

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**FARELERDE CANLI AĞIRLIK VE YEM TÜKETİMİNDEN SORUMLU
MAJOR GEN VARLIĞININ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ**

Issam MOSLEM

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2018

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**FARELERDE CANLI AĞIRLIK VE YEM TÜKETİMİNDEN SORUMLU
MAJOR GEN VARLIĞININ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ**

Issam MOSLEM

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2018

ANTALYA

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

**FARELERDE CANLI AĞIRLIK VE YEM TÜKETİMİNDEN SORUMLU
MAJOR GEN VARLIĞININ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ**

**Issam MOSLEM
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından FYL-2018-3006 nolu proje ile desteklenmiştir.**

HAZİRAN 2018

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

FARELERDE CANLI AĞIRLIK VE YEM TÜKETİMİNDEN SORUMLU MAJOR
GEN VARLIĞININ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ

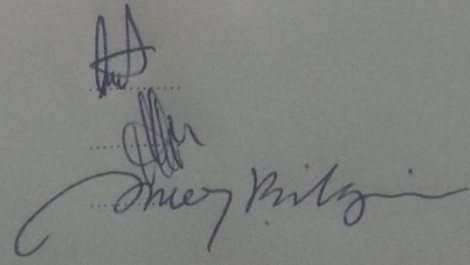
Issam MOSLEM
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 29/06/2018 tarihinde jüri tarafından Oybirliği/Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Burak KARACAÖREN

Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT

Prof. Dr. Ömer Cevdet BİLGİN



ÖZET

FARELERDE CANLI AĞIRLIK VE YEM TÜKETİMİNDEN SORUMLU MAJOR GEN VARLIĞININ SEGREGASYON ANALİZİ İLE İNCELENMESİ

Issam MOSLEM

Yüksek Lisans Tezi, Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Burak KARACAÖREN

Haziran 2018; 113 sayfa

Günümüzde yapılan moleküler çalışmalarda: pek çok kantitatif fenotipin poligenik ve major genlerce yönlendirildiği ortaya konmuştur. Moleküler genetik ve istatistikteki son gelişmeler, genetik çeşitliliği açıklamak için major genlerin tanımlanmasını ve kullanılmasını sağlamıştır. Bu bağlamda segregasyon analizi sadece fenotip ve pedigrig bilgilerini kullanan: hızlı, güvenilir ve ucuz bir yöntemdir. Bu tez çalışmasının ana amacı: bir fare populasyonunda canlı ağırlık, yem etkinliği ve yem tüketiminin poligenik etkilere ek olarak major gen tarafından yönlendirilip yönlendirilmediğinin segregasyon analizi ile incelenmesidir. Bu amaçla daha önceden toplanan bir veri seti kullanılmıştır. 12 adet M16 ve 12 adet ICR fare hatlarının çaprazlanmasıyla 66 adet F1 oluşturulmuştur. F1 kendilenerek F2 populasyonu ($n=661$) oluşturulmuş ve 8. hafta canlı ağırlıkları, yem tüketimi ve yem etkinliği ölçülmüştür. Varyans unsurları Gibbs örnekleme ile tahmin edilmiştir. Bu çalışmada segregasyon analizi ile eklemeli genetik varyans, hata varyansı, major gen varyansı, eklemeli ve baskın gen etkileri tahmin edilmiştir. Canlı ağırlıkta; dominant etkinin (1.04) eklemeli gen etkisinden (7.32) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 44.21$), poligenik varyansdan daha büyük ($\sigma_u^2 = 4.46$) bulunmuştur. Major gen frekansı ise $p = 0.47$ ve $q = 1 - p = 0.53$ bulunmuştur. Poligenik model kullanılarak kalıtım derecesi tahmini $h^2 = 0.29 (\pm 0.63)$ ve major gen modelinde kalıtım derecesi $h^2 = 0.81 (\pm 0.98)$ olarak bulunmuştur. Yem tüketimi analizlerinde dominant etki (24.88) ve eklemeli gen etkisi (28.80) olarak bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 919.99$) ve poligenik varyansı ($\sigma_u^2 = 132.29$) olarak bulunmuştur. Major gen frekansı ise $p = 0.38$ ve $q = 1 - p = 0.62$ bulunmuştur. Poligenik model kullanılarak kalıtım derecesi tahmini $h^2 = 0.35 (\pm 0.63)$ ve major gen modelinde kalıtım derecesi $h^2 = 0.96 (\pm 0.98)$ olarak bulundu. Yem etkinliği için dominant etki (- 0.00347) ve eklemeli gen etkisi (0.05073) olarak bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 0.00221$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 0.00017$) yüksek bulunmuştur. Major gen frekansı $p = 0.60$ ve $q = 1 - p = 0.40$ bulunmuştur. Poligenik model kullanılarak kalıtım derecesi tahmini $h^2 = 0.52 (\pm 0.63)$ ve major gen modelinde kalıtım derecesi $h^2 = 0.81 (\pm 0.98)$ olarak bulundu. Major gen varlığı en yüksek yoğunluk olasılık bölgeleri incelenerek belirlenmiştir. Her ne kadar canlı ağırlık ve yem tüketimi için major gen belirlenmiş olsa da, mendelci geçiş olasılıkları bu sonucu doğrulamamıştır. Yem etkinliğinde ise major gen olmadığı tespit edilmiştir.

ANAHTAR KELİMELERE: Bayesçi analiz, Gibbs örnekleme, Kantitatif fenotip, Major gen, Segregasyon analizi.

JÜRİ: Doç. Dr. Burak KARACAÖREN

Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT

Prof. Dr. Ömer Cevdet BİLGİN



ABSTRACT

INVESTIGATION ON THE EXISTENCE OF MAJOR GENE RESPONSIBLE FOR BODY WEIGHT AND FEED INTAKE USING A SEGREGATION ANALYSIS IN A MICE POPULATION

