

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞINDAN SORUMLU
MAJÖR GEN VARLIĞININ
BAYESÇİ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ**

Fatma Fulya ÇETİN
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2021

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞINDAN SORUMLU
MAJÖR GEN VARLIĞININ
BAYESÇİ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ**

Fatma Fulya ÇETİN
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2021

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞINDAN SORUMLU
MAJÖR GEN VARLIĞININ
BAYESÇİ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ

Fatma Fulya ÇETİN
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 08/06/2021 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Burak KARACAÖREN (Danışman)

Prof. Dr. Sezai ALKAN

Doç. Dr. Taki KARSLI

ÖZET

TAVUKLARDA YUMURTA AĞIRLIĞINDAN SORUMLU MAJOR GEN VARLIĞININ BAYESÇİ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ

Fatma Fulya ÇETİN

Yüksek Lisans Tezi, Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Burak KARACAÖREN

Haziran 2021; 49 sayfa

Segregasyon analizi monogenik ve poligenik unsurları istatistiksel modeller ile tahmin eden ve majör gen tespiti yapan bir yöntemdir. Bu çalışmasının ana amacı, yumurta ağırlığının majör bir gen tarafından yönlendirilip yönlendirilmediğinin bir tavuk populasyonuna ait veri seti kullanılarak bayesçi segregasyon analizi ile incelenmesidir. Bu amaçla önceden toplanmış bir veri seti kullanılmıştır 1063 adet yumurtacı tavuk hattından toplamda 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlığı (İlk yumurta ağırlığı, 36., 56., 66., 72., 80. haftalardaki yumurta ağırlığı) ve pedigr bilgileri kullanılarak majör gen varlığı incelenmiştir. Varyans unsurları Gibbs örnekleme ile tahmin edilmiştir. Bu çalışmada segregasyon analizi ile eklemeli genetik varyans, hata varyansı, majör gen varyansı, eklemeli ve baskın gen etkileri tahmin edilmiştir. Yapılan analizlerle haftalara göre yumurta ağırlığında dominant etki (-7.30, 0.66, -2.42, -18.57, -2.94, -5.83, -2.54) eklemeli gen etkisinden (11.79, 2.00, 3.38, 9.07, 4.53, 5.67, 5.49) küçük olduğu bulunmuştur. Majör gen varyansları ($\sigma_G^2 = 53.34, 3.33, 8.24, 60.24, 11.14, 17.72, 28.23$) poligenik varyanstan ($\sigma_u^2=6.53, 5.68, 2.38, 6.52, 7.28, 6.11, 4.69$) daha büyük bulunmuştur. Majör gen frekansı ise 7 zaman dilimi için, $p = 0.86$ ve $q = 1 - p = 0.14$, $p = 0.58$ ve $q = 1 - p = 0.42$, $p = 0.53$ ve $q = 1 - p = 0.47$, $p = 0.84$ ve $q = 1 - p = 0.16$, $p = 0.73$ ve $q = 1 - p = 0.27$, $p = 0.63$ ve $q = 1 - p = 0.37$, $p = 0.64$ ve $q = 1 - p = 0.36$ bulunmuştur. Üç farklı analiz yapılmıştır: 1) haftalık yumurta ağırlıkları 2) üssel büyüme modeli analizi 3) temel bileşenler analizi. Majör gen analizinde poligenik modelde kalıtım derecelerini $h^2 = 0.31 (\pm 0.54)$, $0.51 (\pm 0.56)$, $0.54 (\pm 0.56)$, $0.32 (\pm 0.52)$, $0.44 (\pm 0.54)$, $0.27 (\pm 0.50)$, $0.25 (\pm 0.51)$, ve majör gen modelinde kalıtım dereceleri $h^2 = 0.81 (\pm 0.94)$, $0.67 (\pm 0.81)$, $0.95 (\pm 0.88)$, $0.85 (\pm 0.98)$, $0.70 (\pm 0.85)$, $0.70 (\pm 0.90)$, $0.73 (\pm 0.95)$ olarak bulup, Üssel büyüme modeli analizinde belirlenen kalıtım derecelerini poligenik modelde ; $h^2 = 0.99 (\pm 0.91)$, $0.46 (\pm 0.54)$, $0.85 (\pm 0.60)$, $0.87 (\pm 0.61)$, $0.92 (\pm 0.60)$, $0.79 (\pm 0.59)$, $0.96 (\pm 0.66)$ ve majör gen modeli analizinde ; $h^2 = 0.80 (\pm 0.95)$, $0.54 (\pm 0.64)$, $0.60 (\pm 0.27)$, $0.56 (\pm 0.81)$, $0.75 (\pm 0.88)$, $0.72 (\pm 0.94)$, $0.76 (\pm 0.94)$ olarak bulup temel bileşenler analizi ile poligenik model için kalıtım dereceleri $h^2 = 0.63 (\pm 0.57)$, $0.15 (\pm 0.09)$, $0.12 (\pm 0.47)$, olup majör gen modelinde kalıtım dereceleri $h^2 = 0.71 (\pm 0.73)$, $0.20 (\pm 0.70)$, $0.50 (\pm 0.93)$ olarak belirlenip bu farklı analiz türlerinde kalıtım dereceleri arasında benzerlik sağlanamamıştır. Bununla birlikte her 3 yönteminde yüksek kalıtım derecelerini poligenik model için belirlenmesi yumurta ağırlıklarının zamana dayalı seleksiyon çalışmalarında başarılı bir şekilde kullanılabileceğini göstermektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Bayesçi analiz, Gibbs örneklemesi, Major gen, Segregasyon analizi, Varyans unsurları.

JÜRİ: Doç. Dr. Burak KARACAÖREN

Pof. Dr. Sezai ALKAN

Doç. Dr. Taki KARSLI

ABSTRACT

INVESTIGATION OF THE MAJOR GENE PRESENCE RESPONSIBLE FOR EGG WEIGHT IN CHICKEN, WITH DEALER SEGREGATION ANALYSIS

MSc Thesis in Animal Science

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Burak KARACAÖREN

June 2021; 49 pages

Segregation analysis is a method that predicts monogenic and polygenic elements with statistical models and detects major genes. The main purpose of this study is; it is the investigation of whether egg weight is driven by a major gene or not by using bayesian segregation analysis using a data set of a chicken population. For this purpose, a pre-collected data set was used, using the egg weight (first egg weight, 36., 56., 66., 72., 80. weeks egg weight) and pedigree information for a total of 7 time periods from 1063 laying hen lines, and the presence of major genes examined. Variance components were estimated by Gibbs sampling. In this study, additive genetic variance, error variance, major gene variance, additive and dominant gene effects were estimated by segregation analysis. According to the analyzes performed, it was found that the dominant effect (-7.30, 0.66, -2.42, -18.57, -2.94, -5.83, -2.54) on egg weight was smaller than the additive gene effect (11.79, 2.00, 3.38, 9.07, 4.53, 5.67, 5.49). Major gene variances ($\sigma^2_G = 53.34, 3.33, 8.24, 60.24, 11.14, 17.72, 28.23$) were found to be greater than the polygenic variance ($\sigma_u^2 = 6.53, 5.68, 2.38, 6.52, 7.28, 6.11, 4.69$). Major gene frequency for 7 time periods, $p = 0.86$ and $q = 1 - p = 0.14$, $p = 0.58$ and $q = 1 - p = 0.42$, $p = 0.53$ and $q = 1 - p = 0.47$, $p = 0.84$ and $q = 1 - p = 0.16$, $p = 0.73$ and $q = 1 - p = 0.27$, $p = 0.63$ and $q = 1 - p = 0.37$, $p = 0.64$ and $q = 1 - p = 0.36$. Three different analyzes were conducted: 1) weekly egg weights 2) exponential growth model analysis 3) principal component analysis. In major gene analysis, in the polygenic model, the $h^2 = 0.31 (\pm 0.54), 0.51 (\pm 0.56), 0.54 (\pm 0.56), 0.32 (\pm 0.52), 0.44 (\pm 0.54), 0.27 (\pm 0.50), 0.25 (\pm 0.51)$, and the degrees of inheritance in the major gene model $h^2 = 0.81 (\pm 0.94), 0.67 (\pm 0.81), 0.95 (\pm 0.88), 0.85 (\pm 0.98), 0.70 (\pm 0.85), 0.70 (\pm 0.90), 0.73 (\pm 0.95)$ In the polygenic model; $h^2 = 0.99 (\pm 0.91), 0.46 (\pm 0.54), 0.85 (\pm 0.60), 0.87 (\pm 0.61), 0.92 (\pm 0.60), 0.79 (\pm 0.59), 0.96 (\pm 0.66)$ and in major gene model analysis; Finding $h^2 = 0.80 (\pm 0.95), 0.54 (\pm 0.64), 0.60 (\pm 0.27), 0.56 (\pm 0.81), 0.75 (\pm 0.88), 0.72 (\pm 0.94), 0.76 (\pm 0.94)$ polygenic $h^2 = 0.63 (\pm 0.57), 0.15 (\pm 0.09), 0.12 (\pm 0.47)$ for the model, and $h^2 = 0.71 (\pm 0.73), 0.20 (\pm 0.70), 0.50 (\pm 0.93)$ in the major gene model. There was no similarity between heritability levels in these different analysis types. However, determining the high heritability levels for the polygenic model in all three methods shows that egg weights can be used successfully in time-based selection studies.

KEYWORDS: Bayesian analysis, Gibbs sampling, Major gene, Segregation analysis, Variance components.

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Burak KARACAÖREN

Prof. Dr. Sezai ALKAN

Assoc. Prof. Dr. Taki KARSLI

ÖNSÖZ

Tez çalışmam boyunca bana çok emeđi geçen ve sonsuz destekleri için sayın hocam Doç. Dr. Burak KARACAÖREN'e çok teşekkür ederim. Yüksek lisans eğitimimizi birlikte geçirdiđimiz arkadaşlarım Yunus İNAN ve Ümit BİLGİNER'e Akdeniz Üniversitesi Zootekni Anabilim Dalı'nda tüm hocalarıma, ve hayatımın her döneminde en büyük destekçilerim olan canım aileme çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ	v
AKADEMİK BEYAN	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
2.1. Kanatlılarda Yapılan Major Gen ve Genomik Çalışmaları.....	5
2.2. Diğer Türlerde Yapılan Major Gen Çalışmaları	8
2.3. Bayesci Segregasyon Analizi ile Yapılan Çalışmalar	9
3. MATERYAL VE METOT	17
3.1. Materyal	17
3.2. Metot	17
4. BULGULAR.....	22
4.1. Tanıtıcı İstatistikler	22
4.1.2. Normallik Tablolarının İncelenmesi	22
4.2. 7 Zaman Dilimine Ait Yumurta Ağırlıkları İçin Major Gen Analizlei.....	25
4.2.1. İlk Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model	25
4.2.2. İlk Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi.....	25
4.2.3. 28. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model.....	26
4.2.4. 28. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi.....	26
4.2.5. 36. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli.....	27
4.2.6. 36. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi.....	27
4.2.7. 56. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model.....	28
4.2.8. 56. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi.....	28
4.2.9. 66. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli.....	29
4.2.10. 66. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi.....	29
4.2.11. 72. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli.....	30
4.2.12. 72. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi.....	30

4.2.13. 80. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli.....	31
4.2.14. 80. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi.....	31
4.3. Üssel Büyüme Modeli İçin Major Gen Analizi	33
4.3.1. İlk Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelinde Üssel Yorum	33
4.3.2. 28. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelinde Üssel Yorum	34
4.3.3. 36. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelinde Üssel Yorum	35
4.3.4. 56. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum	36
4.3.5. 66. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum	37
4.3.6. 72. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum	38
4.3.7. 80. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum	39
4.4. Temel Bileşenler Analizi.....	40
5. TARTIŞMA	44
6. SONUÇLAR	48
7. KAYNAKLAR	50
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Tavuklarda Yumurta Ağırlığından Sorumlu Majör Gen Varlığının Bayesçi Segregasyon Analizi ile İncelenmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

08/06/2021

Fatma Fulya ÇETİN



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

a	: Eklemeli gen etki
d	: Dominant etki
P_A	: Major gen frekans
R_u	: Poligenik varyans
R_m	: Major gen varyans
σ_e^2	: Hata varyans
σ_u^2	: Poligenik varyans
h^2	: Kalıtım derecesi
σ_a^2	: eklemeli varyansı
σ_G^2	: major gen varyansı
p	: major gen frekansı
β	: cinsiyet etkisi
u	: rassal eklemeli poligenik etkiler
m	: genotip ortalama
e	: rassal hata
μ	: genel ortalama

Kısaltmalar

QTL	:Quantitative Trait Loci - Kantitatif Karakter Lokus
SA	:Segregasyon Analizi
AI REML	:Sınırlı bilgi maksimum olasılık
EYSY	:En Yüksek Soncul Yoğunluk
YA	:Yumurta ağırlığı

YA1m	:1 haftalık yumurta ağırlığı ortalama
YA1SD	:1 haftalık yumurta ağırlığı serbestlik derecesi
YA2m	:2 haftalık yumurta ağırlığı ortalama
YA2SD	:2 haftalık yumurta ağırlığı serbestlik derecesi
YA3m	:3 haftalık yumurta ağırlığı ortalama,
YA3SD	:3 haftalık yumurta ağırlığı standart sapması
YA26	:26 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı
YA36	:36 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı
YA56	:56 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı
YA66	:66 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı
YA72	:72 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı
YA80	:80 haftalık yaştaki yumurta ağırlığı
TNP	:Tek Nükleotid Polimorfizmi
DNA	:Deoksiribo Nükleik Asit
ABT	:Sırtın Yağ Kalınlığı Ortalaması
NTY	:Napoli'nin Teknolojik Verimi
GWAS	:Genom Çapında İlişki Analizi
GTN	:İyi Emzik Numarası
FTN	:Sahte Emzik
MPM	:Tahmini Marjinal Soncul Ortalamaları
MPSD	:Marjinal Soncul Standart Sapmalar
MY	:Süt Verimi
MS	:Sağım Hızı
SD	:Soncul Standart Sapması

IMF :Kas İçi Yağ
MCMC :Markov Zinciri Monte Carlo
PCA :Temel Bileşenler Analizi

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlıkları için normallik testi.....	23
Şekil 4.2. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlıkları için Kolmogorov Smirnov normallik testi.....	24
Şekil 4.3. 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlıkları için Temel Bileşenler Analizi.....	43

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. İlk yumurta ağırlığı 32. haftalık yumurta ağırlığı, 40. haftalık yumurta ağırlığı, 44. haftalık yumurta ağırlığı, 48. haftalık yumurta ağırlığı, 52. haftalık yumurta ağırlığı, 56. haftalık yumurta ağırlığı, 60. haftalık yumurta ağırlığı için tanıtıcı istatistikler.....	8
Çizelge 2.2. Bayesçi segregasyon analizinin sonuçları: Marjinal soncul ortalamalar (mpm), marjinal soncul standart sapmalar (mpsd) ve en yüksek soncul yoğunluk bölgesi, %95.....	10
Çizelge 2.3. 40 000 Gibbs örneğinde karışık kalıtım modeli (ilk laktasyon) süt akışı parametrelerinin tahmini marjinal soncul standart sapmalar (mpsd), marjinal soncul ortalamaları (mpm), ve %95'inde en yüksek soncul yoğunluk bölgesi (EYSY 95%).....	11
Çizelge 2.4. Süt verimi (SV) ve sağım hızı (SH) için% 95 en yüksek soncul yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırlarının karma kalıtım modellerinden ve soncul standart sapması(SD).....	12
Çizelge 2.5. Canlı ağırlık (CA) ve kuru madde tüketimi (KMT) için Karışık kalıtım modellerinden parametrelerin soncul ve standart sapması (SD) ve %95 en yüksek soncul yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırları.....	13
Çizelge 2.6. Çok değişkenli bir modelden farklı yaşlarda yumurta ağırlığının ortalama (m) ve standart sapması (SD) arasındaki kalıtım dereceleri (köşegen üzerinde kalın), genotipik (köşegenin üstünde) ve fenotipik (köşegen altı) korelasyonlarının tahminleri soy kütüğü ilişkilerini kullanarak ve bayesçi tüm genom boyu analiz ile kalıtım derecesi tahmini.....	14
Çizelge 2.7. İlk yumurta ağırlığı, 28., 36., 56., 66., 72. ve 80. haftalık yumurta ağırlığı verilerinin kalıtım dereceleri.....	15
Çizelge 4.1. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlığı için tanıtıcı istatistikler.....	22
Çizelge 4.2. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlığı için ortalama tanıtıcı istatistikler.....	22
Çizelge 4.3. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	25
Çizelge 4.4. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlığı için majör gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul	

dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	25
Çizelge 4.5. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	26
Çizelge 4.6. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	26
Çizelge 4.7. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	27
Çizelge 4.8. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	27
Çizelge 4.9. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	28
Çizelge 4.10. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	28
Çizelge 4.11. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66 hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	29
Çizelge 4.12. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	29
Çizelge 4.13. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılıklarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	30

Çizelge 4.14. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	30
Çizelge 4.15. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	31
Çizelge 4.16. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. hafta yumurta ağırlıkları için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	31
Çizelge 4.17. 7 haftalık yumurta ağırlıklarının geçiş olasılıklarının ve %95 En yüksek Soncul Yoğunlukların (EYSY) sol ve sağ sınırları	32
Çizelge 4.18. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlığı için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	33
Çizelge 4.19. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlıklarının EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar.....	33
Çizelge 4.20. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. Hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	34
Çizelge 4.21. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. Hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar.....	34
Çizelge 4.22. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. Hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	35
Çizelge 4.23. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. Hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar.....	35

Çizelge 4.24. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. Hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	36
Çizelge 4.25. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. Hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar.....	36
Çizelge 4.26. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66. Hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	37
Çizelge 4.27. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66. Hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar.....	37
Çizelge 4.28. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. Hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	38
Çizelge 4.29. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. Hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar.....	38
Çizelge 4.30. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. Hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	39
Çizelge 4.31. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. Hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar.....	39
Çizelge 4.32. 100.000 Gibbs örneğine göre, birinci temel bileşen için poligenik modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	40
Çizelge 4.33. 100.000 Gibbs örneğine göre, birinci temel bileşen için majör gen modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	40

Çizelge 4.34. 100.000 Gibbs örneğine göre, ikinci temel bileşen için poligenik modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	41
Çizelge 4.35. 100.000 Gibbs örneğine göre, ikinci temel bileşen için majör gen modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	41
Çizelge 4.36. 100.000 Gibbs örneğine göre, üçüncü temel bileşen için poligenik modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	42
Çizelge 4.37. 100.000 Gibbs örneğine göre, üçüncü temel bileşen için majör gen modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler.....	42
Çizelge 4.38. 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlıkları için Temel BileşenlerAnalizi.....	43

1. GİRİŞ

Tavuk genomu 78 kromozomdan oluşur ve insandan farklı olarak ZZ erkekler, ZW dişilerin kromozom yapısını gösterir. Evcil tavuk M.Ö 2000 yıllarında kırmızı yabani tavuktan (RJF, red jungle fowl, Gallus gallus) köken olarak Güney Asya'da evcilleştirilmiş ve buradan Doğu ve Batıya doğru yayılmıştır. Uzun yıllar süren evcilleştirme ve ıslah yöntemleri ile çeşitli kıta, ülke ve bölgelere dağılmıştır. Bunlar sonucunda da çok fazla sayıda tavuk ırkı bulunmaktadır. Hayvansal üretim faaliyetleri arasında tavukçuluk, et ve yumurta gibi kaliteli hayvansal proteinlerin kısa sürede ve ekonomik olarak elde edilmesi bakımından önemlidir.

