

# Genetik ilerlemelerin hesaplanmasında kullanılan istatistiksel yöntemlerin karşılaştırılması\*

Burak KARACAÖREN, Mehmet Ziya FIRAT

Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootehni Bölümü, Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı 07059-Antalya-TÜRKİYE

**Özet:** Seleksiyon indeksi, en çok genetik ilerleme elde etmek için oluşturulmuş, gözlemlerin doğrusal ağırlıklı bileşkesidir. Bu çalışma optimal seleksiyon yöntemlerinin varyans analizi, en çok olabilirlik ve kısıtlanmış en çok olabilirlik yöntemleri kullanılarak dengeli baba-bir üvey kardeş boğa modeliyle oluşturulmasına dayanmaktadır. Veri setleri Monte Carlo simülasyonu ile üretilmiştir. Adaylar ve akrabalarına ait bilgi seleksiyon indeksinde birleştirilmiştir. Varyans analizine dayalı geleneksel seleksiyon indeks kuramı, olabilirliğe dayalı olanlarla karşılaştırılmıştır. Hem ANOVA hem de olabilirliğe dayalı yöntemler, ANOVA'ya ait negatif kalıtım dereceleri tahminlerinin sifıra eşitlenmesi nedeniyle, benzer genetik ilerleme sonuçları vermiştir. Tahmini genetik ilerlemenin başarılı olan genetik ilerlemeye göre kalıtım derecesi ve fenotipik varyans tahminlerine daha duyarlı olduğu saptanmıştır.

Anahtar sözcükler: Başarılan genetik ilerleme, optimal genetik ilerleme, seleksiyon indeksi

## Comparison of statistical methods used in the calculation of genetic responses

**Summary:** The selection index is a linear weighted combination of observed measurements constructed so as to maximize genetic gain. The study is focused on the construction of optimum selection methods using analysis of variance, maximum likelihood and restricted maximum likelihood methods in a balanced univariate half-sib sire model. Data sets are simulated employing the Monte Carlo simulation method. Information on candidates themselves and their relatives are incorporated into a selection index. The conventional theory of selection index using analysis of variance method is compared with the likelihood based ones. Both ANOVA and likelihood based methods give similar results of selection responses due to setting the heritability estimates from ANOVA to zero if it is negative. It is found that the predicted response is more sensitive to the heritability and phenotypic variance estimates than the achieved response.

Key words: Achieved selection response, optimal selection response, selection index

## Giriş

Hayvansal üretimin esas amacı çiftlik hayvanlarından mümkün olan en yüksek ekonomik kazancı elde etmektir (7). Bunun için yüksek verimli hayvanları damızlığa ayırıp gelecek kuşakların bunların döllerinden oluşması sağlanmalıdır. Hayvan ıslahı çalışmalarında en büyük sorun, damızlık adaylarına ve akrabalarına ait bilginin bir araya getirilerek en az hata ile damızlık değerlerinin belirlenmesidir. Damızlık adaylarına ait verimleri farklı kaynaklardan gelen bilgilerle ilişkilendirip bireyleri karşılaştırılabilir kılmak, seleksiyon indeksinin oluşturulması ile mümkündür. Hayvan ıslahında genellikle gözlemlerin doğrusal bir bileşkesi olarak ifade edilen seleksiyon indeksi ile elde edilen değer hayvanları seleksiyon için sıralarken bir kriter olarak kullanılabilir.

Verilen bir parametrik modelde hayvan ıslahında uygulanacak ıslah yönteminin saptanmasında damızlık adaylarının genetik yapılarının tahmininde yararlanılan damızlık değer ve seleksiyon indeksinin hesaplanmasında

da varyans unsurları kullanılır (1). Son 40 yıl içerisinde matematik, istatistik ve bilişim teknolojilerindeki gelişmeler sonucu, varyans analizi (ANOVA), en çok olabilirlik (ML) ve kısıtlanmış en çok olabilirlik (REML) gibi farklı varyans unsurları tahmin yöntemleri geliştirilmiştir. Henderson'un (6) karışık model eşitliklerine dayanan basit algoritmaların yaygınlaşması ile Patterson ve Thompson (8)'un tanıttığı REML metodu, hayvan ıslahında karışık modellerin varyans unsurlarını tahmin etmede en çok kullanılan yöntem olmuştur.

Hayvan ıslahında seleksiyon indeksi ilk kez Hazel (5) tarafından uygulanmış, ancak Hazel ve Lush (4) önceden bunun üzerinde çalışmışlar ve çok sayıda karakter için seleksiyon yaparken tek karakter için seleksiyon, bağımsız seleksiyon sınırları ve seleksiyon indeks yöntemlerini karşılaştırarak seleksiyon indeksinin bazı kriterlere göre daha iyi olduğunu bildirmişlerdir. Falconer (3) seleksiyon indeks yönteminin etkinliği ve diğer yöntemlerden üstünlüğü üzerine çok sayıda çalışma

\* Bu çalışma Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir.

