1 \\ & & & \sigma^2 + \sigma_1 \end{bmatrix}$$

Bileşik Simetri eşit varyansları ve eşit kovaryansları belirtir. İki ayrı ölçüm arasındaki korelasyon ölçümler ne kadar uzaklıkta olursa olsun sabittir. Bu yapı için varyans kovaryans parametrelerinin sayısı $q = 2$ (σ, σ_1) dir (Wolfinger 1993; Littell et al. 2000; Hedeker and Gibbons 2006; Liu et al. 2007).

3.2.3.2. Birinci Dereceden Otoregresif (First-Order Autoregressive, AR(1))

$$\sigma^2 \begin{bmatrix} 1 & \rho & \rho^2 & \rho^3 \\ & 1 & \rho & \rho^2 \\ & & 1 & \rho \\ & & & 1 \end{bmatrix}$$

AR (1) yapısındaki varyasyonlar homojendir ve korelasyonlar zamanla katlanarak azalır. Bu, bir ölçümdeki değişkenliğin, farklı ölçüm zamanlarında sabit olduğu ve art arda gelen ölçümlerin ardışık olmayan ölçümlere göre daha fazla korelasyonlu olduğu anlamına gelir. Bu yapı için varyans kovaryans parametrelerinin sayısı $q = 2$ (σ^2, ρ) dir (Wolfinger 1993; Littell et al. 2000; Hedeker and Gibbons 2006; Liu et al. 2007).

3.2.3.3. Toeplitz kovaryans yapısı (TOEP)

$$\begin{bmatrix} \sigma^2 & \sigma^2 \rho_1 & \sigma^2 \rho_2 & \sigma^2 \rho_3 \\ & \sigma^2 & \sigma^2 \rho_1 & \sigma^2 \rho_2 \\ & & \sigma^2 & \sigma^2 \rho_1 \\ & & & \sigma^2 \end{bmatrix}$$

Toeplitz, yalnızca eşit (veya yaklaşık olarak eşit) zaman aralıklarında ölçüm yapıldığında uygundur. Toeplitz kovaryans yapısının parametre sayısı $q = n$ (1 varyans parametresi, $n-1$ korelasyon parametresi) dir. Toeplitz kovaryans yapısının özel bir örneği Birinci Dereceden Otoregresif kovaryans yapısıdır (Fitzmaurice et al. 2011).

3.2.3.4. Heterojen Toeplitz (TOEPH) varyans-kovaryans modeli

Heterojen Toeplitz varyans-kovaryans modeli aşağıda görüldüğü üzere;

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_1\sigma_2\rho_1 & \sigma_1\sigma_3\rho_2 & \sigma_1\sigma_4\rho_3 \\ \sigma_2\sigma_1\rho_1 & \sigma_2^2 & \sigma_2\sigma_3\rho_1 & \sigma_2\sigma_4\rho_2 \\ \sigma_3\sigma_1\rho_2 & \sigma_3\sigma_2\rho_1 & \sigma_3^2 & \sigma_3\sigma_4\rho_1 \\ \sigma_4\sigma_1\rho_3 & \sigma_4\sigma_2\rho_2 & \sigma_4\sigma_3\rho_1 & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

birbirinden eşit zaman aralıklardaki uzaklıkta bulunan tekrarlı ölçüm çiftlerine aynı korelasyon değerini vermek üzere σ_j^2 ve $\sigma_{j'}^2$; j. ve j'. zamanda alınan tekrarlı ölçümlerin varyans bileşenlerinin katkısıyla varyans ve kovaryans değerlerindeki heterojenliği sağlamakatadır (Bagiella vd., 2000, Wolfinger 1996).

3.2.3.5. Huynh-Feldt (HF) varyans-kovaryans modeli

Huynh ve Feldt (1970) yaptıkları çalışmalarda Huynh-Feldt varyans-kovaryans modelini aşağıda gösterildiği üzere tanımlamışlardır.

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \frac{\sigma_1^2 + \sigma_2^2}{2} - \lambda & \frac{\sigma_1^2 + \sigma_3^2}{2} - \lambda & \frac{\sigma_1^2 + \sigma_4^2}{2} - \lambda \\ \frac{\sigma_2^2 + \sigma_1^2}{2} - \lambda & \sigma_2^2 & \frac{\sigma_2^2 + \sigma_3^2}{2} - \lambda & \frac{\sigma_2^2 + \sigma_4^2}{2} - \lambda \\ \frac{\sigma_3^2 + \sigma_1^2}{2} - \lambda & \frac{\sigma_3^2 + \sigma_2^2}{2} - \lambda & \sigma_3^2 & \frac{\sigma_3^2 + \sigma_4^2}{2} - \lambda \\ \frac{\sigma_4^2 + \sigma_1^2}{2} - \lambda & \frac{\sigma_4^2 + \sigma_2^2}{2} - \lambda & \frac{\sigma_4^2 + \sigma_3^2}{2} - \lambda & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

Burada λ ; kovaryans parametresidir.

3.2.3.6. Birinci dereceden faktör analitik [FA(1)] varyans-kovaryans modeli

Birinci dereceden faktör analitik varyans-kovaryans modeli aşağıda görüldüğü üzere,

$$\begin{bmatrix} \lambda_1 \\ \lambda_2 \\ \lambda_3 \\ \lambda_4 \end{bmatrix} [\lambda_1 \quad \lambda_2 \quad \lambda_3 \quad \lambda_4] + \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_3^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

λ_j^2 ; $\Lambda\Lambda'$; $t \times t$ boyutlu matrisinin ve σ_j^2 ; j. zamanda alınan tekrarlı ölçümlerin varyans bileşenleri **D** matrisinin köşegen elemanları olmak üzere, $\Lambda\Lambda' + \mathbf{D}$ formunda tanımlanan faktör analitik varyans kovaryans matris yapısını temsil etmektedir (Wolfinger 1996, Jennrich ve Schluchter 1986).

3.2.3.7. Heterojen birinci dereceden otoregresif [ARH(1)] varyans-kovaryans modeli

Heterojen birinci dereceden otoregresif varyans-kovaryans modeli heterojen

Toeplitz varyans-kovaryans modelinin özel bir durumu olup aşağıda görüldüğü üzere;

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_1\sigma_2\rho & \sigma_1\sigma_3\rho^2 & \sigma_1\sigma_4\rho^3 \\ \sigma_2\sigma_1\rho & \sigma_2^2 & \sigma_2\sigma_3\rho & \sigma_2\sigma_4\rho^2 \\ \sigma_3\sigma_1\rho^2 & \sigma_3\sigma_2\rho & \sigma_3^2 & \sigma_3\sigma_4\rho \\ \sigma_4\sigma_1\rho^3 & \sigma_4\sigma_2\rho^2 & \sigma_4\sigma_3\rho & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

aynı deney birimi üzerinden alınan tekrarlı ölçüm çiftleri arasındaki korelasyon değerlerinin üstel olarak azalması ve tekrarlı ölçümlerin varyans bileşenlerinin katkısı ile varyans ve kovaryans değerlerindeki heterojenliği sağlamaktadır (Bagiella vd., 2000, Wolfinger 1996).

3.2.3.8. Heterojen bileşik simetri (CSH) varyans-kovaryans modeli

Heterojen bileşik simetri varyans-kovaryans modeli aşağıda görüldüğü üzere aynı deney birimi üzerinden alınan tekrarlı ölçümlerin heterojen varyans ve kovaryans yapısına sahip olduğu varsayımına dayanmaktadır.

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_1\sigma_2\rho & \sigma_1\sigma_3\rho & \sigma_1\sigma_4\rho \\ \sigma_2\sigma_1\rho & \sigma_2^2 & \sigma_2\sigma_3\rho & \sigma_2\sigma_4\rho \\ \sigma_3\sigma_1\rho & \sigma_3\sigma_2\rho & \sigma_3^2 & \sigma_3\sigma_4\rho \\ \sigma_4\sigma_1\rho & \sigma_4\sigma_2\rho & \sigma_4\sigma_3\rho & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

Burdaki kovaryans modelinde aynı deney birimi üzerinden alınan tekrarlı ölçüm çiftleri arasındaki korelasyon değerleri birbirlerine eşitken, tekrarlı ölçüm çiftleri için varyans ve

kovaryans değerlerindeki heterojenliği σ_j^2 ve $\sigma_{j'}^2$ olmak üzere j. ve j'. zamanda alınan tekrarlı ölçümlerin varyans bileşenlerinin katkıları sağlanmaktadır (Wolfinger 1996).

3.2.3.9. Yapılandırılmış Bağımlılık (Structured Antedependence (SAD1)) modeli

SAD (1) modeline dayalı zamana bağlı kalıntıları belirlemek için iki değişkenli bir modelin matris gösterimi şu şekildedir:

$$\begin{pmatrix} e_1(1) \\ e_2(1) \\ e_1(2) \\ e_2(2) \\ \vdots \\ \vdots \\ e_1(T) \\ e_2(T) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} I & 0 & 0 & 0 \\ V & I & 0 & 0 \\ V^2 & V & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ V^{T-1} & V^{T-2} & V & I \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \varepsilon_1(1) \\ \varepsilon_2(1) \\ \varepsilon_1(2) \\ \varepsilon_2(2) \\ \vdots \\ \vdots \\ \varepsilon_1(T) \\ \varepsilon_2(T) \end{pmatrix}$$

burada,

$$V = \begin{pmatrix} \phi_1 & \psi_1 \\ \psi_2 & \phi_2 \end{pmatrix},$$

ve

$$I = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}.$$

Pourahmadi (1999) ve N'úñez-Ant'ón ve Woodworth (1994), bu kovaryans matrisini ve tersi Σ^{-1} , matrisin Cholesky ayrışımına dayalı olarak hesaplamak için bir prosedür sağlamıştır. İki değişkenli SAD (1) modeline dayalı olarak varyans matrisini Σ belirtmek için, $\Omega_\mu = (\mu_k, v_k, w_k, \lambda_k, \phi_k, \psi_k)$ şeklinde dizilmiş bir parametre vektörü tanımlanmalıdır.

3.2.3.10. Hareketli Ortalamalı Birinci Dereceden Otoregresif (First-Order Autoregressive Moving-Average) ARMA(1,1)

$$R_i = \sigma^2 \begin{pmatrix} 1 & \gamma & \gamma\rho & \gamma\rho^2 \\ \gamma & 1 & \gamma & \gamma\rho \\ \gamma\rho & \gamma & 1 & \gamma \\ \gamma\rho^2 & \gamma\rho & \gamma & 1 \end{pmatrix}$$

Bu model birinci dereceden (p=1) AR ve birinci dereceden (q=1) MA modelinin kombinasyonudur. Anlamlı oto-korelasyon ve kısmi oto-korelasyon katsayıları birer tane ise, p=1 ve q=1 olacağı için geçici uygun ARMA modelinin derecesi ARMA(1,1) olmaktadır. ARMA(1,1) modelinde geçici parametre değerlerinin hesaplanılmasından önce modelin oto-kovaryans fonksiyonu elde edilir.

3.2.4. Fonksiyonel Genom Boyunca İlişkilendirme Çalışmaları (Functional Genome Wide Association Analysis -FGWAS)

Genom boyunca ilişkilendirme çalışmaları (GWAS) son zamanlarda popüler bir araştırma aracı haline geldi. Araştırmacılar, SNP verilerinin önünde, milyonlarca SNP'yi doğru ve verimli bir şekilde analiz etmek için güçlü araçlara ihtiyaç duyuyor. FGWAS Yazılımı (Functional Genome-wide Association Studies), PSU İstatistiksel Genetik Merkezi tarafından geliştirilen çeşitli istatistiksel modellere dayalı olarak bu amaç için güçlü bir platform olarak geliştirilmiştir. Öncelikle grup lasso modeli bu yazılıma entegre edilmiştir. Bu model, tüm SNP'leri bir araya getirebilir ve bu SNP'lerin tamamını ve baskın etkilerini aynı anda tahmin edebilir. SNP miktarı çok büyük olabileceğinden ve grup lassodaki MCMC yinelemelerinin sayısı yüksek olduğundan, verimli hesaplamalar elde etmek için bu modeli C / C ++ ile uygulanır. FGWAS, SNP verilerini boylamasına veya işlevsel verilerle analiz etmek için genel bir platform oluşturmayı amaçlamaktadır. Bu platform yalnızca bir hesaplama modelini uygulamak için temel bir çerçeve sağlamakla kalmaz, aynı zamanda son kullanıcılara tek tip bir grafik kullanıcı arabirimi sağlar. Genel olarak fGWAS, iki tür programı, GUI programını ve model programını bütünleştirir. GUI programı, proje yönetimi, görev yönetimi ve veri görselleştirmeyi uygulayan kullanıcı dostu bir arayüz görüntüler. Son kullanıcılar, fenotip dosyası ve çoklu genotip dosyaları seçerek bir veri analizi projesi oluşturur. Şimdiye kadar bu sisteme yalnızca bir model (Bayesian Group Lasso) entegre edildiği için, kullanıcıların verilere uyacak bir model seçmesine gerek yoktur. Projeler çalışmaya hazırsa, son kullanıcılar CPU numarasına göre kaç görevin paralel olarak gerçekleştirilebileceğine karar verebilir. Görevlerin yürütülmesi sırasında, GUI programı durumlarını tespit edecek ve ilerlemelerini son kullanıcılara gösterecektir. Görevler tamamlandıktan sonra, GUI programı sonuçları gösterebilir ve dışa aktarabilir. Program, fenotipik veriler ile genotipik veriler arasındaki ilişkiyi araştırabilen algoritmaların detaylarını uygular. Yüksek hız elde etmek için, çerçevemize ve R kütüphanemize bağlı olarak bunu C / C ++ dilinde yapıyoruz. Böylece programımız R'nin çalıştırabileceği işletim sistemlerinde çalıştırılabilir. Program iki şekilde yürütülebilir. Bunları GUI programı altında çalıştırmak basittir. GUI programı, bu modelleri parametreleri besler ve çalışma sırasında onlardan durum çıktısını almalarını ister. Modelin yürütülmesi başarıyla tamamlandıktan sonra, GUI programı sonuçları son kullanıcılara gösterebilir. Programları çalıştırmanın başka bir yolu komut satırı modundadır. Son kullanıcılar parametreleri anlamalı ve önceden bazı yapılandırma dosyalarını hazırlamalıdır.

3.2.5. Büyüme Eğrisi Modelleri

3.2.5.1. Lojistik Büyüme Eğrisi Modeli

$$y = \frac{A}{1 + Be^{Kt}}$$

y , t (gün) yaşındaki vücut ağırlığını temsil ederken, A , olgun ağırlık olarak yorumlanan asimptotik ağırlığı temsil eder ve B , ağırlık başlangıç değerleriyle belirlenen doğumdan sonra elde edilecek asimptotik olgun ağırlık oranını gösterir. K , maksimum büyüme hızının olgun ağırlığa oranının bir fonksiyonudur, normalde olgunlaşma hızı olarak

adlandırılır. Büyük K değerleri erken olgunlaşan hayvanları gösterir ve bunun tersi de geçerlidir.

3.2.5.2. Legendre Polinomları

Model ile elde edilen uyum iyiliği, Akaike bilgi kriteri (AIC), korelasyon katsayısı (r), belirleme katsayısı (r^2), ortalama kare tahmin hatası (OKTH), ortalama tahmin hatası (OTH) ve göreceli tahmin hatası (GTH) (O'Neill vd., 2013).

$$OKTH = (A_m - P_m)^2 + S_P^2(1 - b)^2 + S_A^2(1 - r^2)$$

A_m ve P_m sırasıyla, ortalama gerçek ve tahmini canlı ağırlıkları, S_A^2 ve S_P^2 'de sırasıyla hedef canlı ağırlığın gerçek ve tahmini varyansını, b ise tahmin edilen (P) üzerindeki gerçek (A) regresyonunun eğimidir ve A ve P'nin belirlenme katsayısıdır. OKTH'nin üç bileşeni şunlardır: ortalama sapma, $(A_m - P_m)^2$ çizgisi sapması $S_P^2(1 - b)^2$ ve rastgele varyasyon $S_A^2(1 - r^2)$. Model iyi bir doğrulukla tahmin ediyorsa, rastgele varyasyondan gelen OKTH oranı yüksek olmalıdır. Rastgele varyasyon oranı düşükse, ortalama veya çizgi sapmasından kaynaklanan OKTH'nin büyük bir oranı vardır (O'Neill vd., 2013).

OTH ve GTH şu şekilde hesaplandı:

$$OTH = \sqrt{OKTH}$$

$$GTH(\%) = \left(\frac{OTH}{A_m} \right) \times 100$$

GTH ne kadar küçükse tahminler o kadar doğru olur.

Aykırı değer gözlemlerini kaldırmak için göreceli ölçüm hatası (GÖH) şu şekilde hesaplanır:

$$GÖH = \frac{\text{Tahmini hedef canlı ağırlık} - \text{Gerçek hedef canlı ağırlık}}{\text{Tahmini hedef canlı ağırlık}} \times 100$$

3.2.5.3. Üssel Büyüme Eğrisi Modeli

$$f(x, a, b, c) = a \cdot e^{b(x-c)}$$

Burada, x değişkeni zamanı, a değeri başlangıç değeri olarak isimlendirilirken, b değeri büyüme oranını, c değeri ise sabit değeri ifade ederken, (x-c) ifadesi zaman aralığını göstermektedir (Malato, 2020).

3.2.5.4. Bi-üssel Büyüme Eğrisi Modeli

$$g(t) = a * c^{-r_1 * t} + a_2 * c^{-r_2 * t}$$

3.2.5.5. Güç Büyüme Eğrisi Modeli

$$Güç = \sum_{i=1}^R H [2(l_{i1} - l_{i0}) -] / R$$

Burada, $\chi^2_{\alpha}(p - q)$ α anlamlılık düzeyinde serbestlik dereceleri $p - q$ ile ki kare dağılımının kritik değerini gösterir. H, birim basamak işlevini temsil eder.

3.2.5.6. Pharmacology Büyüme Eğrisi Modeli

$$g(t) = \frac{E_{max} * t}{Ec_{50} + t} + E_0$$

$g(t)$ zaman birimini temsil ederken E sabit zamanı temsil etmektedir.

3.2.6. Çoklu Karşılaştırma Testleri

Varyans analizi sonucunda gruplar arasında fark yoksa işlemler sona erer. Ancak, gruplar arasında fark varsa, farklılığın hangi grup ya da gruplar arasında olduğu farklı yöntemlerle araştırılabilir. Bu yöntemlere post-hoc testleri denir. Bu yöntemlerden en çok kullanılanlar aşağıda verilmiştir.

3.2.6.1. Bonferroni Testi

Bu test eğer k tane H_0 hipotezi varsa, hedeflenen genel tip I hata oranını en çok α olacak şekilde belirlemek amacıyla, her bir H_0 hipotezini α/k düzeyinde test eder. Test tip I hatanın bölünmesi olarak da belirtilebilir. Eğer k adet karşılaştırma belirli bir α düzeyinde yapılacaksa, olası en çok genel hata oranı $k\alpha$ olur. Bu sebeple her bir karşılaştırma için düzey α/k olarak belirlenmelidir (Özkaya 2011). Bonferroni testi yaygın olarak kullanılan bir testtir. Ancak sonuçların değerlendirilmesinde çok güçlü kabul edilmeyen bir test olarak bilinir (Anonim 2014). Student t istatistiği üzerine kurulu olan Bonferroni testi, “eşit örneklem sayısı” ilkesini gerektirmemektedir (Kayri 2009). Tukey HSD testi grup ortalamaları arasında anlamlı fark belirlemişse, Scheffe ve Bonferroni de aynı şekilde belirlemektedir. F testinin

önemli olmasına bakılmadan kullanılabilir. Diğer taraftan, Tukey’in HSD testinden daha güçlü bir test olduğu bildirilmektedir (Üçkardeş 2006).

Testin işlemleri;

$$t = \frac{\bar{y}_i - \bar{y}_j}{\sqrt{HKO \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)}}$$

Eğer; $|t| > t_{\alpha^*/c, N-k}$ hipotezi reddedilir.
Ancak hipotezin sonucuna karar verilirken karşılaştırma sayısına bağlı olarak uygun düzeltilmiş α değeri $\alpha^* = \alpha/k$ düzeyi belirlenmelidir.

3.2.6.2. Hochberg Yöntemi

Hochberg (1988), Simes (1986) eşitsizliği üzerine kurulmuş bir yöntemle deneysel ortak hata oranını daha güçlü bir şekilde kontrol altında tuttuğunu göstermiştir. Yönteme göre;

$H_0 = \{H_{(1)}, H_{(2)}, \dots, H_{(m)}\}$ yokluk hipotezlerine sırasıyla karşılık gelen ve p değerlerini gösteren; $p_{(1)}, p_{(2)}, \dots, p_{(m)}$ değerleri,

$$p_1 \leq p_1 \leq \dots \leq p_m$$

Olacak şekilde en küçükten değere en büyük değere doğru sıralanır. En büyük $p_{(m)}$ değerinden başlanarak hipotezler test edilir.

Bütün $i = m, m-1, \dots, 1$ değerleri için

$$p_{(i)} \leq \alpha / (m - i + 1)$$

p değeri hesaplanan anlamlılık seviyesinden küçük ise $H_{(1)}, H_{(2)}, \dots, H_{(i-1)}$ hipotezleri reddedilir ve $H_{(i)}, \dots, H_{(m)}$ hipotezleri kabul edilir. Ters durum söz konusu olana kadar yöntem bu şekilde sürdürülerek hipotezler test edilir. Holm yöntemi ile benzer aşamalarına sahiptir fakat burada en büyük p değerinden başlandığı için Holm yöntemine göre daha fazla hipotezin incelenmesi mümkündür (Hochberg 1988).

3.2.6.3. Yanlış Keşif Oranı (False Discovery Rate-FDR) Yöntemi

FDR kavramı resmi olarak Yoav Benjamini ve Yosef Hochberg tarafından 1995 yılında (BH prosedürü) test edilen önemsiz birçok etkiden önemli birkaçını belirlemek için daha az koruyucu ve tartışmaya açık olarak daha uygun bir yaklaşım olarak tanımlandı. FWER, birçok bilimsel alanda (özellikle yaşam bilimlerinde, genetikten biyokimyaya, onkolojiye ve bitki bilimlerine kadar) geniş kabul gören ilk alternatif olduğu için özellikle etkili olmuştur. 2005 yılında Benjamini ve Hochberg'in 1995 tarihli makalesi, en çok alıntı yapılan 25 istatistik makalesinden biri olarak belirlendi. Yanlış keşif oranı (FDR), birden fazla karşılaştırma yapılırken sıfır hipotez testinde tip I hataların oranını kavramsallaştırmanın bir yöntemidir. FDR kontrol prosedürleri, yanlış olan (boşluğun yanlış reddi) "keşiflerin" (reddedilen boş hipotezler) beklenen oranını kontrol etmek için tasarlanmıştır. FDR kontrol prosedürleri, en az bir Tip I hatanın olasılığını kontrol eden ailevi hata oranı (FWER) kontrol prosedürlerine (Bonferroni düzeltmesi gibi) kıyasla Tip I hataların daha az sıkı kontrolünü sağlar. Bu nedenle, FDR kontrol prosedürleri, artan sayıda Tip I hata pahasına daha fazla güce sahiptir. FDR konseptinin 1995 yılında piyasaya sürülmesinden önce, istatistik literatüründe çeşitli öncü fikirler

dikkate alınmıştı. 1979'da Holm, en azından iyi bilinen Bonferroni ayarı kadar güçlü olan FWER'i kontrol etmek için aşamalı bir algoritma olan Holm prosedürünü önerdi. Bu aşamalı algoritma, p değerlerini sıralar ve en küçük p değerlerinden başlayarak hipotezleri sırayla reddeder.

$$Q = V/R = V/(V + S)$$

Q, keşifler arasındaki yanlış keşiflerin oranı,
V, yanlış keşiflerin sayısı,
S, gerçek keşiflerin sayısıdır.

$$FDR = Q_e = E[Q],$$

burada $E[Q]$, Q 'nün beklenen değeridir.

$$FDR = Q_e = E[V/R | R > 0] \times P(R > 0)$$

Sıfıra bölünmeyi önlemek için, $R = 0$ olduğunda Q 0 olarak tanımlanır.

3.2.6.4. Benjamin-Hochberg (BH) Yöntemi

Benjamini – Hochberg prosedürü (BH yükseltme prosedürü) FDR'yi α seviyesinde kontrol eder. Aşağıdaki gibi çalışır:

1. Verilen bir α için, en büyük k 'yi bulur $P_{(k)} \leq \frac{k}{m} \alpha$.
2. Tüm H_i 'ler için boş hipotezi reddedin (yani keşifleri beyan edin) $i = 1, \dots, k$.

Geometrik olarak, bu çizime $P_{(k)} - k$ (sırasıyla y ve x eksenlerinde), eğimi başlangıç noktasından geçen çizgiyi çizerek $\frac{\alpha}{m}$ ve çizginin altındaki son nokta da dahil olmak üzere soldaki tüm noktalar için keşifler bildirmeye karşılık gelir. BH prosedürü, m testleri bağımsız olduğunda ve ayrıca çeşitli bağımlılık senaryolarında geçerlidir, ancak evrensel olarak geçerli değildir. Aynı zamanda eşitsizliği de karşılar:

$$E(Q) \leq \frac{m_0}{m} \alpha \leq \alpha$$

BH prosedürüne bir m_0 tahmin edicisi yerleştirilirse, artık istenen düzeyde FDR kontrolüne ulaşılması garanti edilmez. Tahmin edicide ayarlamalar gerekli olabilir ve birkaç değişiklik önerilmiştir. Bu m testleri için ortalama α 'nın $\frac{\alpha(m+1)}{2m}$, Ortalama (FDR α) veya OFDR, m bağımsız veya pozitif korelasyonlu testler için düzeltilmiş α 'dır. Buradaki OFDR ifadesi, α 'nın tek bir yeniden hesaplanan değeri içindir ve Benjamini ve Hochberg yönteminin bir parçası değildir.

3.2.6.5. Sidak'ın tek adımlı (SS) prosedürleri

Sidak (1967), α düzeyindeki FWER'yi kontrol etmek için alternatif bir çoklu karşılaştırma yöntemi önermiştir. Burda amaç, Bonferroni düzeltmesinden elde edilen aşırı tutucu sonuçların eleştirisiydi. Bonferroni'ye göre ayarlanmış anlamlılık eşiği α/m göz önüne alındığında, çok sayıda hipotez olduğunda p değerlerini çok küçük bir anlamlılık düzeyiyle karşılaştırdığımız açıktır. Dolayısıyla, çoklu karşılaştırmaların tutucu sonucunu iyileştirmek için, Sidak SS prosedürü $i = 1, 2, \dots, m$ için $p_i \leq 1 - (1 - \alpha)^{1/m}$, olduğunda H_i hipotezini reddeder. SS prosedürü, Bonferroni düzeltmesinden daha güçlüdür, ancak SS'nin kazancı küçüktür ve SS yöntemi bağımsızlık varsayarken, Bonferroni yaklaşımı, testler arasında keyfi bağımlılıkla bile FWER'i kontrol eder. Hem Bonferroni hem de SS prosedürleri, ayarlamadan önce p değerlerinin sıralanmasını gerektirmez.

3.2.6.6. Holm Yöntemi

Holm (1979), α seviyesinde tip I hata oranını kontrol eden çoklu karşılaştırmaların yeni bir prosedürünü göstermiştir. Doğru ve yanlış boş hipotezlerin çeşitli kombinasyonlarından bağımsız olarak, bu prosedür anlamlılık testlerini, önceki sonuç reddettiği sürece sıralı olarak (yani "bir seferde bir") dikkate alır. Her adımda dikkate alınması gereken kalan testler üzerinde bir Bonferroni düzeltmesi kullandığı için buna "sıralı olarak reddeden Bonferroni testi" adı verilmiştir. Holm prosedürü sıralı p değerleri kullanılarak açıklanabilir. Belirli bir α seviyesi için Holm azaltma prosedürü aşağıdaki gibi yürütülebilir:

Adım 1: H_1 Reddedilirse $p_1 \leq \alpha/m$

Adım 2: H_2 Reddedilirse $p_2 \leq \alpha/(m - 1)$

...

Adım m: H_m Reddedilirse $p_m \leq \alpha$.

Genel olarak, Holm yöntemi $i = 1, 2$ için $p(i) \leq \alpha / (m - i + 1)$ olduğunda $H(i)$ hipotezini reddeder. . . , m. Prosedür, p değerinin $p(i)$ verilen seviye testini aştığı en küçük i 'de durur. Daha sonra, yalnızca daha önce test edilen hipotezler reddedilir. Bu prosedür, Bonferroni yönteminden daha fazla güç kazanır, ancak gerçek güç kazancı büyük değildir. Holm prosedürü kapalı bir test prosedürü olduğundan, güçlü anlamda α düzeyindeki tüm m hipotezleri için FWER'yi kontrol eder (doğru ve yanlış boş hipotezlerin herhangi bir kombinasyonu için).

3.2.7. Temel bileşen analizi

Temel Bileşen Analizi, bir boyut azaltma işlemidir. Eğer bir dizi değişken mevcut ise ve değişkenlerden bazılarını fazlalıksa ki burada bahsedilen aynı yapı içerisinde birbirleriyle ilişkili olan değişkenler olduğuna düşünülüyorsa temel bileşen analizinin kullanımına uygundur. Bu fazlalık durumunda, gözlemlenen değişkenlerdeki varyansların çoğu elde edilen değişkenlerin temel bileşenlerinin daha küçük sayıya azaltma işlemiyle mümkün olmaktadır. Temel bileşenler daha sonra takip eden analizlerde belirleyici ve ölçüt değişken olarak kullanılabilir (Hatcher, L. (1994).

Bu yöntem, veri kümesini basitleştirmek için kullanılır. Buradaki önemli kısım, verilere doğru açıdan bakarak birbirleriyle ilişkilerini daha iyi açıklamaya çalışmaktır. Bu analiz sonucunda, p boyutlu uzayı çok iyi tanımlayan p tane yeni dik değişken elde edilir. Elde edilen temel bileşenlerin birimi yoktur. p tane değişkenin taşıdığı bilginin k tane ($k \leq p$) yeni değişkenle açıklanması ise temel bileşenlerin asıl amacını oluşturur (Alpar, 2011). Bu sistem veri seti için yeni bir koordinat sistemi seçip en büyük varyansa sahip olanı ilk eksene yerleştirir, ikinci en büyük varyansa sahip olanı ikinci eksene yerleştirerek devam eden bir süreç izler. $x_i, i = 1, \dots, n'$ kadar bir veri seti olsun. Birim vektörü μ denilirse eğer veri setinin varyansı olarak bulunduktan sonra μ 'yu maksimize edecek şekilde yansıtılır. Genel bir kayıp olmaksızın veri seti 'sıfır ortalama' olarak kabul edilir (Jang vd., 1997) ;

$$\sum_{i=1}^n X_i = 0$$

İç çarpım yöntemiyle'nin μ üzerine yansıtılmasıyla:

$$p_i = X_i \cdot \mu = X_i^T \mu = \mu^T X_i$$

μ birim vektörü kısıtı altında:

$$||\mu|| = \sqrt{\mu^T \mu} = 1$$

x_i sıfır ortalama olduktan sonra, μ ise:

$$\sum_{i=1}^n P_i = \sum_{i=1}^n \mu_i^T X_i = \mu^T \sum_{i=1}^n X_i = \mu^T \cdot 0 = 0$$

p_i 'nin karesi şu şekilde ifade edilir:

$$p_i^2 = (\mu^T X_i)(X_i^T \mu) = \mu^T (X_i X_i^T) \mu$$

Böylece p_i 'nin varyansı ise:

$$\begin{aligned}
\sigma_p^2(\mu) &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n P_i^2 \\
&= \mu^T \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i X_i^T \right) \mu \\
&= \mu^T R \mu
\end{aligned}$$

Burada ifade edilen simetri matrisindeki R , veri setinin korelasyon matrisidir. Lagrange çarpımı kullanılarak yeni bir amaç fonksiyonu tanımlayarak, yansıtılan varyans $\sigma_p^2(\mu)$ birim vektör kısıtı minimize edilebilir.

$$J = \mu^T R \mu + \lambda(1 - \mu^T \mu)$$

Yukarıdaki denklemle sıfıra eşitlenirse eğer:

$$\nabla_{\mu} J = 2R\mu - 2\lambda\mu = 0$$

veya

$$R\mu = \lambda\mu$$

R ve μ_i vektörlerine tekabül eden λ korelasyon matrisinde bir özvektördür. Yukarıdaki durumu istinaden, yansıtılan varyans ise:

$$\sigma_p^2(\mu) = \mu^T R \mu = \mu^T \lambda \mu = \lambda \mu^T \mu = \lambda$$

R korelasyon matrisinin en büyük özvektör değerine yansıtılan varyans $\sigma_p^2(\mu)$ sahiptir. Bu durum yansıtılan vektör μ 'nin özvektöre eşit olduğu durumda görülür.

Korelasyon matrisi simetrik ve onun özvektörleri ise birbirine diktir. R 'nin n tane özvektörleri kullanılarak verilen x vektörü şöyle açıklanabilir:

$$x = \sum_{i=1}^n q_i \mu_i$$

μ_i üzerine x 'in yansıması $q_i (= x \cdot \mu_i)$ 'dir ve μ_i ise R 'nin i 'nci birim özvektörüdür (Jang vd., 1997).

3.2.8. GEMMA (Genome-wide Efficient Mixed Model Association- Genom boyunca Etkili Karışık İlişki Modeli)

Analizler GEMMA (Genome-wide Efficient Mixed Model Association- Genom boyunca Etkili Karışık İlişki Modeli)(Xiang Zhou, 2016) ve R (R development team, 2017) programları kullanılarak gerçekleştirilmiştir. GEMMA doğrusal karışık model

için en etkili ilişki algoritmasını oluşturan ve GWAS analizleri için yakın akrabalıkları uygulayan programdır.

Popülasyon tabakalaşmasını ve örnek yapısını hesaba katmak için tek bir fenotip ile marker ilişki testleri ve düzenlenmiş genotiplerce açıklanan fenotipik varyans oranını tahmin etmek için tek değişkenli doğrusal karışık model (LMM) kullanır.

GEMMA, aşağıdaki biçimde tek değişkenli doğrusal karışık model oluşturabilir;

$$y = W\alpha + x\beta + u + \varepsilon; \quad u \sim MVN_n(0, \lambda\tau^{-1}K), \quad \varepsilon \sim MVN_n(0, \tau^{-1}I_n)$$

burada y , n birey için kantitatif özelliklerin bir n vektörüdür; $W = (w_1, \dots, w_c)$, 1'li bir sütun içeren $n \times c$ ortak değişkenlerin (sabit etkiler) bir matrisidir; α , kesişim noktası dahil karşılık gelen katsayıların c -vektörüdür; x , işaretleyici genotipler; β , işaretleyicinin etki boyutudur; u , rastgele etkilerin bir n -vektörüdür; ε , hataların n -vektörüdür; τ^{-1} , artık hataların varyansıdır; λ , iki varyans bileşeni arasındaki orandır; K , bilinen bir $n \times n$ ilişki matrisidir ve I_n , bir $n \times n$ birim matrisidir. MVN_n , n boyutlu çok değişkenli normal dağılımı gösterir.

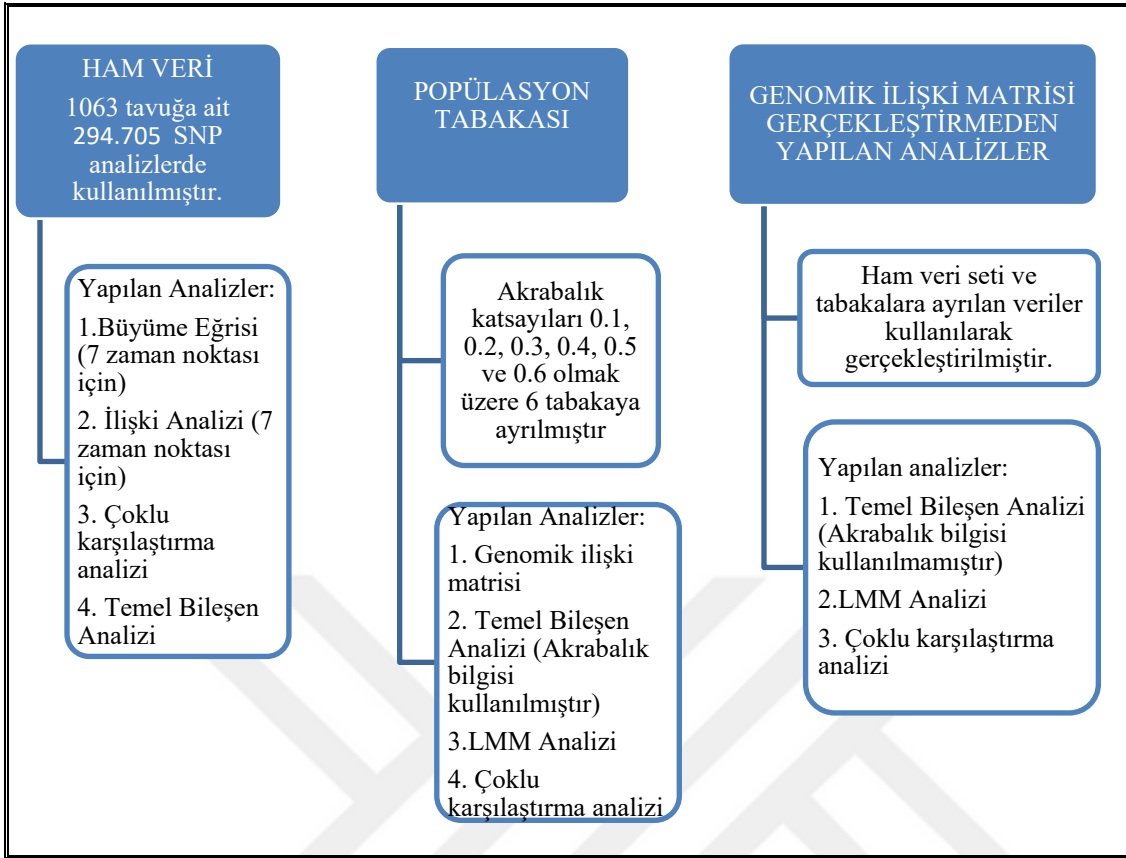
GEMMA sırayla her SNP için sıfır hipotezine ($H_0: \beta = 0$) karşı alternatif hipotezi ($H_1: \beta \neq 0$) yaygın olarak kullanılan üç test istatistiğinden birini kullanarak test eder. GEMMA ya maksimum olabilirlik tahminini (MLE) ya da λ ve β 'nın sınırlı maksimum olasılık tahminini (REML) alır ve karşılık gelen p değerini verir.

Popülasyon tabakalaşmasını kontrol ederken aynı anda birden fazla fenotip ile marker ilişkilerini test etmek ve karmaşık fenotipler arasındaki genetik korelasyonları tahmin etmek için çok değişkenli doğrusal karışık model (mvLMM) kullanılır.

Çok değişkenli doğrusal karışık modeli şu şekilde yazabiliriz,

$$Y = WA + x\beta^T + U + E; \quad G \sim MN_{n \times d}(0, K, V_g), \quad E \sim MN_{n \times d}(0, I_{n \times n}, V_e)$$

burada Y , n birey için d fenotiplerinin $n \times d$ matrisidir; $W = (w_1, \dots, w_c)$, 1'lik bir sütun dahil olmak üzere $n \times c$ ortak değişkenler (sabit etkiler) matrisidir; A , kesişim dahil karşılık gelen katsayıların $c \times d$ matrisidir; x , işaretleyici genotiplerin bir n vektörüdür; β , d fenotipleri için işaretleyici etki boyutlarının bir d vektörüdür; U , rastgele etkilerin $n \times d$ matrisidir; E , $n \times d$ hata matrisidir; K , $n \times n$ ilişki matrisi, $I_{n \times n}$, $n \times n$ birim matristir, V_g , genetik varyans bileşeninin $d \times d$ simetrik bir matrisidir, V_e , çevresel varyans bileşeninin $d \times d$ simetrik bir matrisidir. $MN_{n \times d}(0, V_1, V_2)$ ortalama 0 ile $n \times d$ matris normal dağılımını gösterir, satır kovaryans matrisi V_1 ($n \times n$) ve sütun kovaryans matrisi V_2 ($d \times d$).



Şekil 4.1. Bu çalışmada gerçekleştirilen aşamalar ve gerçekleştirilen analizlerin şematik olarak gösterimi

4. BULGULAR

Kovaryans yapısı seçiminde Akaike bilgi kriteri (AIC) veya Bayesçi bilgi kriteri (BIC) yaygın olarak kullanılmaktadır. Genel olarak, AIC veya BIC iki yöntem uyarınca kovaryans yapısını seçmek için kullanılabilir. AIC veya BIC değerlerinden en küçük olanı seçilir. Daha küçük bir AIC veya BIC değeri, kovaryans modelinin daha iyi uyumunu sağlar. Bu iki değer, parametrelerin sayısının etkisini hesaba katar ve böylece farklı modellerin karşılaştırılmasında doğrudan kullanılabilir. Bu çalışmada, farklı 9 büyüme eğrisi modeli (Legendre2, Legendre3, Legendre4, Logistic, Bi-Logistic, Pharmacology, Üssel, Bi- Üssel ve Güç) farklı 13 kovaryans yapısı (AR1, SAD1, ARMA(1,1), ARH1, CS, CSH, VS, SI, FA1, FAH1, TOEP, TOEPH ve HF) için analiz edilmiştir. Büyüme eğrisi modelleri uyum analizi sonucuna göre, AIC (6419.791) ve BIC (6429. 729) değerlerinin en küçüğü olan Güç (Güç) Büyüme Eğrisi Modeli seçilmiştir. Güç (Güç) büyüme eğrisine en yakın olan ikinci model akaike bilgi kriteri (6419.817) ve bayesçi bilgi kriteri (6429.755) değerleriyle Üssel büyüme eğrisi modeli olmuştur. En yüksek akaike bilgi kriteri (6425.708) ve bayesçi bilgi kriteri (6450.522) ise Legendre 4 büyüme eğrisine aittir. Güç (Güç) Büyüme Eğrisi için yapılan kovaryans tahmini analizi sonucuna göre, olabilirliği en yüksek (-22236.95), AIC (44501.91) ve BIC (44571.47) değeri en küçük olan FAH kovaryans yapısı seçilmiştir.

Çizelge 4.1. 7 zaman dilimine ait tanımlayıcı istatistikler

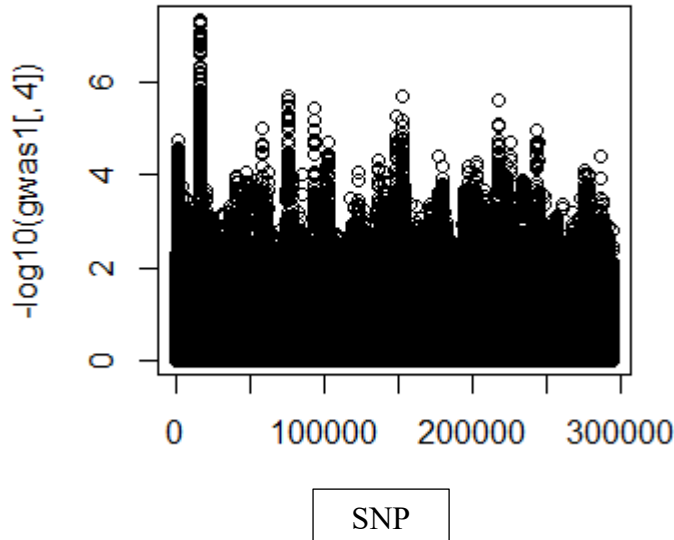
Yumurta Ağırlıkları	Örnek Sayısı	Ortalama	Serbestlik Derecesi	Varyasyon Katsayısı	Minumum	Maksimum
İlk yumurtlama	1063	42.44	5.06	11.92	17.00	75.00
28 haftalık	1063	57.19	3.47	6.07	46.80	68.80
36 haftalık	1063	59.35	3.28	5.53	54.00	69.70
56 haftalık	1063	60.98	4.54	7.44	35.50	77.00
66 haftalık	1063	60.83	4.50	7.39	42.00	78.00
72 haftalık	1063	60.97	5.33	8.74	42.00	86.00
80 haftalık	1063	62.33	5.07	8.13	39.00	84.00

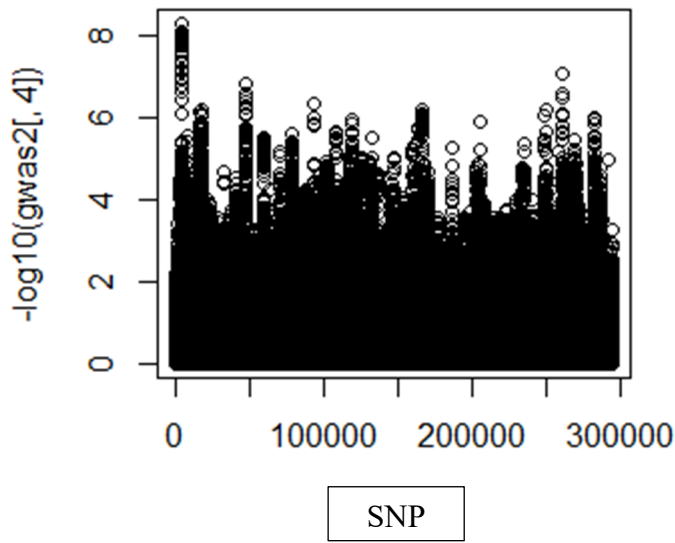
Çizelge 4.1’de tanımlayıcı fenotip istatistikleri yumurta ağırlığının, tavuğun yaşı ile uyumlu olarak arttığını ve 80 haftalıkken en yüksek değere ulaştığını göstermektedir.

