

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TEK KARAKTER İÇİN SELEKSİYON İNDEKSİNİN
DEĞİŞİK İSTATİSTİKSEL YÖNTEMLERLE ANALİZİ

131728

Burak KARACAÖREN

YÜKSEK LİSANS TEZİ

T.C. YÜKSEKÖĞRETİM KURULU
DOĞUMANTASYON MERKEZİ

131728

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

2001

**TEK KARAKTER İÇİN SELEKSİYON İNDEKSİNİN
DEĞİŞİK İSTATİSTİKSEL YÖNTEMLERLE ANALİZİ**

BURAK KARACAÖREN

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

2001

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TEK KARAKTER İÇİN SELEKSİYON İNDEKSİNİN DEĞİŞİK
İSTATİSTİKSEL YÖNTEMLERLE ANALİZİ

BURAK KARACAÖREN

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

Bu tez 10.7/2001 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından (95) not takdir edilerek
Oybirliği/Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. M.Ziya FIRAT (Danışman)

Prof. Dr. Tahsin KESİCİ

Yrd. Doç. Dr. M. Soner BALCIOĞLU

ÖZET

TEK KARAKTER İÇİN SELEKSİYON İNDEKSİNİN DEĞİŞİK İSTATİSTİKSEL YÖNTEMLERLE ANALİZİ

BURAK KARACAÖREN

Yüksek lisans tezi, Zootekni Anabilim Dalı

Haziran 2001, 75 Sayfa

Seleksiyon indeksi, maksimum genetik kazanç elde etmek için oluşturulmuş gözlemlerin doğrusal ağırlıklı kombinasyonudur. İndeksi oluşturmak için genetik parametrelerin tahminine ihtiyaç duyulur. Hayvan ıslahı çalışmalarında, verilerden genetik parametreleri elde edip istatistiki yorumlama yapabilmek için olabilirlik teorisine dayalı olan yöntemlerin kullanımının gittikçe arttığı gözlenmektedir. Hayvanların ıslah için seçiminde pratikte karşılaşılan sorunların çözümü için sayısal yöntemlerde en son geliştirilen istatistiksel yöntemlerin kullanılması gereklidir. Bu yüzden bu tez esas itibariyle varyans unsurları ve fonksiyonlarının tahminleri ve optimal seleksiyon metotlarının varyans analizi, maksimum olabilirlik ve kısıtlanmış maksimum olabilirlik yöntemleri kullanılarak dengeli baba-bir üvey kardeş boğa modeliyle oluşturulmasına dayanmaktadır. Tezde kullanılan veri setleri Monte Carlo simülasyonu kullanılarak üretilmiştir.

Adaylar ve akrabalarına ait bilgi seleksiyon indeksinde birleştirilmiştir. Varyans analizine dayalı geleneksel seleksiyon indeks teorisi, olabilirliğe dayalı olanlarla karşılaştırılmıştır. Hem ANOVA hem de olabilirliğe dayalı metotlar, özellikle REML, benzer genetik ilerleme sonuçları vermiştir. Bunun nedeni ANOVA'ya ait negatif kalıtım dereceleri tahminlerinin 0'a eşitlenmek suretiyle kullanılmasıdır. Tahmini genetik ilerlemenin başarılı genetik ilerlemeye göre kalıtım derecesi ve fenotipik varyans tahminlerine daha duyarlı olduğu saptanmıştır. Ayrıca teksel seleksiyon ve seleksiyon indeksi kıyaslanmış ve seleksiyon indeksinin teksel seleksiyondan daha etkin olduğu sonucuna varılmıştır.

ANAHTAR KELİMELER: Seleksiyon indeksi, genetik parametreler, olabilirliğe dayalı metotlar, optimal genetik ilerleme, başarılı genetik ilerleme, tahmini genetik ilerleme.

JÜRİ: Doç. Dr. M. Ziya FIRAT
Prof. Dr. Tahsin KESİCİ
Yrd. Doç. Dr. M. Soner BALCIOĞLU

ABSTRACT

ANALYSIS OF UNIVARIATE SELECTION INDEX USING DIFFERENT STATISTICAL METHODS

BURAK KARACAÖREN

M S. in Animal Science

Adviser: Assoc. Prof. Dr. M. Ziya FIRAT

June, 2001, 75 pages

The selection index is a linear weighted combination of observed measurements constructed so as to maximize genetic gain. In order to construct an index, estimates of genetic parameters are required. There has been increasing awareness that different approaches for estimating genetic parameters based on likelihood methods provide a suitable framework for statistical inference from animal breeding data. Recent developments in numerical procedures need to be applied to solve practical statistical problems in animal selection for breeding. The thesis is therefore focused mainly on the estimation of variance components and functions of them, and the construction of optimum selection methods using analysis of variance, maximum likelihood and restricted maximum likelihood methods in a balanced univariate half-sib sire model. Data sets used in the thesis are simulated employing the Monte Carlo simulation method.

Information on candidates themselves and their relatives are incorporated into a selection index. The conventional theory of selection index using analysis of variance method is compared with the likelihood based ones. Both ANOVA and likelihood based methods, especially REML, give similar results of selection responses due to setting the heritability estimates from ANOVA to zero if it is negative. It is found that the predicted response is more sensitive to the heritability and phenotypic variance estimates than the achieved response. Individual selection and selection index are also compared and it is shown that selection index give more gain than the individual selection.

KEY WORDS: Selection index, genetic parameters, likelihood based methods, optimal selection response, achieved selection response, predicted selection response.

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. M. Ziya FIRAT
Prof. Dr. Tahsin KESİCİ
Asst. Prof. Dr. M. Soner BALCIOĞLU

ÖNSÖZ

Bana bu konuda çalışma fırsatı veren ve yoğun desteğini tezin her aşamasında görmüş olduğum danışmanım Doç. Dr. Mehmet Ziya FIRAT'a şükranlarımı sunarım. Ayrıca tez için hazırlamış olduğumuz "Tek Karakter İçin Seleksiyon İndeksinin Değişik İstatistiksel Yöntemlerle Analizi" isimli projemizi destekleyerek maddi destek sağlayan Akdeniz Üniversitesi Araştırma Fonu'na teşekkür ederim. Manevi desteğini görmüş olduğum ailem Fazilet ve Akın TEKMAN'a ayrıca teşekkür ederim.



İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ	iii
İÇİNDEKİLER	iv
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	v
ŞEKİLLER DİZİNİ	vi
ÇİZELGELER DİZİNİ	vii
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL BİLGİLER ve KAYNAK TARAMALARI	5
2.1. Varyans Unsurları ve Tarihçesi	5
2.2. Seleksiyon İndeksi ve Tarihçesi	9
2.2.1. Teksel seleksiyon	11
2.2.2. Bağımsız seleksiyon sınırları	11
2.2.3. Seleksiyon indeksi yöntemi	11
3. MATERYAL VE METOT	16
3.1. Deneme Deseni ve Model	16
3.2. Monte Carlo Simulasyonu	17
3.3. Varyans Unsurlarının Tahmin Yöntemleri	18
3.3.1. Varyans Analiz yöntemi (ANOVA)	18
3.3.2. Maksimum Olabilirlik yöntemi (ML)	21
3.3.3. Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik yöntemi (REML)	23
3.4. Seleksiyon İndeks Teorisi	24
3.4.1. Birey ve baba bir üvey kardeş aile ortalama performansında genetik ilerlemenin tahmini	27
3.4.2. Teksel seleksiyon ve seleksiyon indeksi	31
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	32
4.1. Veri Setleri ve Deneme Desenleri	32
4.2. Varyans unsurlarının tahminlerine ait sonuçlar	33
4.3. Seleksiyon indekslerine ait sonuçlar	52
4.3.1. Teksel seleksiyon ve baba-bir üvey kardeş aile ortalaması sonuçları ..	61
5. SONUÇ	67
6. KAYNAKLAR	69
7. EK-1 Minitab Paket Programı İle Anova Tahmin Edicisi $\hat{\sigma}_s^2$ 'Nin Negatif Olma Olasılığının Hesaplanmasına Ait Bir Örnek	73
ÖZGEÇMİŞ	75

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

A	Damızlık değeri
b	İndekse ait ağırlık
e_{ij}	Rasgele hata terimi
γ	Boğa ve hata varyanslarının oranı, σ_s^2 / σ_e^2
$h^2, \hat{h}^2$	Kalıtım derecesi, kalıtım derecesinin tahmini
I	Seleksiyon indeksi
$\bar{i}$	Seleksiyon yoğunluğu
L	Oransal kayıp
M_b, M_w	Gruplar arası ve gruplar içi kareler ortalaması
$\mu (\mu)$	Genel ortalama
n	Her boğaya ait döl sayısı
∂	Kısmi türev operatörü
α	Oransal olarak
p	Negatif tahmin olasılığı
$R_{opt}, \hat{R}, R^a$	Seleksiyon indeksinden elde edilen optimal, tahmini ve başarılı genetik ilerleme
$R_1, \hat{R}_1, R_1^a$	Teksel seleksiyondan elde edilen optimal, tahmini ve başarılı genetik ilerleme
s	Boğa sayısı
s_i	i . boğanın etkisi
σ_x^2	Varyans unsuru, $x=e, g, p, s$; hata, genotipik, fenotipik ve boğa varyans unsurları
$\hat{\sigma}_x^2$	Varyans unsurlarının tahminleri, $x=e, g, p, s$; hata, genotipik, fenotipik ve boğa varyans unsurlarının tahminleri
S_b, S_w	Boğalar arası ve boğalar içi kareler toplamı
t	Karakter sayısı
y_{ij}	i . boğanın j . dölüne ait gözlem değeri

Kısaltmalar

ABD	Amerika Birleşik Devletleri
ANOVA	Analysis of Variance (Varyans Analizi)
ML	Maximum Likelihood (Maksimum Olabilirlik)
REML	Restricted Maximum Likelihood (Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik)
Var. Kay.	Varyasyon Kaynakları
s.d.	Serbestlik Derecesi
K.T.	Kareler Toplamı
K.O.	Kareler Ortalaması
B(K.O.)	Kareler Ortalaması'nın Beklenen Değeri

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1. Farklı kalıtım dereceleri ($h^2=0.1, 0.2, 0.3$), farklı döl ($n=8, 16, 25, 50$) ve boğa (s) sayıları için ampirik (____) ve teorik (----) negatif varyans olasılıkları, p ,..... 51

Şekil 4.2. Değişik kalıtım dereceleri ($1: h^2=0.1, 2: h^2=0.2, 3: h^2=0.3$), boğa sayıları ($s=10, 50, 100$) ve döl sayılarında ($n=8, 16, 20, 50$) oluşturulan optimal genetik ilerlemenin [R_{opt} (____)] ML [R_K^a (----)] ve REML [R_M^a (- - - -)] tahmin edicileri ile elde edilen başarılı genetik ilerlemelerle, R^a , karşılaştırılması 60

Şekil 4.3. Kalıtım derecesinin tahmini, $\hat{h}^2$, farklı kalıtım dereceleri ($h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$) ve döl sayıları [$n=5$ (----), 20 (____)] kullanılarak hesaplanan genetik ilerlemeler (Yatay çizgiler tekssel seleksiyondan elde edilen başarılı genetik ilerlemeyi göstermektedir) 61

Şekil 4.4. Tahmini indeks ağırlıklarının oranları, b_2/b_1 , farklı kalıtım dereceleri ($h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$) ve döl sayıları [$n=5$ (----), 20 (____)] kullanılarak hesaplanan genetik ilerlemeler (Yatay çizgiler tekssel seleksiyondan elde edilen başarılı genetik ilerlemeyi göstermektedir)..... 62

Şekil 4.5. D katsayısının döl sayısının ve kalıtım derecesinin değişimine duyarlılığı ... 63

Şekil 4.6. Değişik kalıtım dereceleri ($h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$) ve farklı döl sayıları için oransal kayıp ($s=100$) 63

Şekil 4.7. Farklı döl sayılarında ($n=5, 20$) indeks ile elde edilen başarılı genetik ilerlemenin tekssel seleksiyondan elde edilen optimal genetik ilerlemeyle (____) ve indeks ile elde edilen tahmini genetik ilerlemenin tekssel seleksiyondan elde edilen tahmini genetik ilerlemeyle (----) karşılaştırılması 65

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Varyans Analiz Tablosu	18
Çizelge 3.2. ANOVA, ML ve REML tahmin edicileri.....	24
Çizelge 4.1. Farklı kalıtım dereceleri, h^2 , boğa sayıları, s , ve döl sayıları için, n , yapılan simülasyonda kullanılan deneme desenleri	32
Çizelge 4.2. Varyans unsurları ve fonksiyonları için kullanılan değişik başlangıç değerleri.....	33
Çizelge 4.3. 500 örnek üzerinden elde edilen ANOVA, ML ve REML metotlarına ait parametre tahminlerinin farklı kalıtım dereceleri ve aile büyüklükleri için ortalama (ort) ve standart sapmaları (ss)	35
Çizelge 4.4. ANOVA, tahmin edicisi $\hat{\sigma}_e^2$ 'nin ampirik ve teorik (parantez içerisinde) negatif olma olasılıkları.....	49
Çizelge 4.5. Farklı aile büyüklükleri ($n=8, 16, 20, 50$) ve kalıtım derecelerinde ($h^2=0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9$) optimal genetik ilerlemeler, R_{opt} ,.....	52
Çizelge 4.6. Değişik aile büyüklüklerinde ANOVA, ML ve REML yöntemleri ile elde edilen tahmini, $\hat{R}$, ve başarılan, R^a , genetik ilerlemelere ait ortalama (Ort) ve standart sapmalar (SS)	54
Çizelge 4.7. Birey ve aile ortalaması performansından elde edilen seleksiyon indeksi kullanılarak bulunan genetik ilerlemenin teksele seleksiyondan elde edilene oranının tahminleri. Parametre değerleri kullanılarak hesaplanan oran R_{opt}/R_1 'dir ve kayıp, optimal ve hesaplama ile bulunan indeks oranı arasındaki farktır, $[E(R^a/R_1 - R_{opt}/R_1) = LxR_{opt}/R_1]$	66

1. GİRİŞ

Hayvansal üretimin temel amacı çiftlik hayvanları olarak adlandırılan ve verimlerinden yararlanan hayvanlardan mümkün olan en yüksek ekonomik kazancı elde etmektir (Kumlu 1999).

Bu amaca erişmek için birbirini bütünleyen iki temel faktör üzerinde durmak gereklidir. Bunlar çevresel ve genotipik faktörlerdir. Çevresel faktörler; yetiştirme koşulları, barındırma ve besleme ile ilgilidir. Çevresel faktörlerin iyileştirilmesi gereklidir fakat yeterli değildir. Nitekim çevresel faktörler için yapılacak yatırımlara alınacak cevap, hayvanların genetik düzeyleri ile sınırlıdır. Herhangi bir ölçüm hatası dışında bir bireyin herhangi bir özelliğinin gözlemlenen ölçümü, yani bir karakterin fenotipik değeri P , kalıtsal olan bir genetik unsur G ve kalıtsal olmayan çevresel unsur E nin toplamı olarak varsayılır. Bu iki unsur aşağıdaki modelde olduğu gibi birleştirilebilir

$$P=G+E.$$

Genotip, bir bireyin sahip olduğu genlerin birleşimidir. Çevresel unsur fenotipik değeri etkileyen, genetik olmayan bütün faktörleri içerir ve genotipik değerden sapma ile sonuçlanır (Fırat 1995). Eğer çevresel unsur bir grup birey için sabit tutulabilmişse, bu durumda bunların fenotipik değerlerindeki varyasyonlar genotipik değerlerdeki farklılıklarından kaynaklanmaktadır. Kantitatif karakterlerde gerçek genotipik değer doğrudan doğruya fenotipik değerden belirlenemez, çünkü çevresel etkiler sadece genotipten kaynaklanan bu katkıları engeller.

Genetik unsurun kendisi bazen eklemeli genetik unsur A ve dominant genetik unsur D nin toplamı olarak aşağıdaki gibi ifade edilebilir

$$G=A+D.$$

A ve D sembolleri sırasıyla, karakterin ifadesinde bulunan lokuslar üzerinden toplanan gen etkilerinin eklemeli ve dominant unsurudur. Şansa bağlı çiftleştirilen bir populasyonda, A ve D nin arasında korelasyon olmadığı gösterilebilir ve G ve E arasındaki korelasyon genel olarak sıfır varsayılır, fakat bunu doğrulamak her zaman kolay değildir (Falconer 1989). İki allele sahip tek bir lokus için, ortalama gen etkisi bir ebeveynden o geni alan bireylerin populasyon ortalamasından ortalama sapmasıdır,

diğer ebeveynlerden alınan gen, popülasyondan şansa bağılı olarak gelmektedir (Falconer 1989). Her bir lokusda ve karakteri determine eden bütün lokuslar için her iki allel üzerinden ortalama genetik etkilerinin toplamı o bireyin *damızlık değeri* olarak adlandırılır. Bu damızlık değeri, ilgi duyulan karakteri etkileyen genlerin sadece eklemeli etkilerinden kaynaklanan genotipik değerdir. Seleksiyondan elde edilen kalıcı genetik kazanç katkıda bulunan, eklemeli etkidir. Bundan dolayı, hayvan ıslahçısının genetik kazanç elde etmek amacıyla ıslah için en iyi hayvanları seçmede kullanmayı arzu ettiği değer, esas itibarıyla damızlık değeridir.

Eklemeli olmayan genetik etkiler lokuslar arası ve alleler arası interaksiyonların bir sonucudur. Bu etkiler bireyin damızlık değeri ile temsil edildiği üzere onun genetik potansiyelini engelleyebilirler. Bundan dolayı G 'nin bu unsurları çevresel etkilerle birlikte gruplandırılabilirler. Bu durumda fenotipik değer aşağıdaki gibidir

$$P=A+R_m.$$

Burada R_m kesinlikle genetik olmayan veya eklemeli olmayan faktörlerin tamamını ifade eden terimdir. Eklemeli genotip olarak atfedilen damızlık değer A , σ_g^2 ile gösterilen varyansa sahiptir. Bazı tür çiftlik hayvanları için ıslah neredeyse tamamen genetik varyasyonun eklemeli kısmına bağlıdır. Bu, esas itibarıyla süt sığırları için geçerlidir. Diğer türlerde, birkaç karakterde heterosis görülmüştür ve bunun etkileri bir özellikten diğerine yığılmalı biçimdedir. Bu türler için, eklemeli genetik etkinin yanısıra eklemeli olmayan genetik etkiler de ıslah için önem arzeder.

Yetiştirici, üzerinde durulan karakterler bakımından verimi arttırabilmek için yüksek verimli hayvanları damızlığa ayırıp, gelecek generasyonların bunların döllerinden oluşmasını sağlamalıdır. Nitekim damızlığa ayrılan hayvanlar sahip oldukları genlerin bir bölümünü döllerine aktaracaklar, böylece yüksek verimi sağlayan genlere sahip olan döllerde yüksek verimli olacaklar ve ortalamayı yükselteceklerdir. Hayvan ıslahı çalışmalarında en büyük problem, damızlık adaylarına ve akrabalarına ait bilginin bir araya getirilerek en az hata ile damızlık değerlerinin belirlenmesidir. Henüz hayvanların genotipik değerleri doğrudan ölçülememektedir. Bu nedenle bireylerin genotipik değerlerinin, kendilerine ve akrabalarına ait gözlem değerlerinden yararlanarak tahmin edilmesi gerekir.

Genotipik değeri yüksek hayvanların damızlık olarak seçilmeleri ve gelecek kuşağı oluşturmak üzere bu hayvanlara şans verilmesi anlamına gelen seleksiyon yoluyla populasyonda üzerinde durulan karakter için genetik seviyenin yükseltilmesi olanaklıdır. Seleksiyon ile hayvanların ekonomik değerlerinin arttırılmasının yanı sıra, populasyon içinde arzu edilen genlerin frekansları da yükseltilebilir. Arzu edilmeyen özelliklere sahip hayvanların sürüden uzaklaştırılmaları ve döl vermelerinin engellenmesi ile istenmeyen genlerin frekansları populasyonda azaltılır. Yetersiz hayvanların bu şekilde populasyondan uzaklaştırılmalarına ayıklama denilir. Seleksiyon amacı olarak; uzun ömür, hastalıklara dayanıklılık, iyi sağım, iyi sütçü tip, erkeklerde yüksek besi kabiliyeti gibi farklı karakterler üzerinde durulabilir. Bu nedenlerden dolayı genellikle seleksiyon yaparken aynı anda birden fazla karakter üzerinde durulur. Bu durumda adaylara ait farklı karakterleri, farklı kaynaklardan gelen bilgilerle ilişkilendirip, nasıl tek ve bireyleri birbiriyle karşılaştırılabilir kılan bir değer elde edilebilir sorusuna cevap vermek gerekir. Seleksiyon indeksi bu sorunun cevabıdır. Seleksiyon indeksi ile ilgili yapılan çalışmalar daha çok ilk ortaya konduğu şekliyle, birden fazla karakter esas alınacak şekilde yapılmıştır. Bununla birlikte Henderson'un (1963) bildirdiği üzere tek karakter için seleksiyon yapılırken de seleksiyon indeksi kullanılabilir. Özellikle döl kontrolü yapılarak suni tohumlama için kullanılacak aday boğaların seleksiyonunda tek karakter için seleksiyon indeks yöntemi kullanılmaktadır.

Populasyonda üzerinde durulan karakter bakımından damızlıkta kullanılacak hayvanların genetik yapılarının tahmininde yararlanılan damızlık değeri ve seleksiyon indekslerinin hesaplanmasında varyans unsurlarından yararlanılır. Dolayısı ile varyans unsurları hayvan ıslahı çalışmalarında büyük bir öneme sahiptir. Varyans unsurlarının tahmin yöntemleri özellikle verilerin dengeli ve dengesiz olmasına bağlı olarak farklı sonuçlar vermektedir. Henderson'un (1953) I, II ve III nolu yöntemleri uzunca bir süre varyans unsurlarının tahmini için kullanılmıştır. Geçtiğimiz 40 yıl içerisinde matematik, istatistik ve bilişim teknolojilerindeki gelişmelere bağlı olarak farklı varyans unsurları tahmin yöntemleri geliştirilmiştir. Özellikle Hartley ve Rao (1967) tarafından ortaya konan REML yöntemi ANOVA'nın sahip olduğu dezavantajlara sahip olmaması nedeniyle kademeli olarak ANOVA'nın yerini almaya başlamıştır.

Seleksiyon indeksi ile ilgili yapılan çalışmaların pek çoğu birden fazla karakter için yapılmıştır (Sales ve Hill 1976). Bu çalışma tek karakter bakımından seleksiyon indeksi için yapılmıştır. Ayrıca literatürde seleksiyon indeksi ile ilgili çalışmalarda varyans unsurları tahmini için ANOVA haricinde bir yöntem kullanıldığı rastlanmamıştır. ML ve REML'in üstünlüğünü seleksiyon indeksi için ispatlamak yine bu çalışmanın amaçlarındandır. Üzerinde durulan varyans analiz yöntemlerine ek olarak minimum kuadratik yansız tahmin edicileri (MINQUE) ve minimum kuadratik yansız varyans tahmin edicileri (MIVQUE) yöntemlerinden de bahsedilebilirdi. ML ve REML yanlıdır fakat negatif varyans tahmini vermezler. MINQUE ve MIVQUE ise yansızdırlar fakat negatif varyans tahmini verebilirler (Searle vd 1992). Özellikle negatif varyans tahminleri hayvan ıslahı çalışmalarında istenmeyen sonuçlara yol açarlar. Örneğin, bu forma sahip varyanslarla oluşturulmuş kalıtım dereceleri kullanılarak oluşturulan seleksiyon indekslerine bağlı olarak yapılan seleksiyon, genotipik olarak vasıfsız hayvanların da seçimine yol açabilir. Bu bağlamda ML ve REML yöntemleri tercih edilmiştir. Mevcut tüm yöntemlerin avantajlarına sahip olan fakat dezavantajlarına sahip olmayan bir yöntem, Bayesian yöntemi ise çalışmanın dışında tutulmuştur. Halen uygulamada REML yöntemi basit ve uygulanabilir olması nedeniyle kullanılmakta ve yaygınlığı giderek artmaktadır. Bayesian yönteminin istatistiksel üstünlüğü, numerik integral yöntemlerine ihtiyaç göstermesi, anlaşılmasının güç olması gibi nedenlerden dolayı göz ardı edilmektedir. Bununla birlikte yakın bir gelecekte Bayesian yöntemlerinin mevcut diğer yöntemlerin yerini alması beklenmektedir.

Bu çalışmada seleksiyon indeksleri basit şansa bağlı boğa modeli kullanılarak farklı aile büyüklükleri ve kalıtım dereceleri için yapılan Monte Carlo simülasyonu ile oluşturulmuş, üç farklı varyans analiz yöntemi, ANOVA, ML ve REML yöntemlerinin seleksiyon indekslerine etkileri araştırılmıştır. Model ve Monte Carlo simülasyonu Materyal ve Metot kısmında açıklanmıştır. Yine bu üç yöntemden elde edilen varyans unsurlarıyla oluşturulmuş; tahmin edilen, başarılı ve optimal genetik ilerlemeler karşılaştırılmıştır. ANOVA tahmin edicilerinin negatif tahmin olasılıkları, teorik ve ampirik olarak hesaplanmış, teksel seleksiyon ve seleksiyon indeksi karşılaştırılmıştır. Analiz sonuçları, Bulgular ve Tartışma bölümünde çizelge ve şekiller olarak sunulmuş, Sonuç bölümünde ise, elde edilen bulguların kullanım olanakları üzerinde durulmuştur.

2. KURAMSAL BİLGİLER ve KAYNAK TARAMALARI

2.1. Varyans Unsurları ve Tarihçesi

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

Deneme desenlerine göre kurulmuş seleksiyon denemelerinde veya alan kayıtlarından elde edilen hayvan ıslahı verilerinin istatistiksel analizi, hayvan ıslahı ve genetik araştırmalarında önem arz etmektedir. Son yıllarda bilgisayar teknolojisindeki ilerlemelere paralel olarak istatistik yöntemlerde de hızlı gelişmeler olmuş ve daha karmaşık gerçekçi modeller seçmek ve analitik yaklaşımlara başvurmaksızın yorumlamaya ilişkin problemleri çözmek olanaklı hale gelmiştir.

Ölçüm hatasının doğası, değişkenliği ve boyutunu anlamak hayvan ıslahçısı için oldukça önem arz etmektedir. Değişkenliğin ölçümü aşağıdaki önemli kullanımlara sahiptir:

- i. kalıtım derecesi ve bir ıslah veya seleksiyon programından elde edilen genetik ilerleme gibi deneysel materyal hakkında bilgi temin etmede, ıslah veya

seleksiyon programlarını optimize edecek varyanslar hakkında bilgi sağlamada;

ii. bireysel denemelerin analizinde ve

iii. birçok farklı denemeden elde edilen bilgiyi birleştirmede (Bek vd 1998).

Deneysel hatanın birçok farklı kaynaktan ortaya çıkabileceği fikri ve bu kaynakların belirlenmesinin önemi uzun zamandır bilinmektedir. Bu düşüncenin orijini astronomi ile ilgili problemlerde yatmaktadır. Legendre (1806) ve Gauss (1809) en küçük kareler yöntemini birbirlerinden bağımsız olarak bulmuşlardır (Searle vd 1992). En küçük kareler yöntemi genel regresyon modellerinde kullanılmaktadır. Seleksiyon indekslerinde b 'ler kısmi regresyon katsayılarıdır ve elde edilirken en küçük kareler yönteminden yararlanılır. Scheffe'nin (1956) bildirdiği üzere her iki yazarda model yazmamakla birlikte, günümüzde sabit etkiler modeli olarak adlandırılan model üzerinde çalışmışlardır. Bununla birlikte rasgele etkili modellerin yazımı yine astronomik çalışmalardan köken alır. Scheffe'nin (1956) bildirdiği üzere ilk rasgele model Airy'e (1861) ait olup aşağıda verilmiştir

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij}.$$

Bu modelde μ genel ortalama, α_i sabit hata olup günümüzde i . faktöre (gece) ait etki olarak adlandırılır ve e_{ij} birbirinden bağımsız dağılmış rasgele etkiler olup günümüzde hata olarak adlandırılmaktadır.

Biyolojik bilimlerde kullanımı ise sürekli karakterlerin kalıtsallığını tanımlamak için kantitatif genetik teorilerle uğraşan istatistikçiler tarafından geliştirilmiştir. Daha sonra, varyans unsuru terimi, Fisher (1935) tarafından toplam hata varyansına katkıda bulunan hata varyansını tanımlamak için bulunmuştur.

Tesadüf etkileri modelleri olarak da bilinen varyans unsurları modellerinin ilk uygulamaları esas itibarıyla genetik ve örnekleme desenlerinde olmuştur. Yöntemler, dengeli veriler veya tek faktör ile sınıflandırılmış dengesiz veriler için kısıtlı olmuştur.

Varyans unsurlarının tahminleri hayvan ıslahında çok sıkça kullanılmıştır. Kullanım amaçlarının bazıları aşağıdaki gibidir;

- i. seleksiyon indekslerinin oluşturulması,
- ii. karışık model BLUP'ın (en iyi doğrusal yansız tahmin edici) hesaplanması,
- iii. ıslah programlarının planlanması,
- iv. kantitatif karakterlerin genetik mekanizmalarının yorumu (Bek vd 1998).

Örneğin hayvan ıslahçısının kalıtım derecesini tahmin etmesi gerekebilir. Bu parametre, genetik varyansın, genetik ve çevresel varyansların toplamına oranı olduğundan, kalıtım derecesi ve diğer genetik parametreler tahmin edilmeden önce toplam varyans unsurlarına parçalanmak zorundadır.