olduğunu bildirmiştir. Hazel (5) seleksiyon indeks yöntemini; karakterleri ekonomik katsayılarıyla ağırlıklandırıp, gözlemlerin doğrusal bir bileşkesi olarak ifade edilmesi esasına dayandırmıştır. Bu kuram daha sonra ilk kez kendi öğrencisi Henderson tarafından değişmiştir. Henderson, seleksiyon indeks kuramını basamaklandırmıştır. İlk adımda her bir karaktere ait damızlık değeri hesaplanıp, sonraki adımda bu değerler ekonomik katsayılarla ağırlıklandırılmıştır. Bu basamaklama ile, damızlık değerlerin daha doğru ve kompleks modellerden tahminine olanak sağlayan BLUP yönteminin uygulanabilmesi ve damızlık değerlerin tekrar hesaplanmadan farklı seleksiyon amaçları için farklı ekonomik katsayıların kullanılabilmesi sağlanmıştır. Ekonomik katsayıların değişkenliği sorunu için farklı bir yaklaşım ise doğrusal olmayan ve kısıtlanmış seleksiyon indeks yöntemleridir (2).

İndeks kuramı; dağılımın şekli ile fenotipik ve genotipik parametrelerin bilindiği varsayımlarına dayanmakta ve populasyonun sonsuz büyüklükte olduğunu kabul etmektedir. Fakat uygulamada ne parametreler bilinmektedir ne de sonsuz büyüklükte populasyondan mümkündür. Bu varsayımlar istatistik prensiplerinin uygulanabilmeleri için gereklidir ve parametreler yerine istatistikler kullanılmaktadır. Bu durum, seleksiyon indeksinin etkinliğini azaltmaktadır (9, 10). Sales ve Hill (9), istatistiklerin kullanılmasından kaynaklanan hatayı; birey ve baba bir öz kardeş ve üvey kardeş kayıtlarını kullanarak tek karakter için indeks yöntemi ile seleksiyon yapıldığında optimal, tahmini ve başarılı genetik ilerlemeleri hesaplayarak karşılaştırmışlardır.

Bu çalışmanın amacı, tek karakter için boğa ve kızlarına ait bilgiyi kullanarak seleksiyon indeksleri oluşturup, farklı istatistiksel yöntemler ve deneme desenlerinin başarılı ve tahmini genetik ilerlemelere etkilerini optimal ilerlemeyle karşılaştırmaktır.

### Materyal ve Metot

*Materyal* : Monte Carlo simülasyon yöntemi ile, farklı miktarlardaki istatistiksel bilgiyi temsil eden farklı kalıtım dereceleri ( $h^2$ ), boğa ( $s$ ), ve döl sayılarına ( $n$ ) ait toplam 216 deneme deseni için üretilen gözlemler çalışmanın materyalini oluşturmuştur. Her deneme desenine ait simülasyon 500 döngülü yapılmış, büyüklükleri boğa sayıları için  $s=10-150$ , döl sayıları için  $n=8-50$  ve kalıtım derecesi için  $h^2=0.1-0.9$  arasında değişmektedir. Simülasyon çalışmasında aşağıdaki boğa modeli kullanılmıştır

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

Burada,  $y_{ij}$   $i$ 'inci boğa ailesinin  $j$ 'inci dölüne ait fenotipik değer,  $\mu$  genel ortalama,  $s_i$   $i$ 'inci boğaya ait etki ve  $e_{ij}$  baba bir üvey kardeş aileleri içi değişkenliği temsil

eden hata terimidir. Şansa bağlı etkiler  $s_i$  ve  $e_{ij}$  birbirlerinden bağımsız dağılım gösterir ve  $s_i \sim N(0, \sigma_s^2)$ ,  $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$  ve  $\sigma_s^2$  ve  $\sigma_e^2$  sırasıyla boğa ve hata varyanslarıdır.

*Metot* : Tek karakter için genel seleksiyon indeks kuramı : Seleksiyon için her bir adaydan ve bazı akrabalarından elde edilen  $t$  bilgi kaynağının olduğu varsayalım. Örneğin,  $t=2$  bireyin performansı ve baba bir üvey kardeş aile ortalama performansdır.  $t$  indeks ağırlığından ibaret bir vektör olan  $\mathbf{b}$ 'ye sahip indeks aşağıdaki gibi ifade edilir (9).

$$I = \sum_{k=1}^t b_k x_k = \mathbf{b}'\mathbf{x} \quad [2]$$

Bu çalışmada [2] no'lu eşitlikteki indeks, bireyin aile ortalamasından sapması ( $x_1$ ) ve aile ortalamasının ( $x_2$ ) kısmi regresyon katsayılarıyla ağırlıklandırılarak kullanılmıştır:

$$I = b_1 x_1 + b_2 x_2$$

İndeks esas alınarak seçilen bir grup hayvanın ortalama indeks değeri  $\bar{I}$ 'dir. Bu grubun ve ebeveyn generasyonunun ortalama damızlık değerleri arasındaki fark olan beklenen genetik ilerleme  $R = \rho_{AI} \sigma_A (\bar{I} - \mu_I) / \sigma_I$ 'dir. Burada  $\rho_{AI}$  damızlık değer ile seleksiyon indeksi arasındaki korelasyon,  $\sigma_A^2$  toplamalı genetik varyans, ve  $\mu_I$  ve  $\sigma_I^2$  seleksiyon indeksinin ortalama ve varyansdır.  $(\bar{I} - \mu_I) / \sigma_I$  ifadesi seleksiyon diferansiyeli veya  $\bar{I}$  ile gösterilen seleksiyon yoğunluğu olup 1'e eşittir. Belirli bir populasyon ve  $(\bar{I} - \mu_I) / \sigma_I$  için, karakterin damızlık değerindeki yanıt, damızlık değer ve indeks arasındaki korelasyon maksimum iken en üst düzeye çıkar. Bu korelasyon, damızlık değerinin aday hayvanlara ait gözlemler üzerine regresyonu olarak maksimize edilir ve standart sapma cinsinden seleksiyon diferansiyelinin oranı olan genetik ilerleme aşağıdaki gibi ifade edilir

$$R = \rho_{AI} \sigma_A = \mathbf{b}' \sigma_g (\mathbf{b}' \Sigma_p \mathbf{b})^{-1/2} \quad [3]$$

Burada  $\Sigma_p$ , gözlemlerin,  $\mathbf{x}$ ,  $t \times t$  boyutlu varyans matrisi ve  $\sigma_g$  bireyin damızlık değeri ile gözlemlerin kovaryanslarının  $t$  boyutlu vektörü olup aşağıdaki biçimde yazılabilirler

$$\Sigma_p = \frac{\sigma_p^2}{4n} \begin{bmatrix} (n-1)(4-h^2) & 0 \\ 0 & 4+(n-1)h^2 \end{bmatrix} \text{ ve } \sigma_g = \frac{h^2 \sigma_p^2}{4n} \begin{bmatrix} 3(n-1) \\ n+3 \end{bmatrix}$$

Bu eşitliklerde,  $\sigma_p^2$  fenotipik varyanstır. Eşitlik [3]'teki korelasyon maksimize edilerek hesaplanan  $\mathbf{b}$  vektörü bireyin damızlık değerinin kısmi regresyon katsayılarını içerir.  $\sigma_p^2$  ve  $h^2$  parametreleri hatasız olarak biliniyorlarsa,  $\mathbf{b}$  vektörü aşağıdaki biçimde yazılabilir.

$$\mathbf{b}_{opt} = \Sigma_p^{-1} \sigma_g = \begin{bmatrix} \frac{3h^2}{4-h^2} \\ \frac{(n+3)h^2}{4+(n-1)h^2} \end{bmatrix} \quad [4]$$

İdeal şartlar altında kuramsal bir sonuç olan optimal genetik ilerlemeyi,  $R_{opt}$ , verir

$$R_{opt} = (\sigma'_g \Sigma_p^{-1} \sigma_g)^{\frac{1}{2}} = \frac{h^2 \sigma_p}{2\sqrt{n}} \left\{ \frac{9(n-1)}{4-h^2} + \frac{(n+3)^2}{4+(n-1)h^2} \right\}^{\frac{1}{2}} \quad [5]$$

Uygulamada,  $\Sigma_p$  ve  $\sigma_g$ 'nin tahminleri  $\hat{\Sigma}_p$  ve  $\hat{\sigma}_g$  mevcuttur. Tahmin edilen indeks ağırlıkları [4] nolu eşitlikte, tahmini genetik ilerleme ise [5] nolu eşitlikte bu parametre tahminleri yerine konularak elde edilir. Populasyonda seleksiyon için tahmin edilen indeks ( $\hat{I} = \hat{\mathbf{b}}' \hat{\mathbf{x}}$ ) kullanarak elde edilen başarılı genetik ilerleme aşağıdaki biçimdedir;

$$R^a = \frac{Cov(A, \hat{I})}{\sigma_j} = \hat{\mathbf{b}}' \sigma_g (\hat{\mathbf{b}}' \Sigma_p \hat{\mathbf{b}})^{\frac{1}{2}} = \frac{\hat{\sigma}'_g \hat{\Sigma}_p^{-1} \hat{\sigma}_g}{(\hat{\sigma}'_g \hat{\Sigma}_p^{-1} \Sigma_p \hat{\Sigma}_p^{-1} \hat{\sigma}'_g)^{\frac{1}{2}}} \quad [6]$$

İlgili parametre ile verilir ve istatistikler yerine konularak Eşitlik [6] elde edilir;

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

Gerçek ilerleme ( $R^a$ ) daima optimal ağırlıkları kullanarak elde edilen  $R_{opt}$ 'den daha az veya ona eşit olacaktır. Optimal indeks ( $I$ ) ve tahmin edilen indeks ( $\hat{I}$ ) değerleri arasındaki korelasyonun  $R^a/R_{opt}$ 'e eşit olduğu gerçeğinden kaynaklanmaktadır. Korelasyon katsayıları  $-1$  ve  $+1$  arasında olduğundan,  $R^a$ ,  $-R_{opt}$  ve  $+R_{opt}$  arasında değişir. Daha doğru tahminle,  $R^a$ 'nın değeri  $R_{opt}$  değerine daha yakın olacaktır. Optimal indeksten elde edilen genetik ilerlemeye oranla parametre tahminleri ile elde edilen genetik ilerlemedeki beklenen kayıp, *oransal kayıp* olarak ifade edilebilir:

$$L = \frac{E(R^a) - R}{R} \quad [7]$$

Aile büyüklüklerinin negatif varyans tahminine olanak sağlamayacağı bir büyüklük için, kalıtım derecesinin yansız tahmini mevcut ise,  $E(R^a)$  aşağıdaki gibi hesaplanabilir

$$E(R^a) = R_{opt} + \frac{1}{2} V(\hat{h}^2) \frac{\partial^2 R^a}{\partial \hat{h}^2} \Big|_{\hat{h}^2 = h^2} \quad [8]$$