Kanatlı hayvan ıslahında istenen fenotip seviyesine sahip sürüler oluşturabilmek için melezlemeler yapılmaktadır. Genlerin yerlerinin tespiti hayvan ıslahı çalışmalarında hem genomik seleksiyon veya işaretleyici yardımcı seleksiyon ile ekonomik fayda getirecek biçimde kullanılabilir. Günümüzde örneğin seleksiyon ana karnında bile yapılabilmektedir ve hastalıklı ya da yüksek yararlı genlere sahip fertler belirlenerek ayıklanabilir ya da damızlıkta kullanılabilir. Üzerinde çalışılan bir popülasyonda major gen varlığı tespit edilebilecek olur ise seleksiyon çok daha aktif bir biçimde uygulanabilir. Major genlerin kullanılması ile, geleneksel olan ıslah programlarına oranla çok daha süratli bir biçimde genetik ilerleme sağlanmaktadır (Cemal vd. 2006). Major genler ilk olarak insanlar üzerinde yapılan en çok olabilirlik usulleri ile araştırılmıştır (Elston ve Stewart, 1971).

Yumurta ağırlığı gibi veri setleri işgücü ve ekipman eksikliği gibi nedenlerden dolayı çoğunlukla toplanamamaktadır. Tavukların yaşlarının artmasıyla aşırı büyük yumurtaların kanatlı endüstrisinde özellikle geç yumurtlama aşamasında, kalitede hızlı düşüş, kırılma oranında artış ve bir çok soruna neden olmaktadır. (Tumová ve Gous, 2012). Yumurta ağırlığında artış göstermesine rağmen ayrıca kuluçka kabiliyeti üzerinde önemli etkiler sağlamaktadır (Nangsuay vd. 2011). Bu program gerçekleştirmek ve yumurtlama döngüsü uzatılmak isteniyorsa yumurta ağırlığı kontrolünün yetiştiriciler için önem arz ettiği anlamına gelmektedir. Tüketicinin önem verdiği ve doğrudan alışveriş tüketim tercihleri ile ilgili bir fenotiptir (Schulte-Drüggelte ve Thiele, 2013). Yumurta ağırlığı pek çok biyolojik işlev ile yakından ilişkilidir. Literatürde yumurta ağırlığını genetik açıdan, inceleyen az sayıda çalışma vardır, (Liu vd. 2018). Bununla birlikte yapılan çalışmalar ıslah için uygun bir fenotip olduğunu göstermiştir (Savegnago vd. 2011; Yi vd 2014). Moleküler çalışmalar ise bu fenotip ile ilgili pek çok QTL (Quantitative trait locus; verimden sorumlu lokus) olduğunu göstermiştir, (Wolc vd. 2012).

Çevresel etkiler sabit tutulabilirse, fenotipe etki eden genler belirlenebilir ve deneme desenleri bu amaç ile kullanılabilir. Teorik olarak mükemmel sınaama kurulamaz; her zaman beklenmeyen ölçüde yanlıgı sürece katılacaktır. Çeşitlilik model organizmalar kullanılarak başarılı bir biçimde eksiltilebilir. Kuşaklar arasındaki sürenin uzun olması sebebiyle bir çok çiftlik hayvan türü üzerinde etkili denemeler kurmak pahalı ve zaman alıcı olmaktadır. Bazen zaman ve para olsa da bazı uygulamalar (muameleler) yeniden yapılması olası değildir. Bu bağlamda tavuk yetiştiriciliği ve ıslahı önem arz etmektedir. Kuşaklar arası sürenin az olması ve çevre şartlarının homojen olması gibi nedenlerden dolayı oluşturulan genetik hatlar veya ırklar zootekni

kapsamında araştırma materyali olarak kullanımını değerli kılmaktadır. Mendel'den bu yana genetik etkenlerin kuşaktan kuşağa aktarıldığı öğrenilmektedir. Genlerin yerlerinin tespiti hayvan ıslahı çalışmalarında hem genomik seleksiyon veya işaretleyici destekli seleksiyon yöntemiyle ekonomik fayda getirecek biçimde kullanılabilir. Her ne kadar genom tarama ücretleri giderek azalmakta olsa da Türkiye gibi gelişmekte olan ülkeler için halen genomik çalışmalar rahatlıkla erişilebilir değildir.

Bu bağlamda segregasyon analizi, Janss 1996, Karacaören vd. (2006); Karacaören ve Moslem, (2019) majör genlerin yalnızca pedigrî ve fenotipler ile tespit edilebilmesini etkili bir biçimde sağlamaktadır. Günümüzde yapılan genomik çalışmalarda: pek çok kantitatif fenotipin poligenik, orta etkili ve majör genlerce belirlendiği ortaya konmuştur. Segregasyon analizi, Elston ve Stewart (1971) tarafından major gen ve poligenik unsurları istatistiksel modeller ile tahmin eden ve majör gen varlığını inceleyen bir yöntemdir. Özellikle zootekni açısından kullanılan geniş ve derin soy kütüğü bilgileri ile mümkün bütün genotip verilerini ayrı ayrı yazmaya izin vermemektedir. Bu bağlamda gibbs örnekleme kullanılması yaklaşık olarak segregasyon analizi yapılmasına olanak tanıyacaktır.

Segregasyon analizi majör gen tespiti için kullanılan en uygun yöntemlerden biridir. Ebeveynlerde alellerin ayrışma uğradığı popülasyonlarda kullanılabilir. Gibbs örnekleme karışık kalıtım modeliyle insan popülasyonlarında yorumlamalar yapmak amacıyla kullanılmıştır. (Guo ve Thompson, 1992). Gibbs örnekleme şartlı dağılımlardan örnekleme yapmak için, Bayesçi modellerde kullanılan bir Markov Zinciri Monte Karlo (MCMC) algoritmasıdır (Geman ve Geman, 1984). Bu algoritma ile bileşik dağılımlardan hem poligenik hem de major gen etkilerine ait şartlı dağılımlar kullanılarak örnekleme yapılabilir. Hayvan ıslahı çalışmalarında Gibbs örnekleme Wang vd. (1993) tarafından ilk olarak doğrusal modellerde varyans unsurlarının hipotezinde kullanılmıştır. Sorensen vd. (1995) doğrusal olmayan modellerde, Karacaören (2006), ise devingen damızlık değerlerinin hipotezinde gibbs örnekleme kullanmıştır.

Bayes teoremi, olasılıklı (kesin olmayan) bir bilginin incelenmesinde objektif bir bakış açısını esas alır, bu yöntemle bilimsel gerçekten ziyade bilginin aşamalarına odaklanır. Thomas Bayes (1764) tarafından ortaya atılmış bu düşünce, 1970'lerden sonra çalışmalarda yer almaya başlamıştır. Diğer yandan bu teorem ile pedigrî bilgisi ile hayvan ıslahı çalışmaları yapılmıştır. Bayes yöntemi ile geleceğe yönelik olasılık hesapları yapılabilmektedir.

Bu tez çalışmasında Liu vd. (2018) tarafından yayımlanan bir veri seti kullanılmıştır. 1063 Rhode Island Red saf hatlarına ait farklı zaman aralıkları ile toplanan yumurta ağırlıkları için majör gen varlığının segregasyon analizi gerçekleştirilmiştir. Analizler a) her hafta ayrı ayrı b) üssel model ve otoregresif kovaryans yapısı ile büyüme modeli ve c) temel bileşenler analizi ile gerçekleştirilmiştir. Soy kütüğü 92 horoz ve 801 tavuk ile oluşturulmuştur. Tavuklar benzer şartlarda, bireysel bölmelerde, serbest yemleme ve sulama ile yetiştirilmiştir. Varyans unsurları tahmini Gibbs örnekleme kullanılarak yapılmıştır. Gibbs örneklemesinin yakınsamaları markov zincirlerinin on tekerrürü ile uzun bir markov zincirinin (10000) karşılaştırılması, zincirlerin otokorelasyonlarının t testi ile analiz edilmesi, ve yakınsama biçimlerinin araştırılması \hat{R} test istatistiğinin 1'e

yakınsamasının incelenmesi ile tespit edilmiştir. Gözlemlenen Gibbs örneklemelerinin ilk 100'ü amaçlanan dağılıştan uzak olması sebebi ile uzaklaştırılmıştır. (burn in). Buna ek olarak örneklemeler arasında olan yüksek korelasyon nedeni ile her 100. Örnek kayıt edilip mevcut parametrelerin soncul dağılışı incelenmiştir. Segregasyon analizi ile eklemeli genetik varyans, hata varyansı, majör gen varyansı, eklemeli ve baskın gen etkileri tahmin edilmiştir. Üzerinde durulan veride major gen var olup olmadığı (hipotez testi) major gen ve poligenik varyans dağılışılarından elde edilen en yüksek soncul yoğunluk bölgelerinin (highest posterior density regions) (EYSY) 0 içerip içermemesi durumu belirlenerek tespit edilip karar verilmiştir.

Bu çalışmanın amacı Rhode Island Red saf tavuk hattından yumurta ağırlığına etki eden majör genlerinin Bayesçi segregasyon analizi ile belirlenmelidir.

2. KAYNAK TARAMASI

Biyometrik genetik, üzerinde çalışılan fenotipin çok sayıda gen ve çevre etkilerinin ortaya çıkarttığını kabul eder (Fisher vd. 1918). Mendelci genetikten farklı olarak; hem çevre hem de farklı gen etkilerinin ve bunların etkileşimlerinin fenotip seviyelerini belirlediği kabul edilir (Gianola ve Sorensen 2002). Bu yaklaşım belirli ölçüde kesikli fenotipler için de geçerlidir. Bu bağlamda kantitatif genetik, ıslah çalışmalarında genetik çeşitliliğin incelenmesinde, akrabalar arası genetik ilişkilerin belirlenmesinde ve üzerinde durulan çeşitliliğin incelenmesinde, akrabalar arası genetik ilişkilerin belirlenmesinde ve üzerinde durulan fenotip bakımından ıslah çalışmaları için kullanılmaktadır.

Geleneksel olarak genlerin varlıklarının veya lokuslarının belirlenmesi yerine, yapılan önkabüller ile biyometrik analizler ile moleküler veri kullanılmadan: örneğin damızlık değerlerin tahminine olanak tanımaktadır. Bununla birlikte son yıllarda moleküler genetik ve genomik sahasında elde edilen ilerlemeler, hayvan ıslahı çalışmalarında da kullanılmaya başlamıştır Meuwissen vd. (2002). Moleküler bilgi olmadan sadece istatistiksel ön kabüller ile poligenik etkilere ek olarak fenotip ile ilişkili bir major genin varlığı Elston ve Stewart (1971) tarafından incelenmiştir. Cemal ve Karaca (2006) tarafından da gösterildiği üzere bir populasyonda major bir genin varlığının belirlenmesi ıslah çalışmalarında daha etkin bir genetik ilerlemeye yol açabilir.

Bayesçi Segregasyon analizi ile moleküler bilgi olmadan, sadece pedigrî ve fenotipler yardımı ile bir populasyonda major bir genin varlığı belirlenebilir (Janss vd. 1996). Özellikle veri seti ve pedigrî (soy kütüğü) büyüdükçe Bayesçi analizler ile Gibbs örnekleme üzerinden model parametrelerinin tahmin edilmesi önem kazanmaktadır (Karacaören ve Moslem 2019). Bir MCMC yöntemi olan Gibbs örnekleme sabit ve şansa dayalı etkilere sahip bir kalıtım modeli ile insan populasyonunda yorumlar yapmak için kullanılmıştır (Guo ve Thompson 1992). Hayvan ıslahı ve genetiği çalışmalarında Gibbs örnekleme Wang vd. (1994) tarafından ilk kez karışık modellerde eklemeli genetik varyans unsurları ve çevre etkilerinin tahmini için kullanılmıştır. Sorensen vd. (1995) doğrusal olmayan modellerde, Fırat (1995) Boğa modellerinde, Karacaören (2006) ise devingen damızlık değer tahmini için Gibbs örneklemesini kullanmıştır. Gibbs örnekleme pedigrîdeki aileler arasındaki farklılıkları analize dahil ederek fenotip ile ilişkilendirir. Gibbs örnekleme, diğer MCMC yöntemlerine oranla daha basit bir şekilde uygulanabilmektedir. Önemli olan kısım, bileşik dağılıştan yola çıkarak şartlı dağılışlara ulaşmaktır (Guo ve Thompson 1992 ; Tanner 1993).

Bu tez çalışmasında major bir genin tavuklarda yumurta ağırlığı ile ilişkili olup olmadığını araştırmayı hedeflemiştir. Zamana dayalı olarak toplanan yumurta ağırlıkları

-Her bir ölçüm ayrı ayrı kabul edilerek

-Büyüme eğrisi ile fenotiplerin ilişkili oldukları kabul edilerek

-Temel bileşenler analizi ile birleştirilerek incelenmiş ve major gen analizleri uygulanmıştır.

2.1. Kanatlılarda Yapılan Major Gen ve Genomik Çalışmaları

Tavuk genom projesi ile 2004 yılında genom dizisi açıklanması ile birlikte (International Chicken Genome Sequencing Consortium, 2004), kanatlı hayvan ıslahında genomik seleksiyon çalışmalarının yaygınlaşmasına imkan sağlamıştır. Dünya’da önde gelen damızlık firmalarının genomik bilgiler ile ıslah çalışmalarında kullanmak amacı ile ilgili çeşitli araştırmalar yapılmaktadır. Yapılan araştırmaların bir kısmı tavuklarda yumurta ağırlığının genetik ilişkisini belirlemeye çalışmış fakat bir çoğu bir veya iki zaman noktasına odaklanmıştır. Bu bilgiler de yumurtlama periyodunun tamamında yumurta ağırlığına ilişkin çok az bilginin olduğu anlamına gelmektedir (Wright vd. 2006 ; Liu vd. 2011).

Savaş vd. (1999) yaptıkları çalışmada yumurta veriminde kalıtımın eklemeli olmayan gen etkilerinin de rol oynadığı kabul edilerek yapılan araştırmada eklemeli olmayan gen etkilerinin öz kardeş grupları üzerinden tahmin edilerek genetik varyansın bu etkilerinden arındırılma imkanları araştırılmıştır. REML ve Gibbs örneklemleri yöntemleri ile karşılaştırılmaları yapılmıştır. Elde edilen bulgularla iki yöntem arasındaki farkın önemsiz olduğu tespit edilmiştir. Öz kardeş gruplarının etkisinin yer aldığı ve yer almadığı model sonucunda fark önemli bulunmuştur. Sonuç olarak eklemeli olmayan gen etkileri incelendiğinde öz kardeş grupları incelenmesi önerilmektedir.

Carlborg vd. (2002), yaptıkları çalışmada en küçük kareler yöntemini kullanarak eklemeli genin baskınlık ve epistatik etkilerinin büyümeye katkısını tahmin etmişlerdir. Kırmızı Orman Tavuğu ve Beyaz Leghorn hatlarında farklı yaşlarda vücut ağırlığındaki değişim ve kronolojik arasındaki büyüme oranını açıklayan QTL’leri belirleyerek hatlar arasındaki büyüme farklılıklarının moleküler temelini bulmak hedeflenmiştir. Bu ayrı tavuk hatları arasında 22 önemli lokus bulunmuştur. Eklemeli genetik etkinin yumurta ağırlığı üzerinde etkisinin düşük olduğu tespit edilmiştir. Yapılan çalışmada büyümeyle ilgili 9 özellik için QTL haritası çıkarılmıştır ve toplamda 20 QTL %20 düzeyinde anlamlı bulunmuştur. QTL haritalanması ve anlamlılık için ilk önce en küçük kareler yöntemi kullanılmıştır, daha sonra epistatik QTL çiftlerinin taranması için iki lokuslu bir etkileşim modeli ile kapsamlı bir inceleme yapılmıştır. Tespit edilen QTL çiftlerinin istatistiksel olarak değerlendirilmesi için randomizasyon testi kullanılarak yapılmıştır. Randomizasyon testi ile ileri seçimli ya da eş zamanlı haritalama önemli QTL çiftlerinin eklemeli baskınlık veya epistatik etkilerini seçmek için kullanılmıştır.

Hagger vd. (2004) yaptıkları çalışmada kanatlı hayvanlarda seleksiyon ile ilgili major gen varlığını araştırmışlardır. Bir poligenik etki ve iki alleli lokusun 3 genotipi arasındaki farklılıkları varsayan karışık bir kalıtım modeli kullanılmıştır. Modelle ilgili elde edilen çıkarımlar, Gibbs örnekleme kullanılarak elde edilmiştir. Analizlere, 20 ve 40 haftalık (BW20, BW40) vücut ağırlığı ve 40. haftadaki (EW40) ortalama yumurta ağırlıkları dahil edilmiştir. Önemlilik; parametrelere ait en yüksek soncul bölgelerin (%95) karşılaştırılması ile belirlenmiştir. Majör lokustaki genotiplere bağlı olarak belirgin ($P < 0.05$) eklemeli ve baskınlık etkileri tüm fenotipler için

bulunduğu bildirilmiştir. Fenotiplerde artışa sebep olan allel frekansının, heterozigotlarda ve homozigotlarda farklı olduğu bildirilmiştir ($P > 0.05$).

Sasaki vd. (2004) yaptıkları çalışmada QTL'yi saptamak için White Leghorn ve Rhode Island Red ırklarından 265 tavuğun F2 popülasyonunu kullanmış ve 123 mikro uydu işaretçisini genotiplendirmiştir. 25 otozomal bağlantı grubunda 96 belirteç, Z kromozomu bağlantı grubunda 13 belirteç bulunur. Bu çalışmada, kromozomlarına önceden eşleştirilmemiş sekiz işaretleyici atanmıştır. 4. ve 27. kromozomlarda önemli ağırlıkta QTL'ler, 4. kromozomda yumurta ağırlığı, 4. kromozomda kısa yumurta uzunluğu ve 11. kromozomda kırmızımsı yumurta kabuğu rengi saptandı. Z kromozomu üzerindeki önemli bir QTL, ilk yumurtanın yaşı ile ilgilidir. Önemli QTL'nin F2 popülasyonundaki fenotipik varyasyonun %6-19'unu açıklayabildiği bildirilmiştir.