Genetik ve çevresel varyans modellerinin istatistiksel analiz yöntemleri, teori ve daha çok hesaplamalardaki ilerlemelere bağlı olarak yüzyıl boyunca gelişmiştir. Son 40 yılda varyans unsurlarının tahmini için birçok yöntem geliştirilmiştir. Örneğin; Varyans Analizi (ANOVA) ve olabilirlik teorisine dayalı metotlar özellikle Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik (REML) ve Bayesian yöntemleri. Bilgisayar teknolojisindeki hızlı ilerlemeler ve Henderson'un (1984) karışık model eşitliklerine dayanan basit etkili algoritmaların yaygınlaşması nedeni ile Patterson ve Thompson (1971) tarafından tanıtılan REML metodu, hayvan ıslahında doğrusal karışık modellerin varyans unsurlarını tahmin etmede en çok kullanılan metot olmuştur (Fırat 1995). Maksimum olabilirlik teorisine dayalı metotlarla elde edilen parametre tahminleri daima taşıdıkları istatistiki özellikler yönünden oldukça etkilidir.

Son yıllarda varyans unsurlarını tahmin etmek için maksimum olabilirlik (ML) ve kısıtlanmış maksimum olabilirlik (REML) yöntemleri önem kazanmıştır. Maksimum olabilirlik yöntemleri ilk kez Crump (1951) tarafından önerilmiş ve Hartley ve Rao (1967) tarafından genel şekliyle ortaya konulmuştur. Fırat (1995) tarafından bildirildiğine göre Maksimum olabilirlik yaklaşımının avantajları, kavramsal olarak basit, daima iyi tanımlanmış olması ve verilerin yapısı veya dengeli olması ile ilgili varsayımlara ihtiyaç göstermemesidir, tahmin edicileri her türlü yeterli (sufficient) istatistiğin fonksiyonlarıdır ve tutarlı olarak normal ve etkilidirler. Buna ilaveten,

varyans unsurlarının fonksiyonlarının (örneğin kalıtım derecesi) tahminleri, yaklaşık standart hataları ile birlikte kolaylıkla elde edilirler. Daha önemlisi, bazı dengesiz deneme desenleri için maksimum olabilirlik tahmin edicileri ile yakından ilişkili varyans unsuru tahmin edicileri mevcuttur. Bunlar Henderson'un tahmin edicilerinden daha küçük varyansa sahiptirler (Bek vd 1998).

Dengeli verilerde ML tahmin edicilerinin ANOVA tahmin edicilerinden farklı olması bir dezavantaj olarak görülmektedir. Halbuki, ANOVA tahmin edicilerinin dengeli verilerde en iyi kuadratik yansız tahmin edici olduğu gösterilmiştir (Graybill ve Hultquist 1961). Bek vd (1998) bildirdiği üzere ML tahmin edicileri genellikle aşağı doğru yanlıdır, çünkü bu yöntem sabit etkilerden kaynaklanan serbestlik derecesindeki kaybı dikkate almaz. REML'da kuadratik formlar varyans unsurlarının fonksiyonu, beklenen değerler doğrusal değil ve negatif tahmini önleyen kısıtlamanın olmasına karşın, Henderson'un yöntemlerinde kuadratik formlar varyans unsurlarından bağımsız, beklenen değerler lineer ve varyans unsurlarının negatif tahminleri elde edilebilir (Bek vd 1998).

Fırat (1997) tarafından bildirildiğine göre; ANOVA'nın aksine, ML ve REML'in her ikisi de, herhangi bir karışık veya tesadüf modeli ile kullanılabilen dengesiz verilerden varyans unsurları tahmin eden yöntemlerdir ve bu yöntemler, kovaryeteye sahip olan veya olmayan iç-içe sınıflandırılmaların analizini yapabilirler.

REML'in esası, ML'den kaynaklanan yanlılığı azaltırken olabilirliğe dayalı bir tahmin edici elde etmesidir. Bununla birlikte, REML tahmin edicileri de yanlıdır ve bunlar kısmi olabilirlikten elde edildiklerinden ML'nin varyans tahminlerinden daha büyük tahminler beklenmelidir (Gianola ve Foulley 1990). Örneğin, dengeli verilerin tek yönlü varyans unsurları modelinden, REML eşitliklerinin çözümü yansızdır. Fakat, REML tahmin edicilerini elde etmek üzere bu çözümleri adapte eden yöntem, varyansın yukarı doğru yanlı bir tahmin edicisini verir (Searle 1989).

Harville ve Callanan (1990) karışık doğrusal modellerden varyans unsurlarını tahmin etmek için kullanılan olabilirlik teorisine dayalı yöntemlerin, özellikle REML'in, hayvan ıslahçıları ve diğer uygulamalı bilim adamları arasında sıkça tercih edildiğini

bildirmişlerdir. Bunun nedeni, bilgisayar teknolojisindeki hızlı gelişmeler ve Henderson'un (1984) karışık model eşitliklerine dayalı basit ve etkili algoritmaların mevcut olmasıdır. REML yöntemi seleksiyondan kaynaklanan yanlılığı kontrol etmek için oldukça yüksek güce sahip olduğundan, bu yöntem hayvan ıslahında arzu edilen bir metot olarak kabul edilmiş ve Henderson'un (1953) metotlarını kullanan ANOVA kademeli olarak yerini bu yönteme terk etmiştir.

Harville (1977) varyans unsuru tahmini için maksimum olabilirlik yaklaşımlarının kapsamlı bir incelemesini yapmıştır. Bu yaklaşımlar modelde birkaç tesadüfi etkinin olmasına izin verirler ve olabilirlik fonksiyonunu sadece sabit etkilere bağlı olmayan kısmını varyanslara göre maksimize ederler. Böylece, Patterson ve Thompson (1971), sabit etkilerin tahmininde kayıp olan serbestlik derecelerini dikkate alan bir tahmin edici elde etmişlerdir. REML tahminlerinin uygun parametre uzayı içinde olmasına rağmen, asimptotik normal dağılımlarına dayalı güven aralıkları negatif değerler içerebilir (Gianola ve Foulley 1990). Bu durum genellikle olabilirliğe dayalı yöntemlerin tartışılmasında göz ardı edilmiştir.

Fırat (1997) tarafından Kısıtlanmış maksimum olabilirlik metodunun, Maksimum olabilirlik metodundan en önemli üstünlüğü şöyle açıklanmıştır; Maksimum olabilirlik metodunda sabit etkilerin tahminine karşılık gelen serbestlik dereceleri dikkate alınmaz. Kısıtlanmış maksimum olabilirlik tahmin edicileri, olabilirlik fonksiyonunun sadece şansa bağlı olan kısmının maksimize edilmesinden elde edildiklerinden, böyle fonksiyonların varyans unsurlarını elde etmek için maksimumun bulunması oldukça karmaşıktır (Searle 1987). Yine Fırat'ın (1997) bildirdiği üzere, literatürde REML'in üstünlüğünü göstermek için kullanılan ifadeler tam manasıyla açık değildir, özellikle, neden olabilirlik fonksiyonunun maksimizasyonunun sabit etkilere bağlı olmayan kısım ile sınırlı tutulduğu ve fonksiyonun geri kalan kısmının bilgi kaybı olmaksızın atılması gerektiğini anlamak oldukça güçtür.

2.2. Seleksiyon İndeksi ve Tarihçesi

Seleksiyon indeksi hayvan ıslahında genellikle gözlemlerin doğrusal bir kombinasyonu olarak ifade edilir. Elde edilen bu değer hayvanları seleksiyon için sıralarken bir kriter olarak kullanılabilir. Seleksiyon indeksi ilk olarak Smith (1936)

tarafından bitki ıslahı çalışmalarında kullanılmıştır. Smith ilk çalışmalarında seleksiyon indeksi prosedürünü bireylerin toplam genotipik değerini, üzerinde durulan karakterler bakımından ekonomik değerleriyle ağırlıklandırmış ve eklemeli kombinasyonlar şeklinde ifade etmiştir. Bununla birlikte Kempthorne'nun (1957) bildirdiği üzere Smith'in prosedürünün uygulanamayacağı bazı durumlar söz konusudur. Bazı durumlarda bir karaktere ait ekonomik değer farklı karakterlerin seviyelerine bağlı olabilir ve bazı durumlarda da karaktere ait ekonomik değerler doğrusal olmayabilir.

Literatürsel olarak hayvan ıslahı çalışmalarında seleksiyon indeksi ilk olarak Hazel (1943) tarafından ortaya konmuştur. Bununla birlikte Hazel ve Lush (1942) daha önceden bu konu üzerinde çalışmışlardı. Hazel ve Lush (1942) birden fazla karakter bakımından seleksiyon yaparken teksele, bağımsız seleksiyon sınırları ve seleksiyon indeksi yöntemlerini karşılaştırmışlar ve seleksiyon indeksinin en azından diğerlerine eşit veya daha iyi olduğu sonucuna varmışlardır.

Farklı koşullara uygun olarak geliştirilmiş pek çok seleksiyon yöntemi mevcuttur. Optimal şartlar altında seleksiyon indeks yöntemi diğer yöntemlerden daha doğru seleksiyon kararlarının eldesini mümkün kılmaktadır (Hazel ve Lush 1942). Seleksiyon indeksinin bazı avantajları Falconer (1989) tarafından özetlenmiştir.

- i. Bireye ait damızlık değeri, A , ve tahmini, I , arasındaki korelasyon, r_{AI} maksimize edilir.
- ii. Seleksiyon indeksinin tüm fonksiyonları için A ve P 'ya ait farkın beklenen değerleri minimize olur.
- iii. Seleksiyon için indeks kriter alındığında en yüksek damızlık değere sahip bireyleri seçme olasılığı maksimize olur.
- iv. İndeks, seleksiyon kriteri olarak kullanıldığında elde edilen genetik ilerleme maksimum olur.

Birden fazla karakter için kullanıla gelen seleksiyon yöntemleri aşağıda kısaca özetlenmiştir (Chapman 1985, Düzgüneş vd 1996, Kumlu 1999).

2.2.1. Teksel seleksiyon

Uygulanması en kolay olan yöntemdir. Burada temel ilke istenilen özelliklerin teker teker ele alınarak her bir karakterde arzu edilen düzeye erişilene kadar seleksiyona devam edilmesidir. Generasyonlar arası süresi uzun olan türler için zaman, bu yöntem için bir dezavantajdır.

Karakterler arasında görülme ihtimali olan negatif ilişkiler bu yöntem için sakınca arz eden bir başka faktördür.

2.2.2. Bağımsız seleksiyon sınırları

Bu metotta, ele alınan her bir karakter için belli bir sınır belirlenir. Üzerinde durulan karakterlerden herhangi biri bakımından tespit edilen düzeyin altında kalan fertler damızlık dışı bırakılır. Her bir karakter için sınır düzeyin konulmasında o karakterin kalıtım derecesi, ekonomik değeri ve damızlık olarak ayrılacak hayvanların oranı önem kazanır. Bu nedenle metodun başarılı olabilmesi için seleksiyon uygulanan karakterin azlığı ve damızlık oranının düşüklüğü önemlidir. Karakter sayısının artması ve damızlık olarak ayrılan hayvanların sayısının artmasıyla metodun etkinliği azalır. Bağımsız seleksiyon sınırları yönteminin en büyük avantajı adayların farklı dönemlerde seçilme imkanlarının olmasındandır. Böylece sınırı aşamayan bir adayın lüzumsuz yere elde tutulması gerekmez.

Bununla birlikte daha az önemli bir karakter bakımından sınırın altında kalan fakat diğer sınırlar için üstün hayvanların damızlık dışı bırakılması bu yöntemin dezavantajıdır.

2.2.3. Seleksiyon İndeksi yöntemi

İndeks yöntemi teksel seleksiyon ve bağımsız seleksiyon sınırları yöntemlerinin sakıncalarını ortadan kaldırmak amacıyla geliştirilmiş bir yöntemdir. Seleksiyon indeksi I aşağıdaki gibi verilebilir

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n$$

Buradaki b 'ler kısmi regresyon katsayısı olup klasik yöntemlerle hesaplanabilir. x ise üzerinde durulan karakterin ortalamadan sapmasını ifade eder. Bu uygulamanın başarısı her birey için hesaplanan indeks değeri ile söz konusu özelliklerin hepsini kapsayan genotipik değer arasındaki ilişkinin yüksekliğine bağlıdır. Kısaca indeks değeri, her hayvan için bütün önemli karakterlerini uygun şekilde değerlendirip, bütün hayvanlarla karşılaştırabilecek tek bir rakamla ifadesine dayanır.

Bu metodda bütün önemli karakterler bir arada ele alındığından çoğu karakterlerde üstün ancak bir karakterde zayıf olan hayvanın saf dışı bırakılması önlenmiş olur. Bu yöntemle çalışılabilmesi için populasyon parametrelerinin ve ekonomik katsayıların biliniyor olması gereklidir.

İndeks metodu bağımsız seleksiyon sınırları yönteminden $\sqrt{t}$ kadar daha etkilidir. Buna göre t seleksiyonda dikkate alınan karakter sayısını belirtir. İndeks metodunun sakıncalı bir yönü; seleksiyonda söz konusu bütün karakterlerin değerlendirmeye alınabilmesi için hayvanların en son verim kaydı tespit edilene kadar elde tutulmalarından doğmaktadır. Bu nedenle masraflar bir miktar artar.

Young (1961) farklı kriterleri baz alarak aynı yöntemleri karşılaştırmış ve aynı sonuca varmıştır. Falconer (1989) tarafından bildirildiğine göre indeks yönteminin etkinliğini ve diğer seleksiyon yöntemlerinden üstünlüğü üzerine literatürde pek çok çalışma mevcuttur.

Hazel (1943) ilk olarak seleksiyon indeks yöntemini; üzerinde durulan karakterleri ekonomik katsayılarıyla ağırlıklandırıp, gözlemlerin doğrusal kombinasyonu olarak ifade edilmesi esasına dayandırmıştır. Bununla birlikte ekonomik katsayıların seçilmesi pek çok faktörden etkilenmektedir. Örneğin; ulaşım, sıcaklık, nem, yem hammaddelerinin üretim olanakları, ulusal alışkanlıklar, ülkenin ekonomik sistemi, hedeflenen satış stratejileri gibi. Bu faktörlere bağlı olarak ortaya çıkabilecek olan değişimler seleksiyon süreci sona ermeden amaçların değişmesine sebep olmaktadır.

Hazel'e (1943) ait seleksiyon indeksi teorisi süreç içerisinde pek çok modifikasyona uğramıştır. Bu modifikasyonlardan ilki kendi öğrencisi olan Henderson tarafından

ortaya konmuştur. Henderson seleksiyon indeks teorisini basamaklamıştır. İlk adım olarak her bir karaktere ait olan damızlık değerler hesaplanıp, daha sonraki adımda elde edilen damızlık değerler ekonomik katsayılarla ağırlıklandırılmıştır. Bu basamaklama iki önemli sonuca yol açmıştır. Damızlık değerlerinin daha doğru ve kompleks modellerden tahminine olanak sağlayan BLUP prosedürünün uygulanabilmesi ve damızlık değerinin tekrar hesaplanmasına gerek kalmaksızın farklı seleksiyon amaçları için farklı ekonomik katsayılarının kullanılabilmesi. Ekonomik katsayıların değişkenliği sorunu için farklı bir yaklaşım ise doğrusal olmayan ve kısıtlanmış seleksiyon indeks yöntemleridir (Brascamb 1977). Bu tip yaklaşımlara sahip seleksiyon programlarında karakterler ile ekonomik değerlerinden daha çok ilgilenilir.

Henderson (1963) seleksiyon indeksinin kullanım alanlarını şu şekilde özetlemiştir;

- i. tek karakter bakımından seleksiyon yapılırken bireye ve akrabalarına ait bilginin kullanılmasında
- ii. iki veya daha fazla karakter bakımından seleksiyon yaparken bireye ait bilginin kullanılmasında
- iii. iki veya daha fazla karakter bakımından seleksiyon yaparken bireye ve akrabalarına ait bilginin kombinasyonunda.

Esasen seleksiyon indeksi; sözü geçen yazarlar tarafından bireylerin ve/veya akrabalarının bilgilerini içine alarak, üzerinde durulan karakterlerin doğrusal tartılı fonksiyonları şeklinde ifadesine dayandırılmıştır. Böylece en iyi bireylerin seçilmesine olanak sağlanacak ve en iyi döllerin eldesi mümkün olacaktır. Teori; dağılımın şekli, fenotipik ve genotipik parametrelerin bilindiği varsayımına dayanmaktadır. Ayrıca popülasyonun sonsuz büyüklükte olduğu kabul edilmektedir. Bununla birlikte uygulamada sonsuz büyüklükte popülasyonlardan bahsetmek olanaklı değildir. Bu varsayımlar istatistik prensiplerinin çalışabilmeleri için gereklidir. Ayrıca parametreler yerine istatistiklerle inşa edilmiş seleksiyon indeksleri kullanılmaktadır. Bu ise seleksiyon indeksinin etkinliğini azaltan bir durumdur (Williams 1962 a, b; Harris 1964; Sales ve Hill 1976, 1977). Eklemeli genetik değer genellikle seleksiyonun temel amacıdır. Farklı seleksiyon amaçları indeksin farklı tanımlanmasını gerektirir. Seleksiyon indeks yöntemi farklı amaçlar için kullanılabilir. Young ve Tallis (1961)

indeksi farklı karakterlerin verim ömürleri için, Robinson ve Bray (1965) indeksi döllerin toplam fenotipik ekonomik değerlerini belirlemek için kullanmıştır.

Sales ve Hill (1976) parametre yerine istatistiklerin kullanılmasından kaynaklanan hatayı; birey ve baba bir öz kardeş ve üvey kardeş kayıtlarını kullanarak tek karakter bakımından indeks yöntemi ile seleksiyon yapıldığında genetik ilerlemeyi hesaplayarak tartışmışlardır ve optimal genetik ilerleme, tahmini genetik ilerleme ve başarılı genetik ilerlemeler hakkında bazı karşılaştırmalar yapmışlardır. Tek karakter bakımından birey ve baba bir öz kardeş ve/veya üvey kardeşlerine ait kayıtların kombinasyonu Lush (1947), hem baba, hem de üvey kardeş kayıtların kullanılması Osborne (1957) tarafından tartışılmıştır.

İndeksin inşası için genetik parametrelerin tahmini (istatistik) gereklidir. İstatistiklerin elde edilebilmesi için izlenebilecek en az iki yaklaşım vardır. Biri, literatürden elde edilen bilgiye dayanan bir ön (prior) değer kullanmaktır. Soransen ve Kennedy (1984) karışık model eşitliklerini kullanarak genetik ilerlemeyi hesaplamak için simülasyonlarında yanlış bir prior değer kullanımı test etmişlerdir. Henderson (1975), prior değer sabit olarak alındığında damızlık değerlerinin tahmininin yanlış olduğunu göstermiştir. Diğer yaklaşım verilerden bir tahmin elde etmektir. REML tahmini veya diğer bir tahmin kullanılarak esas popülasyonun kalıtım derecesinin bir tahmini elde edilebilir. Bu tahmin daha sonra genetik ilerlemeyi hesaplamak için karışık model eşitliklerinde kullanılabilir. Bilinmeyen varyanslara olabilirlik tahminlerini atayarak hesaplanan genetik ilerlemenin, BLUP tahmin edicisinin istatistiksel özelliklerinin prior kalıtım derecesinin tahmin edildiği yöneme bağlı olacağını beklemek mantıklı bir iştir. Optimal genetik ilerleme ancak parametreler mevcut ise elde edilebilir. Aksi takdirde bazı kayıplara göz yumulması gerekebilir. Parametreler yerine istatistiklerin kullanılmasından kaynaklanan kayıp Harris (1963, 1964) ve Mao (1971) tarafından incelenmiştir. Sözü geçen yazarlar tarafından yapılan çalışmalar birden fazla karakter için yapılmıştır.

Karakterlerin çoğunlukla normal dağılıma sahip olduğu kabul edilir. Bununla birlikte uygulamada farklı dağılımlara sahip karakterlerde mevcuttur. Örneğin döl verimi. Bu konu Dempster ve Lerner (1950), Ronningen (1976), Danell ve Ronningen (1981)

tarafından indeksin etkinliđi iki karakterden bir tanesi binom dađılışı göstermesi durumunda incelenmiř, karakterler arası interaksiyonun karmařık ve tahmininin oldukça g olduđu sonucuna varmıřlardır.

Basit biimde planlanan bir denemede genetik ilerleme, en kk kareler yntemleri kullanarak, seilen ebeveynlerin dllerinin fenotipik ortalaması olarak tahmin edilebilir. Soransen ve Kennedy (1984), genetik ilerlemeyi en kk kareler tahmin edicileri ve karıřık model yntemlerine dayalı alternatif bir tahmin edicinin zelliklerini hesaplayarak sonuları tartıřmıř ve karřılařtırmıřtır. Soransen ve Kennedy (1986) bilgisayar simulasyonu kullanarak daha nceki sonularını geniřletmiřler.

Genetik ilerlemeyi tahmin etmenin alternatif bir yolu karıřık model yaklařımını kullanmaktır. Henderson (1975), seleksiyon gemiř performansı esas alarak ayıklamayı ierdiđi zaman, bu durumda belirli kořullar altında seleksiyon yapılmaksızın karıřık model eřitliklerinin sabit etkilerinin tahmin edilebilir fonksiyonlarının en iyi dođrusal yansız tahmin edicilerini (BLUE) ve modelin řansa bađlı etkilerinin en iyi dođrusal yansız tahmin edicilerini (BLUP) verdiđini gstermiřtir. Gerekte, bu tahmin edicilerin her ikisi de seleksiyon olmadıđı varsayılırsa birbirinin aynısıdır. Bu kořullar řunlardır;

- i. model dođru bir modeldir,
- ii. seleksiyon kayıtların dođrusal bir fonksiyonudur,
- iii. seleksiyondan nce řansa bađlı etkilere ait varyansların oranları bilinmektedir,
- iv. seleksiyondan nce řansa bađlı etkiler ok deđiřkenli normal dađılıř gsterirler,
- v. seleksiyon modeldeki sabit etkilere etki etmez.

iftlik hayvanlarında birok seleksiyon programları, damızlık deđerlerini tahmin ve seleksiyon iin hayvanları sıralamada karıřık model eřitliklerini kullanan BLUP esas alınarak yapılır. BLUP'ın iii) nolu kořulu seleksiyon indeksi ile aynıdır. Bundan dolayı, uygun bireylerin genetik deđerlerinin BLUP'ın ortalaması olarak hesaplanan damızlık deđerleri ve genetik ortalamalarının tahminleri kalıtım derecesi gibi varyans oranlarına bađlıdır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Deneme Deseni ve Model

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

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

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

Bu, baba bir üvey kardeş ailelerinin üyelerinden tek bir karakterden elde edilen gözlemlerin modeli olup, s boğanın olduğu ve bunların her birinin farklı analardan n tane dölle sahip olduğu varsayılmıştır. Bu modelde, y_{ij} i 'inci boğa ailesinin j 'inci dölüne ait fenotipik değer, μ genel ortalama, s_i i 'inci boğaya ait rasgele etki ve e_{ij} baba bir üvey kardeş familyaları içi değişkenliği temsil eden hata terimidir. Şansa bağlı etkiler s_i ve e_{ij} karşılıklı olarak birbirlerinden bağımsız dağılıp gösterirler ve $s_i \sim N(0, \sigma_s^2)$, $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$ ve $Cov(s_i, e_{ij})=0$. Böylece $y_{ij} \sim N(\mu, \sigma_s^2 + \sigma_e^2)$ 'dir. Burada σ_s^2 ve σ_e^2 varyans unsurları olup, sırasıyla boğa ve hata varyanslarını temsil eder.

Model (1)'e ait diğer varsayımlar aşağıdadır. Hatalar arasındaki bütün kovaryanslar sıfırdır:

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

Buna benzer şekilde, s_i terimleri için aşağıdaki kovaryans verilebilir.

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

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

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

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

3.2. Monte Carlo Simulasyonu

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

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

Bu durumda fenotipik değerlerin ortalaması μ ve varyansı $\sigma_p^2 = \sigma_s^2 + \sigma_e^2$ olacaktır. Bu simulasyonda μ sabit değeri 0 ve fenotipik varyans $\sigma_p^2 = 1$ olarak alınmıştır fakat kalıtım derecesi ($4\sigma_s^2 / \sigma_p^2$) farklı büyüklüklerde seçilmiştir. Burada dikkat edilmesi

gereken husus, tek bir boğa için $n+1$ adet şansa bağlı standart normal değerlerin birbirlerinden bağımsız olarak simüle edildikleridir. Böylece s_i ve e_{ij} 'lerin farklı kombinasyonlarının çarpımlarının beklenen değerleri sıfırdır.

3.3. Varyans Unsurlarının Tahmin Yöntemleri

3.3.1. Varyans analiz yöntemi (ANOVA)

Dengeli verilerden varyans unsurlarını tahmin etmenin temel prensibi, kareler ortalamalarını beklenen değerlerine eşitleyerek elde edilen doğrusal eşitlikler sistemini varyans unsurları için çözmektir. Örneğin, (1) nolu tek yönlü varyans unsurları modelinde gruplar arası ve gruplar içi kareler ortalamaları M_b ve M_w kendi beklenen değerlerine eşitlenmiştir. Sonuçları Çizelge 3.1' de verilen varyans analiz tablosu şeklinde özetlemek geleneksel hale gelmiştir. Bu çizelgeden elde edilen ANOVA tahmin edicileri, boğalar arası varyans σ_s^2 ve hata varyansı, σ_e^2 aşağıdaki gibidir.

$$\sigma_s^2 = (M_b - M_w) / n \text{ ve } \sigma_e^2 = M_w \quad (2)$$

ANOVA yöntemlerini kullanarak varyans unsurlarını tahmin etmede karşılaşılan problemler birçok yazarın dikkatini çekmiştir. Henderson (1953) varyans analiz yöntemini dengesiz veriler için genişletmiş ve o zamandan itibaren hayvan ıslahında varyans unsurlarının yansız tahminlerini elde etmek için kullanılan üç tane alternatif varyans unsurları tahmin yöntemi tanımlamıştır. Bu yöntemlerin tamamı, kareler ortalamalarının beklenen değerlerine eşitleme prensibine dayanmaktadır. Yöntemlerin her biri ANOVA yönteminin bir uygulamasıdır.

Çizelge 3.1. Varyans Analiz Tablosu

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

Yöntem I dengeli verilerdeki kareler toplamının benzeri olan dengesiz verilerdeki kareler toplamını kullanır; Yöntem II modelde mevcut olan tüm sabit etkiler için verilerde düzeltme yaptıktan sonra düzeltilmiş bu verilere Yöntem I'i uygular ve Yöntem III doğrusal bir model ve bunun alt modellerini uydurmadan elde edilen kareler toplamına dayanmaktadır (Bek vd 1998). Dengesiz verilerde, I ve II nolu yöntemler kullanılarak türetilen interaksiyonlara ait kareler toplamının pozitif olması gerekmez ve sonuçta elde edilen varyans unsurları negatif olabilir. Sabit ve şansa bağlı etkilerin her ikisine de sahip karışık bir model kullanılmasına izin veren III nolu yöntem, kareler toplamının negatif olma probleminin üstesinden gelse dahi varyans unsurlarının negatif tahminleri hala ortaya çıkabilir. Genellikle uygun olmayan bir modelin kullanılması negatif tahminler için sorumlu tutulmuştur, fakat model doğru olduğu zaman dahi negatif tahminler ortaya çıktığı için bu yaklaşım pek tatmin edici değildir (Fırat 1995).

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

ANOVA'ya dayalı birçok yöntemlerde, varyans unsurlarını tahmin etme sorunu, tekrarlanan örnekleme fikrinden yararlanarak analiz edilmiştir. Birçok bilim adamının dikkatini çeken esas sorun negatif varyans tahminleridir. Varyans unsurlarının nokta tahminleri pozitif olsa dahi, güven aralıkları negatif değerler içerebilir. Varyansın negatif tahmini sorunu (veya çoklu değişken durumunda negatif tanımlı kovaryans matrisi elde edilmesi) özellikle dikkat çekicidir ve tahmin yöntemlerinin tabiatında tahmin edicilerin negatif olmasını önleyecek hiçbir şey mevcut değildir. Diğer bir ifade ile, $\hat{\sigma}_e^2$ daima pozitif olmasına karşın, diğer tahmin ediciler negatif tahminler verebilir. Örneğin, tesadüf etkileri s_i ve e_{ij} kendi aralarında bağımsız olduğunu varsayan tek

yönlü varyans unsuru modeli (1)'de gruplar arası varyans σ_s^2 'nin yansız tahmin edicisi $\hat{\sigma}_s^2$ negatif bir değer olabilir.

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

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

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

Çoklu değişken analizinde bu durum daha da karmaşık olur. Hill ve Thompson'ın (1978) gösterdiği gibi varyans analizinden elde edilen genetik parametre tahminleri, büyük olasılıklarla genetik varyans matrisi tahmininin negatif tanımlı olmalarına yol açabilirler. Eğer bu matrisler daha sonra seleksiyon indekslerinin oluşturulmasında kullanılırsa anlamsız sonuçlar elde edilebilir.