Kalıtım derecesi tahmininin tanımlanan parametre aralığına düşeceği kabul edildiğinde, Taylor serisi yaklaşımıyla [8] no'lu eşitlikteki türev operatörü aşağıdaki gibi ifade edilir:

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

$D$  ve  $V(\hat{h}^2)$  kullanılarak ve  $s$ 'nin büyük olduğu varsayılarak [7] no'lu eşitlikteki kayıptaki etkinlik ve  $\hat{h}^2$ 'nin varyansı aşağıdaki gibi verilebilir:

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

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

Seleksiyon indeksinin etkinliği, tek karakter için seleksiyon yapıldığında elde edilen  $R_1$ ,  $R_1^a$  ve  $\hat{R}_1$  indeks yöntemi ile elde edilen genetik ilerlemelerle karşılaştırılarak gösterilebilir. Tek karakter için yapılan seleksiyonda ağırlıklar olmadığından optimal ( $R_1$ ) ve başarılı ( $R_1^a$ ) genetik ilerlemeler birbirine eşit olur. İki seleksiyon yöntemini karşılaştırmak için aşağıdaki formül kullanılır

$$\hat{R} / \hat{R}_1 = \left\{ 1 + \frac{(n-1)(1-\hat{h}^2)^2}{(4-\hat{h}^2)[4+(n-1)\hat{h}^2]} \right\}^{\frac{1}{2}} \quad [10]$$

## Bulgular

Farklı deneme desenleri için elde edilen optimal genetik ilerlemeler Tablo 1'de verilmiştir. Tablodan optimal genetik ilerlemenin kalıtım derecesi ve döl sayısının her ikisinin birden fonksiyonu olduğu görülmektedir. Optimal genetik ilerleme,  $h^2$  ve  $n$  arttıkça artmaktadır. Fakat döl sayısının artması özellikle düşük kalıtım dereceleri için etkili olmakta ve genetik ilerlemenin daha fazla artmasına sebep olmaktadır.

Tablo 1. Farklı aile büyüklükleri ve kalıtım derecelerinde optimal genetik ilerlemeler  
Table 1. Optimum selection responses for different family sizes and heritabilities

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

Farklı aile büyüklükleri ve kalıtım derecelerinde ML ve REML yöntemleri ile elde edilen  $\hat{R}$  ve  $R^a$ 'ya ait sonuçlar Şekil 1 ve 2'de  $R_{opt}$  ile kıyaslanarak verilmiştir.

Çalışmada ANOVA ve REML yöntemlerine ait  $\hat{R}$  ve  $R^a$ 'nın ortalamaları aile büyüklüğü veya kalıtım derecesine bakılmaksızın aynıdır. Çünkü,  $\hat{R}$  ve  $R^a$

değerleri hesaplanırken, ANOVA yönteminde  $\hat{h}^2$  0-1 aralığı dışına düştüğünde uygun limit değerine eşitlenir. Şekil 1 ve 2 incelendiğinde her iki yöntem ile elde edilen tahmini genetik ilerlemenin  $R_{opt}$ 'a göre yukarı doğru yanlı ve başarılı genetik ilerlemenin ise aşağı doğru yanlı olduğu görülmektedir. Küçük örnek büyüklükleri için bu yanlılık çok fazla iken, yeterli miktardaki örneklemede çok azdır.  $\hat{R}$ ,  $\hat{h}^2$ 'nin değerine oldukça duyarlıdır, çünkü  $\hat{R}$ ,  $\hat{h}^2$ 'ye ve aynı zamanda  $\hat{\sigma}_p^2$ 'ye oransaldır.  $h^2$  ve  $n$ 'nin artması  $\hat{R}$  ve  $R_{opt}$  arasındaki farkı küçültür.  $\hat{R}$ 'nin aksine, her üç yöntemle elde edilen  $R^a$  optimal genetik ilerlemeyi gereğinden daha az olarak tahmin eder ve aile büyüklüğü arttıkça optimal genetik ilerlemeye yaklaşır. Örnek büyüklüğü arttıkça  $\hat{R}$  ve  $R^a$  arasındaki fark da gittikçe azalır.