Çizelge 4.2. Büyüme eğrisi uyum özetleri

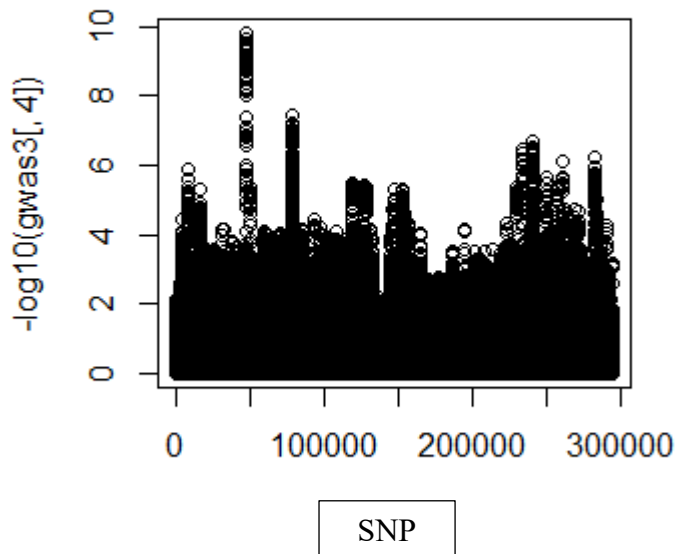
Tip	Parametre	AIC	AICc	BIC	HKT	OKT	KOTH	R^2
Legendre2	3	6421.751	7.0430	6436.658	444348.5	59.7162	7.7276	-6.22e-05
Legendre3	4	6423.716	7.0449	6443.591	444333.5	59.7142	7.7274	-2.86e-05
Legendre4	5	6425.708	7.0468	6450.552	444330.4	59.7138	7.7274	-2.16e-05
Pharmacology	3	6421.763	7.0430	6436.669	444353.3	59.7168	7.7276	-7.32e-05
Üssel	2	6419.817	7.0412	6429.755	444376	59.7199	7.7278	-0.0001
Bi-Üssel	4	6423.817	7.0450	6443.693	444376	59.7199	7.7278	-0.0001
Güç	2	6419.791	7.0412	6429.729	444365.2	59.7184	7.7277	-9.99e-05

Çizelge 4.2’de AIC ve BIC’e göre en uyumlu ve en iyi değeri veren büyüme eğrisinin Güç büyüme eğrisi olduğu görülmektedir.

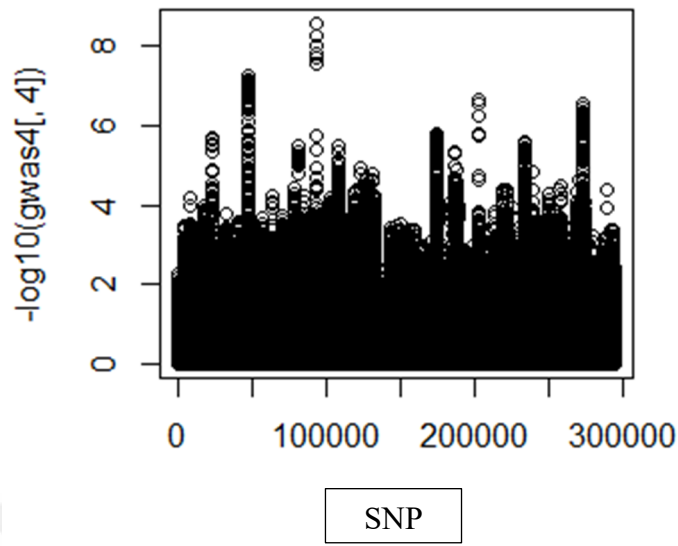
**Şekil 4.1.** İlk yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNPnin manhattan şekli



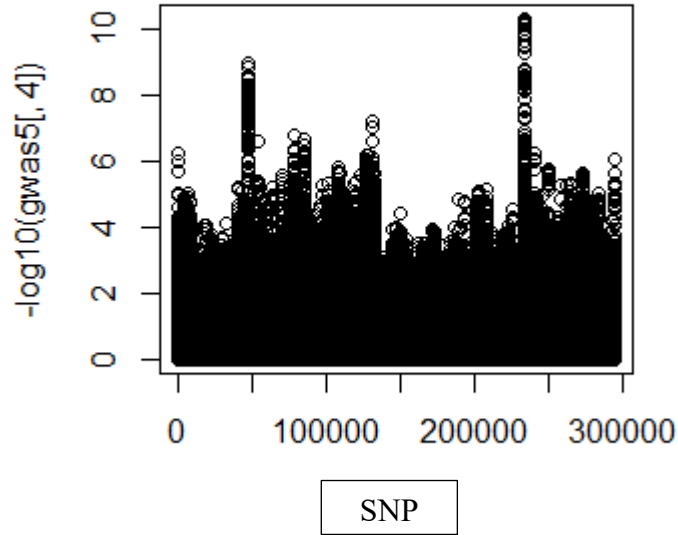
Şekil 4.2. 28 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNP'nin Manhattan şekli



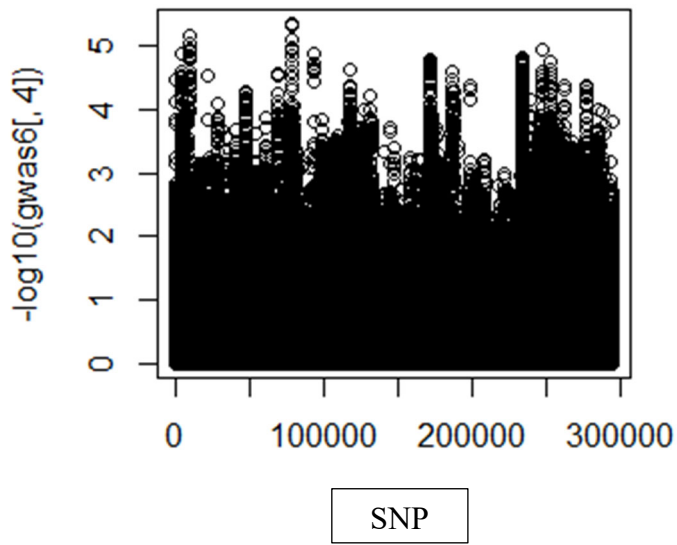
Şekil 4.3. 36 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNP'nin Manhattan şekli



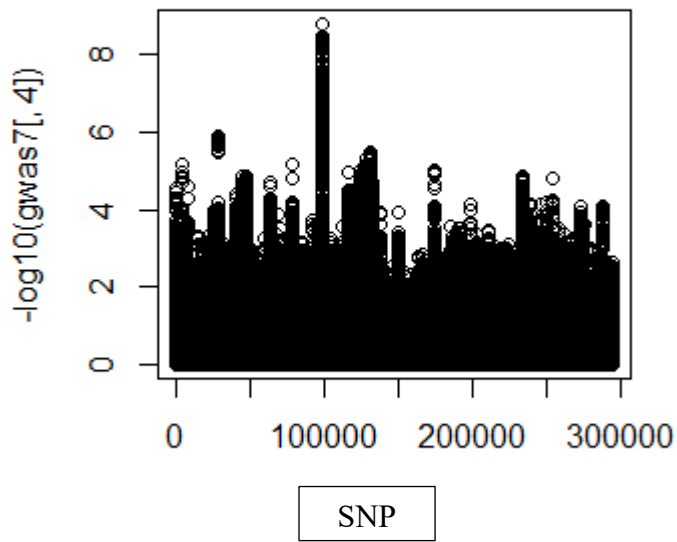
Şekil 4.4. 56 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNP'nin Manhattan şekli



Şekil 4.5. 66 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNP'nin Manhattan şekli



Şekil 4.6. 72 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNP'nin Manhattan şekli



Şekil 4.7. 80 haftalık yumurta ağırlıklarına ait en önemli SNP'nin Manhattan şekli

Çizelge 4.3. Legendre2 büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
AR1	-25285.35	50574.7	50584.63
SAD1	-25551.78	51107.57	51117.5
ARMA(1,1)	-25280.88	50567.76	50582.67
ARH1	-22440.4	44896.8	44936.55
CS	-25773.24	51550.49	51560.42
CSH	-23158.2	46332.4	46372.15
VS	-23655	47324.0	47358.79
SI	-25773.69	51549.39	51554.35
FA1	-23956.73	47929.45	47969.2
FAH1	-22237.98	44503.96	44573.53
TOEP	-25235.35	50484.7	50519.49
TOEPH	-22361.55	44749.09	44813.69
HF	-22361.55	44749.09	44813.69

Çizelge 4.3'te Legendre2 büyüme eğrisi için yapılan kovaryans tahminlerine göre Olabilirlik (-22237.98), AIC (44503.96) ve BIC (44573.53) değerlerinin FAH1 kovaryans yapısı için en iyi model olarak görülmektedir.

Çizelge 4.4. Legendre3 büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
AR1	-25732.11	51480.22	51519.97
SAD1	-25551.59	51107.1	51117.12
ARMA(1,1)	-25280.62	50567.24	50582.15
ARH1	-22440.22	44896.44	44936.19
CS	-25773.12	51550.24	51560.17
CSH	-23158.48	46332.96	46372.71
VS	-23654.99	47323.99	47358.77
SI	-25773.57	51549.14	51554.1
FA1	-25648.28	51312.56	51352.31
FAH1	-22238.99	44505.98	44575.54
TOEP	-25235.09	50484.18	50518.96
TOEPH	-22361.52	44749.03	44813.63
HF	-25732.11	51480.22	51519.97

Çizelge 4.4’de Legendre3 büyüme eğrisi için yapılan kovaryans tahminlerine göre Olabilirlik (-22238.99), AIC (44505.98) ve BIC (44575.54) değerlerinin FAH1 kovaryans yapısı için en iyi model olarak görülmektedir.

Çizelge 4.5. Legendre4 büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
AR1	-25285	50574.01	50583.94
SAD1	-25551.55	51107.1	51117.04
ARMA(1,1)	-25280.53	50567.06	50581.97
ARH1	-22439.56	44895.13	44934.88
CS	-25773.09	51550.19	51560.12
CSH	-23158.09	46332.18	46371.93
VS	-23654.72	47323.44	47358.22
SI	-25773.54	51549.08	51554.05
FA1	-24053.11	48122.22	48161.97
FAH1	-22238.14	44504.27	44573.84
TOEP	-25235	50484	50518.79
TOEPH	-22360.84	44747.68	44812.28

Çizelge 4.5’de Legendre4 büyüme eğrisi için yapılan kovaryans tahminlerine göre Olabilirlik (-22238.14), AIC (44504.27) ve BIC (44573.84) değerlerinin FAH1 kovaryans yapısı için en iyi model olarak görülmektedir.

Çizelge 4.6. Pharmacology büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
AR1	-25285.35	50574.71	50584.65
SAD1	-25551.84	51107.68	51117.62
ARMA(1,1)	-25280.89	50567.79	50582.69
ARH1	-22440.12	44896.23	44935.99
CS	-25773.31	51550.62	51560.56
CSH	-23157.8	46331.59	46371.34
VS	-23654.55	47323.1	47357.88
SI	-25773.6	51549.35	51554.32
FA1	-23953.41	47922.82	47962.58
FAH1	-22237.55	44503.1	44572.66
TOEP	-25235.37	50484.73	50519.52
TOEPH	-22361.08	44748.16	44812.75
HF	-25732.26	51480.52	51520.27

Çizelge 4.6’da Pharmacology büyüme eğrisi için yapılan kovaryans tahminlerine göre Olabilirlik (-22237.55), AIC (44503.1) ve BIC (44572.66) değerlerinin FAH1 kovaryans yapısı için en iyi model olarak görülmektedir.

Çizelge 4.7. Üssel büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
AR1	-25285.51	50575.01	50584.95
SAD1	-25551.99	51107.99	51117.93
ARMA(1,1)	-25281.02	50568.04	50582.94
ARH1	-22439.57	44895.15	44934.9
CS	-25773.38	51550.76	51560.7
CSH	-23157.43	46330.86	46370.62
VS	-23654.45	47322.89	47357.67
SI	-25773.92	51549.85	51554.82
FA1	-24013.48	48042.96	48082.72
FAH1	-22237.55	44503.1	44572.66
TOEP	-25235.48	50484.97	50519.75
TOEPH	-22360.81	44747.61	44812.21
HF	-25732.34	51480.68	51520.43

Çizelge 4.7’de Üssel büyüme eğrisi için yapılan kovaryans tahminlerine göre Olabilirlik (-22237.55), AIC (44503.1) ve BIC (44572.66) değerlerinin FAH1 kovaryans yapısı için en iyi model olarak görülmektedir.

Çizelge 4.8. Bi-Üssel büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
AR1	-25285.48	50574.96	50584.9
SAD1	-25551.99	51107.99	51117.93
ARMA(1,1)	-25281.02	50568.04	50582.94
ARH1	-22439.57	44895.15	44934.9
CS	-25773.47	51550.94	51560.88
CSH	-23157.43	46330.86	46370.62
VS	-23654.45	47322.89	47357.6
SI	-25773.73	51549.46	51554.42
FA1	-25648.98	51313.95	51353.7
FAH1	-22237.17	44502.35	44571.91
TOEP	-25235.48	50484.97	50519.75
TOEPH	-22360.97	44747.95	44812.54
HF	-25732.34	51480.68	51520.43

Çizelge 4.8’de Bi-Üssel büyüme eğrisi için yapılan kovaryans tahminlerine göre Olabilirlik (-22237.17), AIC (44502.35) ve BIC (44571.91) değerlerinin FAH1 kovaryans yapısı için en iyi model olarak görülmektedir.

Çizelge 4.9. Güç büyüme eğrisi için kovaryans tahminleri

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
AR1	-25285.48	50574.96	50584.9
SAD1	-25285.48	50574.96	50584.9
ARMA(1,1)	-25280.9	50567.8	50582.71
ARH1	-22440.25	44896.51	44936.26
CS	-25773.29	51550.58	51560.51
CSH	-23157.62	46331.23	46370.98
VS	-23654.67	47323.35	47358.13
SI	-25773.83	51549.67	51554.63
FA1	-23994.83	48005.66	48045.42
FAH1	-22236.95	44501.91	44571.47
TOEP	-25235.46	50484.93	50519.71
TOEPH	-22360.95	44747.9	44812.49
HF	-25732.29	51480.58	51520.33

Çizelge 4.9’da Güç büyüme eğrisi için yapılan kovaryans tahminlerine göre Olabilirlik (-22236.95), AIC (44501.91) ve BIC (44571.47) değerlerinin FAH1 kovaryans yapısı için en iyi model olarak görülmektedir.

4.1. Güç büyüme eğrisine göre farklı kovaryans yapıları

Güç büyüme eğrisiyle farklı kovaryans yapılarına göre önemli SNPlar belirlenmiştir.

Çizelge 4.10. Güç büyüme eğrisi AR1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P	Bonferroni	Holm	Hochberg	Sidak	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+05	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0233	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+05	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.10’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.11. Güç büyüme eğrisi ARH1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P	Bonferroni	Holm	Hochberg	Sidak	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0134
AX-75490247	1	61840466	4,92E+06	0.0144	0.0144	0.0144	0.0143	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,68E+06	0.0167	0.0167	0.0167	0.0166	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,99E+06	0.0235	0.0235	0.0235	0.0232	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,17E+06	0.0270	0.0270	0.0270	0.0266	0.0034
AX-75490259	1	61847006	9,99E+06	0.0294	0.0294	0.0294	0.0290	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,03E+07	0.0302	0.0302	0.0302	0.0297	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,03E+07	0.0304	0.0304	0.0304	0.0300	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,23E+07	0.0362	0.0362	0.0362	0.0362	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0424	0.0424	0.0424	0.0415	0.0034

Çizelge 4.11’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsu da en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.12. Güç büyüme eğrisi ARMA(1,1) kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P	Bonferroni	Holm	Hochberg	Sidak	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,92E+06	0.0144	0.0144	0.0144	0.0143	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,68E+06	0.0167	0.0167	0.0167	0.0166	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,99E+06	0.0235	0.0235	0.0235	0.0232	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,17E+06	0.0270	0.0270	0.0270	0.0266	0.0034
AX-75490259	1	61847006	9,99E+06	0.0294	0.0294	0.0294	0.0290	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,03E+07	0.0302	0.0302	0.0302	0.0297	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,03E+07	0.0304	0.0304	0.0304	0.0300	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,23E+07	0.0362	0.0362	0.0362	0.0362	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0424	0.0424	0.0424	0.0415	0.0034

Çizelge 4.12’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.13. Güç büyüme eğrisi CS kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P	Bonferroni	Holm	Hochberg	Sidak	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,92E+05	0.0143	0.0143	0.0143	0.0143	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,68E+06	0.0167	0.0167	0.0167	0.0166	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,99E+06	0.0235	0.0235	0.0235	0.0232	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,17E+05	0.0270	0.0270	0.0270	0.0266	0.0034
AX-75490259	1	61847006	9,99E+05	0.0294	0.0294	0.0294	0.0290	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,03E+07	0.0302	0.0302	0.0302	0.0297	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,03E+07	0.0304	0.0304	0.0304	0.0300	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,23E+07	0.0362	0.0362	0.0362	0.0356	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0424	0.0424	0.0424	0.0415	0.0034

Çizelge 4.13'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.14. Güç büyüme eğrisi CSH kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P	Bonferroni	Holm	Hochberg	Sidak	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+05	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+06	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0231	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+06	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.030	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.14’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.15. Güç büyüme eğrisi FA1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Kro	Pozisyon	P	Bonferroni	Holm	Hochberg	Sidak	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+05	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0231	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+05	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.15'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.16. Güç büyüme eğrisi FAH1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+05	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0231	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+05	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.02982	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.03682	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.16’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.17. Güç büyüme eğrisi SAD1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,92E+06	0.0144	0.0144	0.0144	0.0143	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,68E+05	0.0167	0.0167	0.0167	0.0166	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,99E+06	0.0235	0.0235	0.0235	0.0232	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,17E+06	0.0270	0.0270	0.0270	0.0266	0.0034
AX-75490259	1	61847006	9,99E+06	0.0294	0.0294	0.0294	0.0290	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,03E+07	0.0302	0.0302	0.0302	0.0297	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,03E+07	0.0304	0.03041	0.0304	0.0300	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,23E+06	0.0362	0.0362	0.0362	0.0356	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0424	0.04244	0.0424	0.0415	0.0034

Çizelge 4.17’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.18 Güç büyüme eğrisi SI kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.01447	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+05	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0231	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+05	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.036	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.18’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.19. Güç büyüme eğrisi TOEP kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+06	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0231	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+06	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.19’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.20. Güç büyüme eğrisi TOEPH kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+05	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0231	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+05	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.04233	0.0414	0.00343

Çizelge 4.20’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur

Çizelge 4.21. Güç büyüme eğrisi VS kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+05	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.023	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+05	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.21’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.22. Güç Büyüme Eğrisi FAH1 kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75490231	1	61834644	4,49E+06	0.0132	0.0132	0.0132	0.0131	0.0034
AX-75490247	1	61840466	4,93E+06	0.0145	0.0145	0.0145	0.0144	0.0034
AX-75489908	1	61672827	5,72E+05	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0034
AX-75490296	1	61866258	7,93E+06	0.0233	0.0233	0.0233	0.0231	0.0034
AX-75490162	1	61802403	9,22E+05	0.0271	0.0271	0.0271	0.0268	0.0034
AX-75490259	1	61847006	1,01E+07	0.0298	0.0298	0.0298	0.0294	0.0034
AX-75490174	1	61808228	1,04E+07	0.0306	0.0306	0.0306	0.0301	0.0034
AX-75490180	1	61810391	1,05E+07	0.0309	0.0309	0.0309	0.0304	0.0034
AX-75490150	1	61795431	1,25E+07	0.0368	0.0368	0.0368	0.0361	0.0034
AX-75490503	1	61966169	1,44E+07	0.0423	0.0423	0.0423	0.0414	0.0034

Çizelge 4.22’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin- Hochberg yöntemi vermiştir ve bu sonuçta 1. kromozomda %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.23. Güç ve Legendere2 büyüme eğrisi uyum özetleri

Tip	Parametre	AIC	AICc	BIC	HKT	OKT	KOTH	R ²
Legendre2	3	6396.334	7.0418	6411.229	442143.4	59.6443	7.7229	-7.127e-05
Güç	2	6394.331	7.0399	6404.261	442142.3	59.6441	7.7229	-6.878e-05

Çizelge 4.24. Güç büyüme eğrisi FAH kovaryans yapısı uyum özeti

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
FAH1	-22149.79	44327.57	44397.08

Çizelge 4.25. Legendere2 büyüme eğrisi FAH kovaryans yapısı uyum özeti

tip	Olabilirlik	AIC	BIC
FAH1	-22149.73	44327.46	44396.97

Çizelge 4.23’te görüldüğü üzere en iyi uyum sonuçlarını güç büyüme eğrisi vermiştir. Ayrıca çizelge 4.24 ve 4.25’te FAH1 kovaryans yapısı için AIC ve BIC dikkate alındığında en uyumlu sonucu Güç büyüme eğri modeli vermiştir.

Çizelge 4.26. Legendre2 FAH kovaryans yapısı çoklu karşılaştırma sonuçları

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-80858214	7	2820413	2,77E+09	1	1	0.9999	0.9997	0.9566
AX-77022130	7	2824596	3,39E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9566
AX-77022227	7	2828157	6,56E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9566
AX-77024597	7	2914893	9,72E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9566
AX-80778478	7	2703479	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9566
AX-75868332	17	5161368	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9566
AX-76400274	3	104692331	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9566
AX-75868389	17	5173885	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9566
AX-80994587	17	5155699	0.0002	1	1	0.9999	1	0.9566
AX-75398005	1	193976653	0.0002	1	1	0.9999	1	0.9566

Çizelge 4.26’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

4.2. Akrabalığa Göre Seçilen Veriler Üzerinde Yapılan İlişki Analizleri

4.2.1 Akrabalık katsayısı 0.1 için verilerin kullanılması

Çizelge 4.26. Akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-80911070	2	89594484	1,21E+08	0.3561	0.3561	0.3561	0.2996	0.1893
AX-75248069	1	127826378	1,55E+08	0.4568	0.4568	0.4568	0.3667	0.1893
AX-75684810	12	12271354	1,93E+08	0.5680	0.5680	0.5680	0.4333	0.1893
AX-75628460	10	9683356	3,09E+08	0.9116	0.9116	0.9116	0.5981	0.2279
AX-75627701	10	9471250	4,20E+08	1	1	0.9999	0.7095	0.2472
AX-75363782	1	180959656	5,64E+08	1	1	0.9999	0.8104	0.2704
AX-75701168	12	17749156	6,70E+08	1	1	0.9999	0.8612	0.2704
AX-76191594	2	97376890	8,15E+08	1	1	0.9999	0.9095	0.2704
AX-75438142	1	36786049	8,51E+07	1	1	0.9999	0.9186	0.2704
AX-77017526	7	26952155	9,18E+08	1	1	0.9999	0.9331	0.2704

Çizelge 4.26'da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.27. Akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kromozom	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-80870050	11	12868538	6,23E+04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001
AX-75812613	14	9452582	4,47E+05	0.0013	0.0013	0.0013	0.0013	0.0005
AX-77031806	7	32262273	6,04E+05	0.0017	0.0017	0.0017	0.0017	0.0005
AX-75369740	1	183386723	7,30E+05	0.0021	0.0021	0.0021	0.0021	0.0005
AX-76731212	4	75739147	1,27E+06	0.0037	0.00373	0.0037	0.0037	0.0006
AX-75184125	1	4434094	1,29E+06	0.0037	0.0037	0.0037	0.0037	0.0006
AX-75825850	15	1706631	1,63E+06	0.0048	0.0048	0.0048	0.0047	0.0006
AX-75660293	11	3858582	2,33E+06	0.0068	0.0068	0.0068	0.0068	0.0007
AX-76622132	4	20426204	2,39E+06	0.0070	0.00704	0.0070	0.0070	0.00078
AX-75692959	12	15023193	3,26E+06	0.0095	0.0095	0.0095	0.0095	0.0008

Çizelge 4.27'de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.28. Akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kromozom	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-76291839	23	4692862	1,23E+04	0.0003	0.0003	0.0003	0.0003	0.0003
AX-75402607	1	19405280	3,41E+05	0.0010	0.0010	0.0010	0.0010	0.0004
AX-75812613	14	9452582	4,94E+05	0.0014	0.0014	0.0014	0.0014	0.0004
AX-75692959	12	15023193	5,96E+05	0.0017	0.0017	0.0017	0.0017	0.0004
AX-75590711	10	16331777	2,12E+06	0.0062	0.0062	0.0062	0.0062	0.0012
AX-75407403	1	21742115	3,43E+06	0.0101	0.0101	0.0101	0.0100	0.0016
AX-76334948	26	2057166	4,64E+05	0.0136	0.0136	0.0136	0.0135	0.0019
AX-80877738	4	38031712	6,76E+06	0.0199	0.0199	0.0199	0.0197	0.0024
AX-76980959	7	13103563	7,67E+06	0.0226	0.0226	0.0226	0.0223	0.0025
AX-80981892	24	4622613	9,87E+06	0.0290	0.0290	0.0290	0.0286	0.0025

Çizelge 4.28’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.29. Akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kromozom	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-76200593	20	11409907	3,51E+07	0.1035	0.1035	0.1035	0.0983	0.1035
AX-75283445	1	144113382	1,35E+08	0.3970	0.3970	0.3970	0.3277	0.1240
AX-75605588	10	2565894	1,68E+08	0.4950	0.4950	0.4950	0.3904	0.1240
AX-80946822	2	103928801	1,79E+08	0.5265	0.5264	0.5264	0.4093	0.1240
AX-75956449	2	104482946	2,10E+07	0.6201	0.6201	0.6201	0.4621	0.1245
AX-75638873	11	13455697	4,33E+08	1	1	0.9999	0.7206	0.2125
AX-75301753	1	153236911	8,30E+08	1	1	0.9999	0.9133	0.3214
AX-76347365	26	4714551	1,12E+09	1	1	0.9999	0.9629	0.3214
AX-80886376	1	22333864	1,23E+09	1	1	0.9999	0.9729	0.3214
AX-76705373	4	62820361	1,37E+09	1	1	0.9999	0.9821	0.3214

Çizelge 4.29’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.30. Akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-77183598	8	8529764	1,20E+09	1	1	0.9999	0.9705	0.9905
AX-75927875	19	3765498	1,29E+09	1	1	0.9999	0.9779	0.9905
AX-76416781	3	12095919	1,63E+08	1	1	0.9999	0.9917	0.9905
AX-76811612	5	28183288	1,93E+09	1	1	0.9999	0.9965	0.9905
AX-75859426	17	2504724	2,03E+08	1	1	0.9999	0.9974	0.9905
AX-75749862	13	1797433	2,27E+09	1	1	0.9999	0.9987	0.9905
AX-75750699	13	2159599	2,73E+09	1	1	0.9999	0.9996	0.9905
AX-76538205	3	69986847	2,77E+09	1	1	0.9999	0.9997	0.9905
AX-80944658	4	12077168	3,42E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9905
AX-77004564	7	22002914	3,83E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9905

Çizelge 4.30’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.31. Akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-76538205	3	69986847	9,65E+06	0.0284	0.0284	0.0284	0.0280	0.0284
AX-76542896	3	72106585	5,08E+07	0.1496	0.1496	0.1496	0.1389	0.0670
AX-76537420	3	69594756	6,83E+07	0.2012	0.2012	0.2012	0.1822	0.0670
AX-76541800	3	71605952	2,68E+08	0.7894	0.7894	0.7894	0.5458	0.1973
AX-76536825	3	69223602	7,30E+08	1	1	0.9999	0.8838	0.4305
AX-75812322	14	9375746	1,25E+09	1	1	0.9999	0.9749	0.6142
AX-75531193	1	81849505	1,63E+08	1	1	0.9999	0.9917	0.6241
AX-76759656	4	8801605	1,84E+09	1	1	0.99995	0.9955	0.6241
AX-76016184	2	136000174	2,13E+09	1	1	0.9999	0.9981	0.62415
AX-76564015	3	81935733	2,14E+08	1	1	0.9999	0.9981	0.6241

Çizelge 4.31’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.32. Akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76268936	22	3353004	6,24E+08	1	1	0.9999	0.8408	0.8221
AX-77121369	8	8895616	1,32E+09	1	1	0.9999	0.9796	0.822
AX-76854220	5	48027926	1,87E+09	1	1	0.9999	0.9959	0.8221
AX-77115492	8	6472707	1,95E+08	1	1	0.9999	0.9968	0.8221
AX-75896076	18	3747537	2,63E+09	1	1	0.9999	0.9995	0.8221
AX-75648777	11	16965114	2,66E+09	1	1	0.9999	0.9996	0.8221
AX-76286320	23	3491183	3,35E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.8221
AX-76003765	2	129235231	3,57E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.8221
AX-75329814	1	166827306	3,66E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.8221
AX-77018722	7	2697882	4,23E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.8221

Çizelge 4.32’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

4.2.2. Akrabalık katsayısı 0.2 için verilerin kullanılması

Çizelge 4.33. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-76883221	5	546475	1,61E+08	0.4743	0.4743	0.4743	0.3777	0.3133
AX-75982016	2	117955420	2,68E+08	0.7911	0.7911	0.7911	0.5466	0.3133
AX-80761008	15	2845867	3,49E+08	1	1	0.9999	0.6428	0.3133
AX-75608133	10	3402032	6,09E+08	1	1	0.9999	0.8339	0.3133
AX-76620705	4	19627769	6,13E+08	1	1	0.9999	0.8356	0.31331
AX-76121432	2	59404874	6,38E+08	1	1	0.9999	0.8473	0.3133
AX-75414361	1	25362445	9,58E+08	1	1	0.9999	0.9406	0.3243
AX-75236840	1	122386200	9,64E+08	1	1	0.9999	0.9416	0.3243
AX-76828441	5	36041082	1,05E+09	1	1	0.9999	0.9552	0.3243
AX-77052384	7	8127908	1,10E+08	1	1	0.9999	0.9609	0.3243

Çizelge 4.33’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.34. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75339859	1	171086840	7,51E+04	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002
AX-75879926	17	8469395	8,04E+05	0.0023	0.0023	0.0023	0.0023	0.0009
AX-80938656	5	29503530	1,30E+06	0.0038	0.0038	0.0038	0.0038	0.0009
AX-75542258	1	87153301	1,58E+06	0.0046	0.0046	0.0046	0.0046	0.0009
AX-75524918	1	78802634	1,60E+06	0.0047	0.0047	0.00472	0.0047	0.0009
AX-77133106	9	13010794	2,32E+06	0.0068	0.0068	0.0068	0.0068	0.0010
AX-75525268	1	78968467	3,11E+06	0.0091	0.0091	0.0091	0.0091	0.0010
AX-76763128	4	9088302	3,69E+06	0.0108	0.0108	0.0108	0.0108	0.0010
AX-76316786	24	5477392	3,78E+06	0.0111	0.0111	0.0111	0.0110	0.0010
AX-80991378	2	138694173	3,92E+06	0.0115	0.0115	0.0115	0.0114	0.0010

Çizelge 4.34’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.35. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76636152	4	27519377	2,68E+06	0.0079	0.0079	0.0079	0.0078	0.0021
AX-76394467	3	102164585	3,36E+06	0.0099	0.0099	0.0099	0.0098	0.0021
AX-75987925	2	121309787	3,50E+06	0.0103	0.0103	0.0103	0.0102	0.0021
AX-75339859	1	171086840	4,92E+06	0.0144	0.0144	0.0144	0.0143	0.0021
AX-76527384	3	64894818	5,09E+06	0.0150	0.0150	0.0150	0.0148	0.0021
AX-77090299	8	22978321	5,25E+06	0.0154	0.0154	0.0154	0.0153	0.0021
AX-75616209	10	5938879	5,72E+06	0.0168	0.0168	0.0168	0.0167	0.0021
AX-76195426	2	99306914	5,93E+06	0.0174	0.0174	0.0174	0.0173	0.0021
AX-76729702	4	75041456	6,62E+06	0.0195	0.0195	0.0195	0.0193	0.0021
AX-75844163	15	7751437	1,03E+07	0.0304	0.0304	0.0304	0.0300	0.0027

Çizelge 4.35'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.36. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76189842	2	96416977	7,06E+07	0.2081	0.2081	0.2081	0.1879	0.1230
AX-75522973	1	77959905	8,35E+07	0.2461	0.2461	0.2461	0.2182	0.1230
AX-76978662	7	1174521	2,88E+08	0.8490	0.8490	0.8490	0.5721	0.2830
AX-80930457	6	8545833	5,40E+08	1	1	0.9999	0.7966	0.3709
AX-77105873	8	2850844	6,29E+08	1	1	0.9999	0.84354	0.3709
AX-75511830	1	71829831	8,68E+08	1	1	0.9999	0.9226	0.3761
AX-75961151	2	106950246	8,93E+08	1	1	0.9999	0.9281	0.3761
AX-75365836	1	181794088	1,36E+09	1	1	0.9999	0.9817	0.4344
AX-76264804	22	2488173	1,57E+09	1	1	0.9999	0.9901	0.4344
AX-75222463	1	115662894	1,66E+07	1	1	0.9999	0.9925	0.4344

Çizelge 4.36’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsan da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.37. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-77158794	9	120621	1,16E+09	1	1	0.9999	0.9669	0.9448
AX-76242735	21	3539615	1,19E+09	1	1	0.9999	0.9701	0.9448
AX-76288574	23	4003123	1,80E+09	1	1	0.9999	0.9949	0.9448
AX-75325942	1	16159813	2,87E+08	1	1	0.9999	0.9997	0.9448
AX-75569348	10	10246790	2,91E+09	1	1	0.9999	0.9998	0.9448
AX-76886486	5	7387876	2,93E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9448
AX-75905780	18	6588640	3,31E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9448
AX-75904530	18	6232025	4,41E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9448
AX-76300578	24	1567875	4,77E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9448
AX-80830522	1	165243298	5,38E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9448

Çizelge 4.37’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.38. Akralılık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75422735	1	29462886	5,93E+08	1	1	0.9999	0.8258	0.9038
AX-80764000	7	29231945	8,38E+08	1	1	0.9999	0.9153	0.9038
AX-76251084	21	5345544	2,12E+09	1	1	0.9999	0.9980	0.9038
AX-76747029	4	83128361	2,71E+08	1	1	0.9999	0.9996	0.9038
AX-75408429	1	22255609	2,71E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9038
AX-76552829	3	76779567	2,95E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9038
AX-76875211	5	56409316	3,20E+08	1	1	0.9999	0.9999	0.9038
AX-80963357	1	194257198	3,42E+08	1	1	0.9999	0.9999	0.9038
AX-75406974	1	21523653	3,58E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9038
AX-77066743	8	14048719	4,20E+09	1	1	0.9999	0.9999	0.9038

Çizelge 4.38’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

Çizelge 4.39. Akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-80807692	1	91118926	9,09E+07	0.2679	0.2679	0.2679	0.2350	0.1914
AX-76336624	26	2442679	1,30E+08	0.3829	0.3829	0.3829	0.3181	0.1914
AX-76000156	2	127443590	2,36E+07	0.6961	0.6961	0.6961	0.5015	0.2320
AX-76309116	24	3620613	4,96E+08	1	1	0.9999	0.7684	0.2491
AX-75999343	2	127026294	5,31E+08	1	1	0.9999	0.7906	0.2491
AX-77000880	7	20607459	5,88E+08	1	1	0.9999	0.8232	0.2491
AX-75427546	1	31865018	6,62E+07	1	1	0.9999	0.8580	0.2491
AX-77164502	9	22942839	6,76E+08	1	1	0.9999	0.8637	0.2491
AX-76581245	3	294705	1,42E+09	1	1	0.9999	0.9846	0.4641
AX-76142815	2	71021397	1,84E+09	1	1	0.9999	0.9956	0.5434

Çizelge 4.39’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.

4.2.3. Akrabalık katsayısı 0.4 için verilerin kullanılması

Çizelge 4.40. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-75240389	1	124031368	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76083053	2	37330313	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76541303	3	71386840	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-77083766	8	20465580	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76252974	21	5741897	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76305405	24	2749596	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-80794420	1	102891770	1,52E+07	0.0446	0.0446	0.0446	0.0436	0.0055
AX-75192396	1	101963489	3,33E+07	0.0980	0.0980	0.0980	0.0934	0.0108
AX-77097475	8	25645216	2,65E+08	0.7808	0.7808	0.7808	0.5419	0.07808

Çizelge 4.40’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.41. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krom	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-80782581	6	8255762	2,60E+06	0.0076	0.0076	0.0076	0.0076	0.0076
AX-76854108	5	47981680	5,78E+06	0.0170	0.0170	0.0170	0.0168	0.0085
AX-75473755	1	53871327	1,66E+07	0.0488	0.0488	0.0488	0.0476	0.0131
AX-75230441	1	119420477	1,79E+07	0.0526	0.0526	0.0526	0.0513	0.0131
AX-76648274	4	33637299	2,69E+07	0.0791	0.07918	0.07918	0.0761	0.0158
AX-76249647	21	474572	3,22E+07	0.0949	0.0949	0.0949	0.0905	0.0158
AX-76927761	6	24169122	1,04E+08	0.3071	0.3071	0.3071	0.2644	0.0438
AX-76204090	20	12716542	1,26E+08	0.3721	0.3721	0.3721	0.3107	0.0465
AX-76143030	2	71165813	1,67E+08	0.4915	0.4915	0.4915	0.3883	0.0534
AX-80913013	2	39250645	1,81E+08	0.534	0.5348	0.5348	0.4142	0.0534

Çizelge 4.41’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.42. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-75240389	1	124031368	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76083053	2	37330313	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76541303	3	71386840	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-77083766	8	20465580	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76252974	21	5741897	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76305405	24	2749596	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-75473755	1	53871327	2,26E+07	0.0666	0.0666	0.0666	0.0645	0.0083
AX-75230441	1	119420477	1,11E+08	0.3284	0.32847	0.32847	0.2799	0.03649
AX-77006100	7	2217006	1,62E+08	0.4772	0.4772	0.477275	0.3795	0.04772

Çizelge 4.42’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.43. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-75240389	1	124031368	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76083053	2	37330313	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76541303	3	71386840	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-77083766	8	20465580	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76252974	21	5741897	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76305405	24	2749596	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-75341258	1	171690744	2,21E+08	0.6499	0.6499	0.6499	0.4779	0.08124
AX-76925521	6	23298312	6,83E+08	1	1	0.9999	0.8664	0.2236
AX-75363405	1	180808700	1,11E+08	1	1	0.9999	0.9618	0.3266

Çizelge 4.43'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.44. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-75240389	1	124031368	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76083053	2	37330313	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76541303	3	71386840	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-77083766	8	20465580	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76252974	21	5741897	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76305405	24	2749596	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-77279670	2	23668111	2,80E+08	0.8253	0.8253	0.8253	0.5619	0.1031
AX-76649968	4	34533413	4,63E+08	1	1	0.9999	0.7447	0.1517
AX-76196995	2	100073732	7,18E+08	1	1	0.9999	0.8796	0.2117

Çizelge 4.44’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.45. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-75240389	1	124031368	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76083053	2	37330313	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76541303	3	71386840	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-77083766	8	20465580	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76252974	21	5741897	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76305405	24	2749596	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-80891538	11	3046136	2,76E+08	0.8123	0.8123	0.8123	0.5561	0.1015
AX-75965303	2	109101104	1,49E+09	1	1	0.9999	0.9877	0.4726

Çizelge 4.45'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.46. Akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75240389	1	124031368	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76083053	2	37330313	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76541303	3	71386840	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-77083766	8	20465580	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76252974	21	5741897	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76305405	24	2749596	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75300622	1	152732014	4,98E+07	0.1467	0.1467	0.1467	0.1365	0.0183
AX-75899220	18	4735189	7,22E+07	0.2128	0.2128	0.2128	0.1917	0.0236
AX-75898544	18	4524359	1,10E+08	0.3253	0.3253	0.3253	0.2777	0.0325

Çizelge 4.46’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

4.2.4. Akrabalık katsayısı 0.5 için verilerin kullanılması

Çizelge 4.47. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75489801	1	6011622	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-80823584	1	6017913	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-80978110	1	24185984	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75424934	1	30575372	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-80761737	1	80756205	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75537268	1	84834414	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75211894	1	110627156	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75215589	1	112307129	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75234479	1	121276478	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75264542	1	135274455	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99

Çizelge 4.47’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.48. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75489801	1	6011622	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-80823584	1	6017913	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-80978110	1	24185984	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75424934	1	30575372	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-80761737	1	80756205	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75537268	1	84834414	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75211894	1	110627156	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75215589	1	112307129	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75234479	1	121276478	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99
AX-75264542	1	135274455	4,73E-103	1,39E-96	1,39E-96	1,39E-96	0	6,96E-99

Çizelge 4.48’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.49. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-75240389	1	124031368	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76083053	2	37330313	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76541303	3	71386840	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-77083766	8	20465580	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76252974	21	5741897	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76305405	24	2749596	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-75341258	1	171690744	2,21E+08	0.6499	0.6499	0.6499	0.4779	0.0812
AX-76925521	6	23298312	6,83E+08	1	1	0.9999	0.8664	0.2236
AX-75363405	1	180808700	1,11E+08	1	1	0.9999	0.9618	0.3266

Çizelge 4.49’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.50. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-75240389	1	124031368	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76083053	2	37330313	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76541303	3	71386840	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-77083766	8	20465580	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76252974	21	5741897	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76305405	24	2749596	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-77279670	2	23668111	2,80E+08	0.8253	0.8253	0.8253	0.5619	0.1031
AX-76649968	4	34533413	4,63E+08	1	1	0.9999	0.7447	0.1517
AX-76196995	2	100073732	7,18E+08	1	1	0.9999	0.8796	0.2117

Çizelge 4.50’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.51. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-75240389	1	124031368	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76083053	2	37330313	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76541303	3	71386840	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-77083766	8	20465580	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76252974	21	5741897	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76305405	24	2749596	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-80891538	11	3046136	2,76E+08	0.8123	0.8123	0.8123	0.5561	0.10154
AX-75965303	2	109101104	1,49E+09	1	1	0.9999	0.9877	0.4726
AX-75711985	12	3651537	1,72E+09	1	1	0.9999	0.9936	0.4726

Çizelge 4.51’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.52. Akralılık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75240389	1	124031368	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76083053	2	37330313	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76541303	3	71386840	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-77083766	8	20465580	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76252974	21	5741897	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76305405	24	2749596	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75300622	1	152732014	4,98E+07	0.1467	0.1467	0.1467	0.1365	0.01834
AX-75899220	18	4735189	7,22E+07	0.2128	0.2128	0.2128	0.1917	0.0236
AX-75898544	18	4524359	1,10E+08	0.3253	0.3253	0.3253	0.2777	0.03253

Çizelge 4.52’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.53. Akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75240389	1	124031368	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76083053	2	37330313	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76541303	3	71386840	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-77083766	8	20465580	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76252974	21	5741897	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76305405	24	2749596	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75300622	1	152732014	4,98E+07	0.1467	0.1467	0.1467	0.1365	0.01834
AX-75899220	18	4735189	7,22E+07	0.2128	0.2128	0.2128	0.1917	0.0236
AX-75898544	18	4524359	1,10E+08	0.3253	0.3253	0.3253	0.2777	0.03253

Çizelge 4.53'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

4.2.5. Akrabalık katsayısı 0.6 için verilerin kullanılması

Çizelge 4.54. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun ilk yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-75240389	1	124031368	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76083053	2	37330313	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76541303	3	71386840	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-77083766	8	20465580	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76252974	21	5741897	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-76305405	24	2749596	2,10E-219	6,18E-214	6,18E-214	6,18E-214	0	8,83E-215
AX-80794420	1	102891770	1,52E+07	0.0446	0.0446	0.0446	0.0436	0.0055
AX-75192396	1	101963489	3,33E+07	0.0980	0.0980	0.0980	0.0934	0.0108
AX-77097475	8	25645216	2,65E+08	0.7808	0.7808	0.7808	0.5419	0.0780

Çizelge 4.54’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.55. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 28 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-80782581	6	8255762	2,60E+06	0.0076	0.0076	0.0076	0.0076	0.0076
AX-80782581	6	8255762	5,78E+06	0.0170	0.0170	0.0170	0.0168	0.0085
AX-75473755	1	53871327	1,66E+07	0.0488	0.0488	0.0488	0.0476	0.0131
AX-75230441	1	119420477	1,79E+07	0.0526	0.0526	0.0526	0.0513	0.0131
AX-76648274	4	33637299	2,69E+07	0.0791	0.0791	0.0791	0.07613	0.01582
AX-76249647	21	474572	3,22E+07	0.0949	0.0949	0.0949	0.0905	0.0158
AX-76927761	6	24169122	1,04E+08	0.3071	0.3071	0.307	0.2644	0.0438
AX-76204090	20	12716542	1,26E+08	0.3721	0.3721	0.3721	0.3107	0.0465
AX-76143030	2	71165813	1,67E+08	0.4915	0.4915	0.4915	0.3883	0.0534
AX-80913013	2	39250645	1,81E+08	0.5348	0.5348	0.5348	0.4142	0.0534

Çizelge 4.55'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.56. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-75240389	1	124031368	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76083053	2	37330313	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76541303	3	71386840	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-77083766	8	20465580	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76252974	21	5741897	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-76305405	24	2749596	9,81E-08	2,89E-02	2,89E-02	2,89E-02	0	4,13E-03
AX-75473755	1	53871327	2,26E+07	0.0666	0.0666	0.0666	0.0645	0.0083
AX-75230441	1	119420477	1,11E+08	0.3284	0.3284	0.32847	0.2799	0.0364
AX-75363405	1	180808700	1,62E+08	0.4772	0.4772	0.4772	0.3795	0.0477

Çizelge 4.56’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.57. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-75240389	1	124031368	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76083053	2	37330313	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76541303	3	71386840	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-77083766	8	20465580	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76252974	21	5741897	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-76305405	24	2749596	1,06E-26	3,12E-21	3,12E-21	3,12E-21	0	4,46E-22
AX-75341258	1	171690744	2,21E+08	0.6499	0.6499	0.6499	0.47793	0.0812
AX-76925521	6	23298312	6,83E+08	1	1	0.9999	0.8664	0.2236
AX-75363405	1	180808700	1,11E+08	1	1	0.9999	0.9618	0.3266

Çizelge 4.57’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.58. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-75240389	1	124031368	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76083053	2	37330313	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76541303	3	71386840	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-77083766	8	20465580	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76252974	21	5741897	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-76305405	24	2749596	1,65E-26	4,86E-21	4,86E-21	4,86E-21	0	6,94E-22
AX-77279670	2	23668111	2,80E+08	0.8253	0.8253	0.8253	0.5619	0.1031
AX-76649968	4	34533413	4,63E+08	1	1	0.9999	0.7447	0.1517
AX-76196995	2	100073732	7,18E+08	1	1	0.9999	0.8796	0.2117

Çizelge 4.58’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.59. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-75240389	1	124031368	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-7608305	2	37330313	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76541303	3	71386840	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-77083766	8	20465580	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76252974	21	5741897	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-76305405	24	2749596	4,10E-25	1,21E-19	1,21E-19	1,21E-19	0	1,72E-20
AX-80891538	11	3046136	2,76E+08	0.8123	0.8123	0.8123	0.5561	0.1015
AX-75965303	2	109101104	1,49E+09	1	1	0.9999	0.9877	0.4726
AX-75711985	12	3651537	1,72E+09	1	1	0.9999	0.9936	0.4726

Çizelge 4.59’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.60. Akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğun 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-75221379	1	115071329	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75240389	1	124031368	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76083053	2	37330313	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76541303	3	71386840	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-77083766	8	20465580	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76252974	21	5741897	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-76305405	24	2749596	1,01E-59	2,99E-53	2,99E-53	2,99E-53	0	4,27E-54
AX-75300622	1	152732014	4,98E+07	0.1467	0.1467	0.1467	0.1365	0.0183
AX-75899220	18	4735189	7,22E+07	0.2128	0.2128	0.2128	0.1917	0.0236
AX-75898544	18	4524359	1,10E+08	0.3253	0.3253	0.3253	0.2777	0.03253

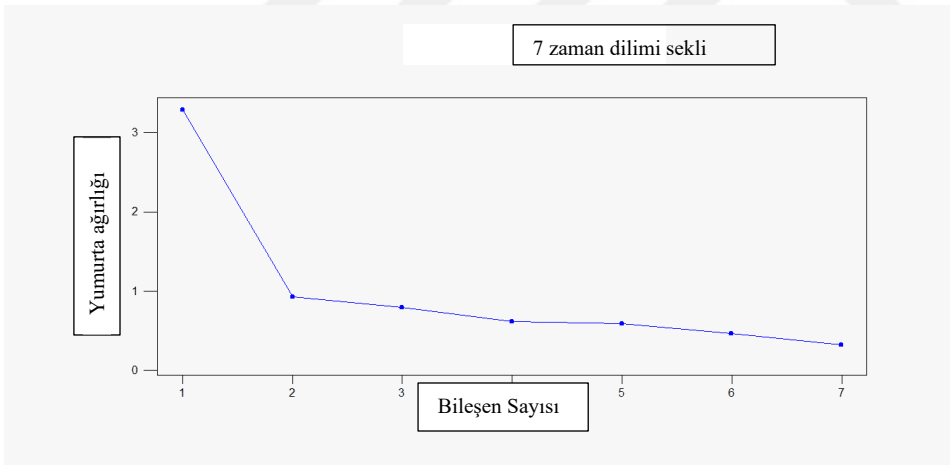
Çizelge 4.60’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

4.3. 7 zaman noktası için temel bileşen analizi

İlk yumurtlama yaşı, 28, 36, 56, 66, 72 ve 80 haftalık yaşlardaki hayvanların yumurta ağırlığına ait 7 farklı zaman noktası temel bileşen analizi aracılığıyla 3 tabakaya ayrılmıştır.