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

getirilmesine oldukça duyarlı olduğunu ortaya koymuşlardır. Boğa varyansının tahmininin $(\hat{\sigma}_s^2)$ negatif olma olasılığı aşağıdaki denklem ile hesaplanır (Searle vd 1992)

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

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

3.3.2. Maksimum Olabilirlik yöntemi (ML)

Boğa modeli (1)'e ait olabilirlik fonksiyonu aşağıdaki gibi tanımlanabilir (Fırat ve Bek, 1997)

$$L(\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{1}{2}sn} (\sigma_e^2)^{\frac{1}{2}sn}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} \left[\sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \mu - s_i)^2 \right] \right\}. \quad (3)$$

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

$$L(\mu, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) \propto \int \dots \int L(\mu, \{s_i\}, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) ds_1 \dots ds_s$$

$$\propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}s(n-1)} (\sigma_e^2 + n\sigma_s^2)^{-\frac{1}{2}s} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \left[\frac{\sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_i)^2}{\sigma_e^2} + \frac{n \sum_{i=1}^s (\bar{y}_i - \mu)^2}{\sigma_e^2 + n\sigma_s^2} \right] \right\}. \quad (4)$$

Bazı matematiksel düzenlemeler sonucu (4) nolu fonksiyon hata kareler ve boğalar arası kareler toplamı formunda aşağıdaki gibi de yazılabilir. Buradaki *HKT* ve *BKT* Çizelge 3.1'de verilen hata kareler toplamı, S_w , ve boğalar arası kareler toplamı, S_b 'dir.

$$L(\mu, \sigma_s^2, \sigma_e^2 | \{y_{ij}\}) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}s(n-1)} (\sigma_e^2 + n\sigma_s^2)^{-\frac{1}{2}s} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \left[\frac{HKT}{\sigma_e^2} + \frac{BKT + sn(\bar{y}_.. - \mu)^2}{\sigma_e^2 + n\sigma_s^2} \right] \right\} \quad (5)$$

ML tahmin edicilerini elde edebilmek için önce (5) nolu fonksiyonun logaritması alınarak log olabilirlik fonksiyonu elde edilir. Bu fonksiyonun model parametrelerine göre kısmi türevlerini almak ve bu kısmi türevleri sıfıra eşitlemek suretiyle her bir parametrenin ML tahmin edicisi bulunur. Buna göre (5) nolu fonksiyonun logaritması aşağıda verilmiştir

$$l = \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\}) = \alpha - \frac{1}{2} s(n-1) \log(\sigma_e^2) - \frac{1}{2} s \log(\lambda) - \frac{HKT}{2\sigma_e^2} - \frac{BKT + sn(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{2\lambda} \quad (6)$$

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

$$\frac{\partial \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\})}{\partial \mu} = \frac{sn(\bar{y}_{..} - \mu)}{\lambda} \quad (7)$$

$$\frac{\partial \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\})}{\partial \sigma_e^2} = -\frac{s(n-1)}{2\sigma_e^2} + \frac{HKT}{2\sigma_e^4} = -\frac{s(n-1)}{2\sigma_e^4} \left[\sigma_e^2 - \frac{HKT}{s(n-1)} \right] \quad (8)$$

$$\frac{\partial \log L(\mu, \sigma_e^2, \lambda | \{y_{ij}\})}{\partial \lambda} = -\frac{s}{2\lambda} + \frac{BKT + sn(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{2\lambda^2} \quad (9)$$

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

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

Böylece σ_s^2 'nin ML tahmin edicisi aşağıdaki gibi hesaplanır

$$\hat{\sigma}_{M,s}^2 = \frac{\hat{\lambda}_M - \sigma_{M,e}^2}{n} = \frac{(n-1)BKT - HKT}{sn(n-1)} = \frac{(1 - 1/s)BKO - HKO}{n} \quad (10)$$

3.3.3. Kısıtlanmış Maksimum Olabilirlik yöntemi (REML)

REML tahmin edicilerinin bulunabilmesi için önce, (5) nolu olabilirlik fonksiyonunun sabit ve şansa bağlı parametrelere göre faktörize edilmesi gerekmektedir. Faktörizasyon şu şekilde ifade edilebilir

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

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

$$L(\mu | \bar{y}_{..}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{1}{2}} (\lambda / sn)^{\frac{1}{2}}} \exp \left[-\frac{1}{2} \frac{(\bar{y}_{..} - \mu)^2}{\lambda / sn} \right] \quad (11)$$

ve $L(\sigma_s^2, \sigma_e^2 | HKT, BKT)$ HKT ve BKT verildiğinde σ_s^2 ve σ_e^2 'nin olabilirlik fonksiyonudur

$$L(\sigma_s^2, \sigma_e^2 | HKT, BKT) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{1}{2}(sn-1)} (\sigma_e^2)^{\frac{1}{2}(s(n-1))} (\lambda)^{\frac{1}{2}(s-1)} (sn)^{\frac{1}{2}}} \exp \left[-\frac{1}{2} \left(\frac{HKT}{\sigma_e^2} + \frac{BKT}{\lambda} \right) \right] \quad (12)$$

REML tahmini, $\sigma_s^2 \geq 0$ ve $\sigma_e^2 > 0$ parametre uzayı içinde (12) nolu eşitliği maksimize eden σ_s^2 ve σ_e^2 tahmin edicilerini elde etmekten ibarettir. Bunun logaritması şöyledir

$$l_R = \log L(\sigma_s^2, \sigma_e^2 | HKT, BKT) = -\frac{s(n-1)}{2} \log(\sigma_e^2) - \frac{(s-1)}{2} \log(\lambda) - \frac{HKT}{2\sigma_e^2} - \frac{BKT}{2\lambda} \quad (13)$$

Bunun σ_e^2 ve λ 'ya göre kısmi türevleri şöyledir

$$l_{R, \sigma_e^2} = -\frac{s(n-1)}{2\sigma_e^2} + \frac{HKT}{2\sigma_e^4} \quad \text{ve} \quad l_{R, \lambda} = -\frac{(s-1)}{2\lambda} + \frac{BKT}{2\lambda^2}$$

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

$$\hat{\sigma}_{R,e}^2 = \frac{HKT}{s(n-1)} = HKO, \quad \hat{\lambda}_R = \frac{BKT}{s-1} = BKO, \quad \hat{\sigma}_{R,s}^2 = \frac{\hat{\lambda}_R - \hat{\sigma}_{R,e}^2}{n} = \frac{BKO - HKO}{n} \quad (14)$$

Bu bilgiler ışığında ANOVA, ML ve REML tahmin edicileri Çizelge 3.2'de özetlenmiştir.

Çizelge 3.2. ANOVA, ML ve REML tahmin edicileri

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

3.4. Seleksiyon İndeks Teorisi

Bu araştırmada tek bir karakter için bireylerin seleksiyonu dikkate alınacaktır. Tek karakter için genel seleksiyon indeks teorisi (Sales ve Hill 1976) şöyledir. Seleksiyon için her bir adaydan ve bazı akrabalarından elde edilen t bilgi kaynağının mevcut olduğunu varsayalım. Örneğin, $t=2$ bireyin performansı ve baba bir üvey kardeş aile ortalama performansıdır. $x_1, x_2, \dots, x_t$ bu t bilgi kaynağına karşılık gelen değişkenleri gösterebilir ve $\mathbf{x}$ bu değişkenleri içeren t boyutlu vektör (örneğin gözlemler, kızların ortalaması, damızlık değer tahminleri) olsun. Seleksiyonun, $\mathbf{x}$ esas alınarak yapıldığı varsayılmaktadır. Hayvan ıslahında, gözlenen ölçümler fenotipik değerlerdir ve amaç, yüksek genetik değerli adayları gelecek generasyonun ebeveynleri olarak seçmek için gözlenen fenotipik değerleri kullanmaktır. t indeks ağırlığından ibaret bir vektör $\mathbf{b}$ 'ye sahip indeks aşağıdadır.

$$I = \sum_{k=1}^t b_k x_k = \mathbf{b}'\mathbf{x}. \quad (15)$$

Bu bir bakıma bireyin genetik değerini belirtmek için en iyi ölçümdür. Seçilen q birey I değeri en büyük olanlardır. Damızlık değeri A ve seleksiyon indeks değeri I 'nin ortalama vektörü $\boldsymbol{\mu} = (\mu_A, \mu_I)$ ve varyans matrisi

$$\begin{bmatrix} \sigma_A^2 & \sigma_{AI}^2 \\ \sigma_{AI}^2 & \sigma_I^2 \end{bmatrix}$$

olan müşterek iki değişkenli bir normal dağılışa sahip olduklarını varsayalım. Burada σ_{AI}^2 , birey ve indeksteki karakterin damızlık değeri arasındaki kovaryans, σ_A^2 eklemeli genetik varyans ve σ_I^2 seleksiyon indeksinin varyansıdır. İndeks esas alınarak seçilen belirli bir grup hayvan için, ortalama indeks değeri $\bar{I}$ ve ortalama damızlık değeri $\bar{A}$ 'ya sahip olacaktır. Bu durumda, ortalama damızlık değerinin beklenen değeri şöyledir

$$E(\bar{A}|\bar{I}) = \mu_A + \frac{\sigma_{AI}}{\sigma_I^2} (\bar{I} - \mu_I).$$

Beklenen genetik ilerleme, R , seçilen grubun ve ebeveyn generasyonunun ortalama damızlık değeri arasındaki fark olarak varsayılabilir. Böylece, beklenen genetik ilerleme aşağıdaki gibi ifade edilebilir

$$R = \frac{\sigma_{AI}}{\sigma_I^2} (\bar{I} - \mu_I).$$

Bunu yeniden yazmak suretiyle beklenen genetik ilerleme, R , birey ve indeksteki karakterin damızlık değeri arasındaki korelasyon, ρ_{AI} , cinsinden ifade edilebilir

$$R = \frac{\rho_{AI} \sigma_A}{\sigma_I} (\bar{I} - \mu_I).$$

Burada $(\bar{I} - \mu_I)/\sigma_I$ seleksiyon diferansiyeli veya $\bar{i}$ ile gösterilen seleksiyon yoğunluğu olup bu çalışmada 1 olarak alınmıştır. Verilen herhangi bir populasyon ve $(\bar{I} - \mu_I)/\sigma_I$ sabit değeri için, karakterin damızlık değerindeki, A , yanıt, damızlık değerleri ve indeks arasındaki korelasyon maksimum olduğunda maksimize olur. Bu korelasyon, damızlık değerinin seleksiyon için ayrılan adaylardan elde edilen gözlemler üzerine regresyonu olarak maksimize edilir. Böylece standart sapma cinsinden seleksiyon diferansiyelinin bir oranı olarak ifade edilen ilerleme şöyledir

$$R = \rho_{AI} \sigma_A = \mathbf{b}' \sigma_g (\mathbf{b}' \Sigma_p \mathbf{b})^{-1/2}. \quad (16)$$

burada Σ_p , gözlemlerin, $\mathbf{x}$, $t \times t$ boyutlu varyans matrisi ve σ_g bireyin damızlık değeri ile gözlemlerin kovaryanslarının t boyutlu vektörüdür. (16) nolu eşitlikteki

korelasyonun, ρ_{AI} , maksimize edilmesi, I 'nin A üzerine lineer regresyonundan elde edilen indeks değerlerinin sapmalarının kareler toplamını, $\Sigma(I - A)^2$, minimize etmeye eşdeğerdir. Bu durumda sonuçta elde edilen b değerleri, her ölçümde bireyin damızlık değerinin kısmi regresyon katsayılarıdır. Bu, aşağıdaki indeks ağırlıkları verildiği zaman mümkündür.

$$b_{opt} = \Sigma^{-1}_p \sigma_g \quad (17)$$

Bu optimal maksimum genetik ilerlemeyi verir.

$$R_{opt} = (\sigma'_g \Sigma^{-1}_p \sigma_g)^{\frac{1}{2}} \quad (18)$$

Uygulamada, populasyon parametreleri Σ_p ve σ_g 'nin tahminleri $\hat{\Sigma}_p$ ve $\hat{\sigma}_g$ mevcut olacaktır. Genellikle tahmin edilen indeksin, $\hat{I}$, ağırlıkları (17) nolu eşitlikte bu tahminler yerine konularak aşağıdaki gibi elde edilir

$$\hat{b} = \hat{\Sigma}^{-1}_p \hat{\sigma}_g \quad (19)$$

$\hat{R}$ ile gösterilecek olan genetik ilerlemenin tahmini (18) nolu eşitlikte parametre tahminleri yerine konulmak suretiyle elde edilir.

$$\hat{R} = (\hat{\sigma}'_g \hat{\Sigma}^{-1}_p \hat{\sigma}_g)^{\frac{1}{2}} \quad (20)$$

Populasyonda seleksiyon için tahmin edilen indeksi, $\hat{I} = \hat{b}'\hat{x}$, kullanarak elde edilen başarılan genetik ilerleme aşağıdaki gibidir

$$\begin{aligned} R^a &= Cov(A, \hat{I}) [Var(\hat{I})]^{-\frac{1}{2}} = \frac{Cov(A, \hat{I})}{\sigma_i} \\ &= \hat{b}' \sigma_g (\hat{b}' \Sigma_p \hat{b})^{-\frac{1}{2}} = \frac{\hat{\sigma}'_g \hat{\Sigma}^{-1}_p \sigma_g}{(\hat{\sigma}'_g \hat{\Sigma}^{-1}_p \Sigma_p \hat{\Sigma}^{-1}_p \hat{\sigma}'_g)^{\frac{1}{2}}} \end{aligned} \quad (21)$$

Bu ifadede, varyans ve kovaryans $\hat{b}$ 'ya koşulludur. (21) nolu eşitlikteki başarılan genetik ilerleme, seleksiyon sonsuz popülasyonda yapılmışsa ve seçilen popülasyonun sonlu olmasından kaynaklanan seleksiyon örnekleme hatasını dikkate almadığı durumda sonuçlanan genetik ilerlemedir. Gerçek ilerleme, R^a , daima optimal ağırlıkları kullanarak elde edilen genetik ilerleme R_{opt} 'den daha az veya ona eşit olacaktır. Bu, optimal indeks değerleri, I , ve tahmin edilen indeks değerleri, $\hat{I}$, arasındaki korelasyonun R^a/R_{opt} 'e eşit olduğu gerçeğinden ortaya çıkmaktadır. Korelasyon katsayıları -1 ve $+1$ arasında olduğundan, R^a , $-R_{opt}$ ve $+R_{opt}$ arasında değişir. Daha doğru tahminle, R^a 'nın değeri R_{opt} değerine daha yakın olacaktır.

(20) ve (21) nolu formüller, herhangi bir parametre tahminleri için tahmin edilen ve başarılan genetik ilerlemeyi optimal genetik ilerleme ile karşılaştırmayı mümkün kılar (Sales ve Hill, 1976). Tahminler, aynı popülasyonun bireylerinin bir örneğinden elde edildikleri zaman $\hat{R}$ ve R^a 'nın beklenen değerlerini ve bunların R_{opt} 'den sapmalarını dikkate almak faydalı olacaktır. Ortalama olarak daha büyük örnekler parametrelerin daha iyi tahminlerini vereceğinden, sorun güvenilir bir indeks elde etmek için yeterli örneklem büyüklüklerini tanımlamaya dönüşmektedir.

3.4.1. Birey ve baba bir üvey kardeş aile ortalama performansında genetik ilerlemenin tahmini

Σ_p ve σ_g parametreleri kardeş veya döl-ebeveyn verilerinin analizinden tahmin edilebilir. Bu bölümde, Σ_p ve σ_g 'nin tahminleri baba bir üvey kardeş verilerinin analizinden tahmin edilmiştir. Genetik ilerlemenin kesin beklenen değerleri baba bir üvey kardeş ailesine ait dengeli tek yönlü sınıflamadan elde edilen verilerden elde edilmiştir. Birey ve aile ortalama performansının indeksi için indeks ağırlıkları, tahmin edilen ve başarılan genetik ilerlemeler kalıtım derecesi, h^2 , ve fenotipik varyans σ_p^2 cinsinden ifade edilmiştir.

Baba bir üvey kardeş ailelerinin üyelerinden ölçülen bir karakter olduğu durumu dikkate alalım. Simetri yoluyla, böylesi ailelerden bireylerin seçimi için doğrusal bir

indeks sadece karakter için bireyin değeri ve onun üvey kardeşlerinin ortalama değerine veya buna benzer şekilde bireyin performansı ve aile ortalamasına bağlıdır. Biraz daha uygun biçimde, indeks, bireyin aile ortalamasından sapması olarak ölçülen performansı, x_1 ve aile ortalaması x_2 'ye dayandırılabilir. Belkide en yaygın olarak kullanılan bu indeks aşağıdaki gibi yazılabilir

$$I = b_1 x_1 + b_2 x_2 .$$

Burada verilen değişkenlerin vektörü $\mathbf{x}$ 'in varyans matrisi, Σ_p , ve bireyin damızlık değeri ile bu değişkenlerin kovaryanslarının vektörü, σ_g , aşağıdaki gibidir (Sales ve Hill 1976)

$$\Sigma_p = \frac{\sigma_p^2}{4n} \begin{bmatrix} (n-1)(4-h^2) & 0 \\ 0 & 4+(n-1)h^2 \end{bmatrix} . \quad (22)$$

$$\sigma_g = \frac{h^2 \sigma_p^2}{4n} \begin{bmatrix} 3(n-1) \\ n+3 \end{bmatrix} \quad (23)$$

Bu eşitliklerde, σ_p^2 fenotipik varyans, h^2 kalıtım derecesi ve n aile büyüklüğüdür. Aile büyüklükleri eşit kabul edilmiştir. Eğer σ_p^2 ve h^2 parametreleri hatasız olarak biliniyorlarsa (17) nolu eşitlikten indeks ağırlıklarının vektörü şöyle yazılabilir

$$b_{opt} = \begin{bmatrix} \frac{3h^2}{4-h^2} \\ \frac{(n+3)h^2}{4+(n-1)h^2} \end{bmatrix} . \quad (24)$$

(24) nolu eşitlikteki optimal indeks ağırlığı, (18) nolu ifadede yerine konularak R_{opt} aşağıda verildiği formuyla elde edilir

$$R_{opt} = \frac{h^2 \sigma_p}{2\sqrt{n}} \left\{ \frac{9(n-1)}{4-h^2} + \frac{(n+3)^2}{4+(n-1)h^2} \right\}^{\frac{1}{2}} . \quad (25)$$

h^2 ve σ_p^2 tahminlerine dayalı bir indeks için tahmin edilen genetik ilerleme $\hat{R}$, uygun parametreleri (22)-(25)' de yerine konularak aşağıdaki gibi bulunur

$$\hat{b} = \left[\frac{\frac{3\hat{h}^2}{4-\hat{h}^2}}{(n+3)\hat{h}^2} \right] \frac{1}{4+(n-1)\hat{h}^2}$$

$$\hat{R} = \frac{\hat{h}^2 \sigma_p}{2\sqrt{n}} \left\{ \frac{9(n-1)}{4-\hat{h}^2} + \frac{(n+3)^2}{4+(n-1)\hat{h}^2} \right\}^{\frac{1}{2}} = \hat{h}^2 \hat{\sigma}_p \left\{ 1 + \frac{(n-1)(1-\hat{h}^2)^2}{(4-\hat{h}^2)[4+(n-1)\hat{h}^2]} \right\}^{\frac{1}{2}}$$

h^2 'yi esas alan bir indeksten başarılan genetik ilerleme (21) nolu eşitlik kullanılarak aşağıdaki gibi elde edilebilir

$$R^a = \frac{h^2 \sigma_p}{2\sqrt{n}} \left\{ \frac{9(n-1)}{4-\hat{h}^2} + \frac{(n+3)^2}{[4+(n-1)\hat{h}^2]} \right\} \left\{ \frac{9(n-1)(4-\hat{h}^2)}{(4-\hat{h}^2)^2} + \frac{(n+3)^2[4+(n-1)\hat{h}^2]}{[4+(n-1)\hat{h}^2]^2} \right\}^{-\frac{1}{2}} \quad (26)$$

İndeksin hesaplanması için h^2 'nin negatif tahmini kullanıldığı zaman fenotipik olarak daha kötü hayvanlar damızlık olarak seçilecektir. Bu durumda R^a negatif olacağından, baba bir üvey kardeş aileleri için 0-1 aralığı dışında değerler alan h^2 'nin tahminleri hakkında ne yapılacağına karar vermek gerekmektedir. Kalıtım derecesinin tahmininin, $\hat{h}^2$ bu aralığın dışına düşme olasılığı, toplam örnek büyüklüğü arttıkça azalır, fakat h^2 küçük olursa oldukça büyük örneklemle dahi negatif tahmin elde edilir. Örneğin, eğer h^2 , her biri 20 döle sahip 25 boğa ailesinden tahmin edilirse, h^2 'nin gerçek değeri 0.1 olduğu zaman negatif tahmin olasılığı 0.11'dir. Eğer kalıtım derecesi tahmini 0-1 aralığı dışına düşerse, Sales ve Hill (1976) tarafından kullanılan modifikasyon h^2 'nin tahminini uygun limit değerine eşitlemektir. Bununla birlikte, bu işlem R^a 'da süreksizliğe neden olmaktadır. Bunun yerine, (24)'deki b_1 ve b_2 katsayılarının pozitif h^2 için pozitif ve seleksiyon kararlarının sadece aşağıda verilen b_2/b_1 oranına bağlı olduğunu gözlemleriz

$$b_2 / b_1 = \frac{(n+3)(4-h^2)}{3[4+(n-1)h^2]}. \quad (27)$$

h^2 sıfıra yaklaşırken, (27) nolu eşitlik $1+n/3$ sonlu limitine yaklaşır. Limitteki indeks iyi tanımlandığından, R^a 'nın aşağıda verilen formülü kullanılır

$$R^a = \frac{h^2 \sigma_p}{2\sqrt{n}} \left\{ 3(n-1) + \frac{\hat{b}_2}{\hat{b}_1} (n+3) \right\} \left\{ (n-1)(4-h^2) + \left(\frac{\hat{b}_2}{\hat{b}_1} \right)^2 [4+(n-1)h^2] \right\}^{-\frac{1}{2}}. \quad (28)$$

b_1 ve b_2 katsayılarının tahminlerine, $\hat{b}_1$ ve $\hat{b}_2$, sahip olarak tanımlanan (28) nolu eşitlikteki R^a , (26) nolu eşitlikten daha basit ve geneldir.

Optimal indeksten elde edilen genetik ilerlemeye oranla parametre tahminleri kullanılarak elde edilen genetik ilerlemedeki beklenen kayıp, *genetik ilerlemedeki oransal kayıp* olarak aşağıdaki gibi ifade edilebilir.

$$L = \frac{E(R^a) - R_{opt}}{R_{opt}}. \quad (29)$$

Aile büyüklüklerinin negatif varyans tahminine olanak sağlamayacağı bir büyüklük için, kalıtım derecesinin yansız tahmini mevcut ise, başarılı genetik ilerlemenin beklenen değeri aşağıdaki formülle hesaplanabilir

$$E(R^a) = R_{opt} + \frac{1}{2} V(\hat{h}^2) \frac{\partial^2 R^a}{\partial \hat{h}^2} \Big|_{\hat{h}^2 = h^2}. \quad (30)$$

Beklenen değerin bu şekilde hesaplanabilmesi, parametrelerin tahminlerinden yansız bir formda elde edilebileceği ön kabulüne dayanmaktadır. Kalıtım derecesinin tahmininin tanımlanan parametre aralığına düşeceği kabul edilerek, Taylor serisi yaklaşımıyla (30) nolu formüldeki türev operatörü aşağıdaki gibi ifade edilir.

$$\frac{1}{2} \frac{\partial^2 R^a}{\partial \hat{h}^2} \Big|_{\hat{h}^2 = h^2} = D = -R_{opt} \frac{72(n-1)(n+3)^2}{(4-h^2)[4+(n-1)h^2] \left\{ (4-h^2)[4+(n-1)h^2] + (n-1)(1-h^2)^2 \right\}}$$

Başarılan kayıp, kalıtım derecesinin tahmininin varyansına bağlı olacaktır. Kalıtım derecesinin tahminine ait varyans aşağıdaki formül ile hesaplanabilir (Fisher 1925)

$$V(\hat{h}^2) = \frac{(4-\hat{h}^2)^2 [4+(n-1)\hat{h}^2]^2}{128n(n-1)(s-1)}$$

(29) nolu formül, D ve $V(\hat{h}^2)$ kullanılarak ve her biri n bireyden oluşan s adet aile için, s 'nin yeterince büyük olduğu varsayılarak, kayıptaki etkinlik, yaklaşık olarak aşağıdaki gibi verilebilir

$$L = \frac{[E(R^a - R_{opt})]}{R_{opt}} = \frac{DV(\hat{h}^2)}{R_{opt}} = -\frac{9(n+3)^2(4-\hat{h}^2)[4+(n-1)\hat{h}^2]}{16sn \left\{ (4-\hat{h}^2)[4+(n-1)\hat{h}^2] + (n-1)(1-\hat{h}^2)^2 \right\}}$$

3.4.2. Teksel seleksiyon ve seleksiyon indeksi

Seleksiyon indeksinin etkinliği, teksel seleksiyon yapıldığında elde edilen, R_1 , R_1^a , $\hat{R}_1$; optimal, başarılan ve tahmini genetik ilerlemeler ve indeks kullanıldığında elde edilen genetik ilerlemelerle karşılaştırılarak gösterilebilir. Teksel seleksiyon için ağırlıklar olmadığından optimal, R_1 , ve başarılan, R_1^a , genetik ilerlemeler birbirine eşit olacaktır. İki seleksiyon yöntemini karşılaştırmak amacıyla aşağıda verilen formül kullanılacaktır

$$\hat{R} / \hat{R}_1 = \left\{ 1 + \frac{(n-1)(1-\hat{h}^2)^2}{(4-\hat{h}^2)[4+(n-1)\hat{h}^2]} \right\}^{\frac{1}{2}}$$

Yukarıda verilen $\hat{R} / \hat{R}_1$ tahmini genetik ilerlemeler oranı sadece kalıtım derecesinin tahminine bağlıdır. Bu oran, kalıtım derecesinin tahmininin bire eşit olması dışında 1'den daha büyük değerler alır.

4. BULGULAR ve TARTIŞMA

4.1 Veri Setleri ve Deneme Desenleri

Farklı miktarlardaki istatistiksel bilgiyi temsil eden farklı kalıtım dereceleri ve aile büyüklüklerine sahip toplam 216 adet deneme deseni üretilmiş ve bu deneme desenleri Çizelge 4.1’de verilmiştir. Çizelge 4.1’de görüldüğü üzere, boğa sayıları, s , 10’dan 150’ye, boğa başına döl sayısı, n , 8’den 50’ ye, kalıtım derecesi, h^2 , 0.1 ile 0.9 arasında değişim göstermektedir. En küçük deneme deseni 10 boğa ve 8 dölünden, en büyüğü ise 7500 kayıta sahip 150 boğa ve 50 dölünden oluşan deneme desenidir.

Çizelge 4.1. Farklı kalıtım dereceleri, h^2 , boğa sayıları, s , ve döl sayıları, n , için yapılan simülasyonda kullanılan deneme desenleri

$h^2=0.1$		$h^2=0.2$		$h^2=0.3$		$h^2=0.4$		$h^2=0.5$		$h^2=0.6$		$h^2=0.7$		$h^2=0.8$		$h^2=0.9$	
s	n	s	n	s	n	s	n	s	n	s	n	s	n	s	n	s	n
10	8	10	8	10	8	10	8	10	8	10	8	10	8	10	8	10	8
	16		16		16		16		16		16		16		16		16
	20		20		20		20		20		20		20		20		20
	50		50		50		50		50		50		50		50		50
25	8	25	8	25	8	25	8	25	8	25	8	25	8	25	8	25	8
	16		16		16		16		16		16		16		16		16
	20		20		20		20		20		20		20		20		20
	50		50		50		50		50		50		50		50		50
50	8	50	8	50	8	50	8	50	8	50	8	50	8	50	8	50	8
	16		16		16		16		16		16		16		16		16
	20		20		20		20		20		20		20		20		20
	50		50		50		50		50		50		50		50		50
80	8	80	8	80	8	80	8	80	8	80	8	80	8	80	8	80	8
	16		16		16		16		16		16		16		16		16
	20		20		20		20		20		20		20		20		20
	50		50		50		50		50		50		50		50		50
100	8	100	8	100	8	100	8	100	8	100	8	100	8	100	8	100	8
	16		16		16		16		16		16		16		16		16
	20		20		20		20		20		20		20		20		20
	50		50		50		50		50		50		50		50		50
150	8	150	8	150	8	150	8	150	8	150	8	150	8	150	8	150	8
	16		16		16		16		16		16		16		16		16
	20		20		20		20		20		20		20		20		20
	50		50		50		50		50		50		50		50		50

Parametre	1	2	3	4	5	6	7	8	9
σ_s^2	0.025	0.050	0.075	0.100	0.125	0.150	0.175	0.200	0.225
σ_e^2	0.975	0.950	0.925	0.900	0.875	0.850	0.825	0.800	0.775
γ	0.026	0.053	0.081	0.111	0.143	0.176	0.212	0.250	0.290
h^2	0.100	0.200	0.300	0.400	0.500	0.600	0.700	0.800	0.900

Veriler populasyon ortalaması, μ , ve fenotipik varyans, σ_p^2 , parametreleri için sırasıyla 0.0 ve 1.0 değerleri, fakat h^2 için ise farklı değerler kullanılarak rasgele üretilmiştir. Çizelge 4.2 kalıtım derecesi 0.1 ile 0.9 arasında değişim gösterdiğinde bu değerlere karşılık gelen σ_s^2 , σ_e^2 ve γ değerlerini göstermektedir.

Her bir deneme desenine ait simulasyon 500 döngülü olacak şekilde yapılmıştır. Diğer bir deyişle her deneme deseni için 500 adet veri seti üretilmiş, sonuçlar ve diğer analizler bu 500 veri setinin ortalama ve standart sapması alınarak elde edilmiştir.

4.2. Varyans Unsurlarının Tahminlerine Ait Sonuçlar

$\hat{\sigma}_s^2$, $\hat{\sigma}_e^2$, $\hat{\gamma}$ ve $\hat{h}^2$ istatistikleri için 500 döngüye ait sonuçlar ANOVA, ML ve REML metotları kullanılarak elde edilmiş ve Çizelge 4.3’de verilmiştir. ANOVA yöntemi için parametre aralığı dışındaki değerler (örneğin negatif boğa varyansı tahminine, $\hat{\sigma}_s^2$, ait değerler) olduğu gibi alınmıştır.