Schreiweis vd. (2006) araştırmalarının temel amacı, sürüde yumurta özellikleri, yumurta üretimi ve canlı ağırlık ile ilgili kantitatif özellik lokuslarını (QTL) belirlemektir. Yumurtalar (Beyaz Leghorns) ve piliçler (Cobb-Cobb) horozları çaprazlanarak 7 kuluçka üzerinde 508 tavuktan oluşan bir F2 popülasyonu elde edildi. 29 özellik için fenotipler (yumurtadan 6 haftaya kadar haftalık vücut ağırlığı, yumurta, yumurta sarısı, sarısı ve kabuk ağırlığı dahil yumurta özellikleri, kabuk kalınlığı, kabuk delinme skoru, kabuk yüzdesi ve 35 ve 55 haftalık yumurta kabuğu rengi, ve 16 ila 55 haftalık yumurta üretimi) elde edilen kaynak popülasyondaki tavuklarda ölçülmüştür. 28 grup üzerinde 120 mikrosatellit lokusun genotipleri belirlenip QTL tespiti için haritalama yapmışlardır. Kromozom 2 ve 4 üzerinde on bir QTL testi %5 genom bakımından anlamlılık eşliğini aştı. Kromozom 4 QTL bölgesi, kromozom 4'ü birden çok kaynak popülasyonunda çeşitli özelliklerle önemli ölçüde ilişkili kritik bir bölge olarak tanımlayan birden çok QTL çalışmasıyla tutarlı olduğu bildirilmiştir.

Göger vd. (2017), yaptıkları çalışmada seleksiyon çalışmaları ile cinsel olgunluk yaşı cinsel olgunluk ağırlığı ve yumurta ağırlığında azalma yumurta sayısında artma gözlemlenmiştir. Yumurta verim özellikleri kalıtım derecesi ile belirlenmiştir. Kalıtım dereceleri hatlara göre farklılık göstermiştir. Yumurta ağırlığı 0,18 ile 0,63 aralığında tahmin edilmiştir.

Navarro vd. (2006) kanatlılarda kanda bulunan oksijen miktarı ile ilgili major gen tespit etmeye çalışmıştır. Ticari tavuk ırklarının genetik yapısı 15 kuşak için araştırılmıştır. Segregasyon analizi ile major lokusun bulunduğu ve poligenik segregasyon modeli ile yapıldı. Analizler sonucunda genetik varyansın bir kısmını açıklayan major gen varlığı gözlemlenmiştir. Major genin, baskın bir etkisi bulunduğu gözlemlenmiştir ve yaklaşık %0.90 σ_p 'lik bir etkiye sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu da iki homozigot sınıf arasında tahmini yapılan farka eşdeğer olarak bulunmuştur (%10'dan fazla). Seleksiyonda fenotipi arttıran allel frekansı ilk veri setinden %0,35 olarak bildirilmiştir.

Goraga vd. (2011), yaptıkları çalışmada iki farklı genetik ve fenotipik özellikteki tavuk hattı karşılıklı melezlendiğinde yumurta verim özelliğini etkileyen kromozom bölgelerini tespit etmek için genom taraması yapılmıştır. Yetiştirme öncesi New Hampshire hattı yüksek büyüme için, düşük yumurta ağırlığı için de White

Leghorn hattı seçilmiştir. Sonuç olarak 19,2 ile 82,1 yumurta üretim özelliği için QTL açısından kromozom 4 önemli bölge seçilmiştir. Yumurta sayısı ve ağırlığı bakımından F2 popülasyonunun fenotipik varyansı %4,3 ve %16,1'dir. Yumurta ağırlığı için genom çapında anlamlı QTL'ler 1,5,9 numaralı kromozomlarda tespit etmişlerdir.

Oleforuh vd. (2011), Nijeryalı yerel tavuk popülasyonundaki yumurta verim özelliklerindeki genetik kazanım tahmini amaçlanmıştır. Üç kuşak, 360, 769, 1033 adet kayıt kullanılmıştır. Yapılan çalışmada cinsel olgunluk ağırlığı, yumurta ağırlığı ve yumurta sayısının kalıtım dereceleri 0.31, 0.21, ve 0.17 olarak tahmin edilmiştir. Sonuç olarak seleksiyon için kalıtım derecesi, genetik ve fenotip korelasyonları orta ile yüksek bulunmuş bu da yeni nesil seleksiyonları için yararlı olacağı tahmin edilmiştir.

Sun vd. (2015) Oosit sitoplazması görevi gördüğü ve büyük miktarda rezerv sağladığı için, yumurta sarısı embriyoların gelişmesi için biyolojik öneme sahiptir. Yumurtalık ve folikül hiyerarşisi, tavuklarda yumurta sarısı birikiminden sorumlu ana üreme organlarıdır. Bununla birlikte, yumurta sarısı ve yumurtalık folikülü ağırlıklarının altında yatan genetik yapı belirsizliğini koruyor. Bu çalışmada, yumurtanın başlangıcından 72 haftalık olana kadar 11 yaş noktasında yumurta sarısı ağırlığını ölçülmüş ve genom çapında kapsamlı bir ilişkinin parçası olarak 73. haftada folikül ağırlığını ve yumurtalık ağırlığı ölçülmüştür. Çalışmada Beyaz Leghorn ve Dongxiang tavukları arasındaki karşılıklı melezlemelerden elde edilen F2 kuşakta toplam 1.534 tavuk kullanılmıştır. Tüm yaşlar için, yumurta sarısı ağırlığı orta derecede tek nükleotid polimorfizmi tabanlı kalıtsallık tahminleri (0.25-0.38) sergilerken, folikül ağırlığı (0.16) ve yumurtalık ağırlığı (0.20) tahminleri nispeten düşüktü. Her özellik için bağımsız tek değişkenli genom çapında taramalar sırasıyla yumurta sarısı ağırlığı, folikül ağırlığı ve yumurtalık ağırlığı ile 12, 3 ve 31 yeni önemli ilişki belirledi. ZAR1, STARD13, ACER1b, ACSBG2 ve DHRS12 gibi aday genlerin listesi yumurta sarısı ve folikül gelişiminde makul bir işlevi olduğu tespit edilmiştir. Bu genler sırasıyla embriyogenez, lipid transportu, lipoprotein sentezi ve steroid hormon metabolizmasının başlatılması için önemlidir. Çalışma ilk kez folikül ve yumurtalık ağırlığı için genom çapında bir ilişki (GWAS) analizi sağlamaktadır. Gelecek vaat eden lokusların yanı sıra potansiyel aday genlerin belirlenmesi, dinamik yumurta sarısı ağırlığı ve yumurtalık folikülü gelişiminin altında yatan genetik temeli anlamamızı büyük ölçüde geliştirecek ve farklı yaş noktalarında yumurta sarısı ağırlığının değiştirilmesi için ıslah programlarında pratik bir öneme sahiptir.

Robert vd. (2015) yapılan çalışmada 600K SNP çipi kullanarak yumurtlama özelliklerini etkileyen QTL'yi belirlemek ve bu QTL etkilerinin yumurta toplama yaşı ve rasyonlar arasında farklılık gösterip göstermediğinin araştırmak için 16 yumurtlama özelliği için 131 QTL tespit edildi ve bu 131 QTL arasında 60'ı rasyona veya yumurta toplama yaşına bağlı olarak önemli ölçüde farklı bir etkiye sahip olduğu belirlenmiştir. Sonuçlar, çok sayıda QTL'nin yumurta üretimini ve yumurta kalitesi özelliklerini etkilediğini ve yumurtacı tavukların yumurta üretimi için çevrelerine uyum sağlama yeteneğini şekillendirmede rol alan genomik bölgelerin çevresel koşullara bağlı olarak değiştiğini göstermektedir.

Yi vd. (2015) yaptıkları GWAS çalışmasında Beyaz Leghorn ve Dongxiang tavukları arasındaki çaprazlamalarla elde edilen 1.534 F2 tavuğunun yumurta

ağırlıklarını yumurtlamanın başlangıcından 60 haftalık olana kadar dokuz zaman noktası boyunca ölçülmüştür. Sonuç olarak ilk yumurta ağırlığı (FEW) hariç tüm yaşlarda yumurta ağırlıkları arasındaki kalıtım dereceleri (0.47~ 0.60) arasında bulunup Tüm yumurta ağırlığı zamanları arasında güçlü ve çift yönlü korelasyonlar (0.77 ~ 1.00) bulunmuştur. Farklı yaşlardaki yumurta ağırlıkları ile önemli genetik nedenler belirlenmiş olup istenilen yumurta boyutlarının nasıl seçileceği hakkında geleceğe yönelik verim bilgisini aydınlatmaya yardımcı olacaktır. daha sonra bir GWAS'da 600 K yüksek yoğunluklu SNP çipi kullanarak boylamasına (YA) yumurta ağırlıkları ilişkili birkaç aday gen bildirdi. Gelecek vaat eden genlerden biri olan NCAPG geni GGA4'te bulunuyordu ve yumurta ağırlığını pleotropik şekilde etkileyebilir. Bununla birlikte, yumurta ağırlığındaki genetik gelişmeler, ölçüm zorlukları ve diğer karmaşık faktörler nedeniyle yavaş kalmakta olduğunu bildirmişlerdir.

Çizelge 2.1. İlk yumurta ağırlığı, 32. haftalık yumurta ağırlığı, 40. haftalık yumurta ağırlığı, 44. haftalık yumurta ağırlığı, 48. haftalık yumurta ağırlığı, 52. haftalık yumurta ağırlığı, 56. haftalık yumurta ağırlığı, 60. haftalık yumurta ağırlığı için tanıtıcı istatistikler

Özellik (g)a	N	Ortalama	Serbestlik Derecesi	Minimum	Maksimum
İlk yumurta ağırlığı	1.477	35.80	3.86	25.00	49.72
32. haftalık yumurta ağırlığı	1.473	45.81	3.49	24.99	57.23
36 .haftalık yumurta ağırlığı	1.464	47.44	3.83	37.07	62.20
40. haftalık yumurta ağırlığı	1.476	48.66	3.78	38.80	64.55
44 .haftalık yumurta ağırlığı	1.420	49.44	4.06	37.68	63.82
48. haftalık yumurta ağırlığı	1.226	51.40	4.14	39.11	65.76
52 .haftalık yumurta ağırlığı	1.225	51.79	4.44	36.94	69.85
56 .haftalık yumurta ağırlığı	1.348	53.05	4.43	39.70	67.74
60 .haftalık yumurta ağırlığı	1.336	53.13	4.53	38.27	71.71

(N= örneklem sayısı)

2.2. Diğer Türlerde Yapılan Major Gen Çalışmaları

Argente vd. (2002) tavşanlarda uterus kapasitesi ile ilgili major gen varlığını araştırmışlardır. Tavşan populasyonunda implante embriyo sayısı (IE), uterus kapasitesi (UC), embriyo sağ kalımı (ES), doğum öncesi sağ kalımı (PS), ovulasyon hızı (OR) ve fetal sağ kalım (FS) için major gen varlığı araştırılmıştır. 10. Kuşakta major genin varlığı UC incelemek için Fain testi, Bartlett testi, segregasyon analizi uygulanmıştır. Segregasyon analizi sonucunda yüksek frekansta $p = 0.70$ ve 0.68 IE ve ES üzerinde ($\alpha > 1\sigma p$) büyük etkisi olan ve toplam varyansa büyük etkisi olan major genin varlığı gözlemlenmiştir. UC, FS, PS ve OR 'nin her biri üzerinde etkiye sahip major bir genin varlığı gösterilmiştir. Major gen varlığı en yüksek soncul olasılık bölgesinin 0 içerip içermemesiyle tespit edilmiştir. Yapılan üç test sonucunda verilerin UC ve IE' yi etkileyen bir major gen varlığı ile ilişkili olduğu gözlenmiştir. Sonuç olarak verim özelliklerinin genetik varyasyonunun en az bir major gen tarafından tespit edildiği belirlenmiştir.

Balcıoğlu vd. (2005), yaptıkları çalışmada Japon bildircinlerinin canlı ağırlığı ve canlı ağırlık artışının kalıtım derecelerini ANOVA, ML, REML yöntemleri ile tahmin etmişlerdir. 90 erkek 293 dişi bildircin ve bunlardan elde edilen 1788 döl kullanılmıştır. Japon bildircinlerinde canlı ağırlıkları ve canlı ağırlık artışına ait kalıtım dereceleri orta ve yüksek derecede bulunmuş ve sonuç olarak üç yöntemde de sonuçlar birbirine yakın bulunmuştur.

Janutta vd. (2006) bir köpek ırkında dirsek displazisi için major gen tespiti çalışması yapmıştır. Hagger vd. (2004) kanatlılarda seleksiyon ile alakalı major gen varlığını araştırmışlardır. Bir poligenik etkinin ve iki alleli lokusun 3 genotipi arasındaki farklılıkları varsayan karışık bir kalıtım modeli kullanılmıştır. Modelle alakalı çıkarımlar, Gibbs örnekleme kullanılarak elde edilmiştir. Analizlere, 20 ve 40 haftalık (BW20, BW40) vücut ağırlığı ve 40. haftadaki (EW40) ortalama yumurta ağırlığı dahil edilmiştir. Önemlilik: parametrelere ait en yüksek soncul bölgelerin (%95) karşılaştırılması ile belirlenmiştir. Major lokustaki genotiplere bağlı olarak belirgin ($P < 0.05$) eklemeli ve baskınlık etkileri tüm fenotiplerde bulundu. Fenotiplerde artıma neden olan allel frekansı: homozigotlarda ve heterozigotlarda farklı bulunmuştur ($P > 0.05$).

2.3. Bayesci Segregasyon Analizi ile Yapılan Çalışmalar

Segregasyon analizi yöntemi Elston ve Stewart (1971) tarafından bulunmuş ve bu yöntem ile insanda tek lokus aktarımının Mendel beklenenleri ile uyumunu sınamak için kullanılmışlardır. Morton ve Mc Lean (1974) segregasyon analizine majör lokusa ek olarak poligenik unsurlar ve çevresel etkileri de dahil ederek yeni bir görüş ortaya koymuşlardır. Bu yaklaşımlar çeşitli araştırmacılar tarafından Le Roy, (1989), Le Roy vd. (1990); Knott vd. (1991) hayvan genetiği için de güncellenerek kullanılmıştır.

Segregasyon analiziyle majör genleri genetik etkiler ve çevresel etkilerle farklı genetik modeller altında olabilirlikleri karşılaştırılır. Gibbs örnekleme ile şartlı dağılımlardan örnekleme yapmak amacıyla özellikle bayesci modellerde kullanılan algoritma ile bayesci segregasyon analizi yapılabilmektedir. Bu bileşik dağılımlar sayesinde hem poligenik hem de majör gen örneklenebilir. Hayvan ıslahı

çalışmalarında gibbs örnekleme, Wong vd. (1993) tarafından ilk kez doğrusal modellerde varyans unsurlarının tahmininde kullanılmıştır. Sorensen vd., (1995) doğrusal olmayan modellerde, Karacaören (2006) ise devingen damızlık değer tahmini çalışmasında gibbs örneklemesini kullanmıştır.

Pan vd. (2001) Gibbs örnekleme yaklaşımı ile Bayeşçi segregasyon analizi ile majör gen belirleme amacıyla yaptıkları çalışmada 4000 adet sığır sürüsünden 25.553 Ontario Holstein inek simüle edilerek Bayeşçi segregasyon analizinin kantitatif bir özellik için majör genlerde polimorfizmin varlığına dair istatistik çıkarım yapmak için Gibbs örnekleme yapılarak kullanılmıştır. Sonuç olarak Ontario Holstein inek popülasyonunda somatik hücre sayısını etkileyen büyük bir gen tespit edilmiştir.

Szydlowski vd. (2001) yaptıkları çalışmada uzun süreli seleksiyon yapılmış iki yumurta tavuğunda verim özelliklerini etkileyen genlerin segregasyon analizini bayeşçi yöntemle uygulandı. Yapılan çalışmada, 6 nesil Leghorn (H77) ve New Hampshire (N88) ırklarının üreme çekirdeğinden elde edilen verileri kullanılıp, marjinal soncul ortalamalar ve parametre tahminleri gibbs örnekleme ile gerçekleştirildi. Analiz sonuçlarında bir major gen bulundu ve İlk yumurta üretimi (IEP) ve ortalama yumurta ağırlığı (EW), poligenik bir kalıtım modeli gösterdi. BW, ASM, IEP ve EW için poligenik kalıtım tahminleri H77 türünde sırasıyla 0.32, 0.25, 0.23 ve 0.08 ve N88 türünde ise 0.25, 0.24, 0.11 ve 0.38 olarak belirlenmiştir.

Sanchez vd. (2003) Çin ve Avrupa domuz hatlarında et kalitesi ve karkastan sorumlu major gen varlığı Bayeşçi segregasyon analizi ile tespit edilmiştir. Segregasyon analizleri, Çin Avrupalı domuz hattında, Bayeşçi- Gibbs örnekleme (Bayeşçi-GS) ve Quasi Newton algoritması (ML-QN) örneklemesini kullanarak en çok olabilirlik yöntemleri ile incelenmiştir. Yapılan çalışmanın sonucuna dayanarak (Çizelge 2.2), en çok olabilirlik yöntemi ile major genlerin tespiti için güvenilir bir yöntem olduğu sonucu bulunmuştur.