Issam MOSLEM

MSc Thesis in Animal Science

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Burak KARACAÖREN

June 2018; 113 pages

Recent molecular studies have revealed that many quantitative phenotypes are directed by polygenic and major genes. Recent developments in molecular genetics and statistics have allowed the identification and use of major genes to explain the genetic variation. In this context, segregation analysis is a fast, reliable and inexpensive method that uses only phenotype and pedigree information. The main aim of this thesis study is to examine whether body weight, feed intake and feed efficiency in a mouse population are directed by major gene in addition to polygenic and major gene effects by segregation analysis. For this purpose, previously collected dataset was used. 66 F1 were created by crossing 12 M16 and 12 ICR mouse lines. F2 population ($n = 661$) was formed by F1 selfing. Body weight, feed intake and feed efficiency were measured at 8 weeks. Variance components were estimated by Gibbs sampling. In this study, genetic variance, error variance, major gene variance, additive and dominant gene effects were estimated by segregation analyses. Dominant variance (1.04) was found to be smaller than the additive genetic variance (7.32) for body weight. Polygenic variance ($\sigma_u^2 = 4.46$) was found to be smaller than the major gene variance ($\sigma_G^2 = 44.21$) with major gene frequencies of $p = 0.47$ and $q = 0.53$. Polygenic and major gene heritability predicted as $=0.29 (\pm 0.63)$ and $0.81 (\pm 0.98)$ respectively. Dominant effect (24.88) was found to be smaller than additive gene effect (28.80) for feed intake. Polygenic variance ($\sigma_u^2 = 132.29$) was found to be smaller than the major gene variance ($\sigma_G^2 = 919.99$) with major gene frequencies of $p = 0.38$ and $q = 0.62$. Polygenic and major gene heritability predicted as $=0.35 (\pm 0.63)$ and $0.96 (\pm 0.98)$ respectively. Dominant effect (-0.00347) was found to be smaller than additive gene effect (0.05073) for feed efficiency. Polygenic variance ($\sigma_u^2 = 0.00017$) was found to be smaller than the major gene variance ($\sigma_G^2 = 0.00221$), with major gene frequencies of $p = 0.60$ and $q = 0.40$. Polygenic and major gene heritability predicted as $=0.52 (\pm 0.63)$ and $0.81 (\pm 0.98)$ respectively. Existence of major gene was determined by examining the highest probability density regions. Although the major gene has been identified for body weight and feed intake, this result is not confirmed by the mendelian transition probabilities. In feed efficiency, it was determined that there is no major gene for feed efficiency.

KEYWORDS: Bayesian analyses, Gibbs sampling, Major gene, Quantitative phenotype, Segregation analysis.

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Burak KARACAÖREN

Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT

Prof. Dr. Ömer Cevdet BİLGİN



ÖNSÖZ

Tez çalışması boyunca her emeği geçen ve türlü desteğini benden esirgemeyen sevgili hocam Doç. Dr. Burak KARACAÖREN'e çok teşekkür ederim. Akdeniz Üniversitesi Zootekni Anabilim Dalı'nda tüm hocalarıma, aileme ve arkadaşlarıma her türlü destekleri için teşekkür ederim. Yüksek lisans yapmam sırasında maddi ve manevi destek sağlayan Yurtdışı Türkler ve Akraba Topluluklar Başkanlığı'na ve tez kapsamında hazırlanan projeye maddi destek sağlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Projeleri Yönetim Birimi'ne teşekkürlerimi sunarım.



İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ	v
AKADEMİK BEYAN	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ	xii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	5
2.1. Segregasyon Analizi.....	6
3. MATERYAL VE METOT	15
3.1. Materyal.....	15
3.2. Metot	15
4. BULGULAR.....	19
4.1. Tanıtıcı İstatistikler.....	19
4.2. Normallik Ve Dönüştürümlerin (Transformasyonların) İncelenmesi	19
4.3. Canlı Ağırlık İçin Major Gen Analizleri	24
4.3.1. Canlı ağırlık için poligenik modeli	24
4.3.2. Canlı ağırlık için segregasyon analizi.....	26
4.4. Major Gen Modelin Yakınsaması İle İlgili Sonuclar	31
4.5. Poligenik Modelin Yakınsaması İle İlgili Sonuclar	32
4.6. Yem Tüketimi İçin Major Gen Analizleri.....	33
4.6.1. Yem tüketimi için poligenik modeli	33
4.6.2. Yem Tüketimi İçin Segregasyon Analizi	35
4.7. Yem Etkinliği İçin Major Gen Analizleri.....	39
4.7.1. Yem etkinliği için poligenik modeli	39
4.7.2. Yem Etkinliği İçin Segregasyon Analizi	41
5. TARTIŞMA	45
6. SONUÇLAR	49
7. KAYNAKLAR	51
8. EKLER.....	57

EK 1. Canlı ağırlık ve dönüştürümü (transformasyonu) için testleri	57
EK 2. Yem tüketimi ve dönüştürümü (transformasyonu) için testleri	77
EK 3. Yem etkinliği ve dönüştürümü (transformasyonu) için testleri	97
ÖZGEÇMİŞ	



AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Farelerde canlı ağırlık ve yem tüketiminden sorumlu major gen varlığının segregasyon analizi ile incelenmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

29/06/2018

Issam MOSLEM



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
e_{ijk}	: hata etkisi
σ^2_e	: Hata varyans
σ_u^2	: Poligenik varyans
h^2	: Kalıtım derecesi
μ_{AA}	: genotip AA'nın eklemeli etkisini
σ^2_a	: eklemeli varyansı
σ^2_G	: major gen varyansı
p	: major gen frekansı
β	: cinsiyet etkisini
u	: rassal eklemeli poligenik etkileri
m	: genotip ortalamaları
e	: rassal hatayı
e_{ij}	: rasgele hata terimi
μ	: genel ortalama
y_{ijk}	: k. bireye ait gözlem
u_i	: i.babanın şansa bağlı etkisi
v_{ij}	: i.baba ile çiftleşen j.ananın şansa bağlı erkesi

Kısaltmalar

QTL : Quantitative Trait Loci - Kantitatif Karakter Lokus

SA : Segregasyon Analizi

EYSY : En Yüksek Sonsal Yoğunluk

SNP : Single Nucleotide Polimorphism - Tek Nükleotid Polimorfizmi

DNA : Deoksiribo Nükleik Asit - Bir nükleik asit çeşiti

ABT : Sırtın Yağ Kalınlığı Ortalaması

NTY : Napoli'nin Teknolojik Verimi

GTN : İyi Emzik Numarası;

FTN : Sahte Emzik

MPM : Tahmini Marjinal Sonsal Ortalamaları

MPSD : Marjinal Sonsal Standart Sapmalar

MY : Süt Verimi

MS : Sağım Hızı

SD : Sonsal Standart Sapması

IMF : Kas İçi Yağ

BMSA : Bayesçi segregasyon analizi yöntemleri

MCMC : Markov Zinciri Monte Carlo

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1. Canlı ağırlık ve farklı dönüştürümlerin Kolmogorov-Smirnov normallik testi.....	21
Şekil 4.2. Yem tüketimi ve farklı dönüştürümlerin Kolmogorov-Smirnov normallik testi.....	22
Şekil 4.3. Yem etkinliği ve farklı dönüştürümlerin Kolmogorov-Smirnov normallik testi.....	23
Şekil 4.4. Canlı ağırlık için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi, ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.....	29
Şekil 4.5. Yem tüketimi için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi, ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.....	38
Şekil 4.6. Yem etkinliği için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi, ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.....	44
EK 1. Canlı ağırlık ve dönüştürümü (transformasyonu) için testlerin Şekilleri.....	57
EK 2. Yem tüketimi ve dönüştürümü (transformasyonu) için testlerin Şekilleri.....	77
EK 3. Yem etkinliği ve dönüştürümü (transformasyonu) için testlerin Şekilleri.....	97