Çizelge 4.3’den de görüldüğü üzere küçük kalıtım derecesi ve aile büyüklükleri için, her üç yöntem de tutarsız sonuçlar vermektedir. ANOVA yöntemi için tahminlerinin gerçek değerlerine yaklaşamaması, küçük kalıtım dereceleri ve aile büyüklükleri için σ_s^2 ’nin negatif tahmin olasılığının yüksek olmasına atfedilebilir. ML yöntemi ise sabit etki olan μ ’ye ait serbestlik derecesini dikkate almaması nedeniyle aşağı doğru yanlış tahminler vermektedir. REML ise sabit ve şansa bağlı faktörlere göre faktörize edilerek kısıtlandığı için olması gerekenden daha büyük tahminler vermektedir. Aile büyüklükleri ve gerçek kalıtım derecesi, h^2 , arttıkça parametre tahminleri her üç yöntem için de Çizelge 4.2’de verilen başlangıç (gerçek) değerlerine yaklaşmaktadır.

Ayrıca kalıtım derecesi sabit tutulduğunda ve aile büyüklüğü arttıkça her üç yöntemle göre standart sapmaların azaldığı görülmektedir. Özellikle ANOVA ve REML $\hat{\sigma}_s^2$ 'yi daha tutarlı bir şekilde tahmin etmekte ve aynı sonucu vermektedir. Tahmin ediciler çizelgesinden de (bkz Çizelge 3.2) görüldüğü üzere $BKO \geq HKO$ iken ANOVA ve REML tahmin edicileri birbirine eşitlenmektedir. Aile büyüklüklerinin ve kalıtım derecesinin artması, ANOVA'ya ait σ_s^2 'nin negatif tahmin olasılığını azaltmakta ve sonuçlar REML sonuçlarına yaklaşmakta ve eşitlenmektedir. Çizelge 4.4'de farklı aile büyüklükleri ve kalıtım dereceleri için σ_s^2 'nin ampirik ve teorik negatif tahmin olasılıkları verilmiştir.

Çizelge 4.4'de de görüldüğü üzere boğa varyansının tahmini, $\hat{\sigma}_s^2$, özellikle küçük kalıtım dereceleri ve küçük aile büyüklükleri için negatif olmaktadır. Bu çizelgedeki teorik sonuçlar MINITAB istatistik paket programı kullanılarak hesaplanmış ve Ek-1 bölümünde nasıl hesaplandığına dair bir örnek verilmiştir.

Örneğin, kalıtım derecesi 0.1 ve 10 boğanın 8 dölü olduğunda, teorik boğa varyansı negatif tahmininin %40,9 olasılıkla gerçekleşmesi beklenmektedir. Aynı aile büyüklüğü ve kalıtım derecesi için, simulasyon sonuçlarından elde edilen ampirik boğa varyansı negatif tahmini olasılığı ise %40.6 olarak bulunmuştur. Kalıtım derecesi 0.4 ve 10 boğanın 8 dölü olduğunda teorik boğa varyansı negatif tahmin olasılığının %15.2'ye ampirik boğa varyansı negatif tahmin olasılığının ise %17.6'ya düştüğü görülmektedir. Kalıtım derecesi ve döl sayısı sabit tutulup boğa sayısı 150'ye çıkartıldığında teorik boğa varyansı negatif tahmininin %7.5'e ampirik boğa varyansı negatif tahmininin ise %10.4'e düştüğü görülmektedir.

Kalıtım derecesi sabit tutulup döl sayısı ve boğa sayısı 50'ye çıkartıldığında boğa varyansının negatif tahmin olasılığı hem teorik hem de ampirik olarak 0 olduğu görülmektedir. Şekil 4.1'de kalıtım derecesinin $h^2 = 0.1, 0.2$ ve 0.3 değerleri ve boğa başına döl sayısının $n=8, 16, 20$ ve 50 değerleri için, boğa sayısına, s , bağlı olarak teorik ve ampirik negatif boğa varyansı tahmin olasılıklarının nasıl değiştiği görülmektedir.

Çizelge 4.3. 500 örnek üzerinden elde edilen ANOVA, ML ve REML metodlarına ait parametre tahminlerinin farklı kalıtım dereceleri ve aile büyüklükleri için ortalama (ort) ve standart sapmaları (ss)

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.1	10	8	ANOVA	0.022	0.071	0.977	0.161	0.027	0.078	0.084	0.278
			ML	0.028	0.045	0.960	0.154	0.030	0.050	0.114	0.179
			REML	0.039	0.054	0.961	0.155	0.043	0.063	0.154	0.207
		16	ANOVA	0.026	0.040	0.980	0.111	0.029	0.043	0.102	0.157
			ML	0.023	0.030	0.974	0.110	0.025	0.033	0.093	0.119
			REML	0.031	0.035	0.975	0.110	0.033	0.038	0.121	0.136
		20	ANOVA	0.025	0.036	0.977	0.100	0.026	0.039	0.097	0.141
			ML	0.022	0.028	0.972	0.099	0.023	0.031	0.087	0.111
			REML	0.028	0.032	0.973	0.099	0.030	0.035	0.111	0.125
		50	ANOVA	0.026	0.022	0.975	0.061	0.027	0.023	0.103	0.084
			ML	0.022	0.019	0.975	0.061	0.023	0.020	0.087	0.074
			REML	0.026	0.022	0.975	0.061	0.028	0.022	0.104	0.082
0.1	25	8	ANOVA	0.023	0.045	0.979	0.107	0.025	0.049	0.091	0.180
			ML	0.026	0.033	0.969	0.103	0.029	0.037	0.106	0.134
			REML	0.031	0.036	0.971	0.103	0.033	0.040	0.123	0.143
		16	ANOVA	0.024	0.025	0.975	0.070	0.025	0.027	0.095	0.010
			ML	0.022	0.022	0.973	0.069	0.023	0.023	0.090	0.087
			REML	0.026	0.023	0.974	0.069	0.027	0.025	0.102	0.091
		20	ANOVA	0.024	0.022	0.975	0.063	0.025	0.023	0.097	0.087
			ML	0.023	0.019	0.974	0.063	0.024	0.021	0.091	0.077
			REML	0.025	0.021	0.974	0.063	0.026	0.022	0.101	0.081
		50	ANOVA	0.025	0.013	0.975	0.039	0.026	0.013	0.101	0.050
			ML	0.023	0.012	0.975	0.039	0.024	0.013	0.094	0.048
			REML	0.025	0.013	0.975	0.039	0.026	0.013	0.101	0.050
0.1	50	8	ANOVA	0.024	0.032	0.975	0.075	0.025	0.033	0.095	0.125
			ML	0.025	0.026	0.970	0.072	0.026	0.028	0.100	0.102
			REML	0.027	0.027	0.971	0.072	0.030	0.029	0.110	0.106
		16	ANOVA	0.026	0.018	0.976	0.053	0.027	0.019	0.104	0.072
			ML	0.025	0.017	0.976	0.053	0.026	0.018	0.098	0.069
			REML	0.026	0.018	0.976	0.053	0.027	0.019	0.105	0.071
		20	ANOVA	0.026	0.015	0.976	0.047	0.027	0.016	0.102	0.061
			ML	0.024	0.015	0.975	0.047	0.025	0.016	0.097	0.059
			REML	0.026	0.015	0.976	0.047	0.027	0.016	0.103	0.060
		50	ANOVA	0.025	0.009	0.975	0.027	0.026	0.009	0.101	0.034
			ML	0.024	0.008	0.975	0.027	0.025	0.009	0.098	0.034
			REML	0.025	0.009	0.975	0.027	0.026	0.009	0.101	0.034
0.1	80	8	ANOVA	0.024	0.024	0.977	0.058	0.025	0.025	0.097	0.094
			ML	0.024	0.021	0.975	0.057	0.025	0.022	0.097	0.083
			REML	0.026	0.021	0.975	0.057	0.027	0.023	0.104	0.085
		16	ANOVA	0.025	0.014	0.975	0.039	0.025	0.015	0.099	0.055
			ML	0.024	0.013	0.975	0.039	0.024	0.014	0.095	0.053
			REML	0.025	0.014	0.975	0.039	0.025	0.014	0.099	0.054
		20	ANOVA	0.025	0.012	0.974	0.036	0.026	0.012	0.100	0.047
			ML	0.024	0.012	0.974	0.036	0.025	0.012	0.097	0.046
			REML	0.025	0.012	0.974	0.036	0.026	0.012	0.100	0.047
		50	ANOVA	0.025	0.006	0.976	0.021	0.026	0.007	0.100	0.026
			ML	0.024	0.006	0.976	0.021	0.025	0.007	0.097	0.025
			REML	0.025	0.006	0.976	0.021	0.026	0.007	0.100	0.026

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.1	100	8	ANOVA	0.026	0.022	0.977	0.054	0.027	0.023	0.103	0.088
			ML	0.026	0.020	0.976	0.052	0.027	0.021	0.103	0.079
			REML	0.027	0.020	0.976	0.052	0.028	0.021	0.108	0.080
		16	ANOVA	0.025	0.012	0.975	0.036	0.025	0.013	0.098	0.048
			ML	0.024	0.012	0.975	0.036	0.024	0.012	0.095	0.047
			REML	0.025	0.012	0.975	0.036	0.025	0.013	0.098	0.048
		20	ANOVA	0.025	0.011	0.975	0.031	0.026	0.011	0.101	0.042
			ML	0.024	0.010	0.975	0.031	0.025	0.011	0.098	0.042
			REML	0.025	0.011	0.975	0.031	0.026	0.011	0.101	0.042
		50	ANOVA	0.025	0.006	0.976	0.019	0.026	0.007	0.100	0.025
			ML	0.024	0.006	0.976	0.019	0.025	0.007	0.098	0.025
			REML	0.025	0.006	0.976	0.019	0.026	0.007	0.100	0.025
0.1	150	8	ANOVA	0.024	0.018	0.976	0.045	0.024	0.019	0.095	0.072
			ML	0.023	0.016	0.976	0.044	0.024	0.017	0.094	0.066
			REML	0.024	0.017	0.976	0.044	0.025	0.018	0.097	0.067
		16	ANOVA	0.025	0.010	0.974	0.030	0.026	0.011	0.101	0.041
			ML	0.025	0.010	0.974	0.030	0.026	0.011	0.099	0.040
			REML	0.025	0.010	0.974	0.030	0.026	0.011	0.101	0.041
		20	ANOVA	0.025	0.009	0.975	0.026	0.026	0.009	0.101	0.034
			ML	0.025	0.008	0.975	0.026	0.025	0.009	0.099	0.034
			REML	0.025	0.009	0.975	0.026	0.026	0.009	0.101	0.034
		50	ANOVA	0.025	0.005	0.976	0.016	0.026	0.005	0.101	0.021
			ML	0.025	0.005	0.976	0.016	0.026	0.005	0.100	0.021
			REML	0.025	0.005	0.976	0.016	0.026	0.005	0.101	0.021
0.2	10	8	ANOVA	0.047	0.081	0.952	0.156	0.054	0.092	0.179	0.311
			ML	0.050	0.059	0.938	0.152	0.051	0.069	0.178	0.227
			REML	0.059	0.069	0.941	0.153	0.066	0.080	0.228	0.256
		16	ANOVA	0.052	0.060	0.955	0.108	0.056	0.056	0.203	0.193
			ML	0.044	0.042	0.952	0.108	0.047	0.047	0.174	0.163
			REML	0.054	0.048	0.953	0.108	0.058	0.053	0.212	0.180
		20	ANOVA	0.212	0.180	0.952	0.098	0.053	0.053	0.194	0.179
			ML	0.042	0.040	0.950	0.097	0.045	0.045	0.165	0.155
			REML	0.051	0.045	0.950	0.097	0.055	0.051	0.200	0.170
		50	ANOVA	0.052	0.034	0.950	0.060	0.055	0.036	0.203	0.125
			ML	0.045	0.031	0.950	0.060	0.047	0.032	0.177	0.114
			REML	0.052	0.034	0.950	0.060	0.055	0.036	0.204	0.125
0.2	25	8	ANOVA	0.048	0.050	0.954	0.104	0.053	0.057	0.189	0.199
			ML	0.045	0.043	0.950	0.102	0.050	0.049	0.181	0.171
			REML	0.051	0.046	0.951	0.103	0.056	0.052	0.203	0.179
		16	ANOVA	0.049	0.032	0.950	0.068	0.052	0.034	0.193	0.123
			ML	0.045	0.030	0.950	0.068	0.048	0.032	0.178	0.116
			REML	0.049	0.031	0.950	0.068	0.052	0.034	0.194	0.120
		20	ANOVA	0.049	0.029	0.950	0.062	0.052	0.032	0.195	0.113
			ML	0.045	0.028	0.950	0.062	0.048	0.030	0.181	0.108
			REML	0.049	0.029	0.950	0.062	0.052	0.032	0.196	0.112
		50	ANOVA	0.050	0.020	0.950	0.038	0.053	0.021	0.201	0.074
			ML	0.048	0.019	0.950	0.038	0.050	0.020	0.190	0.072
			REML	0.050	0.020	0.950	0.038	0.053	0.021	0.201	0.074

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.2	50	8	ANOVA	0.049	0.036	0.950	0.073	0.053	0.040	0.195	0.141
			ML	0.047	0.034	0.948	0.072	0.050	0.037	0.187	0.132
			REML	0.050	0.034	0.949	0.072	0.053	0.038	0.198	0.134
		16	ANOVA	0.052	0.024	0.951	0.051	0.055	0.026	0.206	0.091
			ML	0.050	0.023	0.951	0.051	0.052	0.025	0.197	0.090
			REML	0.052	0.024	0.951	0.051	0.055	0.026	0.206	0.091
		20	ANOVA	0.051	0.020	0.951	0.045	0.054	0.022	0.203	0.079
			ML	0.049	0.020	0.951	0.045	0.052	0.022	0.195	0.078
			REML	0.051	0.020	0.951	0.045	0.054	0.022	0.203	0.079
		50	ANOVA	0.050	0.014	0.950	0.027	0.053	0.015	0.201	0.052
			ML	0.049	0.013	0.950	0.027	0.052	0.014	0.192	0.051
			REML	0.050	0.014	0.950	0.027	0.053	0.015	0.201	0.052
0.2	80	8	ANOVA	0.050	0.027	0.952	0.057	0.053	0.029	0.197	0.104
			ML	0.048	0.026	0.952	0.057	0.051	0.028	0.190	0.101
			REML	0.026	0.050	0.952	0.057	0.053	0.029	0.198	0.102
		16	ANOVA	0.049	0.017	0.950	0.038	0.052	0.019	0.197	0.067
			ML	0.048	0.017	0.950	0.038	0.051	0.018	0.192	0.067
			REML	0.049	0.017	0.950	0.038	0.052	0.019	0.197	0.067
		20	ANOVA	0.050	0.016	0.949	0.035	0.053	0.017	0.200	0.062
			ML	0.049	0.016	0.949	0.035	0.052	0.017	0.195	0.061
			REML	0.050	0.016	0.949	0.035	0.053	0.017	0.200	0.062
		50	ANOVA	0.050	0.010	0.951	0.021	0.052	0.011	0.199	0.039
			ML	0.049	0.010	0.951	0.021	0.051	0.011	0.196	0.039
			REML	0.050	0.010	0.951	0.021	0.052	0.011	0.199	0.039
0.2	100	8	ANOVA	0.051	0.025	0.952	0.052	0.054	0.027	0.203	0.098
			ML	0.049	0.024	0.952	0.052	0.052	0.027	0.197	0.096
			REML	0.051	0.025	0.952	0.052	0.054	0.027	0.203	0.097
		16	ANOVA	0.049	0.015	0.950	0.035	0.052	0.017	0.197	0.059
			ML	0.048	0.015	0.950	0.035	0.051	0.016	0.192	0.059
			REML	0.049	0.015	0.950	0.035	0.052	0.017	0.197	0.059
		20	ANOVA	0.050	0.014	0.950	0.030	0.053	0.015	0.201	0.054
			ML	0.049	0.014	0.950	0.030	0.052	0.015	0.197	0.054
			REML	0.050	0.014	0.950	0.030	0.053	0.015	0.201	0.054
		50	ANOVA	0.050	0.010	0.951	0.019	0.052	0.011	0.198	0.038
			ML	0.049	0.010	0.951	0.019	0.052	0.010	0.196	0.038
			REML	0.050	0.010	0.951	0.019	0.052	0.011	0.198	0.038
0.2	150	8	ANOVA	0.048	0.020	0.951	0.044	0.051	0.022	0.193	0.080
			ML	0.047	0.020	0.951	0.043	0.050	0.022	0.189	0.079
			REML	0.048	0.020	0.951	0.043	0.051	0.022	0.193	0.080
		16	ANOVA	0.050	0.013	0.949	0.029	0.053	0.014	0.201	0.051
			ML	0.050	0.013	0.949	0.029	0.052	0.014	0.199	0.050
			REML	0.050	0.013	0.949	0.029	0.053	0.014	0.201	0.051
		20	ANOVA	0.050	0.011	0.950	0.025	0.053	0.012	0.200	0.044
			ML	0.049	0.011	0.950	0.025	0.052	0.012	0.198	0.044
			REML	0.050	0.011	0.950	0.025	0.053	0.012	0.200	0.044
		50	ANOVA	0.050	0.008	0.951	0.016	0.053	0.009	0.201	0.032
			ML	0.050	0.008	0.951	0.016	0.053	0.009	0.200	0.032
			REML	0.050	0.008	0.951	0.016	0.053	0.009	0.201	0.032

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.3	10	8	ANOVA	0.072	0.092	0.927	0.152	0.083	0.107	0.275	0.341
			ML	0.063	0.072	0.917	0.149	0.073	0.086	0.250	0.271
			REML	0.080	0.082	0.920	0.149	0.091	0.098	0.308	0.299
		16	ANOVA	0.078	0.062	0.930	0.106	0.086	0.070	0.302	0.228
			ML	0.066	0.054	0.928	0.105	0.073	0.061	0.260	0.202
			REML	0.079	0.060	0.928	0.105	0.087	0.069	0.307	0.220
		20	ANOVA	0.075	0.058	0.927	0.095	0.082	0.067	0.291	0.214
			ML	0.063	0.051	0.926	0.094	0.070	0.059	0.251	0.192
			REML	0.075	0.057	0.926	0.095	0.083	0.066	0.293	0.209
		50	ANOVA	0.077	0.046	0.925	0.058	0.084	0.050	0.303	0.162
			ML	0.068	0.042	0.925	0.058	0.074	0.045	0.268	0.149
			REML	0.077	0.046	0.925	0.058	0.084	0.050	0.303	0.162
0.3	25	8	ANOVA	0.073	0.056	0.929	0.102	0.081	0.065	0.287	0.216
			ML	0.067	0.051	0.927	0.101	0.075	0.060	0.267	0.200
			REML	0.074	0.054	0.927	0.101	0.082	0.063	0.293	0.207
		16	ANOVA	0.073	0.039	0.925	0.066	0.080	0.043	0.290	0.145
			ML	0.068	0.037	0.925	0.066	0.074	0.041	0.271	0.139
			REML	0.073	0.039	0.925	0.066	0.080	0.043	0.290	0.144
		20	ANOVA	0.074	0.037	0.925	0.060	0.080	0.041	0.293	0.137
			ML	0.069	0.035	0.925	0.060	0.075	0.039	0.275	0.133
			REML	0.074	0.037	0.925	0.060	0.080	0.041	0.293	0.137
		50	ANOVA	0.076	0.027	0.925	0.037	0.082	0.029	0.300	0.098
			ML	0.072	0.026	0.925	0.037	0.078	0.028	0.286	0.095
			REML	0.076	0.027	0.925	0.037	0.082	0.029	0.300	0.098
0.3	50	8	ANOVA	0.074	0.041	0.925	0.071	0.081	0.046	0.294	0.155
			ML	0.070	0.039	0.924	0.070	0.077	0.045	0.281	0.152
			REML	0.074	0.040	0.924	0.071	0.081	0.046	0.294	0.154
		16	ANOVA	0.077	0.029	0.926	0.050	0.084	0.032	0.307	0.109
			ML	0.075	0.028	0.926	0.050	0.081	0.032	0.297	0.107
			REML	0.077	0.029	0.926	0.050	0.084	0.032	0.307	0.109
		20	ANOVA	0.076	0.026	0.926	0.045	0.083	0.029	0.302	0.097
			ML	0.074	0.025	0.926	0.044	0.080	0.028	0.293	0.095
			REML	0.076	0.026	0.926	0.044	0.083	0.029	0.302	0.097
		50	ANOVA	0.076	0.019	0.925	0.026	0.082	0.020	0.301	0.070
			ML	0.074	0.018	0.925	0.026	0.080	0.020	0.294	0.068
			REML	0.076	0.019	0.925	0.026	0.082	0.020	0.301	0.070
0.3	80	8	ANOVA	0.075	0.030	0.927	0.055	0.081	0.033	0.297	0.114
			ML	0.072	0.029	0.927	0.055	0.079	0.033	0.289	0.113
			REML	0.075	0.030	0.927	0.055	0.081	0.033	0.297	0.113
		16	ANOVA	0.074	0.021	0.925	0.037	0.080	0.023	0.295	0.079
			ML	0.072	0.021	0.925	0.037	0.078	0.023	0.289	0.079
			REML	0.074	0.021	0.925	0.037	0.080	0.023	0.295	0.079
		20	ANOVA	0.075	0.020	0.924	0.034	0.081	0.022	0.300	0.075
			ML	0.074	0.019	0.924	0.034	0.080	0.022	0.294	0.074
			REML	0.075	0.020	0.924	0.034	0.081	0.022	0.300	0.075
		50	ANOVA	0.075	0.014	0.926	0.020	0.081	0.015	0.298	0.052
			ML	0.073	0.014	0.926	0.020	0.079	0.015	0.294	0.052
			REML	0.075	0.014	0.926	0.020	0.081	0.015	0.298	0.052

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.3	100	8	ANOVA	0.076	0.028	0.927	0.051	0.083	0.032	0.302	0.108
			ML	0.074	0.028	0.927	0.051	0.080	0.031	0.295	0.107
			REML	0.076	0.028	0.927	0.051	0.083	0.032	0.302	0.108
		16	ANOVA	0.074	0.019	0.925	0.034	0.080	0.021	0.295	0.071
			ML	0.073	0.019	0.925	0.034	0.079	0.021	0.290	0.070
			REML	0.074	0.019	0.925	0.034	0.080	0.021	0.295	0.071
		20	ANOVA	0.075	0.017	0.925	0.030	0.082	0.019	0.300	0.065
			ML	0.074	0.017	0.925	0.030	0.080	0.019	0.296	0.065
			REML	0.075	0.017	0.925	0.030	0.082	0.019	0.300	0.065
		50	ANOVA	0.074	0.014	0.926	0.019	0.080	0.015	0.297	0.050
			ML	0.074	0.013	0.926	0.018	0.079	0.015	0.294	0.050
			REML	0.074	0.014	0.926	0.018	0.080	0.015	0.297	0.050
0.3	150	8	ANOVA	0.073	0.023	0.926	0.042	0.079	0.026	0.291	0.088
			ML	0.072	0.022	0.926	0.042	0.078	0.025	0.287	0.088
			REML	0.073	0.023	0.926	0.042	0.079	0.026	0.291	0.088
		16	ANOVA	0.075	0.016	0.924	0.028	0.082	0.018	0.301	0.060
			ML	0.074	0.016	0.924	0.028	0.081	0.017	0.298	0.060
			REML	0.075	0.016	0.924	0.028	0.082	0.018	0.301	0.060
		20	ANOVA	0.075	0.014	0.925	0.024	0.081	0.016	0.300	0.054
			ML	0.074	0.012	0.925	0.024	0.080	0.016	0.297	0.054
			REML	0.075	0.014	0.925	0.024	0.081	0.016	0.300	0.054
		50	ANOVA	0.076	0.011	0.926	0.015	0.082	0.013	0.301	0.043
			ML	0.075	0.011	0.926	0.015	0.081	0.012	0.299	0.043
			REML	0.076	0.011	0.926	0.015	0.082	0.013	0.301	0.043
0.4	10	8	ANOVA	0.097	0.102	0.902	0.148	0.114	0.123	0.370	0.369
			ML	0.083	0.084	0.895	0.146	0.097	0.102	0.327	0.309
			REML	0.103	0.095	0.897	0.146	0.120	0.116	0.393	0.338
		16	ANOVA	0.104	0.073	0.904	0.103	0.117	0.086	0.400	0.260
			ML	0.089	0.065	0.903	0.102	0.100	0.076	0.348	0.236
			REML	0.105	0.072	0.904	0.102	0.118	0.084	0.403	0.255
		20	ANOVA	0.100	0.070	0.902	0.092	0.113	0.082	0.387	0.246
			ML	0.086	0.062	0.901	0.092	0.097	0.073	0.338	0.226
			REML	0.100	0.069	0.901	0.092	0.113	0.082	0.388	0.244
		50	ANOVA	0.103	0.058	0.900	0.056	0.115	0.065	0.401	0.196
			ML	0.091	0.052	0.900	0.056	0.102	0.058	0.359	0.181
			REML	0.103	0.058	0.900	0.056	0.115	0.065	0.401	0.196
0.4	25	8	ANOVA	0.098	0.062	0.904	0.099	0.111	0.074	0.385	0.233
			ML	0.090	0.058	0.903	0.099	0.102	0.070	0.358	0.222
			REML	0.098	0.061	0.903	0.099	0.112	0.073	0.387	0.229
		16	ANOVA	0.098	0.045	0.900	0.065	0.109	0.052	0.387	0.165
			ML	0.092	0.043	0.900	0.065	0.103	0.049	0.365	0.160
			REML	0.098	0.045	0.900	0.065	0.109	0.051	0.387	0.165
		20	ANOVA	0.099	0.044	0.900	0.058	0.110	0.051	0.390	0.160
			ML	0.093	0.042	0.900	0.058	0.104	0.049	0.370	0.155
			REML	0.099	0.044	0.900	0.058	0.110	0.051	0.390	0.160
		50	ANOVA	0.101	0.034	0.900	0.036	0.112	0.038	0.399	0.120
			ML	0.096	0.032	0.900	0.036	0.107	0.036	0.383	0.116
			REML	0.101	0.034	0.900	0.036	0.112	0.038	0.399	0.120

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.4	50	8	ANOVA	0.099	0.045	0.900	0.069	0.111	0.053	0.393	0.168
			ML	0.095	0.044	0.900	0.069	0.107	0.052	0.378	0.166
			REML	0.099	0.045	0.900	0.069	0.111	0.053	0.393	0.168
		16	ANOVA	0.103	0.034	0.901	0.049	0.115	0.039	0.407	0.125
			ML	0.100	0.033	0.901	0.049	0.111	0.039	0.396	0.123
			REML	0.103	0.034	0.901	0.049	0.115	0.039	0.407	0.125
		20	ANOVA	0.101	0.031	0.901	0.043	0.113	0.035	0.402	0.113
			ML	0.098	0.030	0.901	0.043	0.110	0.035	0.391	0.111
			REML	0.101	0.031	0.901	0.043	0.113	0.035	0.402	0.113
		50	ANOVA	0.101	0.024	0.900	0.025	0.112	0.027	0.401	0.086
			ML	0.099	0.023	0.900	0.025	0.109	0.026	0.392	0.085
			REML	0.101	0.024	0.900	0.025	0.112	0.027	0.401	0.086
0.4	80	8	ANOVA	0.100	0.033	0.902	0.054	0.112	0.038	0.397	0.123
			ML	0.097	0.032	0.902	0.054	0.109	0.038	0.388	0.122
			REML	0.100	0.033	0.902	0.054	0.112	0.038	0.397	0.123
		16	ANOVA	0.099	0.025	0.901	0.036	0.110	0.028	0.394	0.091
			ML	0.097	0.024	0.900	0.036	0.108	0.028	0.387	0.090
			REML	0.099	0.025	0.900	0.036	0.110	0.028	0.394	0.091
		20	ANOVA	0.100	0.023	0.900	0.033	0.112	0.027	0.399	0.087
			ML	0.098	0.023	0.899	0.033	0.110	0.027	0.393	0.087
			REML	0.100	0.023	0.900	0.033	0.112	0.027	0.399	0.087
		50	ANOVA	0.100	0.018	0.901	0.020	0.111	0.020	0.397	0.064
			ML	0.098	0.017	0.901	0.020	0.109	0.020	0.392	0.064
			REML	0.100	0.018	0.901	0.020	0.111	0.020	0.397	0.064
0.4	100	8	ANOVA	0.101	0.031	0.902	0.049	0.113	0.036	0.401	0.117
			ML	0.099	0.031	0.902	0.049	0.110	0.036	0.393	0.116
			REML	0.101	0.031	0.902	0.049	0.113	0.036	0.401	0.117
		16	ANOVA	0.098	0.022	0.900	0.033	0.110	0.025	0.393	0.081
			ML	0.097	0.022	0.900	0.033	0.108	0.025	0.388	0.081
			REML	0.098	0.022	0.900	0.033	0.110	0.025	0.393	0.081
		20	ANOVA	0.100	0.021	0.900	0.029	0.112	0.024	0.400	0.076
			ML	0.099	0.020	0.900	0.029	0.110	0.023	0.395	0.075
			REML	0.100	0.021	0.900	0.029	0.112	0.024	0.400	0.076
		50	ANOVA	0.099	0.017	0.901	0.018	0.110	0.019	0.396	0.062
			ML	0.098	0.017	0.901	0.018	0.109	0.019	0.392	0.061
			REML	0.099	0.017	0.901	0.018	0.110	0.019	0.396	0.062
0.4	150	8	ANOVA	0.098	0.025	0.901	0.041	0.109	0.029	0.390	0.095
			ML	0.096	0.025	0.901	0.041	0.107	0.029	0.385	0.095
			REML	0.098	0.025	0.901	0.041	0.109	0.029	0.390	0.095
		16	ANOVA	0.100	0.018	0.899	0.027	0.112	0.021	0.401	0.068
			ML	0.099	0.018	0.899	0.027	0.111	0.021	0.397	0.068
			REML	0.100	0.018	0.899	0.027	0.112	0.021	0.401	0.068
		20	ANOVA	0.100	0.017	0.900	0.024	0.111	0.020	0.399	0.063
			ML	0.099	0.017	0.900	0.024	0.110	0.019	0.396	0.063
			REML	0.100	0.017	0.900	0.024	0.111	0.020	0.399	0.063
		50	ANOVA	0.101	0.014	0.901	0.015	0.112	0.017	0.401	0.053
			ML	0.100	0.014	0.901	0.015	0.111	0.016	0.399	0.053
			REML	0.101	0.014	0.901	0.015	0.112	0.016	0.401	0.053