Çizelge 4.61. 7 zaman noktasına dayanan temel bileşen analiz sonuçları

Zaman noktası	TB1	TB2	TB3	TB4	TB5	TB6	TB7
1	-0.266	0.539	0.781	0.052	0.116	0.093	0.057
2	-0.403	0.413	-0.328	-0.222	-0.306	0.107	-0.636
3	-0.438	0.228	-0.322	-0.279	-0.125	-0.015	0.747
4	-0.387	-0.025	-0.275	0.334	0.774	0.241	-0.078
5	-0.425	-0.185	0.081	0.222	-0.031	-0.848	-0.098
6	-0.373	-0.379	0.119	0.512	-0.504	0.427	0.064
7	-0.324	-0.555	0.285	-0.668	0.153	0.145	-0.119



Şekil 4.8. 7 zaman noktası temel bileşen analizi

İlk 3 temel bileşenin toplam çeşitliğin %70'ini açıkladığı bulundu. Bu nedenle ilk 3 temel bileşen ile akrabalık katsayısı 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5 ve 0.6 olarak denenip genomik ilişki analizi yapıldı.

4.3.1. Temel bileşen analizi 1. tabaka için yapılan analizler

Çizelge 4.62. TBA1 akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Poz	P	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76534185	3	67901571	7,85E-17	2,31E-11	2,31E-11	2,31E-11	0	2,31E-11
AX-76177712	2	89886133	3,33E-15	9,81E-10	9,81E-10	9,81E-10	0	4,61E-10
AX-76349882	26	630530	4,69E-15	1,38E-09	1,38E-09	1,38E-09	0	4,61E-10
AX-75671308	11	7622678	7,74E-15	2,28E-09	2,28E-11	2,28E-11	0	5,71E-10
AX-80740027	11	5652981	1,13E-14	3,33E-09	3,33E-09	3,33E-09	0	6,65E-10
AX-77185591	9	9176927	2,91E-14	8,57E-09	8,57E-09	8,57E-09	0	1,43E-09
AX-75885317	18	10441516	1,49E-13	4,38E-08	4,38E-08	4,38E-08	0	6,26E-09
AX-75667594	11	6395586	1,83E-13	5,39E-09	5,39E-08	5,39E-08	0	6,73E-09
AX-76729713	4	75047095	1,19E-12	3,49E-07	3,49E-07	3,49E-07	0	3,84E-08
AX-76183370	2	92929329	1,38E-12	4,07E-07	4,07E-07	4,07E-07	0	3,84E-08

Çizelge 4.62’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.63. TBA1 akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76976185	7	11168091	6,25E-13	1,84E-07	1,84E-07	1,84E-07	0	1,84E-07
AX-76309263	24	3656654	2,03E-11	6,00E-06	6,00E-06	6,00E-06	0	3,00E-06
AX-75582898	10	14060978	4,90E-11	1,44E-05	1,44E-05	1,44E-05	0	4,81E-06
AX-75829255	15	2877813	1,20E-10	3,53E-05	3,53E-05	3,53E-05	0	8,83E-06
AX-77278604	1	164168859	2,68E-10	7,90E-05	7,90E-05	7,90E-05	0	1,58E-05
AX-75233958	1	121049085	1,87E-09	5,52E-04	5,52E-04	5,52E-04	0	9,21E-05
AX-75880697	17	8679660	2,59E-09	7,64E-04	7,64E-04	7,64E-04	0	1,09E-04
AX-76646981	4	32982863	3,46E-09	1,02E-03	1,02E-03	1,02E-03	0	1,28E-04
AX-75747570	13	16912271	4,67E-09	1,38E-03	1,38E-03	1,38E-03	0	1,46E-04
AX-80854743	1	121243137	5,18E-09	1,53E-03	1,53E-03	1,53E-03	0	1,46E-04

Çizelge 4.63’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.64. TBA1 akrabalık katsayısı 0.3 için 602 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76034531	2	145001094	1,09E-08	3,20E-03	3,20E-03	3,20E-03	0	3,20E-03
AX-80919848	2	145703624	5,38E-07	1,59E-01	1,59E-01	1,59E-01	0	7,93E-03
AX-76609923	4	13377389	7,86E-07	2,32E+01	2,32E+01	2,32E+01	0	7,72E+00
AX-76363822	27	288973	3,67E-04	1,08E+02	1,08E+02	1,08E+02	0	2,70E+01
AX-76172485	2	87115688	8,31E-03	2,45E+03	2,45E+03	2,45E+03	3,27E+03	4,90E+02
AX-80743101	1	53412142	1,38E-02	4,07E+03	4,07E+03	4,07E+03	3,27E+03	6,69E+02
AX-80772288	19	3085630	1,59E-02	4,68E+03	4,68E+03	4,68E+03	3,27E+03	6,69E+02
AX-80906687	2	124075662	2,14E-02	6,30E+03	6,30E+03	6,30E+03	6,54E+03	7,87E+02
AX-76613922	4	15452102	4,07E-02	1,20E+04	1,20E+04	1,20E+04	1,31E+04	1,33E+02
AX-75779882	14	12849847	5,23E-02	1,54E+04	1,54E+04	1,54E+04	1,64E+04	1,54E+03

Çizelge 4.64’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu yöntemle göre kromozom 2’de önemli SNP bulunmuştur. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.65. TBA1 akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-75221379	1	115071329	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-75240389	1	124031368	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-76083053	2	37330313	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-76541303	3	71386840	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-77083766	8	20465580	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76252974	21	5741897	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76305405	24	2749596	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76572846	3	86303296	1,64E+00	4,84E+05	4,84E+05	4,84E+05	4,84E+05	6,05E+04
AX-80929921	3	27213962	4,65E+00	1,37E+06	1,37E+06	1,37E+06	1,37E+06	1,52E+05
AX-76287385	23	3727696	1,10E+01	3,26E+06	3,25E+06	3,25E+06	3,26E+06	3,26E+05

Çizelge 4.65’te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.66. TBA1 akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75489801	1	6011622	0	0	0	0	0	0
AX-80823584	1	6017913	0	0	0	0	0	0
AX-80978110	1	24185984	0	0	0	0	0	0
AX-75424934	1	30575372	0	0	0	0	0	0
AX-80761737	1	80756205	0	0	0	0	0	0
AX-75537268	1	84834414	0	0	0	0	0	0
AX-75211894	1	110627156	0	0	0	0	0	0
AX-75215589	1	112307129	0	0	0	0	0	0
AX-75234479	1	121276478	0	0	0	0	0	0
AX-75264542	1	135274455	0	0	0	0	0	0

Çizelge 4.66’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.67. TBA1 akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75410440	1	2359472	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410467	1	2360778	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410588	1	2366686	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75184966	1	2371054	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410708	1	2371923	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410712	1	2372130	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410788	1	2375664	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410873	1	2379718	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75411032	1	2387970	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-80911409	1	9692040	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111

Çizelge 4.67’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

4.3.2. Temel bileşen analizi 2. tabaka için yapılan analizler

Çizelge 4.68. TBA2 akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76534185	3	67901571	7,85E-17	2,31E-11	2,31E-11	2,31E-11	0	2,31E-11
AX-76177712	2	89886133	3,33E-15	9,81E-10	9,81E-10	9,81E-10	0	4,61E-10
AX-76349882	26	630530	4,69E-15	1,38E-09	1,38E-09	1,38E-09	0	4,61E-10
AX-75671308	11	7622678	7,74E-15	2,28E-09	2,28E-11	2,28E-11	0	5,71E-10
AX-80740027	11	5652981	1,13E-14	3,33E-09	3,33E-09	3,33E-09	0	6,65E-10
AX-77185591	9	9176927	2,91E-14	8,57E-09	8,57E-09	8,57E-09	0	1,43E-09
AX-75885317	18	10441516	1,49E-13	4,38E-08	4,38E-08	4,38E-08	0	6,26E-09
AX-75667594	11	6395586	1,83E-13	5,39E-09	5,39E-08	5,39E-08	0	6,73E-09
AX-76729713	4	75047095	1,19E-12	3,49E-07	3,49E-07	3,49E-07	0	3,84E-08
AX-76183370	2	92929329	1,38E-12	4,07E-07	4,07E-07	4,07E-07	0	3,84E-08

Çizelge 4.68’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.69. TBA2 akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakS	BH
AX-76976185	7	11168091	6,25E-13	1,84E-07	1,84E-07	1,84E-07	0	1,84E-07
AX-76309263	24	3656654	2,03E-11	6,00E-06	6,00E-06	6,00E-06	0	3,00E-06
AX-75582898	10	14060978	4,90E-11	1,44E-05	1,44E-05	1,44E-05	0	4,81E-06
AX-80870138	1	165117222	1,20E-10	3,53E-05	3,53E-05	3,53E-05	0	8,83E-06
AX-77278604	1	164168859	2,68E-10	7,90E-05	7,90E-05	7,90E-05	0	1,58E-05
AX-75233958	1	121049085	1,87E-09	5,52E-04	5,52E-04	5,52E-04	0	9,21E-05
AX-75880697	17	8679660	2,59E-09	7,64E-04	7,64E-04	7,64E-04	0	1,09E-04
AX-76646981	4	32982863	3,46E-09	1,02E-03	1,02E-03	1,02E-03	0	1,28E-04
AX-75747570	13	16912271	4,67E-09	1,38E-03	1,38E-03	1,38E-03	0	1,46E-04
AX-80854743	1	121243137	5,18E-09	1,53E-03	1,53E-03	1,53E-03	0	1,46E-04

Çizelge 4.69’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.70. TBA2 akrabalık katsayısı 0.3 için 602 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76034531	2	145001094	1,09E-08	3,20E-03	3,20E-03	3,20E-03	0	3,20E-03
AX-80919848	2	145703624	5,38E-07	1,59E-01	1,59E-01	1,59E-01	0	7,93E-03
AX-76609923	4	13377389	7,86E-07	2,32E+01	2,32E+01	2,32E+01	0	7,72E+00
AX-76363822	27	288973	3,67E-04	1,08E+02	1,08E+02	1,08E+02	0	2,70E+01
AX-76172485	2	87115688	8,31E-03	2,45E+03	2,45E+03	2,45E+03	3,27E+03	4,90E+02
AX-80743101	1	53412142	1,38E-02	4,07E+03	4,07E+03	4,07E+03	3,27E+03	6,69E+02
AX-80772288	19	3085630	1,59E-02	4,68E+03	4,68E+03	4,68E+03	3,27E+03	6,69E+02
AX-80906687	2	124075662	2,14E-02	6,30E+03	6,30E+03	6,30E+03	6,54E+03	7,87E+02
AX-76613922	4	15452102	4,07E-02	1,20E+04	1,20E+04	1,20E+04	1,31E+04	1,33E+02
AX-75779882	14	12849847	5,23E-02	1,54E+04	1,54E+04	1,54E+04	1,64E+04	1,54E+03

Çizelge 4.70’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu yöntem kromozom 2 de önemli SNP bulmuştur. Bu sonuçta %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.71. TBA2 akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-75221379	1	115071329	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-75240389	1	124031368	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-76083053	2	37330313	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-76541303	3	71386840	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-77083766	8	20465580	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76252974	21	5741897	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76305405	24	2749596	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76572846	3	86303296	1,64E+00	4,84E+05	4,84E+05	4,84E+05	4,84E+05	6,05E+04
AX-80929921	3	27213962	4,65E+00	1,37E+06	1,37E+06	1,37E+06	1,37E+06	1,52E+05
AX-76287385	23	3727696	1,10E+01	3,26E+06	3,25E+06	3,25E+06	3,26E+06	3,26E+05

Çizelge 4.71’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir.

Çizelge 4.72. TBA2 akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-75489801	1	6011622	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-80823584	1	6017913	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-80978110	1	24185984	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-75424934	1	30575372	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-80761737	1	80756205	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75537268	1	84834414	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75211894	1	110627156	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75215589	1	112307129	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75234479	1	121276478	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75264542	1	135274455	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00

Çizelge 4.72’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir.

Çizelge 4.73. TBA2 akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyo n	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-75410440	1	2359472	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410467	1	2360778	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410588	1	2366686	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75184966	1	2371054	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410708	1	2371923	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410712	1	2372130	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410788	1	2375664	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410873	1	2379718	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75411032	1	2387970	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-80911409	1	9692040	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111

Çizelge 4.73'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

4.3.3. Temel bileşen analizi 3. tabaka için yapılan analizler

Çizelge 4.74. TBA3 akrabalık katsayısı 0.1 için 1023 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76534185	3	67901571	7,85E-17	2,31E-11	2,31E-11	2,31E-11	0	2,31E-11
AX-76177712	2	89886133	3,33E-15	9,81E-10	9,81E-10	9,81E-10	0	4,61E-10
AX-76349882	26	630530	4,69E-15	1,38E-09	1,38E-09	1,38E-09	0	4,61E-10
AX-75671308	11	7622678	7,74E-15	2,28E-09	2,28E-11	2,28E-11	0	5,71E-10
AX-80740027	11	5652981	1,13E-14	3,33E-09	3,33E-09	3,33E-09	0,00E+00	6,65E-10
AX-77185591	9	9176927	2,91E-14	8,57E-09	8,57E-09	8,57E-09	0,00E+00	1,43E-09
AX-75885317	18	10441516	1,49E-13	4,38E-08	4,38E-08	4,38E-08	0,00E+00	6,26E-09
AX-75667594	11	6395586	1,83E-13	5,39E-09	5,39E-08	5,39E-08	0,00E+00	6,73E-09
AX-76729713	4	75047095	1,19E-12	3,49E-07	3,49E-07	3,49E-07	0,00E+00	3,84E-08
AX-76183370	2	92929329	1,38E-12	4,07E-07	4,07E-07	4,07E-07	0,00E+00	3,84E-08

Çizelge 4.74’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.75. TBA3 akrabalık katsayısı 0.2 için 942 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76976185	7	11168091	6,25E-13	1,84E-07	1,84E-07	1,84E-07	0	1,84E-07
AX-76309263	24	3656654	2,03E-11	6,00E-06	6,00E-06	6,00E-06	0	3,00E-06
AX-75582898	10	14060978	4,90E-11	1,44E-05	1,44E-05	1,44E-05	0	4,81E-06
AX-80870138	1	16511722	1,20E-10	3,53E-05	3,53E-05	3,53E-05	0	8,83E-06
AX-77278604	1	16416885	2,68E-10	7,90E-05	7,90E-05	7,90E-05	0,00E+00	1,58E-05
AX-75233958	1	12104908	1,87E-09	5,52E-04	5,52E-04	5,52E-04	0,00E+00	9,21E-05
AX-75880697	17	8679660	2,59E-09	7,64E-04	7,64E-04	7,64E-04	0,00E+00	1,09E-04
AX-76646981	4	32982863	3,46E-09	1,02E-03	1,02E-03	1,02E-03	0,00E+00	1,28E-04
AX-75747570	13	16912271	4,67E-09	1,38E-03	1,38E-03	1,38E-03	0,00E+00	1,46E-04
AX-80854743	1	12124313	5,18E-09	1,53E-03	1,53E-03	1,53E-03	0,00E+00	1,46E-04

Çizelge 4.75'te, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.76. TBA3 akrabalık katsayısı 0.3 için 602 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-76034531	2	145001094	1,09E-08	3,20E-03	3,20E-03	3,20E-03	0	3,20E-03
AX-80919848	2	145703624	5,38E-07	1,59E-01	1,59E-01	1,59E-01	0	7,93E-03
AX-76609923	4	13377389	7,86E-07	2,32E+01	2,32E+01	2,32E+01	0	7,72E+00
AX-76363822	27	288973	3,67E-04	1,08E+02	1,08E+02	1,08E+02	0	2,70E+01
AX-76172485	2	87115688	8,31E-03	2,45E+03	2,45E+03	2,45E+03	3,27E+03	4,90E+02
AX-80743101	1	53412142	1,38E-02	4,07E+03	4,07E+03	4,07E+03	3,27E+03	6,69E+02
AX-80772288	19	3085630	1,59E-02	4,68E+03	4,68E+03	4,68E+03	3,27E+03	6,69E+02
AX-80906687	2	124075662	2,14E-02	6,30E+03	6,30E+03	6,30E+03	6,54E+03	7,87E+02
AX-76613922	4	15452102	4,07E-02	1,20E+04	1,20E+04	1,20E+04	1,31E+04	1,33E+02
AX-75779882	14	12849847	5,23E-02	1,54E+04	1,54E+04	1,54E+04	1,64E+04	1,54E+03

Çizelge 4.76’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.77. TBA3 akrabalık katsayısı 0.4 için 439 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Poz	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-75221379	1	115071329	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-75240389	1	124031368	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-76083053	2	37330313	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-76541303	3	71386840	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-77083766	8	20465580	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76252974	21	5741897	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76305405	24	2749596	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-76572846	3	86303296	1,64E+00	4,84E+05	4,84E+05	4,84E+05	4,84E+05	6,05E+04
AX-80929921	3	27213962	4,65E+00	1,37E+06	1,37E+06	1,37E+06	1,37E+06	1,52E+05
AX-76287385	23	3727696	1,10E+01	3,26E+06	3,25E+06	3,25E+06	3,26E+06	3,26E+05

Çizelge 4.77’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulursa da en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.78. TBA3 akrabalık katsayısı 0.5 için 218 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-75489801	1	6011622	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-80823584	1	6017913	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-80978110	1	24185984	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-75424934	1	30575372	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0	0,00E+00
AX-80761737	1	80756205	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75537268	1	84834414	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75211894	1	110627156	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75215589	1	112307129	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75234479	1	121276478	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00
AX-75264542	1	135274455	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00	0,00E+00

Çizelge 4.78’de, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

Çizelge 4.79. TBA3 akrabalık katsayısı 0.6 için 45 tavuğa ait veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyo n	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
AX-75410440	1	2359472	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410467	1	2360778	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410588	1	2366686	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75184966	1	2371054	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0	9,00E-111
AX-75410708	1	2371923	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410712	1	2372130	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410788	1	2375664	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75410873	1	2379718	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-75411032	1	2387970	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111
AX-80911409	1	9692040	8,76E-113	2,58E-109	2,58E-109	2,56E-107	0,00E+00	9,00E-111

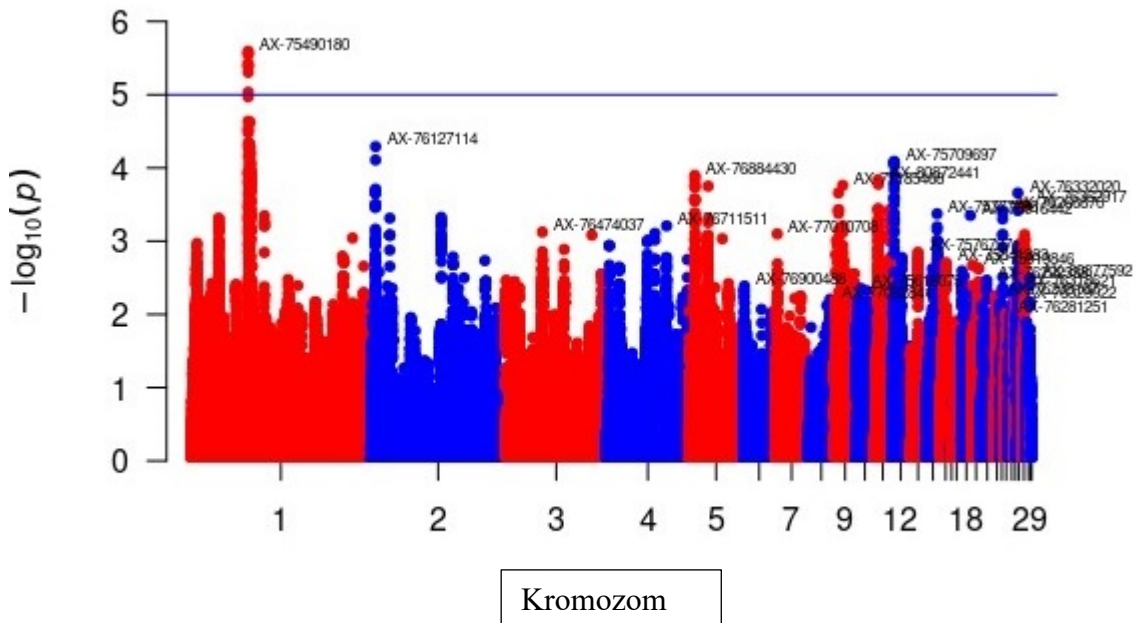
Çizelge 4.79’da, yumurta ağırlığı fenotipleri R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri birbirine yakın bulunsada en iyi sonucu Benjamin-Hochberg yöntemi vermiştir. Bu sonuçta %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmuştur.

4.4. GEMMA analizleri

Çizelge 4.80. İlk yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75490180	61810391	C	T	118.461	0.2504	2,55E+00
1	AX-75490259	61847006	A	G	1.186.947	0.2516	2,72E+00
1	AX-75490174	61808228	T	G	1.185.799	0.2517	3
1	AX-75490150	61795431	C	A	1.175.794	0.2527	4
1	AX-75490221	61831096	T	C	1.168.487	0.2522	4
1	AX-75490232	61835715	C	T	1.168.487	0.2522	4
1	AX-75490294	61864554	G	A	1.160.868	0.2528	5
1	AX-75490231	61834644	G	A	1.191.267	0.2673	9
1	AX-75490166	61804667	C	A	1.115.118	0.2520	11
1	AX-75490296	61866258	C	T	113.778	0.2675	23

İlk yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de 61810391 ve 61847006 baz çifti bölgesinde %5 önem seviyesinde en güçlü sinyal bulunmuştur.



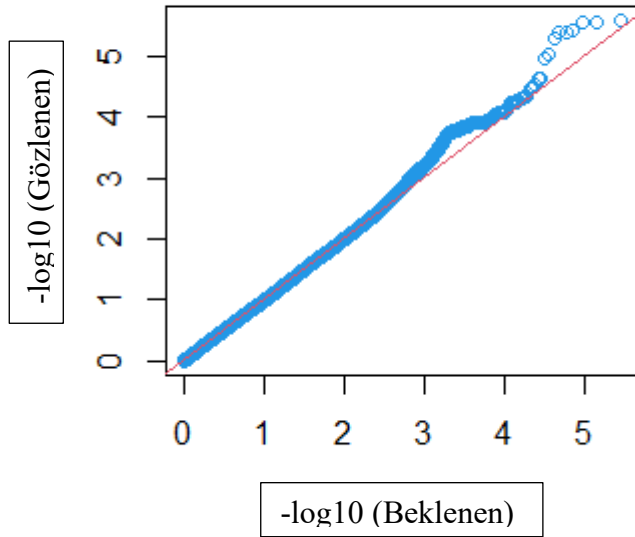
Şekil 4.9. İlk yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Tavukların yumurtladığı ilk haftalarda güç büyüme eğrisi fah kovaryans modeli ile elde edilen kalıntılar (1063 hayvandan 294705 SNP) kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en güçlü genomik sinyalin 1. kromozom bölgesinden AX-75490180 SNP'ten elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.81. İlk yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75490180	61810391	2,55E+00	0.7527	0.7527	0.7527	0.5289	0.1989
1	AX-75490259	61847006	2,72E+00	0.8018	0.8018	0.8018	0.5514	0.1989
1	AX-75490174	61808228	2,80E+00	0.8251	0.8251	0.8251	0.5618	0.1989
1	AX-75490150	61795431	3,70E+00	1	1	1	0.6642	0.1989
1	AX-75490221	61831096	4,05E+00	1	1	1	0.6968	0.1989
1	AX-75490232	61835715	4,05E+00	1	1	1	0.6968	0.1989
1	AX-75490294	61864554	4,95E+00	1	1	1	0.7676	0.2085
1	AX-75490231	61834644	9,24E+00	1	1	1	0.9343	0.3404
1	AX-75490296	61866258	1,07E+01	1	1	1	0.9569	0.3495
1	AX-75490296	61866258	2,30E+01	1	1	1	0.9988	0.3758

Çizelge 4.81’de görüldüğü üzere, ilk yumurtlama yaşındaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da en düşük sonuç Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Ancak %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



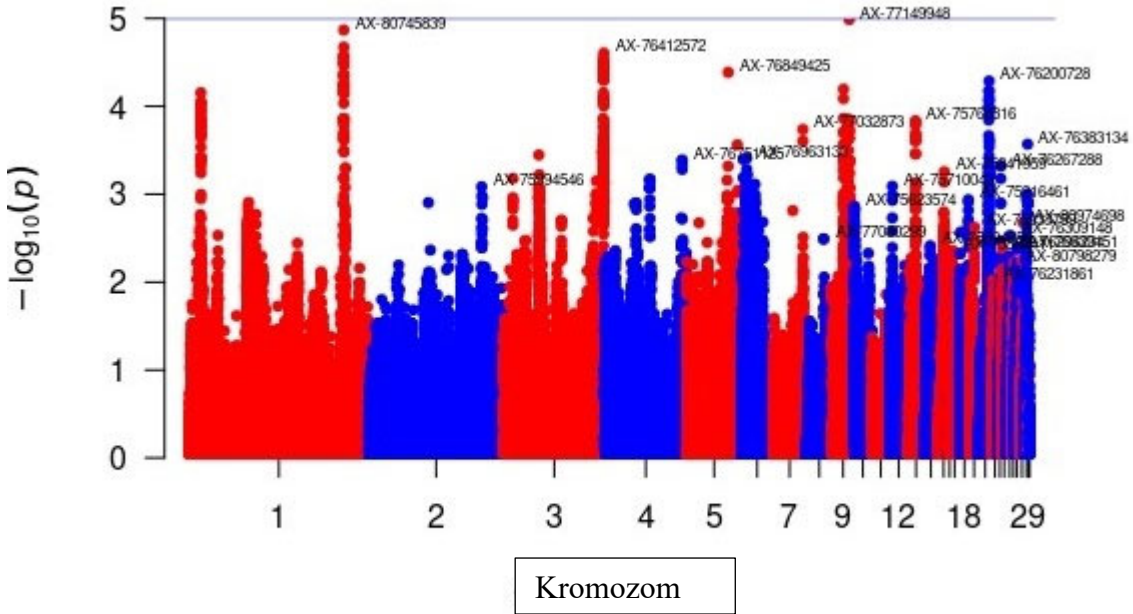
Şekil 4.10. İlk yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 1.0236 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.82. 28 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
9	AX-77149948	18479924	A	G	2.749.561	0.6203265	1,03E+01
1	AX-80745839	168720658	A	T	-0.7828846	0.179076	1,35E+01
1	AX-75334594	168789601	C	T	-0.7667585	0.1795145	21
3	AX-76412572	109605486	A	G	0.7360509	0.1737792	25
1	AX-75334461	168728872	G	T	-0.7568307	0.1793	26
1	AX-75334456	168726139	T	C	-0.7594143	0.1802017	27
1	AX-80826503	168719617	T	A	-0.7553442	0.1793602	28
3	AX-76411548	109221530	G	T	0.7371682	0.1752134	28
1	AX-75334507	168746789	C	T	-0.7517994	0.1796243	31
3	AX-76412304	109509019	C	T	0.7271845	0.1737994	31

28 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunamamıştır.



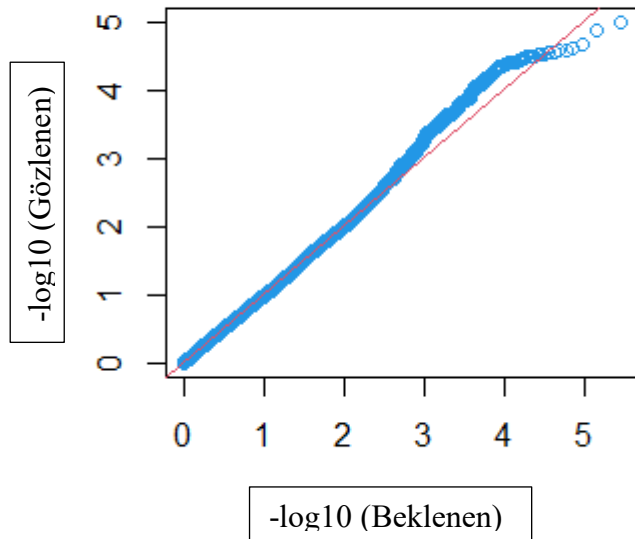
Şekil 4.11. 28 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Tavukların 28 haftalık yaştayken alınan yumurta ağırlığı verileri ile güç büyüme eğrisi fah kovaryans modeli ile elde edilen kalıntılar (1063 hayvandan 294705 SNP) kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en güçlü genomik sinyalin 9. kromozomda AX-77149946 SNP ve 1. kromozomda AX-80745839 SNPden elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.83. 28 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
9	AX-77149948	18479924	1,03E+01	1	1	0.9999	0.9517	0.3997
1	AX-80745839	168720658	1,35E+01	1	1	0.9999	0.9814	0.3997
1	AX-75334594	168789601	2,12E+01	1	1	0.9999	0.9980	0.3997
3	AX-76412572	109605486	2,48E+01	1	1	0.9999	0.9993	0.3997
1	AX-75334459	168727527	2,64E+01	1	1	0.9999	0.9995	0.3997
1	AX-75334456	168726139	2,72E+01	1	1	0.9999	0.9996	0.3997
1	AX-80826503	168719617	2,75E+01	1	1	0.9999	0.9997	0.3997
3	AX-76411548	109221530	2,80E+01	1	1	0.9999	0.9997	0.3997
1	AX-75334507	168746789	3,08E+01	1	1	0.9999	0.9998	0.3997
3	AX-76412304	109509019	3,10E+01	1	1	0.9999	0.9998	0.3997

Çizelge 4.83'te görüldüğü üzere, 28 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da en düşük sonuç Benjamin- Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Ancak %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



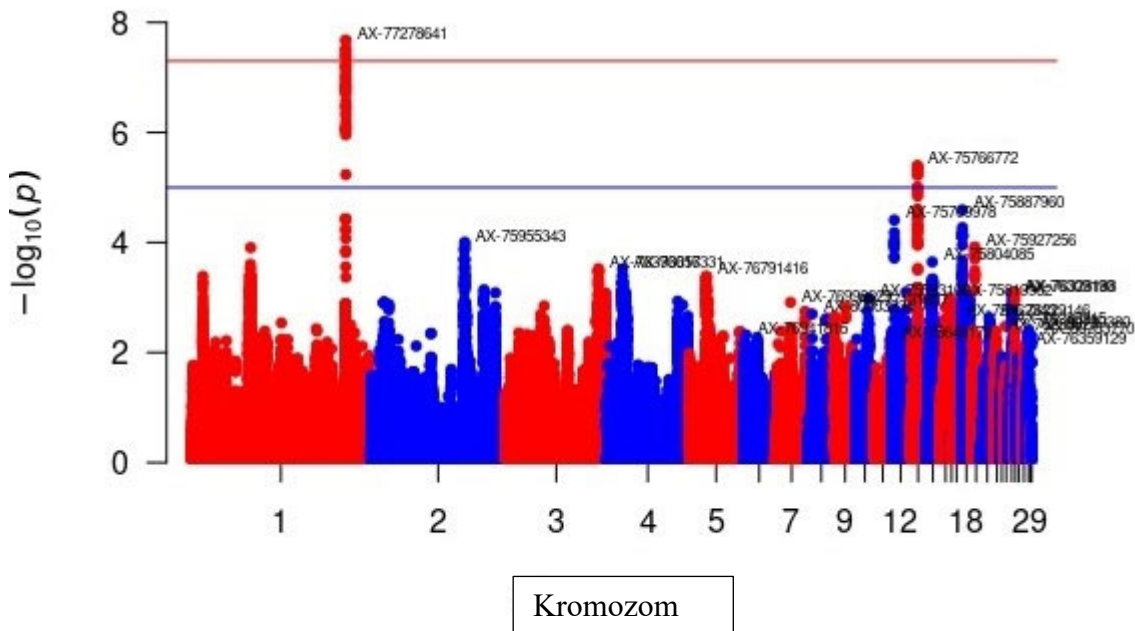
Şekil 4.12. 28 haftalık yaştaki tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 1.0329 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.84. 36 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-77278641	168773105	T	C	-0.9588942	0.1698185	2,10E-02
1	AX-75334594	168789601	C	T	-0.9565068	0.1695054	2,14E-02
1	AX-75334604	168792881	C	T	-0.9475051	0.1697777	0
1	AX-75334580	168783285	G	A	-0.9477682	0.1698954	0
1	AX-75334583	168784829	G	A	-0.9477682	0.1698954	0
1	AX-75334617	168797175	C	T	-0.9382757	0.1691199	0
1	AX-75334561	168775096	C	T	-0.9380171	0.1696678	0
1	AX-75334589	168787483	T	C	-0.9380171	0.1696678	0
1	AX-75334770	168865470	T	C	-0.9301924	0.1689422	0
1	AX-75334760	168860437	A	G	-0.9252776	0.1693339	0

36 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de 168773105 ve 168789601 baz çifti bölgesinde %5 önem seviyesinde en güçlü sinyal bulunmuştur.



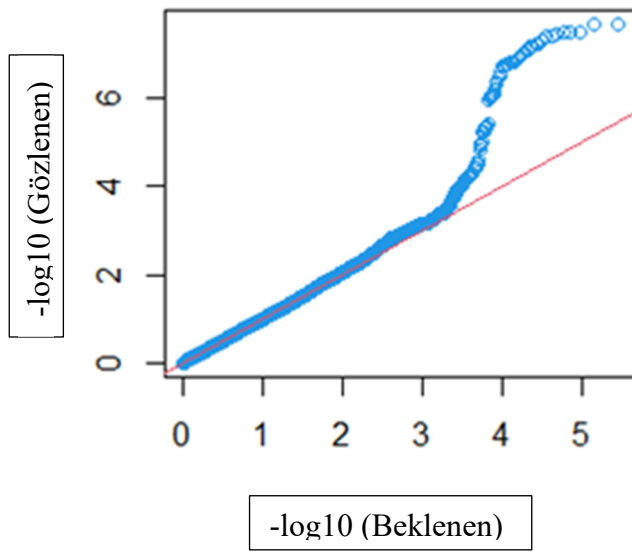
Şekil 4.13. 36 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Tavukların 36 haftalık yaştayken alınan yumurta ağırlığı verileri ile güç büyüme eğrisi fah kovaryans modeli ile elde edilen kalıntılar (1063 hayvandan 294705 SNP) kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en güçlü genomik sinyalin 1. kromozomda AX-77278641 SNPden elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.85. 36 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-77278641	168773105	2,10E-02	0.0061	0.0061	0.0061	0.0061	0.0014
1	AX-75334594	168789601	2,14E-02	0.0063	0.0063	0.0063	0.0062	0.0014
1	AX-75334604	168792881	3,04E-02	0.0089	0.0089	0.0089	0.0089	0.0014
1	AX-75334580	168783285	3,08E-03	0.0090	0.0090	0.0090	0.0090	0.0014
1	AX-75334583	168784829	3,08E-03	0.0090	0.0090	0.0090	0.0090	0.0014
1	AX-75334617	168797175	3,65E-02	0.0107	0.0107	0.01075	0.0106	0.0014
1	AX-75334561	168775096	4,06E-02	0.0119	0.0119	0.0119	0.0119	0.0014
1	AX-75334589	168787483	4,06E-02	0.0119	0.0119	0.0119	0.0119	0.0014
1	AX-75334770	168865470	4,60E-03	0.0135	0.0135	0.0135	0.0134	0.0015
1	AX-75334760	168860437	5,79E-02	0.0170	0.0170	0.0170	0.01692	0.0015

Çizelge 4.85’te görüldüğü üzere, 36 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da %2 önem seviyesinde en güçlü sinyaller Benjamin- Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir.



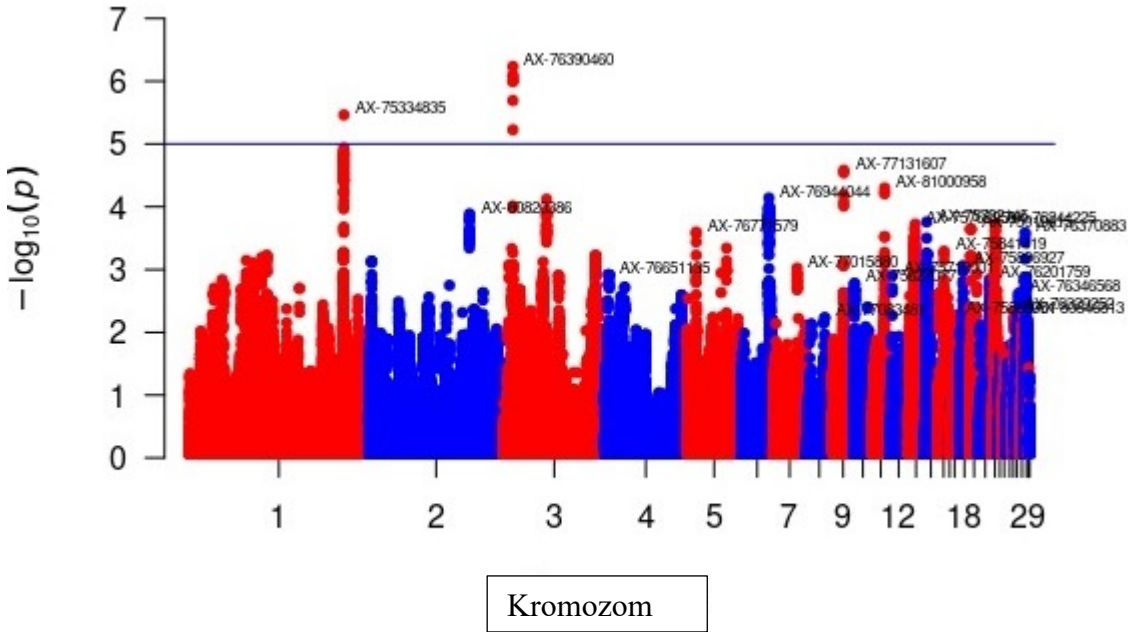
Şekil 4.14. 36 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.9509 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.86. 56 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
3	AX-76390460	9990441	C	T	1.440.169	0.2864594	5,83E-01
3	AX-76602592	9941736	A	G	1.420.362	0.2863397	8,19E-01
3	AX-76602675	9945681	C	T	1.420.362	0.2863397	1
3	AX-76602651	9944647	T	C	1.424.569	0.2890237	1
3	AX-76389980	9969839	G	T	1.417.091	0.2878819	1
3	AX-80940902	9987168	C	G	1.411.293	0.2868843	1
3	AX-80778117	9962630	A	T	1.384.276	0.2897809	2
1	AX-75334835	168889414	G	A	-104.754	0.2244513	3
3	AX-76390799	10005711	A	G	1.334.399	0.2931636	6
1	AX-75334594	168789601	C	T	-0.986572	0.2238208	12

56 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunamamıştır.