Çizelge 2.2. Bayeşçi segregasyon analiz sonuçları: Marjinal soncul ortalamalar (mpm), marjinal soncul standart sapmalar (mpsd) ve en yüksek soncul yoğunluk bölgesi, % 95

Özellik ⁽¹⁾	Eklemeli gen etki (<i>a</i>)			Dominant etki (<i>d</i>)		
	mpm	Mpsd	EYSY95%	mpm	mpsd	EYSY95%
ABT(mm)	1.3	0.21	1.0/1.5	-1.7	0.25	-2.1/-1.2
X2 (mm)	5.4	0.33	4.8/6.1	-5.1	0.34	-5.7/-4.4
X4 (mm)	1.1	0.67	0.003/2.3	0.63	2.5	-3.5/4.4
X5 (mm)	2.3	1.3	0.006/4.6	0.44	4.3	-6.7/7.1
NTY	5.3	0.94	3.5/7.3	-4.3	1.0	-6.3/-2.5
GTN	1.3	0.078	1.1/1.5	2.0	0.19	1.6/2.3
FTN	1.2	0.016	1.1/1.2	-1.3	0.021	-1.3/-1.2

Çizelge 2.2. 'nin devamı

Özellik ⁽¹⁾	P_A (Major gen frekans)			R_u (Poligenik varyans)			R_m (Major gen varyans)		
	Mpm	mpsd	EYSY95%	mpm	Mpsd	EYSY95%	mpm	mpsd	EYSY 95%
ABT(mm)	0.41	0.072	0.27/0.56	0.43	0.085	0.32/0.49	0.24	0.14	0.13/0.41
X2 (mm)	0.68	0.083	0.52/0.84	0.12	0.057	0.05/0.16	0.73	0.061	0.71/0.81
X4 (mm)	0.52	0.14	0.22/0.76	0.37	0.18	0.16/0.54	0.25	0.14	0.001/0.37
X5 (mm)	0.52	0.14	0.26/0.79	0.29	0.17	0.06/0.41	0.26	0.15	0.005/0.36
NTY	0.82	0.064	0.63/0.93	0.11	0.059	0.01/0.13	0.38	0.17	0.32/0.63
GTN	0.38	0.076	0.23/0.54	0.20	0.060	0.12/0.23	0.44	0.12	0.39/0.63
FTN	0.54	0.062	0.41/0.67	0.15	0.028	0.11/0.17	0.70	0.056	0.67/0.78

⁽¹⁾ ABT = sırtın yağ kalınlığı ortalaması; X2 ve X4 = karkasın yağ derinliği; X5 = karkasın yağsız derinliği; NTY = Napoli'nin teknolojik verimi; GTN = iyi emzik numarası; FTN = sahte emzik numarası, EYSY = en yüksek soncul yoğunluk bölgesi

İlahi vd. (2004) sağım hızı yönünden majör gen tespitini süt sığırlarında çalışmışlardır. Gibbs örnekleme kullanılarak yapılan bayesci segregasyon analizinde İsviçre esmeri, Simmental, Holstein sığır ırkları için sağım hızının genetik parametreleri tahmin edilmiştir. Sonuç olarak ilk laktasyondaki genetik parametrelerde poligenik varyansın ve sağım hızının kalıtsallığı ve karışık kalıtım ile poligenik modellerde çok benzer olduğu belirlenmiştir. Segregasyon analizi ile sağım hızının poligenik etkiye çok düşük majör gen varyasyonları gözlemlenmiştir. Çizelge 2.3'te en yüksek soncul olasılıkları 0 içerip içermeme durumuna göre majör gen belirlenmiştir.

Çizelge 2.3. 40 000 Gibbs örneğinde karışık kalıtım modeli (ilk laktasyon) süt akışı parametrelerinin tahmini marjinal soncul standart sapmalar (mpsd), marjinal soncul ortalamaları (mpm), ve %95'inde en yüksek soncul yoğunluk bölgesi (EYSY 95%)

(1)	İsviçre Esmeri			Simmental			Holstein		
	mpm	mpsd	EYSY%95	Mpm	Mpsd	EYSY 95%	mpm	mpsd	EYSY 95%
σ_e^2	0.137	0.001	0.134/0.139	0.154	0.000	0.152/0.155	0.334	0.006	0.321/0.347
σ_u^2	0.117	0.002	0.113/0.121	0.134	0.001	0.131/0.137	0.110	0.008	0.093/0.127
a	0.016	0.012	-0.005/0.038	0.010	0.008	-0.007/0.028	0.023	0.018	-0.001/0.06

Çizelge 2.3. ‘ün devamı

d	0.021	0.011	-0.001/0.045	0.001	0.005	-0.012/0.009	-0.03	0.031	-0.092/0.03
h²	0.46	0.006	0.448/0.475	0.47	0.003	0.458/0.472	0.25	0.017	0.213/0.283

⁽¹⁾ σ_e^2 = Hata varyansı; σ_u^2 = Poligenik varyans; a = Eklemeli gen etki; d = Dominant etki; h^2 = Kalıtım derecesi.

Kadarmideen vd. (2005) yaptıkları çalışmada domuzlarda osteokondral lezyonların kalıtımını araştırmak amacıyla Bayeşçi segregasyon analizini kullanmışlardır. Çalışmada 1163 adet hayvan ve bunların 2891 adet soy kütüğü bilgisi kullanılmıştır. Verilerin analizi için karışık kalıtım eşiği modelleri ve Monte Carlo Markov Zinciri yöntemleri kullanılmıştır. Sonuç olarak poligenik varyansa göre anlamlı ve yüksek varyanslı (1.384 – 37.81) majör gen tespit edilmiştir.

Karacaören vd. (2006) Bayeşçi segregasyon analizi için, 320 süt sığırından 2543 gözlem alınmıştır. Çeşitli laktasyon dönemlerinde ırklar arasında süt verimi, sağım hızı, yem tüketimi ve vücut ağırlığı için majör genlerin tespitinde süt verimi, yem tüketimi ve vücut ağırlığı için %95 güvenilirlikli istatistiksel anlamlılık testi ile kanıtı sağlandı. Mendel aktarım olasılıkları tek majör genlerin poligenik etkilerini ortaya çıkarmak için karışık kalıtım modeli kullanılarak sonucu doğrulamak için tekrarlanan testte veri seti küçük olduğu için sadece süt veriminde majör gen tespit edilmiştir.

Çizelge 2.4. Süt verimi (SV) ve sağım hızı (SH) için% 95 en yüksek soncul yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırlarının karma kalıtım modellerinden ve soncul standart sapması (SD)

Parametre	Süt verimi				Sağım hızı			
	Soncul Ortalama	Soncul Standart Sapma	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ	Soncul Ortalama	Soncul Standart Sapma	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı	18,04	0,56	16,93	19,11	0,37	0,20	0,21	0,24
Poligenik varyansı	0,26	0,26	0,00	0,78	0,05	0,03	0,0/0.1	0,00/0.12
Majör gen varyansı	2,61	2,46	0,68	4,94	0,83	1,26	0,00	3,20
Poligenik kalıtım derecesi	0,02	0,01	0,00	0,04	0,14	0,07	0,00	0,28
Majör kalıtım derecesi	0,17	0,18	0,00/0.65	0,27/0.81	0,38	0,20	0,04	0,77

Çizelge 2.4. 'ün devamı

Ekleme gen etkisi	4,53	1,11	2,49	6,67	8,70	5,29	0,0/4.9	1,5/5.4/17.1
Major gen frekansı	0,88	0,09	0,69	0,99	0,16	0,31	0,0/0.6	0,1/0.6/0.9
Dominant etkisi	-22,33	29,94	0,00/2.36	2,15/6.42	4,15	18,81	0,00	5,90

Çizelge 2.5. Canlı ağırlık (CA) ve kuru madde tüketimi (KMT) için Karışık kalıtım modellerinden parametrelerin soncul ve standart sapması (SD) ve %95 en yüksek soncul yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırları

Parametre	Kuru madde tüketimi				Vücut ağırlığı			
	Soncul Ortalama	Soncul Standart Sapma	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ	Soncul Ortalama	Soncul Standart Sapma	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı	17.83	0,51	16,81	18.81	1307.18	45.62	1389.84	1397.44
Poligenik varyansı	1.32	0,94	0,00	2.99	648.25	449.38	0,00	1456.94
Major gen varyansı	4.37	2,34	0.00/0.84	0.53/7.61	2056.43	665.67	782.13	3392.24
Poligenik kalıtım derecesi	0.06	0,04	0,00	0,14	0,24	0,14	0,00	0,48
Major kalıtım derecesi	0.45	0,16	0,14	0,71	0,66	0,09	0,46	0,83
Ekleme gen etkisi	8.05	3.92	0.00/11.14	0.53/16.90	95.38	17.31	67.31	129.02
Major gen frekansı	0.33	0,41	0.00/0.92	0.18/1.00	0.86	0.07	0.76	0.95
Dominant etkisi	4.24	0.51	0.07	0.58	-59.75	177.33	0,00	112.26

Analiz sonucunda en yüksek soncul bölgeleri %95 aralığında kullanılarak süt verimi için major gen olduğu tespit edilmiştir.

Wolc vd. (2012) GWAS çalışmasında kahverengi yumurtacı hatlarının yumurta ağırlık ortalamaları ve standart sapmaları ile ilişkili genomik tahmin modeli yapılırken Bayes B modeli kullanılmıştır. Monte Carlo Markov Zinciri örneklerinden elde edilen varyansların soncul dağılımını kullanan yeni bir yaklaşım genetik mimariyi tanımlamada ve en büyük etkiye sahip bölgeler için istatistik çıkarımlar yapmak için kullanıldı. Sonuç olarak kromozom 13 üzerindeki bir bölge 26-28 haftalık yumurta ağırlığının ortalaması ve standart sapması ile ilgili bir ilişki tespit edildiğini bildirdiler.

Çizelge 2.6. Çok değişkenli bir modelden farklı yaşlarda yumurta ağırlığının ortalama (m) ve standart sapması (SD) arasındaki kalıtım dereceleri (köşegen üzerinde kalın), genotipik (köşegenin üstünde) ve fenotipik (köşegen altı) korelasyonlarının tahminleri soy kütüğü ilişkilerini kullanarak ve Bayesçi tüm genom boyu analiz ile kalıtım derecesi tahmini

	YA1m	YA1SD	YA2m	YA2SD	YA3m	YA3SD
YA1m	0.662	0.54	0.88	0.65	0.83	0.72
YA1SD	0.13	0.077	0.60	0.68	0.53	0.61
YA2m	0.69	0.13	0.749	0.62	0.96	0.75
YA2SD	0.16	0.05	0.18	0.096	0.60	0.96
YA3m	0.63	0.08	0.78	0.19	0.727	0.74
YA3SD	0.14	0.04	0.18	0.10	0.19	0.069
Kalıtım derecesi	0.383	0.035	0.467	0.051	0.447	0.048

(YA1m = 1 haftalık yumurta ağırlığı ortalama, YA1SD= 1 haftalık yumurta ağırlığı serbestlik derecesi, YA2m= 2 haftalık yumurta ağırlığı ortalama, YA2SD= 2 haftalık yumurta ağırlığı serbestlik derecesi, YA3m= 3 haftalık yumurta ağırlığı ortalama, YA3SD= 3 haftalık yumurta ağırlığı standart sapması)

Sewalem vd. (2016) yaptıkları çalışmada Bayesçi yöntem ile yumurta verimi ve kuluçkadan çıkış özelliklerinin ata üzerinde etkisi araştırılmış ve sonuç olarak yumurta ağırlığının kalıtım derecesi yüksek bulunmuş fakat yumurta ağırlığının doğrudan etkisi ile verim ve kuluçkadan çıkış için anadan gelen etkiler arasındaki genetik korelasyonlar düşük bulunmuştur.

Liu vd. (2018) Yaptıkları GWAS çalışmada tavuklarda yaşa bağlı yumurta ağırlığının genom çapında analizi yapılmıştır majör gen tespiti yedi adet zaman noktasında aranmış ve yumurta ağırlığının yüksek oranda kalıtsal olduğu tespit edilmiştir. İki adet majör genin (DLEU7, MIR15A) etkili olduğu gözlemlenmiştir ve kalıtım dereceleri çizelge(2.7)'de gösterilmiştir. Araştırma bulguları sonucunda işaretleyici destekli üreme seçimi bağlamında ideal yumurta büyüklüğünün gelecekteki üretimler için değerli üreme teorisi sağlayabileceği tespit edilmiştir.

Çizelge 2.7. İlk yumurta ağırlığı, 28.,36., 56., 66., 72. Ve 80. Haftalık yumurta ağırlığı verilerinin tanıtıcı istatistikleri

Özellik	N	Ortalama	Serbestlik Derecesi	Minumum	Maksimum	Kalıtım Derecesi
İlk yumurta ağırlığı	1.052	42.44	5.06	17.00	75.00	0.31
YA28	1.063	57.19	3.47	46.80	68.80	0.50
YA36	1.063	59.35	3.28	54.00	69.70	0.53
YA56	1.027	60.98	4.54	35.50	77.00	0.35
YA66	960	60.83	4.50	42.00	78.00	0.51
YA72	847	60.97	5.33	42.00	86.00	0.34
YA80	852	62.33	5.07	39.00	84.00	0.29

(ilk yumurta ağırlığı; YA28, YA36, YA56, YA66, YA72, YA80, 26, 36, 56, 66, 72, 80 haftalık yaştaki yumurta ağırlıkları.)

Munari vd. (2018) 1894 adet Beyaz Leghorn yumurtacı tavuklarda üreme ve performans özellikleri bakımından genetik parametreler Bayesçi segregasyon yöntemi ile doğurganlık, kuluçka kabiliyeti, yumurtadan çıkış haftası 60 haftalıkken ölçümleri, 16- 60 haftalıkken vücut ölçümleri, cinsel olgunluk yaşı ve 28,36,40 haftalık yaşlarda yumurta boyu/genişliği oranı ve ağırlığı tahmin edilmiştir. Genetik parametreler, çok özellikli hayvan modelinin Bayesçi çıkarım yöntemi ile tahmin edildi. Model, toplamsal ve artık genetik rastgele etkileri ve üretimin sabit etkilerini içeriyordu. Üreme özellikleri için kalıtım derecelerinin tahminlerinin soncul ortalama dağılımları $0,14 \pm 0,003$ (kuluçka kabiliyeti) ile $0,22 \pm 0,005$ (doğurganlık) ve performans $0,07 \pm 0,001$ (RHW28) ile $0,42 \pm 0,001$ (WEGG40) arasında değişmiştir.soncul üreme özellikleri arasındaki genetik korelasyonun ortalama dağılımları $0,18 \pm 0,026$ (DOĞURGANLIK ve DOĞUM) ile $0,79 \pm 0,007$ (FERT ve DOĞUM) ve performansla ilgili olanlar $-0,49 \pm 0,001$ (WEGG36 ve DENS36) ile $0,75 \pm 0,003$ (DENS28 ve DENS36). Üreme ve performans özellikleri, Dahası, WEGG40'ın kullanılması bu popülasyonda yumurta kalitesini artırabildiği belirtilmiştir.

Segregasyon analizi major genlerin yalnızca pedigrisi ve fenotipler ile tanımlanabilmesini ucuz ve aktif bir biçimde sağlamaktadır. Günümüzde yapılan moleküler çalışmalarda: pek çok kantitatif fenotipin poligenik ve major genlerce yönlendirildiği ortaya konmuştur. Segregasyon analizi monogenik ve poligenik unsurları istatistiksel modeller ile tahmin eden ve major gen tespiti yapan bir yöntemdir. Özellikle zootekni kapsamında kullanılan geniş ve derin pedigriler mümkün bütün genotip bileşkelerini ayrı ayrı yazmaya izin vermemektedir. Bu bağlamda gibbs örnekleme kullanılması yaklaşık olarak segregasyon analizi yapılmasına olanak tanıyacaktır.

Bu tez çalışmasının ana amacı: yumurta ağırlığının, Liu vd. (2018) major bir gen tarafından yönlendirilip yönlendirilmediğinin bir tavuk populasyonuna ait veri seti kullanılarak bayesçi segregasyon analizi ile incelenmesidir.

Her ne kadar gelişmiş ülkelerde DNA temelli genetik çalışmalar kullanılmaya başlamış olsa da ülkemizde henüz bu tarz çalışmalar yapılamamaktadır. Hem bitkisel hem de hayvansal üretimde Türkiye yerel çok önemli kaynaklara sahiptir. Bu kaynaklar üzerinde yapılacak ıslah çalışmalarında ucuz ve güvenilir bir yöntem olan segregasyon analizi ile major genlerin varlığı incelenebilir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu tez çalışmasında Liu vd. (2018) tarafından yayımlanan bir veri seti kullanılmıştır. Beijing Huadu Yukou Poultry Breeding Co. tarafından üretilen Rhode Island Red saf hattı kullanılarak deneme materyali oluşturulmuştur. Yumurta üretimi ve kalitesi için seçim yapılmış olan, 92 baba ve 801 tavuk 11. kuşaktan seçilmiş ve bunlardan elde edilen 1063 adet tavuğa ait zamana dayalı yumurta ağırlıkları ölçülmüştür. Bütün tavuklar benzer şartlarda, bireysel bölmelerde, serbest yemleme ve sulama ile yetiştirilmiştir.

3.2. Metot

Bu yapılan çalışmada, geleneksel küçük etkili ve sonsuz sayıda gen varlığını kabul eden modelden farklı olup popülasyonda bir major genin genetik varyansını etkili olduğu kabul edilmiştir. Major genin varlığının araştırılması kullanım açısından önemlidir. Karışık kalıtım modelinde, genetik varyansın bir major gen ile poligenik unsurlarca açıklanabilirliği kabul edilmektedir. Elston ve Stewart (1971), Laye ve Elston (1975), bu konu ile ilgili en etkili yayınlar, Gianola ve Sorensen (2002) içindedir. Guo vd. (1992) belirttiği gibi segregasyon analizinin ön kabuller için aşırı duyarlı olmaları, yanlış sonuçlara ulaşılmasına sebep olabilmektedir. Janss vd. (1995) açıkladığı segregasyon analiz modeli, pedigrî bilgileri ile major genlerin Bayesçi segregasyon analizi ile incelenmesine imkan sağlamaktadır.

Bayesçi veri analizi, gözlemlerden elde edilen bilgilerle yola çıkarak olasılıkçı modellerden yararlanılarak belirli parametreleri hakkında yorumlama yapmaya imkan sağlar. Önemli bir özelliği ise belirsizli tanımlamada olasılık dağılımlarını kullanmasıdır. Gelman vd. (2004) Bayesçi verilerin analizini üç adımda açıklamışlardır:

1. Olasılıkçı modelin belirlenmesi; Problemi tanımlayan bileşik olasılık fonksiyonunun bütün gözlenenler ve gözlenemeyenler için tespit edilmesi.
2. Gözlenen veriye şartlı soncul dağılımın hesaplanması ve yorumlanması.
3. Modelin uyumunun yakınsama süreçlerinin incelenmesi.

Sorensen ve Gianola (2002) Bayesçi veri analizinin yararlarını belirtmiştir. Bayesçi düşüncenin ortak sağduyuya hitap ettiğini, örneğin Bayesçi güven aralıklarının doğruca parametrenin bu aralıkta bulunup bulunmadığını belirtirken, frekansistik yorumlanması tekrarlı örneklemelerin limiti ile yorumlama yapıldığını belirlemişlerdir.

Benzer olarak Gelman vd. (2004), hipotez testleri yerine güven aralıklarının daha sıkça kullanılmaya başladığını, Bayesçi güven aralıklarının daha açık yorumlamalarına yol açtığını anlatmıştır. Yine Sorensen ve Gianola (2002) Bayesçi yorumlamanın özellikle küçük örneklemler, deneme materyallerine ait gözlemlerin analizinde daha verimli olacağını açıklamıştır.