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.5	10	8	ANOVA	0.122	0.112	0.877	0.144	0.147	0.139	0.465	0.395
			ML	0.104	0.096	0.872	0.142	0.124	0.119	0.406	0.346
			REML	0.126	0.108	0.874	0.143	0.150	0.135	0.480	0.373
		16	ANOVA	0.130	0.085	0.879	0.100	0.150	0.102	0.497	0.291
			ML	0.112	0.076	0.879	0.100	0.130	0.091	0.438	0.267
			REML	0.130	0.084	0.879	0.100	0.151	0.101	0.499	0.287
		20	ANOVA	0.125	0.081	0.876	0.090	0.145	0.098	0.483	0.276
			ML	0.108	0.073	0.876	0.090	0.125	0.088	0.426	0.257
			REML	0.125	0.081	0.876	0.090	0.145	0.098	0.483	0.275
		50	ANOVA	0.129	0.070	0.875	0.055	0.148	0.080	0.499	0.227
			ML	0.114	0.063	0.875	0.055	0.131	0.072	0.450	0.211
			REML	0.129	0.070	0.875	0.055	0.148	0.080	0.499	0.227
0.5	25	8	ANOVA	0.123	0.067	0.879	0.096	0.143	0.084	0.483	0.248
			ML	0.114	0.064	0.878	0.096	0.133	0.080	0.452	0.241
			REML	0.123	0.067	0.878	0.096	0.143	0.083	0.484	0.246
		16	ANOVA	0.122	0.052	0.875	0.063	0.141	0.061	0.484	0.184
			ML	0.115	0.050	0.875	0.063	0.133	0.058	0.459	0.179
			REML	0.122	0.052	0.875	0.063	0.141	0.061	0.484	0.184
		20	ANOVA	0.124	0.052	0.875	0.057	0.142	0.061	0.488	0.181
			ML	0.117	0.049	0.875	0.057	0.134	0.058	0.465	0.176
			REML	0.124	0.052	0.875	0.057	0.142	0.061	0.488	0.181
		50	ANOVA	0.126	0.041	0.875	0.035	0.144	0.047	0.498	0.141
			ML	0.120	0.039	0.875	0.035	0.138	0.045	0.479	0.137
			REML	0.126	0.041	0.875	0.035	0.144	0.047	0.498	0.141
0.5	50	8	ANOVA	0.124	0.049	0.875	0.067	0.143	0.060	0.492	0.180
			ML	0.119	0.048	0.875	0.067	0.138	0.059	0.476	0.178
			REML	0.124	0.049	0.875	0.067	0.143	0.060	0.492	0.180
		16	ANOVA	0.128	0.039	0.876	0.047	0.147	0.047	0.508	0.139
			ML	0.125	0.039	0.876	0.047	0.143	0.046	0.495	0.138
			REML	0.128	0.039	0.876	0.047	0.147	0.047	0.508	0.139
		20	ANOVA	0.126	0.036	0.876	0.042	0.145	0.043	0.501	0.128
			ML	0.123	0.035	0.876	0.042	0.141	0.042	0.489	0.126
			REML	0.126	0.036	0.876	0.042	0.145	0.043	0.501	0.128
		50	ANOVA	0.126	0.029	0.875	0.025	0.144	0.033	0.500	0.101
			ML	0.123	0.028	0.875	0.025	0.141	0.033	0.490	0.100
			REML	0.126	0.029	0.875	0.025	0.144	0.033	0.500	0.101
0.5	80	8	ANOVA	0.125	0.036	0.877	0.052	0.143	0.043	0.497	0.132
			ML	0.122	0.035	0.877	0.052	0.140	0.043	0.487	0.131
			REML	0.125	0.036	0.877	0.052	0.143	0.043	0.497	0.132
		16	ANOVA	0.124	0.028	0.875	0.035	0.142	0.033	0.493	0.102
			ML	0.121	0.028	0.875	0.035	0.139	0.033	0.485	0.101
			REML	0.124	0.028	0.875	0.035	0.142	0.033	0.493	0.102
		20	ANOVA	0.125	0.027	0.875	0.032	0.143	0.032	0.499	0.099
			ML	0.123	0.027	0.875	0.032	0.141	0.032	0.492	0.098
			REML	0.125	0.027	0.875	0.032	0.143	0.032	0.499	0.099
		50	ANOVA	0.124	0.021	0.876	0.019	0.142	0.025	0.496	0.076
			ML	0.123	0.021	0.876	0.019	0.140	0.025	0.490	0.075
			REML	0.124	0.021	0.876	0.019	0.142	0.025	0.496	0.076

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.5	100	8	ANOVA	0.126	0.034	0.877	0.048	0.144	0.041	0.500	0.125
			ML	0.123	0.034	0.877	0.048	0.142	0.041	0.492	0.124
			REML	0.126	0.034	0.877	0.048	0.144	0.041	0.500	0.125
		16	ANOVA	0.123	0.026	0.875	0.032	0.141	0.030	0.492	0.091
			ML	0.121	0.025	0.875	0.032	0.139	0.030	0.486	0.091
			REML	0.123	0.026	0.875	0.032	0.141	0.030	0.492	0.091
		20	ANOVA	0.125	0.024	0.875	0.028	0.143	0.028	0.500	0.086
			ML	0.124	0.024	0.875	0.028	0.142	0.028	0.494	0.085
			REML	0.125	0.024	0.875	0.028	0.143	0.028	0.500	0.086
		50	ANOVA	0.124	0.020	0.876	0.017	0.142	0.024	0.495	0.073
			ML	0.123	0.020	0.876	0.017	0.140	0.024	0.490	0.072
			REML	0.124	0.021	0.876	0.017	0.142	0.024	0.495	0.073
0.5	150	8	ANOVA	0.122	0.027	0.876	0.040	0.140	0.033	0.489	0.102
			ML	0.121	0.027	0.876	0.040	0.138	0.033	0.484	0.102
			REML	0.122	0.027	0.876	0.040	0.140	0.033	0.489	0.102
		16	ANOVA	0.125	0.021	0.874	0.027	0.144	0.025	0.501	0.076
			ML	0.124	0.021	0.874	0.027	0.142	0.025	0.497	0.076
			REML	0.125	0.021	0.874	0.027	0.144	0.025	0.501	0.076
		20	ANOVA	0.125	0.020	0.875	0.023	0.143	0.024	0.498	0.072
			ML	0.124	0.020	0.875	0.023	0.142	0.023	0.495	0.072
			REML	0.125	0.020	0.875	0.023	0.143	0.024	0.498	0.072
		50	ANOVA	0.126	0.018	0.876	0.014	0.144	0.020	0.501	0.062
			ML	0.125	0.017	0.876	0.014	0.143	0.020	0.498	0.062
			REML	0.126	0.018	0.876	0.014	0.144	0.020	0.501	0.062
0.6	10	8	ANOVA	0.148	0.123	0.852	0.140	0.181	0.157	0.560	0.419
			ML	0.125	0.107	0.849	0.139	0.154	0.137	0.490	0.377
			REML	0.150	0.120	0.850	0.139	0.184	0.153	0.570	0.402
		16	ANOVA	0.156	0.097	0.854	0.097	0.185	0.119	0.593	0.319
			ML	0.135	0.086	0.854	0.097	0.161	0.106	0.527	0.296
			REML	0.156	0.096	0.854	0.097	0.185	0.118	0.595	0.316
		20	ANOVA	0.150	0.093	0.851	0.087	0.179	0.115	0.578	0.304
			ML	0.131	0.083	0.851	0.087	0.156	0.103	0.515	0.285
			REML	0.150	0.093	0.851	0.087	0.179	0.115	0.578	0.303
		50	ANOVA	0.154	0.081	0.850	0.053	0.182	0.096	0.596	0.255
			ML	0.137	0.073	0.850	0.053	0.162	0.086	0.540	0.239
			REML	0.154	0.081	0.850	0.053	0.182	0.096	0.596	0.255
0.6	25	8	ANOVA	0.148	0.073	0.853	0.093	0.177	0.094	0.580	0.262
			ML	0.138	0.070	0.853	0.093	0.165	0.090	0.546	0.256
			REML	0.148	0.073	0.853	0.093	0.177	0.094	0.581	0.261
		16	ANOVA	0.147	0.059	0.850	0.061	0.174	0.071	0.581	0.202
			ML	0.139	0.056	0.850	0.061	0.165	0.068	0.554	0.197
			REML	0.147	0.059	0.850	0.061	0.174	0.071	0.581	0.202
		20	ANOVA	0.148	0.059	0.850	0.055	0.175	0.072	0.585	0.200
			ML	0.141	0.057	0.850	0.055	0.166	0.068	0.559	0.195
			REML	0.148	0.059	0.850	0.055	0.175	0.072	0.585	0.200
		50	ANOVA	0.151	0.048	0.850	0.034	0.178	0.057	0.597	0.160
			ML	0.145	0.046	0.850	0.034	0.170	0.055	0.575	0.156
			REML	0.151	0.048	0.850	0.034	0.178	0.057	0.597	0.160

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.6	50	8	ANOVA	0.150	0.054	0.850	0.065	0.177	0.067	0.591	0.191
			ML	0.144	0.053	0.850	0.065	0.171	0.066	0.574	0.189
			REML	0.149	0.054	0.850	0.065	0.177	0.067	0.591	0.191
		16	ANOVA	0.154	0.045	0.851	0.046	0.181	0.054	0.607	0.153
			ML	0.150	0.044	0.851	0.046	0.177	0.053	0.594	0.151
			REML	0.154	0.045	0.851	0.046	0.181	0.054	0.607	0.153
		20	ANOVA	0.151	0.041	0.851	0.041	0.179	0.050	0.600	0.141
			ML	0.147	0.040	0.851	0.041	0.174	0.049	0.587	0.140
			REML	0.151	0.041	0.851	0.041	0.179	0.050	0.600	0.141
		50	ANOVA	0.151	0.034	0.850	0.024	0.178	0.040	0.599	0.116
			ML	0.147	0.034	0.850	0.024	0.174	0.040	0.588	0.114
			REML	0.151	0.034	0.850	0.024	0.178	0.040	0.599	0.116
0.6	80	8	ANOVA	0.150	0.039	0.852	0.051	0.177	0.049	0.597	0.140
			ML	0.147	0.039	0.852	0.051	0.174	0.048	0.586	0.139
			REML	0.150	0.039	0.852	0.051	0.177	0.049	0.597	0.140
		16	ANOVA	0.148	0.032	0.850	0.034	0.175	0.039	0.592	0.112
			ML	0.146	0.032	0.850	0.034	0.172	0.039	0.583	0.111
			REML	0.148	0.032	0.850	0.034	0.175	0.039	0.592	0.112
		20	ANOVA	0.150	0.031	0.850	0.032	0.177	0.038	0.598	0.109
			ML	0.148	0.031	0.850	0.032	0.174	0.038	0.590	0.108
			REML	0.150	0.031	0.850	0.032	0.177	0.038	0.598	0.109
		50	ANOVA	0.149	0.025	0.851	0.019	0.176	0.030	0.595	0.087
			ML	0.147	0.025	0.851	0.019	0.173	0.030	0.588	0.086
			REML	0.149	0.025	0.851	0.019	0.176	0.030	0.595	0.087
0.6	100	8	ANOVA	0.151	0.037	0.852	0.047	0.178	0.047	0.599	0.133
			ML	0.148	0.037	0.852	0.047	0.175	0.046	0.590	0.132
			REML	0.151	0.037	0.852	0.047	0.178	0.047	0.599	0.133
		16	ANOVA	0.148	0.029	0.850	0.031	0.174	0.035	0.591	0.101
			ML	0.146	0.029	0.850	0.031	0.172	0.035	0.584	0.100
			REML	0.148	0.029	0.850	0.031	0.174	0.035	0.591	0.101
		20	ANOVA	0.150	0.027	0.850	0.027	0.177	0.033	0.599	0.095
			ML	0.148	0.027	0.850	0.027	0.175	0.033	0.593	0.095
			REML	0.150	0.027	0.850	0.027	0.177	0.033	0.599	0.095
		50	ANOVA	0.149	0.024	0.851	0.017	0.175	0.029	0.594	0.083
			ML	0.147	0.024	0.851	0.017	0.173	0.028	0.588	0.082
			REML	0.149	0.024	0.851	0.017	0.175	0.029	0.594	0.083
0.6	150	8	ANOVA	0.147	0.030	0.851	0.039	0.173	0.037	0.588	0.108
			ML	0.145	0.030	0.851	0.039	0.171	0.037	0.582	0.108
			REML	0.147	0.030	0.851	0.039	0.173	0.037	0.588	0.108
		16	ANOVA	0.150	0.024	0.849	0.026	0.177	0.029	0.601	0.084
			ML	0.149	0.024	0.849	0.026	0.176	0.029	0.596	0.084
			REML	0.150	0.024	0.849	0.026	0.177	0.029	0.601	0.084
		20	ANOVA	0.150	0.023	0.850	0.022	0.176	0.028	0.598	0.080
			ML	0.148	0.023	0.850	0.022	0.175	0.027	0.593	0.080
			REML	0.150	0.023	0.850	0.022	0.176	0.028	0.598	0.080
		50	ANOVA	0.151	0.021	0.851	0.014	0.177	0.025	0.601	0.071
			ML	0.150	0.020	0.851	0.014	0.176	0.024	0.598	0.071
			REML	0.151	0.021	0.851	0.014	0.177	0.025	0.601	0.071

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.7	10	8	ANOVA	0.173	0.133	0.827	0.136	0.218	0.175	0.654	0.442
			ML	0.147	0.117	0.825	0.135	0.186	0.154	0.576	0.404
			REML	0.174	0.131	0.825	0.135	0.220	0.173	0.662	0.429
		16	ANOVA	0.182	0.109	0.829	0.094	0.222	0.137	0.689	0.346
			ML	0.158	0.097	0.829	0.094	0.194	0.123	0.617	0.324
			REML	0.182	0.108	0.829	0.094	0.222	0.137	0.689	0.344
		20	ANOVA	0.175	0.104	0.826	0.085	0.215	0.133	0.673	0.329
			ML	0.154	0.094	0.826	0.085	0.189	0.119	0.604	0.310
			REML	0.175	0.104	0.826	0.085	0.215	0.133	0.673	0.329
		50	ANOVA	0.180	0.093	0.825	0.052	0.219	0.113	0.693	0.281
			ML	0.160	0.084	0.825	0.052	0.195	0.102	0.631	0.264
			REML	0.180	0.093	0.825	0.052	0.219	0.113	0.693	0.281
0.7	25	8	ANOVA	0.173	0.079	0.828	0.091	0.213	0.105	0.678	0.275
			ML	0.162	0.076	0.828	0.091	0.199	0.101	0.642	0.270
			REML	0.173	0.079	0.828	0.091	0.213	0.105	0.678	0.275
		16	ANOVA	0.172	0.065	0.825	0.059	0.210	0.081	0.678	0.219
			ML	0.163	0.063	0.825	0.059	0.198	0.078	0.648	0.214
			REML	0.172	0.065	0.825	0.059	0.209	0.081	0.678	0.219
		20	ANOVA	0.173	0.066	0.825	0.054	0.211	0.083	0.682	0.218
			ML	0.165	0.064	0.825	0.054	0.201	0.080	0.654	0.213
			REML	0.173	0.066	0.825	0.054	0.211	0.083	0.682	0.218
		50	ANOVA	0.177	0.055	0.825	0.033	0.214	0.067	0.696	0.178
			ML	0.169	0.053	0.825	0.033	0.205	0.065	0.671	0.174
			REML	0.177	0.055	0.825	0.033	0.214	0.067	0.696	0.178
0.7	50	8	ANOVA	0.174	0.058	0.825	0.063	0.213	0.075	0.690	0.201
			ML	0.168	0.057	0.825	0.063	0.206	0.074	0.672	0.199
			REML	0.174	0.058	0.825	0.063	0.213	0.075	0.690	0.201
		16	ANOVA	0.179	0.050	0.826	0.045	0.218	0.063	0.707	0.165
			ML	0.175	0.049	0.826	0.045	0.212	0.061	0.692	0.164
			REML	0.179	0.050	0.826	0.045	0.218	0.063	0.707	0.165
		20	ANOVA	0.176	0.046	0.826	0.039	0.214	0.058	0.699	0.154
			ML	0.172	0.045	0.826	0.039	0.209	0.057	0.685	0.152
			REML	0.176	0.046	0.826	0.039	0.214	0.058	0.699	0.154
		50	ANOVA	0.176	0.039	0.825	0.023	0.213	0.048	0.698	0.129
			ML	0.172	0.039	0.825	0.023	0.209	0.047	0.686	0.127
			REML	0.176	0.039	0.825	0.023	0.213	0.048	0.698	0.129
0.7	80	8	ANOVA	0.175	0.043	0.827	0.049	0.213	0.055	0.696	0.148
			ML	0.172	0.042	0.827	0.049	0.209	0.054	0.685	0.147
			REML	0.175	0.043	0.827	0.049	0.213	0.055	0.696	0.148
		16	ANOVA	0.173	0.036	0.825	0.033	0.210	0.045	0.691	0.122
			ML	0.170	0.036	0.825	0.033	0.207	0.045	0.681	0.121
			REML	0.173	0.036	0.825	0.033	0.210	0.045	0.691	0.122
		20	ANOVA	0.175	0.035	0.825	0.031	0.213	0.044	0.698	0.119
			ML	0.172	0.034	0.825	0.031	0.210	0.043	0.689	0.118
			REML	0.175	0.035	0.825	0.031	0.213	0.044	0.698	0.119
		50	ANOVA	0.174	0.029	0.826	0.018	0.211	0.036	0.694	0.097
			ML	0.172	0.029	0.826	0.018	0.208	0.035	0.687	0.096
			REML	0.174	0.029	0.826	0.018	0.211	0.036	0.694	0.097

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.7	100	8	ANOVA	0.175	0.040	0.827	0.045	0.213	0.052	0.697	0.140
			ML	0.173	0.040	0.827	0.045	0.210	0.052	0.688	0.139
			REML	0.175	0.040	0.827	0.045	0.213	0.052	0.697	0.140
		16	ANOVA	0.173	0.033	0.825	0.030	0.209	0.040	0.689	0.109
			ML	0.170	0.032	0.825	0.030	0.207	0.040	0.682	0.108
			REML	0.173	0.033	0.825	0.030	0.209	0.040	0.689	0.109
		20	ANOVA	0.175	0.031	0.825	0.026	0.213	0.039	0.699	0.104
			ML	0.173	0.030	0.825	0.026	0.210	0.038	0.692	0.103
			REML	0.175	0.031	0.825	0.026	0.213	0.039	0.699	0.104
		50	ANOVA	0.174	0.028	0.826	0.016	0.210	0.034	0.692	0.092
			ML	0.172	0.027	0.826	0.016	0.208	0.033	0.686	0.091
			REML	0.174	0.028	0.826	0.016	0.210	0.034	0.692	0.092
0.7	150	8	ANOVA	0.172	0.032	0.826	0.038	0.209	0.042	0.687	0.114
			ML	0.170	0.032	0.826	0.038	0.207	0.041	0.681	0.113
			REML	0.172	0.032	0.826	0.038	0.209	0.042	0.687	0.114
		16	ANOVA	0.175	0.027	0.825	0.025	0.213	0.034	0.700	0.091
			ML	0.174	0.027	0.825	0.025	0.211	0.033	0.695	0.090
			REML	0.175	0.027	0.825	0.025	0.213	0.034	0.700	0.091
		20	ANOVA	0.175	0.026	0.825	0.022	0.212	0.032	0.697	0.087
			ML	0.173	0.025	0.825	0.022	0.210	0.032	0.692	0.087
			REML	0.175	0.026	0.825	0.022	0.212	0.032	0.697	0.087
		50	ANOVA	0.176	0.024	0.826	0.014	0.213	0.029	0.701	0.079
			ML	0.175	0.024	0.826	0.014	0.212	0.029	0.697	0.079
			REML	0.176	0.024	0.826	0.014	0.213	0.029	0.701	0.079
0.8	10	8	ANOVA	0.198	0.144	0.802	0.132	0.257	0.195	0.748	0.462
			ML	0.170	0.127	0.800	0.131	0.221	0.173	0.663	0.430
			REML	0.199	0.142	0.801	0.131	0.258	0.193	0.753	0.453
		16	ANOVA	0.207	0.120	0.804	0.091	0.261	0.157	0.783	0.370
			ML	0.182	0.108	0.804	0.091	0.229	0.141	0.706	0.350
			REML	0.207	0.120	0.804	0.091	0.261	0.157	0.784	0.369
		20	ANOVA	0.200	0.116	0.801	0.082	0.254	0.152	0.768	0.353
			ML	0.176	0.104	0.801	0.082	0.223	0.137	0.694	0.334
			REML	0.200	0.116	0.801	0.082	0.254	0.152	0.768	0.353
		50	ANOVA	0.205	0.104	0.800	0.050	0.258	0.131	0.789	0.305
			ML	0.183	0.094	0.800	0.050	0.230	0.118	0.721	0.288
			REML	0.205	0.104	0.800	0.050	0.258	0.131	0.789	0.305
0.8	25	8	ANOVA	0.198	0.085	0.803	0.088	0.251	0.117	0.775	0.286
			ML	0.186	0.082	0.803	0.088	0.236	0.112	0.737	0.282
			REML	0.198	0.085	0.803	0.088	0.251	0.117	0.775	0.286
		16	ANOVA	0.196	0.072	0.800	0.057	0.247	0.092	0.774	0.234
			ML	0.187	0.069	0.800	0.057	0.234	0.089	0.743	0.229
			REML	0.196	0.072	0.800	0.057	0.247	0.092	0.774	0.234
		20	ANOVA	0.198	0.074	0.800	0.052	0.249	0.095	0.779	0.235
			ML	0.188	0.071	0.800	0.052	0.237	0.091	0.749	0.230
			REML	0.198	0.074	0.800	0.052	0.249	0.095	0.779	0.235
		50	ANOVA	0.202	0.062	0.800	0.032	0.252	0.078	0.794	0.195
			ML	0.193	0.060	0.800	0.032	0.241	0.075	0.767	0.190
			REML	0.202	0.062	0.800	0.032	0.252	0.078	0.794	0.195

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.8	50	8	ANOVA	0.199	0.062	0.800	0.061	0.251	0.084	0.789	0.209
			ML	0.193	0.061	0.800	0.061	0.244	0.082	0.770	0.208
			REML	0.199	0.062	0.800	0.061	0.251	0.084	0.789	0.209
		16	ANOVA	0.205	0.055	0.801	0.043	0.256	0.071	0.806	0.177
			ML	0.200	0.054	0.801	0.043	0.250	0.070	0.790	0.175
			REML	0.205	0.055	0.801	0.043	0.256	0.071	0.806	0.177
		20	ANOVA	0.201	0.051	0.800	0.038	0.252	0.066	0.798	0.166
			ML	0.197	0.050	0.800	0.038	0.246	0.065	0.782	0.164
			REML	0.201	0.051	0.800	0.038	0.252	0.066	0.798	0.166
		50	ANOVA	0.201	0.045	0.800	0.023	0.251	0.056	0.797	0.141
			ML	0.197	0.044	0.800	0.023	0.246	0.055	0.783	0.140
			REML	0.201	0.045	0.800	0.023	0.251	0.056	0.797	0.141
0.8	80	8	ANOVA	0.200	0.046	0.801	0.048	0.251	0.061	0.796	0.155
			ML	0.197	0.046	0.801	0.048	0.247	0.061	0.784	0.154
			REML	0.200	0.046	0.801	0.048	0.251	0.061	0.796	0.155
		16	ANOVA	0.198	0.040	0.800	0.032	0.248	0.052	0.790	0.131
			ML	0.195	0.039	0.800	0.032	0.244	0.051	0.780	0.130
			REML	0.198	0.040	0.800	0.032	0.248	0.052	0.790	0.131
		20	ANOVA	0.200	0.039	0.800	0.030	0.251	0.050	0.797	0.128
			ML	0.197	0.038	0.800	0.030	0.247	0.050	0.788	0.127
			REML	0.200	0.039	0.800	0.030	0.251	0.050	0.797	0.128
		50	ANOVA	0.199	0.033	0.801	0.018	0.249	0.042	0.793	0.106
			ML	0.196	0.033	0.801	0.018	0.245	0.041	0.785	0.106
			REML	0.199	0.033	0.801	0.018	0.250	0.042	0.793	0.106
0.8	100	8	ANOVA	0.200	0.043	0.802	0.044	0.251	0.058	0.796	0.146
			ML	0.197	0.043	0.802	0.044	0.247	0.057	0.787	0.146
			REML	0.200	0.043	0.802	0.044	0.251	0.058	0.796	0.146
		16	ANOVA	0.197	0.036	0.800	0.029	0.247	0.046	0.788	0.117
			ML	0.195	0.036	0.800	0.029	0.244	0.045	0.780	0.116
			REML	0.197	0.036	0.800	0.029	0.247	0.046	0.788	0.117
		20	ANOVA	0.200	0.034	0.800	0.026	0.251	0.044	0.798	0.112
			ML	0.198	0.034	0.800	0.026	0.248	0.044	0.791	0.111
			REML	0.200	0.034	0.800	0.026	0.251	0.044	0.798	0.112
		50	ANOVA	0.198	0.031	0.801	0.016	0.248	0.039	0.791	0.100
			ML	0.196	0.031	0.801	0.016	0.245	0.039	0.784	0.100
			REML	0.198	0.031	0.801	0.016	0.248	0.039	0.791	0.100
0.8	150	8	ANOVA	0.197	0.035	0.801	0.037	0.246	0.046	0.786	0.119
			ML	0.195	0.034	0.801	0.037	0.244	0.046	0.780	0.118
			REML	0.197	0.035	0.801	0.037	0.246	0.046	0.786	0.119
		16	ANOVA	0.201	0.029	0.800	0.024	0.251	0.038	0.800	0.097
			ML	0.199	0.029	0.800	0.024	0.249	0.038	0.795	0.097
			REML	0.201	0.029	0.800	0.024	0.251	0.038	0.800	0.097
		20	ANOVA	0.199	0.028	0.800	0.021	0.250	0.037	0.796	0.094
			ML	0.198	0.029	0.800	0.021	0.248	0.037	0.791	0.094
			REML	0.199	0.028	0.800	0.021	0.250	0.037	0.796	0.094
		50	ANOVA	0.201	0.027	0.801	0.013	0.251	0.034	0.801	0.087
			ML	0.200	0.027	0.801	0.013	0.250	0.034	0.797	0.086
			REML	0.201	0.027	0.801	0.013	0.251	0.034	0.801	0.087

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.9	10	8	ANOVA	0.223	0.154	0.777	0.128	0.299	0.216	0.842	0.481
			ML	0.192	0.137	0.776	0.127	0.258	0.192	0.751	0.453
			REML	0.224	0.153	0.776	0.128	0.300	0.214	0.846	0.474
		16	ANOVA	0.233	0.132	0.779	0.088	0.303	0.178	0.888	0.392
			ML	0.205	0.119	0.779	0.088	0.266	0.160	0.796	0.373
			REML	0.233	0.132	0.779	0.088	0.303	0.177	0.878	0.392
		20	ANOVA	0.226	0.127	0.776	0.080	0.295	0.172	0.862	0.375
			ML	0.199	0.114	0.776	0.080	0.260	0.155	0.783	0.357
			REML	0.226	0.127	0.776	0.080	0.295	0.172	0.862	0.375
		50	ANOVA	0.231	0.116	0.775	0.049	0.299	0.150	0.884	0.327
			ML	0.206	0.104	0.775	0.049	0.267	0.135	0.811	0.310
			REML	0.231	0.116	0.775	0.049	0.299	0.150	0.884	0.327
0.9	25	8	ANOVA	0.223	0.091	0.778	0.085	0.291	0.129	0.872	0.296
			ML	0.210	0.088	0.778	0.085	0.274	0.124	0.833	0.292
			REML	0.223	0.091	0.778	0.085	0.291	0.129	0.872	0.296
		16	ANOVA	0.221	0.079	0.775	0.056	0.287	0.104	0.871	0.248
			ML	0.210	0.076	0.775	0.056	0.272	0.100	0.838	0.244
			REML	0.221	0.079	0.775	0.056	0.287	0.104	0.871	0.248
		20	ANOVA	0.223	0.081	0.775	0.050	0.289	0.108	0.876	0.250
			ML	0.212	0.078	0.775	0.050	0.275	0.103	0.844	0.245
			REML	0.223	0.081	0.775	0.050	0.289	0.108	0.876	0.250
		50	ANOVA	0.227	0.070	0.775	0.031	0.293	0.090	0.892	0.210
			ML	0.217	0.067	0.775	0.031	0.281	0.086	0.863	0.206
			REML	0.227	0.070	0.775	0.031	0.293	0.090	0.892	0.210
0.9	50	8	ANOVA	0.224	0.066	0.775	0.059	0.292	0.092	0.888	0.217
			ML	0.218	0.065	0.775	0.059	0.284	0.091	0.869	0.216
			REML	0.224	0.066	0.775	0.059	0.292	0.092	0.888	0.217
		16	ANOVA	0.230	0.060	0.776	0.042	0.298	0.081	0.906	0.187
			ML	0.224	0.059	0.776	0.042	0.290	0.079	0.889	0.185
			REML	0.230	0.060	0.776	0.042	0.298	0.081	0.906	0.187
		20	ANOVA	0.226	0.056	0.775	0.037	0.293	0.075	0.896	0.177
			ML	0.221	0.055	0.775	0.037	0.286	0.074	0.880	0.175
			REML	0.226	0.056	0.775	0.037	0.293	0.075	0.896	0.177
		50	ANOVA	0.226	0.050	0.775	0.022	0.292	0.064	0.896	0.153
			ML	0.221	0.049	0.775	0.022	0.286	0.063	0.881	0.151
			REML	0.226	0.050	0.775	0.022	0.292	0.064	0.896	0.153
0.9	80	8	ANOVA	0.226	0.050	0.776	0.046	0.292	0.068	0.895	0.162
			ML	0.222	0.049	0.776	0.046	0.287	0.067	0.883	0.161
			REML	0.226	0.050	0.776	0.046	0.292	0.068	0.895	0.162
		16	ANOVA	0.223	0.044	0.775	0.031	0.288	0.059	0.888	0.139
			ML	0.220	0.043	0.775	0.031	0.284	0.058	0.878	0.138
			REML	0.223	0.044	0.775	0.031	0.288	0.059	0.888	0.139
		20	ANOVA	0.225	0.042	0.775	0.029	0.291	0.057	0.896	0.136
			ML	0.222	0.042	0.775	0.029	0.287	0.056	0.886	0.135
			REML	0.225	0.042	0.775	0.029	0.291	0.057	0.896	0.136
		50	ANOVA	0.224	0.037	0.776	0.017	0.289	0.048	0.892	0.115
			ML	0.221	0.036	0.776	0.017	0.285	0.048	0.883	0.114
			REML	0.224	0.037	0.776	0.017	0.289	0.048	0.892	0.115