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Major gen etkileri ve varyans oranlarının marjinal sonsal dağılımlarının özellikleri.....	8
Çizelge 2.2. Bayesçi segregasyon analiz sonuçları: Marjinal sonsal ortalamalar (mpm), marjinal sonsal standart sapmalar (mpsd) ve en yüksek sonsal yoğunluk bölgesi % 95.....	9
Çizelge 2.3. 40 000 Gibbs örneğine Karışık kalıtım modelinde (ilk laktasyon) süt akışı parametrelerinin tahmini marjinal sonsal ortalamaları (mpm), marjinal sonsal standart sapmalar (mpsd) ve% 95'inde en yüksek sonsal yoğunluk bölgesi (EYSY 95%).....	10
Çizelge 2.4. Süt verimi (MY) ve sağım hızı (MS) için %95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırlarının karma kalıtım modellerinden ve sonsal standart sapması (SD).....	10
Çizelge 2.5. Kuru madde tüketimi (DMI) ve canlı ağırlık (BW) için karışık kalıtım modellerinden parametrelerin sonsal ve standart sapması (SD) ve % 95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırları.....	11
Çizelge 2.6. Marjinal sonsal ikizleme oranı için standart sapmalar (SD) ve %95 EYSY 'ler.....	12
Çizelge 2.7. 50.000 Gibbs örneği göre tahmini marjinal sonsal Churra süt koyunlarında toplam süt verimi için karma bir genel modelden ve sol ve sağdan %95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerine (EYSY% 95) uyumlu parametreler	13
Çizelge 2.8. İki popülasyonda (Kıbrıs ve Yunan) süt verimi için, sonsal kalıtım modelinden ve% 95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY95%) sol ve sağ sınırlarından parametrelerin sonsal ve standart sapmaları.....	14
Çizelge 2.9. Kıbrıslı popülasyonda yağ içeriği ve doğum ağırlığı için sonsal ve standart kalıtım değerleri ile karma kalıtım modelinden ve% 95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY 95%) sağ ve sol sınırlarından parametreler.....	14
Çizelge 4.1. Canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği ile ilgili tanıtıcı istatistikler.....	19
Çizelge 4.2. Canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği için Kolmogorov Smirnov normallik testi sonuçları.....	20

Çizelge 4.3. 50.000 Gibbs örneğine göre, canlı ağırlık için poligenik modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.....	24
Çizelge 4.4. Doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümleri için poligenik modelden varyans bileşenleri ve (EYSY %95) için marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	25
Çizelge 4.5. 50.000 Gibbs örneğine göre, canlı ağırlık için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.....	26
Çizelge 4.6. 50.000 Gibbs örneğine göre, kotanjant ve doğal logaritma dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar	27
Çizelge 4.7. 50.000 Gibbs örneğine göre, kare kök ve logaritma dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	28
Çizelge 4.8. 50.000 Gibbs örneğine göre, sinüs ve kosinüs dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	28
Çizelge 4.9. AA, AB ve BB genotiplerinden kalıtıma uğrayan A alelinin geçiş olasılıklarının %95 En yüksek Sonsal Yoğunlukların (EYSY) sol vesağ sınırları.....	30
Çizelge 4.10. Canlı ağırlık, doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.....	31
Çizelge 4.11. Yem tüketimi, doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.....	31
Çizelge 4.12. Yem etkinliği, üssel, sinüs, kosinüs, tanjant, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.....	31

Çizelge 4.13. Canlı ağırlık, logaritmik, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.....	32
Çizelge 4.14. Yem tüketimi, doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.....	32
Çizelge 4.15. Yem etkinliği, üssel, sinüs, kosinüs, tanjant, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.....	32
Çizelge 4.16. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem tüketimi için poligenik modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.....	33
Çizelge 4.17. Doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümleri için poligenik modelden varyans bileşenleri ve (EYSY %95) için marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	34
Çizelge 4.18. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem tüketimi için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar (EYSY %95) için özet istatistikler.....	35
Çizelge 4.19. 50.000 Gibbs örneğine göre, Kare kök ve doğal logaritma dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	36
Çizelge 4.20. 50.000 Gibbs örneğine göre, sinüs ve logaritma dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	37
Çizelge 4.21. 50.000 Gibbs örneğine göre, kotanjant ve kosinüs dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	37
Çizelge 4.22. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem etkinliği için poligenik modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar (EYSY%95) için özet istatistikler.....	39

Çizelge 4.23. Üssel, sinüs, kosinüs, tanjant ve kotanjant dönüştürümleri için poligenik modelden varyans bileşenleri ve (EYSY %95) için marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	40
Çizelge 4.24. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem etkinliği için major gen modelinden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.....	41
Çizelge 4.25. 50.000 Gibbs örneğine göre, üssel dönüştürümü için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	42
Çizelge 4.26. 50.000 Gibbs örneğine göre, sinüs ve kosinüs dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	43
Çizelge 4.27. 50.000 Gibbs örneğine göre, tanjant ve kotanjant dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.....	43

1. GİRİŞ

Hayvan ıslahı çalışmalarında fenotiplerin kalıtım düzeneklerinin belirlenmesi önem arz etmektedir. Özellikle fenotipi yönlendiren genlerin sayısı ve etki çeşitleri halen araştırılan güncel konular arasındadır (Timpson vd. 2018).

Moleküler genetik ve istatistikteki son gelişmeler, genetik çeşitliği açıklamak için major genlerin tanımlanmasını ve kullanılmasını sağlamıştır. Segregasyon analizi kullanılarak major genlerin incelenmesi uygulama için önem arz etmektedir (Janss 1996; Sorensen ve Gianola 2002). Her ne kadar kantitatif bir fenotipin sadece bir major gen ile denetlenmesi mümkün olmasa da, poligenik kalıtıma ek olarak fenotipi yönlendiren major bir genin varlığının belirlenmesi ıslah çalışmaları için faydalı olabilmektedir (Daş 2015). QTL (Kantitatif Karakter Lokus) çalışmaları dünyada yaygın olarak araştırılmış ancak Türkiye'de bu konuda yeterince çalışma yapılamamıştır. Bunun en büyük nedeni, pedigrî ve fenotip kayıtlarının Türkiye genelinde tutulmamasıdır (Daş 2015).