Bayes Teoremi: B_1, B_2, \dots, B_k olayları S örneklem uzayının bir ayrışımını oluşturuyorsa ve $i = 1, 2, \dots, k$ için $P(B_i) \neq 0$ ise, S içindeki herhangi bir A olayı için şu yazılabilir:

$$P(A) = \sum_{i=1}^k P(B_i) \cdot P(A|B_i)$$

B_1, B_2, \dots, B_k kesikli olayları S örneklem uzayının oluşturuyor ise, $i = 1, \dots, k$ için $P(B_i) \neq 0$ iken, $P(A) \neq 0$ için herhangi bir A olayı;

$$P(B_r|A) = \frac{P(B_r)P(A|B_r)}{\sum_{i=1}^k P(B_i)P(A|B_i)}$$

Olarak yazılabilir (Freund 2002).

Veya genel olarak, θ için y gözlemlerini kullanarak olasılıkçı yorumlama yapmak istiyorsak, $P(\theta)$ öncülü ile $P(y|\theta)$ örnekleme dağılışı çarpılarak;

$$P(\theta, y) = P(\theta)P(y|\theta)$$

yazılabilir. Bu da;

$$p(\theta|y) = \frac{P(\theta, y)}{P(y)} = \frac{P(\theta)P(y|\theta)}{P(y)}$$

'dir. $P(y)$ θ 'nın mümkün değerleri üzerinden toplamını gösterecektir. θ 'nın vektör olması durumunda değerlerin tahmini için bir MCMC yöntemi olan Gibbs örnekleme kullanılabilir. Gibbs örnekleme; şartlı soncul dağılışlarından tekerrürlü bir şekilde örnekleme üreterek, bileşik dağılıştan sonuçlar elde edilmesine imkan sağlar. Sorensen ve Gianola (2002) Bayesçi ve MCMC yöntemlerini ve uygulamalarını derlemiştir.

Segregasyon analizi ile eklemeli genetik varyans, hata varyansı, majör gen varyansı, eklemeli ve baskın gen etkileri tahmin edilecektir. Majör gen varlığı en yüksek soncul olasılık bölgeleri incelenerek belirlenecektir.

$$y = X\beta + Zu + ZWm + e$$

Bu modelde Y canlı ağırlığı,

X ve Z desen matrislerini,

W ise her bireye ait genotipleri (AA, AB, BB) içermektedir.

u rassal poligenik etkileri,

m genotip ortalamalarını (-a,d,a),

e ise rasgele hatayı gösterir. Poligenik ve hata etkilerinin 0 ortalamalı ve sırası ile $A\sigma_M^2$, $I\sigma_e^2$ varyanslı normal dağılıştan üredikleri düşünülecektir: σ_u^2 poligenik ve σ_e^2 hata varyansını gösterecektir. Varyans unsurlarının tahmini gibbs örnekleme ile yapılacaktır Janss, (1995); Karacaören vd. (2006).

Kolmogorov-Smirnov testi ile gözlemlerin normallik testi yapılmıştır ve farklı dönüştürümlerin sonuca etkisi incelenmiştir;

$$y|\beta, a, W, m, \sigma_e^2 \sim N(X\beta + Za + ZWm, I\sigma_e^2)$$

bu ifadede σ_e^2 hata varyansıdır. Eklemeli genetik etkilerin öncül dağılışı ise;

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

Olarak belirlenmiştir.

A pedigriden elde edilen ilişki matrisi ve σ_a^2 bilinmeyen genetik varyansdır. β için sabit öncül kullanılırken, varyans unsurları σ_a^2 ve σ_e^2 için ters ki kare dağılışları kullanıldı. m vektörü için uniform dağılış öncül olarak kullanıldı Gianola ve Soransen (2002).

Gibbs örneklemesini kullanılarak soncul dağılışları iBAY bilgisayar programı (Janss 2008) ile elde edilmiştir. İlgili fenotipte major gen olup olmadığı en yüksek soncul bölgelerin 0 içerip ile belirlenmiştir. Gibbs örnekleme bileşik soncul dağılışlarda ilgi duyulan parametrelerin soncul dağılışlarını üretmektedir. Bu örneklemler kullanılarak, soncul dağılıştan belirli tanıtıcı istatistikler belirlenebilir. Bu durumda tek bir uzun markov zinciri monte carlo (MCMC) yoksa pek çok kısa MCMC'yu üretilmelidir (Gianola ve Soransen 2002). Bu çalışmada test amacı ile

uzun zincirler (100.000 veya 200.000), kısa zincirler (10.000-50.000) ile karşılaştırılmıştır. Sonuçlar arasında fark bulunmaz ise 5 veya 10 kısa zincire ait ortalama değerler kullanılmıştır. İlk 5000 örneklem hedef dağılıştan uzakta olabileceği için (burn-in) uzaklaştırılmıştır. Örneklem arası yüksek korelasyon sebebi ile her 100.örnek kayıt edilmiştir.

Yakınsama tayini ile Gibbs örneklemeleri arası otokorelasyonların ve bunlara ait zaman serisi test istatistiklerinin ve zincirler içi ve arası varyasyon karşılaştırılarak Gelman vd., (2004) incelenmesi ile belirlenmiştir Gianola ve Soransen (2002). Gelman vd. (2004) yakınsamayı şu şekilde belirlemeyi önermişlerdir. Her bir parametre tahmine ait markov zincirlerinden; zincirler arası, B , ve zincir içi varyanslar, W , her bir örneklem $\psi_{ij}(i = 1, \dots, n; j=1, \dots, m)$ için hesaplanır:

$$B = \frac{n}{m-1} \sum_{j=1}^m (\bar{\psi}_{.j} - \bar{\psi}_{..})^2, \quad \text{yada } \bar{\psi}_{.j} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \psi_{ij}, \quad \bar{\psi}_{..} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \bar{\psi}_{.j}$$

$$W = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m s_j^2, \quad \text{yada } s_j^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (\psi_{ij} - \bar{\psi}_{.j})^2.$$

W ve B kullanılarak bir zincire ait marjinal soncul varyansı :

$$\widehat{var}^+(\psi \setminus y) = \frac{n-1}{n} W + \frac{1}{n} B.$$

$$\hat{R} = \sqrt{\frac{\widehat{var}^+(\psi \setminus y)}{W}},$$

hesaplanmaktadır. Eğer $\hat{R} \rightarrow \infty$ için 1'e yaklaşıyor ise yakınsama gerçekleşmiş demektir.

Üssel büyüme eğrisi modeli ise

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

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

Temel bileşenler (PCA) analizini kullanarak p sayıdaki orijinal değişken k sayıdaki yeni değişkene dönüştürülme amacı ile kullanılmaktadır.

Temel bileşenler, p tane rastgele X_1, X_2, \dots, X_p orijinal değişkenlerinin doğrusal bileşenidir. Temel bileşenlerin toplamı orijinal değişkenlerin (özelliklerin) sayısına eşittir. Fakat analiz sonuçları yorumlanırken genelde ilk iki veya ilk üç temel bileşen dikkate alınır. Orijinal değişkenlerdeki varyasyonun büyük bir bölümünü açıklamak için ilk iki temel bileşen yeterli olmaktadır ve şekilde veri daha kolay yorumlanmaktadır. Her örnekte p sayıda değişkenleri varsa Y_i temel bileşeni bileşenleri,

$$a_{i1}X_1 + a_{i2}X_2 + a_{i3}X_3 + \dots + a_{ip}X_p$$

şeklinde ifade edilir. Burada a_{ij} j . değişkenin i . Temel bileşene ait ağırlığını göstermektedir. Temel bileşen ağırlıkları aşağıdaki koşulları sağlayacak şekilde hesaplanmaktadır. Böylece $i = 1, \dots, p$ ve $j = 1, \dots, p$ olduğundan $i = j$ ise $a_i a_j = 1$ ve $i \neq j$ $a_i a_j = 0$ 'dır. X veri matrisinden hesaplanan kovaryans matrisi S ise Y_i 'nin varyansı,

$$Var (Y_i) = Var (a_i' X) = a_i' S a_i$$

şeklinde hesaplanmaktadır.

4. BULGULAR

4.1. Tanıtıcı İstatistikler

Bu çalışmada önceden toplanmış bir veri seti kullanılmıştır 1063 adet yumurtacı tavuk hattından toplamda İlk yumurta ağırlığı, 28. Hafta yumurta ağırlığı ,36. Hafta yumurta ağırlığı, 56. Hafta yumurta ağırlığı, 66. Hafta yumurta ağırlığı, 72. Hafta yumurta ağırlığı ve 80. Hafta yumurta ağırlığı olarak toplamda 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlığı etkinliği ile ilgili tanıtıcı istatistikler Çizelge 4.1'da ortalama değerleri de Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.1. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlığı ile ilgili tanıtıcı istatistikler

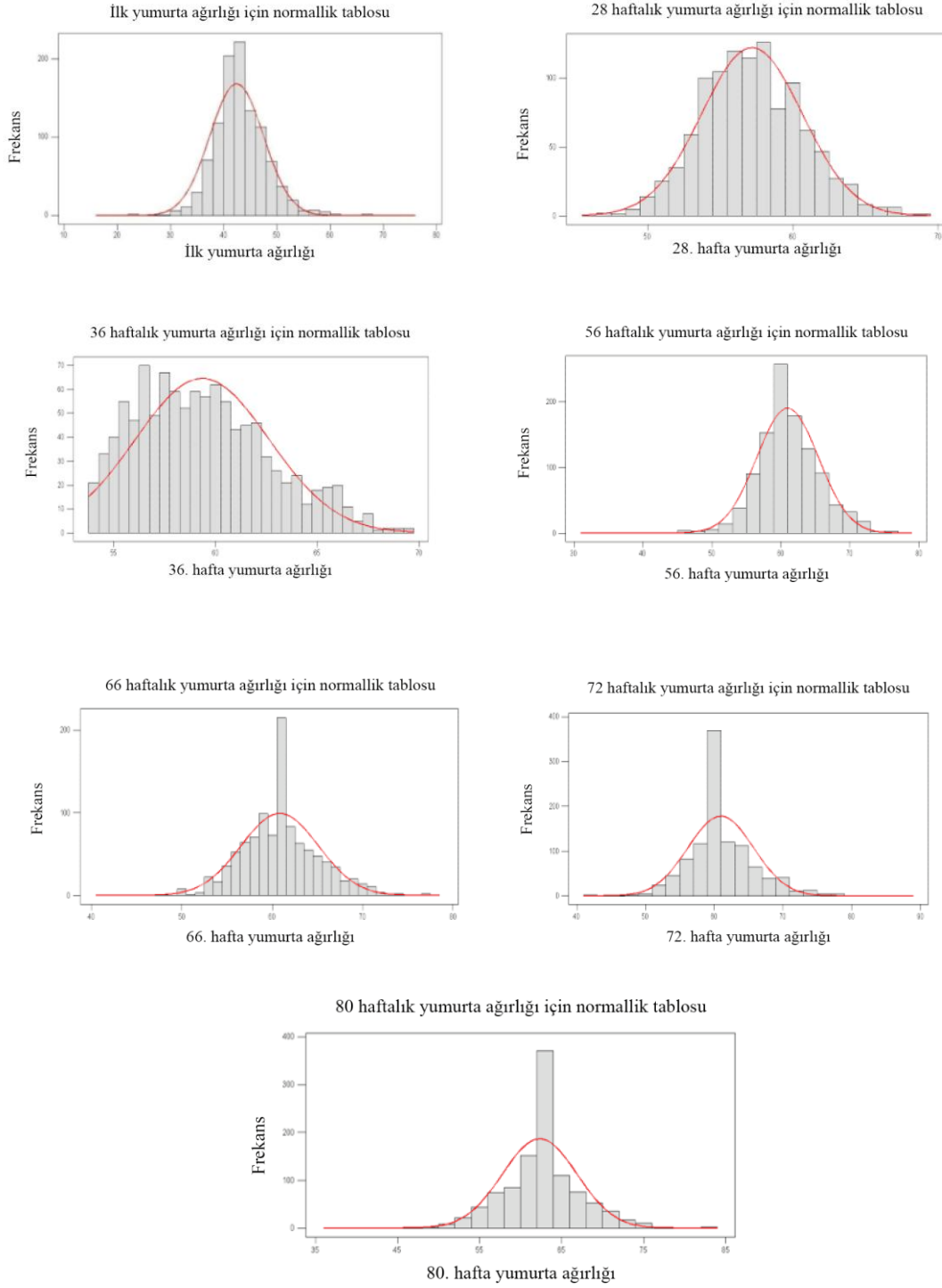
	İlk yumurta ağırlığı	28. Hafta	36. Hafta	56.Hafta	66. Hafta	72.Hafta	80.Hafta
N	1063	1063	1063	1063	1063	1063	1063
Ortalama	42.437	57.19	59.346	60.979	60.829	60.97	62.332
Medyan	42	57	59	60.98	60.83	60.97	62.33
Standart sapma	5.033	3.469	3.285	4.462	4.272	4.759	4.538
Ortalama standart hatası	0.154	0.106	0.101	0.137	0.131	0.146	0,139
Minimum	17	46.8	54.0	35.5	42	42	39
Maksimum	75	68	67.7	77	78	86	84

Çizelge 4.2. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlığı için ortalama tanıtıcı istatistikler

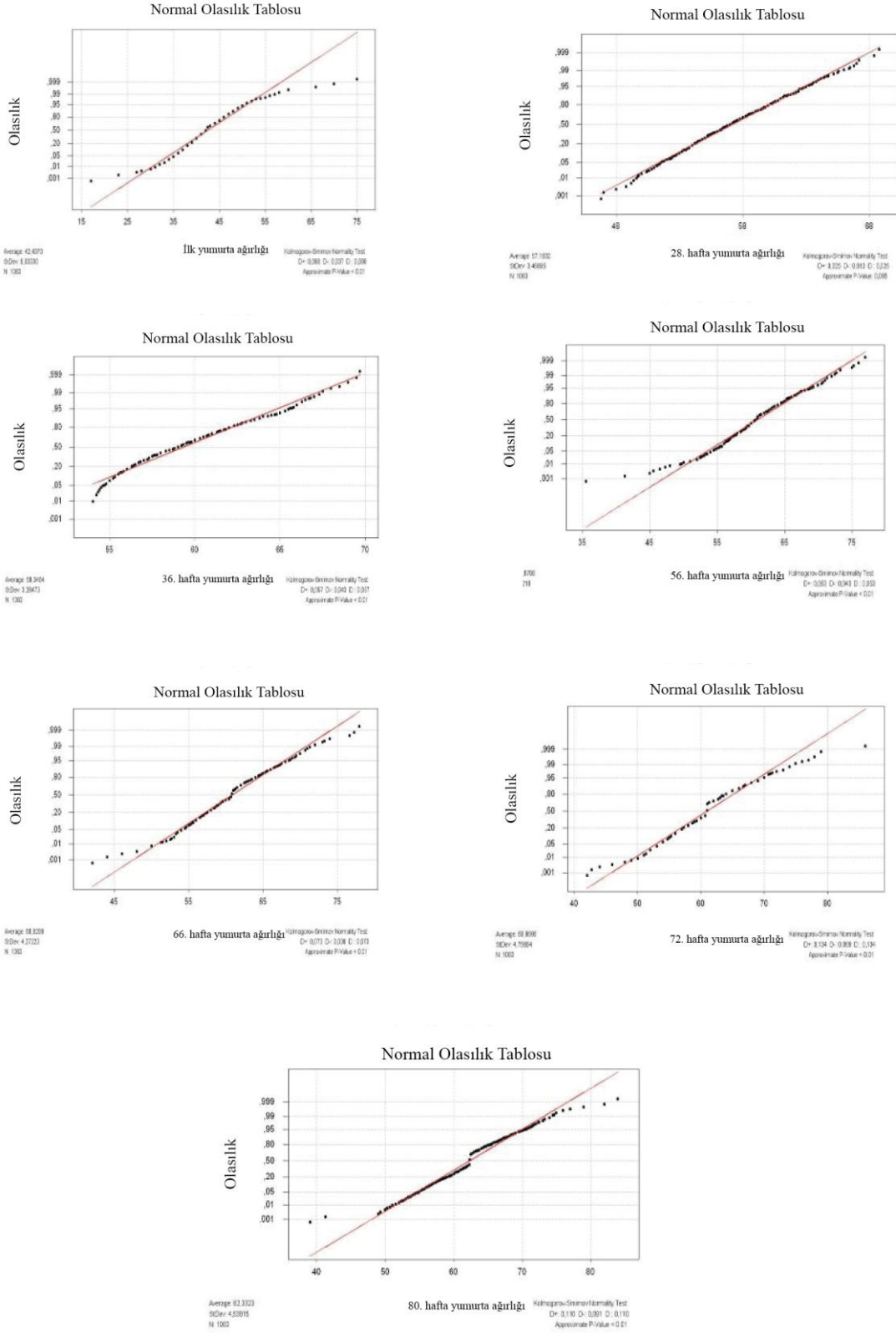
	N	Ortalama	Medyan	Standart sapma	Ortalama standart hatası	Minimum	Maksimum
Ortalama yumurta ağırlıkları	1063	57.72	57.58	4.25	0.130	32.471	76.52

4.1.2. Normallik Tablolarının İncelenmesi

Bu çalışmada 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlığı verileri için (İlk yumurta ağırlığı, 28., 36., 56., 66., 72., 80. haftalardaki yumurta ağırlığı) normallik testi için normallik histogramları ve Kolmogorov-Smirnov test istatistikleri verilmiştir. Bunlarla ilgili şekiller, şekil 4.1, 4.2'de verilmiştir.



Şekil 4.1. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlıkları için normallik testi



Şekil 4.2. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlıkları için normallik testi yumurta ağırlıkları için Kolmogorov Smirnov normallik testi

4.2. 7 Zaman Dilimine Ait Yumurta Ağırlıkları İçin Major Gen Analizleri

4.2.1 İlk Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model

Çizelge 4.3. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	17.54	1.96	17.52	12.79	23.77
Poligenik varyansı (σ_u^2)	8.12	2.24	9.31	3.77	16.95
Kalıtım derecesi h^2	0.31	0.54			

4.2.2. İlk Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.4. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	13.24	02.03	12.78	8.18	20.08
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.53	1.77	7.45	2.99	13.47
Major gen varyansı (σ_G^2)	53.34	35.49	39.38	30.75	391.57
Eklemeli gen etkisi (a)	11.79	4.25	13.89	8.14	30.17
Dominant gen etkisi	-7.30	3.23	-6.03	-12.21	10.76
Major gen frekansı	0.86	0.11	0.99	0.23	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.81	0.94			

Dominant etkinin (-7.30) eklemeli gen etkisinden (11.79) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 53.34$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 6.53$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Ayrıca, Janss vd. (1998) ve Miyake ve ark (1999) major gen varyasyonlarının büyüklüğünün, ayrık bir major genin varlığının bir göstergesi olarak kullanılmasını önermişlerdir. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.86$ ve $q = 1 - p = 0.14$ bulunmuştur.