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3.'ün Devamı

h^2	s	n	Yöntem	$\hat{\sigma}_s^2$		$\hat{\sigma}_e^2$		$\hat{\gamma}$		$\hat{h}^2$	
				ort	ss	ort	ss	ort	ss	ort	ss
0.9	100	8	ANOVA	0.225	0.046	0.777	0.043	0.291	0.064	0.895	0.152
			ML	0.222	0.046	0.777	0.043	0.287	0.064	0.885	0.151
			REML	0.225	0.046	0.777	0.043	0.291	0.064	0.895	0.152
		16	ANOVA	0.222	0.039	0.775	0.028	0.287	0.052	0.887	0.124
			ML	0.219	0.039	0.775	0.028	0.283	0.051	0.878	0.123
			REML	0.222	0.039	0.775	0.028	0.287	0.052	0.887	0.124
		20	ANOVA	0.225	0.037	0.775	0.025	0.291	0.050	0.898	0.119
			ML	0.223	0.037	0.775	0.025	0.288	0.050	0.890	0.119
			REML	0.225	0.037	0.775	0.025	0.291	0.050	0.898	0.119
		50	ANOVA	0.223	0.035	0.776	0.015	0.288	0.045	0.890	0.108
			ML	0.221	0.034	0.776	0.015	0.285	0.045	0.883	0.108
			REML	0.223	0.035	0.776	0.015	0.288	0.045	0.890	0.108
0.9	150	8	ANOVA	0.222	0.037	0.776	0.035	0.286	0.051	0.885	0.123
			ML	0.220	0.037	0.776	0.035	0.283	0.051	0.879	0.123
			REML	0.222	0.037	0.776	0.035	0.286	0.051	0.885	0.123
		16	ANOVA	0.226	0.032	0.775	0.024	0.292	0.043	0.900	0.102
			ML	0.224	0.032	0.775	0.024	0.289	0.043	0.894	0.102
			REML	0.226	0.032	0.775	0.024	0.292	0.043	0.900	0.102
		20	ANOVA	0.224	0.031	0.775	0.020	0.290	0.042	0.896	0.100
			ML	0.223	0.031	0.775	0.020	0.288	0.042	0.890	0.100
			REML	0.224	0.031	0.775	0.020	0.290	0.042	0.896	0.100
		50	ANOVA	0.226	0.030	0.776	0.013	0.292	0.039	0.901	0.094
			ML	0.225	0.030	0.776	0.013	0.290	0.039	0.896	0.093
			REML	0.226	0.030	0.776	0.013	0.292	0.039	0.901	0.094

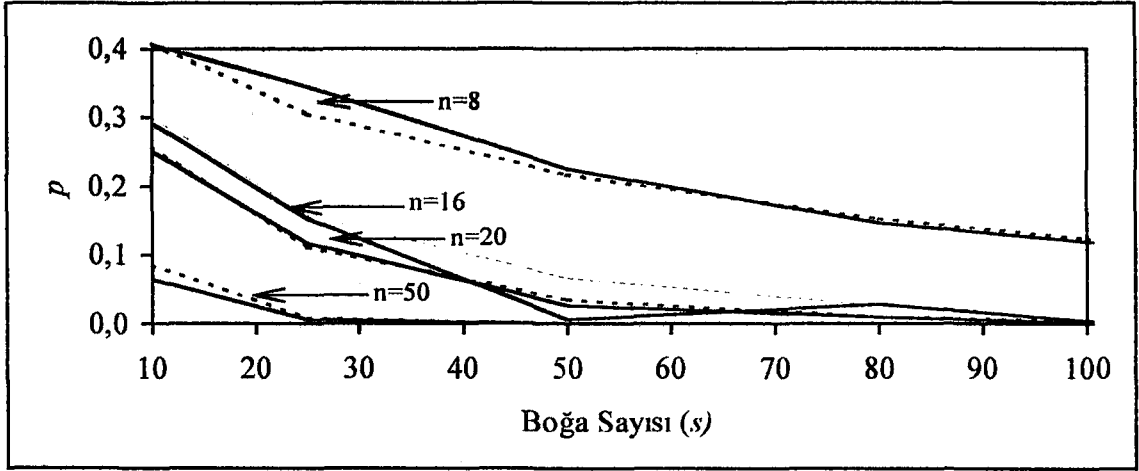
Çizelge 4.4. ANOVA tahmini, $\hat{\sigma}_e^2$ 'nin ampirik ve teorik (parantez içerisinde) negatif olma olasılıkları

h^2	n	s					
		10	25	50	80	100	150
0.1	8	0.406 (0.409)	0.344 (0.305)	0.224 (0.215)	0.146 (0.152)	0.118 (0.123)	0.104 (0.075)
	16	0.290 (0.300)	0.152 (0.157)	0.006 (0.066)	0.028 (0.026)	0.004 (0.014)	0.002 (0.003)
	20	0.250 (0.257)	0.116 (0.111)	0.026 (0.035)	0.010 (0.010)	0.002 (0.004)	0.000 (0.001)
	50	0.064 (0.086)	0.006 (0.008)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
0.2	8	0.300 (0.297)	0.178 (0.156)	0.070 (0.067)	0.018 (0.027)	0.016 (0.015)	0.006 (0.004)
	16	0.146 (0.159)	0.052 (0.037)	0.002 (0.004)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.108 (0.118)	0.002 (0.018)	0.000 (0.001)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.014 (0.019)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
0.3	8	0.230 (0.213)	0.082 (0.075)	0.020 (0.017)	0.004 (0.003)	0.002 (0.001)	0.002 (0.000)
	16	0.082 (0.086)	0.016 (0.008)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.060 (0.057)	0.002 (0.003)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.000 (0.006)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
0.4	8	0.176 (0.152)	0.036 (0.034)	0.002 (0.004)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	16	0.046 (0.048)	0.002 (0.002)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.032 (0.029)	0.000 (0.001)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.000 (0.002)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
0.5	8	0.120 (0.108)	0.016 (0.015)	0.000 (0.001)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	16	0.028 (0.028)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.008 (0.016)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.000 (0.001)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)

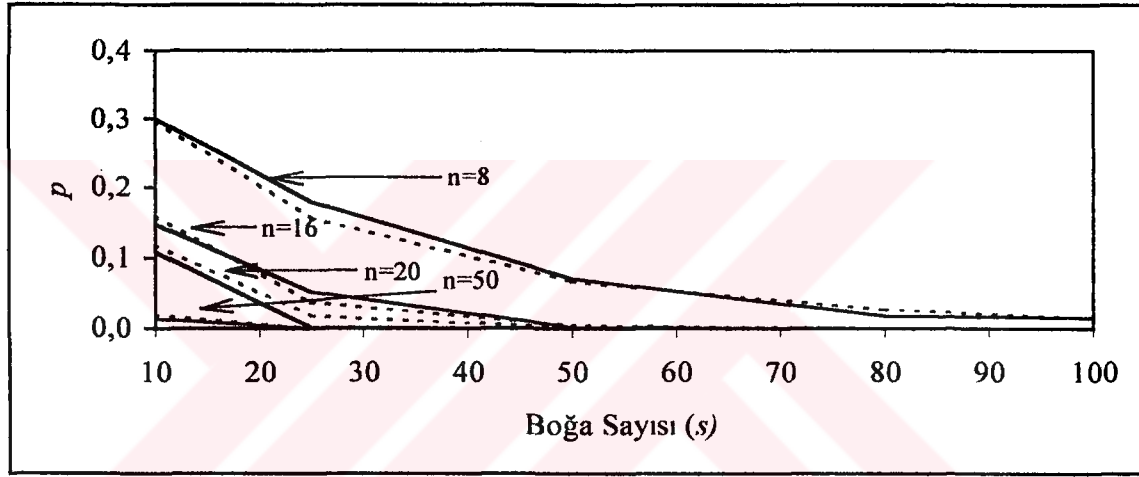
(Devamı arkada)

Çizelge 4.4'ün Devamı

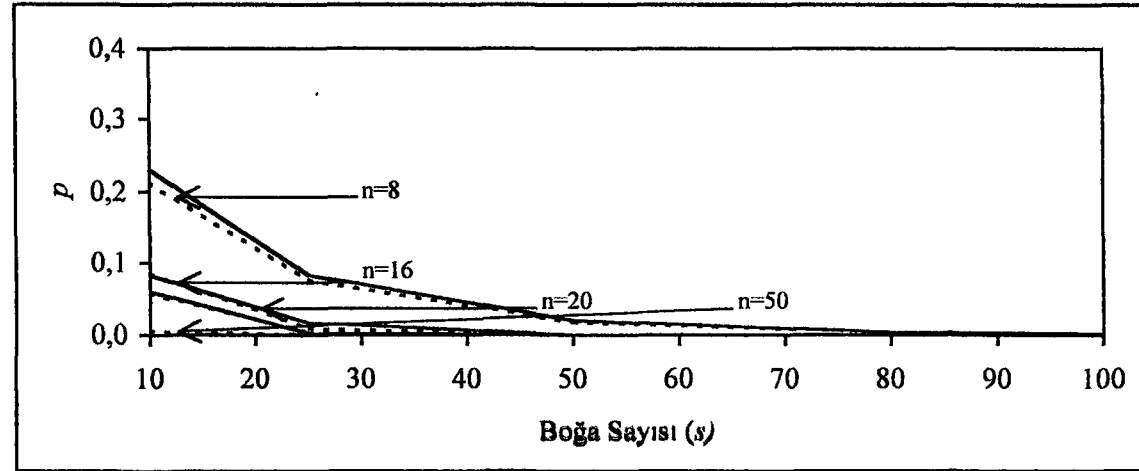
h^2	n	s					
		10	25	50	80	100	150
0.6	8	0.086 (0.077)	0.004 (0.007)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	16	0.026 (0.016)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.004 (0.009)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
0.7	8	0.064 (0.055)	0.002 (0.003)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	16	0.014 (0.010)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.004 (0.005)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
0.8	8	0.044 (0.039)	0.000 (0.001)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	16	0.006 (0.006)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.004 (0.003)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
0.9	8	0.026 (0.028)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	16	0.006 (0.004)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	20	0.000 (0.002)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
	50	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)



a) $h^2=0.1$



b) $h^2=0.2$



c) $h^2=0.3$

Şekil 4.1. Farklı kalıtım dereceleri ($h^2=0.1, 0.2, 0.3$), farklı döl ($n=8, 16, 25, 50$) ve boğa sayıları (s) için ampirik (—) ve teorik (---) negatif varyans olasılıkları, p

4.3. Seleksiyon İndekslerine Ait Sonuçlar

Farklı aile büyüklükleri ve kalıtım dereceleri için optimal genetik ilerlemeler, R_{opt} , Çizelge 4.5’de verilmiştir. Bu çizelgeden optimal genetik ilerlemenin kalıtım derecesi ve döl sayısının her ikisinin birden fonksiyonu olduğu görülmektedir. Optimal genetik ilerleme h^2 ve n arttıkça artmaktadır. Fakat döl sayısının artması özellikle düşük kalıtım dereceleri için, etkili olmakta ve genetik ilerlemenin daha fazla artmasına sebep olmaktadır.

Bölüm 4.1’de üretilen farklı aile büyüklükleri ve kalıtım derecelerindeki veri setleri için, ANOVA, ML ve REML yöntemleri ile 500 döngüden oluşan örneklerden elde edilen tahmini, $\hat{R}$, ve başarılan, R^a , genetik ilerlemelerin ortalama ve standart sapmaları Çizelge 4.6’da sunulmuştur.

Bu çizelgeden de görülebileceği gibi, ANOVA ve REML yöntemlerine ait $\hat{R}$ ve R^a ’nın ortalama değerleri aile büyüklüğü veya kalıtım derecesine bakılmaksızın birbirinin tamamen aynıdır. Bunun nedeni, tahmini ve başarılan genetik ilerleme değerlerini hesaplarken, kalıtım derecesinin ANOVA tahmininin, $\hat{h}^2$, 0-1 aralığı dışına düştüğünde uygun limit değerine eşitledikten sonra kullanılmasından kaynaklanmaktadır. Yani, örneğin $\hat{h}^2$ ’nin negatif değerleri 0’a eşitlendikten sonra genetik ilerleme hesaplamalarında kullanılmıştır.

Çizelge 4.5. Farklı aile büyüklükleri ($n=8, 16, 20, 50$) ve kalıtım derecelerinde ($h^2=0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9$) optimal genetik ilerlemeler, R_{opt} ,

h^2	R_{opt}			
	$n = 8$	$n = 16$	$n = 20$	$n = 50$
0.1	0.1144	0.1252	0.1292	0.1464
0.2	0.2208	0.2333	0.2375	0.2528
0.3	0.3220	0.3332	0.3367	0.3482
0.4	0.4201	0.4290	0.4315	0.4396
0.5	0.5164	0.5228	0.5245	0.5298
0.6	0.6119	0.6161	0.6172	0.6204
0.7	0.7075	0.7098	0.7104	0.7121
0.8	0.8036	0.8047	0.8049	0.8057
0.9	0.9010	0.9012	0.9013	0.9015

Çizelge 4.6'dan her üç y nteme g re elde edilen tahmini genetik ilerlemenin R_{opt} 'a g re yukarı dođru yanlı ve bařarılan genetik ilerlemenin ise R_{opt} 'a g re ařađı dođru yanlı olduđu g r lmektedir. K   k  rnek b y  kl  kleri i in bu yanlılık olduk a fazla olduđu halde yeterli miktarlardaki verilerle  ok az yanlılık elde edilir. Tahmini genetik ilerleme, $\hat{R}$, $\hat{h}^2$ 'nin deđerine olduk a duyarlıdır,   nk  $\hat{R}$, $\hat{h}^2$ 'ye ve aynı zamanda fenotipik standart sapmanın tahminine, $\hat{\sigma}_p^2$, oransaldır. h^2 ve n 'nin artması $\hat{R}$ ve R_{opt} arasındaki farkın daha da k   lmesine sebep olur. $\hat{R}$ 'nın aksine, her    y ntemde de kullanılarak elde edilen bařarılan genetik ilerleme, R^a , optimal genetik ilerlemeyi geređinden daha az tahmin eder ve aile b y  kl  đ  arttık a optimal genetik ilerlemeye yaklařır.  rnek b y  kl  đ n n artması ile birlikte $\hat{R}$ ve R^a arasındaki fark da gittik e azalır.

Farklı kalıtım dereceleri ve aile b y  kl  klerinde optimal genetik ilerlemenin ML ve REML tahmin edicileri ile elde edilen bařarılan genetik ilerlemelerle karřılařtırılması řekil 4.2'de g sterilmiřtir. Bu y ntemlerle elde edilen R^a 'lar birbirine  ok yakın olduklarından řekildeki noktalı  izgi her iki y nteme g re elde edilen bařarılan genetik ilerlemeyi temsil etmektedir. řekil 4.2'den de g r ld đ   zere genetik ilerleme kalıtım derecesinin bir fonksiyonudur. Bođa sayısının artması ile bařarılan genetik ilerleme optimal genetik ilerlemeye yaklařmaktadır. Ayrıca kalıtım derecesi ve bođa sayısı sabit tutulup d l sayısı arttırıldığında genetik ilerlemede artıř g zlenmektedir. Bođa sayısının ve d llerinin fazla olması,  rneklem geniřliđinin artmasına bađlı olarak seleksiyon indekslerinin oluřturulması i in gerekli tahminlerin daha ger ek i bir řekilde eldesine olanak sađlar. Daha ger ek i indeksler dođru bođaların se ilmesi olasılıđını y kseltir. Bu bođaların d lleride daha y ksek genetik ilerlemenin elde edilmesinde rol oynarlar ve sonu  olarak bařarılan genetik ilerleme optimal genetik ilerlemeye yaklařır.

Çizelge 4.6. Değişik aile büyüklüklerinde ANOVA, ML ve REML yöntemleri ile elde edilen tahmini, $\hat{R}$, ve başarılan, R^a , genetik ilerlemelere ait ortalama (Ort) ve standart sapmalar (SS)

h^2	ANOVA				ML				REML			
	$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a	
	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
<i>s=10 n=8</i>												
0.1	0.165	0.215	0.113	0.002	0.121	0.186	0.114	0.002	0.165	0.215	0.113	0.002
0.2	0.242	0.266	0.218	0.004	0.187	0.235	0.219	0.003	0.242	0.266	0.218	0.004
0.3	0.325	0.313	0.317	0.006	0.261	0.279	0.318	0.005	0.325	0.313	0.317	0.006
0.4	0.412	0.356	0.413	0.008	0.340	0.320	0.413	0.007	0.412	0.356	0.413	0.008
0.5	0.501	0.397	0.506	0.010	0.420	0.361	0.505	0.011	0.501	0.397	0.506	0.010
0.6	0.594	0.436	0.598	0.014	0.505	0.397	0.597	0.015	0.594	0.436	0.598	0.014
0.7	0.689	0.473	0.690	0.018	0.592	0.432	0.688	0.021	0.689	0.473	0.690	0.018
0.8	0.786	0.512	0.782	0.024	0.681	0.468	0.780	0.027	0.786	0.512	0.782	0.024
0.9	0.885	0.550	0.876	0.030	0.771	0.503	0.873	0.034	0.885	0.550	0.876	0.030
<i>s=10 n=16</i>												
0.1	0.140	0.148	0.124	0.002	0.108	0.131	0.124	0.002	0.140	0.148	0.124	0.002
0.2	0.238	0.190	0.229	0.004	0.196	0.173	0.229	0.004	0.238	0.190	0.229	0.004
0.3	0.335	0.229	0.326	0.007	0.285	0.210	0.326	0.007	0.335	0.229	0.326	0.007
0.4	0.433	0.266	0.419	0.011	0.374	0.244	0.418	0.012	0.433	0.266	0.419	0.011
0.5	0.529	0.304	0.510	0.016	0.463	0.278	0.509	0.017	0.529	0.304	0.510	0.016
0.6	0.625	0.343	0.600	0.021	0.552	0.313	0.599	0.023	0.625	0.343	0.600	0.021
0.7	0.722	0.383	0.691	0.026	0.640	0.350	0.689	0.029	0.722	0.383	0.691	0.026
0.8	0.820	0.425	0.783	0.032	0.729	0.387	0.780	0.036	0.820	0.425	0.783	0.032
0.9	0.920	0.468	0.877	0.037	0.821	0.425	0.874	0.042	0.920	0.468	0.877	0.037
<i>s=10 n=20</i>												
0.1	0.132	0.137	0.127	0.003	0.104	0.123	0.128	0.002	0.132	0.137	0.127	0.003
0.2	0.228	0.180	0.233	0.005	0.190	0.164	0.233	0.005	0.228	0.180	0.233	0.005
0.3	0.325	0.217	0.329	0.009	0.279	0.200	0.329	0.009	0.325	0.217	0.329	0.009
0.4	0.419	0.254	0.421	0.013	0.366	0.233	0.420	0.014	0.419	0.254	0.421	0.013
0.5	0.514	0.290	0.511	0.017	0.453	0.266	0.509	0.019	0.514	0.290	0.511	0.017
0.6	0.608	0.327	0.601	0.022	0.540	0.299	0.599	0.024	0.608	0.327	0.601	0.022
0.7	0.704	0.366	0.692	0.026	0.627	0.334	0.689	0.029	0.704	0.366	0.692	0.026
0.8	0.800	0.407	0.784	0.030	0.716	0.370	0.781	0.034	0.800	0.407	0.784	0.030
0.9	0.898	0.449	0.878	0.035	0.805	0.408	0.874	0.040	0.898	0.449	0.878	0.035
<i>s=10 n=50</i>												
0.1	0.142	0.097	0.144	0.003	0.121	0.091	0.144	0.003	0.142	0.097	0.144	0.003
0.2	0.250	0.131	0.247	0.006	0.222	0.122	0.247	0.006	0.250	0.131	0.247	0.006
0.3	0.349	0.165	0.340	0.010	0.314	0.152	0.340	0.010	0.349	0.165	0.340	0.010
0.4	0.444	0.200	0.429	0.013	0.401	0.183	0.428	0.014	0.444	0.200	0.429	0.013
0.5	0.537	0.237	0.517	0.017	0.486	0.216	0.516	0.019	0.537	0.237	0.517	0.017
0.6	0.630	0.276	0.606	0.020	0.571	0.250	0.604	0.023	0.630	0.276	0.606	0.020
0.7	0.725	0.316	0.696	0.024	0.657	0.286	0.693	0.027	0.725	0.316	0.696	0.024
0.8	0.821	0.357	0.787	0.027	0.744	0.323	0.784	0.031	0.821	0.357	0.787	0.027
0.9	0.919	0.400	0.882	0.031	0.834	0.362	0.878	0.036	0.919	0.400	0.882	0.031

(Devamı arkada)

Çizelge 4.6.'nın Devamı

h^2	ANOVA				ML				REML			
	$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a	
	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
$s=25\ n=8$												
0.1	0.134	0.150	0.114	0.001	0.116	0.140	0.114	0.001	0.134	0.150	0.134	0.150
0.2	0.218	0.185	0.219	0.002	0.194	0.176	0.219	0.002	0.218	0.185	0.219	0.002
0.3	0.310	0.211	0.319	0.003	0.282	0.204	0.319	0.003	0.310	0.211	0.319	0.003
0.4	0.405	0.232	0.416	0.005	0.374	0.225	0.416	0.005	0.405	0.232	0.416	0.005
0.5	0.501	0.251	0.511	0.007	0.467	0.243	0.511	0.007	0.501	0.251	0.511	0.007
0.6	0.597	0.269	0.605	0.009	0.561	0.261	0.605	0.009	0.597	0.269	0.605	0.009
0.7	0.694	0.288	0.700	0.010	0.654	0.279	0.699	0.011	0.694	0.288	0.700	0.010
0.8	0.790	0.308	0.795	0.012	0.748	0.298	0.794	0.013	0.790	0.308	0.795	0.012
0.9	0.889	0.329	0.891	0.013	0.843	0.318	0.891	0.014	0.889	0.329	0.891	0.013
$s=25\ n=16$												
0.1	0.121	0.103	0.124	0.001	0.108	0.099	0.124	0.001	0.121	0.103	0.124	0.001
0.2	0.222	0.129	0.231	0.002	0.205	0.124	0.231	0.002	0.222	0.129	0.231	0.002
0.3	0.320	0.148	0.330	0.005	0.300	0.144	0.329	0.005	0.320	0.148	0.330	0.005
0.4	0.415	0.167	0.424	0.007	0.393	0.162	0.424	0.007	0.415	0.167	0.424	0.007
0.5	0.509	0.187	0.517	0.009	0.483	0.181	0.516	0.009	0.509	0.187	0.517	0.008
0.6	0.601	0.208	0.609	0.010	0.573	0.201	0.609	0.011	0.601	0.208	0.609	0.010
0.7	0.695	0.230	0.702	0.012	0.663	0.222	0.701	0.013	0.695	0.230	0.702	0.012
0.8	0.789	0.253	0.796	0.014	0.754	0.244	0.795	0.015	0.789	0.253	0.796	0.014
0.9	0.885	0.277	0.891	0.016	0.847	0.267	0.891	0.017	0.885	0.277	0.891	0.016
$s=25\ n=20$												
0.1	0.125	0.093	0.128	0.001	0.113	0.089	0.128	0.001	0.125	0.093	0.128	0.001
0.2	0.228	0.119	0.235	0.003	0.212	0.116	0.235	0.003	0.228	0.119	0.235	0.003
0.3	0.327	0.140	0.333	0.005	0.308	0.136	0.333	0.005	0.327	0.140	0.333	0.005
0.4	0.422	0.160	0.426	0.006	0.401	0.156	0.426	0.007	0.422	0.160	0.426	0.006
0.5	0.515	0.183	0.518	0.008	0.491	0.177	0.518	0.009	0.515	0.183	0.518	0.008
0.6	0.608	0.206	0.610	0.010	0.581	0.199	0.609	0.010	0.608	0.206	0.610	0.010
0.7	0.701	0.231	0.702	0.011	0.671	0.223	0.702	0.012	0.701	0.231	0.702	0.011
0.8	0.795	0.257	0.796	0.013	0.762	0.248	0.795	0.014	0.795	0.257	0.796	0.013
0.9	0.892	0.284	0.891	0.014	0.855	0.273	0.891	0.016	0.892	0.284	0.891	0.014
$s=25\ n=50$												
0.1	0.144	0.059	0.145	0.001	0.135	0.058	0.145	0.001	0.144	0.059	0.145	0.001
0.2	0.251	0.076	0.251	0.003	0.240	0.074	0.251	0.003	0.251	0.076	0.251	0.003
0.3	0.348	0.096	0.345	0.004	0.334	0.093	0.345	0.005	0.348	0.096	0.345	0.004
0.4	0.440	0.118	0.435	0.006	0.423	0.114	0.435	0.006	0.440	0.118	0.435	0.006
0.5	0.531	0.140	0.525	0.007	0.512	0.135	0.524	0.008	0.531	0.140	0.525	0.007
0.6	0.623	0.164	0.614	0.009	0.600	0.158	0.614	0.010	0.623	0.164	0.614	0.009
0.7	0.716	0.189	0.705	0.010	0.689	0.182	0.705	0.011	0.716	0.189	0.705	0.010
0.8	0.810	0.214	0.798	0.012	0.780	0.206	0.798	0.013	0.810	0.214	0.798	0.012
0.9	0.907	0.241	0.893	0.013	0.873	0.232	0.893	0.015	0.907	0.241	0.893	0.013

(Devamı arkada)

Çizelge 4.6.'nın Devamı

h^2	ANOVA				ML				REML			
	$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a	
	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
$s=50 \ n=8$												
0.1	0.121	0.114	0.114	0.001	0.111	0.110	0.114	0.001	0.121	0.114	0.114	0.001
0.2	0.215	0.141	0.220	0.001	0.202	0.138	0.220	0.001	0.215	0.141	0.220	0.001
0.3	0.313	0.158	0.320	0.002	0.299	0.156	0.320	0.002	0.313	0.158	0.320	0.002
0.4	0.412	0.170	0.418	0.003	0.396	0.168	0.417	0.003	0.412	0.170	0.418	0.003
0.5	0.509	0.182	0.513	0.004	0.492	0.180	0.513	0.004	0.509	0.182	0.513	0.004
0.6	0.605	0.195	0.608	0.005	0.587	0.192	0.608	0.005	0.605	0.195	0.608	0.005
0.7	0.702	0.209	0.703	0.005	0.682	0.205	0.703	0.006	0.702	0.209	0.703	0.005
0.8	0.799	0.223	0.799	0.006	0.777	0.219	0.799	0.006	0.799	0.223	0.799	0.006
0.9	0.897	0.238	0.896	0.006	0.874	0.234	0.896	0.007	0.897	0.238	0.896	0.006
$s=50 \ n=16$												
0.1	0.127	0.080	0.125	0.001	0.120	0.079	0.125	0.001	0.127	0.080	0.125	0.001
0.2	0.237	0.096	0.232	0.002	0.228	0.095	0.232	0.002	0.237	0.096	0.232	0.002
0.3	0.339	0.109	0.331	0.002	0.329	0.108	0.331	0.002	0.339	0.109	0.331	0.002
0.4	0.436	0.124	0.426	0.003	0.425	0.122	0.426	0.003	0.436	0.124	0.426	0.003
0.5	0.532	0.140	0.520	0.004	0.519	0.138	0.520	0.004	0.532	0.140	0.520	0.004
0.6	0.627	0.157	0.613	0.005	0.613	0.154	0.612	0.005	0.627	0.157	0.613	0.005
0.7	0.723	0.174	0.706	0.005	0.707	0.171	0.706	0.005	0.723	0.174	0.706	0.005
0.8	0.819	0.192	0.800	0.006	0.802	0.189	0.800	0.006	0.819	0.192	0.800	0.006
0.9	0.917	0.211	0.896	0.006	0.898	0.207	0.896	0.006	0.917	0.211	0.896	0.006
$s=50 \ n=20$												
0.1	0.129	0.069	0.129	0.001	0.123	0.068	0.129	0.001	0.129	0.069	0.129	0.001
0.2	0.238	0.083	0.236	0.002	0.230	0.082	0.236	0.002	0.238	0.083	0.236	0.002
0.3	0.338	0.097	0.335	0.003	0.329	0.095	0.335	0.003	0.338	0.097	0.335	0.003
0.4	0.433	0.112	0.429	0.003	0.423	0.110	0.429	0.004	0.433	0.112	0.429	0.003
0.5	0.527	0.127	0.522	0.004	0.515	0.125	0.521	0.004	0.527	0.127	0.522	0.004
0.6	0.620	0.144	0.614	0.005	0.607	0.141	0.614	0.005	0.620	0.144	0.614	0.005
0.7	0.714	0.161	0.706	0.006	0.699	0.158	0.706	0.006	0.714	0.161	0.706	0.006
0.8	0.809	0.179	0.801	0.007	0.792	0.176	0.800	0.007	0.809	0.179	0.801	0.007
0.9	0.906	0.198	0.897	0.007	0.887	0.194	0.896	0.008	0.906	0.198	0.897	0.007
$s=50 \ n=50$												
h^2	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
0.1	0.146	0.041	0.146	0.001	0.142	0.040	0.146	0.001	0.146	0.041	0.146	0.001
0.2	0.253	0.053	0.252	0.002	0.248	0.053	0.252	0.002	0.253	0.053	0.252	0.002
0.3	0.349	0.068	0.346	0.002	0.342	0.067	0.346	0.002	0.349	0.068	0.346	0.002
0.4	0.441	0.083	0.437	0.003	0.432	0.082	0.437	0.003	0.441	0.083	0.437	0.003
0.5	0.531	0.100	0.527	0.004	0.521	0.098	0.527	0.004	0.531	0.100	0.527	0.004
0.6	0.622	0.117	0.617	0.005	0.611	0.114	0.617	0.005	0.622	0.117	0.617	0.005
0.7	0.714	0.134	0.709	0.006	0.714	0.134	0.709	0.006	0.714	0.134	0.709	0.006
0.8	0.808	0.153	0.802	0.006	0.793	0.150	0.802	0.007	0.808	0.153	0.802	0.006
0.9	0.904	0.172	0.897	0.007	0.888	0.169	0.897	0.007	0.904	0.172	0.897	0.007