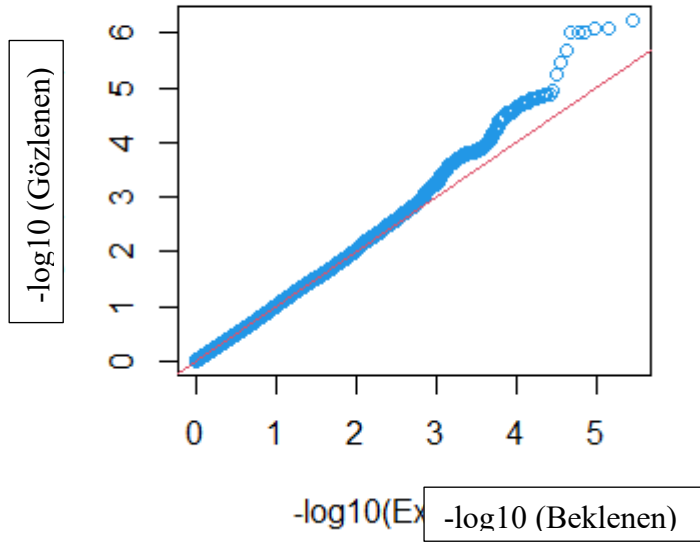
Şekil 4.15. 56 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi

Tavukların 56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı verilerine ait güç büyüme eğrisi fah kovaryans modeli ile elde edilen kalıntılar (1063 hayvandan 294705 SNP) kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en güçlü genomik sinyalin 3. kromozomda AX-76390460 SNP'ten elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.87. 56 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
3	AX-80940902	9987168	5,83E-01	0.1718	0.1718	0.1718	0.1578	0.0493
3	AX-76602592	9941736	8,19E-01	0.2412	0.2412	0.2412	0.2143	0.0493
3	AX-76602675	9945681	8,19E-01	0.2412	0.2412	0.2412	0.2143	0.0493
3	AX-76602651	9944647	9,59E-01	0.2826	0.2826	0.2826	0.2461	0.0493
3	AX-76389980	9969839	9,90E-01	0.2918	0.2918	0.2918	0.2531	0.0493
3	AX-80940902	9987168	1,01E+00	0.2963	0.2963	0.2963	0.2564	0.0493
3	AX-80778117	9962630	2,03E+00	0.5981	0.5980	0.5980	0.4501	0.0854
1	AX-75334835	168889414	3,44E+00	1	1	0.9999	0.6376	0.1269
3	AX-76390799	10005711	5,94E+00	1	1	0.9999	0.8261	0.1943
1	AX-75334589	168787483	1,15E+01	1	1	0.9999	0.9662	0.2226

Çizelge 4.87’de görüldüğü üzere, 56 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da en düşük sonuç Benjamin- Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Ancak %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



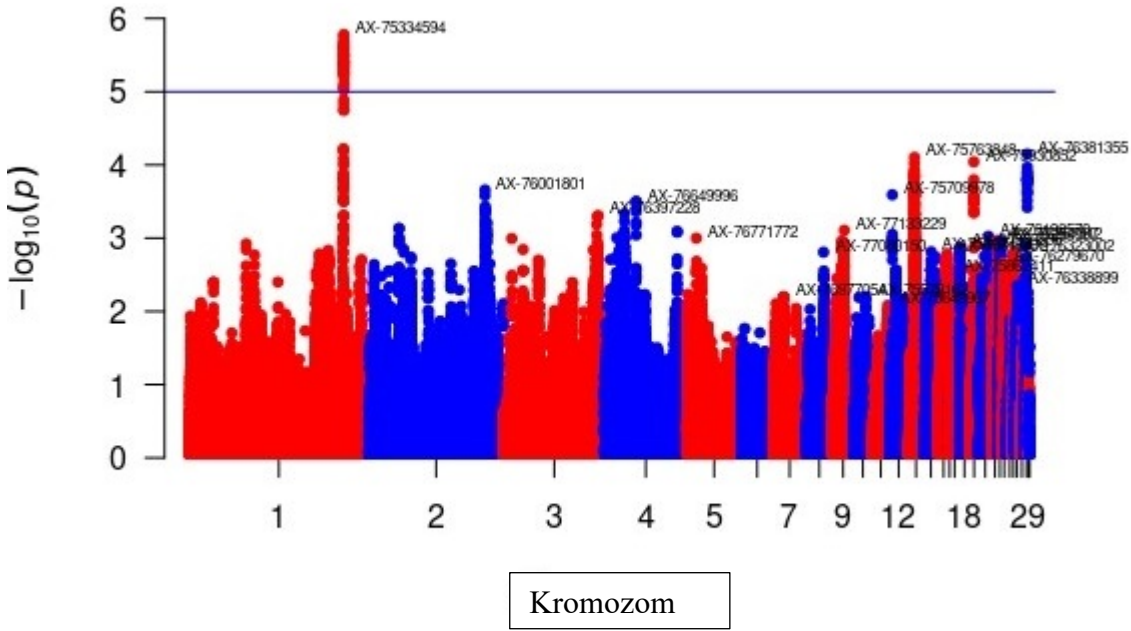
Şekil 4.16. 56 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.9644 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.88. 66 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75334594	168789601	C	T	-1.043.445	0.2165677	1,66E+00
1	AX-75334604	168792881	C	T	-1.042.708	0.2168142	1,73E+00
1	AX-75334580	168783285	G	A	-1.035.451	0.2168883	2
1	AX-75334583	168784829	G	A	-1.035.451	0.2168883	2
1	AX-75334537	168761431	T	C	-102.919	0.2165466	2
1	AX-80745839	168720658	A	T	-1.026.172	0.2161847	2
1	AX-77278641	168773105	T	C	-1.028.041	0.2169584	0
1	AX-80826503	168719617	T	A	-1.023.948	0.2163817	3
1	AX-75334561	168775096	C	T	-1.023.057	0.2166879	3
1	AX-75334589	168787483	T	C	-1.023.057	0.2166879	3

66 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunamamıştır.



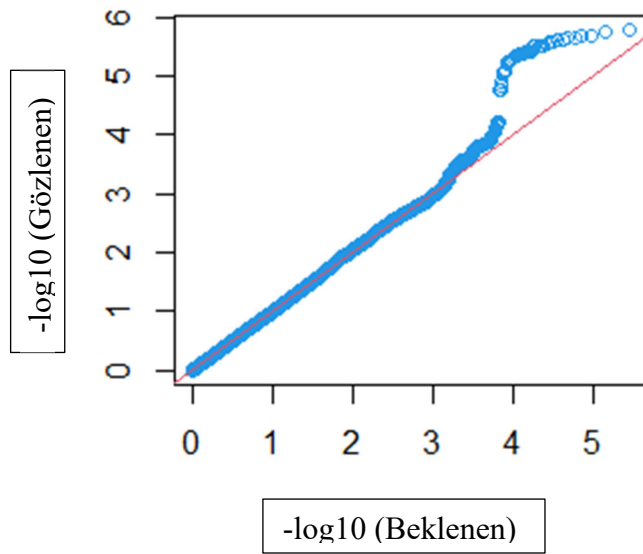
Şekil 4.17. 66 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi

Tavukların 66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı verilerine ait güç büyüme eğrisi fah kovaryans modeli ile elde edilen kalıntılar (1063 hayvandan 294705 SNP) kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en güçlü genomik sinyalin 1. kromozomda AX-75334594 SNP'den elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.89. 66 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75334594	168789601	1,66E+00	0.4892	0.4892	0.4892	0.3869	0.0494
1	AX-75334604	168792881	1,73E+00	0.5109	0.5109	0.5109	0.4001	0.0494
1	AX-75334580	168783285	2,06E+00	0.6064	0.6064	0.6064	0.4547	0.0494
1	AX-75334583	168784829	2,06E+00	0.6064	0.6064	0.6064	0.4547	0.0494
1	AX-75334537	168761431	2,28E+00	0.6727	0.6727	0.6727	0.4897	0.0494
1	AX-80745839	168720658	2,35E+00	0.6926	0.6925	0.6925	0.4997	0.0494
1	AX-77278641	168773105	2,45E-01	0.7210	0.7829	0.7210	0.5137	0.0494
1	AX-80745839	168720658	2,52E+00	0.7432	0.7829	0.7432	0.5244	0.0494
1	AX-75334561	168775096	2,66E+00	0.7829	0.7829	0.7829	0.5429	0.0494
1	AX-75334589	168787483	2,66E+00	0.7829	0.7829	0.7829	0.5429	0.0494

Çizelge 4.89’da görüldüğü üzere, 66 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da en düşük sonuç Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Ancak %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



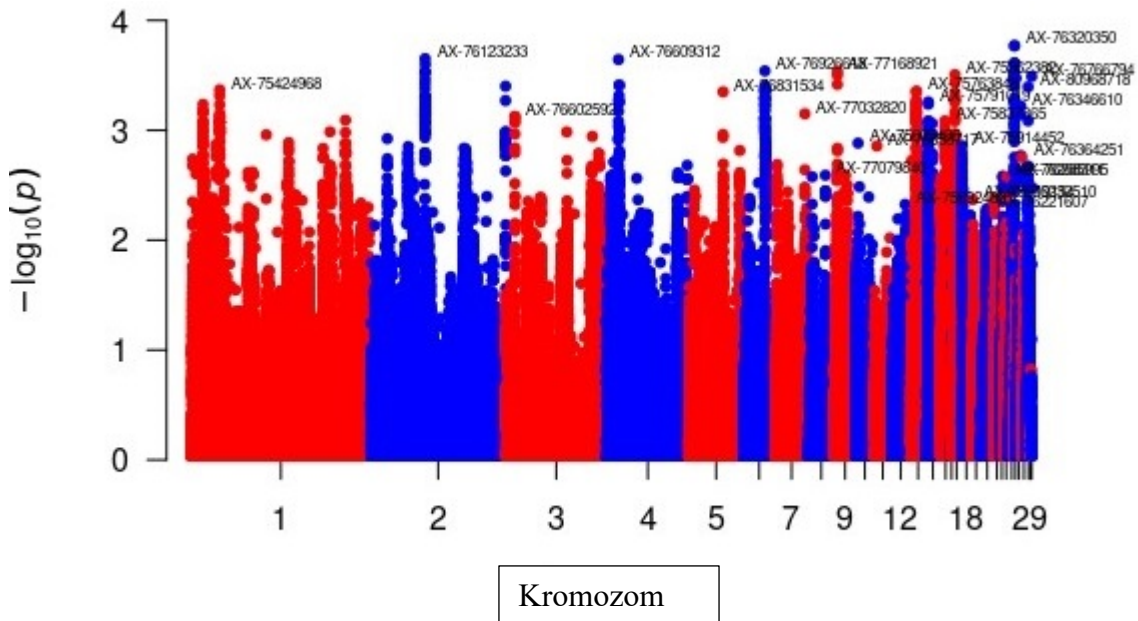
Şekil 4.18. 66 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 1.0020 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.90. 72 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
24	AX-76320350	6237902	T	G	0.8183	0.2168	0.0001
24	AX-76320189	6204381	G	A	0.8242	0.2185	0.0001
2	AX-76123233	60398529	T	C	-1.0038	0.2709	0.0002
4	AX-76609312	13030629	G	T	-1.0005	0.2705	0.0002
24	AX-76320146	6193570	G	T	0.7975	0.2168	0.0002
24	AX-76320172	6199956	C	T	0.7975	0.2168	0.0002
24	AX-76320210	6208189	G	A	0.7975	0.2168	0.0002
24	AX-76320225	6211929	C	T	0.7975	0.2168	0.0002
24	AX-76320288	6224855	C	T	0.7975	0.2168	0.0002
2	AX-76123650	60633574	T	C	-1.0321	0.2809	0.0002

72 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 24, 2 ve 4. kromozomlarda %5 önem seviyesinde en güçlü sinyaller bulunmuştur.



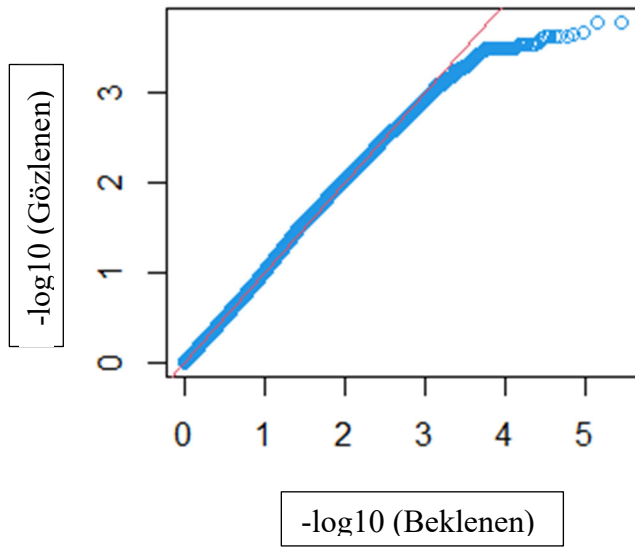
Şekil 4.19. 72 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Tavukların 72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı verilerine ait güç büyüme eğrisi fah kovaryans modeli ile elde edilen kalıntılar (1063 hayvandan 294705 SNP) kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en güçlü genomik sinyallerin 24, 2 ve 4. kromozomlardan elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.91. 72 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Kromozom	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
24	AX-76320350	6237902	0.0001	1	1	0.9999	1	0.8593
24	AX-76320189	6204381	0.0001	1	1	0.9999	1	0.8593
2	AX-76123233	60398529	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593
4	AX-76609311	13030103	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593
24	AX-76320146	6193570	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593
24	AX-76320172	6199956	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593
24	AX-76320210	6208189	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593
24	AX-76320225	6211929	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593
24	AX-76320288	6224855	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593
2	AX-76123650	60633574	0.0002	1	1	0.9999	1	0.8593

Çizelge 91’de görüldüğü üzere, 72 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da en düşük sonuç Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Ancak %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



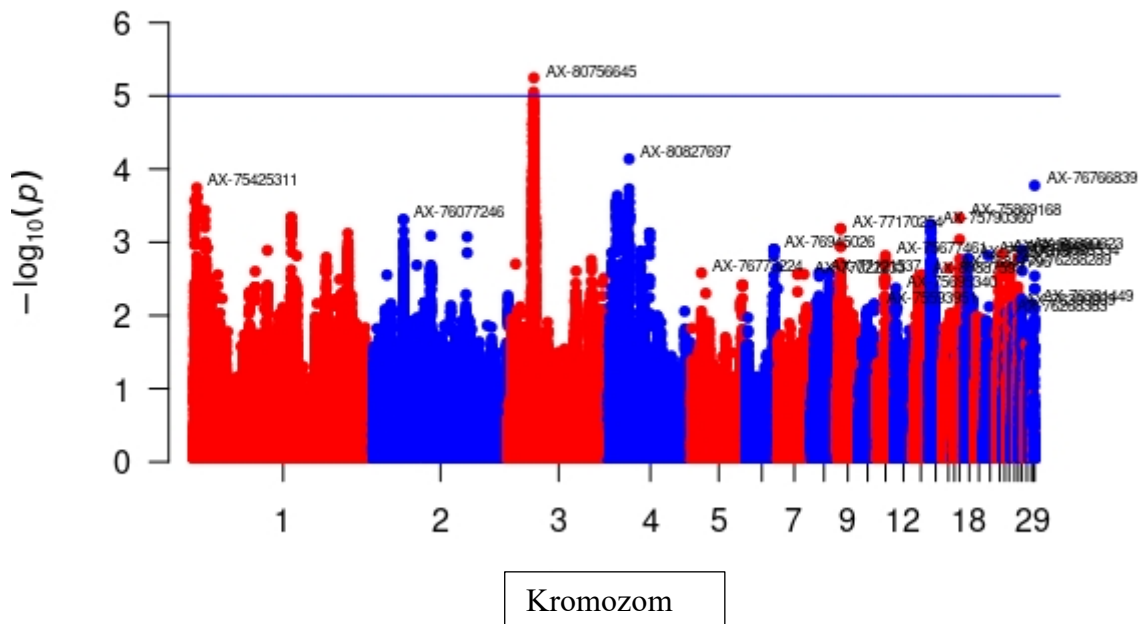
Şekil 4.20. 72 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.9753 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.92. 80 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvan 294705 SNP bilgisiyle) tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
3	AX-80756645	28027016	T	A	1.238.003	0.2714264	5,68E+00
3	AX-76448492	27876444	G	T	1.215.459	0.2722592	8,89E+00
3	AX-76447574	27452041	C	T	1.210.242	0.2732036	1
3	AX-76448213	27746292	C	A	1.198.555	0.2705916	10
3	AX-76447905	27605792	A	G	1.193.134	0.2711842	12
3	AX-76447916	27611888	G	A	1.193.134	0.2711842	12
3	AX-76448777	28009375	C	T	1.184.974	0.2702512	13
3	AX-76447502	27416089	C	T	1.194.867	0.2729919	13
3	AX-76447530	27430084	T	C	1.194.867	0.2729919	13
3	AX-76447532	27430263	T	C	1.194.867	0.2729919	13

80 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunamamıştır.



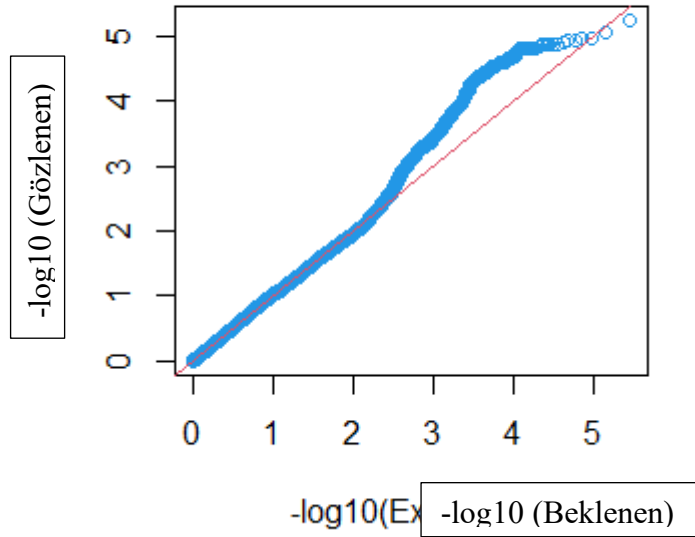
Şekil 4.21. 80 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi

Tavukların 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı verilerine ait güç büyüme eğrisi fah kovaryans modeli ile elde edilen kalıntılar (1063 hayvandan 294705 SNP) kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en güçlü genomik sinyalin 3. kromozomda AX-80756645 SNPden elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.93. 80 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait (1063 hayvana ait 294705 SNP bilgisiyle) çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Kromozom	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
3	AX-80756645	28027016	5,68E+00	1	1	0.9999	0.8125	0.1532
3	AX-76448492	27876444	8,89E+00	1	1	0.9999	0.9271	0.1532
3	AX-76447574	27452041	1,04E+00	1	1	0.9999	0.9534	0.1532
3	AX-76448213	27746292	1,04E+01	1	1	0.9999	0.9537	0.1532
3	AX-76447905	27605792	1,19E+01	1	1	0.9999	0.9703	0.1532
3	AX-76447916	27611888	1,19E+01	1	1	0.9999	0.9703	0.1532
3	AX-76448777	28009375	1,28E+01	1	1	0.9999	0.9767	0.1532
3	AX-76447502	27416089	1,32E+01	1	1	0.9999	0.9797	0.1532
3	AX-76447530	27430084	1,32E+01	1	1	0.9999	0.9797	0.1532
3	AX-76447532	27430263	1,32E+01	1	1	0.9999	0.9797	0.1532

Çizelge 4.93'te görüldüğü üzere, 80 haftalık yaştaki hayvanların yumurta ağırlığı verilerine ait fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da en düşük sonuç Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Ancak %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



Şekil 4.22. 80 haftalık tavukların yumurta ağırlığı verileri üzerinde gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.9939 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

4.5. Genomik ilişki matrisi yapılan temel bileşen analiz sonuçları

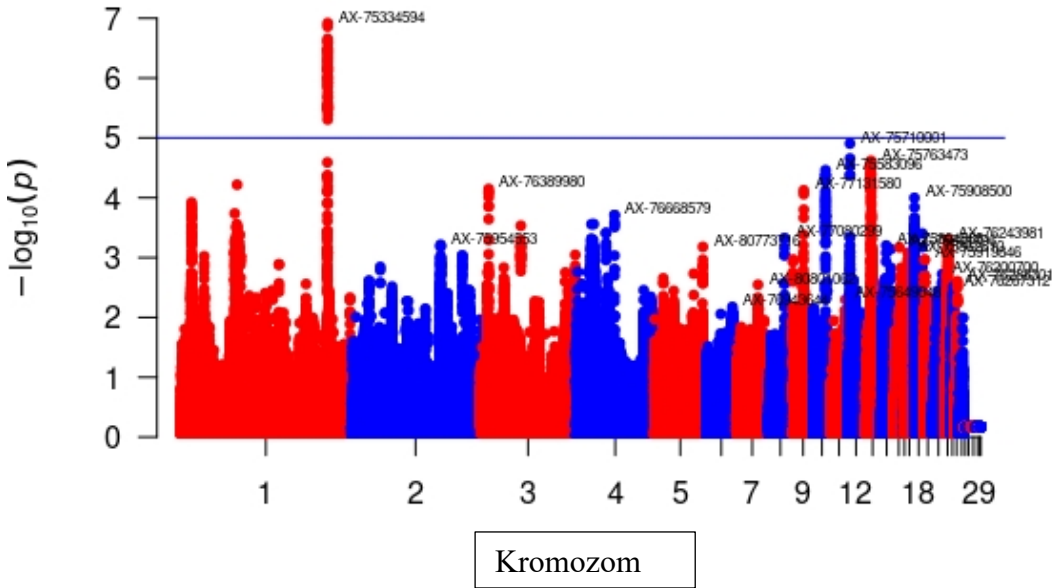
Ham veri seti temel bileşenler analiziyle zaman aralığı bakımından 3'e ayrılmıştır. Oluşturulan yeni veri setlerinden akrabalık derecesine göre (katsayı 0.1 için 1063 tavuk 294702 SNP; katsayı 0.2 için 1063 tavuk 294699 SNP; 0.3 için 1063 tavuk 294705 SNP; 0.4 için 1063 tavuk 294700 SNP; 0.5 için 1063 tavuk 294697 SNP; 0.6 için 1063 tavuk 294692 SNP) 6 alt tabaka elde edilmiştir ve analizlerde kullanılmıştır.

4.5.1. Temel bileşen 1. tabakaya yapılan analizler

Çizelge 4.94. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75334594	168789601	T	C	-46.70368	8.7637	1.20e-07
1	AX-80745839	168720658	T	A	-46.38325	8.7439	1.37e-07
1	AX-80826503	168719617	A	T	-45.6577	8.7553	2.21e-07
1	AX-75334447	168724175	A	G	-45.32422	8.7205	2.42e-07
1	AX-75334770	168865470	C	T	-45.251	8.7275	2.58e-07
1	AX-77278641	168773105	C	T	-45.16944	8.7779	3.17e-07
1	AX-75334580	168783285	A	G	-45.15082	8.7912	3.34e-07
1	AX-75334583	168784829	A	G	-45.02905	8.7741	3.40e-07
1	AX-75334507	168746789	T	C	-44.79372	8.7550	3.69e-07
1	AX-75334835	168889414	A	G	-44.66164	8.7412	3.839e-07

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1'de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



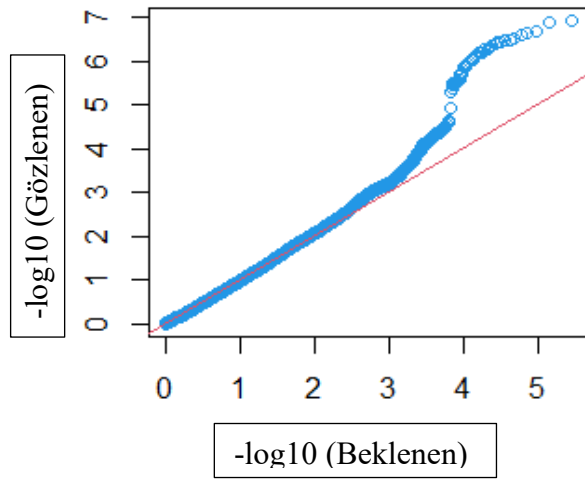
Şekil 4.23. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.95. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75334594	1	168789601	1,20E-01	0.0355	0.0355	0.0355	0.0348	0.0106
AX-80745839	1	168720658	1,37E-01	0.0404	0.0404	0.0404	0.0396	0.0106
AX-80826503	1	168719617	2,21E-01	0.0651	0.0651	0.0651	0.0630	0.0106
AX-75334447	1	168724175	2,42E-01	0.0714	0.0714	0.0714	0.0689	0.0106
AX-75334770	1	168865470	2,59E-01	0.07625	0.0762	0.0762	0.0734	0.0106
AX-77278641	1	168773105	3,17E-01	0.0935	0.0935	0.0935	0.0892	0.0106
AX-75334580	1	168783285	3,34E-01	0.0984	0.0984	0.0984	0.0937	0.0106
AX-75334583	1	168784829	3,41E-01	0.1004	0.1004	0.1004	0.0955	0.0106
AX-75334507	1	168746789	3,70E-01	0.1089	0.1089	0.10891	0.103	0.0106
AX-75334835	1	168889414	3,83E-01	0.1129	0.1129	0.1129	0.0106	0.0106

Çizelge 4.95'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Değerler birbirine yakın çıksa da en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



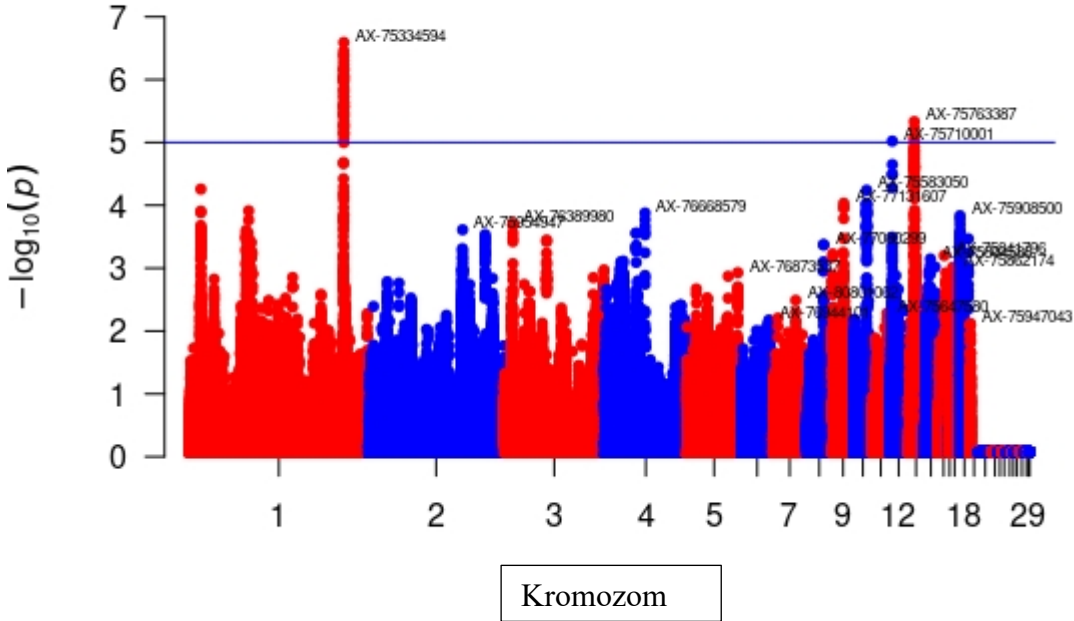
Şekil 4.24. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.85239 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.96. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75334594	168789601	T	C	-45.3099	8.7355	2.56e-07
1	AX-80745839	168720658	T	A	-44.8574	8.7495	3.49e-07
1	AX-75334561	168775096	T	C	-44.7322	8.7766	4.08e-07
1	AX-80826503	168719617	A	T	-44.5428	8.7441	4.14e-07
1	AX-75334634	168803610	G	A	-44.3246	8.7628	4.98e-07
1	AX-75334604	168792881	T	C	-44.1862	8.7879	5.81e-07
1	AX-75334642	168809194	A	G	-43.7148	8.7454	6.75e-07
1	AX-75334456	168726139	C	T	-43.7896	8.7697	6.93e-07
1	AX-75334580	168783285	A	G	-43.9721	8.8100	7.01e-07
1	AX-75334589	168787483	C	T	-43.3624	8.7439	8.23e-07

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



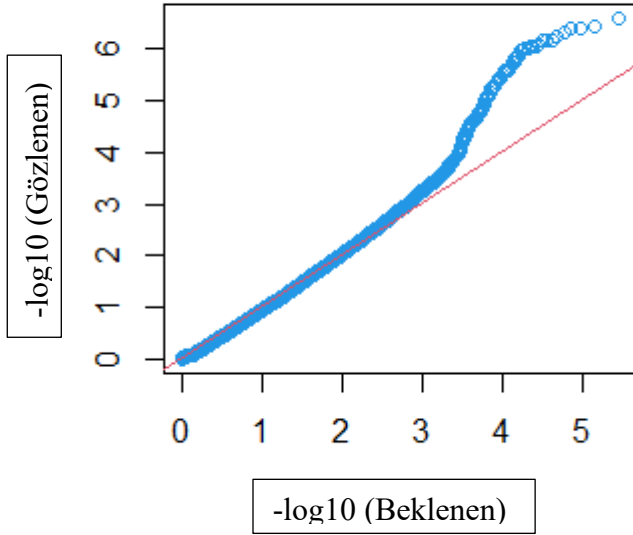
Şekil 4.25. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.97. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75334594	1	168789601	2,56E-01	0.0754	0.0754	0.0754	0.0726	0.0191
AX-80745839	1	168720658	3,50E-01	0.1031	0.1031	0.1031	0.0980	0.0191
AX-75334561	1	168775096	4,09E-01	0.1205	0.1205	0.1205	0.1135	0.0191
AX-80826503	1	168719617	4,15E-01	0.1222	0.1222	0.1222	0.1150	0.0191
AX-75334634	1	168803610	4,98E-01	0.1468	0.1468	0.1466	0.1365	0.0191
AX-75334604	1	168792881	5,81E-01	0.1713	0.1713	0.1713	0.1574	0.0191
AX-75334642	1	168809194	6,75E-01	0.1990	0.1990	0.1990	0.1804	0.0191
47248	1	168809195	6,94E-01	0.2044	0.2044	0.2044	0.1849	0.0191
AX-75334580	1	168783285	7,01E-01	0.2066	0.2066	0.2066	0.1866	0.0191
AX-75334589	1	168787483	8,24E-01	0.2428	0.2428	0.2428	0.2155	0.0191

Çizelge 4.97’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir ve en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



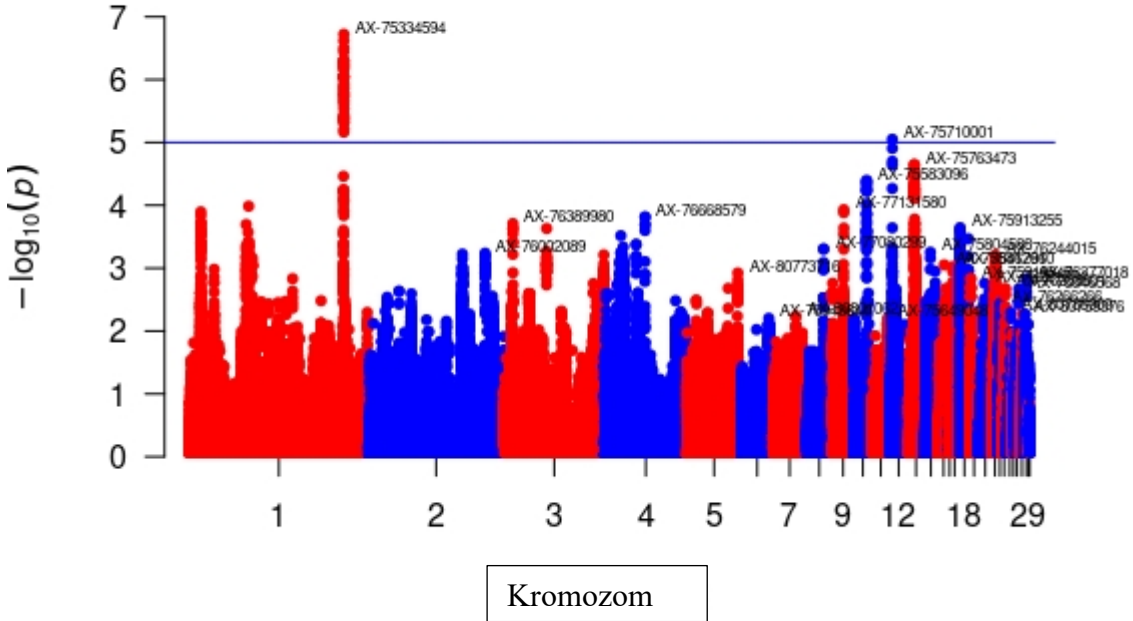
Şekil 4.26. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.6880 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir ancak yanıltıcı olabilir.

Çizelge 4.98. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75334594	168789601	T	C	45.9588	8.7643	1.89e-07
1	AX-80745839	168720658	T	A	45.4371	8.7382	2.39e-07
1	AX-75334604	168792881	T	C	45.2069	8.7820	3.14e-07
1	AX-80826503	168719617	A	T	44.8227	8.7509	3.58e-07
1	AX-75334580	168783285	A	G	44.5030	8.7920	4.89e-07
1	AX-75334583	168784829	A	G	44.5030	8.7920	4.89e-07
1	AX-75334447	168724175	A	G	44.1868	8.7436	5.10e-07
1	AX-75334770	168865470	C	T	44.1161	8.7355	5.19e-07
1	AX-75334507	168746789	T	C	44.1631	8.7708	5.60e-07
1	AX-77278641	168773105	C	T	44.2409	8.7925	5.70e-07

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



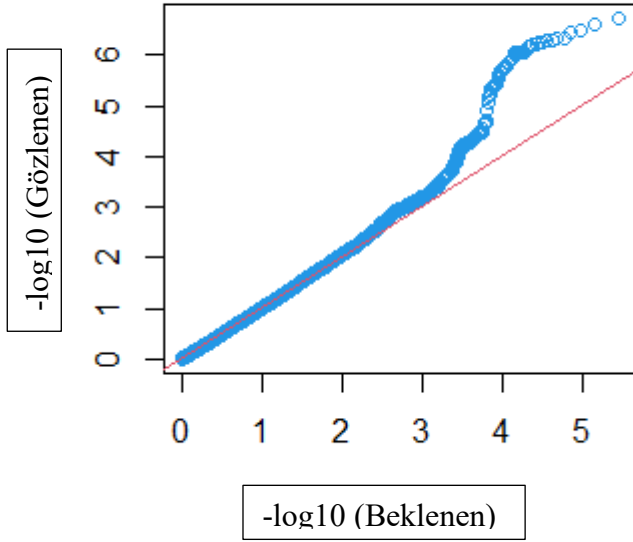
Şekil 4.27. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 ve 12. kromozomda AX-75710001 SNPllerinden güçlü sinyaller alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.99. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75334594	1	168789601	1,90E-01	0.05591	0.0559	0.0559	0.0543	0.0134
AX-80745839	1	168720658	2,39E-01	0.0705	0.0705	0.0705	0.0680	0.0134
AX-75334604	1	168792881	3,14E-01	0.0926	0.0926	0.0926	0.0884	0.0134
AX-80826503	1	168719617	3,59E-01	0.1057	0.1057	0.1057	0.1003	0.0134
AX-75334580	1	168783285	4,89E-01	0.1442	0.1442	0.1442	0.1343	0.0134
AX-75334583	1	168784829	4,89E-01	0.1442	0.1442	0.1442	0.1343	0.0134
AX-75334447	1	168724175	5,10E-02	0.1503	0.1503	0.1503	0.1396	0.0134
AX-75334770	1	168865470	5,19E-01	0.1530	0.1530	0.1530	0.14189	0.0134
AX-75334507	1	168746789	5,60E-01	0.1651	0.1651	0.1651	0.1522	0.0134
AX-77278641	1	168773105	5,71E-02	0.1682	0.1682	0.1682	0.1548	0.0134

Çizelge 4.99’da görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. En güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



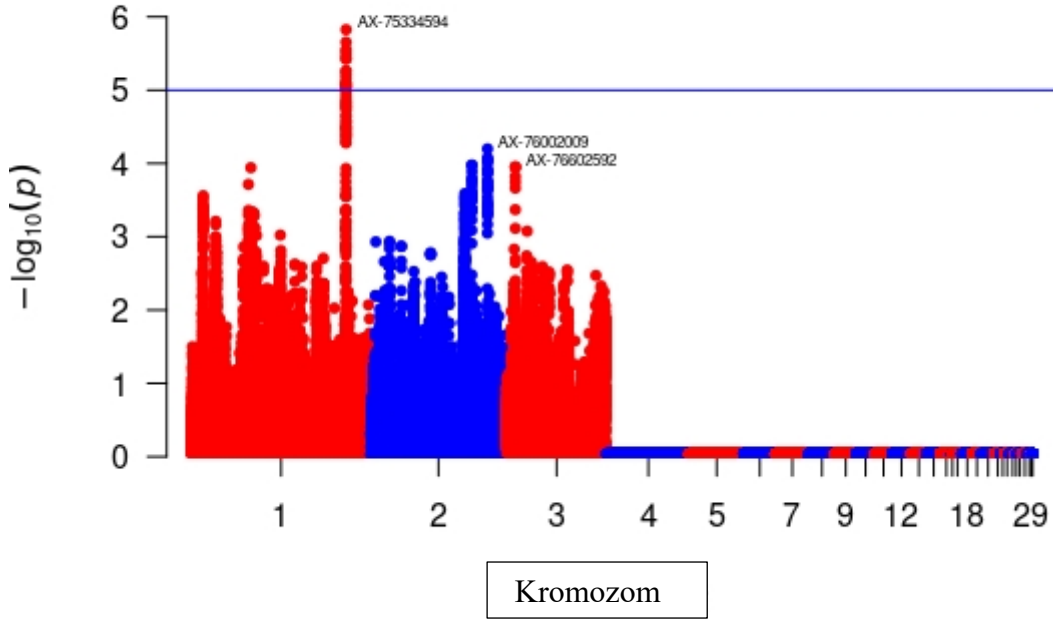
Şekil 4.28. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.9414 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.100. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75334594	168789601	T	C	-43.1812	8.9229	1.49e-06
1	AX-80745839	168720658	T	A	-42.5844	8.9483	2.21e-06
1	AX-80826503	168719617	A	T	-42.2195	8.9619	2.79e-06
1	AX-75334604	168792881	T	C	-42.2822	9.0011	2.98e-06
1	AX-77278641	168773105	C	T	-41.9635	8.9775	3.32e-06
1	AX-75334770	168865470	C	T	-41.4705	8.9165	3.72e-06
1	AX-75334447	168724175	A	G	-41.6892	8.9692	3.77e-06
1	AX-75334580	168783285	A	G	-41.0598	8.9888	5.50e-06
1	AX-75334461	168728872	T	G	-40.8433	8.9419	5.514e-06
1	AX-75334634	168803610	G	A	-40.6554	8.9504	6.20e-06

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



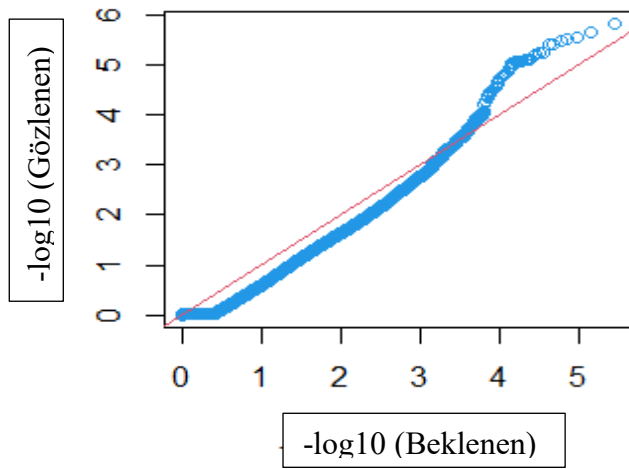
Şekil 4.29. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.101. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75334594	1	168789601	1,50E-01	0.4407	0.4407	0.4407	0.3564	0.1400
AX-80745839	1	168720658	2,22E+00	0.6528	0.6528	0.6528	0.4794	0.1400
AX-80826503	1	168719617	2,79E+00	0.8228	0.8228	0.8228	0.5608	0.1400
AX-75334604	1	168792881	2,98E-01	0.87825	0.8782	0.8782	0.5844	0.1400
AX-77278641	1	168773105	3,33E+00	0.9813	0.9813	0.9813	0.6251	0.1400
AX-75334770	1	168865470	3,72E+00	1	1	0.9999	0.6659	0.1400
AX-75334447	1	168724175	3,77E+00	1	1	0.9999	0.6710	0.1400
AX-75334580	1	168783285	5,50E+00	1	1	0.9999	0.8025	0.1400
AX-75334461	1	168728872	5,51E-01	1	1	0.9999	0.8029	0.1400
AX-75334634	1	168803610	6,20E+00	1	1	0.9999	0.8392	0.1400

Çizelge 4.101’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerlerine göre anlamlı SNP bulunmamıştır.