Segregasyon Analizi, major genlerin saptanması ve tanımlanması için şu anda kullanılan en iyi yöntemlerden biridir (Karaca ve Cemal 2006). Her ne kadar işaretleyici (marker) temelli genomik (veya QTL) çalışmalar ucuzlamaları nedeni ile artık sıklıkla kullanılmaya başlansa da, Türkiye gibi gelişmekte olan ülkelerde segregasyon analizi halen uygulamada faydalı olabilir durumdadır. Genomik (seleksiyon) çalışmalar için tarama ücretleri her ne kadar düşüş gösterse de gelişmekte olan ülkeler için moleküler ıslah çalışmaları halen erişilebilir değildir. Bu bağlamda segregasyon analizi sadece fenotip ve pedigrî bilgilerini kullanan hızlı, güvenilir ve ucuz bir yöntemdir (Janss 1996; Karacaören vd. 2006).

Major genlerin belirli bir çiftlik hayvanı türünde belirlenmesi hızlı bir şekilde genetik ıslah çalışmalarına olanak tanıyacaktır (Janss 1996). Segregasyon analizi Elston ve Stewart tarafından major gen ve poligenik etkileri kullanarak gözlenen fenotiplerin istatistiksel olarak modellenmesinde kullanılmıştır (Elston ve Stewart 1971). İnsanlardan farklı olarak hayvan ıslahı çalışmalarında daha derin pedigrîlerin kullanılması gerekmektedir. Major genler baskın veya çekinik allel varyantlarına göre iki farklı fenotipik grup oluşturabilir: hasta veya sağlıklı süt sığırları gibi. Bundan farklı olarak eklemeli gen etkileri üç farklı fenotipik kategori oluşturacaktır (AA, AB, BB gibi).

Kantitatif karakterler et, süt, yapağı verim ölçütlerine dayalı olarak, süreklilik gösterme ya da göstermemeye (kesikli olarak) bağlı olarak, döl verim ölçütlerinin iki kısımdan oluştuğunu saptamıştır (Hoeschele 1988; Karaca vd. 1992). Kantitatif karakterler, özellikle eşikli karakterler, çevre etmenlerinden yüksek derecede etkilenmektedir. Dolayısı ile genetik varyasyon, genel varyasyonun çok küçük bir kısmını oluşturmaktadır. Buna bağlı olarak damızlık seçiminde doğruluk düşük düzeyde olmaktadır. Sonuç olarak, verim özelliklerinin ıslahında sağlanan yıllık genetik ilerleme oranı ancak %1-3 kadar olmaktadır (Smith 1985). Çiftlik hayvanlarında verim özelliklerine etkili major genlerin ortaya çıkması, doğal olarak kantitatif teoriye yeni bir boyut kazandırmıştır. Bu nedenle, insan, hayvan ve bitkilerde yer alan major genlerin belirlenmesi ve genotip ayrımları için son dönemlerde farklı istatistikî yöntemler ortaya konmuştur (Elsen ve Le Roy 1995; Karlin vd. 1979; Le Roy ve Elsen 1991, 1992;

Kammerer vd. 1984; Famula 1986; Knott vd. 1991; Hoeschele 1988; Le Roy 1989; Szwaczkowski 1993; Elston ve Stewart 1971).

Cemal ve Karaca'nın (2006) çiftlik hayvanlarında major genleri inceleme yöntemlerini şu şekilde gruplandırmış:

- normal dağılıştan sapmalar,
- aile içi dağılış heterojenliği,
- aile içi varyans heterojenliği,
- aile içi ortalama varyans regresyonu,
- ebeveyn döl regresyonu,
- populasyon parametrelerindeki değişmeler,
- yapılandırılmış veri arama analizleri,
- segregasyon analizi,
- işaretleyici kullanımı

ve bunlardan segregasyon analizi yönteminin en güçlü istatistiki yöntem olduğunu, pedigree dahil eldeki bütün bilginin değerlendirildiğini, kalıtım derecesi tahmini dahil daha fazla ek bilgi verdiğini bildirmiştir.

Hayvancılıkta genetik parametrelerin tahmin edilmesi, çoğunlukla kantitatif karakterlerin doğası göz önüne alındığında, son derece önemlidir (Lynch ve Walsh 1998). İslah çalışmalarında fenotiplerin, birçok gen tarafından kontrol edildiği ve bunların küçük bir etkiye sahip olduğu kabul edilmektedir. Bireysel genler moleküler çalışmalar olmadan doğrudan gözlenemez.

Bununla birlikte, ticari karakterler üzerinde önemli etkileri olan genler uygun koşullarda tespit edilmiştir. Dikkat çekici örnekler, tavuklarda görülen cücelik geni (Merat ve Ricard 1974), koyunlarda ovulasyon hızını etkileyen Booroola geni (Piper ve Bindon, 1982; Piper ve diğerleri, 1985), sığırdaki çift kas geni (Rollins vd. 1972; Hanset ve Michaux 1985a, b) ve domuzlarda halotan duyarlılığını belirleyen gen (Smith ve Bampton 1977) olarak verilebilir.

Mendel'in bezelyelerle ilgili denemelerinden önce de kalıtımın var olduğu bilinmekteydi. Mendel'in dikkatle ve uzun yıllar boyunca yaptığı bezelye denemeleri ise döllerde gözlenen fenotiplerin atalarından yavrularına değişmeden "faktörler" ile geçtiğini ve inanılan aksine atalardaki fenotiplerin karışımlarından doğmadığını ortaya koydu. Bu "faktörler" daha sonra "gen" olarak Wilhelm Johannsen tarafından isimlendirildi.

Roberts ve Smith (1982) ve Falconer ve Mackay (1996), yapmış oldukları çalışmada, kantitatif bir karakteri, bütün lokuslarda frekansları benzer, eklemeli ve baskın ilişkilere de sahip olduğu çok sayıda genin etkilendiğini, bu nedenle kantitatif

karakterlerin kalıtımının poligenik modele dayandığını bildirmiştir (Kinghorn vd. 1994). Kantitatif karakterler, çok sayıda gen tarafından kontrol edilen özelliklerdir. Bu genler kromozom üzerinde bölgelerde yer alırlar ve bu bölgeler kantitatif karakter lokusları (QTL) olarak adlandırılır. Zootekni'de kantitatif karakterler yaygın olarak ıslah çalışmaları için kullanılır, bu nedenle seleksiyonda kullanılmak üzere kantitatif karakterler ile ilgili QTL'lerin ve major genlerin varlığını belirlemek araştırmacıların hedefi haline gelmiştir.

