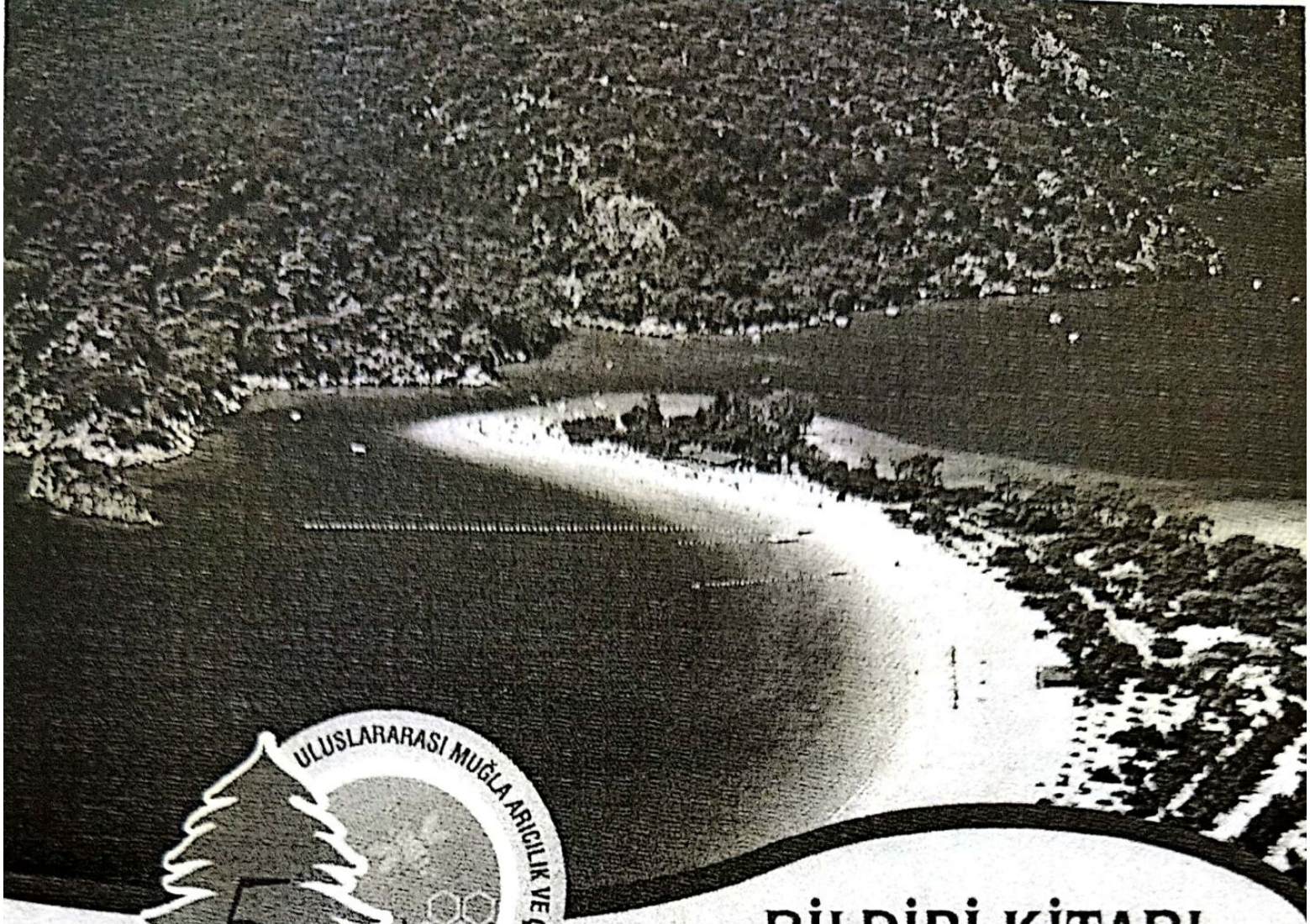


ULUSLARARASI MUĞLA ARICILIK VE ÇAM BALI KONGRESİ

5.