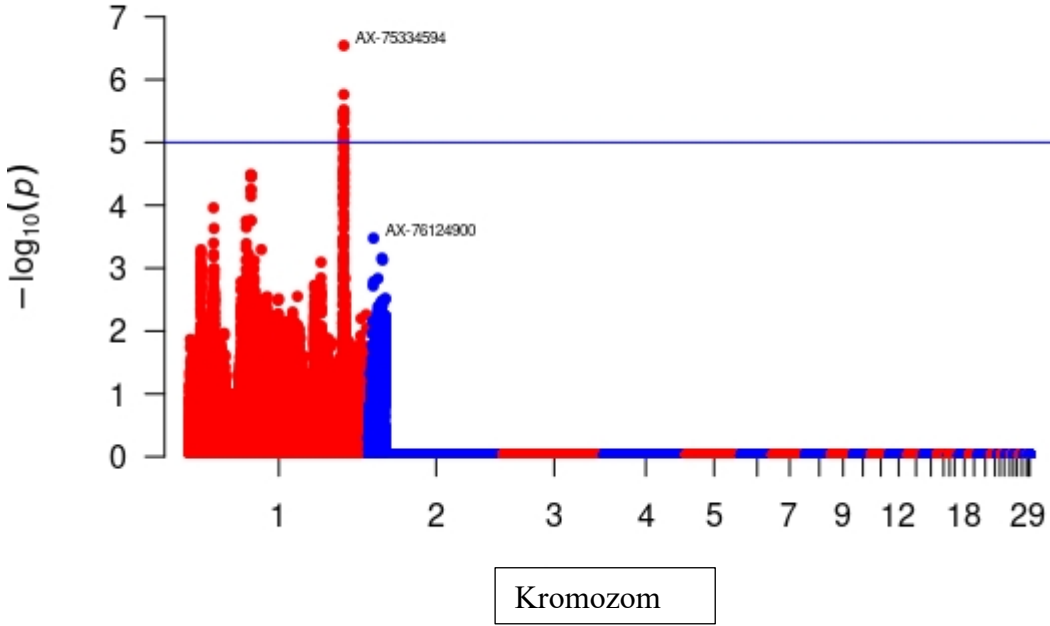
Şekil 4.30. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.0220 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.102. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75334594	168789601	T	C	-46.9134	9.0820	2.86e-07
1	AX-80745839	168720658	T	A	-43.8900	9.1243	1.72e-06
1	AX-75334756	168858505	C	T	-42.6022	9.0734	3.01e-06
1	AX-75334634	168803610	G	A	-42.6594	9.1217	3.29e-06
1	AX-80826503	168719617	A	T	-42.3363	9.0645	3.38e-06
1	AX-75334617	168797175	T	C	-42.3058	9.0668	3.46e-06
1	AX-75334447	168724175	A	G	-42.6594	9.1542	3.56e-06
1	AX-77278641	168773105	C	T	-42.6070	9.1707	3.80e-06
1	AX-75334580	168783285	A	G	-42.4267	9.1777	4.25e-06
1	AX-75334456	168726139	C	T	-42.2072	9.1643	4.61e-06

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



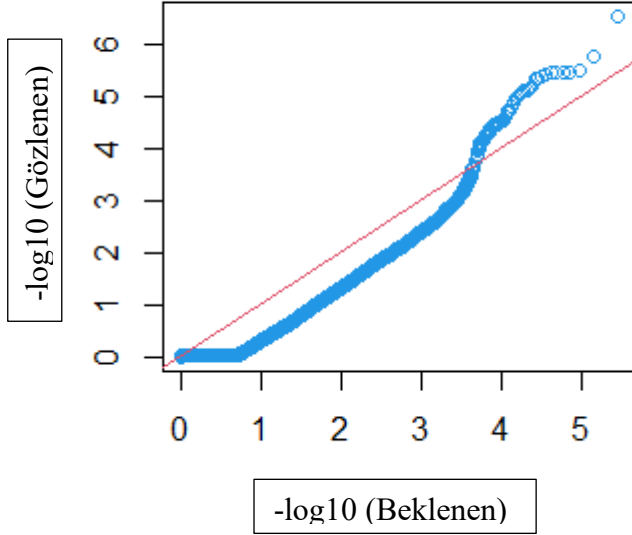
Şekil 4.31. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir

Çizelge 4.103. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-77278641	1	168773105	2,86E-01	0.0843	0.0843	0.0843	0.0809	0.0843
AX-75334415	1	168708318	1,73E+00	0.5085	0.5085	0.5085	0.3986	0.1238
AX-75334682	1	168826901	3,01E+00	0.8874	0.8874	0.8874	0.5882	0.1238
AX-75334594	1	168789601	3,29E+00	0.9698	0.9698	0.9698	0.6208	0.1238
AX-75334354	1	168683810	3,39E+00	0.9988	0.9988	0.9988	0.6316	0.1238
AX-75334580	1	168783285	3,46E+00	1	1	0.9999	0.6396	0.1238
AX-75334422	1	168710717	3,56E+00	1	1	0.9999	0.6500	0.1238
AX-80876892	1	168743430	3,81E+00	1	1	0.9999	0.6745	0.1238
AX-75334507	1	168746789	4,25E+00	1	1	0.9999	0.7143	0.1238
AX-75334433	1	168719204	4,61E+00	1	1	0.9999	0.7430	0.1238

Çizelge 4.103'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. En küçük değerler Benjamin-Hochberg testinde görülmektedir ancak %2 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



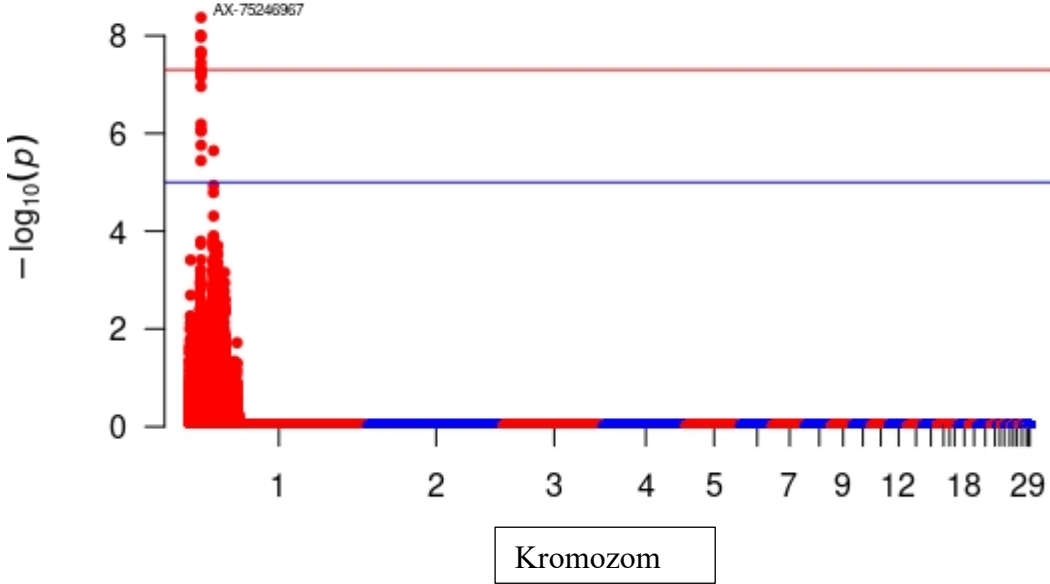
Şekil 4.32. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.0123 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.104. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75246967	12352218	T	C	42.6689	7.2033	4.25e-09
1	AX-75242383	12116283	A	G	41.7969	7.2298	9.74e-09
1	AX-75243820	12187865	G	A	41.7838	7.2489	1.07e-08
1	AX-75242470	12119991	T	C	41.3129	7.3185	2.11e-08
1	AX-75246900	12349020	T	C	40.5899	7.1953	2.16e-08
1	AX-80955092	12134852	A	T	40.7126	7.2505	2.50e-08
1	AX-80821262	12357177	C	G	40.1518	7.2328	3.58e-08
1	AX-75245546	12272435	A	G	39.4500	7.1701	4.70e-08
1	AX-75242338	12114505	A	G	39.7904	7.2544	5.16e-08
1	AX-75243678	12181456	G	A	39.7904	7.2544	5.16e-08

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



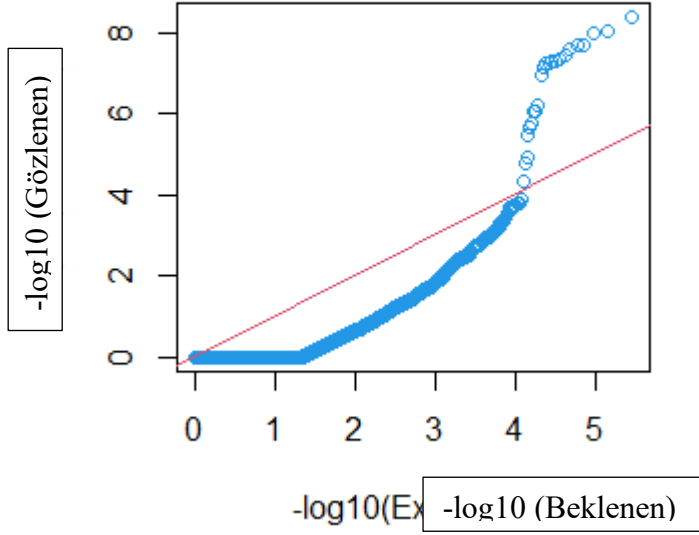
Şekil 4.33. Genomik ilişki yapılan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75246967 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.105. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75246964	1	12352075	4,25E-03	0.0012	0.0012	0.0012	0.0012	0.0010
AX-75242338	1	12114505	9,75E-03	0.0028	0.0028	0.0028	0.0028	0.0010
AX-75243678	1	12181456	1,08E-02	0.0031	0.0031	0.0031	0.0031	0.0010
AX-75242444	1	12118976	2,12E-02	0.0062	0.0062	0.0062	0.0062	0.0012
AX-75246868	1	12347493	2,17E-02	0.0063	0.0063	0.0063	0.0063	0.0012
AX-75242664	1	12129841	2,51E-02	0.0073	0.0073	0.0073	0.0073	0.0012
AX-75247056	1	12356926	3,58E-02	0.0105	0.0105	0.0105	0.0104	0.0014
AX-75245473	1	12268706	4,71E-03	0.0138	0.0138	0.0138	0.0137	0.0014
AX-75242175	1	12107028	5,17E-02	0.0152	0.0152	0.0152	0.0151	0.0014
AX-75243545	1	12175498	5,17E-02	0.0152	0.0152	0.0152	0.0151	0.0014

Çizelge 4.105'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Bulunan değerler birbirine yakın çıksa da en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



Şekil 4.34. Genomik ilişki yapılan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

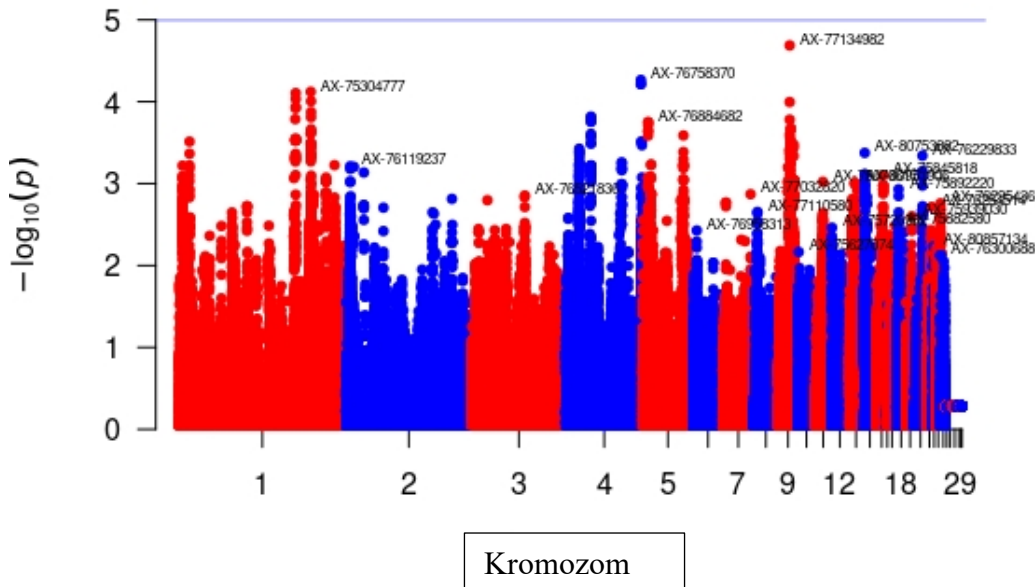
Lamda inflasyon faktörü 0.0028 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

4.5.2. Temel bileşen 2. tabakaya yapılan analizler

Çizelge 4.106. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
9	AX-77134982	13622926	C	T	-16.5549	3.8690	2.048e-05
4	AX-76758370	88284554	C	T	-36.3481	8.9672	5.41e-05
4	AX-76758341	88272472	G	A	-35.9392	8.9266	6.07e-05
4	AX-76758355	88277168	G	T	-35.9392	8.9266	6.07e-05
1	AX-75304777	154620273	T	C	-23.0287	5.7952	7.55e-05
1	AX-75267978	136906254	G	A	-27.3877	6.9072	7.82e-05
1	AX-75268193	137003827	A	G	-27.0188	6.8836	9.22e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-17.9295	4.5862	9.83e-05
9	AX-77134941	13608962	A	G	-15.1672	3.8855	0.0001
1	AX-75268052	136938403	G	A	-26.5129	6.8517	0.0001

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda %5 önem seviyesinde kromozom 9, 4 ve 1’de güçlü sinyal bulunmuştur.



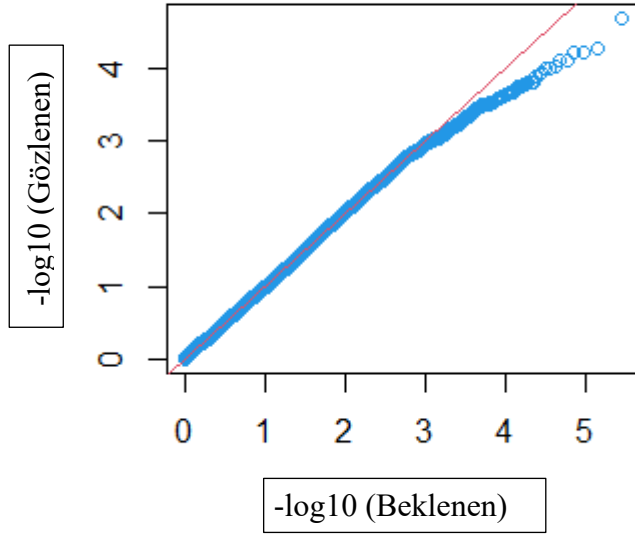
Şekil 4.35. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 9, 4 ve 1’de güçlü sinyal bulunmuştur.

Çizelge 4.107. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-77134980	9	13622325	2,05E+01	1	1	0.9999	0.9976	0.9555
AX-76758356	4	88278121	5,42E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-76758338	4	88269950	6,08E-01	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-76758344	4	88274011	6,08E-01	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-75304777	1	154620273	7,55E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-75267978	1	136906254	7,83E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-75268193	1	137003827	9,23E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-75305437	1	154917304	9,84E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-77134940	9	13608015	0.0001	1	1	0.9999	0.9999	0.9555
AX-75268052	1	136938403	0.0001	1	1	0.9999	0.9999	0.9555

Çizelge 4.107’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesine göre anlamsız bulunmuştur.



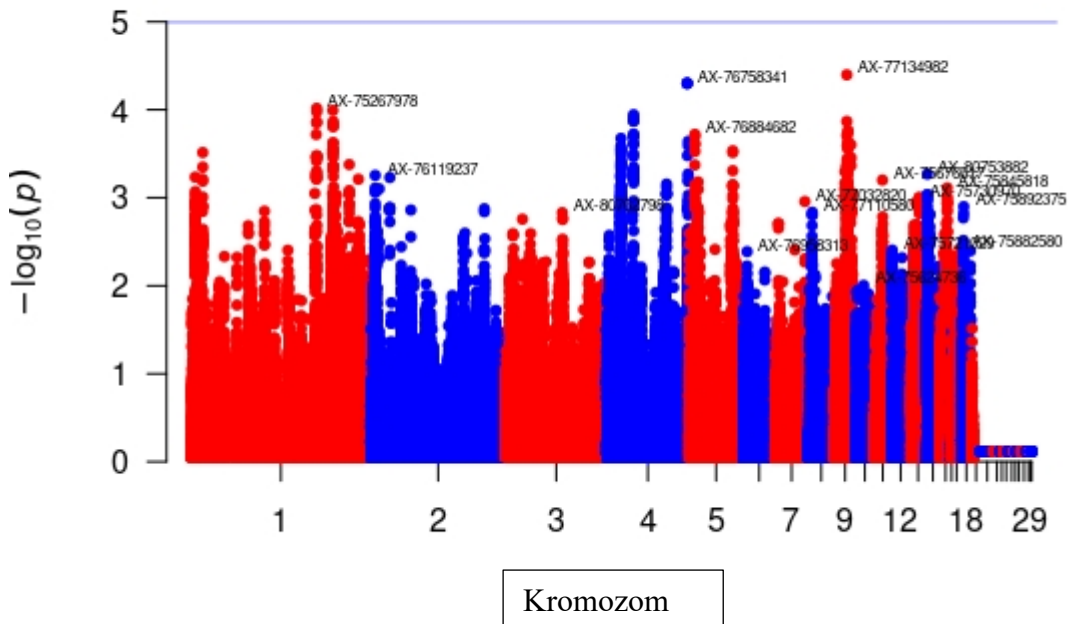
Şekil 4.36. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.92610 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.108. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
9	AX-77134982	13622926	C	T	-15.9774	3.8736	4.00e-05
4	AX-76758341	88272472	G	A	-36.3212	8.9190	5.00e-05
4	AX-76758355	88277168	G	T	-36.3212	8.9190	5.00e-05
4	AX-76758370	88284554	C	T	-36.3212	8.9190	5.00e-05
1	AX-75267978	136906254	G	A	-27057	6.9115	9.62e-05
1	AX-75304777	154620273	T	C	-22.6143	5.7959	0.0001
1	AX-75268193	137003827	A	G	-26.8872	6.9074	0.0001
4	AX-76640118	29604925	T	G	20.7272	5.3505	0.0001
4	AX-76639988	29535337	C	T	20.6331	5.3486	0.0001
4	AX-76640142	29616366	T	C	20.5132	5.3511	0.0001

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda %5 önem seviyesinde kromozom 9, 4 ve 1’de güçlü sinyaller bulunmuştur.



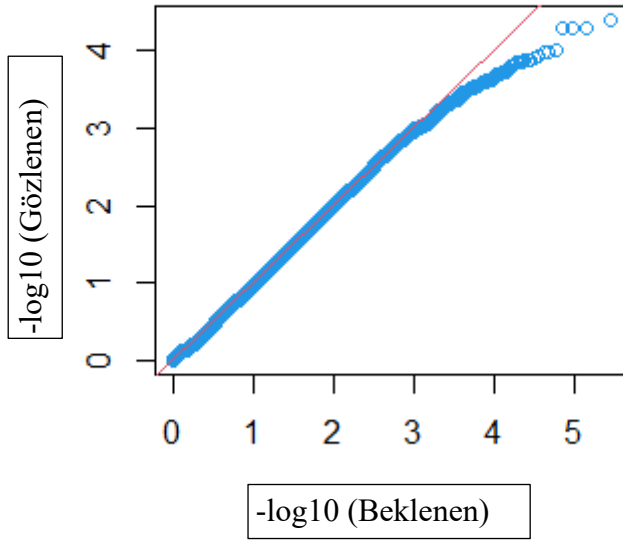
Şekil 4.37. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda sonucunda %5 önem seviyesinde kromozom 9, 4 ve 1’de güçlü sinyaller bulunmuştur.

Çizelge 4.109. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-77134950	9	13612759	4,00E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-76758331	4	88264190	5,00E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-76758337	4	88269184	5,00E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-76758341	4	88272472	5,00E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-75267978	1	136906254	9,63E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-75304777	1	154620273	0.0001	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-75268193	1	137003827	0.0001	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-76640090	4	29585167	0.0001	1	1	0.9999	0.9999	0.9627
AX-76639956	4	29514425	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9627
AX-76640112	4	29599163	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9627

Çizelge 4.109’da görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamsız bulunmuştur.



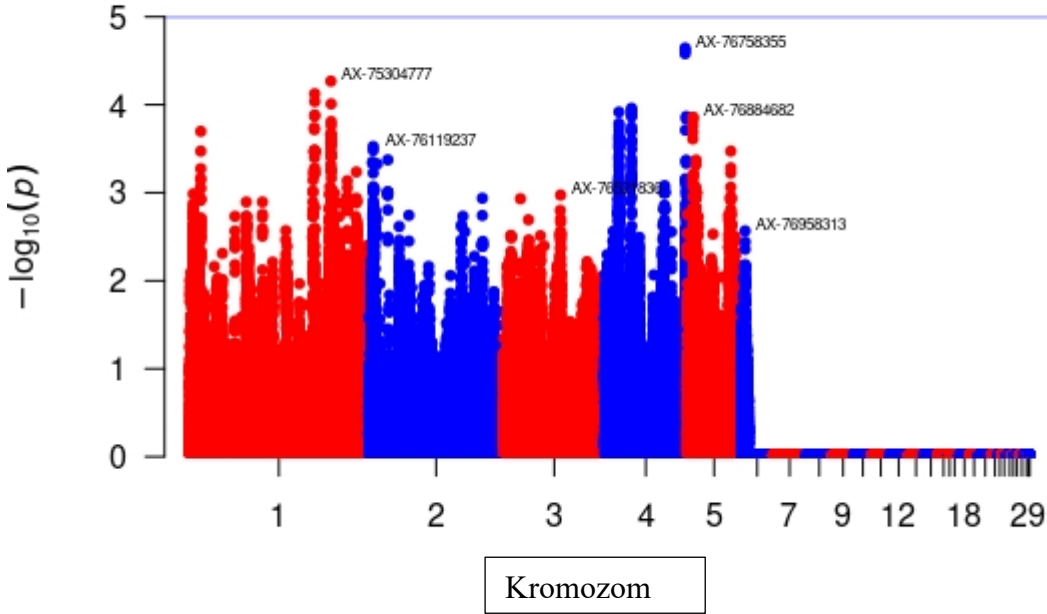
Şekil 4.38. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.7411 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.110. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
4	AX-76758355	88277168	G	T	-38.3430	9.0088	2.26e-05
4	AX-76758370	88284554	C	T	-38.0235	8.9653	2.41e-05
4	AX-76758341	88272472	G	A	-37.6683	8.9203	2.62e-05
1	AX-75304777	154620273	T	C	-23.4797	5.7908	5.38e-05
1	AX-75267978	136906254	G	A	-27.7309	6.9749	7.49e-05
1	AX-75268193	137003827	A	G	-27.1060	6.9031	9.17e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-17932	4.5848	9.77e-05
4	AX-76639988	29535337	C	T	20.7652	5.3479	0.0001
4	AX-76640118	29604925	T	G	20.6885	5.3487	0.0001
4	AX-76614529	15799826	C	T	-19.4652	5.0446	0.0001

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 4 ve 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



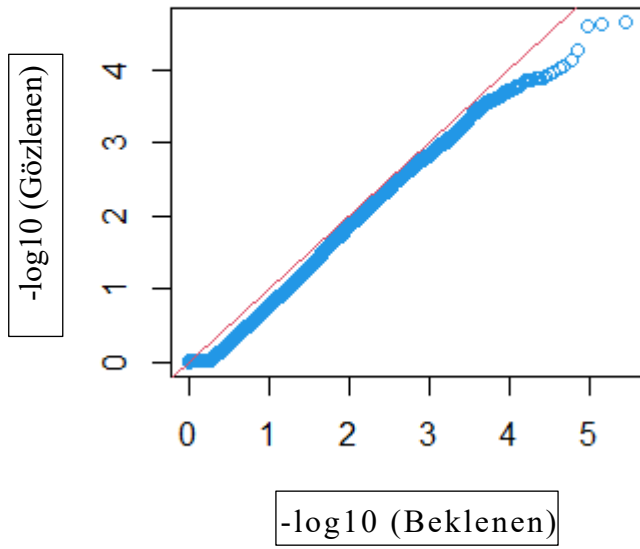
Şekil 4.39. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 4 ve 1’de güçlü sinyal bulunmuştur.

Çizelge 4.111. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-76758296	4	88248136	2,26E+00	1	1	0.9999	0.9987	0.9859
AX-76758322	4	88259390	2,42E+00	1	1	0.9999	0.9991	0.9859
AX-76758289	4	88244495	2,62E+01	1	1	0.9999	0.9995	0.9859
AX-75304777	1	154620273	5,39E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9859
AX-75267978	1	136906254	7,49E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9859
AX-75268193	1	137003827	9,17E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9859
AX-75305437	1	154917304	9,77E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9859
AX-76639875	4	29471302	0.0001	1	1	0.9999	0.9999	0.9859
AX-76640066	4	29570491	0.0001	1	1	0.9999	0.9999	0.9859
AX-76614416	4	15732116	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9859

Çizelge 4.111’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Bu değerler %5 önem seviyesinde anlamsız bulunmuştur.



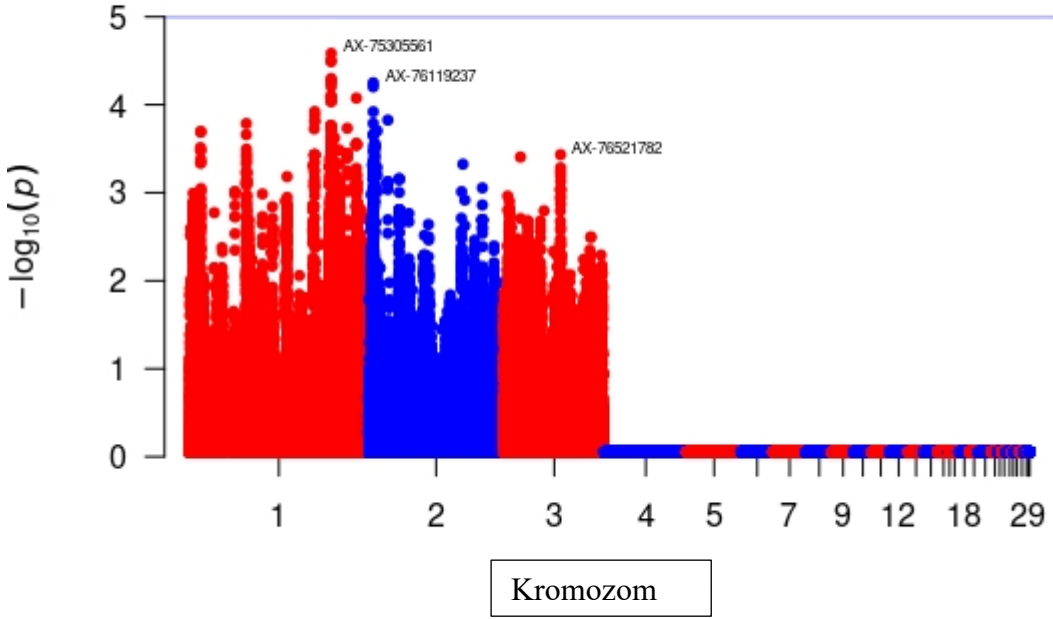
Şekil 4.40. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.05184 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.112. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75305561	154972596	G	A	-17.7703	4.2068	2.60e-05
1	AX-75304777	154620273	T	C	-22.9260	5.4803	3.10e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-18.3245	4.3902	3.23e-05
1	AX-75305524	154957345	G	A	-17.8458	4.3838	5.03e-05
1	AX-75305461	154927189	A	G	-17.8652	4.4026	5.31e-05
2	AX-76119237	5733107	T	C	-22.5307	5.5705	5.62e-05
1	AX-75305392	154893733	A	G	-17.8433	4.4116	5.62e-05
1	AX-75305536	154964504	A	G	-17.6173	4.3830	6.24e-05
2	AX-76119572	5751065	G	A	-22.2526	5.5365	6.25e-05
1	AX-75305463	154927511	G	A	-17.5485	4.4284	7.90e-05

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 2’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



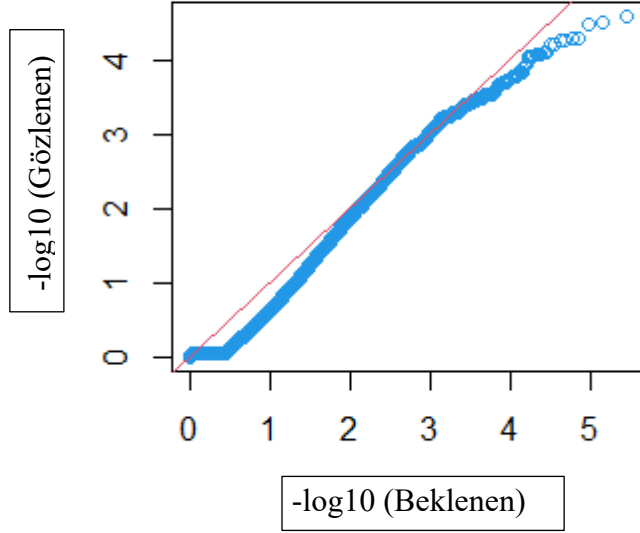
Şekil 4.41. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 SNPden ve 2. kromozomda AX-76119572 güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.113. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75305561	1	154972596	2,60E+01	1	1	0.9999	0.9995	0.8783
AX-75304777	1	154620273	3,11E+01	1	1	0.9999	0.9998	0.8783
AX-75305437	1	154917304	3,24E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.8783
AX-75305524	1	154957345	5,03E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.8783
AX-75305524	1	154957345	5,32E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.8783
AX-76119237	2	5733107	5,62E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.8783
AX-75305392	1	154893733	5,62E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.8783
AX-75305536	1	154964504	6,25E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.8783
AX-76119572	2	5751065	6,25E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.8783
AX-75305463	1	154927511	7,91E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.8783

Çizelge 4.113'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



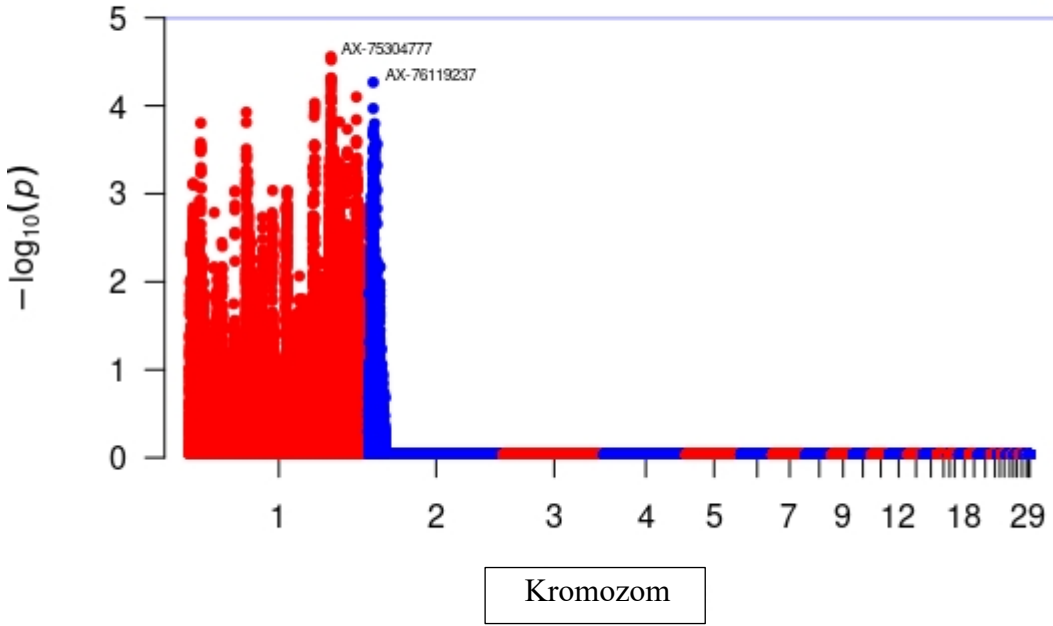
Şekil 4.42. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.0454 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.114. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Kromozom	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75304777	154620273	T	C	-23.16225	5.501556	2.769e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-18.40854	4.39316	3.0171e-05
1	AX-75305524	154957345	G	A	-17.89599	4.385024	4.817e-05
1	AX-75304838	154644841	C	T	21.22523	5.210194	4.969e-05
1	AX-75305461	154927189	A	G	-17.89757	4.40026	5.106e-05
1	AX-75305392	154893733	A	G	-17.8894	4.41097	5.365e-05
2	AX-76119237	5733107	T	C	-22.56505	5.56643	5.407e-05
1	AX-75305536	154964504	A	G	-17.69448	4.38749	5.902e-05
1	AX-75305561	154972596	G	A	-16.90209	4.222601	6.695e-05
1	AX-75304207	154349918	C	T	14.12871	3.565421	7.906e-05

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 2’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



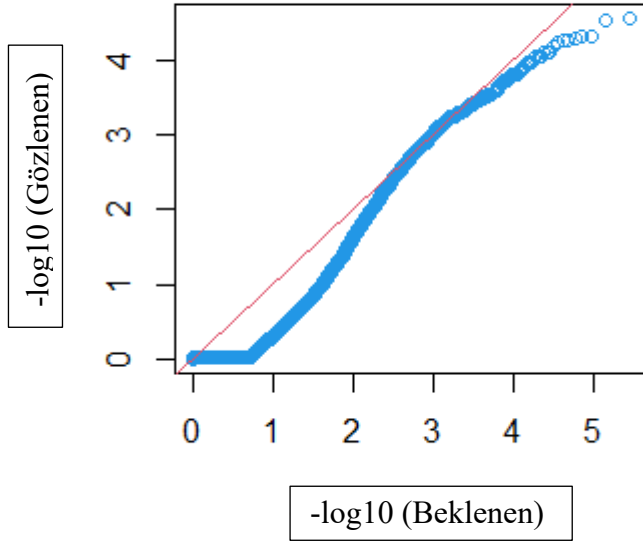
Şekil 4.43. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 ve 2. kromozomda AX-76119237 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.115. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75304763	1	154614048	2,77E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-75305424	1	154908847	3,02E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-75305515	1	154954497	4,82E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-75304818	1	154636695	4,97E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-75305436	1	154915434	5,11E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-75305360	1	154879301	5,37E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-76118721	2	5705523	5,41E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-75305522	1	154956391	5,90E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-80969648	1	154957815	6,70E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160
AX-75304180	1	154339105	7,91E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.9160

Çizelge 4.115'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



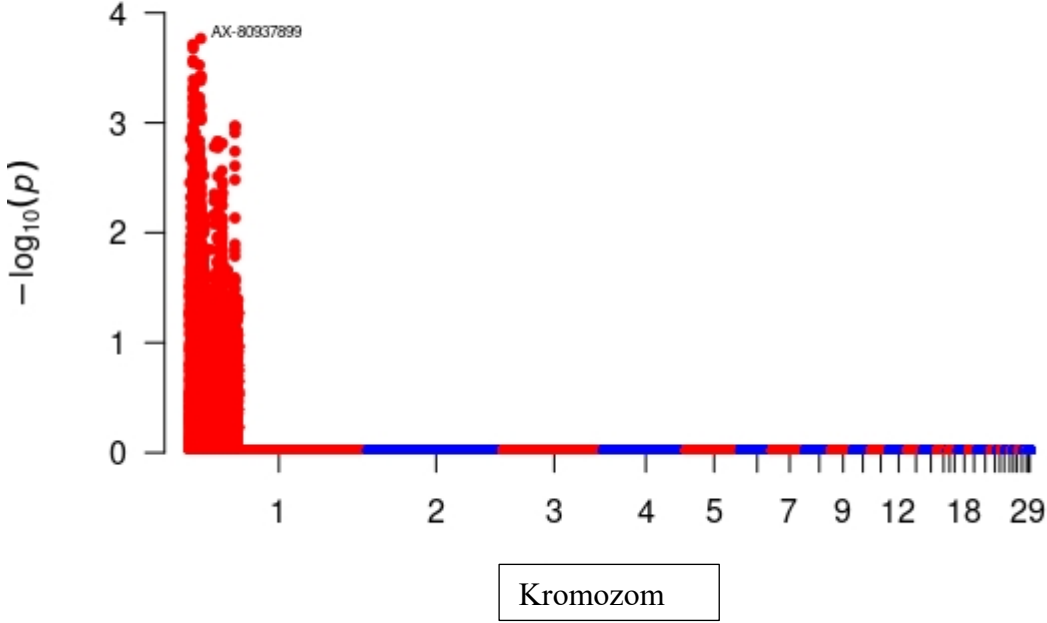
Şekil 4.44. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.0168 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.116. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80937899	12071677	C	G	-18.0961	4.7983	0.0001
1	AX-80900532	3503644	A	T	21.0267	5.6225	0.0001
1	AX-75438229	3703392	T	C	22.5125	6.0541	0.0002
1	AX-75436859	3638712	T	C	14.3745	3.9332	0.0002
1	AX-75439362	3758379	T	C	21.3349	5.8600	0.0002
1	AX-75207841	10498130	C	T	13.9218	3.8370	0.0002
1	AX-75241281	12066380	T	G	-17.8653	5.0039	0.0003
1	AX-75233402	11699134	A	G	-17.2749	4.8478	0.0003
1	AX-75237587	11893408	G	A	-17.2238	4.8405	0.0003
1	AX-75442012	3879925	A	G	21.5795	6.0824	0.0004

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



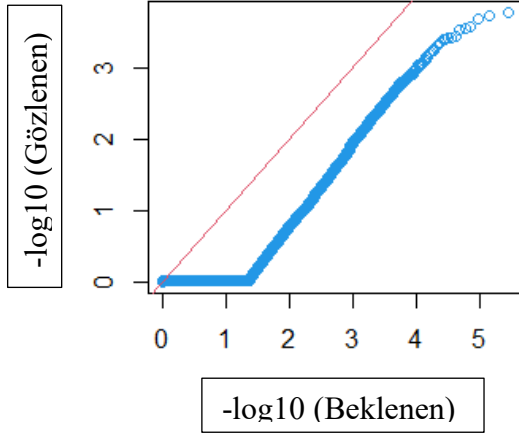
Şekil 4.45. Genomik ilişki yapılan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-80937899 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.117. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75241356	1	12069957	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-80900532	1	3503644	0.0001	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75438229	1	3703392	0.0002	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75436859	1	3638712	0.0002	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75439362	1	3758379	0.0002	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75207835	1	10497844	0.0002	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75241227	1	12064129	0.0003	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75233350	1	11696554	0.0003	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75237475	1	11888758	0.0003	1	1	0.9999	1	0.9591
AX-75442012	1	3879925	0.0004	1	1	0.9999	1	0.9591

Çizelge 4.117’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



Şekil 4.46. Genomik ilişki yapılan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

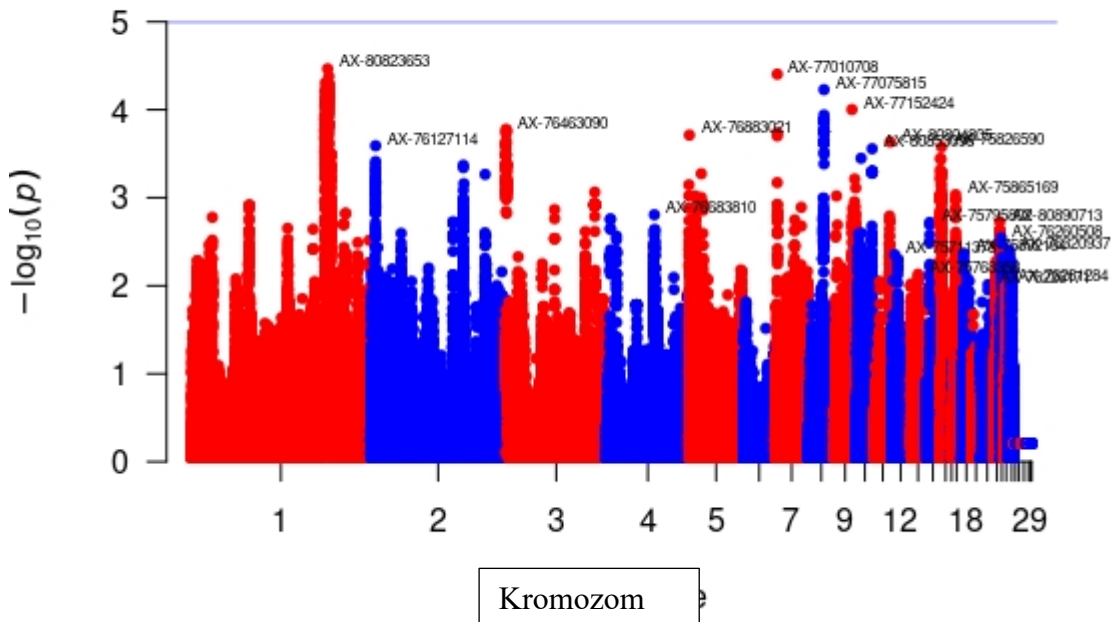
Lamda inflasyon faktörü 0.0062 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

4.5.3. Temel bileşen 3. tabakaya yapılan analizler

Çizelge 4.118. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80823653	148858462	G	C	-12.8412	3.0859	3.42e-05
7	AX-77010708	2388741	C	T	-30.9010	7.4846	3.93e-05
1	AX-75295583	150263314	G	A	-12.5944	3.0609	4.18e-05
1	AX-80823823	146471521	A	T	-12.5680	3.0834	4.92e-05
1	AX-75295142	150027210	C	T	-12.4698	3.0637	5.04e-05
1	AX-75295128	150020388	C	A	-12.4693	3.0637	5.05e-05
1	AX-75295577	150256828	G	A	-12.4454	3.0633	5.207e-05
1	AX-75295031	149973822	A	G	-12.4021	3.0567	5.32e-05
1	AX-80751867	150146456	T	A	-12.3474	3.0520	5.59e-05
1	AX-75289354	146846567	C	T	-12.4804	3.0857	5.62e-05

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 7’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



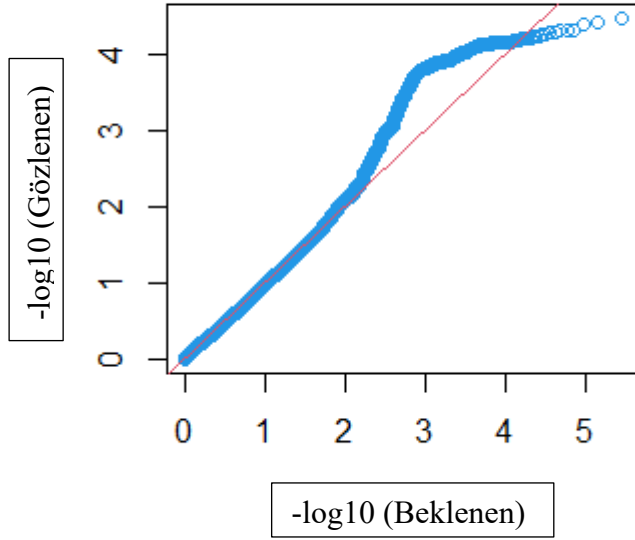
Şekil 4.47. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. ve 7. kromozomda güçlü sinyaller alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.119. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krom	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-80823653	1	148858462	3,42E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-77010688	7	2387955	3,94E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-75295583	1	150263314	4,18E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-80823823	1	146471521	4,92E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-75295142	1	150027210	5,05E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-75295128	1	150020388	5,05E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-75295577	1	150256828	5,21E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-75295031	1	149973822	5,33E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-80751867	1	150146456	5,60E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406
AX-75289354	1	146846567	5,62E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1406

Çizelge 4.119’da görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



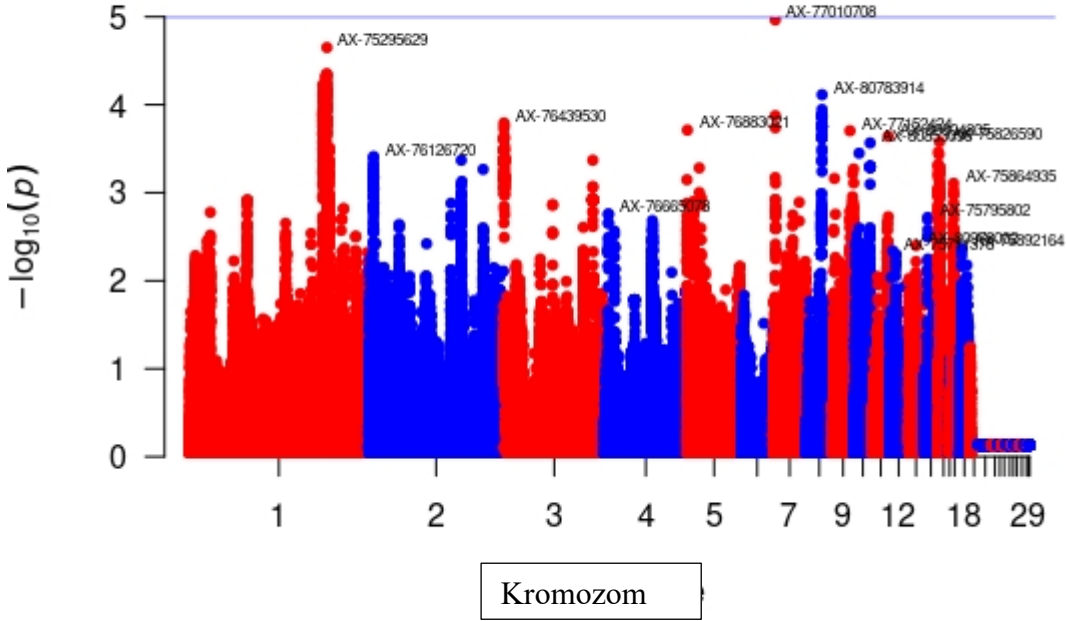
Şekil 4.48. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.9157 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.120. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
7	AX-77010708	2388741	C	T	-33.2070	7.5110	1.08e-05
1	AX-75295629	150289175	G	A	-13.0572	3.0657	2.23e-05
1	AX-75295210	150060501	T	C	-12.5632	3.0636	4.43e-05
1	AX-75295342	150127456	G	A	-12.5544	3.0661	4.55e-05
1	AX-75294795	149851203	G	A	-12.4509	3.0467	4.701e-05
1	AX-75295583	150263314	G	A	-12.5026	3.0613	4.75e-05
1	AX-80886102	148618332	T	A	-12.6520	3.0986	4.78e-05
1	AX-80882553	149123605	T	A	-12.5668	3.0894	5.105e-05
1	AX-75295577	150256828	G	A	-12.4006	3.0584	5.39e-05
1	AX-75295622	150285685	G	T	-12.3484	3.0585	5.794e-05

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 7 ve 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



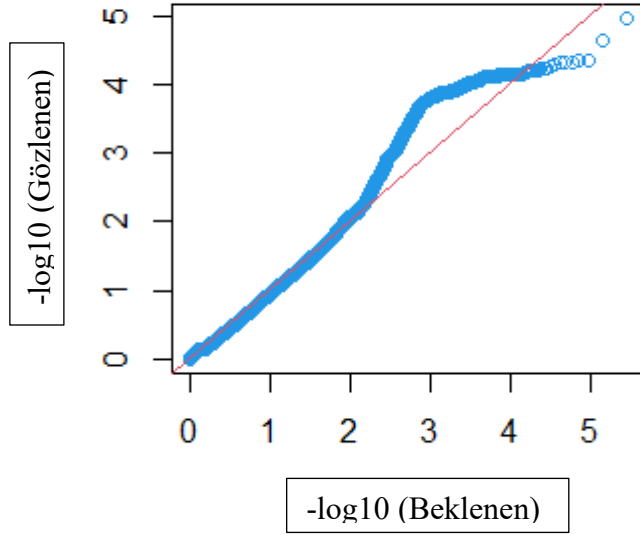
Şekil 4.49. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 7. kromozomda AX-77010708 ve 1. kromozomda AX-75295629 SNPden güçlü sinyaller alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.121. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-77010235	7	2371428	1,08E+01	1	1	0.9999	0.9589	0.1498
AX-75295629	1	150289175	2,23E+00	1	1	0.9999	0.9986	0.1498
AX-75295210	1	150060501	4,43E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498
AX-75295342	1	150127456	4,55E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498
AX-75294795	1	149851203	4,71E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498
AX-75295583	1	150263314	4,76E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498
AX-80886102	1	148618332	4,79E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498
AX-80882553	1	149123605	5,10E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498
AX-75295577	1	150256828	5,39E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498
AX-75295622	1	150285685	5,79E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1498

Çizelge 4.121’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



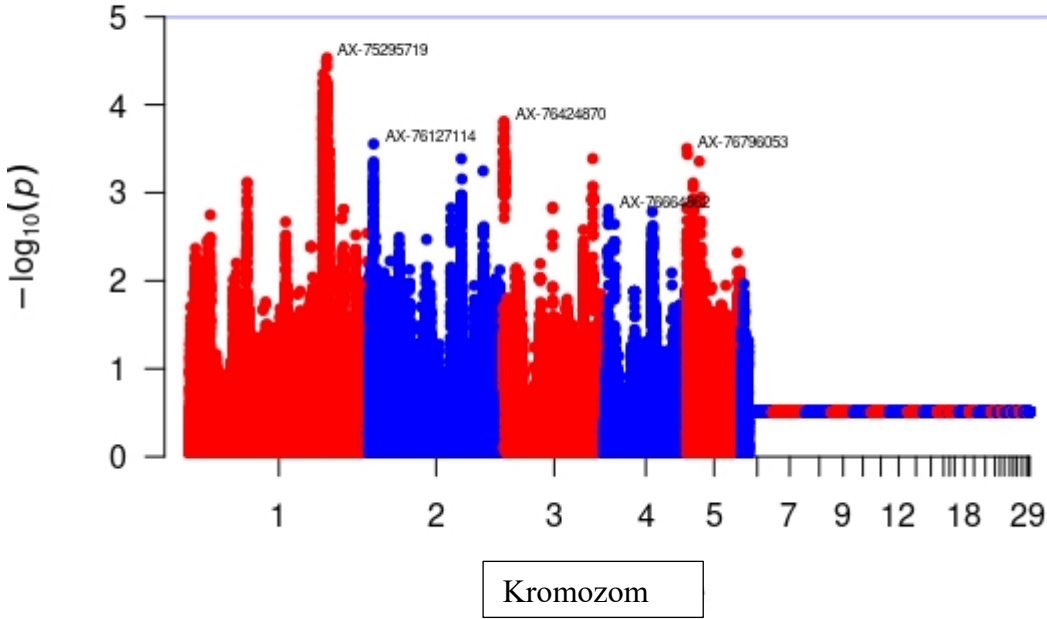
Şekil 4.50. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.7533 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.122. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75295719	150341799	G	T	-12.89153	3.0717	2.93e-05
1	AX-75294556	149712930	C	T	-12.76919	3.0601	3.25e-05
1	AX-75295509	150218317	G	A	-12.74593	3.0752	3.67e-05
1	AX-75287929	146193603	G	T	-12.65709	3.08814	4.47e-05
1	AX-75293494	149120743	T	G	-12.65431	3.1109	5.09e-05
1	AX-75293554	149153785	G	A	-12.56117	3.0950	5.30e-05
1	AX-80886102	148618332	T	A	-12.58578	3.1046	5.408e-05
1	AX-80753166	149898257	C	G	-12.4713	3.0784	5.46e-05
1	AX-75287197	145854797	A	C	-12726	3.1417	5.47e-05
1	AX-75295078	149999600	T	C	-12.33617	3.0562	5.81e-05