Bu yöntemlerle elde edilen  $R^a$ 'lar birbirine çok yakın olduğundan şekildeki noktalı çizgi her iki yöntemle bulunan başarılı genetik ilerlemeyi temsil etmektedir. Genetik ilerleme kalıtım derecesinin bir fonksiyonudur. Boğa sayısının artması ile  $R^a$  ve  $\hat{R}$  değerleri  $R_{opt}$ 'a yaklaşır ve  $h^2$  ve  $s$  sabit tutulduğunda  $n$  arttıkça genetik ilerlemenin de arttığı görülmüştür. Boğa sayısı ve dölllerinin fazla olması, seleksiyon indekslerinin oluşturulması için gerekli tahminlerin daha gerçekçi bir şekilde bulunmasını sağlayabilir. Böylelikle doğru boğaların seçilme olasılığı artar. Boğaların dölleri daha yüksek genetik ilerlemenin elde edilmesini sağlayarak  $R^a$  optimal genetik ilerlemeye yaklaşabilir.

Fenotipik varyans 1'e eşit olduğunda  $n=20$  ve  $n=5$  ve farklı  $h^2$ 'ler için, tek karakterli seleksiyondan ve baba-bir üvey kardeş aile ortalaması performansından elde edilen  $R^a$  değerleri Şekil 3'de verilmiştir. Tek karakterli seleksiyonda genetik ilerleme sadece  $h^2$ 'nin bir fonksiyonudur ve tek karakterli seleksiyona ait optimal genetik ilerleme, baba-bir üvey kardeş aile ortalaması performansına ait ilerlemeye eşit veya daha küçük olduğu görülmektedir.

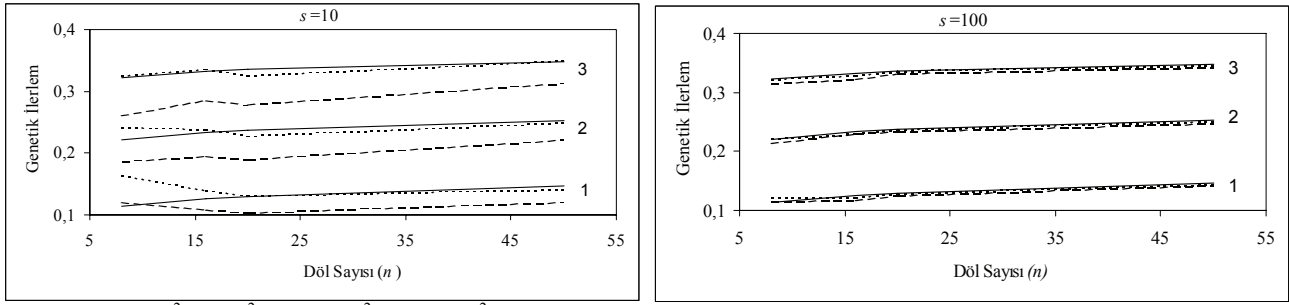
Kalıtım derecesine ait değişik parametre ve tahmin değerleri için  $\hat{R}/\hat{R}_1$ 'in  $R^a/R_1$  ile karşılaştırılması Şekil 4'de yapılmıştır.  $\hat{h}^2 < h^2$  olduğunda baba-bir üvey kardeş aile ortalaması ile elde edilen seleksiyon indeksinin, tek karakter için seleksiyona göre avantajları daha fazla,  $\hat{h}^2 > h^2$  olduğunda ise daha azdır. Örneğin,  $n=5$  ve  $h^2=0.4$  için  $R_{opt}/R_1=1.0351$ ,  $\hat{h}^2=0.2$  için  $\hat{R}/\hat{R}_1=1.0679$  ve  $\hat{h}^2=0.6$  için  $\hat{R}/\hat{R}_1=1.0146$ 'dır.  $\hat{h}^2$ 'nin 0.2-0.6 aralığı için  $R^a/R_1$  değeri, 1.0298 ile 1.0304 arasında değişir. Bu örnekten ve Şekil 4'ten yola çıkarak, seleksiyon

indeksi ile elde edilen  $R^a$ 'nın, tek karakter için seleksiyondan elde edilen  $R_{opt}$ 'dan daha üstün olduğu anlaşılmaktadır. Döl sayısının  $n=5$ 'den  $n=20$ 'ye çıkması, seleksiyon indeksinden elde edilen genetik ilerlemeyi tek karakter için yapılan seleksiyondan elde edilene göre daha fazla arttırmaktadır. Örneğin,  $\hat{h}^2=0.2$  ve  $n=5$  için, seleksiyon indeksine göre elde edilen  $\hat{R}$ , tek karakter için seleksiyondan elde edilenin 1.0679 katı iken,  $n=20$  için bu üstünlük 1.292 kata yükselmektedir. Fakat, düşük  $\hat{h}^2$ 'lar, tek karakter için seleksiyondan elde edilen genetik ilerlemeyi daha fazla etkilemektedir.