Çevre etkileri sabit tutulabilirse, fenotipe etkili genler tespit edilebilir ve deneme desenleri bu amaçla kullanılabilir. Teorik olarak mükemmel deneme kurulamaz; her zaman beklenmeyen miktarda hata sürece katılacaktır. Çeşitlilik model organizmalar kullanılarak başarılı bir şekilde azaltılabilir. Örneğin insanlarda bu tip ıslah veya çaprazlama denemeleri etik ve diğer nedenlerden yapılamaz. Benzer şekilde kuşaklar arası sürenin uzun olması nedeniyle pek çok çiftlik hayvan türü üzerinde etkin denemeler kurmak pahalı ve zaman alıcıdır. Bazen zaman ve para olsa da bazı uygulamalar (muameleler) yine de mümkün değildir. Bu anlamda fare (*Mus musculus*) memelilerde genetik çalışmalar için uygundur. Takip eden bilgiler Silver (1995)'den derlenmiştir. Küçük, ucuz, üretken ve ıslahının kolay olması fare'lerin genetik çalışmalarda değerini arttırmaktadır. Günümüzde farklı fare hatları insan karakterleri obesite ve diyabet vs için model olarak kullanılmaktadır.

Fare genomu pek çok memelininkine benzer olarak yaklaşık üç milyon baz çifti (base pair, bp) içerir. 19 çift homolog kromozom ve tek bir çift cinsiyet kromozomu genomunu oluşturur. Fare ve pek çok diğer memeli genleri arasında yüksek oranda homoloji vardır. Örneğin hem insan hem de fare genomu 10-20 milyon bp'lik evrimden kurunmuş büyük parçalar bulundurmaktadır. Sonuç olarak fare genomunu 130-170 parçaya bölerek ve farklı şekillerde birleştirilerek insan genomuna benzetmek mümkündür. Yine diğer memelilerde olduğu gibi otozomal kromozomlar mayoz bölünme aşamasında rekombinasyona uğrar, böylece yavruya geçen kromozomlar büyük ebeveynlerinin kromozomlarının mozaiksel karışımından oluşur. Ama krossover (parçacık değişimi) oranları memelilerde farklıdır. Örneğin fare'nin krossover oranı insan krossover oranının yarısı kadardır.

Fare üzerine bilimsel çalışmalar ilk olarak W.E. Castle tarafından 20. Yüzyılın başlarında başlatılmıştır. Takip eden yıllarda hem kendisi hem öğrencileri homojen hatlar yaratmak üzerine çalışmışlardır. Genetik olarak homojen hatlar genetik çeşitliliğin kontrolünde kullanılabilir. Ayrıca aynı fare hatlarıyla çalışan farklı laboratuvarların sonuçları karşılaştırılabilir. Genetik olarak homojen fare hatları erkek-kız kardeş çiftleştirmeleri ile yapılmaktadır. Kuşaklar sonra lokus sabitlenmektedir. Ve bir lokus polimorfik değil ise takip eden kuşaklarda da böyle kalmaktadır. Major genler ilk olarak insanlar üzerinde yapılan en çok olabilirlik yöntemleri ile incelenmiştir (Elston ve Stewart 1971). Son zamanlarda DNA tekniklerinin gelişmiş olması, hem insan hem de tarımsal genetik çalışmalarda major genlerin kullanılabilirliğini mümkün kılmıştır. Zhang vd. (1994) farelerde obesite geninin belirlemiştir.

Mendel'den bu yana genetik faktörlerin kuşaktan kuşağa aktarıldığı bilinmektedir. Genlerin yerlerinin tespiti hayvan ıslahı çalışmalarında hem genomik seleksiyon veya işaretleyici destekli seleksiyon yöntemi ile ekonomik fayda getirecek

şekilde kullanılabilir. Örneğin seleksiyon ana karnında dahi yapılabilir veya hastalıklı/yüksek verimli genlere sahip bireyler rahatlıkla ayıklanabilir veya damızlığa ayrılabilir. Ama işaretleyici bilgisinin elde olmadığı durumlarda: bu sürece sadece pedigrî ve fenotip ile yaklaşmak amaçlanmalıdır. Özellikle Türkiye gibi gelişmekte olan ülkelerde halen moleküler ıslah çalışmaları ekonomik nedenlerden uygulanabilir değildir. Segregasyon analizi (SA) bu bağlamda daha ucuz ve erişilebilir bir seçenek olarak kullanılabilir.

Bu tezde farelerde F2 kuşağı için canlı ağırlığı, yem tüketimi ve yem etkinliği (Ehsani vd. 2012) fenotiplerinden sorumlu major bir gen olup olmadığı segregasyon analizi (Janss 1996) ile incelenecektir. Varyans unsurları Gibbs örnekleme ile tahmin edilmiştir. Gibbs örneklemesinin yakınsaması: kısa (50000) markov zincirlerinin beş tekrarı ile uzun bir markov zincirinin (500.000) karşılaştırılması, zincirlerin otokorelasyonlarının t testi ile analiz edilmesi, ilgili yakınsama şekillerin incelenmesi ve $\hat{R}$ test istatistiğinin 1 değerine yakınsamasının incelenmesi ile belirlenmiştir. İncelenen Gibbs örneklemelerinin ilk 5000'i hedef dağılıştan uzak olması nedeni ile uzaklaştırılmıştır (burn in). Buna ek olarak örnekleme arasındaki yüksek korelasyon nedeni ile her 100. örnek kayıt edilerek ilgili parametrelerin sonsal dağılışı incelenmiştir. Üzerinde durulan fenotip'de major gen olup olmadığı (hipotez testi) major gen ve poligenik varyans dağılışıra ait en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (highest posterior density regions) (EYSY) 0 içerip içermediğine bakılarak karar verilmiştir. Buna ek olarak fenotipin Mendelci bir kalıtım izleyip izlemediğini belirlemek için Mendelci geçiş olasılıklarına ait en yüksek sonsal yoğunluk bölgeleri incelenmiştir.

2. KAYNAK TARAMASI

Geleneksel hayvan ıslahı kuramı: Nicel fenotiplerin küçük etkili pek çok gen tarafından yönlendirildiğini kabul eder (Gianola ve Soransen 2002). Her ne kadar günümüzde işaretleyiciler ile genler ve fenotipler üzerindeki etkileri doğrudan belirlenmeye çalışılsa da, DNA bilgisi olmadan sadece pedigrî ve fenotiplerle bazı özet istatistikler, kalıtım derecesi, damızlık değeri gibi parametreler tahmin edilebilir.