4.2.3. 28. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model

Çizelge 4.5. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı(σ_e^2)	5.92	0.85	06.03	3.55	8.83
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.20	1.12	5.84	3.67	10.96
Kalıtım derecesi h^2	0.51	0.56			

4.2.4. 28. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.6. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	4.27	1.37	4.57	0.68	8.88
Poligenik varyansı (σ_u^2)	5.68	1.31	6.33	2.13	10.95
Major gen varyansı (σ_G^2)	3.33	4.55	0.05	0.00	53.83
Eklemeli gen etkisi (a)	2.00	1.49	0.00	0.00	9.44
Dominant gen etkisi	-0.66	2.91	8.87	-6.25	11.09
Major gen frekansı	0.58	0.29	0.00	0.00	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.60	0.81			

Dominant etkinin (0.66) eklemeli gen etkisinden (2.00) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 3.33$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 5.68$) önemli derecede düşük bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.58$ ve $q = 1 - p = 0.42$ bulunmuştur.

4.2.5. 36. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli

Çizelge 4.7. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	05.02	0.98	5.15	2.49	8.63
Poligenik varyansı (σ_u^2)	5.95	1.29	5.72	2.90	10.37
Kalıtım derecesi h^2	0.54	0.56			

4.2.6. 36. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.8. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.54	0.45	0.00	0.00	2.33
Poligenik varyansı (σ_u^2)	2.38	0.71	5.47	0.97	5.57
Major gen varyansı (σ_G^2)	8.24	2.92	0.01	0.00	16.83
Eklemeli gen etkisi (a)	3.38	01.07	2.38	1.23	05.03
Dominant gen etkisi	-2.42	2.66	-0.65	-7.01	1.24
Major gen frekansı	0.53	2.41	0.05	0.00	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.95	889			

Dominant etkinin (-2.42) eklemeli gen etkisinden (3.38) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 8.24$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 2.38$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.53$ ve $q = 1 - p = 0.47$ bulunmuştur.

4.2.7. 56. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model

Çizelge 4.9. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	13.64	1.42	13.60	9.99	18.23
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.46	1.60	7.48	3.24	13.63
Kalıtım derecesi h^2	0.32	0.52			

4.2.8. 56. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.10. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	10.89	1.99	11.76	4.96	16.62
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.52	1.72	8.53	2.93	13.38
Major gen varyansı (σ_G^2)	60.24	97.22	0.86	1.72	906.74
Eklemeli gen etkisi (a)	09.07	6.17	0.03	0.00	33.44
Dominant gen etkisi	-18.57	15.13	9.72	-33.73	23.54
Major gen frekansı	0.84	0.26	1.00	0.00	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.85	0.98			

Dominant etkinin (-18.57) eklemeli gen etkisinden (9.07) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 6.24$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 6.52$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.84$ ve $q = 1 - p = 0.16$ bulunmuştur.

4.2.9. 66. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli

Çizelge 4.11. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66 hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 Sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	10.24	1.44	9.93	6.72	15.07
Poligenik varyansı (σ_u^2)	8.29	1.75	8.6	4.56	14.55
Kalıtım derecesi h^2	0.44	0.54			

4.2.10. 66. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.12. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	7.62	1.55	7.77	3.79	13.16
Poligenik varyansı (σ_u^2)	7.28	1.70	7.87	3.31	13.56
Major gen varyansı (σ_G^2)	11.14	7.78	11.45	2.76	85.00
Eklemeli gen etkisi (a)	4.53	1.58	4.16	-7.02	12.79
Dominant gen etkisi	-2.94	2.58	-3.72	0.62	10.33
Major gen frekansı	0.73	0.20	0.03	0.00	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.70	0.85			

Dominant etkinin (-2.94) eklemeli gen etkisinden (4.53) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 11.14$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 7.28$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.73$ ve $q = 1 - p = 0.37$ bulunmuştur.

4.2.11. 72. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli

Çizelge 4.13. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı σ_e^2	16.66	1.46	16.26	12.86	21.52
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.20	1.50	7.00	03.05	13.08
Kalıtım derecesi h^2	0.27	0.50			

4.2.12. 72. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.14. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	10.01	1.38	9.85	6.48	14.76
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.11	1.45	6.22	2.74	11.58
Majör gen varyansı (σ_G^2)	17.72	11.62	0.04	0.00	54.98
Eklemeli gen etkisi (a)	5.67	0.51	5.74	4.51	7.55
Dominant gen etkisi	-5.83	1.29	-6.11	-8.76	-1.86
Majör gen frekansı	0.63	0.29	0.75	0.00	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.70	0.90			

Dominant etkinin (-5.83) eklemeli gen etkisinden (5.67) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde majör gen varyansı ($\sigma_G^2 = 17.72$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 6.11$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Populasyondaki majör gen frekansı $p = 0.63$ ve $q = 1 - p = 0.37$ bulunmuştur.

4.2.13. 80. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Modeli

Çizelge 4.15. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 Sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	15.48	1.46	15.36	12.02	20.25
Poligenik varyansı (σ_u^2)	5.34	1.52	6.22	2.29	11.84
Kalıtım derecesi h^2	0.25	0.51			

4.2.14. 80. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.16. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. hafta yumurta ağırlığı için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	11.86	1.75	12.21	7.70	17.07
Poligenik varyansı (σ_u^2)	4.69	1.44	4.15	1.86	11.87
Major gen varyansı (σ_G^2)	28.23	38.98	0.24	0.00	265.32
Eklemeli gen etkisi (a)	5.49	2.00	0.38	0.00	13.45
Dominant gen etkisi	-2.54	8.55	-4.40	-19.29	24.98
Major gen frekansı	0.64	0.27	1.00	0.00	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.73	0.95			

Dominant etkinin (-2.54) eklemeli gen etkisinden (5.49) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 28.23$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 4.69$) önemli derecede yüksek bulunmuştur.. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.64$ ve $q = 1 - p = 0.36$ bulunmuştur.

Çizelge 4.17. 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlıklarının geçiş olasılıklarının ve %95 En yüksek Soncul Yoğunlukların (EYSY) sol ve sağ sınırları

İlk yumurta ağırlığı	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
	genot_trp(1)	18	1.003
	genot_trp(2)	19	1.002
	genot_trp(3)	0	1.002
28. Hafta	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
	genot_trp(1)	0.83	1.00
	genot_trp(2)	0.83	1.00
	genot_trp(3)	0.00	1.00
36. Hafta	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
	genot_trp(1)	6.25	1.00
	genot_trp(2)	0.00	1.00
	genot_trp(3)	0.00	0.95
56. Hafta	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
	genot_trp(1)	0.57	1.00
	genot_trp(2)	0.25	0.98
	genot_trp(3)	0.00	0.73
66. Hafta	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
	genot_trp(1)	0.09	1.00
	genot_trp(2)	0.00	1.00
	genot_trp(3)	0.00	1.00
72. Hafta	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
	genot_trp(1)	0.62	1.00
	genot_trp(2)	0.93	1.00
	genot_trp(3)	0.00	1.00
80. Hafta	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
	genot_trp(1)	0.69	1.00
	genot_trp(2)	0.00	0.99
	genot_trp(3)	0.00	0.92

4.3. Üssel Büyüme Modeli İçin Major Gen Analizi

4.3.1. İlk Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelinde Üssel Yorum

Çizelge 4.18. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlığı için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.26470	0.27467	0.00199	0.00000	2.12040
Poligenik varyansı (σ_u^2)	90.507	3.74011	100.99864	85.66011	103.28960
Kalıtım derecesi h^2	0.99712	0.93158			

Çizelge 4.19. 100.000 Gibbs örneğine göre, ilk yumurta ağırlıklarının EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	12.56301	1.90071	11.79447	8.20587	18.63.270
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.51572	1.94979	7.30814	2.92798	14.75796
Major gen varyansı (σ_G^2)	45.48362	39.68252	0.18813	0.00000	206.18552
Eklemeli gen etkisi (a)	15.61372	0.67632	15.79961	12.56020	17.02420
Dominant gen etkisi	-4.39029	3.21951	4.71758	-7.81770	10.28239
Major gen frekansı	0.93165	0.07078	0.91154	0.51848	1.00153
Kalıtım derecesi h^2	0.80541	0.95633			

Dominant etkinin (-4.39) eklemeli gen etkisinden (15.61) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 45.48$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 6.51$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.93$ ve $q = 1 - p = 0.07$ bulunmuştur.

4.3.2. 28. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelinde Üssel Yorum

Çizelge 4.20. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	6.50051	0.96008	6.75779	3.91145	10.21792
Poligenik varyansı (σ_u^2)	5.73381	1.16316	6.06415	3.00737	10.25047
Kalıtım derecesi h^2	0.46866	0.54782			

Çizelge 4.21. 100.000 Gibbs örneğine göre, 28. hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95Sol	EYSY %95Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	5.21591	1.57864	5.38838	1.10002	9.79705
Poligenik varyansı (σ_u^2)	4.81282	1.44384	5.09967	0.78065	9.63930
Major gen varyansı (σ_G^2)	1.34216	1.37291	0.00630	0.00000	6.92809
Eklemeli gen etkisi (a)	1.56383	0.88718	0.00368	0.00000	4.08657
Dominant gen etkisi	-0.27273	1.18586	-0.31147	-2.28019	3.64360
Major gen frekansı	0.57202	0.28179	0.53244	0.00000	1.00318
Kalıtım derecesi h^2	0.54129	0.64084			

Dominant etkinin (-0.27) eklemeli gen etkisinden (1.56) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2=1.34$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2=4.81$) küçük bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.57$ ve $q = 1 - p = 0.43$ bulunmuştur.

4.3.3. 36. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelinde Üssel Yorum

Çizelge 4.22. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	1.83541	0.83029	2.02768	0.00000	4.80538
Poligenik varyansı (σ_u^2)	10.79.640	1.28827	11.20719	8.15766	14.70425
Kalıtım derecesi h^2	0.85469	0.60808			

Çizelge 4.23. 100.000 Gibbs örneğine göre, 36. hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	1.56410	0.89898	0.00396	0.00000	4.36694
Poligenik varyansı (σ_u^2)	3.85213	1.08032	3.86142	1.61096	6.60005
Major gen varyansı (σ_G^2)	5.27326	1.69957	5.67794	0.00000	11.46123
Eklemeli gen etkisi (a)	0.16934	0.17823	0.03920	0.00000	1.08755
Dominant gen etkisi	5.03032	0.31727	5.05997	4.33980	6.22765
Major gen frekansı	0.60228	0.27469	0.00098	0.00000	1.00367
Kalıtım derecesi h^2	0.85367	0.75556			

Dominant etkinin (5.03) eklemeli gen etkisinden (0.16) daha büyük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 5.27$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 3.85$) yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.60$ ve $q = 1 - p = 0.40$ bulunmuştur.

4.3.4. 56. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum

Çizelge 4.24. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 Sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	2.94184	1.30640	3.22014	0.00000	7.48869
Poligenik varyansı (σ_u^2)	21.12755	2.04866	20.81402	17.31249	28.19594
Kalıtım derecesi h^2	0.87777	0.61061			

Çizelge 4.25. 100.000 Gibbs örneğine göre, 56. hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	10.41662	1.44353	10.36402	6.71646	15.68553
Poligenik varyansı (σ_u^2)	5.54934	1.45355	6.98381	2.72072	12.05163
Major gen varyansı (σ_G^2)	8.11172	5.00622	10.06910	0.00000	43.23548
Eklemeli gen etkisi (a)	3.38920	0.41404	3.71953	2.14504	4.62799
Dominant gen etkisi	3.63.855	1.86432	10.71779	1.74441	15.37449
Major gen frekansı	0.23977	0.21426	0.13949	0.00000	1.00312
Kalıtım derecesi h^2	0.56737	0.81735			

Dominant etkinin (3.63) eklemeli gen etkisinden (3.38) daha büyük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 8.11$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 5.54$) yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.23$ ve $q = 1 - p = 0.77$ bulunmuştur.

4.3.5. 66. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum

Çizelge 4.26. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	1.78697	1.32414	0.00714	0.00000	7.73702
Poligenik varyansı (σ_u^2)	20.65359	2.02453	22.28657	16.80047	26.40410
Kalıtım derecesi h^2	0.92036	0.60445			

Çizelge 4.27. 100.000 Gibbs örneğine göre, 66. hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	7.01077	1.38577	6.65274	3.76710	12.93434
Poligenik varyansı (σ_u^2)	6.01578	1.29928	5.82737	3.27038	11.43030
Major gen varyansı (σ_G^2)	15.26595	9.36642	15.64002	0.00000	48.64798
Eklemeli gen etkisi (a)	2.50587	0.25941	2.66584	1.98069	4.06243
Dominant gen etkisi	8.78744	1.45132	8.43660	2.78269	14.59645
Major gen frekansı	0.17549	0.21607	0.00497	0.00000	1.00290
Kalıtım derecesi h^2	0.75220	0.88501			

Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 15.26$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 6.01$) yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.17$ ve $q = 1 - p = 0.83$ bulunmuştur.

4.3.6. 72. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum

Çizelge 4.28. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	5.27136	1.57578	4.77600	15.0311	10.03688
Poligenik varyansı (σ_u^2)	20.89974	2.30658	20.58486	15.85741	28.48874
Kalıtım derecesi h^2	0.079858	0.59411			

Çizelge 4.29. 100.000 Gibbs örneğine göre, 72. hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	10.05969	1.16492	10.19283	6.95688	14.90042
Poligenik varyansı (σ_u^2)	5.11658	1.31841	6.16303	2.30734	12.06294
Major gen varyansı (σ_G^2)	20.87894	19.86993	0.09.137	0.00000	10.032.516
Eklemeli gen etkisi (a)	2.73413	0.21104	2.72563	2.20348	3.59768
Dominant gen etkisi	14.28885	2.44966	14.27.314	-5.36485	20.46589
Major gen frekansı	0.06302	0.10206	0.00320	0.00000	0.68741
Kalıtım derecesi h^2	0.72099	0.94788			

Dominant etkinin (14.28) eklemeli gen etkisinden (2.73) daha büyük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2=20.87$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2=5.11$) yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.06$ ve $q = 1 - p = 0.94$ bulunmuştur.

4.3.7. 80. Hafta Yumurta Ağırlığı İçin Poligenik Model ve Major Gen Modelde Üssel Yorum

Çizelge 4.30. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. hafta yumurta ağırlıkları için poligenik modelden üssel büyüme modeline ait parametre tahminlerinin soncul dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 Sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.93999	0.79066	0.00503	0.00000	5.39209
Poligenik varyansı (σ_u^2)	28.25617	1.59696	33.57196	25.35335	34.28970
Kalıtım derecesi h^2	0.96780	0.66885			

Çizelge 4.31. 100.000 Gibbs örneğine göre, 80. hafta yumurta ağırlıkları için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen üssel büyüme modeline ait parametreler için tahmini marjinal soncul ortalama ve marjinal soncul standart sapmalar

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	9.68585	1.25491	9.54939	6.76327	14.05115
Poligenik varyansı (σ_u^2)	3.93721	1.14167	4.28677	1.45874	8.54602
Major gen varyansı (σ_G^2)	27.17.037	21.31711	0.07679	0.00000	8.646474
Eklemeli gen etkisi (a)	4.07478	0.17759	4.05101	3.55932	4.67576
Dominant gen etkisi	13.26189	0.96131	12.59161	8.87672	16.20895
Major gen frekansı	0.10594	0.16815	0.01865	0.00000	1.00330
Kalıtım derecesi h^2	0.76254	0.94352			

Dominant etkinin (13.26) eklemeli gen etkisinden (4.07) daha büyük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 27.17$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 3.93$) yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.10$ ve $q = 1 - p = 0.90$ bulunmuştur.

Çizelge 4.21, 4.23, 4.25, 4.27, 4.29, 4.31'de ESYS%95 göre üssel major gen varyansı (σ_G^2) (0) sıfır içerdiklerinden dolayı 7 haftalık yumurta ağırlıkları için major gen olmadığını tespit ettik. 7 zaman dilimine ait (İlk yumurta ağırlığı 28., 36, 56., 66., 72., 80. haftaların) yumurta ağırlıkları için poligenik model kullanılarak kalıtım dereceleri $h^2 = 0.99712 (\pm 0.93158)$, $h^2 = 0.46866 (\pm 0.54782)$, $h^2 = 0.85469 (\pm 0.60808)$, $h^2 = 0.87777 (\pm 0.61061)$, $h^2 = 0.92036 (\pm 0.60445)$, $h^2 = 0.79858 (\pm 0.59411)$, $h^2 = 0.96780 (\pm 0.66885)$, sırayla bulunmuştur (Çizelge) ve major gen

modelinde kalıtım derecesi üssel transformasyonu (dönüştürüm) için $h^2 = 0.94 (\pm 0.99)$ (Çizelge 4.25) 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlıkları için bulundu.

Üssel (dönüştürüm) için üssel yöntemlerinde major gen varyansının, poligenik varyansdan 36. haftalık yumurta ağırlığı hariç, önemli derecede yüksek olduğu bulunmuştur. Major gen frekansları ise üssel'de $h^2 = 0.80541 (\pm 0.95633)$, $h^2 = 0.54129 (\pm 0.64084)$, $h^2 = 0.85367 (\pm 0.75563)$, $h^2 = 0.56737 (\pm 0.81735)$, $h^2 = 0.75220 (\pm 0.88501)$, $h^2 = 0.72099 (\pm 0.94788)$, $h^2 = 0.76256 (\pm 0.94770)$, olarak 7 zaman dilimine ait sırasıyla bulunmuştur.

4.4. Temel Bileşenler Analizi

Temel bileşenler analizi ile üç temel bileşen oluşturulup buna ait majör gen analizleri çizelge 4.32, 4.33, 4.34'te poligenik model ve majör gen modeli için gösterilmiştir.

Çizelge 4.32. 100.000 Gibbs örneğine göre, birinci temel bileşen için poligenik modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 Sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	1.20202	0.26437	1.30852	0.45464	1.98622
Poligenik varyansı (σ_u^2)	2.12233	0.35197	2.12010	1.24669	3.19946
Kalıtım derecesi h^2	0.63841	0.57106			

Çizelge 4.33. 100.000 Gibbs örneğine göre, birinci temel bileşen için majör gen modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.88871	0.39147	0.79524	0.03416	2.20541
Poligenik varyansı (σ_u^2)	1.18917	0.58040	1.22105	0.00000	3.04307
Majör gen varyansı (σ_G^2)	1.05820	0.48338	1.32711	0.00000	2.90624
Eklemeli gen etkisi (a)	1.27016	0.54915	0.73059	0.00000	2.17441
Dominant gen etkisi	-0.07973	1.28996	0.56305	-3.96765	1.50497
Majör gen frekansı	0.52378	0.22574	0.00100	0.00000	1.00224
Kalıtım derecesi h^2	0.71666	0.73099			

Dominant etkinin (-0.07973) eklemeli gen etkisinden (1.05820) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 1.05820$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 1.18917$) düşük bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.52$ ve $q = 1 - p = 0.48$ bulunmuştur.