(Devamı arkada)

Çizelge 4.6.'nın Devamı

h^2	ANOVA				ML				REML			
	$\hat{R}$		R^u		$\hat{R}$		R^u		$\hat{R}$		R^u	
	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
$s=80 \ n=8$												
0.1	0.116	0.092	0.114	0.000	0.116	0.092	0.114	0.000	0.116	0.092	0.114	0.000
0.2	0.217	0.107	0.220	0.001	0.208	0.106	0.220	0.001	0.217	0.107	0.220	0.001
0.3	0.318	0.116	0.321	0.001	0.309	0.115	0.321	0.001	0.318	0.116	0.321	0.001
0.4	0.417	0.124	0.419	0.002	0.407	0.123	0.419	0.002	0.417	0.124	0.419	0.002
0.5	0.514	0.133	0.515	0.002	0.503	0.131	0.515	0.002	0.514	0.133	0.515	0.002
0.6	0.610	0.142	0.610	0.003	0.599	0.141	0.610	0.003	0.610	0.142	0.610	0.003
0.7	0.707	0.153	0.705	0.003	0.694	0.152	0.705	0.003	0.707	0.153	0.705	0.003
0.8	0.804	0.164	0.801	0.003	0.791	0.163	0.801	0.004	0.804	0.164	0.801	0.003
0.9	0.902	0.177	0.898	0.004	0.888	0.175	0.898	0.004	0.902	0.177	0.898	0.004
$s=80 \ n=16$												
0.1	0.121	0.063	0.125	0.000	0.117	0.062	0.125	0.000	0.121	0.063	0.125	0.000
0.2	0.228	0.071	0.233	0.001	0.223	0.071	0.233	0.001	0.228	0.071	0.233	0.001
0.3	0.328	0.080	0.332	0.002	0.322	0.079	0.332	0.002	0.328	0.080	0.332	0.002
0.4	0.423	0.090	0.428	0.002	0.416	0.089	0.428	0.002	0.423	0.090	0.428	0.002
0.5	0.517	0.101	0.521	0.002	0.509	0.100	0.521	0.002	0.517	0.101	0.521	0.002
0.6	0.610	0.113	0.614	0.003	0.601	0.112	0.614	0.003	0.610	0.113	0.614	0.003
0.7	0.703	0.126	0.708	0.003	0.693	0.125	0.708	0.003	0.703	0.126	0.708	0.003
0.8	0.797	0.140	0.802	0.003	0.787	0.138	0.802	0.004	0.797	0.140	0.802	0.003
0.9	0.894	0.154	0.899	0.004	0.882	0.152	0.899	0.004	0.894	0.154	0.899	0.004
$s=80 \ n=20$												
0.1	0.128	0.055	0.129	0.001	0.123	0.054	0.129	0.001	0.128	0.055	0.129	0.001
0.2	0.236	0.065	0.237	0.001	0.231	0.064	0.237	0.001	0.236	0.065	0.237	0.001
0.3	0.335	0.075	0.336	0.002	0.330	0.074	0.336	0.002	0.335	0.075	0.336	0.002
0.4	0.431	0.086	0.430	0.002	0.424	0.085	0.430	0.002	0.431	0.086	0.430	0.002
0.5	0.524	0.097	0.523	0.003	0.517	0.096	0.523	0.003	0.524	0.097	0.523	0.003
0.6	0.617	0.109	0.615	0.003	0.609	0.108	0.615	0.003	0.617	0.109	0.615	0.003
0.7	0.710	0.122	0.708	0.004	0.701	0.121	0.708	0.004	0.710	0.122	0.708	0.004
0.8	0.805	0.135	0.802	0.004	0.795	0.134	0.802	0.004	0.805	0.135	0.802	0.004
0.9	0.902	0.149	0.899	0.004	0.890	0.148	0.899	0.004	0.902	0.149	0.899	0.004
$s=80 \ n=50$												
0.1	0.145	0.030	0.146	0.001	0.142	0.030	0.146	0.001	0.145	0.030	0.146	0.001
0.2	0.251	0.040	0.252	0.001	0.248	0.040	0.252	0.001	0.251	0.040	0.252	0.001
0.3	0.346	0.051	0.347	0.001	0.342	0.050	0.347	0.001	0.346	0.051	0.347	0.001
0.4	0.437	0.062	0.438	0.002	0.432	0.061	0.438	0.002	0.437	0.062	0.438	0.002
0.5	0.527	0.074	0.528	0.002	0.521	0.073	0.528	0.002	0.527	0.074	0.528	0.002
0.6	0.618	0.087	0.619	0.003	0.610	0.086	0.619	0.003	0.618	0.087	0.619	0.003
0.7	0.709	0.100	0.710	0.003	0.701	0.099	0.710	0.003	0.709	0.100	0.710	0.003
0.8	0.802	0.114	0.804	0.003	0.793	0.112	0.803	0.003	0.802	0.114	0.804	0.003
0.9	0.898	0.128	0.899	0.003	0.887	0.127	0.899	0.004	0.898	0.128	0.899	0.003

(Devamı arkada)

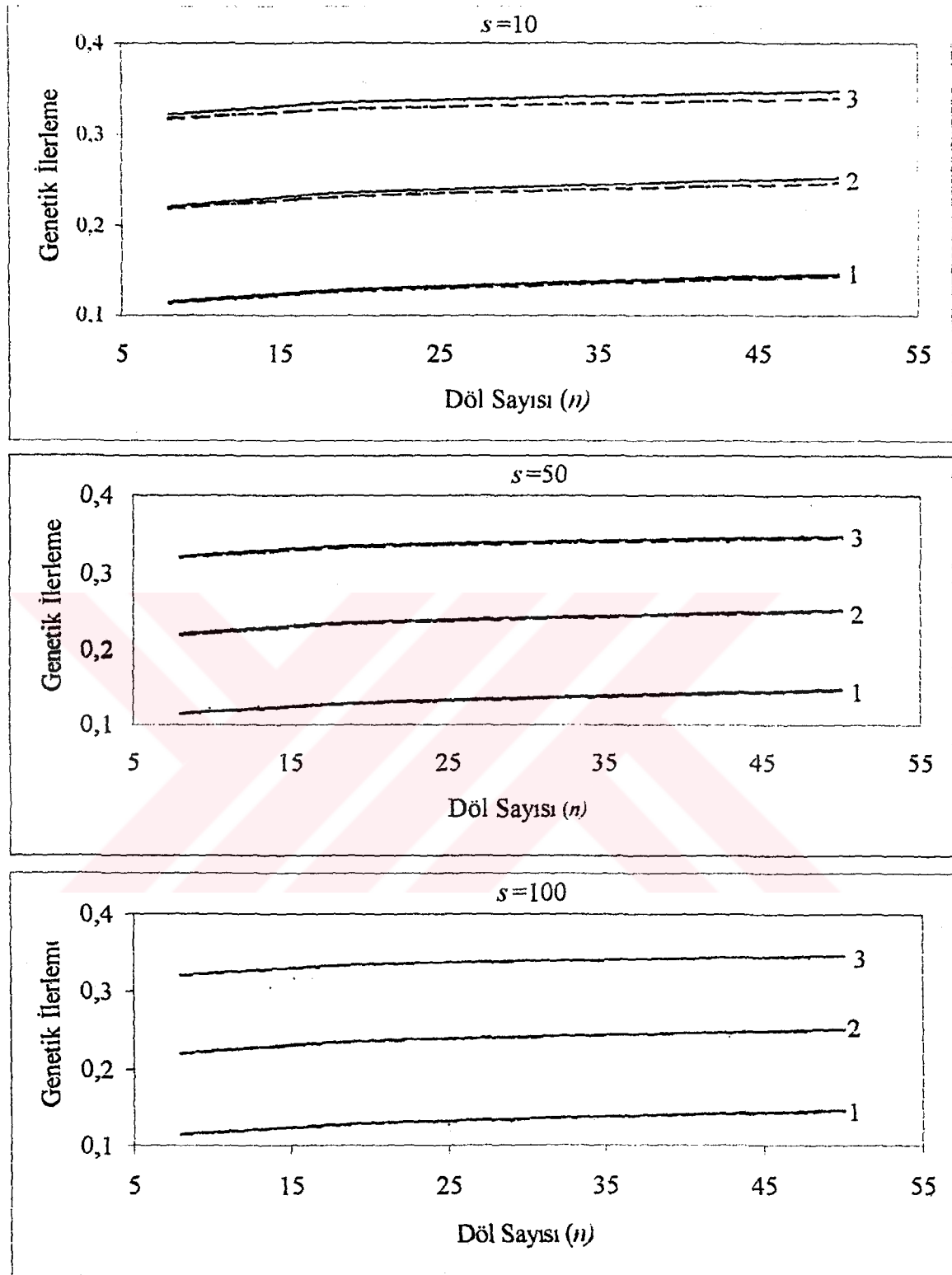
Çizelge 4.6.'nın Devamı

h^2	ANOVA				ML				REML			
	$\hat{R}$		R^u		$\hat{R}$		R^u		$\hat{R}$		R^u	
	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
$s=100 \ n=8$												
0.1	0.121	0.087	0.114	0.000	0.115	0.086	0.114	0.000	0.121	0.087	0.114	0.000
0.2	0.222	0.102	0.220	0.001	0.215	0.101	0.220	0.001	0.222	0.102	0.220	0.001
0.3	0.323	0.109	0.321	0.001	0.315	0.109	0.321	0.001	0.323	0.109	0.321	0.001
0.4	0.421	0.117	0.419	0.002	0.413	0.116	0.419	0.002	0.421	0.117	0.419	0.002
0.5	0.517	0.125	0.515	0.002	0.509	0.124	0.515	0.002	0.517	0.125	0.515	0.002
0.6	0.612	0.134	0.610	0.002	0.603	0.133	0.610	0.002	0.612	0.134	0.610	0.002
0.7	0.708	0.144	0.706	0.003	0.698	0.143	0.706	0.003	0.708	0.144	0.706	0.003
0.8	0.804	0.154	0.801	0.003	0.793	0.153	0.801	0.003	0.804	0.154	0.801	0.003
0.9	0.901	0.165	0.899	0.003	0.889	0.164	0.899	0.003	0.901	0.165	0.899	0.003
$s=100 \ n=16$												
0.1	0.122	0.055	0.125	0.000	0.118	0.054	0.125	0.000	0.122	0.055	0.125	0.000
0.2	0.229	0.063	0.233	0.001	0.229	0.063	0.233	0.001	0.229	0.063	0.233	0.001
0.3	0.328	0.071	0.332	0.001	0.323	0.071	0.332	0.001	0.328	0.071	0.332	0.001
0.4	0.422	0.081	0.428	0.002	0.417	0.080	0.428	0.002	0.422	0.081	0.428	0.002
0.5	0.515	0.091	0.521	0.002	0.509	0.091	0.521	0.002	0.515	0.091	0.521	0.002
0.6	0.608	0.102	0.615	0.002	0.601	0.101	0.614	0.002	0.608	0.102	0.615	0.002
0.7	0.701	0.113	0.708	0.003	0.693	0.112	0.708	0.003	0.701	0.113	0.708	0.003
0.8	0.795	0.125	0.803	0.003	0.795	0.125	0.803	0.003	0.795	0.125	0.803	0.003
0.9	0.890	0.138	0.899	0.003	0.890	0.138	0.899	0.003	0.890	0.138	0.899	0.003
$s=100 \ n=20$												
0.1	0.129	0.049	0.129	0.000	0.125	0.049	0.129	0.000	0.129	0.049	0.129	0.000
0.2	0.237	0.056	0.237	0.001	0.233	0.056	0.237	0.001	0.237	0.056	0.237	0.001
0.3	0.337	0.065	0.336	0.001	0.332	0.065	0.336	0.001	0.337	0.065	0.336	0.001
0.4	0.432	0.075	0.430	0.002	0.427	0.074	0.430	0.002	0.432	0.075	0.430	0.002
0.5	0.525	0.085	0.523	0.002	0.519	0.084	0.523	0.002	0.525	0.085	0.523	0.002
0.6	0.618	0.096	0.616	0.002	0.611	0.095	0.616	0.002	0.618	0.096	0.616	0.002
0.7	0.711	0.107	0.709	0.003	0.704	0.106	0.709	0.003	0.711	0.107	0.709	0.003
0.8	0.806	0.119	0.803	0.003	0.798	0.118	0.803	0.003	0.806	0.119	0.803	0.003
0.9	0.903	0.132	0.899	0.003	0.894	0.130	0.899	0.003	0.903	0.132	0.899	0.003
$s=100 \ n=50$												
0.1	0.145	0.030	0.146	0.001	0.143	0.030	0.146	0.001	0.145	0.030	0.146	0.001
0.2	0.251	0.039	0.252	0.001	0.248	0.039	0.252	0.001	0.251	0.039	0.252	0.001
0.3	0.346	0.049	0.347	0.002	0.342	0.049	0.347	0.002	0.346	0.049	0.347	0.002
0.4	0.436	0.060	0.438	0.002	0.432	0.059	0.438	0.002	0.436	0.060	0.438	0.002
0.5	0.526	0.071	0.528	0.002	0.521	0.071	0.528	0.002	0.526	0.071	0.528	0.002
0.6	0.616	0.083	0.619	0.003	0.610	0.082	0.619	0.003	0.616	0.083	0.619	0.003
0.7	0.707	0.095	0.710	0.003	0.700	0.094	0.710	0.003	0.707	0.095	0.710	0.003
0.8	0.800	0.108	0.804	0.003	0.792	0.107	0.804	0.003	0.800	0.108	0.804	0.003
0.9	0.895	0.121	0.899	0.004	0.886	0.119	0.899	0.004	0.895	0.121	0.899	0.004

(Devamı arkada)

Çizelge 4.6.'nın Devamı

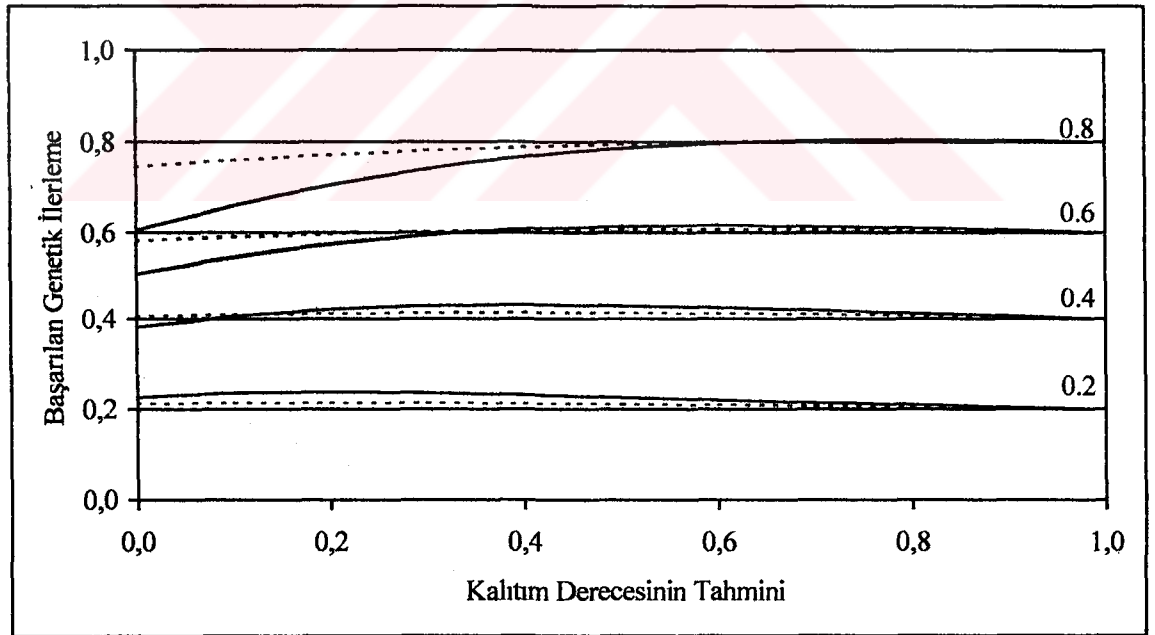
h^2	ANOVA				ML				REML			
	$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a		$\hat{R}$		R^a	
	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
$s=150\ n=8$												
0.1	0.110	0.074	0.114	0.000	0.106	0.073	0.114	0.000	0.110	0.074	0.114	0.000
0.2	0.212	0.083	0.220	0.001	0.208	0.083	0.220	0.001	0.212	0.083	0.220	0.001
0.3	0.312	0.090	0.321	0.001	0.307	0.089	0.321	0.001	0.312	0.090	0.321	0.001
0.4	0.410	0.096	0.419	0.001	0.405	0.095	0.419	0.001	0.410	0.096	0.419	0.001
0.5	0.506	0.102	0.515	0.002	0.506	0.102	0.515	0.002	0.506	0.102	0.515	0.002
0.6	0.601	0.109	0.611	0.002	0.595	0.108	0.611	0.002	0.601	0.109	0.611	0.002
0.7	0.696	0.116	0.706	0.002	0.689	0.116	0.706	0.002	0.696	0.116	0.706	0.002
0.8	0.791	0.124	0.802	0.002	0.784	0.124	0.802	0.002	0.791	0.124	0.802	0.002
0.9	0.888	0.133	0.899	0.003	0.881	0.132	0.899	0.003	0.888	0.133	0.899	0.003
$s=150\ n=16$												
0.1	0.126	0.047	0.125	0.000	0.123	0.047	0.125	0.000	0.126	0.047	0.125	0.000
0.2	0.234	0.053	0.233	0.001	0.231	0.053	0.233	0.001	0.234	0.053	0.233	0.001
0.3	0.334	0.060	0.333	0.001	0.331	0.060	0.333	0.001	0.334	0.060	0.333	0.001
0.4	0.430	0.068	0.428	0.001	0.426	0.067	0.428	0.001	0.430	0.068	0.428	0.001
0.5	0.524	0.076	0.522	0.001	0.520	0.075	0.522	0.001	0.524	0.076	0.522	0.001
0.6	0.617	0.084	0.615	0.001	0.613	0.084	0.615	0.001	0.617	0.084	0.615	0.001
0.7	0.711	0.094	0.709	0.002	0.706	0.093	0.709	0.002	0.711	0.094	0.709	0.002
0.8	0.806	0.103	0.803	0.002	0.801	0.102	0.803	0.002	0.806	0.103	0.803	0.002
0.9	0.903	0.113	0.900	0.002	0.897	0.112	0.900	0.002	0.903	0.113	0.900	0.002
$s=150\ n=20$												
0.1	0.129	0.040	0.129	0.000	0.127	0.040	0.129	0.000	0.129	0.040	0.129	0.000
0.2	0.237	0.047	0.237	0.001	0.235	0.046	0.237	0.001	0.237	0.047	0.237	0.001
0.3	0.336	0.054	0.336	0.001	0.336	0.001	0.336	0.001	0.336	0.054	0.336	0.001
0.4	0.431	0.062	0.431	0.001	0.427	0.062	0.431	0.001	0.431	0.062	0.431	0.001
0.5	0.523	0.071	0.524	0.001	0.519	0.070	0.524	0.001	0.523	0.071	0.524	0.001
0.6	0.616	0.080	0.616	0.002	0.611	0.080	0.616	0.002	0.616	0.080	0.616	0.002
0.7	0.709	0.090	0.709	0.002	0.704	0.089	0.709	0.002	0.709	0.090	0.709	0.002
0.8	0.803	0.100	0.804	0.002	0.797	0.099	0.804	0.002	0.803	0.100	0.804	0.002
0.9	0.899	0.110	0.900	0.002	0.893	0.110	0.900	0.002	0.899	0.110	0.900	0.002
$s=150\ n=50$												
h^2	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS	Ort.	SS
0.1	0.147	0.025	0.146	0.000	0.146	0.025	0.146	0.000	0.147	0.025	0.146	0.000
0.2	0.254	0.033	0.252	0.001	0.252	0.033	0.252	0.001	0.254	0.033	0.252	0.001
0.3	0.350	0.042	0.348	0.001	0.347	0.041	0.348	0.001	0.350	0.042	0.348	0.001
0.4	0.441	0.051	0.439	0.001	0.439	0.051	0.439	0.001	0.441	0.051	0.439	0.001
0.5	0.532	0.061	0.529	0.002	0.529	0.060	0.529	0.002	0.532	0.061	0.529	0.002
0.6	0.623	0.071	0.619	0.002	0.619	0.070	0.619	0.002	0.623	0.071	0.619	0.002
0.7	0.715	0.081	0.711	0.002	0.711	0.081	0.711	0.002	0.715	0.081	0.711	0.002
0.8	0.809	0.092	0.804	0.002	0.804	0.092	0.804	0.002	0.809	0.092	0.804	0.002
0.9	0.906	0.104	0.900	0.002	0.900	0.103	0.900	0.002	0.906	0.104	0.900	0.002



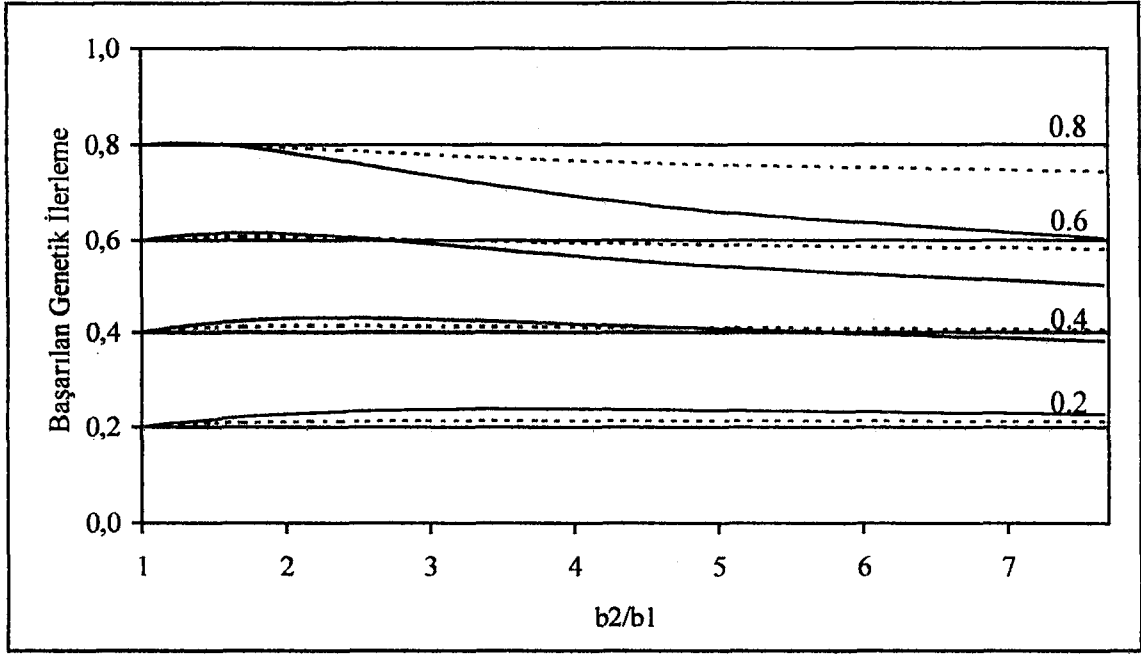
Şekil 4.2. Değişik kalıtım dereceleri (1: $h^2=0.1$, 2: $h^2=0.2$, 3: $h^2=0.3$), boğa sayıları ($s=10, 50, 100$) ve döl sayılarında ($n=8, 16, 20, 50$) oluşturulan optimal genetik ilerlemenin [R_{opt} (—)] ML, [R_R^a (---)] ve REML [R_M^a (- - -)] tahmin edicileri ile elde edilen başarılı genetik ilerlemelerle (R^a) karşılaştırılması

4.3.1. Teksel seleksiyon ve baba-bir üvey kardeş aile ortalaması sonuçları

Fenotipik standart sapmanın, σ_p^2 , 1'e eşit olduğu varsayıldığında iki ayrı aile büyüklüğü, $n=20$ ve $n=5$, ve farklı kalıtım derecesi değerleri için, teksel seleksiyondan ve baba-bir üvey kardeş aile ortalaması performansından elde edilen başarılı genetik ilerleme değerlerine karşı kalıtım derecesi tahmini, $\hat{h}^2$, ve indeks ağırlıkları oranı tahmini ($\hat{b}_2 / \hat{b}_1$) sırasıyla Şekil 4.3 ve Şekil 4.4 'de verilmiştir. Şekil 4.3'den başarılı genetik ilerlemenin, R^a , kalıtım derecesinin tahminine, $\hat{h}^2$, oldukça duyarsız olduğu görülmektedir; $\hat{h}^2$ 'deki 0.2 veya daha fazla olan değişimin genetik ilerlemeye etkisi çok azdır. Şekilde gösterilmemekle birlikte, $\hat{h}^2$ 'nin negatif olması R^a 'nın değerlerinin negatif olmasına sebep olmaz. Her iki şekilde de görüldüğü üzere teksel seleksiyonda genetik ilerleme sadece kalıtım derecesinin bir fonksiyonudur ve teksel seleksiyona ait optimal genetik ilerleme, baba-bir üvey kardeş aile ortalama performansına ait genetik ilerlemeye eşit veya daha küçüktür.