Bununla birlikte tezin bu bölümünde gösterildiği üzere bazı fenotiplerin belirli bir varyansı major genlerce de yönlendirilmektedir. Çevre ve poligenik etkilerin varlığı ve bunların etkileşimleri major genlerin varlığını ortaya koymak için bazı sorunlar çıkartabilmektedir. Hayvan ıslahında istenen fenotipik düzeyine sahip sürüler oluşturabilmek için melezlemeler yapılmaktadır. Eğer üzerinde çalışılan bir popülasyonda major gen varlığı tespit edilebilecek olur ise: seleksiyon çok daha etkin bir şekilde gerçekleştirilebilir. Major genlerin kullanılması: geleneksel ıslah programlarına oranla çok daha hızlı bir şekilde genetik ilerleme elde edilebilmektedir (Cemal ve Karaca 2006). Elston ve Stewart (1971)'da major gen varlığını inceleyen segregasyon analizini insanlar için tanımlamıştır. Segregasyon analizi ebeveynlerde alellerin ayrışma uğradığı popülasyonlarda kullanılabilir. Gibbs örnekleyicisi karışık kalıtım modeli ile insan popülasyonlarında yorumlamalar yapmak için kullanılmıştır (Guo ve Thompson 1992). Bu model: farklı gen etkilerine bağlı olarak üretilen senaryoların olasılıklarının karşılaştırılması ve en çok olasılık yöntemi ile parametrelerin tahmin edilmesine dayalıdır. Segregasyon analizi elde doğru pedigrî, fenotip ve bunlar arasında bir ilişki olduğu önkabülüne dayalıdır. Pedigrî içinde belli aileler'den daha fazla bilgi gelebilir, bu durumda heterojenliği kabul eder. Bunu tanımlamak için farklı genetik modeller kullanılır. Segregasyon analizi eşanlı olarak major lokus, poligenik ve çevresel etkileri modele tanımlar. Sıfır hipotezi fenotipin major bir gen tarafından yönlendirilmediğini ifade eder. Farklı genetik modeller bu amaçla karşılaştırılabilir:

-Sadece major gen,

-Sadece poligenik etkiler,

-Major gen ve poligenik etkiler,

-Major gen, poligenik etkiler ve çevresel etkiler gibi karışık modeller kullanılabilir.

Bu durumda tek bir lokus için ebeveynlerin genotipik şartlı dağılımları Mendelci beklenen dağılımlar için yazılabilir. Kalıtım derecesi major gen olmaksızın sadece eklemeli poligenik unsur için hesaplanabilir. Buna göre örneğin sadece poligenik model ve poligenik ile major gen etkilerini içeren modellerin karşılaştırılmasına göre major genlerin var olup olmadığı incelenmiştir. Bununla birlikte hayvan ıslahı çalışmaları, insanlardan farklı olarak çok daha derin pedigrilere ihtiyaç duyar ve bu da hesaplamalarda bazı zorluklar çıkartabilmektedir (Janss 1996). Gibbs örnekleme bu durumda hesaplamaların basitçe gerçekleştirilmesine olanak tanır.

Gibbs örnekleme yöntemi karışık modeller üzerinden, integrale ihtiyaç duymadan sonsal dağılımlardan örnekleme yapmak için kullanılmıştır (Guo ve Thompson 1992). Bu bağlamda Gibbs örnekleme yönteminin özellikle derin pedigrilerde, hesaplamaların zor olduğu durumlarda olabilirlik yöntemlerine oranla çok daha faydalı olduğu gösterilmiştir (Geman ve Geman 1984). Diğer bir deyişle Gibbs örnekleme yöntemi şartlı dağılımlardan örnekleme yapmak için, özellikle Bayesçi modellerde kullanılan bir algoritmadır. Hayvan ıslahı çalışmalarında Gibbs örnekleme yöntemi Wang vd. (1994) tarafından ilk kez doğrusal modellerde varyans unsurlarının tahmininde kullanılmıştır. Sorensen vd. (1995) doğrusal olmayan modellerde, Fırat (1995) Boğa modellerinde, Karacaören (2006) ise devingen damızlık değerlerinin tahmininde Gibbs örnekleme yöntemi kullanmıştır. Gibbs örnekleme yöntemi, ilgili tüm rastgele değişkenlerin tam şartlı dağılımlarına dayanan bir ortak dağılımdan örnekler elde etmek için kullanılan bir tekniktir. MCMC teorisi, Gibbs örnekleme dağılımı altında üretilen örneklerin sabit dağılımının hedef ortak dağılım olduğunu garanti eder. Gibbs örnekleme yöntemi Bayesçi yorumlamada posterior (sonsal) dağılımı ve olasılık fonksiyonunu karakterize etmek için kullanılabilir (Tanner 1993).

Tezin bu bölümünde segregasyon analizi ile major gen incelemesi yapan çalışmalar derlenmiş ve çalışmalar hakkında kısaca bilgi verilmiştir.

2.1. Segregasyon Analizi

Elston ve Stewart (1971) yapmış oldukları segregasyon analizini, insanlarda tek lokus aktarımının olasılıklarının, Mendel yasalarına göre uyumunu test etmek amacıyla kullanmışlardır. Diğer bir çalışmada ise, Morton ve MacLean (1974), segregasyon analizi (SA) için major lokus yanında poligenik unsurlara ve çevresel etkilere dayanan yeni bir görüş ortaya konmuştur. Elston ve Stewart (1971) ve Morton ve MacLean (1974) tarafından ortaya konulan bu yaklaşımlar son zamanlarda yapılan çeşitli çalışmalarda, hayvan genetiği için modifiye edilerek kullanılmıştır (Le Roy 1989; Le Roy vd. 1990; Knott vd. 1991). Segregasyon analizi, genetik ve çevresel etkileri içeren verilerin farklı genetik modeller altında olabilirliklerinin karşılaştırılmasına dayanmaktadır.

Segregasyon analizi major genlerin sadece pedigriler ve fenotipler ile belirlenebilmesini ucuz ve etkin bir şekilde sağlamaktadır. Major gen belirlenmesi için poligenik model altındaki verilerin olabilirliği maksimize edilmesi ve poligenik unsurlar ile major gen etkisini kapsayan kombine model verilerin maksimum olabilirlikleri ile karşılaştırılmaktadır. Bu yöntemde, gözlemlerin olasılıklarını ifade eden, farklı parametrelere (genotip gurupları için ortalama ve hata varyansı, kalıtım derecesi, genotip frekansları vb. gibi) bağlı olarak tüm pedigriler bilgilerine dayanarak, bilgi vermektedir.