Aynı deneme desenleri kullanıldığında,  $D$  katsayısı ve oransal kayıp ( $L$ ) değerlerinin farklı kalıtım derecelerinde döl sayısına bağlı olarak nasıl davrandıkları Şekil 5'de gösterilmiştir. Görüldüğü üzere döl sayısı ve kalıtım derecesinin her ikisinin de artması  $D$  katsayısını azaltmakta, bu ise oransal kaybı ( $L$ ) azaltmaktadır. Şekil 5'teki oransal kayıp bir aile için hesaplanmıştır. Dolayısı ile gerçek kayıp, şekildeki değerlerin aile sayısına bölünmesi ile bulunur. Örneğin,  $n=20$  ve  $h^2=0.4$  ise, Şekil 5'ten  $D$  katsayısı -3.1659 olarak bulunur; bu  $L=-3.1659^{V(\hat{h}^2)/R_{opt}}$  anlamına gelmektedir. Buna karşılık  $n=20$  ve  $h^2=0.4$  için, Şekil 5'den  $L=-0.2631$  olarak bulunur. Bu değer, 100 boğadan oluşan bir aile için yapılan analizden elde edilen -0.0026 (%-0.26) değerine eşdeğerdir.

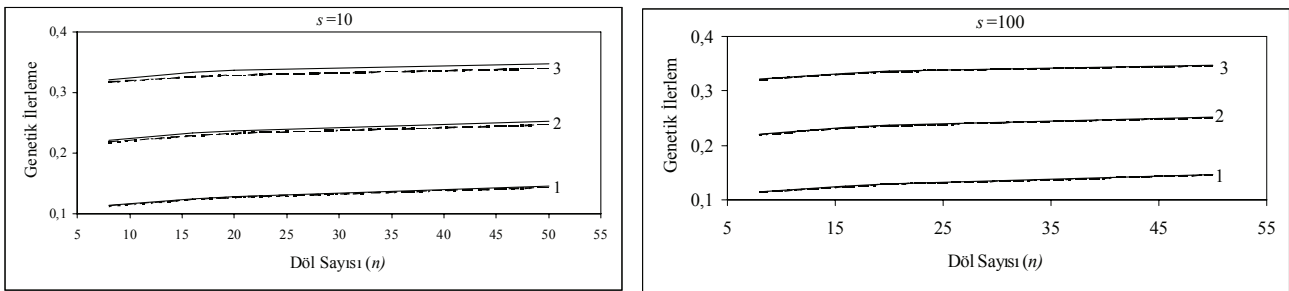
Şekil 3'den de görüldüğü gibi, seleksiyon indeksi yeterince büyük ailelerin genetik ilerlemesine katkıda bulunur ve bu durumda  $R^a$ 'ya ait eğriler, maksimumu daha belirgin olarak gösterirler. Buna karşılık oransal kayıp aile büyüklüğündeki değişimlere çok duyarlı olmadığı halde  $D$  katsayısı oldukça duyarlıdır. Döl sayısının artması oransal kaybı azaltmakla birlikte, bu etki özellikle boğa başına döl sayısı yaklaşık 40 olana kadar sürmekte daha sonra kayıptaki azalım azalan oranlarda artmaktadır.

Akrabalardan elde edilen bilginin indekse dahil edilip edilmemesi veya sadece bireylerin fenotiplerine göre seleksiyonu hakkındaki karar genellikle seleksiyon indeksi ve tek karakterli seleksiyondan elde edilen tahmini genetik ilerlemelerin karşılaştırılması sonucu verilir. Örneğin,  $n=20$  ve  $h^2=0.1$  için,  $R_{opt}/R_1=1.292$  olup en iyi indeksin tek karakterli seleksiyondan elde edilen indeksten 1.292 kat daha üstün olduğu anlamındadır. Yani seleksiyon indeksi ile %29.2 kat daha fazla kazanç sağlanır. Bu örnek için oransal kayıp  $L=-0.2317$  ve  $R_{opt}/R_1 \times L=-0.299$  bulunur. Kalıtım derecesinin tahmininin,  $\hat{h}^2$ ,  $s=25$  aileden hesaplanması durumunda %0.299x100/25 kadar kayıp olacaktır, yani kazanç yaklaşık olarak %29.2-%1.196=%28.0'e düşecektir.



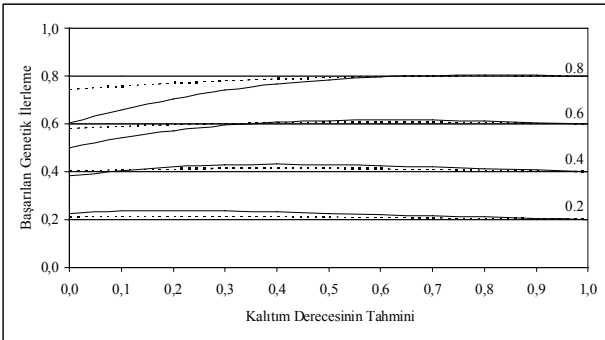
Şekil 1. Farklı  $h^2$  (1:  $h^2=0.1$ , 2:  $h^2=0.2$ , 3:  $h^2=0.3$ ), boğa ( $s=10, 100$ ) ve döl sayılarında ( $n=8-50$ ) optimal genetik ilerlemenin [ $R_{opt}$  (—)], ML [ $\hat{R}_M$  (----)] ve REML [ $\hat{R}_R$  (- - -)] ile elde edilen tahmini genetik ilerlemelerle ( $\hat{R}$ ) karşılaştırılması.