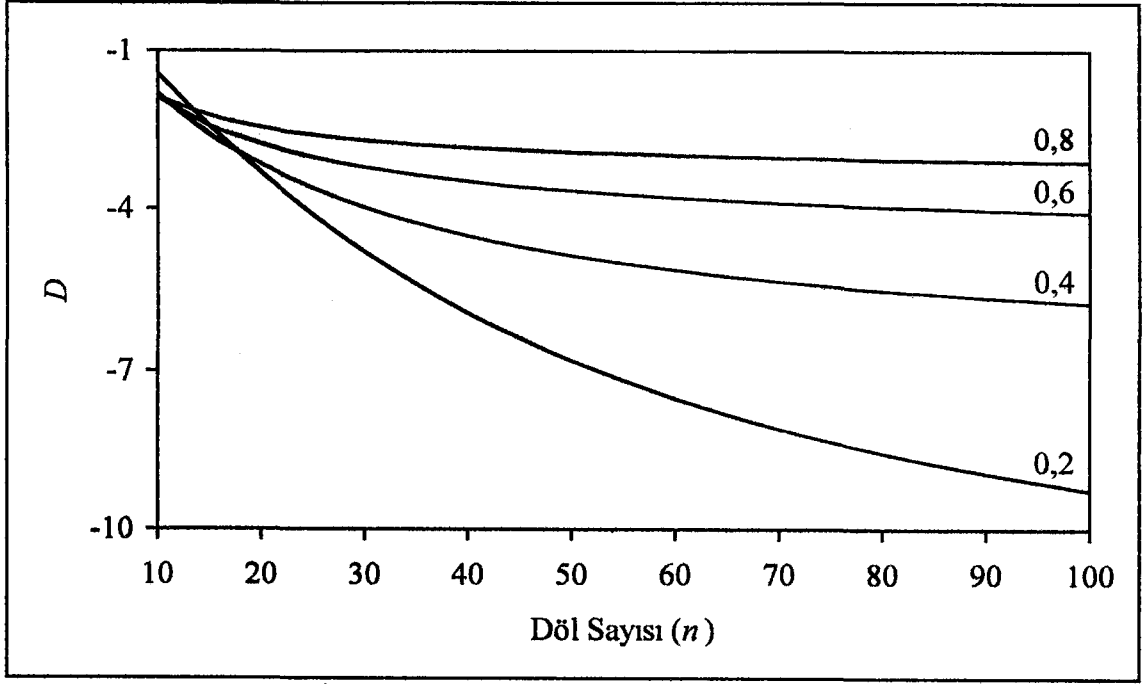


Şekil 4.3. Kalıtım derecesinin tahmini, $\hat{h}^2$, farklı kalıtım dereceleri ($h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$) ve döl sayıları [$n=5$ (---), 20 (—)] kullanılarak hesaplanan genetik ilerlemeler (Yatay çizgiler teksel seleksiyondan elde edilen başarılı genetik ilerlemeyi göstermektedir)

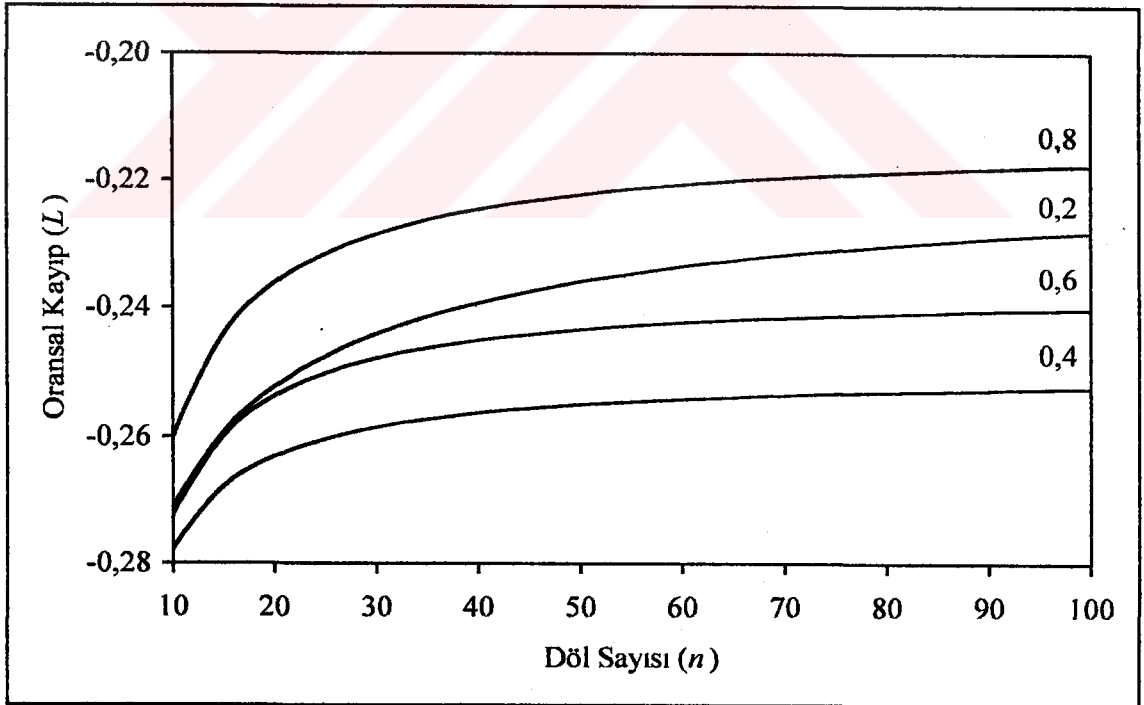


Şekil 4.4. Tahmini indeks ağırlıklarının oranları, b_2 / b_1 , farklı kalıtım dereceleri ($h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$) ve döl sayıları [$n=5$ (---), 20 (—)] kullanılarak hesaplanan genetik ilerlemeler (Yatay çizgiler teksel seleksiyondan elde edilen başarılan genetik ilerlemeyi göstermektedir)

Aynı deneme desenleri kullanıldığında, D katsayısı ve oransal kaybın (L) değerlerinin farklı kalıtım derecelerinde döl sayısına bağlı olarak nasıl davrandıkları sırasıyla Şekil 4.5 ve Şekil 4.6'da gösterilmiştir. Şekil 4.5'den görüldüğü üzere döl sayısı ve kalıtım derecesinin her ikisinin de artması D katsayısını azaltmaktadır. D katsayısının azalması ise oransal kaybı, L , azaltmaktadır. Şekil 4.6'daki oransal kayıp bir aile olduğu durum için hesaplanmıştır. Bundan dolayı gerçek kayıp, şekilde gösterilen değerin aile sayısına bölünmesi ile elde edilir. Örneğin, baba-bir üvey kardeş aile büyüklüğü $n=20$ ve $h^2=0.4$ olduğunda, Şekil 4.5 D katsayısını -3.1659 olarak verir; bu $L=-3.1659 V(\hat{h}^2) / R_{opt}$ anlamına gelmektedir. Buna karşılık yine $n=20$ ve $h^2=0.4$ için, Şekil 4.6'dan $L=-0.2631$ olarak bulunur. Bu değer, 100 boğadan oluşan bir aile için yapılan analizden elde edilen -0.0026 veya $\%-0.26$ değerine eşdeğerdir. Şekil 4.3 ve 4.4'den de görülebileceği gibi, seleksiyon indeksi yeterince büyük ailelerin genetik ilerlemesine katkıda bulunur ve bu durumda başarılan genetik ilerlemenin, R^a , $\hat{h}^2$ veya $\hat{h}_2 / \hat{h}_1$ oranına karşı grafiklerindeki eğriler, maksimumu daha belirgin olarak gösterirler. Buna karşılık oransal kayıp aile büyüklüğündeki değişimlere çok duyarlı olmadığı halde D katsayısı oldukça duyarlıdır. Döl sayısının artması oransal kaybı azaltmakla birlikte, bu etki özellikle boğa başına döl sayısı yaklaşık 40 olana kadar sürmekte daha sonra kayıptaki azalış azalan oranlarda artmaktadır.



Şekil 4.5. D katsayısının döl sayısının ve kalıtım derecesinin değişimine duyarlılığı



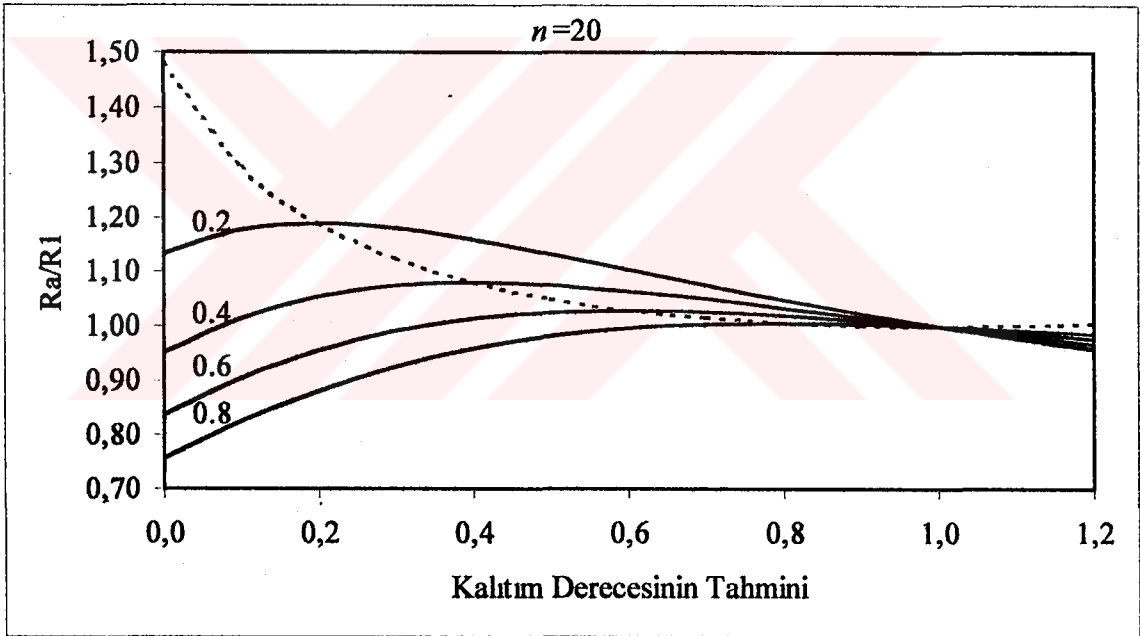
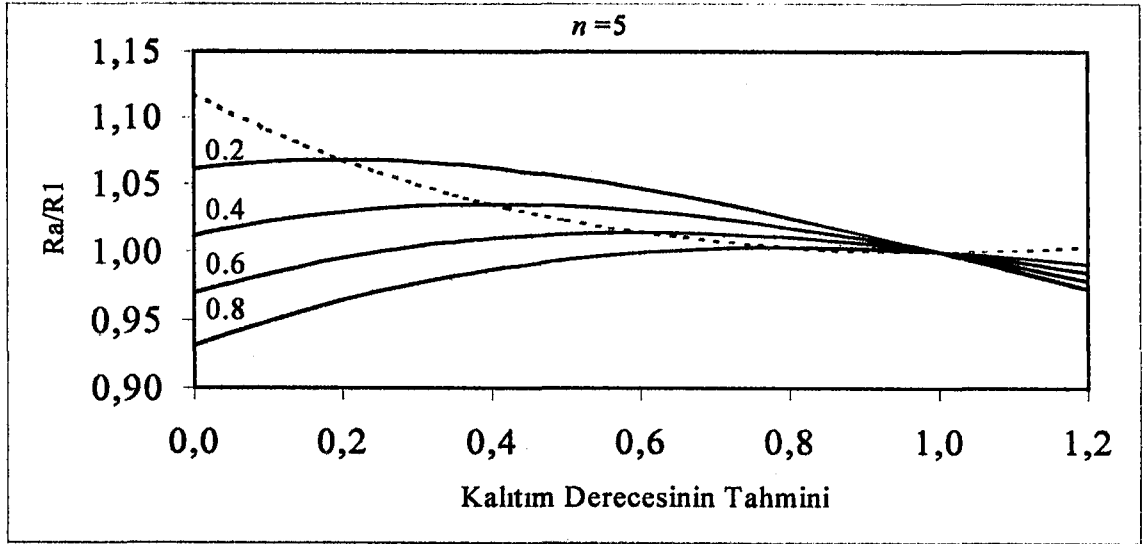
Şekil 4.6. Değişik kalıtım dereceleri ($h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$) ve farklı döl sayıları için oransal kayıp ($s=100$)

Kalıtım derecesine ait değişik parametre ve tahmin değerleri için, $\hat{R}/\hat{R}_1$ 'in R^a/R_1 ile karşılaştırılması Şekil 4.7'de yapılmaktadır. Buradaki sonuçlar esas itibariyle Şekil 4.3 veya 4.4'de verilen sonuçların transformasyonlarıdır. $\hat{h}^2$ 'nin h^2 'den daha küçük olduğu durumda baba-bir üvey kardeş aile ortalaması ile elde edilen seleksiyon indeksi kullanmanın, tekssel seleksiyona göre avantajları çok daha fazla olma eğilimindedir, fakat $\hat{h}^2$ 'nin h^2 'den daha büyük olduğu durumda ise daha azdır. Örneğin, $h^2=0.4$ ve $n=5$ olduğu zaman $R_{opt}/R_1=1.0351$ ve $\hat{h}^2=0.2$ için $\hat{R}/\hat{R}_1=1.0679$ ve $\hat{h}^2=0.6$ için $\hat{R}/\hat{R}_1=1.0146$ 'dır. $\hat{h}^2$ 'nin 0.2-0.6 aralığında R^a/R_1 , 1.0298 ile 1.0304 arasında yer almaktadır.

Bu örnekten ve Şekil 4.7'den anlaşılacağı üzere, seleksiyon indeksi ile elde edilen başarılan genetik ilerleme, tekssel seleksiyondan elde edilen optimal genetik ilerlemeden daha üstündür. Seleksiyon indeksi ile elde edilen tahmini genetik ilerlemenin tekssel seleksiyondan elde edilen tahmini genetik ilerlemeden daha üstün olduğuda görülmektedir. Döl sayısının $n=5$ 'den $n=20$ 'ye çıkması, seleksiyon indeksinden elde edilen genetik ilerlemeyi tekssel seleksiyondan elde edilene göre daha fazla arttırmaktadır. Örneğin, $\hat{h}^2=0.2$ ve $n=5$ için, seleksiyon indeksine göre elde edilen tahmini genetik ilerleme, $\hat{R}$, tekssel seleksiyondan elde edilenin 1.0679 katı iken, aynı $\hat{h}^2$ fakat $n=20$ için bu üstünlük 1.292 kata yükselmektedir. Bununla birlikte, düşük kalıtım derecesi tahminleri, tekssel seleksiyondan elde edilen genetik ilerlemeyi daha fazla etkilemektedir.

Akrabalardan elde edilen bilginin indekse dahil edilip edilmemesi veya sadece bireylerin fenotiplerine göre seleksiyonu hakkındaki karar, genellikle seleksiyon indeksi ve tekssel seleksiyondan elde edilen tahmini genetik ilerlemelerin karşılaştırılması sonucu verilir. Seleksiyon indeksinin tekssel seleksiyona göre ortalama nisbi avantajına ait sonuçlar Çizelge 4.7'de verilmiştir. Bu çizelgedeki R_{opt}/R_1 değerleri parametre değerleri kullanılarak elde edilmiştir;

$$s[E(R^a/R_1 - R_{opt}/R_1)] = [I \times R_{opt}/R_1].$$



Şekil 4.7. Farklı döl sayılarında ($n=5, 20$) indeks ile elde edilen başarılı genetik ilerlemenin tekssel seleksiyondan elde edilen optimal genetik ilerlemeyle (—) ve indeks ile elde edilen tahmini genetik ilerlemenin tekssel seleksiyondan elde edilen tahmini genetik ilerlemeyle (---) karşılaştırılması

Çizelge 4.7. Birey ve aile ortalaması performansından elde edilen seleksiyon indeksi kullanılarak bulunan genetik ilerlemenin tekselele seleksiyondan elde edilene oranının tahminleri. Parametre değerieleri kullanılarak hesaplanan oran R_{opt} / R_1 'dir ve kayıp, optimal ve hesaplama ile bulunan indeks oranı arasındaki farktır, $[E(R^a / R_1^a - R_{opt} / R_1) = LxR_{opt} / R_1]$.

n	h^2	R_{opt} / R_1	$L(\%)$	$R_{opt} / R_1 \times L$
5	0.1	1.090	-0.2969	-0.324
	0.4	1.035	-0.3111	-0.322
20	0.1	1.292	-0.2317	-0.299
	0.4	1.079	-0.2631	-0.284

Çizelge 4.7'den seleksiyon indeksi kullanmaktan kaynaklanan gerçek yararın nasıl hesaplandığı açıklanabilir. Örneğin, $n=20$ ve $h^2=0.1$ için, en iyi indeks, tekselele seleksiyondan elde edilen indeksten 1.292 kat daha üstündür. Diğer bir ifade ile %29.2 kat daha fazla kazanç sağlanır. Kalıtım derecesinin tahminini, $\hat{h}^2$, $s=25$ aileden hesaplanması durumunda $\%0.299 \times 100/25$ kadar kayıp olacaktır, yani kazanç yaklaşık olarak $\%29.2 - \%1.196 = \%28.0$ 'a düşer. Bununla birlikte, Şekil 4.7 kalıtım derecesinin tahmininin, $\hat{h}^2$, kendi parametre değeriine, h^2 , yakın olmadığı sürece, $\hat{R} / \hat{R}_1$ oranının indeks kullanılarak elde edilen orana, R^a / R_1^a , göre daha zayıf bir tahmin verdiği Şekil 4.7'de görülmektedir. Bu değerieler sırasıyla $\hat{R} / \hat{R}_1=1.083$ ve $R^a / R_1^a=1.495$ olarak bulunmuştur. $\hat{h}^2$ 'nin kendi parametre değeriine yakın olma olasılığı başlangıç denemesindeki $\hat{h}^2$ örnekleme dağılımına bağlıdır.

Eğer sadece başarılı genetik ilerleme önemli ise, bu durumda kalıtım derecesinin tahmini ortalama genetik ilerlemede fazla kayıp olmaksızın oldukça büyük örnekleme varyansına sahip olabilir. Örneğin, döl sayısı $n=20$ ve kalıtım derecesinin 0.1 ile 0.4 aralığı için, oransal kayıp, L , -0.2631 ile -0.2524 aralığında olmaktadır; yani h^2 'yi tahmin etmek için s boğa kullanıldığında kayıp yaklaşık olarak $\%25/s$ olacaktır. Böylece %1 veya daha az kayıp için yaklaşık olarak her birinin 20 dölü olan 25 boğaya gerek vardır. Eğer gerçekten kalıtım derecesi 0.4'e eşitse, bu durumda 50 boğa ile kayıp $\%0.5$ 'e düşürölür ki bu da uygulamada ihmal edilebilir.

5. SONUÇ

Varyans unsurlarını tahmin etmek için kullanılan ANOVA yönteminin dezavantajı bu çalışmada ortaya konmuştur. ANOVA'ya ait boğa varyansının negatif tahmin sorununun üstesinden gelmek için Çizelge 4.4'deki aile büyüklükleri kullanılabilir. Olabilirliğe dayalı yöntemler doğası gereği sahip olduğu kısıtlamalardan dolayı böyle bir soruna yol açmazlar. Bununla birlikte her üç yöntem içinde tutarlı istatistiklerin elde edilebilmesi için Çizelge 4.3'de verilen aile büyüklükleri kullanılabilir.

Çizelge 4.6'da da görüldüğü üzere optimal genetik ilerlemeye en yakın sonuçlar ANOVA ve REML yöntemlerinden elde edilmiştir. Bununla birlikte Materyal ve Metot kısmında açıklandığı üzere genetik ilerlemeler hesaplanırken parametre aralığı dışına düşen ANOVA kalıtım derecesi tahminleri uygun limit değerlerine eşitlenmek suretiyle kullanılmıştır. Yapılan bu modifikasyonlar ANOVA ve REML yöntemleri kullanılarak elde edilen tahmini ve başarılı genetik ilerlemelerin eşit çıkmasına neden olmuştur. Şekil 4.2.'de görüldüğü üzere kalıtım derecesi hem optimal hem de başarılı genetik ilerlemede etkindir. Boğa sayısının artması başarılı genetik ilerlemeyi optimal genetik ilerlemeye yaklaştırmaktadır.

Sales ve Hill'in (1976) bildirdiği üzere Wilson (1974) seleksiyon indeksinin teksele seleksiyondan daha az etkili olduğunu, en büyük genetik ilerlemenin teksele seleksiyon ile elde edileceğini ifade etmiştir. Sonuçlar ortaya koymuştur ki seleksiyon indeksi özellikle düşük kalıtım derecelerinde teksele seleksiyondan daha üstündür (Bkz. Şekil 4.7). Kalıtım derecesinin zayıf tahminlerinde ise teksele seleksiyon, seleksiyon indeksinden daha üstündür.

Bu çalışmada aile büyüklükleri eşit kabul edilmiştir. Diğer bir deyişle boğa başına düşen kız sayısı her deneme deseninde birbirine eşit kabul edilmiştir. Bu varsayım uygulamada çeşitli nedenlerle gerçekleşmeyebilir. D katsayısı (Bkz. Şekil 4.5) ve kalıtım derecesinin varyansı aile büyüklüklerine duyarlıdır. Dolayısıyla beklenen kayıp bu iki katsayının azalmasıyla azalacaktır. Farklı aile büyüklükleri için elde edilecek olan kayıplar ise her aile büyüklüğü için ayrı ayrı ağırlıklandırılarak hesaplanabilir.

Populasyon parametreleri hesaplanırken herhangi bir prior bilgi veya populasyonu temsil edecek literal bir bilgi olmadığı varsayılmıştır. Uygulamada ise, örneğin yetiştiricinin populasyon parametreleri hakkındaki bilgisinin analizlere dahil edilmesi daha doğru sonuçların eldesini mümkün kılacaktır. Bu çalışmada kullanılan metotlar ile prior bilgilerin kullanılması mümkün değildir. Bayesian metodu bu prior bilginin analize dahil edilmesine olanak sağlaması ve diğer istatistiksel üstünlükleri nedeni ile yakın bir gelecekte konu ile ilgili diğer yöntemlerin yerini alması beklenmektedir.



KAYNAKLAR

- BEK, Y., FIRAT, M.Z., CEBECİ, Z. ve PEKEL, E. 1998. Çiftlik Hayvanlarının Genetik İslahında Bayesian Metodu Kullanarak, Verime Etki Yapan Unsurların Tahmini Algoritmaları ve İslahı İçin En Uygun Bilgisayar Programının Geliştirilmesi, Proje No:VHAG-1221, Tubitak Bilimsel ve Teknik Araştırma Kurumu, Adana.
- BRASCAMP, E.W. 1977. Sensitivity of overall economic gain and correlated responses to variation in economic weights in an aggregate genotype for pigs. *the 28th Meeting, European Association for Animal Production*, 22-25 August, 1977.
- CHAPMAN, A.B. 1985. General and Quantitative Genetics. Elsevier Science Publishers, New York.
- CRUMP, S.L. 1951. The present status of variance component analysis. *Biometrics*, 7: 1-16.
- DANELL, O. and RÖNNINGEN, K. 1981. All or none traits in index selection. *Z. Tierzüchtg. Züchtgsbiol*, 98:265-284.
- DEMPSTER, E.R. and LERNER, I.M. 1950. Heritability of threshold characters. *Genetics*, 35:212-236.
- DÜZGÜNEŞ, O. A, ELİÇİN, A. ve AKMAN, N. 1996. Hayvan İslahı. III. Baskı. A.Ü. Ziraat Fakültesi Yayınları: 1437. Ankara.
- FALCONER, D.S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics. Third Edition John Wiley and Sons, New York.
- FIRAT, M.Z. 1995. Bayesian Methods in the Selection of Farm Animals for Breeding. Ph. D. Thesis, Edinburgh University.
- FIRAT, M.Z. 1997. Hayvan ıslahında negatif varyans unsuru tahmini ve tahmin yöntemlerinin incelenmesi. *Ç.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 12 (1): 169-176.
- FIRAT, M.Z. ve BEK, Y. 1997. Varyans unsurlarının tahmini için maksimum olabilirlik metotlarının karşılaştırmalı olarak incelenmesi. *Ç.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 12 (1): 1-8.
- FISHER, R.A. 1925. Statistical Methods for Research Workers. 1st edn. Oliver & Boyd, Edinburgh and London.
- FISHER, R.A. 1935. Discussion of Neyman et al., 1935. *J. R. Stat. Soc.*, Ser. B 2: 154-155.
- GIANOLA, D. and FOULLEY, J.L. 1990. Variance estimation from integrated likelihoods (VEIL). *Genet. Selection. Evol.*, 22: 403-417.
- GRAYBILL, F.A. and HULTQUIST, R.A. 1961. Theorems concerning Eisenhart's II. *Annals of Mathematical Statistics*, 32: 261-269.
- HARRIS, D.L. 1963. The influence of errors of parameter estimation upon index selection. In Statistical Genetics and Plant Breeding (ed. W. D. Hanson and H. F. Robinson) 491-500 pp. Publ. 982. National Academy of Sciences-National Research Council, Washington DC.

- HARRIS, D.L. 1964. Expected and predicted progress from index selection involving estimates of population parameters. *Biometrics*, 20: 46-72.
- HARTLEY, H.O. and RAO, J.N.K. 1967. Maximum likelihood estimation of the mixed analyses of variance model. *Biometrika*, 54: 93-108.
- HARVILLE, D.A. 1977. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. *J. Amer. Statist. Assoc.*, 72: 320-338.
- HARVILLE, D.A. and CALLANAN, T.P. 1990. Computational Aspects of Likelihood Based Inference for Variance Components. In: *Advances in Statistical Methods for the Genetic Improvement of Livestock* (Gianola, D. and Hammond, K. eds) Springer-Verlag, Berlin, 136-176.
- HAZEL, L.N. and LUSH, J.L. 1942. The efficiency of three methods of selection. *J. Heredity*, 33: 393-399.
- HAZEL, L.N. 1943. The genetic bases for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476-490.
- HENDERSON, C.R. 1953. Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*, 9: 226-252.
- HENDERSON, C. R. 1963. Selection index and expected genetic advance In *Statistical Genetics and Plant Breeding*. W. D. Hanson and H. F. Robinson (eds). Publication 982:141-163. Washington: National Academy of Sciences, National Research Council.
- HENDERSON, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 32: 423-447.
- HENDERSON, C.R. 1984. *Application of Linear Models in Animal Breeding*. Univ. of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.
- HILL, W.G. and THOMPSON, R. 1978. Probabilities of non-positive definite between group or genetic covariance matrices. *Biometrics*, 34: 429-439.
- KEMPTHORNE, O. 1957. *An Introduction to Genetic Statistics*. Iowa State Univ. Press, Ames. 862.
- KUMLU, S. 1999. Hayvan Islahı. Türkiye Damızlık Sığır Yetiştiricileri Merkez Birliği Yayınları Ankara.
- LUSH, J.L. 1947. Family merit and individual merit as bases for selection. *Am. Nat.*, 81: 241-261; 362-379.
- MAO, I.L. 1971. The Effect of Parameter Estimation Errors On the Efficiency of Index Selection and On The Accuracy of Genetic Gain Prediction. Ph.D. Thesis, Cornell University, Ithaca, New York.

- OSBORNE, R. 1957. The use of sire and family averages in increasing the efficiency of selective breeding under a hierarchical mating system. *Heredity*, Lond. 11:93-116.
- PATTERSON, H.D. and THOMPSON, R. 1971. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58: 545-554.
- ROBINSON, P. and BRAY, D.F. 1965. Expected effects on the inbreeding coefficient and rate of gene loss of four methods of reproducing finite diploid populations. *Biometrics*, 21: 447-58.
- RÖNNINGEN, K. 1976. The estimation of genetic parameters for all-or-none traits. *Z. Tierzüchtg. Züchtgsbiol*, 93:226-230.
- SALES, J. and HILL, W.G. 1976. Effect of sampling errors in efficiency of selection indices 1. Use of information from relatives for single trait improvement. *Animal Production*, 22: 1-17.
- SALES, J. and HILL, W.G. 1977. Effect of sampling errors in efficiency of selection indices 2. Use of information on associated traits for improvement of a important single trait. *Animal Production*, 23: 1-14.
- SCHEFFE, H. 1956. Alternative models for the analyses of variance. *Ann. Math. Stat.*, 27: 251-271.
- SCHEFFE, H. 1961. *The Analysis of Variance*. John Wiley and Sons, New York.
- SEARLE, S.R. 1971 *Linear Models*. John Wiley and Sons, New York.
- SEARLE, S.R. 1987. *Linear Models for Unbalanced Data*. John Wiley and Sons, New York.
- SEARLE, S.R. 1989. Variance components-some history and a summary account of estimation methods. *J. Anim. Breed. Genet.*, 106:1-29.
- SEARLE, S. R. CASELLA, G. and MCCULLOCH, C. E., 1992. *Variance Components*. John Wiley and Sons, New York.
- SMITH, H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7:240-250.
- SORANSEN, D.A. and KENNEDY, B. W. 1984. Estimation of response to selection using least squares and mixed model methodology. *J. Anim. Sci.*, 58: 1097-1106.
- SORANSEN, D.A. and KENNEDY, B. W. 1986. Analysis of selection experiments using mixed-model methodology. *J. Anim. Sci.*, 63: 245-258.
- TIAO, G.C. and ALI, M.M. 1971. Effect of non-normality on inferences about variance components. *Technometrics*, 23: 635-650.

- WILLIAMS, J.S. 1962a. A confidence interval for variance components. *Biometrika*, 49: 278-281.
- WILLIAMS, J.S. 1962b. The evaluation of a selection index. *Biometrics*, 18: 375-393.
- YOUNG, S.S.Y. and TALLIS, G.M. 1961. Performance index for lifetime production. *J. Anim. Sci.*, 20:506-509.
- YOUNG, S.S.Y. 1961. A further examination of the relative efficiency of three methods of selection for genetic gains under less restricted conditions. *Genet. Res. Camb.*, 2:106.



EK-1

MINİTAB PAKET PROGRAMI İLE ANOVA TAHMİN EDİCİSİ $\hat{\sigma}_s^2$ 'nin NEGATİF OLMA OLASILIĞININ HESAPLANMASINA AİT BİR ÖRNEK

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

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

Burada $F(s-1, s(n-1))$, serbestlik dereceleri $(s-1)$ ve $s(n-1)$ olan F-dağılımına sahip bir tesadüf değişkenidir. s boğa sayısını, n ise döl sayısını ifade eder. Yapılan bazı matematiksel işlemlerle aynı eşitlik aşağıda verildiği gibi ifade edilebilir.

$$\Pr \{ \hat{\sigma}_s^2 < 0 \} = \Pr \{ F(s(n-1), (s-1)) > 1 + n\gamma \}$$

Bu eşitlikte γ , boğa ve hata varyanslarının oranıdır, σ_s^2 / σ_e^2 . Örneğin Çizelge 4.1.'den kalıtım derecesinin 0.1, σ_s^2 'nin 0.025 ve σ_e^2 'nin 0.975 olduğu durumu ele alalım. Boğa sayısı 10 ve döl sayısı 8 olsun. γ , 0.026 olacaktır ve $1 + n\gamma = 1.205$ olarak hesaplanır. Bu durumda $s(n-1) = 70$ ve $(s-1) = 9$ 'dur. Bu değerlere göre bulunacak olasılık aşağıdaki gibi ifade edilebilir

$$P\{F_{70,9} > 1.205\},$$

Diğer bir deyişle serbestlik dereceleri 70 ve 9 olan bir F değişkeninin 1.205'den büyük olma olasılığını hesaplamamız gerekiyor. Bu olasılık, MINITAB paket programı ile hesaplanabilir. İlk olarak DATA penceresi C1 sütunu birinci satırına hesaplanmış olan 1.205 değeri girilir. Daha sonra CALC seçeneğinden Probability Distributions ve buradan F Distributions seçilerek, ekrana gelen bilgi istem kutusundan Cumulative

Probability seçeneği işaretlenir. Numerator Degrees of Freedom seçeneğine 70, Denominator Degrees of Freedom seçeneğine ise 9 girilir. Input Column seçeneğine C1, Optional Storage seçeneğine ise C2 veya C1 hariç herhangi bir sütun adı verilebilir. OK kutusuna basıldığında olasılık hesaplanacak ve DATA penceresi C2 sütunu birinci satırına 0.590985 değeri yazılacaktır. Bu değeri 1'den çıkartarak istenilen olasılık 0.409 olarak hesaplanır (Bkz. Çizelge 4.4).



ÖZGEÇMİŞ

Burak Karacaören 1977 yılında Ankara'da doğdu. İlk ve orta öğrenimini Ankara'da lise öğreniminin ilk iki yılını Ankara'da son yılını Bolu'da tamamladı. 1995 yılında girdiği Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesinden 1999 yılında Ziraat Mühendisi olarak mezun oldu. Ekim 1999 yılında açılan yüksek lisans sınavını kazanarak, aynı bölümün Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı'nda yüksek lisans eğitimine başladı. Halen aynı bölümde Fen Bilimleri Enstitüsü kadrosunda Araştırma Görevlisi olarak görev yapmaktadır.