1-5 Kasım 2016

BİLDİRİ KİTABI

5.ULUSLARARASI MUĞLA ARICILIK VE ÇAM BALI KONGRESİ

1-5 KASIM 2016

ÖLÜDENİZ - MUĞLA

DÜZENLEYEN

MAYBİR

MUĞLA

GEKA

DESTEKLEYEN

www.muglacongress.org

CamScanner ile tarandı

PP-1: Bombus Arısı Koloni Özelliklerine Ait Genetik Parametre Tahmininde Birey ve Familya Modelinin Karşılaştırılması

Abdullah Nuri Özsoy[1], Sedat Aktan[1], Aşkın Galiç[2], Fehmi Gürel[2], Ayhan Gösterit[1]

[1]Süleyman Demirel Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, Isparta, Türkiye (*Sorumlu yazar: nuriozsoy@sdu.edu.tr; ayhangosterit@sdu.edu.tr; sedataktan@sdu.edu.tr)
[2]AkdenizÜniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, Antalya, Türkiye (fgurel@akdeniz.edu.tr; galic@akdeniz.edu.tr)
#Bu çalışmaTürkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu tarafından desteklenmiştir (Proje no: TUBİTAK - 114O645)

Amaç: BLUP (en iyi doğrusal yansız tahmin) 1949' da Henderson tarafından geliştirilen ve günümüzde hayvanların genetik ıslahında en çok kullanılan yöntemdir. BLUP metodu tahminleri karışık model olarak adlandırılan doğrusal eşitliklerin çözümü ile elde edilir. Bundan dolayı BLUP tahminlerini elde etmek için öncelikle model oluşturmak gereklidir. Genetik parametre ve damızlık değeri tahmininde en yaygın olarak kullanılan model birey modelidir (animal model). Bombus arıları koloni halinde yaşan böceklerdir. Bu nedenle her bir koloni bir familya olarak değerlendirilebilir. Dolayısıyla bombus arısı kolonilerinin genetik değerlendirmesinde familya modelinden de faydalanılabilir. Yapılan bu çalışmada bombus arısında koloni gelişim özelliklerinden toplam işçi arı sayısı, toplam erkek arı sayısı ve toplam ana arı sayısı özelliklerine ait genetik parametre tahminleri birey ve aile modelleri kullanılarak karşılaştırılmıştır.

Materyal ve Metot: Çalışmada kullanılan birey modeli ve familya modeli unsurları şu şekildedir;
Birey modeli;

$$y = X\beta + Za + e$$

Familya modeli;

$$y = X\beta + ZF + e$$

Modelde; β; sabit etkiler vektörünü, a; şansa bağlı hayvan etkileri vektörünü ~ $N(0, I\sigma^2_a)$, F; şansa bağlı familya etkileri vektörünü ~ $N(0, I\sigma^2_F)$, e; şansa bağlı hata vektörü~ $N(0, I\sigma^2_e)$' i göstermektedir.

Sonuç: Her iki model kullanılarak yapılan tahminlere göre, bombus arılarında genetik parametre tahminlerinin elde edilmesinde familya modellinin de uygun bir model olabileceğini göstermektedir.

CamScanner ile tarandı

PP-1: Comparison of Individual and Family Models on Estimation of Genetic Parameters for Colony Traits in Bumblebee

Abdullah Nuri Özsoy[1], Sedat Aktan[1], Aşkın Galiç[2], Fehmi Gürel[2], Ayhan Gösterit[1]

[1]Süleyman Demirel University, Faculty of Agriculture, Department of Animal Science, Isparta, Turkey (*Corresponding author: nuriozsoy@sdu.edu.tr; ayhangosterit@sdu.edu.tr; sedataktan@sdu.edu.tr)
[2]AkdenizUniversity, Faculty of Agriculture, Department of Animal Science Antalya, Turkey (fgurel@akdeniz.edu.tr; galic@akdeniz.edu.tr)
#This study was supported by the Scientific and Technical Research Council of Turkey (Grant number: TUBITAK – 114O645).

Aim: Best linear unbiased prediction (BLUP) which is the developed by Henderson (1949) is the most widely used methods for genetic evaluation on the genetic improvement of domestic livestock. The estimations of BLUP method are obtained by solving the linear equation called as mixed model. Therefore, it is necessary to create models to obtain the BLUP estimations. Individual model (animal model) is the most widely used for estimates of genetic parameters and breeding value. Bumblebees are social insects that live in colonies headed by single queen. Therefore each colony can be considered as a family, and family model can be used for genetic evaluation of bumblebees. In this study, estimations of genetic parameters for some bumblebee colony traits such as total number of workers, males and gynes (young queens) were compared by using individual and family models.

Material and Method: The following individual and family models were used in the study:
Individual model;

$$y = X\beta + Za + e$$

Family model;

$$y = X\beta + ZF + e$$

where: β; vector of fixed effects, a; vector of random animal effect ~ $N(0, I\sigma^2_a)$, F; vector of random family effects ~ $N(0, I\sigma^2_F)$, e; vector of random error ~ $N(0, I\sigma^2_e)$.

Conclusion: Estimations obtained from two models showed that family model can be suitable for estimations of genetic parameters in bumblebees.

CamScanner ile tarandı