Figure 1. Comparison of optimum genetic [ $R_{opt}$  (—)] and estimated responses obtained from ML [ $\hat{R}_M$  (----)] and REML [ $\hat{R}_R$  (- - -)] for different  $h^2$  (1:  $h^2=0.1$ , 2:  $h^2=0.2$ , 3:  $h^2=0.3$ ), sires ( $s=10, 100$ ) and number of daughters ( $n=8-50$ ).



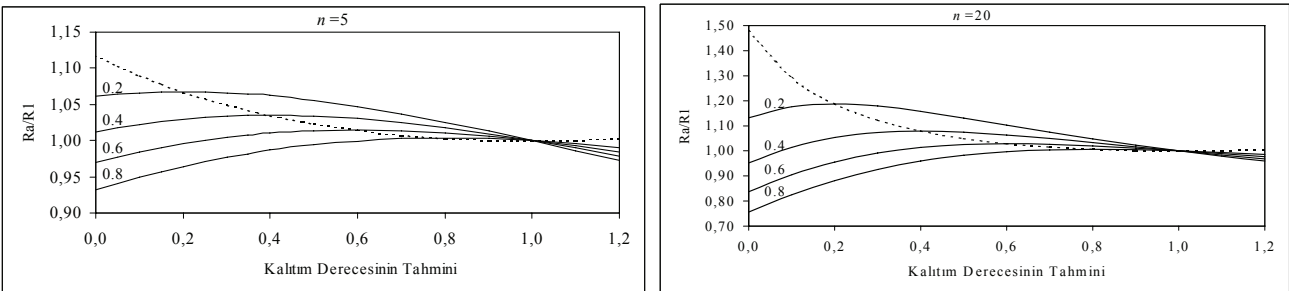
Şekil 2. Farklı  $h^2$  (1:  $h^2=0.1$ , 2:  $h^2=0.2$ , 3:  $h^2=0.3$ ), boğa ( $s=10, 100$ ) ve döl sayılarında ( $n=8-50$ ) optimal genetik ilerlemenin [ $R_{opt}$  (—)], ML [ $R_M^a$  (----)] ve REML [ $R_R^a$  (- - -)] ile elde edilen başarılı genetik ilerlemelerle ( $R^a$ ) karşılaştırılması.

Figure 2. Comparison of optimum genetic [ $R_{opt}$  (—)] and achieved responses obtained from ML [ $R_M^a$  (----)] and REML [ $R_R^a$  (- - -)] for different  $h^2$  (1:  $h^2=0.1$ , 2:  $h^2=0.2$ , 3:  $h^2=0.3$ ), sires ( $s=10, 100$ ) and number of daughters ( $n=8-50$ ).



Şekil 3. Kalıtım derecesinin tahmini ( $\hat{h}^2$ ) farklı kalıtım dereceleri ( $h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$ ) ve döl sayıları [ $n=5$ (----),  $20$ (—)] kullanılarak hesaplanan genetik ilerlemeler (Yatay çizgiler tek karakterli seleksiyondan elde edilen başarılı genetik ilerlemeyi göstermektedir)

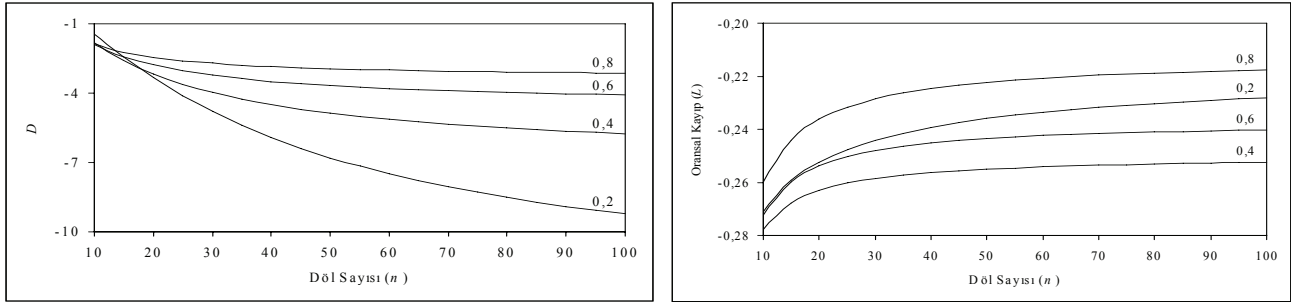
Figure 3. Achieved response against the estimate of the heritability ( $\hat{h}^2$ ) for different heritabilities ( $h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$ ) and number of progenies [ $n=5$ (----),  $20$ (—)] (The horizontal lines show the achieved response from individual selection)



Şekil 4. Farklı kalıtım dereceleri ve döl sayılarında ( $n=5, 20$ ) indeks ile elde edilen başarılı genetik ilerlemenin tek karakterli seleksiyondan elde edilen optimal genetik ilerlemeyle (—) ve indeks ile elde edilen tahmini genetik ilerlemenin tek karakterli seleksiyondan elde edilen tahmini genetik ilerlemeyle (----) karşılaştırılması

Figure 4. Comparison of achieved genetic responses obtained from individual and index selection (—) and predicted genetic responses obtained from individual and index selection (----) for different heritabilities and number of progenies ( $n=5, 20$ ).