Major genler ilk olarak insanlar üzerinde yapılan en çok olabilirlik yöntemleri ile incelenmiştir (Elston ve Stewart 1971). Segregasyon analizi ebeveynlerde alellerin ayrışma uğradığı popülasyonlarda kullanılabilir. Gibbs örnekleme yöntemi karışık kalıtım modeli ile insan popülasyonlarında yorumlamalar yapmak için kullanılmıştır (Guo ve Thompson 1992). Gibbs örnekleme yöntemi şartlı dağılımlardan örnekleme yapmak için, özellikle Bayesçi modellerde kullanılan bir algoritmadır (Geman ve Geman 1984). Böylece bileşik dağılımlardan hem poligenik hem de major gen etkileri örneklenebilir. Janss ve Werf (1992) F1 ve F2 popülasyonundaki hata varyansındaki farklılıkların,

major gen parametrelerinin önyargılı tahminlerine yol açtığını ve major gen bileşeninin önemini test etmeyi etkilediğini gösterdi.

Son zamanlarda DNA tekniklerinin gelişmiş olması, hem insan hem de tarımsal genetik çalışmalarda major genlerin kullanılabilirliğini mümkün kılmıştır. Zhang vd. (1994) farelerde obesite geninin belirlemiştir. Bu bağlamda denetimli çevre şartlarında yetiştirilen ve istenen çiftleştirme desenlerinin rahatlıkla yapılabildiği fare çalışmaları hem insan hem zootekni için önem arz etmektedir. Janss vd. (1997) domuz melezlerinde büyüme, yağ ve döl verimi ile ilgili major genlerin varlığını incelemiştir. Hollandalı Meishan Crossbreds domuzlarında büyümeyi, yağ birikimini ve doğum ağırlığını etkileyen major genleri tespit etmek için segregasyon analizi kullandılar. Meishan ile Avrupalı "Beyaz" domuz hatları arasında bir çapraz kesimin F1 ve F2 populasyonunda major genlerin varlığı, büyümeyi, yağ birikimini ve doğum ağırlığı özellikleri açısından araştırıldı. Bu çalışmada Meishan melez domuzları üzerinde ölçülen ticari açıdan önemli özellikleri etkileyen major genlerin varlığını araştırmak için segregasyon analizleri kullanılmıştır. Yaş ve günlük ortalama kazancın ağırlığı için, tam veri analizleri ile F2 verisinin analizi arasında büyük tutarsızlıklar bulundu, bu da büyük lokustaki ve allel frekanslarındaki farklı tahminleri ve tam verilerin analizinde major gen varyansını gösterdi. Yaş ve günlük ortalama kazancın ağırlığı etkileyen major bir genin varlığı tespit edilmesine rağmen bu özelliği etkileyen başka genlerin de olabileceği düşünülmektedir. Yapılan analizler (Yağ birikimini tahminleri, doğum ağırlığını tam verilerin analizi ve F2 verisinin analizi) sonucunda yağ birikimi ve doğum ağırlığını etkileyen major genlerin olabileceği belirlenmiştir.

Pan vd. (2001) Holstaynlar'da somatik hücre sayımı ile ilgili major genleri incelemişlerdir. Argente vd. (2002) tavşanlarda uterus kapasitesi ile ilgili major genlerin varlığını incelemişlerdir. Bir tavşan popülasyonda uterus kapasitesi (UC), ovulasyon hızı (OR), implante embriyo sayısı (IE), embriyo sağ kalımı (ES), fetal sağ kalım (FS) ve doğum öncesi sağ kalımı (PS) için bir major gen varlığını araştırmışlardır. 10. Kuşakta major genin varlığını UC için incelemek için Bartlett testi, Fain testi ve segregasyon analizi kullanılmıştır. Segregasyon analizinin sonuçları, yüksek frekansta (sırasıyla $p = 0.70$ ve 0.68) IE ve ES üzerinde ($\alpha > 1\sigma p$) büyük etkisi olan ve toplam varyansa büyük bir katkıda bulunan major genin varlığını gösterdi. OR, FS, PS ve UC'nin her biri üzerinde etkiye sahip major bir genin varlığı gösterilmiştir. Her üç testte verilerin UC ve IE'yi etkileyen bir major genin varlığı ile uyumlu olduğunu gösterdi (Çizelge 2.1). Sonuçlar, üreme özelliklerinin genetik varyasyonunun en az bir major gen tarafından belirlendiğini ortaya koymaktadır. Major genin varlığı en yüksek sonsal olasılık bölgesinin 0 içerip içermediğinin incelenmesi ile belirlenmiştir.

Çizelge 2.1. Major gen etkileri ve varyans oranlarının marjinal sonsal dağılımlarının özellikleri (Pan vd. 2001).

Özellikleri	Ortalama	Standart Sapma	EYSY 95 %	MCSE	Burn-in
UC					
<i>a</i>	1.04	0.49	0.01, 1.79	0.02	800
<i>d</i>	1.04	0.79	- 0.97,2.1	0.03	1225
<i>q</i>	0.31	0.15	0.01, 0.56	0.006	1925
<i>R^polig</i>	0.08	0.02	0.03, 0.13	0.001	1200
<i>R^ga</i>	0.04	0.03	0.00, 0.10	0.001	150
<i>R_g</i>	0.08	0.05	0.01, 0.17	0.002	625
OR					
<i>a</i>	1.73	1.41	0.00, 3.16	0.04	750
<i>d</i>	- 1.55	1.52	- 3.51,2.2	0.07	1350
<i>q</i>	0.68	0.18	0.37, 1.00	0.007	750
<i>R^polig</i>	0.22	0.09	0.05, 0.39	0.003	1500
<i>R^ga</i>	0.10	0.10	0.00, 0.28	0.003	225
<i>R_g</i>	0.23	0.13	0.00, 0.45	0.006	700
IE					
<i>a</i>	3.14	0.32	2.50, 3.76	0.002	100
<i>d</i>	3.48	0.48	2.56, 4.43	0.004	300
<i>q</i>	0.30	0.07	0.18, 0.44	0.001	75
<i>R^polig</i>	0.19	0.06	0.08, 0.32	0.002	250
<i>R^ga</i>	0.15	0.09	0.01, 0.32	0.001	75
<i>R_g</i>	0.39	0.10	0.20, 0.57	0.001	75
ES					
<i>a</i>	0.20	0.02	0.17, 0.24	0.001	150
<i>d</i>	0.28	0.03	0.23, 0.33	0.001	200
<i>q</i>	0.32	0.07	0.19, 0.45	0.001	50
<i>R^polig</i>	0.05	0.03	0.01, 0.11	0.002	800
<i>R^ga</i>	0.13	0.08	0.00, 0.28	0.002	50
<i>R_g</i>	0.47	0.10	0.29, 0.66	0.001	50
FS					
<i>a</i>	0.17	0.05	0.08, 0.27	0.002	375
<i>d</i>	0.21	0.06	0.09, 0.34	0.002	300
<i>q</i>	0.31	0.11	0.11, 0.52	0.004	600
<i>R^polig</i>	0.08	0.06	0.01, 0.19	0.002	1500
<i>R^ga</i>	0.09	0.09	0.00, 0.25	0.002	75
<i>R_g</i>	0.27	0.10	0.07, 0.46	0.002	250
PS					
<i>a</i>	0.16	0.06	0.04, 0.28	0.002	700
<i>d</i>	0.26	0.07	0.11, 0.41	0.003	1750
<i>q</i>	0.20	0.10	0.02, 0.40	0.004	400
<i>R^polig</i>	0.07	0.04	0.01, 0.14	0.002	1650
<i>R^ga</i>	0.03	0.03	0.00, 0.10	0.001	50
<i>R_g</i>	0.18	0.11	0.01, 0.38	0.004	400