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



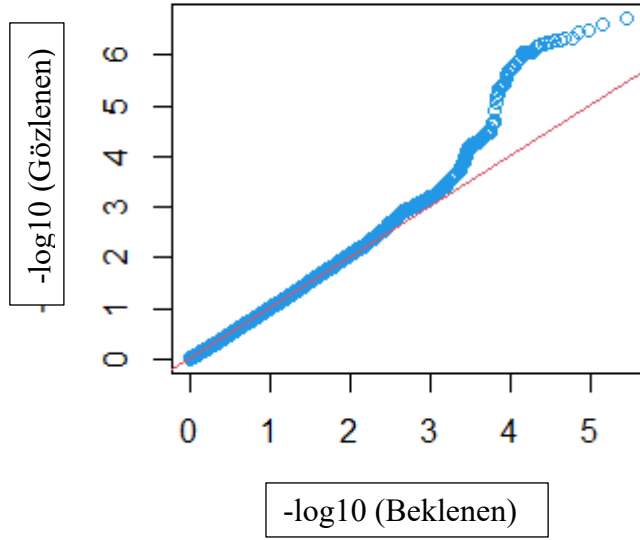
Şekil 4.51. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75295719 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.123. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75295719	1	150341799	2,93E+01	1	1	0.9999	0.9998	0.1763
AX-75294556	1	149712930	3,26E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-75295509	1	150218317	3,67E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-75287929	1	146193603	4,47E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-75293494	1	149120743	5,10E-01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-75293554	1	149153785	5,30E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-80886102	1	148618332	5,41E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-80753166	1	149898257	5,47E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-75287197	1	145854797	5,48E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763
AX-75295078	1	149999600	5,82E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1763

Çizelge 4.123'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



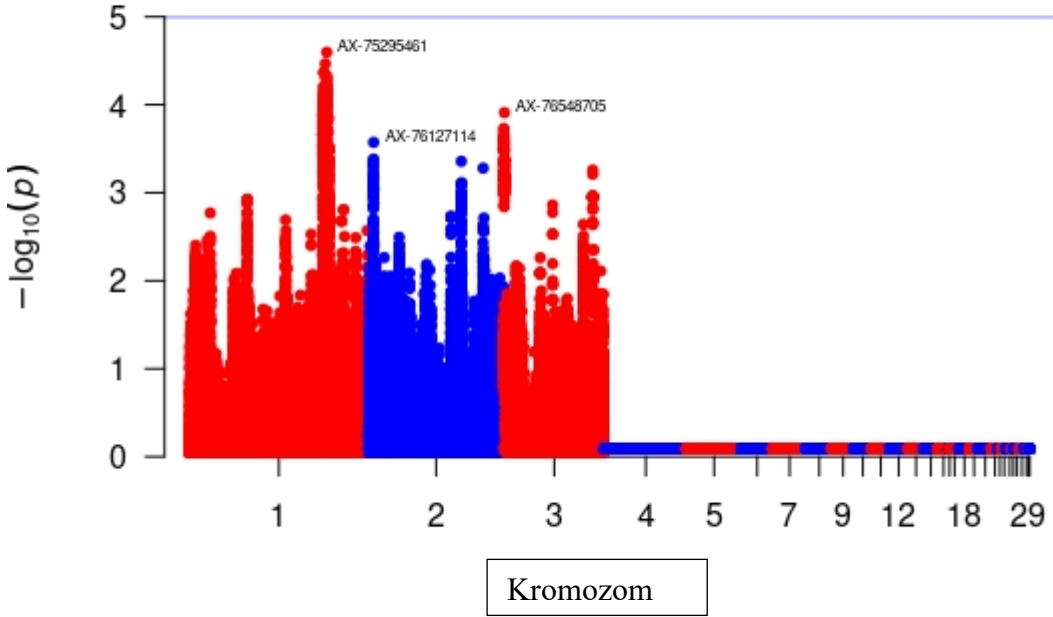
Şekil 4.52. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.9414 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.124. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75295461	150189153	G	A	-12.92743	3.055559	2.52e-05
1	AX-75292367	148532816	C	T	-12.8697	3.092302	3.41e-05
1	AX-75289114	146740063	G	A	-12.62803	3.073884	4.29e-05
1	AX-75289871	147084524	T	C	-12.61488	3.07184	4.32e-05
1	AX-75295342	150127456	G	A	-12.53929	3.068111	4.69e-05
1	AX-80886102	148618332	T	A	-12.67349	3.105702	4.82e-05
1	AX-80860970	150221091	G	C	-12.52713	3.07659	5.01e-05
1	AX-75295599	150272852	G	A	-12.44958	3.06593	5.25e-05
1	AX-75295622	150285685	G	T	-12.35018	3.062118	5.89e-05
1	AX-75295245	150080268	G	A	-12.26549	3.045216	6.03e-05

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



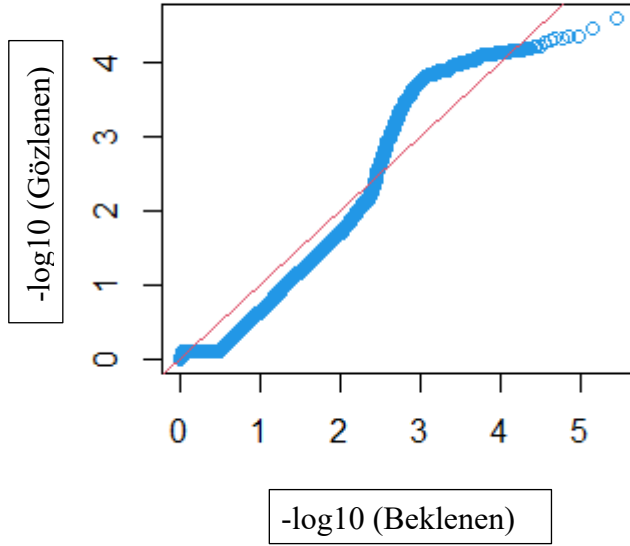
Şekil 4.53. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75295461 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.125. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-75295461	1	150189153	2,53E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-75292367	1	148532816	3,41E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-75289114	1	146740063	4,30E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-75289871	1	147084524	4,32E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-75295342	1	150127456	4,70E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-80886102	1	148618332	4,83E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-80860970	1	150221091	5,01E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-75295599	1	150272852	5,25E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-75295622	1	150285685	5,90E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722
AX-75295245	1	150080268	6,03E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1722

Çizelge 4.125'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



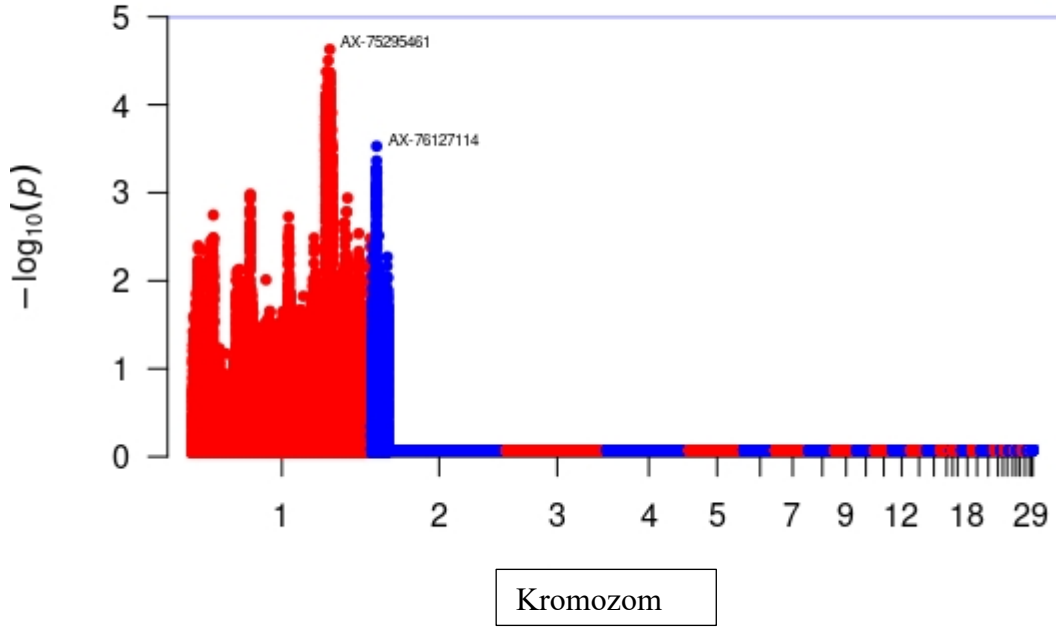
Şekil 4.54. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.1236 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.126. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75295461	150189153	G	A	-12.9941	3.0590	2.34e-05
1	AX-75292367	148532816	C	T	-12.95071	3.0972	3.13e-05
1	AX-75289871	147084524	T	C	-12.64325	3.0731	4.18e-05
1	AX-75289114	146740063	G	A	-12.64332	3.0752	4.23e-05
1	AX-75295599	150272852	G	A	-12.56922	3.0593	4.29e-05
1	AX-75295509	150218317	G	A	-12.58401	3.0693	4.45e-05
1	AX-75295664	150310331	T	C	-12.45944	3.0466	4.64e-05
1	AX-75295297	150105834	T	C	-12.65606	3.1054	4.93e-05
1	AX-80886102	148618332	T	A	-12.61787	3.1010	5.07e-05
1	AX-80840701	150022670	A	T	-12.42823	3.0548	5.08e-05

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



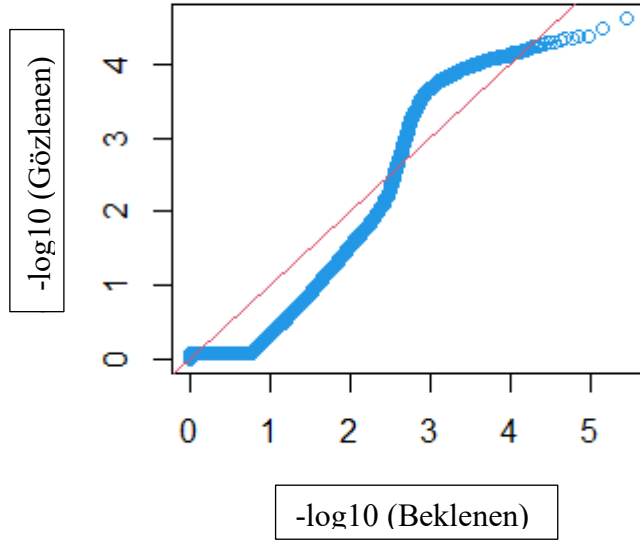
Şekil 4.55. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75295461 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.127. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
AX-80751867	1	150146456	2,35E+01	1	1	0.9999	0.9990	0.2079
AX-75292335	1	148514584	3,14E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.20797
AX-75289859	1	147078955	4,19E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.2079
AX-80849031	1	146733963	4,24E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.2079
AX-75295577	1	150256828	4,29E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.2079
AX-75295461	1	150189153	4,45E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.2079
AX-80860970	1	150221091	4,65E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.2079
AX-75295245	1	150080268	4,93E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.2079
AX-77278392	1	148607219	5,07E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.2079
AX-75295115	1	150017214	5,08E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.2079

Çizelge 4.127’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



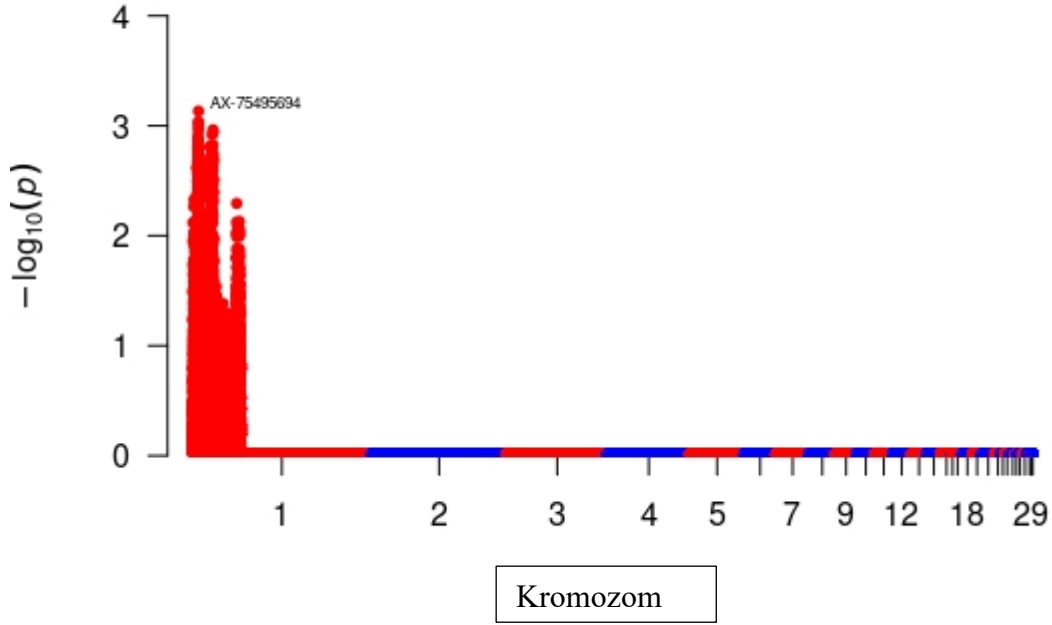
Şekil 4.56. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.0834 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.128. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75495694	6296885	A	G	12.6719	3.7426	0.0007
1	AX-75494415	6235923	T	C	12.52121	3.7690	0.0009
1	AX-75493772	6204729	T	C	12.50221	3.7678	0.0009
1	AX-75492295	6133149	T	C	12.33927	3.7448	0.0010
1	AX-75494561	6242497	A	G	11.96354	3.6523	0.0010
1	AX-75408316	22194744	G	A	-16.2076	4.9485	0.0010
1	AX-75409035	22543200	A	G	32.14224	9.8533	0.0011
1	AX-75406455	21281233	T	C	26.95222	8.3049	0.0012
1	AX-75486373	5843463	A	G	12.22533	3.7706	0.0012
1	AX-75478665	5485265	C	T	12.06001	3.7480	0.0013

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



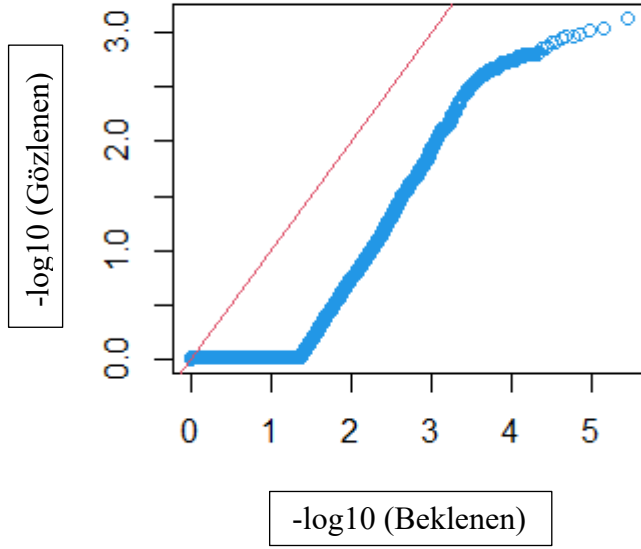
Şekil 4.57. Genomik ilişki yapılan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ile LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75495694 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.129. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılarak akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Kr m	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Hol m	Hochberg	SidakS	BH
AX-80880421	1	6289754	0.0007356127	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-75494359	1	6232569	0.0009238557	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-80898199	1	6203370	0.0009368987	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-75492223	1	6129649	0.001016683	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-75494503	1	6240163	0.001088763	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-80984197	1	22191580	0.001088811	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-80766881	1	22538878	0.001141345	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-75406454	1	21280920	0.001209932	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-75486287	1	5839229	0.001222871	1	1	0.9998	1	0.9764
AX-75478651	1	5484810	0.0013	1	1	0.9998	1	0.9764

Çizelge 4.129’da görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen genomik ilişki matrisi ve LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



Şekil 4.58. Genomik ilişki yapılan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.0020 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir

4.6. Genomik ilişki matrisi yapılmayan temel bileşen analiz sonuçları

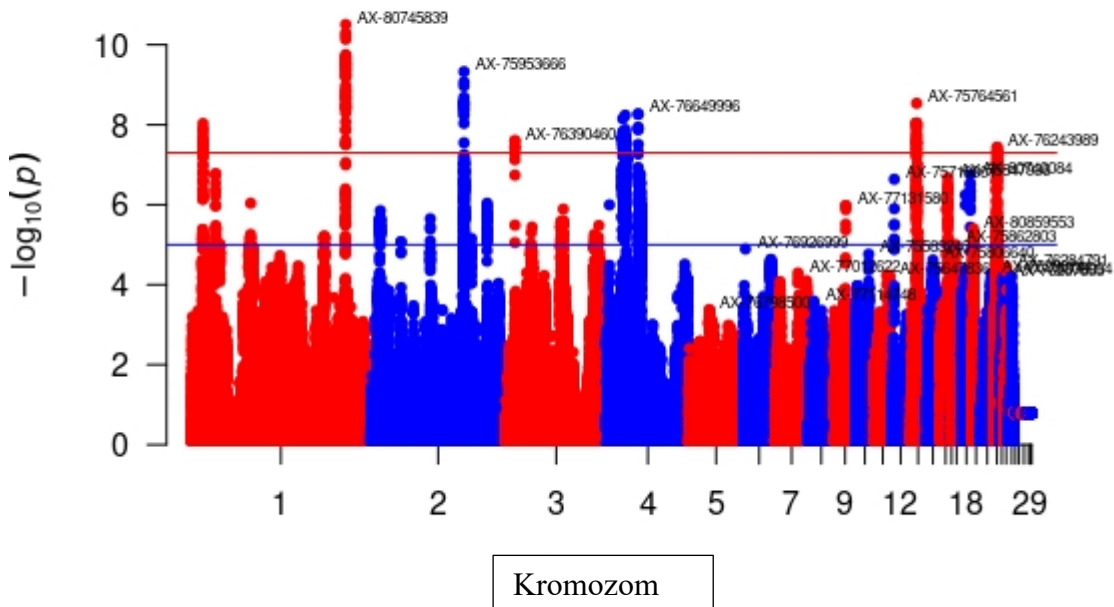
Ham veri seti temel bileşenler analiziyle zaman aralığı bakımından 3'e ayrılmıştır. Oluşturulan yeni veri setlerinden akrabalık derecesine göre (katsayı 0.1 için 1063 tavuk 294702 SNP; katsayı 0.2 için 1063 tavuk 294699 SNP; 0.3 için 1063 tavuk 294705 SNP; 0.4 için 1063 tavuk 294700 SNP; 0.5 için 1063 tavuk 294697 SNP; 0.6 için 1063 tavuk 294692 SNP) 6 alt tabaka elde edilmiştir ve analizlerde kullanılmıştır.

4.6.1. Temel bileşen 1. tabakaya yapılan analizler

Çizelge 4.130. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80745839	168720658	T	A	-50.64414	7.544975	3.11e-11
1	AX-80826503	168719617	A	T	-50.03979	7.537521	5.03e-11
1	AX-75334594	168789601	T	C	-49.84173	7.536793	5.95e-11
1	AX-75334447	168724175	A	G	-49.62363	7.539449	7.28e-11
1	AX-75334461	168728872	T	G	-48.26652	7.490239	1.76e-10
1	AX-75334634	168803610	G	A	-48.27182	7.509515	1.941e-10
1	AX-75334456	168726139	C	T	-48.18225	7.507947	2.081e-10
1	AX-77278641	168773105	C	T	-48.28652	7.525314	2.09e-10
1	AX-75334450	168724934	T	C	-48.22491	7.525222	2.20e-10
1	AX-75334459	168727527	T	C	-48.10412	7.515769	2.32e-10

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1'de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



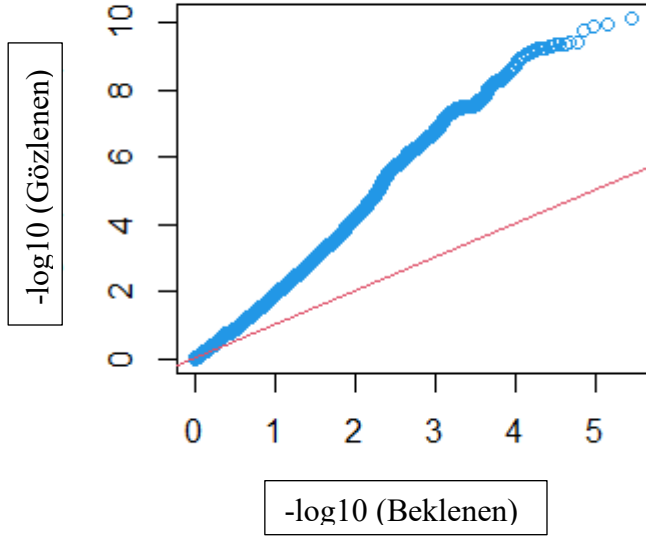
Şekil 4.59. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-80745839 SNPden güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.131. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

SNP	Krm	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75334594	168789601	1,20E-01	0.0355	0.0355	0.0355	0.0348	0.0106
1	AX-80745839	168720658	1,37E-01	0.0404	0.0404	0.0404	0.0396	0.0106
1	AX-80826503	168719617	2,21E-01	0.0651	0.0651	0.0651	0.0630	0.0106
1	AX-75334447	168724175	2,42E-01	0.0714	0.0714	0.0714	0.0689	0.0106
1	AX-75334770	168865470	2,59E-01	0.0762	0.0762	0.0762	0.0734	0.0106
1	AX-77278641	168773105	3,17E-01	0.0935	0.0935	0.0935	0.0892	0.0106
1	AX-75334580	168783285	3,34E-01	0.0984	0.0984	0.0984	0.0937	0.0106
1	AX-75334583	168784829	3,41E-01	0.1004	0.1004	0.1004	0.0955	0.0106
1	AX-75334507	168746789	3,70E-01	0.1089	0.1089	0.1089	0.1031	0.0106
1	AX-75334835	168889414	3,83E-01	0.1129	0.1129	0.1129	0.1068	0.0106

Çizelge 4.131’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. En güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



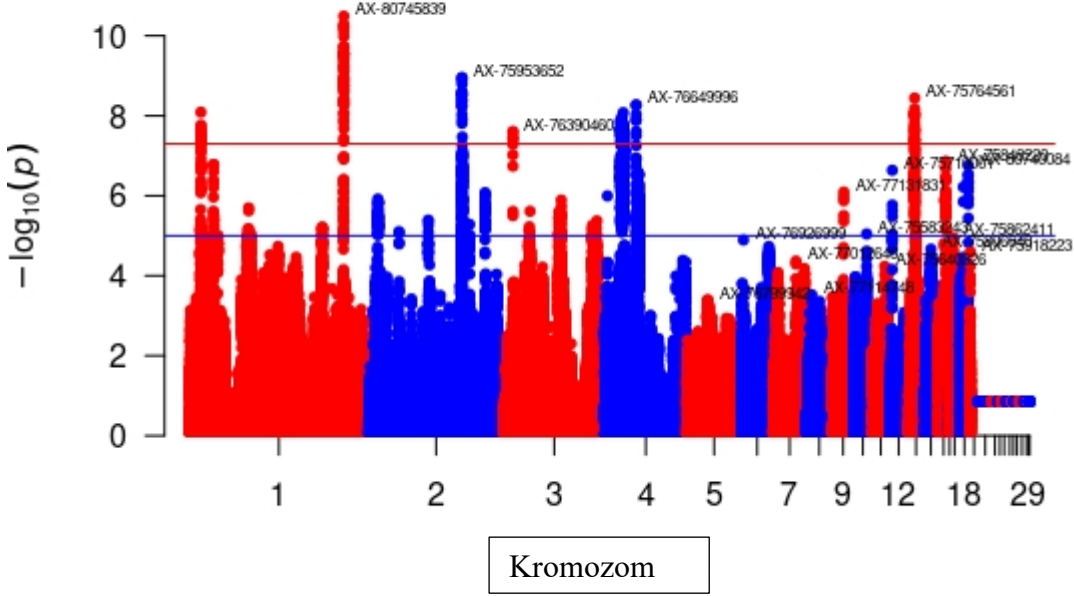
Şekil 4.60. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 2.6316 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.132. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80745839	168720658	T	A	-50.5660	7.5398	3.23e-11
1	AX-80826503	168719617	A	T	-50.0163	7.5370	5.12e-11
1	AX-75334456	168726139	C	T	-49.5422	7.4924	5.98e-11
1	AX-75334594	168789601	T	C	-49.8286	7.5368	6.023e-11
1	AX-75334447	168724175	A	G	-49.4598	7.5244	7.70e-11
1	AX-75334634	168803610	G	A	-49.0520	7.5154	1.03e-10
1	AX-75334450	168724934	T	C	-48.3832	7.5140	1.81e-10
1	AX-75334459	168727527	T	C	-48.3231	7.5144	1.91e-10
1	AX-75334604	168792881	T	C	-48.2423	7.5204	2.12e-10
1	AX-75334760	168860437	G	A	-47.9717	7.5269	2.75e-10

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



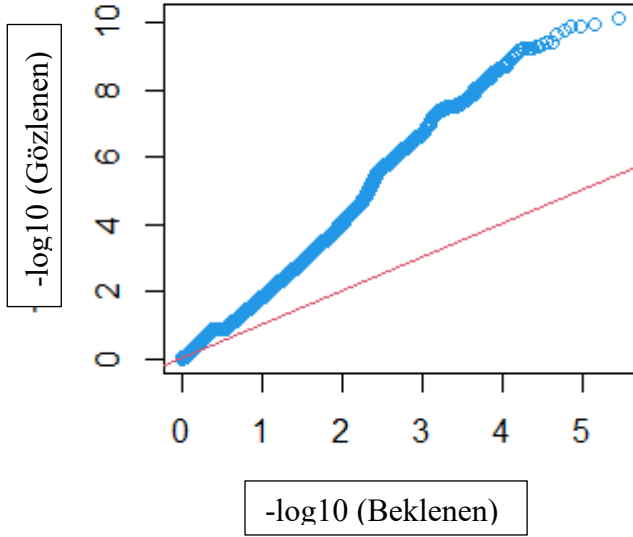
Şekil 4.61. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-80745839 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.133. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Kr m	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
1	AX-80745839	168720658	7,62E-05	2,25E+07	2,25E+07	2,25E+07	2,25E+09	9,98E+04
1	AX-80826503	168719617	1,17E-04	3,44E+06	3,44E+05	3,44E+05	3,44E+09	9,98E+04
1	AX-75334456	168726139	1,35E-04	3,97E+06	3,97E+06	3,97E+06	3,97E+09	9,98E+04
1	AX-75334594	168789601	1,36E-04	3,99E+06	3,99E+06	3,99E+06	3,99E+09	9,98E+04
1	AX-75334447	168724175	1,70E-06	5,02E+04	5,02E+04	5,02E+04	5,02E+08	1,00E+05
1	AX-75334634	168803610	2,25E-04	6,62E+06	6,62E+05	6,62E+05	6,62E+09	1,10E+07
1	AX-75334450	168724934	3,78E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,14E+07
1	AX-75334459	168727527	3,97E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,14E+07
1	AX-75334604	168792881	4,36E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,14E+07
1	AX-75334760	168860437	5,56E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,14E+07

Çizelge 4.133'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Sonuçlar birbirine yakın çıksa da en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



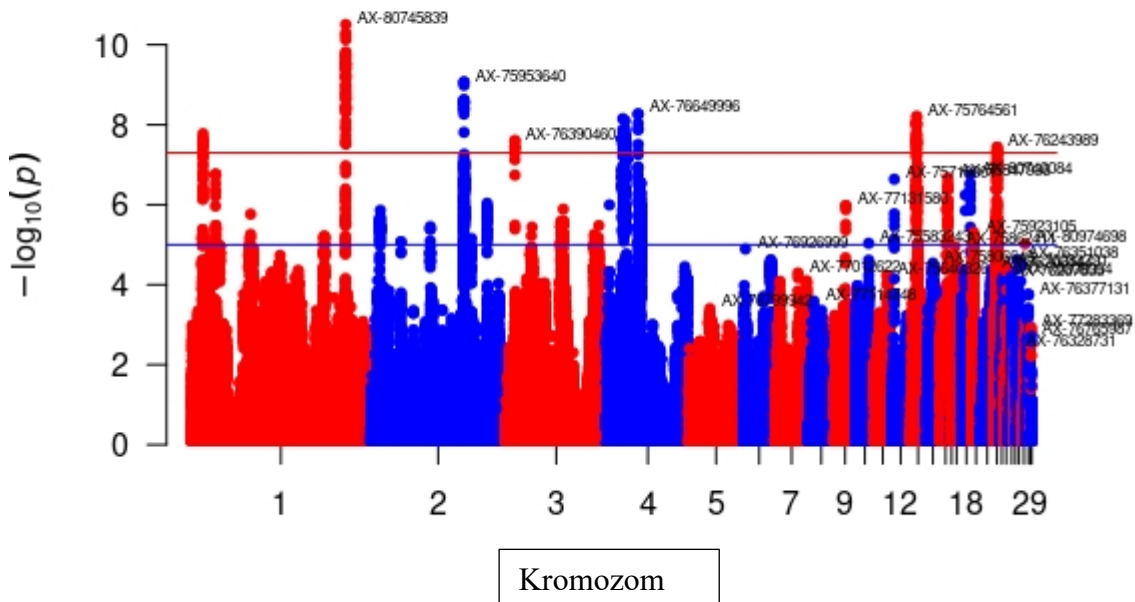
Şekil 4.62. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 3.2520 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.134. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80745839	168720658	T	A	50.6441	7.544975	3.11e-11
1	AX-80826503	168719617	A	T	50.0397	7.537521	5.03e-11
1	AX-75334594	168789601	T	C	49.8417	7.536793	5.95e-11
1	AX-75334447	168724175	A	G	49.5703	7.534859	7.43e-11
1	AX-75334604	168792881	T	C	48.6682	7.52334	1.50e-10
1	AX-75334461	168728872	T	G	48.3400	7.495498	1.70e-10
1	AX-75334433	168719204	C	T	48.7332	7.556827	1.70e-10
1	AX-75334634	168803610	G	A	48.3398	7.514299	1.88e-10
1	AX-75334456	168726139	C	T	48.2576	7.513277	2.01e-10
1	AX-75334450	168724934	T	C	48.1797	7.521011	2.24e-10

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



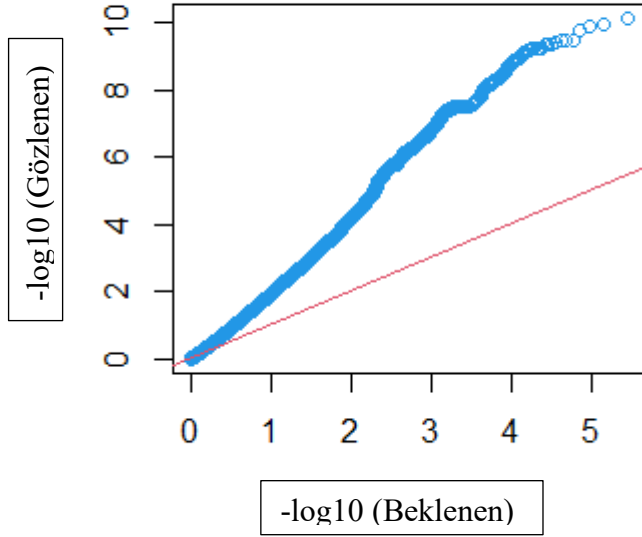
Şekil 4.63. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-80745839 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.135. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Kr m	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
1	AX-80745839	168720658	7,36E-05	2,17E+06	2,17E+06	2,17E+06	2,17E+09	1,07E+09
1	AX-80826503	168719617	1,15E-04	3,39E+06	3,39E+06	3,39E+06	3,39E+09	1,07E+09
1	AX-75334594	168789601	1,34E-04	3,95E+06	3,95E+06	3,95E+06	3,95E+09	1,07E+09
1	AX-75334447	168724175	1,65E-04	4,85E+05	4,85E+06	4,85E+06	4,85E+09	1,07E+09
1	AX-75334620	168798771	3,17E-04	9,33E+06	9,33E+06	9,33E+06	9,33E+09	1,07E+09
1	AX-75334461	168728872	3,56E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,07E+09
1	AX-75334433	168719204	3,57E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,07E+09
1	AX-75334634	168803610	3,91E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,07E+09
1	AX-75334456	168726139	4,15E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,07E+09
1	AX-75334450	168724934	4,59E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,07E+09

Çizelge 4.135'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Sonuçlar birbirine yakın çıksa da en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



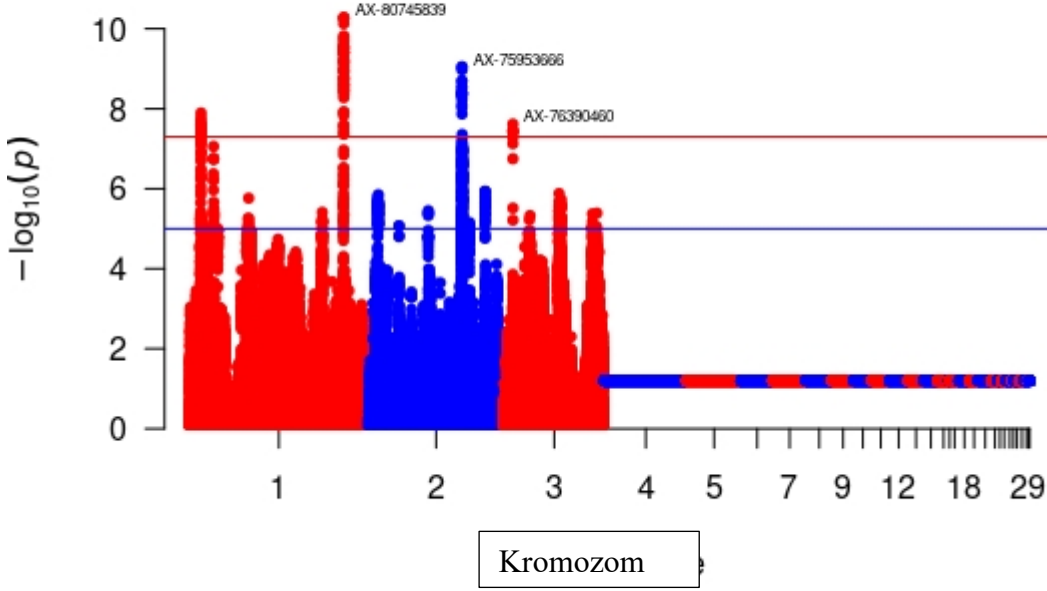
Şekil 4.64. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 2.3704 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.136. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80745839	168720658	T	A	-50.0073	7.5377	5.18e-11
1	AX-80826503	168719617	A	T	-49.8894	7.5273	5.41e-11
1	AX-75334594	168789601	T	C	-49.9108	7.5310	5.42e-11
1	AX-75334447	168724175	A	G	-49.5703	7.5348	7.43e-11
1	AX-75334604	168792881	T	C	-48.6682	7.5234	1.50e-10
1	AX-75334461	168728872	T	G	-48.3823	7.4995	1.68e-10
1	AX-75334634	168803610	G	A	-48.2716	7.5095	1.94e-10
1	AX-75334459	168727527	T	C	-48.1048	7.5157	2.31e-10
1	AX-77278641	168773105	C	T	-48.0286	7.5372	2.77e-10
1	AX-75334450	168724934	T	C	-47.8808	7.5171	2.81e-10

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



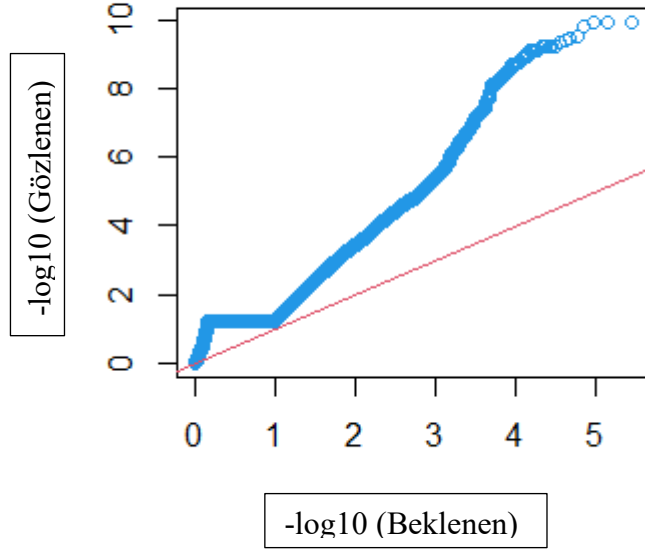
Şekil 4.65. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-80745839 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.137. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Kr m	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
1	AX-80745839	168720658	1,18E-04	3,48E+04	3,48E+04	3,48E+04	3,48E+09	1,21E+09
1	AX-80826503	168719617	1,23E-05	3,62E+03	3,62E+05	3,62E+05	3,62E+09	1,21E+09
1	AX-75334594	168789601	1,23E-04	3,63E+04	3,63E+06	3,63E+06	3,63E+09	1,21E+09
1	AX-75334447	168724175	1,65E-04	4,85E+04	4,85E+06	4,85E+06	4,85E+09	1,21E+04
1	AX-75334604	168792881	3,17E-04	9,33E+04	9,33E+04	9,33E+04	9,33E+09	1,23E+09
1	AX-75334461	168728872	3,51E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,23E+09
1	AX-75334634	168803610	4,03E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,23E+09
1	AX-75334459	168727527	4,74E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,23E+09
1	AX-77278641	168773105	5,60E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,23E+09
1	AX-75334450	168724934	5,68E-04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,23E+09

Çizelge 4.137’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Sonuçlar birbirine yakın çıksa da en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



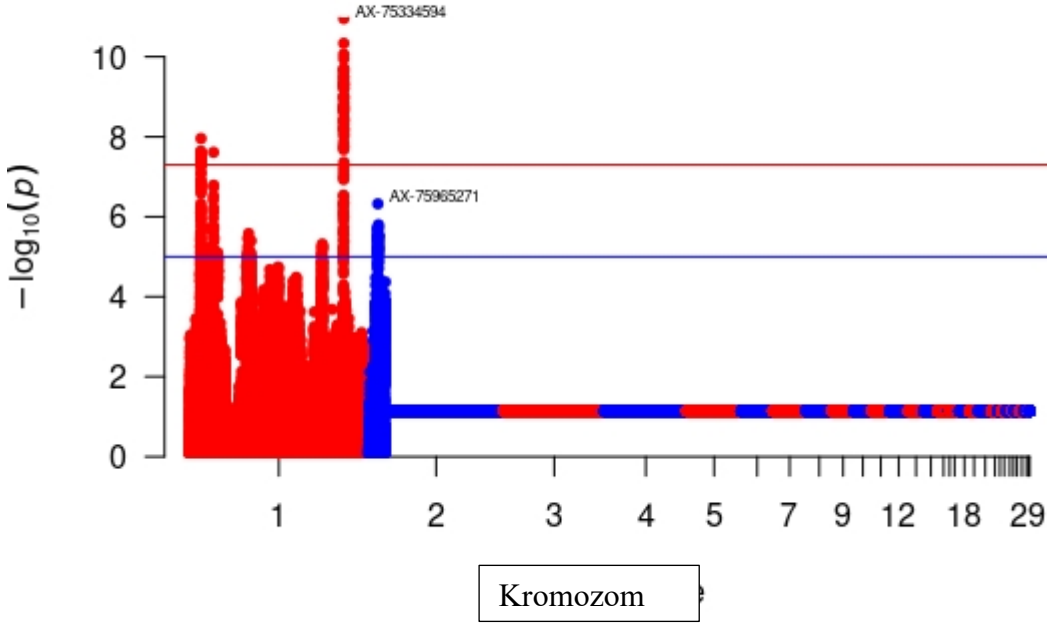
Şekil 4.66. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 7.574469 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.138. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75334594	168789601	T	C	-51.51037	7.5002	1.10e-11
1	AX-80745839	168720658	T	A	-50.03561	7.5208	4.59e-11
1	AX-80826503	168719617	A	T	-49.25902	7.5139	8.63e-11
1	AX-75334447	168724175	A	G	-48.9933	7.5218	1.13e-10
1	AX-75334634	168803610	G	A	-48.1873	7.4950	1.93e-10
1	AX-75334617	168797175	T	C	-48.20107	7.5099	2.07e-10
1	AX-77278641	168773105	C	T	-48.20153	7.5202	2.19e-10
1	AX-75334459	168727527	T	C	-47.90029	7.4935	2.44e-10
1	AX-75334456	168726139	C	T	-47.66174	7.4982	3.06e-10
1	AX-75334756	168858505	C	T	-47.4292	7.4674	3.15e-10

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



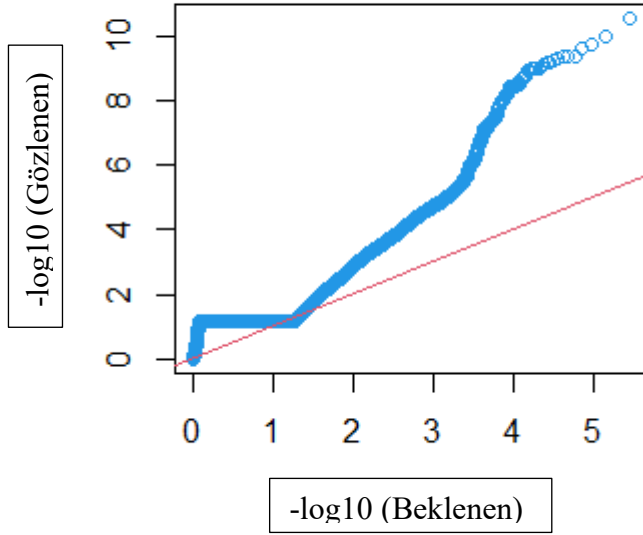
Şekil 4.67. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75334594 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.139. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Kr m	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferro ni	Holm	Hochber g	SidakSS	BH
1	AX- 7533458 9	16878748 3	2,84E- 05	8,36E+05	8,36E+0 5	8,36E+05	8,36E+0 8	8,36E+0 5
1	AX- 8074583 9	16872065 8	1,05E- 04	3,11E+06	3,11E+0 6	3,11E+06	3,11E+0 9	1,55E+0 7
1	AX- 8082650 3	16871961 7	1,89E- 04	5,57E+06	5,57E+0 6	5,57E+06	5,57E+0 9	1,76E+0 9
1	AX- 7533444 7	16872417 5	2,43E- 04	7,17E+06	7,17E+0 6	7,17E+06	7,17E+0 9	1,76E+0 9
1	AX- 7533463 4	16880361 0	4,00E- 04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,76E+0 9
1	AX- 7533461 7	16879717 5	4,27E- 04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,76E+0 9
1	AX- 7727864 1	16877310 5	4,49E- 04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,76E+0 9
1	AX- 7533445 9	16872752 7	4,98E- 04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,76E+0 9
1	AX- 7533445 6	16872613 9	6,14E- 04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,76E+0 9
1	AX- 7533475 6	16885850 5	6,31E- 04	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1,76E+0 9

Çizelge 4.139’da görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Sonuçlar birbirine yakın çıksa da en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



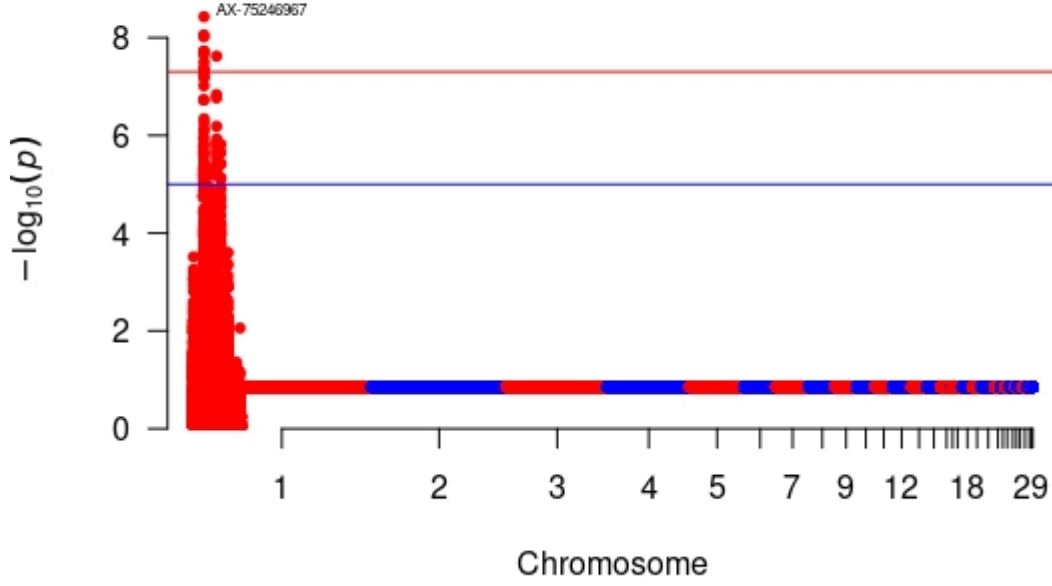
Şekil 4.68. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 7.122051 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.140. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75246967	12352218	T	C	42.80413	7.198733	3.72e-09
1	AX-75242383	12116283	A	G	41.90251	7.225741	8.79e-09
1	AX-75243820	12187865	G	A	41.90403	7.244459	9.57e-09
1	AX-75242470	12119991	T	C	41.43213	7.314073	1.89e-08
1	AX-75246900	12349020	T	C	40.73082	7.190291	1.89e-08
1	AX-80955092	12134852	A	T	40.84651	7.245813	2.21e-08
1	AX-75415842	26083776	G	T	70.22262	12.4856	2.38e-08
1	AX-80821262	12357177	C	G	40.2836	7.228001	3.16e-08
1	AX-75245546	12272435	A	G	39.57171	7.16549	4.20e-08
1	AX-75242338	12114505	A	G	39.90778	7.249942	4.64e-08

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



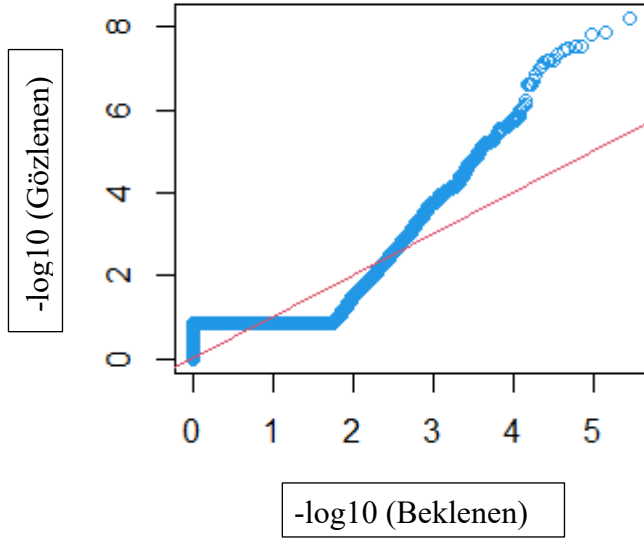
Şekil 4.69. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75246967 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.141. TBA1 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75246967	12352218	6,36E-03	0.0018	0.0018	0.0018	0.0018	0.0015
1	AX-75242383	12116283	1,43E-02	0.0042	0.0042	0.0042	0.0041	0.0015
1	AX-75243820	12187865	1,55E-02	0.0045	0.0045	0.0045	0.0045	0.0015
1	AX-75242470	12119991	2,95E-02	0.0086	0.0086	0.0086	0.0086	0.0015
1	AX-75246900	12349020	2,95E-02	0.0086	0.0086	0.0086	0.0086	0.0015
1	AX-80955092	12134852	3,41E-02	0.0100	0.0100	0.0100	0.0100	0.0015
1	AX-75415842	26083776	3,66E-02	0.0107	0.0107	0.0107	0.0107	0.0015
1	AX-80821262	12357177	4,79E-02	0.0141	0.0141	0.0141	0.0140	0.0017
1	AX-75245546	12272435	6,26E-02	0.0184	0.0184	0.0184	0.0184	0.0018
1	AX-75242338	12114505	6,88E-02	0.0202	0.0202	0.0202	0.0202	0.0018

Çizelge 4.141’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Sonuçlar birbirine yakın çıksa da en güçlü sinyaller Benjamin-Hochberg düzeltmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu sonuç da %2 önem seviyesinde anlamlıdır.