Şekil 5.  $D$  katsayısı ve oransal kaybın farklı kalıtım dereceleri ( $h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$ ) ve döl sayılarına duyarlılıkları ( $s=100$ )

Figure 5. Sensitivity of  $D$  coefficient and proportional loss for different heritabilities ( $h^2=0.2, 0.4, 0.6, 0.8$ ) ve number of progenies ( $s=100$ )

Bununla birlikte, Şekil 4,  $\hat{h}^2$ 'nin kendi parametre değerine,  $h^2$ , yakın olmadığı sürece,  $\hat{R}/\hat{R}_1$  oranının indeks kullanılarak elde edilen orana,  $R^a/R_1^a$ , göre daha zayıf bir tahmin verdiğini ifade etmektedir. Bu değerler sırasıyla  $\hat{R}/\hat{R}_1=1.083$  ve  $R^a/R_1^a=1.495$  olarak bulunmuştur.  $\hat{h}^2$ 'nin kendi parametre değerine yakın olma olasılığı başlangıç denemesindeki  $\hat{h}^2$  örnekleme dağılımına bağlıdır. Örneğin, döl sayısı  $n=20$  ve kalıtım derecesinin 0.1 ile 0.4 aralığı için, oransal kayıp,  $L$ , -0.2631 ile -0.2524 aralığında olmaktadır; yani  $h^2$ 'yi tahmin etmek için  $s$  boğa kullanıldığında kayıp yaklaşık olarak  $\%25/s$  olacaktır. Böylece  $\%1$  veya daha az kayıp için yaklaşık olarak her birinin 20 dölü olan 25 boğaya gerek vardır. Eğer gerçekten kalıtım derecesi 0.4'e eşitse, bu durumda 50 boğa ile kayıp  $\%0.5$ 'e düşürülür ki bu da uygulamada ihmal edilebilir.

### Tartışma

Bu çalışma optimal seleksiyon yöntemlerinin varyans analizi, en çok olabilirlik ve kısıtlanmış en çok olabilirlik yöntemleri kullanılarak dengeli baba-bir üvey kardeş boğa modeliyle oluşturulmasına dayanmaktadır. Aday hayvanlar ve akrabalarına ait bilgi seleksiyon indeksinde birleştirilmiştir. Varyans analizine dayalı geleneksel seleksiyon indeks kuramı olabilirliğe dayalı olanlarla karşılaştırıldığında, ANOVA'ya ait negatif kalıtım dereceleri tahminlerinin sıfıra eşitlenmesi nedeniyle, bu yöntemler benzer sonuçlar vermiştir. Tahmini genetik ilerlemenin başarılı genetik ilerlemeye göre kalıtım derecesi ve fenotipik varyans tahminlerine daha duyarlı olduğu saptanmıştır.

### Kaynaklar

1. **Bek Y, Fırat MZ, Cebeci Z, Pekel E** (1998): *Çiftlik Hayvanlarının Genetik İslahında Bayesian Metodu Kullanarak, Verime Etki Yapan Unsurların Tahmini Algoritmaları ve İslah İçin En Uygun Bilgisayar Programının Geliştirilmesi*, Proje No: VHAG-1221, Tübitak Bilimsel ve Teknik Araştırma Kurumu, Adana.
2. **Brascamp EW** (1977): *Sensitivity of Overall Economic Gain and Correlated Responses to Variation in Economic Weights in an Aggregate Genotype for Pigs*. The 28th Meeting, European Association for Animal Production, 22-25 August.
3. **Falconer DS** (1989): *Introduction to Quantitative Genetics*. Third Edition, John Wiley and Sons, New York.
4. **Hazel LN, Lush JL** (1942): *The efficiency of three methods of selection*. J. Heredity, **33**, 393-399.
5. **Hazel LN** (1943): *The genetic bases for constructing selection indexes*. Genetics, **28**, 476-490.
6. **Henderson CR** (1984): *Application of Linear Models in Animal Breeding*. Univ. of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.
7. **Kumlu S** (1999): *Hayvan İslahı*. Türkiye Damızlık Sığırcı Yetiştiricileri Merkez Birliği Yayınları, Ankara.
8. **Patterson HD, Thompson R** (1971): *Recovery of interblock information when block sizes are unequal*. Biometrics, **58**, 545-554.
9. **Sales J, Hill WG** (1976): *Effect of Sampling Errors in Efficiency Of Selection Indices 1. Use of Information From Relatives for Single Trait Improvement*. Animal Production, **22**, 1-17.
10. **Sales J, Hill WG** (1977): *Effect of Sampling Errors in Efficiency of Selection Indices 2. Use of Information on Associated Traits for Improvement of an Important Single Trait*. Animal Production, **23**, 1-14.

Geliş tarihi: 13.09.2010 / Kabul tarihi: 02.12.2011

### Yazışma adresi:

Mehmet Ziya Fırat, Prof. Dr.  
Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi,  
Zootekni Bölümü, Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı,  
07059-Antalya  
e-mail : mzfirat@akdeniz.edu.tr