Çizelge 4.34. 100.000 Gibbs örneğine göre, ikinci temel bileşen için poligenik modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.78794	0.05903	0.80113	0.58518	0.95084
Poligenik varyansı (σ_u^2)	0.14953	5.788	0.12208	0.00000	0.37723
Kalıtım derecesi h^2	0.15950	0.09074			

Çizelge 4.35. 100.000 Gibbs örneğine göre, ikinci temel bileşen için majör gen modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.74487	0.07352	0.73957	0.47341	1.05821
Poligenik varyansı (σ_u^2)	0.13484	0.05802	0.12313	0.00000	0.40245
Major gen varyansı (σ_G^2)	0.05300	0.12145	0.00149	0.00000	1.54400
Eklemeli gen etkisi (a)	0.19680	0.15514	0.18958	0.00000	0.73702
Dominant gen etkisi	0.18453	0.71277	4.17123	-0.42916	4.75216
Major gen frekansı	0.50489	0.29788	0.00100	0.00000	1.00314
Kalıtım derecesi h^2	0.20139	0.70939			

Dominant etkinin (0.18453) eklemeli gen etkisinden (1.19680) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 0.05300$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 0.13484$) düşük bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.50$ ve $q = 1 - p = 0.50$ bulunmuştur.

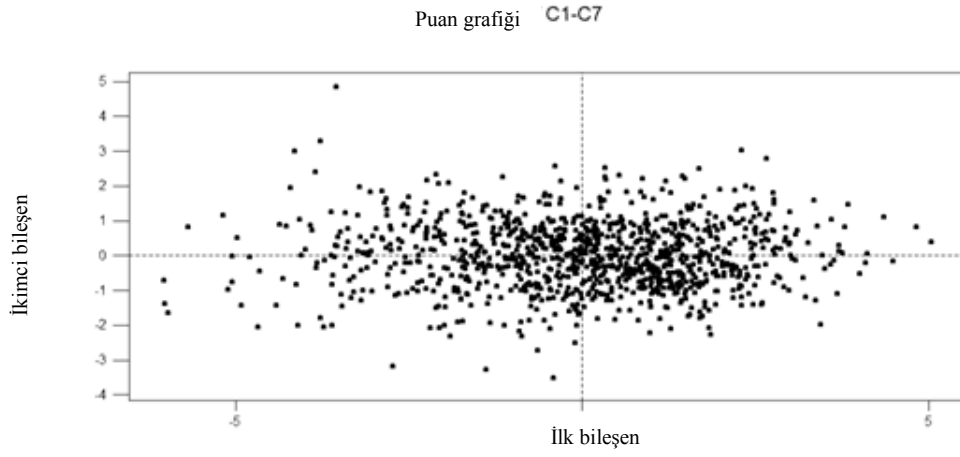
Çizelge 4.36. 100.000 Gibbs örneğine göre, üçüncü temel bileşen için poligenik modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul Ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 Sol	EYSY % 95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.69880	0.05218	0.70371	0.47257	0.87090
Poligenik varyansı (σ_u^2)	0.09860	0.04812	0.09651	0	0.31705
Kalıtım derecesi h^2	0.12365	0.47976			

Çizelge 4.37. 100.000 Gibbs örneğine göre, ikinci temel bileşen için majör gen modele ait ortalama, standart sapma ve en yüksek soncul yoğunluklar için özet istatistikler

Genetik Parametreler	Soncul ortalamalar	Soncul standart sapmalar	Mod	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.60879	0.05540	0.59243	0.44662	0.79644
Poligenik varyansı (σ_u^2)	0.10731	0.04655	0.10396	0	0.28921
Majör gen varyansı (σ_G^2)	0.51617	0.71326	0.00498	0	5.31209
Eklemeli gen etkisi (a)	0.04772	0.05165	0.01777	0	0.53223
Dominant gen etkisi	0.72562	3.20472	2.81517	-4.80294	5.81196
Majör gen frekansı	0.76372	0.36582	0.95452	0.00200	1.00350
Kalıtım derecesi h^2	0.50596	0.93204			

Dominant etkinin (0.72562) eklemeli gen etkisinden (0.04772) daha büyük olduğu bulunmuştur. Analizlerde majör gen varyansı ($\sigma_G^2 = 0.51617$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 0.10731$) büyük bulunmuştur. Populasyondaki majör gen frekansı $p = 0.76$ ve $q = 1 - p = 0.24$ bulunmuştur.



Şekil 4.3. Temel Bileşenler Analizi

Çizelge 4.38. 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlıkları için Temel Bileşenler Analizi

Değişkenler	PC1	PC2	PC3	PC3	PC5	PC6	PC7
İlk yumurta ağırlığı	-0.266	-0.539	-0.781	0.052	0.116	0.093	0.057
28. Hafta	-0.403	-0.413	-0.328	-0.222	-0.306	-0.107	-0.636
36. Hafta	-0.438	0.228	-0.322	-0.279	-0.125	-0.015	0.747
56. Hafta	-0.387	-0.025	-0.275	0.334	0.774	0.241	-0.078
66. Hafta	-0.425	-0.185	0.081	0.222	-0.031	-0.848	-0.098
72. Hafta	-0.373	-0.379	0.119	0.512	-0.504	0.427	0.064
80. Hafta	-0.324	-0.555	0.285	-0.668	0.153	0.145	- 0.119

5. TARTIŞMA

Kanatlı hayvan ıslahında yumurta ağırlığı en önemli ıslah fenotiplerinden birisi olup, büyük ekonomik öneme sahiptir. Tüketici tercihlerine göre de farklı büyüklüklerde yumurtalar arzu edilebilmektedir. Kanatlı hayvan ıslahı çalışmalarında hem civciv çıkışı, kalitesi, dayanıklılık ve performansını yumurta ağırlıkları etkileyecektir. Nangsuay vd. (2011) yumurtlama periyodunda ise yumurta ağırlıklarının zamana göre değişim gösterdiği bilinmektedir. Bu bağlamda zamana dayalı olarak farklı genlerin bu süreçte etkili olabilmesi mümkündür. Bu tez zamana dayalı olarak yumurta ağırlıkları ölçümlerini etkileyen bir majör genin var olup olmadığını bayesçi majör gen analizi ile incelemeyi hedeflemiştir.

Mendelden bu yana tek veya majör etkili genlerin işleyişi incelenmiştir ve kanatlılar bu kavramların uygulandığı ilk türlerdendir, örneğin kuş tüyü rengi seleksiyon yöntemlerinde önem arz etmektedir, (Albers vd. 2006) kümes hayvanı yetiştiriciliğinde bir günlük yaşta cinsiyet belirlemek için cinsiyete bağlı özellikler tek gen bilgilerine gereksinim duyulmaktadır. Moleküler genetik ile tek gen özelliklerinin fenotip üzerine etkisini araştırabilmektedir. Islah ile fenotiplerin genetik temeli belirlenmesi ile kanatlı yetiştiriciliği endüstrisine katkıda bulunmuştur. Ama bu tez çalışmasında gösterildiği üzere sadece fenotip ve pedigriler kullanılarak üzerinde çalışılan popülasyona ait genetik karakterizasyon çalışmaları yapılarak majör gen varlığı hem en yüksek soncul ortalamalar hem de mendelci geçiş olasılıkları ile incelenebilir. Çiftlik hayvanlarında ve özellikle kanatlı ıslahında generasyonlar boyunca derin pedigriler kullanılmaktadır. Doğru bir damızlık değer tahmini ile daha yüksek genetik ilerlemelere imkan sağlanabilir (Karacaören ve Fırat 2012). Majör gen analizlerinde bu derin ve karışık pedigri bilgilerinin kullanılması daha doğru tahmin eldesine ve yüksek genetik ilerlemelere imkan tanımaktadır. Bu tezde pedigriler Gibbs örnekleme ile analiz edilmiştir. Genotip ile fenotip arasındaki ilişkiler ilk olarak major bir fenotipik etkiye sahip genler ile tanımlanmıştır. Genomik çalışmaların gelişimi ile majör genlerin moleküler yapısını tanımlamak kolaylaşmıştır. Tavuklarda cinsiyete bağlı cücelik geni örneği majör genlerin tanımlanması ile belirlenmiştir. Moleküler genetik çalışmalarla majör genlerin özellikleri fenotipik etkisi belirlenerek ıslah çalışmalarına katkıda bulunmaktadır. Bu çalışmada genetik ve majör gen varyansları tahmin edilmiştir. Buna göre karışık modelde: majör genin olması ve olmaması duruma göre bayesçi segregasyon analizi yapılarak haftalara dayalı yumurta ağırlığı ölçümleri için sonuçlar belirlenmiştir. Üç farklı analiz yapılmıştır: 1) haftalık yumurta ağırlıkları 2) üssel büyüme modeli analizi 3) temel bileşenler analizi. Majör gen analizinde poligenik modelde kalıtım derecelerini $h^2= 0.31 (\pm 0.54)$, $0.51 (\pm 0.56)$, $0.54 (\pm 0.56)$, $0.32 (\pm 0.52)$, $0.44 (\pm 0.54)$, $0.27 (\pm 0.50)$, $0.25 (\pm 0.51)$, ve majör gen modelinde kalıtım dereceleri $h^2= 0.81 (\pm 0.94)$, $0.67 (\pm 0.81)$, $0.95 (\pm 0.88)$, $0.85 (\pm 0.98)$, $0.70 (\pm 0.85)$, $0.70 (\pm 0.90)$, $0.73 (\pm 0.95)$ olarak bulup, Üssel büyüme modeli analizinde belirlenen kalıtım derecelerini poligenik modelde ; $h^2= 0.99 (\pm 0.91)$, $0.46 (\pm 0.54)$, $0.85 (\pm 0.60)$, $0.87 (\pm 0.61)$, $0.92 (\pm 0.60)$, $0.79 (\pm 0.59)$, $0.96 (\pm 0.66)$ ve majör gen modeli analizinde ; $h^2= 0.80 (\pm 0.95)$, $0.54 (\pm 0.64)$, $0.60 (\pm 0.27)$, $0.56 (\pm 0.81)$, $0.75 (\pm 0.88)$, $0.72 (\pm 0.94)$, $0.76 (\pm 0.94)$ olarak bulup temel bileşenler analizi ile poligenik model için kalıtım dereceleri $h^2= 0.63 (\pm 0.57)$, $0.15 (\pm 0.09)$, $0.12 (\pm 0.47)$, olup majör gen modelinde kalıtım dereceleri $h^2= 0.71 (\pm 0.73)$, $0.20 (\pm 0.70)$, 0.50

(± 0.93) olarak belirlenip bu farklı analiz türlerinde kalıtım dereceleri arasında benzerlik sağlanamamıştır. Bununla birlikte her 3 yönteminde yüksek kalıtım derecelerini poligenik model için belirlenmesi yumurta ağırlıklarının zamana dayalı seleksiyon çalışmalarında başarılı bir şekilde kullanılabileceğini göstermektedir.

Zhang vd. (2012) Erlang yumurtacı tavukları üzerinde yapmış oldukları çalışmalarında PRLR geni ile yumurta ağırlıkları arasında ilişki olabileceğini, bu genin majör bir gen olabileceğini veya bazı moleküler işaretleyicilerin yumurta ağırlığı ile dengesiz bağlantıda olabileceğini ifade etmişlerdir. Bu tez çalışmasında 1063 Rhode Island Red hatlarına ait yumurta ağırlıkları belirli haftalar için ölçülmüştür. Tavuklar benzer şartlarda, bireysel bölmelerde, serbest yemleme ve sulama ile yetiştirilmiştir. Segregasyon analizi ile eklemeli genetik varyans, hata varyansı, majör gen varyansı, eklemeli ve baskın gen etkileri tahmin edilmiştir. Majör gen varlığı en yüksek soncul olasılık bölgelerinin 0 içerip içermemesi incelenerek belirlenmiştir. Belirli miktarda majör gen varyansı belirlenmiş olsa da: en yüksek soncul bölgelerin incelenmesi majör bir genin yumurta ağırlığını belirlemediği hipotezi red edilememiştir. Benzer olarak mendelci geçiş olasılıklarının incelenmesi de majör genin zamana dayalı yumurta ağırlıklarını yönettiğini doğrulamamıştır.

Hagger vd. (1995); iki ayrı kendi içinde melezlenmiş tavuk ırklarının yumurta ağırlığını önemli ölçüde arttıran majör gen hipotezini incelemek için yaptıkları çalışmada altı genetik grup arasındaki yumurta ağırlığının farklılıklarının tek nedeninin majör gen olabileceği hipotezini test etmişler ve herhangi bir majör gen belirlemişlerdir. Bunun yerine en az 2 lokusun majör gen varyansını etkilediğini, daha önce yapılan seleksiyon çalışmalarında küçük etkili genlerin ırklar arası yumurta ağırlığını pozitif yönde değiştirmiş olabileceğini rapor etmişlerdir. Mevcut çalışmada F2 genetik yapısını soykütüğü kullanarak bayesçi segregasyon analizi ile bir majör genin haftalara göre yumurta ağırlığında gözlenen çeşitliliği açıklamada faydalı olabileceği incelenmiş ama poligenik kalıtımın bu veri setini daha iyi açıkladığı gözlenmiştir. Hagger ve ark (2004) vücut ağırlığı ve ortalama yumurta ağırlığı fenotipleri için çok kuşaklı pedigrî kullanarak: 2 farklı ırk ve kontrol ırklarını karşılaştırarak majör gen varlığını bulmuşlar ve daha önceki çalışmalarında Hagger ve ark (1995) majör gen kanıtı bulunmasını soykütüğünün yeterince derin olmamasına bağlamışlardır. Bu tez sadece 3 kuşaklık soykütüğü kullanmıştır: ve bunların ortalama kalıtım dereceleri $h^2= 0.72$ olup bizim yaptığımız çalışmada poligenik modelde kalıtım derecesi $h^2= 0.37$, majör gen modelinde kalıtım derecesi $h^2= 0.77$ olup benzerlik sağlanmamıştır daha derin bir soykütüğü ile sonuçların nasıl değişeceği bilinmemektedir.

Szydlowski ve Szwaczkowski (2001) 6 kuşak seleksiyon çalışması yapılmış Leghorn ve New Hampshire ırklarını kullanarak bayesçi majör gen analizini farklı fenotipler için gerçekleştirmiş ve cinsel olgunlukta yaş ve vücut ağırlığı için majör gen varlığını bulmuşlardır ama ortalama yumurta ağırlığının poligenik kalıtıma uygun olduğunu ifade etmişlerdir, bu sonuçlar mevcut tezin sonuçları ile uyumludur. Szydlowski ve Szwaczkowski (2001) Leghorn için ortalama yumurta ağırlığının kalıtım derecesini 0.08, New Hampshire için kalıtım derecesini 0.38 olarak bulmuştur. Sonuçlar mevcut tezin poligenik modelde kalıtım derecesi 0.37 sonucu ile uyumluluk gösterdi.

Liu vd. (2018) ; 1078 adet Rhode Island Red tavuk ırkının 7 haftalık yumurta ağırlıkları üzerinde yaptıkları GWAS çalışması sonucunu (AI REML) sınırlı bilgi maksimum olasılık modelini kullanarak kalıtım derecelerini 0.31 (0.08), 0.50 (0.08), 0.53 (0.09), 0.35 (0.08), 0.51 (0.09), 0.34 (0.08), 0.29 (0.08), bizim yaptığımız çalışma ile poligenik modelde kalıtım dereceleri $h^2=0.31$ (± 0.54), 0.51 (± 0.56), 0.54 (± 0.56), 0.32 (± 0.52), 0.44 (± 0.54), 0.27 (± 0.50), 0.25 (± 0.51) benzerlik göstermiştir, fakat majör gen modelinde kalıtım dereceleri $h^2=0.81$ (± 0.94), 0.67 (± 0.81), 0.95 (± 0.88), 0.85 (± 0.98), 0.70 (± 0.85), 0.70 (± 0.90), 0.73 (± 0.95) olarak bulunup önceki çalışmalar ile benzerlik sağlanamamıştır.

Sanchez vd. (2003); ML-QN ile büyük populasyonların pedigrilerinin kullanılabilmesine imkan sağladığı için majör genleri tespit etmede güvenilir bir yöntem olduğu sonucuna varılmıştır. Bayesian-GS poligenik ve majör genlerin nesiller boyunca tahmin edilmesine imkan sağladığından daha detaylı analizler yapmaya imkan tanıyan bir yöntem olduğu bildirilmiştir. Her iki yöntemde de dönüştürüm kullanılmadan majör gen varlığı belirlenmiştir. Biz yaptığımız çalışmada yumurta ağırlığından sorumlu majör gen varlığını bayesci segregasyon analizi ile inceledik ve sonuçların 0 içermesi ile majör gen olmadığını gözlemledik. Bu bağlamda özellikle gibbs örnekleme hesaplama açısından değişik stratejilere olanak tanınması Janss vd. (1996), ucuz, güvenilir olması gibi nedenlerden dolayı moleküler çalışmalar öncesi kullanılabilir.

Masso vd. (1998) yumurtacılar da vücut ağırlığı ve yumurta ağırlığının devingen yapısını zamana dayalı fonksiyonlar ile incelemişlerdir. Buna göre vücut ağırlığı ve yumurta ağırlığı arasında pleiotropik etkiler olduğunu göstermişler ve zamana dayalı genetik analizin faydalı olabileceğini göstermişlerdir. Bu çalışmada zamana dayalı yumurta ağırlıkları ölçümleri için üssel büyüme modeli uygulanmış ve bu modelden elde edilen kalıtlara bayesci segregasyon analizi uygulanmıştır. Buna göre üssel model kullanılarak yapılan majör gen analizi ile majör bir genin varlığı gösterilemese de kalıtım dereceleri ($h^2=0.83$) daha yüksek olarak belirlenmiş ve segregasyon analizindeki poligenik model kalıtım derecelerinden $h^2=0.37$ yüksek olarak belirlenmiştir

Bu çalışmada zamana dayalı yumurta ağırlıkları ölçümlerinden temel bileşenler analizi ile ilk 3 temel bileşen oluşturulmuş ve bunlara ait bayesci majör gen analizleri sunulmuştur. İlk üç temel bileşen toplam çeşitliliğin %70'ini açıklamıştır. Ziraat çalışmalarında bu tarz çok değişkenli analizler zaman serilerinin analizlerinde önerilmiştir. Örneğin Miao vd. (2021) sorgumda zaman serilerini temel bileşenler analizi ile özetleyerek oluşan veri ile genomik ilişki analizi yapmışlardır. Bu şekilde bir yaklaşım ile gen haritalamada yararlı olacağı sonucunu elde etmişlerdir ve zaman serilerinin genomik çalışmalarda kullanılmasının sorgum ile ilgili genleri tespit etme gücü ve doğruluğunun pozitif katkı sağladığı belirlenmiştir Biz de benzer şekilde yumurta ağırlığında zaman serisi için temel bileşenler analizi gerçekleştirerek Çizelge (4.32, 4.33, 4.34, 4.35, 4.36, 4.37) görüldüğü üzere majör gen analizini poligenik model ve majör gen modeli için yaptık. Çizelge 4.32 ve 4.33' de 1 numaralı temel bileşenler analizi sonucundaki kalıtım derecelerinin diğerlerinden yüksek olmasının ilk üç temel bileşenin genetik varyansı daha iyi yakalaması olabilir.