Şekil 4.70. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 1. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

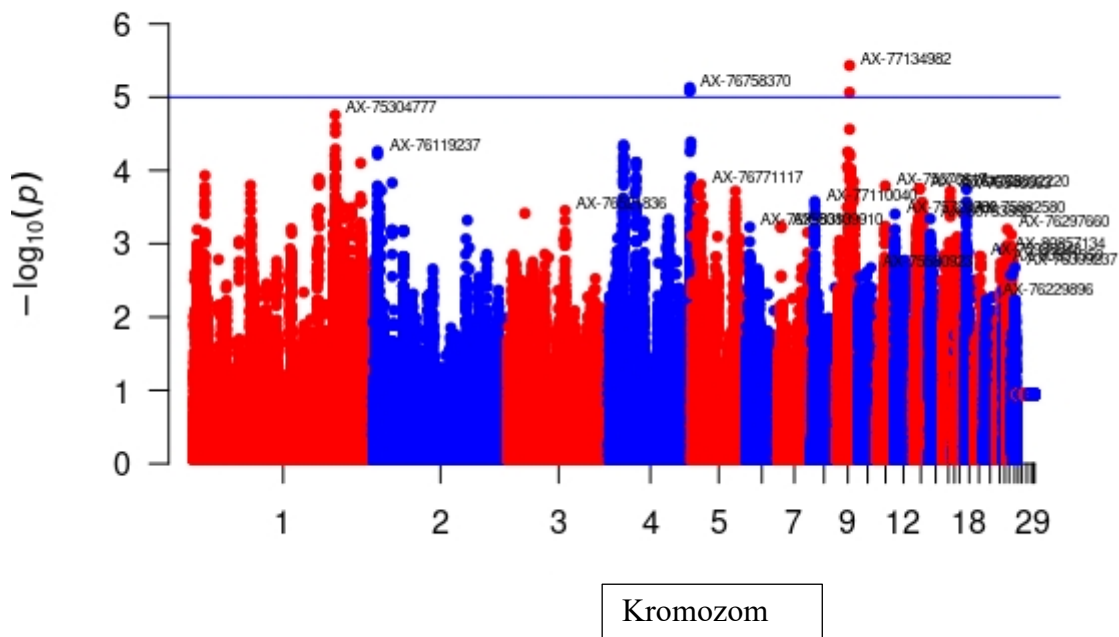
Lamda inflasyon faktörü 4.791777 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

4.6.2. Temel bileşen 2. tabakaya yapılan analizler

Çizelge 4.142. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
9	AX-77134982	13622926	C	T	-17.0847	3.6726	3.70e-06
4	AX-76758370	88284554	C	T	-39.6261	8.7981	7.40e-06
4	AX-76758341	88272472	G	A	-39.2379	8.7543	8.19e-06
4	AX-76758355	88277168	G	T	-39.2379	8.7543	8.19e-06
9	AX-77134941	13608962	A	G	-16.4160	3.6718	8.63e-06
1	AX-75304777	154620273	T	C	-23.5854	5.4678	1.75e-05
1	AX-75305561	154972596	G	A	-17.8093	4.2042	2.47e-05
9	AX-77134950	13612759	G	A	-16.5472	3.9284	2.74e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-18.3643	4.3866	3.06e-05
4	AX-76761000	89470302	T	C	19.3688	4.7010	4.081e-05

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 9, 4 ve 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



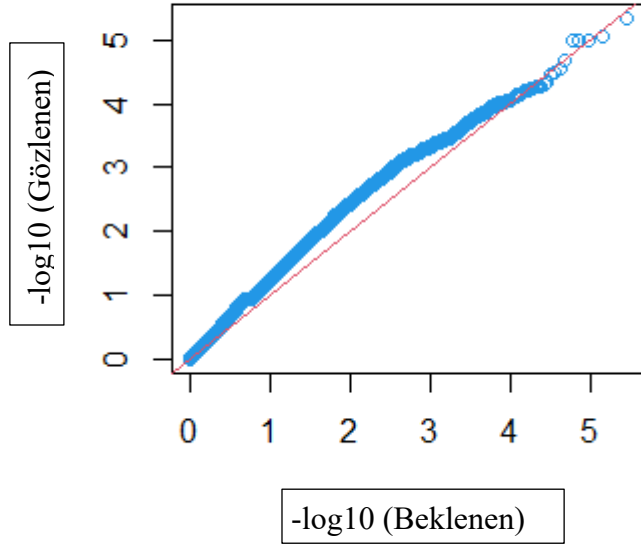
Şekil 4.71. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 9, 4 ve 1’den güçlü sinyal alındığı görülmektedir

Çizelge 4.143. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
9	AX-77135008	13631075	4,53E+00	1	1	0.9999	0.7366	0.3429
4	AX-80904662	88297338	8,83E-01	1	1	0.9999	0.9260	0.3429
4	AX-76758378	88287996	9,74E+00	1	1	0.9999	0.9432	0.3429
4	AX-76758379	88288771	9,74E+00	1	1	0.9999	0.9432	0.3429
1	AX-77134940	154972587	1,02E+01	1	1	0.9999	0.9510	0.3429
1	AX-75304777	154620273	2,04E+01	1	1	0.9999	0.9975	0.3429
1	AX-75305561	154972596	2,84E+01	1	1	0.9999	0.9997	0.3429
9	AX-77134945	13610011	3,14E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3429
1	AX-75305437	154917304	3,50E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3429
4	AX-76761000	89470302	4,61E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3429

Çizelge 4.453'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



Şekil 4.72. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 1.4662 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.144. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

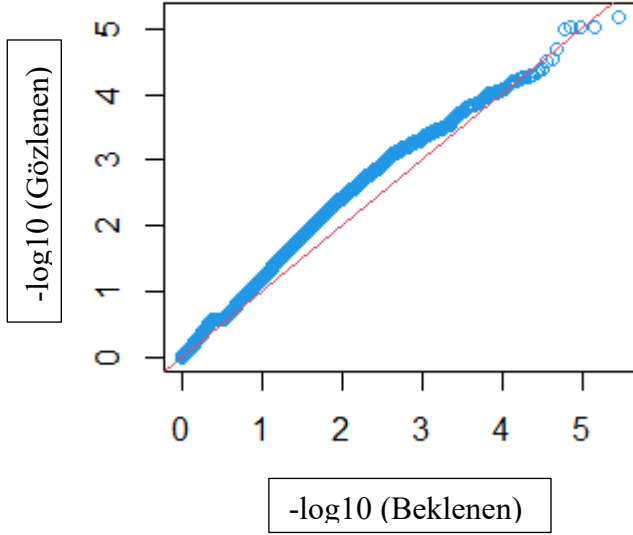
Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
9	AX-77134982	13622926	C	T	-16.7777	3.6740	5.53e-06
4	AX-76758341	88272472	G	A	-39.2379	8.7543	8.19e-06
4	AX-76758355	88277168	G	T	-39.2379	8.7543	8.19e-06
4	AX-76758370	88284554	C	T	-39.2379	8.7543	8.19e-06
9	AX-77134941	13608962	A	G	-16.4160	3.6718	8.63e-06
1	AX-75304777	154620273	T	C	-23.5854	5.4678	1.75e-05
1	AX-75305561	154972596	G	A	-17.8220	4.2060	2.45e-05
9	AX-77134950	13612759	G	A	-16.5472	3.9284	2.74e-05
4	AX-76614565	15824505	T	C	-19.3521	4.6594	3.53e-05
4	AX-76761000	89470302	T	C	19.3904	4.7035	4.04e-05

Akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 9, 4 ve 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.

Çizelge 4.145. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.2 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
9	AX-77134952	13613215	6,67E+00	1	1	0.9999	0.8599	0.3492
4	AX-76758336	88267177	9,74E+00	1	1	0.9999	0.9432	0.3492
4	AX-76758338	88269950	9,74E+00	1	1	0.9999	0.9432	0.3492
4	AX-76758344	88274011	9,74E+00	1	1	0.9999	0.9432	0.3492
9	AX-77134924	13604102	1,02E+01	1	1	0.9999	0.9510	0.3492
1	AX-75304777	154620273	2,04E+01	1	1	0.9999	0.9975	0.3492
1	AX-75305561	154972596	2,82E+01	1	1	0.9999	0.9997	0.3492
9	AX-77134940	13608015	3,14E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3492
4	AX-76614537	15805345	4,02E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3492
4	AX-76760986	89465076	4,57E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.3492

Çizelge 4.145'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



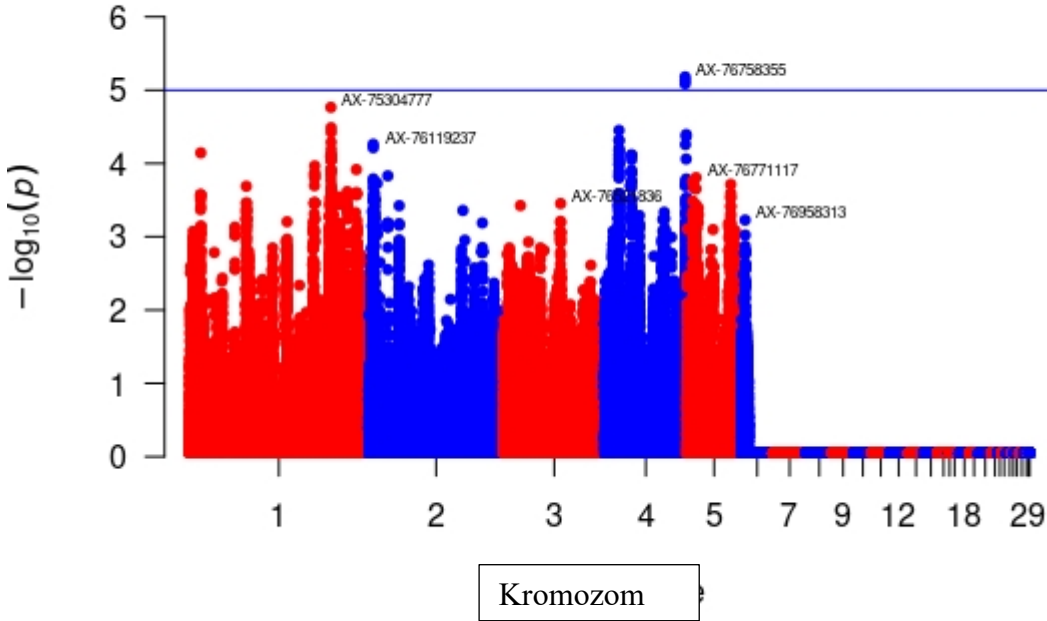
Şekil 4.74. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.2 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 1.8104 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.146. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
4	AX-76758355	88277168	G	T	-40.04541	8.8425	6.60e-06
4	AX-76758370	88284554	C	T	-39.62574	8.7981	7.41e-06
4	AX-76758341	88272472	G	A	-39.23796	8.7543	8.19e-06
1	AX-75304777	154620273	T	C	-23.64649	5.4755	1.71e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-18.32002	4.3901	3.25e-05
4	AX-76614529	15799826	C	T	-19.35217	4.6594	3.53e-05
1	AX-75305561	154972596	G	A	-17.46821	4.2204	3.76e-05
4	AX-76761000	89470302	T	C	19.39124	4.7035	4.03e-05
4	AX-76760956	89452680	A	G	19.25933	4.6875	4.28e-05
4	AX-76614408	15726310	A	C	-19.01363	4.6579	4.80e-05

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 4 ve 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



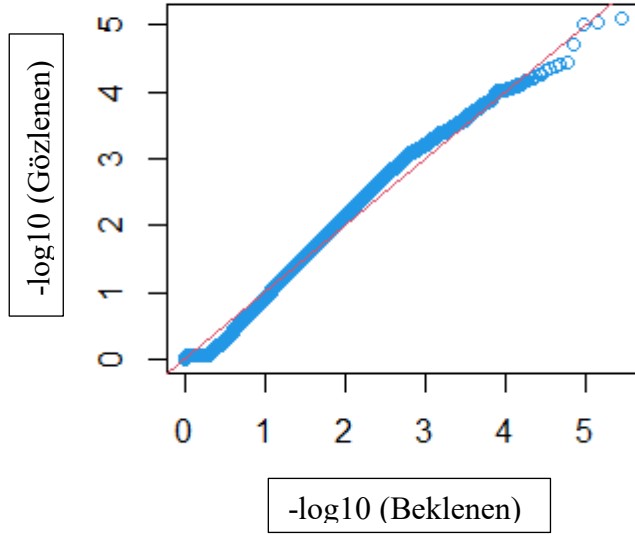
Şekil 4.75. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 4’de SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.147. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
4	AX-80937648	88252466	7,91E+00	1	1	0.9999	0.9027	0.5331
4	AX-76758327	88261502	8,84E+00	1	1	0.9999	0.9260	0.5331
4	AX-76758295	88247890	9,74E+00	1	1	0.9999	0.9432	0.5331
1	AX-75304777	154620273	1,99E+01	1	1	0.9999	0.9971	0.5331
1	AX-75305437	154917304	3,70E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.5331
4	AX-76614416	15732116	4,02E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.5331
1	AX-75305561	154972596	4,26E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.5331
4	AX-80898254	89442951	4,56E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.5331
4	AX-76760893	89424943	4,84E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.5331
4	AX-76614349	15690912	5,40E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.5331

Çizelge 4.147’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



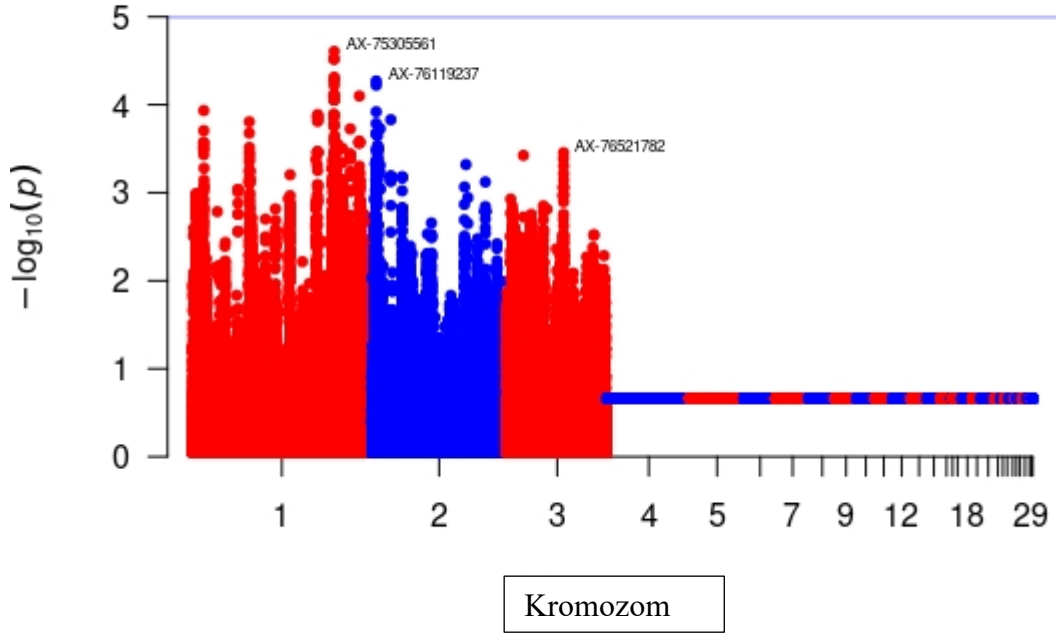
Şekil 4.76. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.0622 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.148. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75305561	154972596	G	A	-17.8139	4.20518	2.47e-05
1	AX-75304777	154620273	T	C	-22.9716	5.4782	2.97e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-18.3779	4.38823	3.04e-05
1	AX-75305524	154957345	G	A	-17.8740	4.3816	4.85e-05
1	AX-75305461	154927189	A	G	-17.8986	4.4002	5.10e-05
2	AX-76119237	5733107	T	C	-22.5736	5.5662	5.36e-05
1	AX-75305392	154893733	A	G	-17.8781	4.4091	5.38e-05
2	AX-76119572	5751065	G	A	-22.2908	5.5320	5.99e-05
1	AX-75305536	154964504	A	G	-17.6436	4.3809	6.04e-05
1	AX-75305463	154927511	G	A	-17.5832	4.4258	7.58e-05

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 2’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



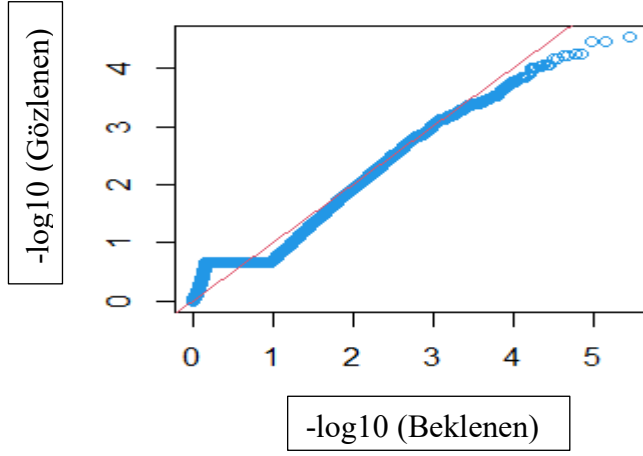
Şekil 4.77. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNP'nin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 2'de sinyal görölse de güçlü değildir.

Çizelge 4.149. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75305561	154972596	2,83E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
1	AX-75304777	154620273	3,40E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
1	AX-75305437	154917304	3,47E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
1	AX-75305524	154957345	5,46E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
1	AX-75305519	154955724	5,73E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
2	AX-76119237	5733107	6,02E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
1	AX-75305392	154893733	6,04E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
2	AX-76119572	5751065	6,70E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
1	AX-75305536	154964504	6,75E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3135
1	AX-75305463	154927511	8,42E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3135

Çizelge 4.149’da görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



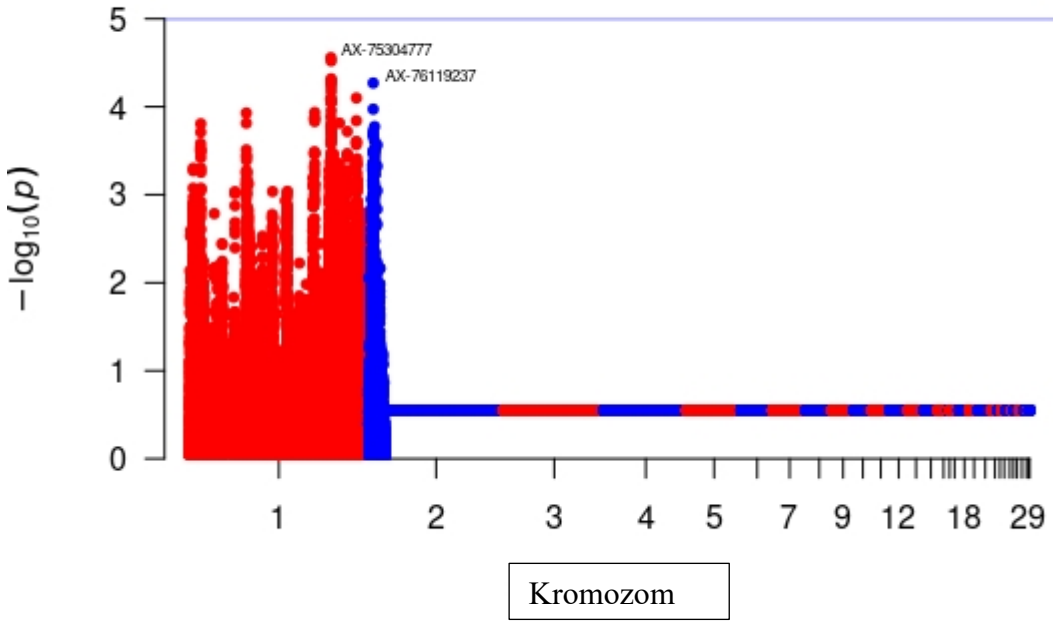
Şekil 4.78. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 3.3307 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.150. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75304777	154620273	T	C	-23.1646	5.501441	2.76e-05
1	AX-75305437	154917304	G	T	-18.4101	4.3931	3.01e-05
1	AX-75305524	154957345	G	A	-17.89803	4.3849	4.80e-05
1	AX-75305461	154927189	A	G	-17.8986	4.4007	5.10e-05
1	AX-75304838	154644841	C	T	21.1743	5.2089	5.15e-05
1	AX-75305392	154893733	A	G	-17.8905	4.4109	5.35e-05
2	AX-76119237	5733107	T	C	-22.5736	5.5662	5.36e-05
1	AX-75305536	154964504	A	G	-17.6954	4.3874	5.89e-05
1	AX-75305561	154972596	G	A	-16.9031	4.2225	6.687e-05
1	AX-80744771	182549711	T	A	25.8129	6.5159	7.94e-05

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 2'de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



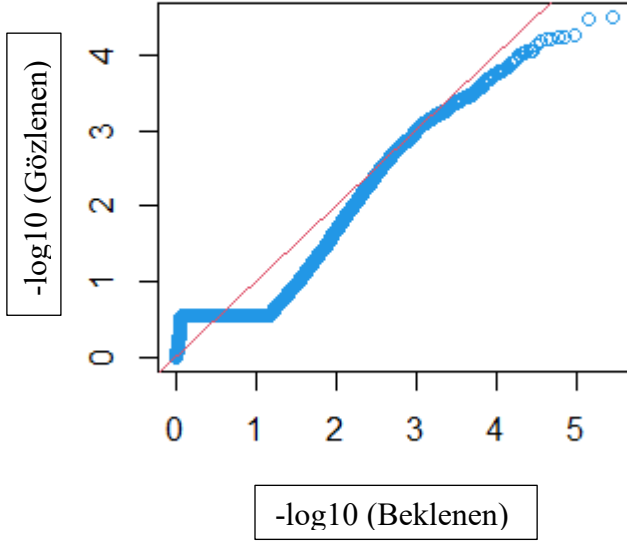
Şekil 4.79. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 2’de sinyal görölse de güçlü değildir.

Çizelge 4.151. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75304763	154614048	3,16E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-75305424	154908847	3,43E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-75305515	154954497	5,41E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-75305436	154915434	5,73E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-75304818	154636695	5,79E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-75305360	154879301	6,01E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
2	AX-76118721	5705523	6,02E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-75305522	154956391	6,60E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-80969648	154957815	7,45E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270
1	AX-75367700	182542430	8,82E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.3270

Çizelge 4.151’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



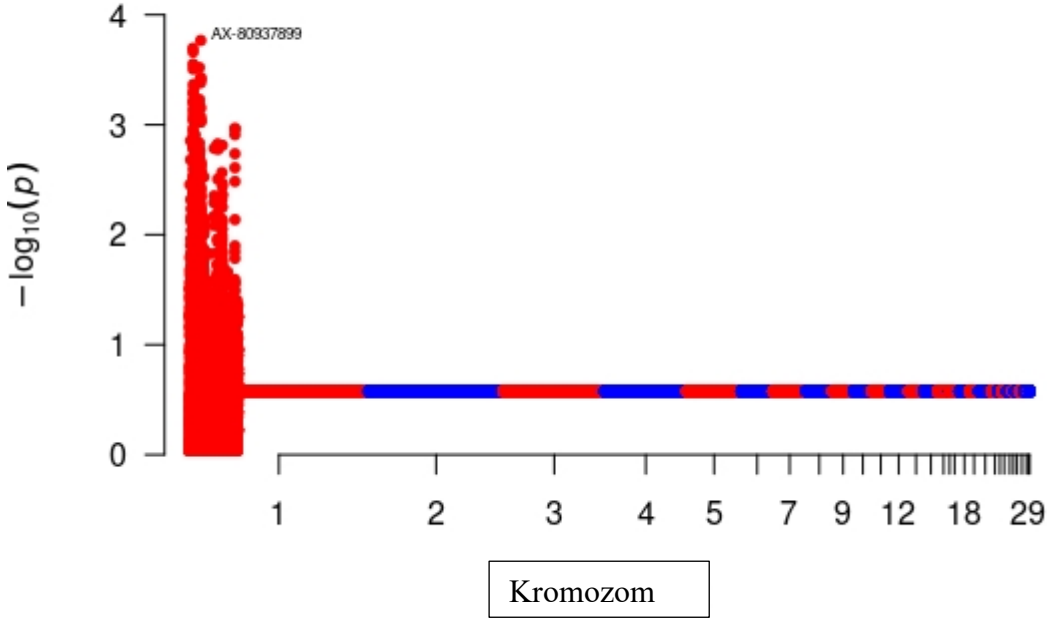
Şekil 4.80. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 2.5454 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.152. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80937899	12071677	C	G	-18.0982	4.7982	0.0001
1	AX-80900532	3503644	A	T	20.9723	5.6226	0.0002
1	AX-75438229	3703392	T	C	22.4657	6.0543	0.0002
1	AX-75436859	3638712	T	C	14.3320	3.9322	0.0002
1	AX-75207841	10498130	C	T	13.9079	3.8359	0.0003
1	AX-75439362	3758379	T	C	21.1915	5.8583	0.0003
1	AX-75241281	12066380	T	G	-17.8672	5.0039	0.0003
1	AX-75233402	11699134	A	G	-17.2770	4.8477	0.0003
1	AX-75237587	11893408	G	A	-17.2258	4.8404	0.0003
1	AX-75237185	11874369	C	A	-17.0565	4.8158	0.0004

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



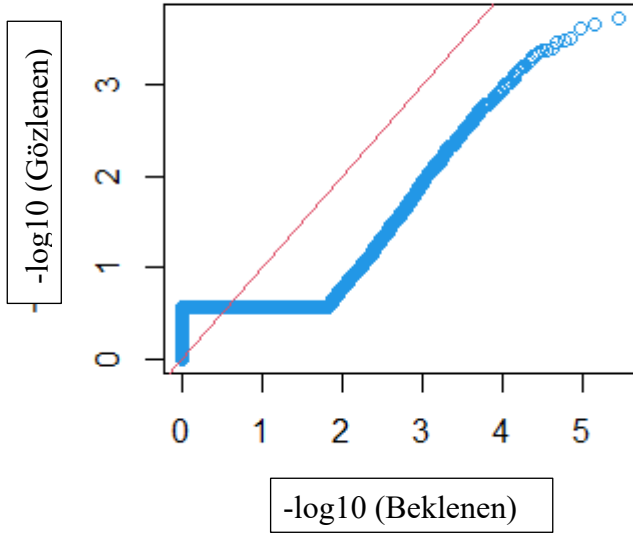
Şekil 4.81. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-80937899 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.153. TBA2 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75241356	12069957	0.0001	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75433657	3498299	0.0002	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75438229	3703392	0.0002	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75436859	3638712	0.0003	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75207835	10497844	0.0003	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75439362	3758379	0.0003	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75241227	12064129	0.0003	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75233350	11696554	0.0004	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75237475	11888758	0.0004	1	1	0.9999	1	0.2733
1	AX-75237170	11873710	0.0004	1	1	0.9999	1	0.2733

Çizelge 4.153’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



Şekil 4.82. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 2. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

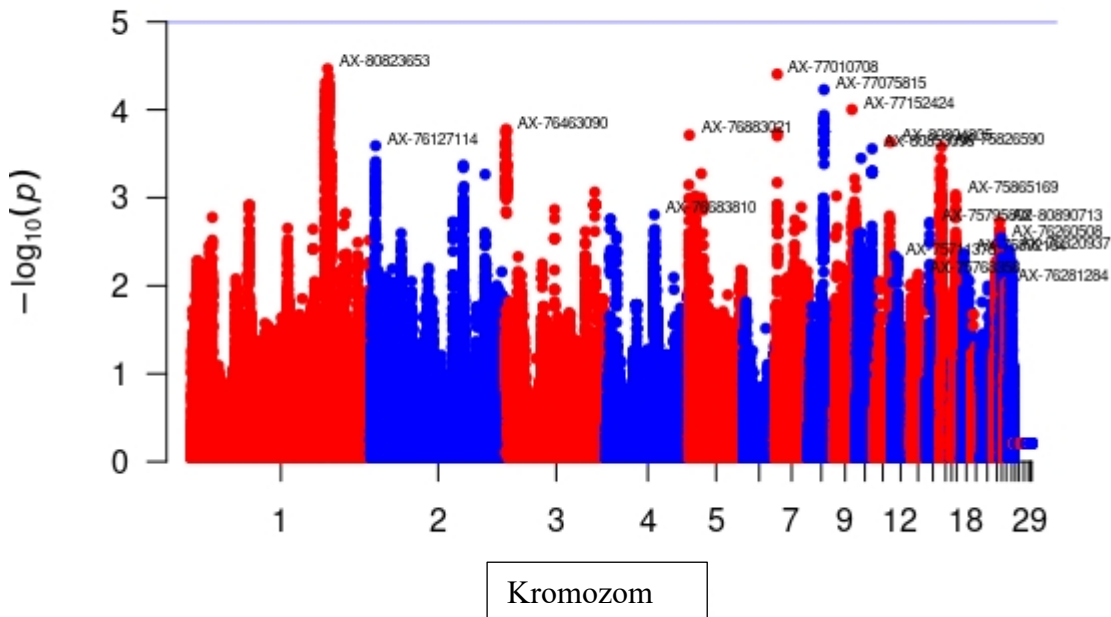
Lamda inflasyon faktörü 2.7305 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

4.6.3. Temel bileşen 3. tabakaya yapılan analizler

Çizelge 4.154. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-80823653	148858462	G	C	-12.8411	3.08588	3.42e-05
7	AX-77010708	2388741	C	T	-30.9012	7.484611	3.93e-05
1	AX-75295583	150263314	G	A	-12.5944	3.06092	4.17e-05
1	AX-80823823	146471521	A	T	-12.5681	3.083392	4.92e-05
1	AX-75295142	150027210	C	T	-12.4698	3.063642	5.04e-05
1	AX-75295128	150020388	C	A	-12.4693	3.063644	5.04e-05
1	AX-75295577	150256828	G	A	-12.4455	3.063263	5.203e-05
1	AX-75295031	149973822	A	G	-12.4021	3.056677	5.32e-05
1	AX-80751867	150146456	T	A	-12.3473	3.05195	5.59e-05
1	AX-75289354	146846567	C	T	-12.4805	3.08568	5.61e-05

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1 ve 7’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



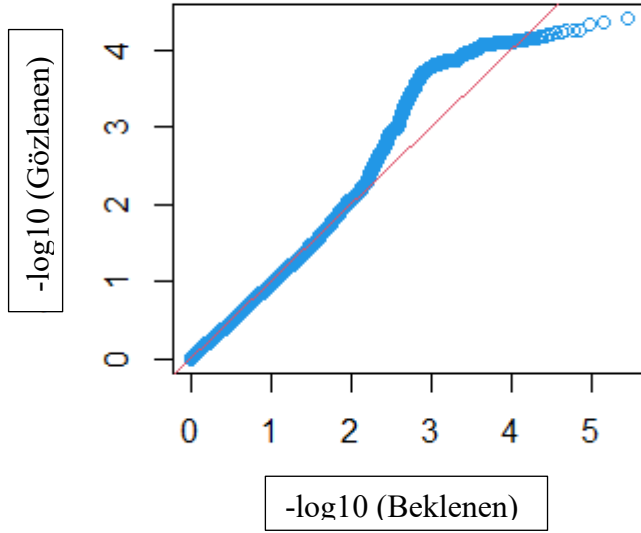
Şekil 4.83. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.155. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-80823653	148858462	3,89E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
7	AX-77010708	2388741	4,45E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-75295583	150263314	4,72E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-80823823	146471521	5,53E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-75295142	150027210	5,67E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-75295128	150020388	5,67E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-75295577	294702	5,84E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-75295031	149973822	5,97E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-80751867	150146456	6,27E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528
1	AX-75289354	146846567	6,29E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1528

Çizelge 4.155'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



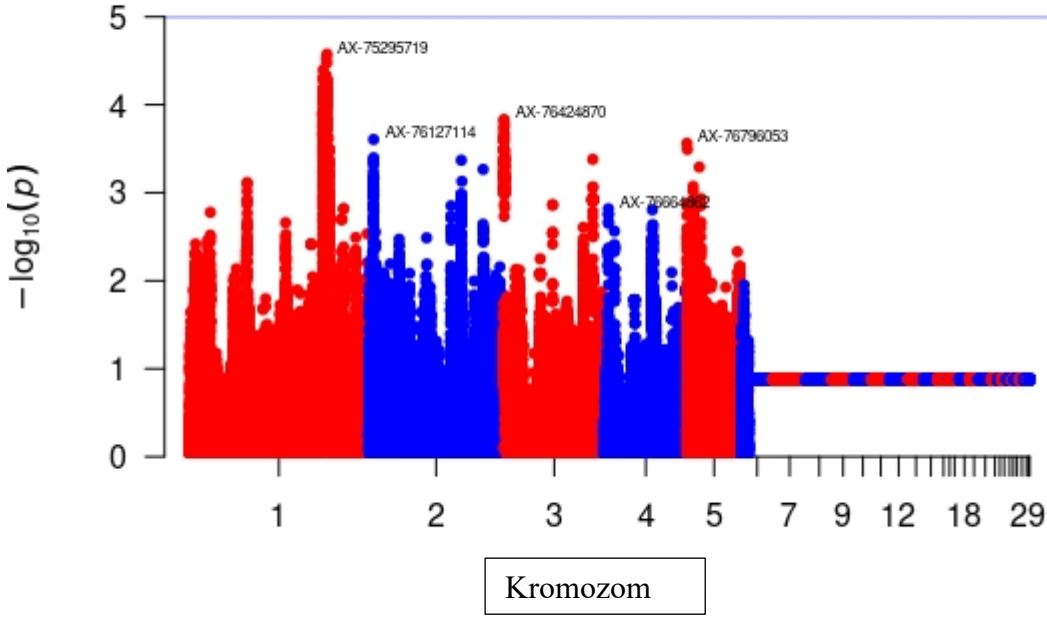
Şekil 4.84. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.1 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.91714 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmemektedir.

Çizelge 4.156. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75295719	150341799	G	T	-12.9247	3.0632	2.65e-05
1	AX-75294556	149712930	C	T	-12.7948	3.0510	2.97e-05
1	AX-75295509	150218317	G	A	-12.7798	3.0667	3.33e-05
1	AX-75287929	146193603	G	T	-12.7003	3.0798	4.01e-05
1	AX-75293494	149120743	T	G	-12.6911	3.1022	4.62e-05
1	AX-75293554	149153785	G	A	-12.5925	3.0858	4.82e-05
1	AX-80886102	148618332	T	A	-12.6314	3.0964	4.85e-05
1	AX-75287197	145854797	A	C	-12.7718	3.1337	4.93e-05
1	AX-80753166	149898257	C	G	-12.5094	3.0699	4.947e-05
1	AX-75295577	150256828	G	A	-12.4282	3.0615	5.28e-05

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



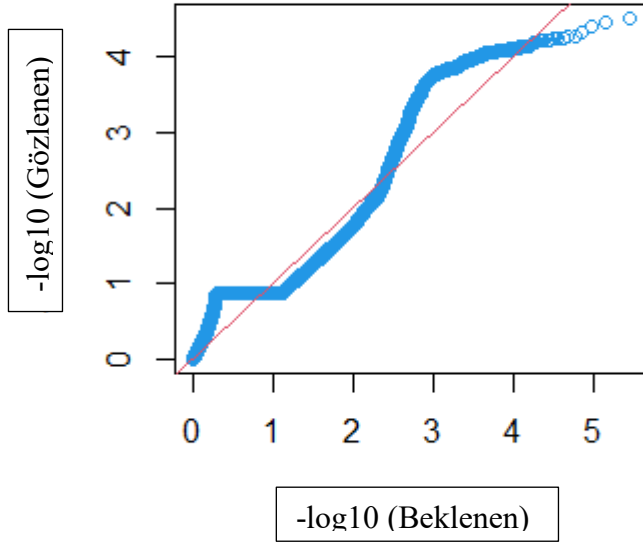
Şekil 4.85. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75295719 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.157. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.3 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75295719	150341799	3,04E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-75294556	149712930	3,39E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-75295509	150218317	3,79E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-75287929	146193603	4,54E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-75293494	149120743	5,20E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-75293554	149153785	5,43E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-80886102	148618332	5,46E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-75287197	145854797	5,54E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-80753166	149898257	5,56E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1731
1	AX-75295245	150080268	5,92E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.1731

Çizelge 4.157’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



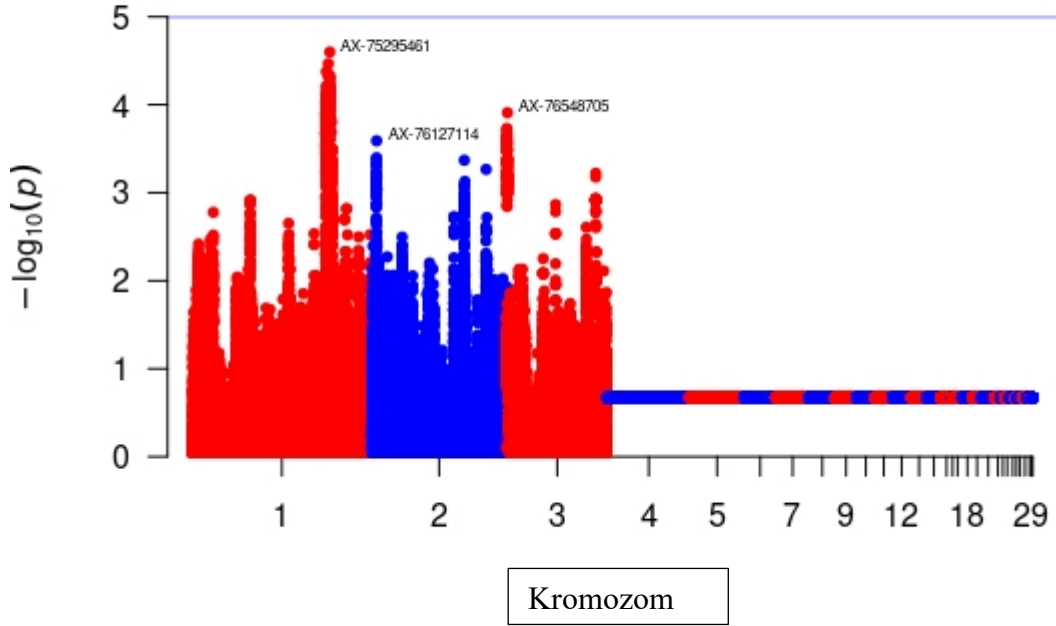
Şekil 4.86. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.3 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 4.9713 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.158. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75295461	150189153	G	A	-12.9113	3.0505	2.51e-05
1	AX-75292367	148532816	C	T	-12.8487	3.0869	3.40e-05
1	AX-75289114	146740063	G	A	-12.6314	3.0700	4.18e-05
1	AX-75289871	147084524	T	C	-12.6087	3.0675	4.25e-05
1	AX-75295342	150127456	G	A	-12.5326	3.0636	4.62e-05
1	AX-80886102	148618332	T	A	-12.6605	3.1009	4.78e-05
1	AX-80860970	150221091	G	C	-12.5146	3.0718	4.964e-05
1	AX-75295599	150272852	G	A	-12.4435	3.0615	5.16e-05
1	AX-75295622	150285685	G	T	-12.3310	3.0569	5.88e-05
1	AX-75295245	150080268	G	A	-12.2549	3.0403	5.95e-05

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



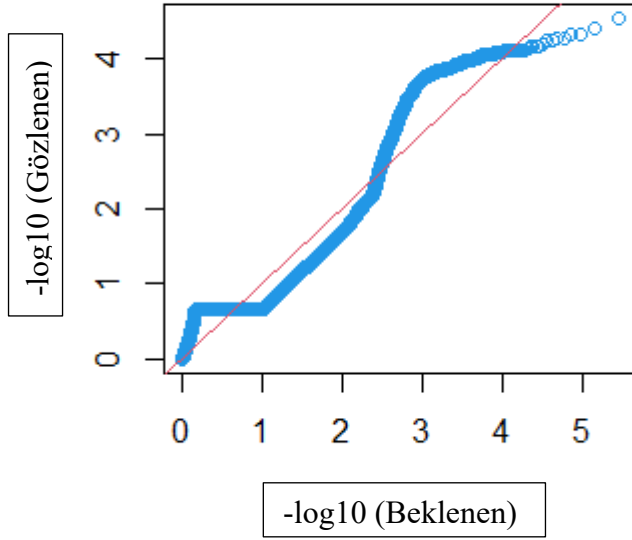
Şekil 4.87. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75295461 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.159. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.4 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-75295461	150189153	2,88E+01	1	1	0.9999	0.9997	0.1851
1	AX-75292367	148532816	3,87E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-75289114	146740063	4,72E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-75289871	147084524	4,80E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-75295342	150127456	5,21E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-80886102	148618332	5,38E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-80860970	150221091	5,58E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-75295599	150272852	5,80E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-75295622	150285685	6,58E-02	1	1	0.9999	0.9999	0.1851
1	AX-75295245	150080268	6,66E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1851

Çizelge 4.159’da görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



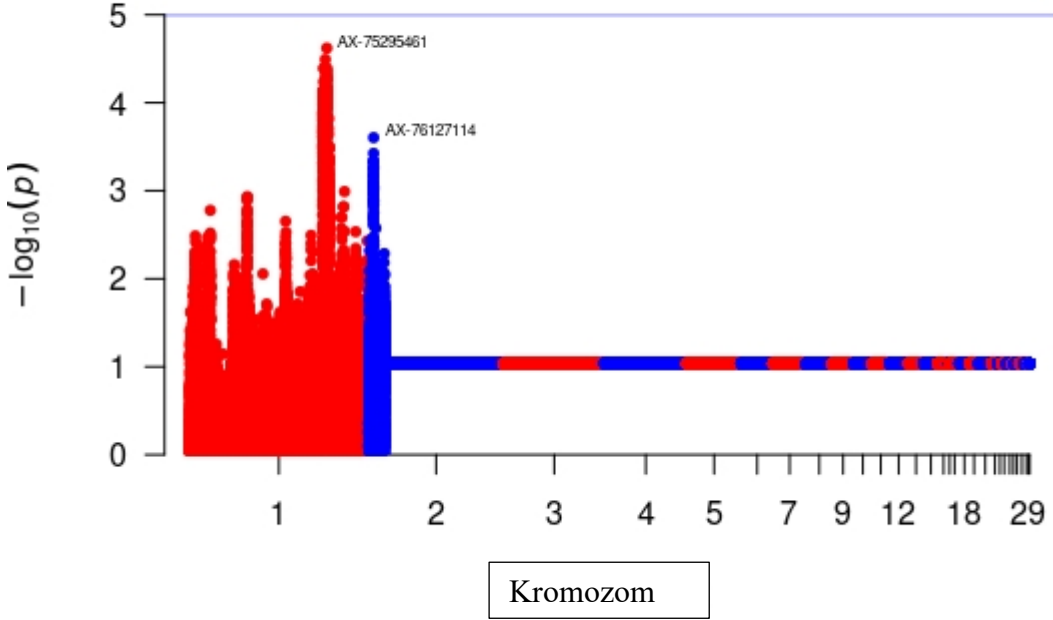
Şekil 4.88. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.4 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 3.3971 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.160. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75295461	150189153	G	A	-12.9432	3.0500	2.39e-05
1	AX-75292367	148532816	C	T	-12.8928	3.0877	3.21e-05
1	AX-75289114	146740063	G	A	-12.6467	3.0674	4.03e-05
1	AX-75295599	150272852	G	A	-12.5755	3.0510	4.05e-05
1	AX-75289871	147084524	T	C	-12.6245	3.0649	4.10e-05
1	AX-75295509	150218317	G	A	-12.5697	3.0609	4.32e-05
1	AX-75295664	150310331	T	C	-12.4396	3.0379	4.54e-05
1	AX-80886102	148618332	T	A	-12.6078	3.0924	4.90e-05
1	AX-80840701	150022670	A	T	-12.4145	3.0462	4.936e-05
1	AX-75295297	150105834	T	C	-12.6141	3.0965	4.97e-05

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



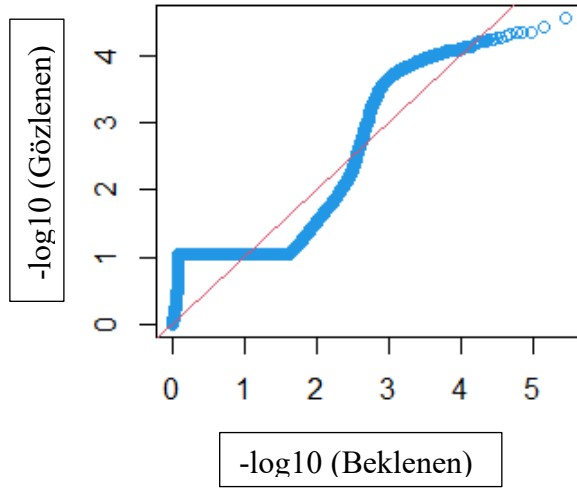
Şekil 4.89. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75295461 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.161. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.5 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-80751867	150146456	2,75E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-75292335	148514584	3,66E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-80849031	146733963	4,56E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-75295577	150256828	4,58E+00	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-75289859	147078955	4,63E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-75295461	150189153	4,88E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-75295646	150298607	5,12E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-77278392	148607219	5,51E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-75295115	150017214	5,55E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132
1	AX-75295245	150080268	5,59E+01	1	1	0.9999	0.9999	0.1132

Çizelge 4.161’de görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



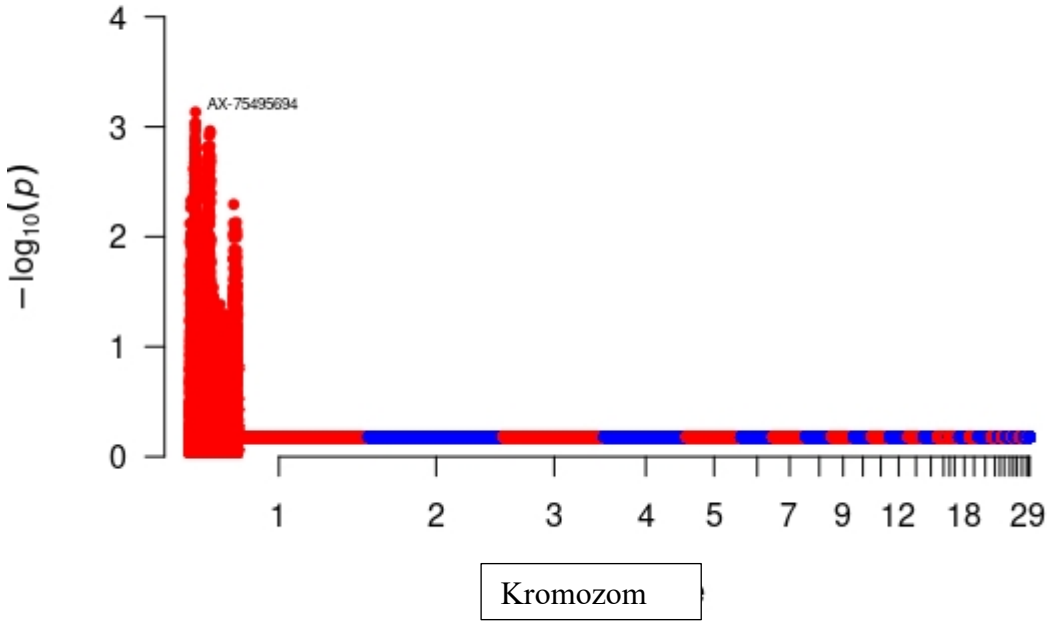
Şekil 4.90. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.5 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 6.2178 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.