Temel bileşenler analizi kanatlı çalışmalarında farklı amaçlarla kullanılmıştır. Örneğin Gürcan vd. (2010) Japon bildircinleri canlı ağırlık ve çeşitli vücut ölçüleri arasındaki ilişkilerin incelenmesi için Temel bileşenler analizi kullanarak hayvanların büyüme performansı üzerine etkilerini incelemişlerdir. Yapılan araştırmanın sonucunda 8 değişkeni 2 temel bileşenle özetleyip büyüme performansı için yüksek ilişkili özellikler bulunmuştur. Fenotipleme ücretlerinin düşmesi ve tavukçuluk endüstrisinde dijital veya otomatlarla zamana dayalı (günlük) fenotipleme yapılması mümkün olmuştur, (Masso vd. 1998) bu da büyük boyutlu verilerin erişilmesine olanak tanımıştır. Bu bağlamda zamana dayalı verilerin özetlenmesinde, aralarındaki çoklu bağlantı sorununun giderilerek, bilgi işlem gücü ve daha az zamanda analiz yapılabilmesi için veri setinin boyutunun azaltılarak temel bileşenler analizinin kullanılması zaman serilerinin analizlerinde de kullanılabilir.

Yumurta ağırlığının kalıtımı ile ilgili yapılan moleküler genetik çalışmalarında belirli mutasyonların fenotipde etkili olduğu gösterilmiştir. Wolc vd. (2012) yaptıkları genomik ilişki çalışmasında kahverengi yumurtacı hatlarda yumurta ağırlığı ortalama ve standart sapmaları ile ilgili genomik tahmin modelinin Bayes B modeli uygulayarak kullanmışlardır. MCMC örnekleri ile elde edilen varyansların soncul dağılımları kullanılarak Kromozom 13 üzerinde 26-28 haftalık yumurta ağırlığı ortalaması 0.38-0.47 aralığında ve standart sapması 0.035 – 0.051 olarak bulmuşlardır. Liu vd. (2018) zamana dayalı olarak toplanmış yumurta ağırlığı fenotiplerini genomik ilişki analizi uygulayarak 1. Kromozomdan genomik sinyaller belirlemiş ve DLEU7 ile MIR15A genlerinin bu süreci yönettiği sonucuna varmışlardır. Bu sonuçlar daha yüksek çözünürlüklü ve olasılıkla daha küçük etkileri de belirleyebilen moleküler işaretleyiciler (SNP) ile belirlenmiştir. Bu tez çalışmasında ise fenotipi etkileyen majör etkili bir gen ile poligenik etkilerin olduğu kabul edilmiştir. Fenotip ile ilgili farklı genetik mimariler ön kabulü sağlamadığı için moleküler genetik yaklaşımları ile benzer sonuçlar bulunamamıştır.

6. SONUÇLAR

Bayesçi segregasyon analizi majör genlerin soy kütüğü bilgisi ile belirlenebilmesini etkin bir biçimde sağlamaktadır. Segregasyon analizi ile monogenik ya da poligenik unsurları unsurları istatistiksel modeller ile birlikte majör gen analizi kullanılabilir. Zootekni alanında geniş ve derin soy kütüğü verileri bütün genotip bileşenlerin tek tek yazılmasına imkan vermemektedir. Gibbs örnekleme ile segregasyon analizi yapılmasına imkan sağlamaktadır. Bu tezde 1078 adet Rhode Island saf hatlarına ait 7 zaman dilimine ait yumurta ağırlıkları verisi ile bayesci segregasyon analizi ile majör bir genin varlığı incelenmiştir, segregasyon analizleri sonucu ile sonuçlar majör gen içermemiştir.

Bu çalışmada bayesçi segregasyon analizi ile yumurta ağırlığından sorumlu bir majör gen varlığı araştırılmıştır. Sonuçlar majör bir genin olmadığını ve zamana dayalı yumurta ağırlığı fenotiplerinin: poligenik kalıtım ile daha uygun bir şekilde açıklanabileceğini göstermiştir. Majör gen analizi hızlı, ucuz ve güvenilir bir yöntem olarak çiftlik hayvanlarında kantitatif genetik çalışmalarında kullanılabilir. Ülkemizde zootekni kapsamında henüz bayesçi segregasyon analizi yapılmamıştır. Moslem (2019), farelerde canlı ağırlık ve yem tüketimi için majör gen analizi gerçekleştirmiştir. Mevcut tez çalışmasında ise ilk kez daha önceden toplanmış bir veri setine bir çiftlik hayvan türü için bayesçi segregasyon analizi uygulanmıştır. Hayvan başına genotipleme maliyetleri düşüş gösterdiği için moleküler genetik çalışmaları (tekil nükleotid polimorfizm ile), genomik ilişki analizleri ve genomik seleksiyon çalışmaları gelişmiş ülkelerde yaygın olarak kullanılmaya başlanmış olsa da ülkemizde hayvan ıslahı ve genetik çalışmalarında henüz bu uygulamalar kullanılmamaktadır. Bu bağlamda hem moleküler genetik çalışma öncesi popülasyonu karakterize etmek hem de varsa majör genleri belirleyerek ıslah çalışması yapmak için bu tez çalışmasında uygulanmış olan bayesçi segregasyon yöntemi kullanılabilir.

Bu tez çalışmasında ilk kez büyüme eğrisi sonuçları kullanılarak majör gen analizi yapılmıştır. Sonuçlar büyüme eğrilerinden elde edilen kalıntılarında majör gen analizlerinde kullanılabilmesini göstermiştir. Gelecekte farklı büyüme eğrilerinin parametre tahminleri de majör gen analizlerinde kullanılarak incelenebilir. Bu çalışmada çok değişkenli analiz yöntemi olan temel bileşenler analizi ile majör gen analizi ilk kez uygulanmıştır. Yedi zaman noktasına ait fenotiplerden elde edilen ilk 3 temel bileşen çeşitliliğin büyük çoğunluğunu içermesi, bilgiyi özetlemesi ve yaklaşık normalliği sağlaması nedeni ile faydalı olabilir. Özellikle veri seti büyüdükçe (ulusal tarım veri setleri gibi) veri setinin boyutunun bilgi kaybı olmaksızın özetlenmesi önem arz etmektedir. Kalıtım dereceleri temel bileşenler için diğer analizlere göre daha yüksek bulunmuştur. Bu da ıslah ve genetik çalışmalarında temel bileşenlerin faydalı olabileceğini göstermektedir.

Hem temel bileşenler, hem zamana dayalı haftalık ham veri, hem de büyüme eğrileri için yapılan segregasyon analiz sonuçları (eklemeli gen etkileri, baskın gen etkileri, kalıtım derecesi tahminleri) genetik varyans tahminlerinin zamana dayalı olarak değişim gösterdiğini ortaya koymuştur. Bu bağlamda seleksiyon çalışması yaparken bu zamana dayalı damızlık değerlerinin kullanılması daha etkin bir seleksiyon denemesi kurarken faydalı olabilecektir. Bu tez çalışmasında denenmemiş olsa da şu anda en yaygın olarak kullanılan random regresyon modellerinin: bayesçi segregasyon analizi

ile kullanılması gelecekte denenebilir ve sonuçları hayvan ıslahı ve genetik çalışmalarında ıslah planlama çalışmalarında faydalı olabilir.

7. KAYNAKLAR

- Albers, G. A. A., Rattink, A. P. and Vereijken, A. L. J. 2006, September. The future of molecular genetics in poultry breeding. In XII European Poultry Conference, Verona, Italy.
- Argente, M. J., Blasco, A., Ortega, J. A., Haley, C. S. and Visscher, P. M. (2003). Analyses for the presence of a major gene affecting uterine capacity in unilaterally ovariectomized rabbits. *Genetics*, 163(3), 1061-1068.
- Balcıoğlu, M. S., Kızılkaya, K., Yolcu, H. I. and Karabağ, K. 2005. Analysis of growth characteristics in short-term divergently selected Japanese quail. *South African journal of animal science*, 35(2), 83-89.
- Cemal, İ. ve Karaca, O. 2006. çiftlik hayvanlarında major genlerin belirlenmesi ve genotip ayrımı. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 21(1), 105-115.
- Di Masso, R. J., Dottavio, A. M., Canet, Z. E. and Font, M. T. 1998. Body weight and egg weight dynamics in layers. *Poultry science*, 77(6), 791-796.
- Ehsani, A., Sørensen, P., Pomp, D., Allan, M. and Janss, L. 2012. Inferring genetic architecture of complex traits using Bayesian integrative analysis of genome and transcriptome data. *BMC genomics*, 13(1), 1-9.
- Elston, R. C. and Stewart, J. 1971. A general model for the genetic analysis of pedigree data. *Human heredity*, 21(6), 523-542.
- Elston, R. C. and Lange, K. 1975. The prior probability of autosomal linkage. *Annals of human genetics*, 38(3), 341-350.
- Firat, M. Z. 1995. *Bayesian methods in the selection of farm animals for breeding* (Doctoral dissertation, University of Edinburgh).
- Fisher, R. A. 1918. 009: The Correlation Between Relatives on the Supposition of Mendelian Inheritance.
- Geman, S. and Geman, D. 1984. Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*, (6), 721-741.
- Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. S. and Rubin, D. B. 2004. Bayesian Data Analysis Chapman & Hall. *CRC Texts in Statistical Science*.
- Goraga Z.S., Nassar M.K. and Brockmann G.A. 2011. Quantitative trait loci segregating in crosses between New Hampshire and White Leghorn chicken lines: I. Egg production traits. *Animal Genetics* 43, 183-9
- Guo, S. W. and Thompson, E. A. 1992. A Monte Carlo method for combined segregation and linkage analysis. *American journal of human genetics*, 51(5), 1111.
- Gürcan, E. K., Soysal, M. İ., ve Genç, S. 2010. Japon Bildircinlarında canlı ağırlık ile çeşitli vücut ölçüleri arasındaki ilişkilerin temel bileşenler analizi ile belirlenmesi. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 9(1), 27-33.
- Hagger, C., Stricker, C., Elston, R. C. and Stranzinger, G. 1995. Lack of evidence for segregation of a single dominant major gene as the cause of the difference in egg

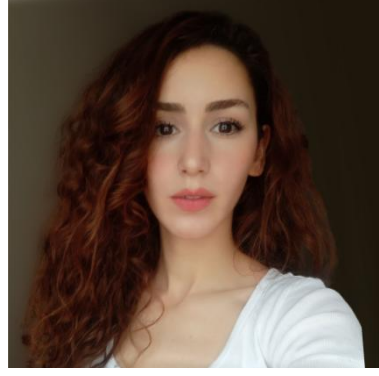
- weight between two highly inbred lines of chickens. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(1), 120-123.
- Hagger, C., Janss, L. L. G., Kadarmideen, H. N. and Stranzinger, G. 2004 Bayesian inference on major loci in related multigeneration selection lines of laying hens. *Poultry science*, 83(12), 1932-1939.
- Ilahi, H. and Kadarmideen, H. N. 2004. Bayesian segregation analysis of milk flow in Swiss dairy cattle using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, 36(5), 1-14.
- Ilahi, H. and Othmane, M. H. 2011. Bayesian segregation analysis of test-day milk yield in Tunisian Sicilo-Sarde dairy sheep. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 20(2), 161-170.
- Janss, L. L. G., Thompson, R. and Van Arendonk, A. M. 1995. Application of Gibbs sampling for inference in a mixed major gene-polygenic inheritance model in animal populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 91(6-7), 1137-1147.
- Kadarmideen, H. N. and Janss, L. L. 2005. Evidence of a major gene from Bayesian segregation analyses of liability to osteochondral diseases in pigs. *Genetics*, 171(3), 1195-1206.
- Karacaören, B., Kadarmideen, H. N. and Janss, L. L. 2006. Investigation of major gene for milk yield, milking speed, dry matter intake, and body weight in dairy cattle. *Journal of applied genetics*, 47(4), 337-343.
- Karacaören, B., ve Fırat, M. Z. 2012. Genetik ilerlemelerin hesaplanmasında kullanılan istatistiksel yöntemlerin karşılaştırılması.
- Karacaören, B., and Moslem, I. 2019. Investigation on presence of major gene for body weight, feed intake and feed efficiency using a segregation analyses in a mice population. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 66(4), 325-330.
- Liu, W., Li, D., Liu, J., Chen, S., Qu, L., Zheng, J., ... and Yang, N. 2011. A genome-wide SNP scan reveals novel loci for egg production and quality traits in white leghorn and brown-egg dwarf layers. *PloS one*, 6(12), e28600.
- Liu, Z., Sun, C., Yan, Y., Li, G., Shi, F., Wu, G., ... and Yang, N. 2018. Genetic variations for egg quality of chickens at late laying period revealed by genome-wide association study. *Scientific reports*, 8(1), 1-11.
- Munari, D. P. 2018. Bayesian inference of genetic parameters for reproductive and performance traits in White Leghorn hens. *Czech Journal of Animal Science*, 63(6), 230-236.
- Nangsuay, A., Ruangpanit, Y., Meijerhof, R. and Attamangkune, S. 2011. Yolk absorption and embryo development of small and large eggs originating from young and old breeder hens. *Poultry science*, 90(11), 2648-2655.
- Navarro, P., Visscher, P. M., Chatziplis, D., Koerhuis, A. N. M. and Haley, C. S. 2006. Segregation analysis of blood oxygen saturation in broilers suggests a major gene influence on ascites. *British poultry science*, 47(6), 671-684.

- Oleforuh-Okoleh, V. U. 2011. Estimation of genetic parameters and selection for egg production traits in a Nigerian local chicken ecotype. *ARPN Journal of Agricultural and Biological Science*, 6(12), 2006-2009.
- Pan, Y., Boettcher, P. J. and Gibson, J. P. 2001. Bayesian segregation analysis of somatic cell scores of Ontario Holstein Cattle. *Journal of dairy science*, 84(12), 2796-2802.
- Robert, R., Herault, F., Romé, H., Varenne, A., Chapuis, H., Vignal, A., ... and Le Roy, P. (2015, June). A linkage disequilibrium study in a layer chicken population. In 9. *European Symposium on Poultry Genetics* (p. np).
- Romé, H., Varenne, A., Héroult, F., Chapuis, H., Alleno, C., Dehais, P., ... and Le Roy, P. 2015. GWAS analyses reveal QTL in egg layers that differ in response to diet differences. *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 1-11.
- Sanchez, M. P., Bidanel, J. P., Zhang, S., Naveau, J., Burlot, T. and Le Roy, P. 2003. Likelihood and Bayesian analyses reveal major genes affecting body composition, carcass, meat quality and the number of false teats in a Chinese European pig line. *Genetics Selection Evolution*, 35(4), 385-402.
- Sanchez, M. P., Iannuccelli, N., Basso, B., Bidanel, J. P., Billon, Y., Gandemer, G., ...and Le Roy, P. 2007. Identification of QTL with effects on intramuscular fat content and fatty acid composition in a Duroc× Large White cross. *BMC genetics*, 8(1), 1-9.
- Sasaki, O., Odawara, S., Takahashi, H., Nirasawa, K., Oyamada, Y., Yamamoto, R., ... and Furukawa, T. 2004. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting body weight, egg character and egg production in F2 intercross chickens. *Animal genetics*, 35(3), 188-194.
- Savegnago, R. P., Caetano, S. L., Ramos, S. B., Nascimento, G. B., Schmidt, G. S., Ledur, M. C. and Munari, D. P. 2011. Estimates of genetic parameters, and cluster and principal components analyses of breeding values related to egg production traits in a White Leghorn population. *Poultry Science*, 90(10), 2174-2188.
- Schreiweis, M. A., Hester, P. Y. and Moody, D. E. 2005. Identification of quantitative trait loci associated with bone traits and body weight in an F2 resource population of chickens. *Genetics Selection Evolution*, 37(7), 1-22.
- Schulte-Drüggelte, R. and Thiele, H. H. 2013. Determining the optimum replacement schedule for commercial layers: does molting pay off. *Small*, 42(50), 6-58.
- Sewalem, A. and Johansson, K. 2000. Egg weight and reproduction traits in laying hens: estimation of direct and maternal genetic effects using Bayesian approach via Gibbs sampling. *Animal Science*, 70(1), 9-16.
- Sorensen, D., Gianola, D. and Gianola, D. 2002. Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics.
- Sorensen, D. A., Andersen, S., Gianola, D. and Korsgaard, I. 1995. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, 27(3), 229-249.

- Sun, C., Lu, J., Yi, G., Yuan, J., Duan, Z., Qu, L., ... and Yang, N. 2015. Promising loci and genes for yolk and ovary weight in chickens revealed by a genome-wide association study. *PloS one*, 10(9), e0137145.
- Szydlowski, M. and Szwaczkowski, T. 2001. Bayesian segregation analysis of production traits in two strains of laying chickens.
- Tůmová, E. and Gous, R. M. 2012. Interaction of hen production type, age, and temperature on laying pattern and egg quality. *Poultry Science*, 91(5), 1269-1275.
- Wang, C. S., Rutledge, J. J. and Gianola, D. 1994. Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genetics Selection Evolution*, 26(2), 91-115.
- Wolc, A., Arango, J., Settar, P., Fulton, J. E., O'sullivan, N. P., Preisinger, R., ... and Dekkers, J. C. M. 2012. Genome-wide association analysis and genetic architecture of egg weight and egg uniformity in layer chickens. *Animal Genetics*, 43, 87-96.
- Wolc, A., Arango, J., Jankowski, T., Dunn, I., Settar, P., Fulton, J. E., ... and Dekkers, J. C. M. 2014. Genome-wide association study for egg production and quality in layer chickens. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 131(3), 173-182.
- Yi, G., Liu, W., Li, J., Zheng, J., Qu, L., Xu, G. and Yang, N. 2014. Genetic analysis for dynamic changes of egg weight in 2 chicken lines. *Poultry science*, 93(12), 2963-2969.
- Zhang, L., Li, D. Y., Liu, Y. P., Wang, Y., Zhao, X. L. and Zhu, Q. 2012. Genetic effect of the prolactin receptor gene on egg production traits in chickens. *Genet Mol Res*, 11(4),4307-4315.

ÖZGEÇMİŞ

Fatma Fulya Çetin
ffulya94@gmail.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2018-2021	Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootečni Bölümü, Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2013-2018	Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Antalya