Çizelge 4.162. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan tek değişkenli doğrusal analiz sonucu en etkili 10 SNP listesi

Krm	SNP	Pozisyon	Allel1	Allel 0	beta	Standart Hata	P değeri
1	AX-75495694	6296885	A	G	12.6721	3.7425	0.0007
1	AX-75494415	6235923	T	C	12.5214	3.7689	0.0009
1	AX-75493772	6204729	T	C	12.5024	3.7677	0.0009
1	AX-75492295	6133149	T	C	12.3395	3.7447	0.0010
1	AX-75494561	6242497	A	G	11.9638	3.6523	0.0010
1	AX-75408316	22194744	G	A	-16.2072	4.9480	0.0010
1	AX-75409035	22543200	A	G	32.1425	9.8533	0.0011
1	AX-75406455	21281233	T	C	26.9527	8.3049	0.0012
1	AX-75486373	5843463	A	G	12.2257	3.7705	0.0012
1	AX-75478665	5485265	C	T	12.06035	3.7480	0.0013

Akrabalık katsayısı 0.1 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda kromozom 1’de %5 önem seviyesinde güçlü sinyal bulunmuştur.



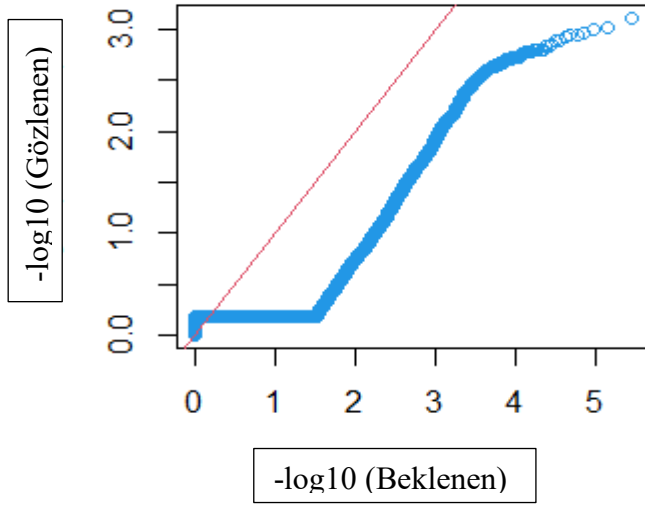
Şekil 4.91. Genomik ilişki matrisi yapılmayan TBA 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda en etkili SNPnin Manhattan şekli ile gösterimi

Akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile GEMMA’da gerçekleştirilen LMM analizi sonucunda 1. kromozomda AX-75495694 SNPden en güçlü sinyal alındığı görülmektedir.

Çizelge 4.163. TBA3 için genomik ilişki matrisi yapılmayan akrabalık katsayısı 0.6 için seçilen veri seti ile yapılan çoklu karşılaştırma testleri sonucu en etkili 10 SNP listesi

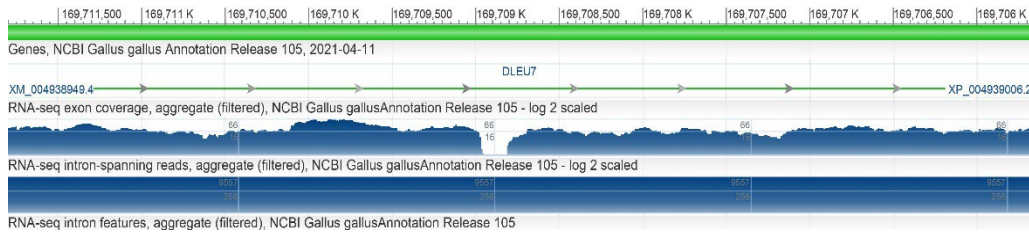
Krm	SNP	Pozisyon	P değeri	Bonferroni	Holm	Hochberg	SidakSS	BH
1	AX-80880421	6289754	0.0007	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-75494359	6232569	0.0009	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-80898199	6203370	0.0009	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-75492223	6129649	0.0010	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-75494503	6240163	0.0011	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-80984197	22191580	0.00114	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-80766881	22538878	0.0011	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-75406454	21280920	0.0012	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-75486287	5839229	0.0012	1	1	0.9997	1	0.6707
1	AX-75478651	5484810	0.0013	1	1	0.9997	1	0.6707

Çizelge 4.163'te görüldüğü üzere, seçilen veriler yumurta ağırlığı fenotipleri bakımından incelendiğinde GEMMA'da gerçekleştirilen LMM analizi sonrasında elde edilen veriler R programında gerçekleştirilen çoklu karşılaştırma analizi sonucunda düzeltilmiş p değerleri görülmektedir. Düzeltilmiş p değerleri %5 önem seviyesinde anlamlı bulunmamıştır.



Şekil 4.92. Genomik ilişki matrisi yapılmayan 3. tabaka akrabalık katsayısı 0.6 olarak seçilen veri seti kullanılarak gerçekleştirilen analizi sonucunda gözlenen ve beklenen değerler arasındaki ayrımı gösteren Q-Q grafiği

Lamda inflasyon faktörü 0.4218 olarak bulunmuştur bu sonuca göre popülasyonda tabakalaşma görülmektedir.



Şekil 4.93. DLEU7 geni gösterimi (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/101750559>)

DLEU7 (*Deleted in Lymphocytic Leukemia, 7*) geni protein kodlayan bir gendir. Tavuklarda ovaryum oluşmasından sorumludur ayrıca, yumurtalık ağırlığı ile ilişkili olduğu bildirilmiştir (Sun vd. 2015).

5. TARTIŞMA

Yumurta ağırlığının, kalıtım derecesi özelliklerinin çoğu yüksek kalıtım değerlerine sahip olduğundan, bu özellikler seleksiyon ile iyileştirilebilir (Rath vd., 2015). Flock (1995) bu özellikleri etkileyen önemli faktörleri; genetik yapı, yetiştirme yöntemi, canlı ağırlık, cinsel olgunluk yaşı, yumurta sayısı, yem tüketimi, rasyonun besin değeri, su tüketimi ve tavuğun hareketlilik durumu olarak belirtmiştir. Tanımlayıcı fenotip istatistikleri yumurta ağırlığının, tavuğun yaşı ile uyumlu olarak arttığını ve 80 haftalıkken en yüksek değere ulaştığını göstermektedir. Bu nedenle yumurtlama döngüsü 100 haftaya kadar uzatılırsa, yumurta ağırlığının artmaya devam edeceği tahmin edilmektedir (Liu, 2018). Yumurta ağırlığı, verim periyodu boyunca tavukların yaşıyla beraber artmaktadır (Göger, 2019). Yumurta ağırlıkları üreticiler ve müşteriler için her zaman önemli bir konu olmuştur (Gowe ve Fairfull, 1995). Yumurta tavukçuluğu sektöründe ortak amaç, yumurta ağırlığı konusunda homojenliği sağlamaktır, bu da yumurta ağırlığı ile ilişkili genlerin tespit edilmesi ile mümkündür. Tavuk yaşı yumurta ağırlığını etkileyen en önemli faktörlerden biridir (Göger vd., 2016). Aşırı büyük yumurtalar, kanatlı sektöründe; kırılma oranında artma, kalitede bozulma ve otomatik paketlenme işleminde aksama gibi sorunlara sebep olmaktadır (Koelkebeck vd., 2001). Belirtilen bunun gibi sebeplerden dolayı, farklı yaşlarda yumurta ağırlıklarının altında yatan genetik mimarinin araştırılması hem ekonomik hem de biyolojik yönden büyük öneme sahiptir (Yi vd., 2015).

Moleküler genetikteki ilerlemelerle beraber, yumurta ağırlığının genetik temelini açıklayabilmek amacıyla çok sayıda araştırma yapılmıştır. Wolc vd., kromozom 4 üzerindeki bir QTL bölgesinin, belirli yaşlarda yumurtlanan yumurtaların ağırlığının ortalaması (% 30) ve standart sapması (% 16'ya kadar) için genetik varyansın büyük bir oranını açıkladığını bulmuşlardır. Kromozom 2, 5, 6, 8, 20, 23, 28 ve Z üzerinde daha küçük etkilere sahip ek bölgeler, ortalama yumurta ağırlığı ve kromozom 13 üzerindeki bir bölge ile 26-28 haftalık yumurta ağırlığının standart sapması ile anlamlı ilişkiler gösterdiği belirtilmiştir. Schreweis vd. yumurta ve albümin ağırlıkları, kabuk yüzdesi, yumurta üretimi ve vücut ağırlığı dahil olmak üzere birçok özellik üzerinde son derece önemli etkilere sahip kromozom 4 üzerindeki bir bölgeyle ilişkilendirmişlerdir. Tuiskula-Haavisto vd. (2002), Sasaki vd., (2004) tarafından kromozom 4 üzerindeki bölgenin yumurta ağırlığı ile ilişkili olduğu bildirilmiştir. Honkatukia vd. tavuk kromozomu 2 üzerindeki bir bölgenin, hem yumurta beyazının incelmelerini hem de yumurta ağırlığını etkilediğini tespit etmişlerdir. Karacaören, yumurta ağırlığı ölçümleri ve genomik verilerin bir kombinasyonu için fGWAS'ı kullanmış ve genom boyunca önemli 20 SNP tespit edilmiştir. Bunların arasında 15 tanesi kromozom 1'de bulunmuştur. Önemli SNP'lerin çoğu GGA1'de 168.71 ve 168.86 Mb içinde yer almaktadır. Bu çalışmada yapılmış olan genetik ve genomik analizler, kromozom 1'de güçlü genomik sinyaller yakalamıştır ve bu da genomik ilişki çalışmalarına katkıda bulunmaktadır.

Narinç vd. (2010) bildiricilerde Gompertz, Logistik, Richards, Morgan-Mercer Flodin, Brody, Negative Exponential, Bertalanffy ve Hyperbolic modellerini denemişlerdir. Bunlardan en uygun modelin $R^2 = 0.99998$ değeri ile Gompertz modeli olarak belirlemişlerdir. Lusk (2007), 2 leptin SNP'nin, ticari olarak beslenen nispeten büyük bir sığır örneğinden tahmin edilen vücut ağırlığı ve sırt yağı için büyüme eğrisi parametreleri üzerindeki etkisini araştırmıştır. Her bir SNP'nin büyüme eğrisi parametreleri üzerindeki bireysel ve ortak etkisini belirlemek için doğrusal olmayan

karma modellerin tahmin edilmesiyle gerçekleştirilmiştir. Brody büyüme eğrisi, vücut ağırlığı verilerine uyarlanmıştır. R25C SNP'deki varyasyonlar, büyüme parametrelerini tek başına veya UASMS2 SNP ile kombinasyon halinde önemli ölçüde etkilememiştir. UASMS2 SNP'deki varyasyonlar, vücut ağırlığı büyümesi için Brody büyüme eğrisi parametrelerinde anlamlı çıkmıştır ($P < 0.001$). Türker vd. (2017) yumurtacı hibrit Lohmann Brown sürülerinde yaptığı çalışmada 24-80 haftalar arasında dörder haftalık olarak ölçülen yumurta ağırlıkları bakımından iki genotipin karşılaştırılmasını ve yumurta ağırlıklarının zamana bağlı değişimini modellenmiştir. Eğri tahmin yöntemleri ve doğrusal olmayan regresyon modelleri kullanılmıştır. Üç ampirik model (doğrusal, kuadratik, kübik) ve üç mekanistik model (Gompertz, Logistic, Von Bertalanffy) kullanılmıştır. Çalışmanın sonucunda en doğru sonucun Gompertz modeli ile elde edildiği belirlenmiştir. Yakupoğlu ve Atil (2001) tarafından yapılan bir çalışmada, Cobb ve Hubbard ticari piliç sürülerinde haftalık vücut ağırlığı değerleri Gompertz ve von Bertalanffy fonksiyonları kullanılarak analiz edilmiş ve Gompertz modelinin von Bertalanffy'den daha iyi açıkladığını bildirmişlerdir. Nariç vd. (2010) randomize bir Japon bıldırcın sürüsünün büyüme verileri için on büyüme fonksiyonunu (Gompertz, Richards, Lojistik, Bertalanffy, Brody, Negatif Üstel, Morgan-Mercer-Flodin ve üç Hiperbolastik model) karşılaştırmıştır. Gompertz modelinin, uygunluk kriterlerine göre tüm aday modeller arasında Japon bıldırcını için en iyi olduğunu bildirmiştir. Bu çalışmada, farklı 9 büyüme eğrisi modeli (Legendre2, Legendre3, Legendre4, Logistic, Bi-Logistic, Pharmacology, Üssel, Bi- Üssel ve Güç) farklı 13 kovaryans yapısı (AR1, SAD1, ARMA(1,1), ARH1, CS, CSH, VS, SI, FA1, FAH1, TOEP, TOEPH ve HF) için analiz edilmiştir. Büyüme eğrisi modelleri uyum analizi sonucuna göre, AIC (6419.791) ve BIC (6429. 729) değerlerinin en küçüğü olan Güç (Güç) Büyüme Eğrisi Modeli seçilmiştir. Güç (Güç) Büyüme Eğrisi için yapılan kovaryans tahmini analizi sonucuna göre, olabilirliği en yüksek (-22236.95), AIC (44501.91) ve BIC (44571.47) değeri en küçük olan FAH kovaryans yapısı seçilmiştir.

GWAS'de yapılan çok sayıda karşılaştırma, hem yanlış pozitif hem de çoklu karşılaştırmalar için düzeltme fazlasıyla tutucuysa veya güç yetersizse, yanlış negatif sonuçlar verir. Genom boyu çalışmalardan elde edilen sonuçlar analiz edilirken, genellikle aynı anda binlerce hipotez testi yapılır. Çok sayıda istatistiksel test yapıldığından, tüm boş hipotezler gerçekten doğru olsa bile, bazılarının P değerleri tamamen şans eseri 0,05'ten düşük olacaktır. Benjamini-Hochberg prosedürünü kullanarak yanlış keşif oranını ayarlamak güçlü bir yöntemdir. Johnson vd (2010), genom boyunca ilişki çalışmalarında çoklu karşılaştırma testlerinin hesaba katılmasıyla ilgili yaptıkları çalışmada, LD bloklarının sayısının düzeltilmesi, yetersiz derecede tutucu bir eşikle sonuçlanmıştır. Birden fazla farklı çoklu hipotez test düzeltme yöntemi mevcut olsa da en çok tercih edilen yöntem, hem yanlış pozitifleri azaltıp hem de yanlış negatifleri en aza indirdiği için FDR'dir (Cell J, 2019). Bu sonuçlara göre FDR kontrolü yapan Benjamin-Hochberg düzeltme değerleri göz önüne alındığında ($P \leq 0.20$); 1. kromozom yumurta ağırlığı ile ilişkili bulunmuştur. Bonferroni, Holm, Hochberg, SidakSS ve Benjamin-Hochberg çoklu hipotez düzeltme testleri arasından en anlamlı sonucu Benjamin-Hochberg çoklu karşılaştırma test yöntemi vermiştir. Genomik ilişki matrisi yapılmadan gerçekleştirilen analizler sonucunda elde edilen değerler de Benjamin-Hochberg yönteminin en anlamlı değeri verdiği görülmüştür.

Bu alıřmada, 1063 tavuktan toplanan zamana dayalı (bařlangı, 28, 36, 56, 66, 72 ve 80 haftalık) yumurta ağırlıklarının 294705 SNP ile olan iliřkisinin farklı büyüme eğırleri ile genomik analizleri gerekleřtirildi Liu vd. (2018) geleneksel tekil SNP regresyonunu kullanarak, Karacaören (2019) logistik model ile yumurta ağırlığı ile ilgili bazı genomik bölgeler belirlemiř olsa da bu alıřmada ilk kez: üssel, gü, legendre polynomyalleri gibi büyüme eğırleri farklı kovaryans (oto regresif, ARMA, CS, faktor analitik, Toeplitz, SAD gibi) yapıları ile denenerek yumurta ağırlığından sorumlu genomik bölgeler arařtırılmıřtır. Yapılan analizler sonucunda gü büyüme eğırisi ve fah kovaryans yapısı en iyi model seilmiřtir. Tavuklardan toplanan zamana dayalı yumurta ağırlığı verileriyle yapılan temel bileřene dayalı genom apında iliřki alıřmaları, tavuklarda yumurta ağırlığını kontrol kromozom 1'i bařarıyla tanımladı. Bu alıřmada yapılan analizler sonucunda ulařılan bilgiler literatürde bildirilen sonuçlarla tutarlıdır.



6. SONUÇLAR

Genomik çalışmalarda, karmaşık özellikler tekrarlanan ölçümler kullanılarak modellenabilir ve böylelikle altta yatan biyolojinin daha iyi anlaşılması sağlanır (Karacaören, 2020). Çevre şartlarının diğer çiftlik hayvanlarına göre daha homojen olması ve kuşaklar arası sürenin az olması gibi nedenlerden dolayı tavukçulukta genomik çalışmaları hem uygulamalı hem de kuramsal genetik için önem arz etmektedir (Moreira vd., 2018). Tavukçuluk sektörü günümüzde önemli bir endüstri olmuş ve halen ilerlemeye devam etmektedir. Türkiye’de tavuk sektörü sürekli büyüyen, ihracatını hızlı bir şekilde artıran, yoğun iş istihdamı sağlayan ve tarımı destekleyen yapısıyla Türkiye ekonomisine büyük ölçüde katkı sağlayan sektörlerden biridir. Yumurta veriminde pik seviyeye ulaştıktan sonra önemli bir artış olmaksızın yumurta ağırlığında dengeyi korumak bu sektörün önemli bir sorunudur (Wolc vd. 2014).

Bu çalışmada ham veri (1063 tavuk, 294705 SNP), akrabalığa göre seçilen tabakalar (Akrabalık katsayı 0.1 için 1063 tavuk 294702 SNP; Akrabalık katsayısı 0.2 için 1063 tavuk 294699 SNP; Akrabalık katsayısı 0.3 için 1063 tavuk 294705 SNP; Akrabalık katsayısı 0.4 için 1063 tavuk 294700 SNP; Akrabalık katsayısı 0.5 için 1063 tavuk 294697 SNP; Akrabalık katsayısı 0.6 için 1063 tavuk 294692) kullanılarak hem genomik ilişki matrisi ile hem genomik ilişki matrisi yapmadan GEMMA programı ile LMM ve tip 1 ve tip 2 hatayı engellemek için çoklu karşılaştırma testleri uygulanmıştır. Yapılan analizler sonucunda en güçlü genomik sinyaller *DLEU7* genine yakın 1. kromozom üzerinde 36 haftalık yaştaki tavukların yumurta ağırlığı verilerinden alınmıştır. Ayrıca, temel bileşenler aracılığıyla 3 bileşene ayrılan veri setine yapılan analizler sonucunda 1. bileşene ait 0.1 ve 0.3 akrabalık katsayılarına sahip veriler kullanılarak gerçekleştirilen Gemma analizleri sonucunda da 1. kromozom üzerinde yumurta ağırlığıyla ilişkili sinyaller alınmıştır.

Genel GWAS yaklaşımıyla tek bir zaman noktasında yumurta ağırlığına ait birçok genetik etki ortaya çıkarılmışsa da, genom boyunca yumurta ağırlıklarının genetik yapısı hakkında az şey bilinmektedir (Yi vd. 2015). Bu çalışmada birden çok zaman noktasında yumurta ağırlıkları için kapsamlı genom boyunca ilişki analizleri gerçekleştirdik. Bu çalışmadaki bulgular, marker destekli seleksiyon çalışmalarında ideal yumurta büyüklüğünün gelecekteki üretimi için önemli katkı sağlayabilir.

7. KAYNAKLAR

- Akçay, A., ve Yakan, A. 2014. Bafra (sakız x karayaka G1) kuzularında et kalitesinin değerlendirilmesinde alternatif bir yaklaşım: temel bileşenler analizi. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 11(2), 105-110.
- Akaike, H. 1987. Factor analysis and AIC. *Psychometrika* 52, 317–332. doi:10.1007/BF02294359.
- Aktaş, P., ve Sönmez, Z. Çiftlik Hayvanlarının Islahında İmleç Yardımlı Seleksiyon (MAS). VII. ULUSAL ZOOTEKNİ ÖĞRENCİ KONGRESİ, 14.
- Alkan, S., Karabağ, K., Galiç, A., & Balcıoğlu, M. S. 2008. Kınalı Kekliklerde (*Alectoris chukar*) Erkek-Dişi Oranının Kuluçka Özelliklerine Etkisi. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 48(1), 45-50.
- Alpar, Reha. 2011. Uygulamalı Çok Değişkenli İstatistiksel Yöntemler. *Detay Yayıncılık*, 3.baskı
- Anonim1: <http://www.coskunyumurta.com/yumurtanin-besin-degerleri.html> [Son erişim tarihi: 07.04.2021]
- Anonim2: http://www.dengeyumurta.com/tr/48/Yumurtanin_Kalite_Siniflamasi.php [Son erişim tarihi: 07.04.2021]
- Amuzu-Aweh, E. N., Walugembe, M., Kayang, B. B., & Muhairwa, A. P. 2018. Genetic Parameters and Genomic Regions Associated with Growth Rate and Response to Newcastle Disease in Local Chicken Ecotypes in Ghana and Tanzania. *Iowa State University Animal Industry Report*, 15(1).
- Atasoy, F., Onbaşlar, E. E., & Apaydın, S. 2001. Denizli ve ticari tavuk sürülerinde yumurta kalite özelliklerinin karşılaştırılması. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 41(2), 89-100.
- Bagiella, E., Sloan, R.P., Heitjan, D.F. 2000. Mixed-effects models in psychophysiology, *Psychophysiology*, 37, 13-20.
- Barker, J.S.F. Moore, S.S., Hetzel, D.J.S. vd. 1997b. Genetic diversity of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*): microsatellite variation and a comparison with protein-coding loci. *Animal Genetics* 28, 103–15.
- Bonferroni, C.E. 1936. Teoria statistica delle classi e calcolo delle probabilita. Libreria Internazionale Seeber
- Benjamini, Y. and Hochberg, Y. 1995. Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society Series B (Methodological)*. p. 289–300.
- Burt, D. W. 2005. Chicken genome: current status and future opportunities. *Genome research*, 15(12), 1692-1698.
- De Roos A.P., Hayes B.J., Goddard M.E., Reliability of genomic predictions across multiple populations. *Genetics*. 183(4):1545-53. doi: 10.1534/genetics.109.104935.
- Borghese, A. 2011. Situation and perspectives of buffalo in the World, Europe and Macedonia. *Macedonian Journal of Animal Science* 1, 281–96.

- Bölükbaşı, S. C., Kaynar, O., Erhan, M. K., ve Urupan, H. 2009. Effect of feeding *Nigella sativa* oil on laying hen performance, cholesterol and some proteins ratio of egg yolk and *Escherichia coli* count in feces. *Archiv für Geflügelkunde*, 73(3), 167-172.
- Browning B. L., Browning S. R. 2009. A unified approach to genotype imputation and haplotype-phase inference for large data sets of trios and unrelated individuals. *Am. J. Hum. Genet.* 84, 210–223. 10.1016/j.ajhg.2009.01.005
- Çelebi, Ş., Karaca, H. 2011. Yumurtanın Besin Değeri, Kolesterol İçeriği ve Yumurtayı n-3 yağ asitleri Bakımından Zenginleştirmeye Yönelik Çalışmalar. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 37 (2) , 257-265 . Retrieved from <https://dergipark.org.tr/en/pub/ataunizfd/issue/2934/40606>
- Doğan, İ. ve Doğan, N. (2013). Birinci tür hata'nın kontrolünde yanlış bulgu oranı (False Discovery Rate) yaklaşımı. *Düzce Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Dergisi*.
- Eleroğlu, H. 2016. Ticari Etlik Piliçlerde Büyüme Eğrilerinin Doğrusal Olmayan Modeller Kullanılarak Karşılaştırılması, *Tavukçuluk Araştırma Dergisi* 13 (2): 12-16.
- Esmailizadeh, A. K., Baghizadeh, A., ve Ahmadizadeh, M. 2012. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. *Animal Production Science*, 52(1), 64-68.
- Ersoz, F. 1994 . Doğrusal Olmayan Büyüme Modellerinin İncelenmesi ve Parametre Tahmini - Evaluation of the Growth Curve by the Method of Iterated Least Square, *Lalahan Dergi*, s 75-83
- Flock, D.K.1995. Breeding strategies in egg-type chickens. Lohmann-Information. No: 19, 5-7.
- Fife, M.S. Howell, J.S. 2011. Genome-wide SNP analysis identifies major QTL for *Salmonella* colonization in the chicken, *Animal Genetics*, Volume42, Issue2, Pages 134-140
- Fitzmaurice, G. M., Laird, N. M. ve Ware, J. H. 2011. Applied longitudinal analysis. John Wiley ve Sons ,671s, *New Jersey*.
- Francis, M. 2006. Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail *BMC Genomics* 2005 6 : 87.
- Fulton, J. E., Soller, M., Lund, A. R., Arango, J., & Lipkin, E. (2012). Variation in the ovocalyxin-32 gene in commercial egg-laying chickens and its relationship with egg production and egg quality traits. *Animal Genetics*, 43, 102-113.
- Göger, H., Demirtaş, Ş. E., Yurtoğulları, Ş. 2016. A selection study for improving eggshell colour in two parent lines of laying hens and their hybrids. *Italian Journal of Animal Science*, 15(3): 390-395.doi.org/10.1080/1828051 X.2016.1215232
- Göger, H. 2019. Yumurta ağırlığını etkileyen faktörler. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 16(2), 39-47.
- Gu, X., Feng, C., Ma, L., Song, C., Wang, Y., Da, Y., ... & Li, N. (2011). Genome-wide association study of body weight in chicken F2 resource population. *PloS one*,

6(7), e21872.

- Hedeker, D. and Gibbons, R. D. 2006. Longitudinal data analysis. John Wiley & Sons. New Jersey.
- Hommel, G. A stagewise rejective multiple test procedure based on a modified Bonferroni test, *Biometrika*, Volume 75, Issue 2, June 1988, Pages 383–386, doi.org/10.1093/biomet/75.2.383
- Kaplan, S. (2015) Japon Bildircinlarında Büyüme Özellikleri için Çok Özellikli Genetik Parametre Tahminleri, NKUBAP.00.23.AR.14.06 nolu proje
- Karacaören B., "Multiple Hypothesis Testing in a Genome Wide Association Study of Bovine Tuberculosis", *Kafkas Üniversitesi Veterinerlik Fakültesi Dergisi*, vol.23, pp.87-94, 2017
- Karacaören, B, de Koning, DJ, Velandar, I, Petersen, S, Haley, CS and Archibald, AL. 2010 Alternative association analyses on boar taint using discordant sib pairs experimental design *9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Leipzig, Germany, 1/08/10 - 6/08/10, pp. paper 743.
- Karacaören B., 2019. Functional and whole regression based genome wide association analyses for weight measurements of chicken eggs, *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, doi: 10.3906 / veteriner-1904-33
- Karacaören, B. 2012. Some observations for discordant sib pair design using QTL-MAS 2010 dataset., *Kafkas Vet Fak Derg*, 18, 857-860.
- Karacaören B., "A Bayesian Random Walk Approach for Mapping Dynamic Quantitative Trait", *Journal of Applied Nonlinear Dynamics*, vol.5, pp.105-115, 2016
- Karacaören B., "Genom tabanlı meta ilişki analizinin mendelci tavuk fenotipleri için bir uygulaması", *4. Uluslararası Beyaz Et Kongresi*, ANTALYA, TÜRKİYE, 26-30 Nisan 2017, pp.21-21
- Karacaören, B. 2016. "Investigations on Genetic Architecture of Hairy Loci in Dairy Cattle by Using Single and Whole Genome Regression Approaches.", *Asian-Australas j anim sci*, 29, 938.
- Kaynak: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QL>
- Kaynak: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/101750559>
- Kerman, K. (2012). Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail, *Animal Production Science*, 2012, 52, 64–68
- Keskin, İ. 1999. Japon bildircinlarında (coturnix coturnix japonica) büyüme eğrilerinin genetik analizi, *Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Yüksek Lisans Tezi*.
- Littell, R. C., Pendergast, J., and Natarajan, R., 2000. Tutorial in biostatistics: modelling covariance structure in the analysis of repeated measures data. *Statistics in medicine*, 19(1793), 1819.
- Liu, W., Li, D., Liu, J., Chen, S., Qu, L., Zheng, J., ... & Yang, N. (2011). A genome-wide SNP scan reveals novel loci for egg production and quality traits in white leghorn and brown-egg dwarf layers. *PloS one*, 6(12), e28600.

- Liu, C., Cao, D., Chen, P., Zagar, T. and Lilly, E., 2007. RANDOM and REPEATED statements: how to use them to model the covariance structure in Proc Mixed. *In SAS Conference Proceedings: Midwest SAS User Group*.
- Liao, R., Zhang, X., Chen, Q., Wang, Z., Wang, Q., Yang, C., & Pan, Y. 2016. Genome-wide association study reveals novel variants for growth and egg traits in Dongxiang blue-shelled and White Leghorn chickens. *Animal genetics*, 47(5), 588-596.
- Marcus R, Eric P, Gabriel KR. On closed testing procedures with special reference to ordered analysis of variance. *Biometrika*. 1976;63(3):655–660.
- Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.
- Narinc, D., Karaman, E., Firat, M. Z., ve Aksoy, T. 2010. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9(14), 1961-1966.
- Romé, H., Varenne, A., Héroult, F., Chapuis, H., Alleno, C., Dehais, P., ... and Le Roy, P. 2015. GWAS analyses reveal QTL in egg layers that differ in response to diet differences. *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 1-11.
- Shriner, D. 2012. Moving toward system genetics through multiple trait analysis in genome-wide association studies. *Front Genet*, 3, 1.
- Sun, C., Lu, J., Yi, G., Yuan, J., Duan, Z., Qu, L., Xu, G., Wang, K., Yang, N. 2015. Promising loci and genes for yolk and ovary weight in chickens revealed by a genome-wide association study. *PLoS ONE* 10:e0137145. doi: 10.1371/journal.pone.0137145.
- Koelkebeck, K.W., Bell, D.D., Carey, J. B., Anderson, K. E., Darre, M. J. 2001. Egg marketing in national supermarkets: products, packaging, and prices—part 3. *Poult. Sci.* 80, 396–400. doi: 10.1093/ps/80.4.396.
- Hatcher, Larry. 1994. A Step-by-Step Approach to Using the SAS System for Factor Analysis and Structural Equation Modeling, Cary, NC: The SAS Institute. Review pp. 325-339.
- Malato, G. 2020. Covid-19 infection in Italy Mathematical models and predictions, <https://towardsdatascience.com/covid-19-infection-in-italy-mathematical-models-andpredictions-7784b4d7dd8d>.
- Minvielle, F., Kayang, B. B., Inoue-Murayama, M., Miwa, M., Vignal, A., Gourichon, D., ... & Ito, S. I. 2006. Search for QTL affecting the shape of the egg laying curve of the Japanese quail. *Bmc Genetics*, 7(1), 1-6.
- Özkan M, Kocabaş Z, 2004. Selection of the best growth curve for japanese quails, *Indian Vet. J.*, 81: 1016-1020.
- Holm S. 1979. A simple sequentially rejective multiple test procedure. *Scandinavian Journal of Statistics*. p. 65–70.
- Jang, J. S. R., Sun, C. T., and Mizutani, E. 1997. Neuro-fuzzy and soft computing-a computational approach to learning and machine intelligence [Book Review]. *IEEE Transactions on automatic control*, 42(10), 1482-1484.

- Jennrich, R.J., Schluchter, M.D. 1986. Unbalanced repeated-measures models with structured covariance matrices, *Biometrics*, 42, 805-820.
- Núñez-Antón, V. and Woodworth, G. G. 1994. Analysis of longitudinal data with unequally spaced observations and time-dependent correlated errors. *Biometrics* 50, 445-456.
- Moreira, Gabriel Costa Monteiro, et al. 2018. A genome-wide association study reveals novel genomic regions and positional candidate genes for fat deposition in broiler chickens. *BMC genomics* 19.1.374.
- Munro, S.S. 1936. Preparation of avian smears for microscopy. *Science*, 83 p. 532
- Narınç, D. 2017. Growth curve analyses in poultry science, *World's Poultry Science Journal*, Volume 73, Issue 2 June 2017 , pp. 395-408
- Ober, U., Ayroles, J.F., Stone, E.A., Richards, S., Zhu, D., Gibbs, R.A., Simianer, H., 2012. Using whole-genome sequence data to predict quantitative trait phenotypes in *Drosophila melanogaster*. *PLoS genetics*, 8(5), e1002685. doi:10.1371/journal.pgen.1002685
- O'Neill BF, Lewis E, O'Donovan M, Shalloo L, Mulligan FJ, Boland TM, Delagarde R 2013. Evaluation of the GrazeIn model of grass dry-matter intake and milk production prediction for dairy cows in temperate grass-based production systems. 1-Sward characteristics and grazing management factors. *Grass and Forage Science* 68: 504-523.
- Pearson, A.T., Manolio, A.T. 2008. How to interpret a genome wide association study. *JAMA*, 299(11), 1335-1344.
- R Development Core Team. 2013. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing; Vienna, Austria.
- Risch, N., Merikangas, K., 1996. The future of genetic studies of complex human diseases. *Science*, 273(5281), 1516-1517.
- Moser EB. 2004. Repeated Measures Modeling With PROC MIXED. SAS Conference Proceedings: SAS Users Group International 29. Montreal, Canada. p.19
- Pourahmadi, M. 1999. Joint mean-covariance models with applications to longitudinal data: Unconstrained parameterisation. *Biometrika* 86, 677-90.
- Sasaki, O., Odawara, S., Takahashi, H., Nirasawa, K., Oyamada, Y., Yamamoto, R., Ishii, K., Nagamine, Y., Takeda, H., Kobayashi, E., & Furukawa, T. 2004. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting body weight, egg character and egg production in F2 intercross chickens. *Animal genetics*, 35(3), 188-194. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01133.x>
- Schmutz, J., Grimwood, J. Fowl sequence 2004. *Nature* 432, 679-680. doi:10.1038/432679a
- Schwarz, Gideon. 1978. Estimating the Dimension of a Model. *Ann. Statist.* 6 no. 2, 461-464.
- Shoffner R.N. 1946. The heritability of egg production. *Poultry Sci.*, 25, p. 412
- Simes R. J. 1986. An improved Bonferroni procedure for multiple tests of significance,

- Biometrika*, Volume 73, Issue 3, December, Pages 751–754, doi.org/10.1093/biomet/73.3.751
- Schreiweis MA, Hester PY, Settar P, Moody DE. 2006. Identification of quantitative trait loci associated with egg quality, egg production, and body weight in an F2 resource population of chickens. *Animal Genetics*. 37 (2): 106-112. doi: 10.1111/j.1365-2052.2005.01394.x
- Sihua Jin. 2018. Association of polymorphisms in Pit-1 gene with growth and feed efficiency in meat-type chickens, *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences (AJAS)* . 31(11): 1685-1690.
- Yazgan, D., Doğan, Z., and Yazgan, K. 2017. Sığırlarda besi sonu ağırlığına besi başı ağırlığının etkisinin kovaryans analizi ile incelenmesi. *Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 6(2), 83-88.
- Johnson, R. C., Nelson, G. W., Troyer, J. L., Lautenberger, J. A., Kessing, B. D., Winkler, C. A., & O'Brien, S. J. 2010. Accounting for multiple comparisons in a genome-wide association study (GWAS). *BMC genomics*, 11(1), 1-6.
- J. L. Lusk 2007. Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with body weight and backfat growth curve parameters for beef cattle, *Journal of Animal Science*, Volume 85, Issue 8, August 2007, Pages 1865–1872
- Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M. A., Bender D., et al. . 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.* 81, 559–575. 10.1086/519795
- Schreiweis, M. A., Hester, P. Y., Settar, P., & Moody, D. E. (2006). Identification of quantitative trait loci associated with egg quality, egg production, and body weight in an F2 resource population of chickens. *Animal genetics*, 37(2), 106–112. https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2005.01394.x
- Steven C. King, C. R. Henderson 1954. Variance Components Analysis in Heritability Studies. *Poultry Science*, Volume 33, Issue 1, Pages 147–154. doi.org/10.3382/ps.0330147
- Türker,İ. 2017. Yerli ve yabancı yumurtacı hibrit sürülerde yumurta ağırlığının zamana bağlı değişiminin karşılaştırılması ve modellenmesi, *Akademik Ziraat Dergisi*, Cilt 6, Sayı 2, Sayfalar 169 - 176
- Tuiskula-Haavisto, M., Honkatukia, M., Vilkki, J., de Koning, D. J., Schulman, N. F., & Mäki-Tanila, A. 2002. Mapping of quantitative trait loci affecting quality and production traits in egg layers. *Poultry science*, 81(7), 919–927. https://doi.org/10.1093/ps/81.7.919
- Yang, J., Benyamin, B., McEvoy, B.P., et al 2010. Common SNPs explain a large proportion of the heritability for human height. *Nat Genet*, 42, 565-569.
- Uemoto, Y. 2009. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting growth and carcass traits in F2 intercross chickens, *Poultry Science*, Volume 88, Issue, Pages 477–482.
- Y. Hochberg.1988. A sharper Bonferroni procedure for multiple tests of significance, *Biometrika*, Volume 75, Issue 4, Pages 800–802, doi.org/10.1093/biomet/75.4.800

- Yu, J., Pressoir, G., Briggs, W.H., et al 2006. A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. *Nat genet*, 38, 203-208.
- Yi, G., Liu, W., Li, J., Zheng, J., Qu, L., Xu, G., & Yang, N. 2014. Genetic analysis for dynamic changes of egg weight in 2 chicken lines. *Poultry science*, 93(12), 2963-2969.
- Zhou, H. vd. 2006. Genome-Wide Linkage Analysis to Identify Chromosomal Regions Affecting Phenotypic Traits in the Chicken. II. Body Composition, *Poultry Science*, Volume 85, Issue 10, Pages 1712–1721, doi.org/10.1093/ps/85.10.1712
- Yi, G., Shen, M., Yuan, J., Sun, C., Duan, Z., Qu, L., ... & Yang, N. 2015. Genome-wide association study dissects genetic architecture underlying longitudinal egg weights in chickens. *BMC genomics*, 16(1), 1-14.
- Zhuang, L., Congjiao S. 2008. Genome-Wide Association Analysis of Age-Dependent Egg Weights in Chicken, *Frontiers in Genetic*, doi.org/10.3389/fgene.2018.00128
- Wang Z, Wang N, Wu R, Wang Z. 2018. fGWAS: An R package for genome-wide association analysis with longitudinal phenotypes. *J Genet Genomics*. 45(7):411–413. doi:10.1016/j.jgg.2018.06.006
- Liu, W., Li, D., Liu, J., Chen, S., Qu, L., Zheng, J., ... & Yang, N. 2011. A genome-wide SNP scan reveals novel loci for egg production and quality traits in white leghorn and brown-egg dwarf layers. *PloS one*, 6(12), e28600.
- Liu, Z., Sun, C., Yan, Y., Li, G., Li, X. C., Wu, G., & Yang, N. (2021). Design and evaluation of a custom 50K Infinium SNP array for egg-type chickens. *Poultry Science*, 100(5), 101044.
- White, M.A., Stubbings, M., Dumont, B.L., et al. 2012. Genetics and evolution of hybrid male sterility in house mice. *Genetics*, 191, 917-934.
- Wolc, A. Arango, J. 2014. Genome-wide association study for egg production and quality in layer chickens, *Animal Breeding and Genetics*, Volume 131, Issue 3, Pages 173-182.
- Wolc A, Arango J, Settar P, Fulton JE, O’Sullivan NP et al. 2012. Genome-wide association analysis and genetic architecture of egg weight and egg uniformity in layer chickens. *Animal Genetics*. 43: 87-96. doi: 10.1111/j.1365-2052.2012.02381.x
- Wolfinger, R., 1993. Covariance structure selection in general mixed models. *Communications in statistics-Simulation and computation*, 22(4), 1079-1106
- Honkatukia M, Tuiskula-Haavisto M, de Koning DJ, Virta A, Maki-Tanila A et al. 2005. A region on chicken chromosome 2 affects both egg white thinning and egg weight. *Genetics Selection Evolution* 37: 563-577. doi: 10.1186/1297-9686-37-6-563
- Liu, Z., Sun, C., Yan, Y., Li, G., Wu, G., Liu, A., & Yang, N. 2018. Genome-wide association analysis of age-dependent egg weights in chickens. *Frontiers in genetics*, 9, 128.

- Rath, P. K., Mishra, P. K., Mallick, B. K., & Behura, N. C. 2015. Evaluation of different egg quality traits and interpretation of their mode of inheritance in White Leghorns. *Veterinary world*, 8(4), 449.
- Wolfinger, R.D., 1996, Heterogeneous Variance-Covariance Structures for Repeated Measures, *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*, 1(2), 205-230.
- Wright, D., Kerje, S., Lundström, K., Babol, J., Schütz, K., Jensen, P., & Andersson, L. 2006. Quantitative trait loci analysis of egg and meat production traits in a red junglefowl× White Leghorn cross. *Animal genetics*, 37(6), 529-534.

ÖZGEÇMİŞ

Ümit BİLGİNER

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans 2019- 2021	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootekni Anabilim Dalı, Antalya
Lisans 2014-2018	Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, Antalya