Sanchez vd. (2003) Çin ve Avrupa domuz hatlarında karkas ve et kalitesinden sorumlu major genleri Bayeşçi segregasyon analizi ile tespit etmiştir. Segregasyon analizleri, Çin Avrupalı domuz hattında, Quasi Newton algoritması (ML-QN) ve Bayeşçi- Gibbs örnekleme (Bayeşçi-GS) yaklaşımları ile en çok olabilirlik yöntemleri ile gerçekleştirildi. Bu çalışmanın sonuçlarına dayanarak (Çizelge 2.2), en çok olabilirlik yönteminin, major genleri tespit etmek için güvenilir bir yöntem olduğu sonucuna varılmıştır.

Çizelge 2.2. Bayeşçi segregasyon analiz sonuçları: Marjinal sonsal ortalamalar (mpm), marjinal sonsal standart sapmalar (mpsd) ve en yüksek sonsal yoğunluk bölgesi,% 95 (Sanchez vd. 2003).

Özellik ⁽¹⁾	Eklemeli gen etki (a)			Dominant etki (d)		
	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

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 sonsal yoğunluk bölgesi

Hagger vd. (2004) kanatlılarda seleksiyon ile ilgili major genlerin varlığını incelemişlerdir. Bir poligenik etki ve iki alleli lokusun 3 genotipi arasındaki farklılıkları varsayan karma bir kalıtım modeli denemiştir. Modelle ilgili çıkarımlar, Gibbs örnekleme ile 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 sonsal bölgelerin (%95) karşılaştırılması ile belirlenmiştir. Major lokustaki genotiplere bağlı olarak belirgin ($P < 0.05$) eklemeli ve baskınlık etkileri tüm fenotiplerde bulundu. Fenotiplerde artışa neden olan allel frekansı: homozigotlarda ve heterozigotlarda farklı bulunmuştur ($P > 0.05$).

İlahi ve Kadarmideen (2004) süt sığırlarında sağım hızı ile ilgili major gen incelemesi yapmışlardır. Gibbs örnekleme ile segregasyon analizi, İsviçre süt sığırlarında sağım hızının genetik parametrelerini tahmin etmek için kullanılmıştır.

Sonuçlar, ilk laktasyondaki genetik parametrelerin, özellikle de poligenik varyansın ve sağım hızının kalıtsallığının, hem karışık kalıtım (poligen+major gen) hem de poligenik modellerde çok benzer olduğunu göstermektedir. Segregasyon analizleri, sağım hızının poligenik etkilerle birlikte çok düşük major gen varyasyonları vermiştir. Çizelge 2.3'te en yüksek sonsal olasılıklar 0 içermediği için major gen belirlenmiştir.

Çizelge 2.3. 40 000 Gibbs örneğine Karışık kalıtım modelinde (ilk laktasyon) süt akışı parametrelerinin tahmini marjinal sonsal ortalamaları (mpm), marjinal sonsal standart sapmalar (mpsd) ve %95'inde en yüksek sonsal yoğunluk bölgesi (EYSY 95%) (İlahi ve Kadarmideen 2004).

(1)	İsviçre Esmeri			Simmental			Holstein		
	mpm	mpsd	EYSY%95	mpm	Mpsd	EYSY 95%	mpm	mpsd	EYSY 95%
σ^2_e	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^2_u	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
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
h^2	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^2_e = Hata varyansı; σ^2_u = Poligenik varyans; a = Eklemeli gen etki; d = Dominant etki; h^2 = Kalıtım derecesi.

Kadarmideen ve Janss (2005) domuzlarda bacak hastalıkları ile ilgili major genlerin varlığını Bayesçi segregasyon yöntemi ile incelemiştir. Karacaören vd. (2006) süt sığırlarında süt verimi, yem tüketimi, sağım hızı ve canlı ağırlık fenotiplerinden sorumlu major genleri Bayesçi segregasyon yöntemi ile incelemiştir (Çizelge 2.4 ve 2.5).

Çizelge 2.4. Süt verimi (MY) ve sağım hızı (MS) için% 95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırlarının karma kalıtım modellerinden ve sonsal standart sapması (SD) (Kadarmideen ve Janss 2005).

Parametre	Süt verimi				Sağım hızı			
	Sonsal Ortalama	Sonsal Standart Sapma	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ	Sonsal Ortalama	Sonsal 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
Major 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
Major kalıtım derecesi	0,17	0,18	0,00/0.65	0,27/0.81	0,38	0,20	0,04	0,77
Eklemeli 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. Kuru madde tüketimi (DMI) ve canlı ağırlık (BW) için Karışık kalıtım modellerinden parametrelerin sonsal ve standart sapması (SD) ve %95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY) sol ve sağ sınırları (Kadarmideen ve Janss 2005).

Parametre	Kuru madde tüketimi				Vücut ağırlığı			
	Sonsal Ortalama	Sonsal Standart Sapma	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ	Sonsal Ortalama	Sonsal 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
Eklemeli 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

Analizlerde en yüksek sonsal bölgeleri (%95) kullanarak sadece süt verimi için major gen olduğunu belirlemişlerdir.

Navarro vd. (2006) kanatlılarda kandaki oksijen miktarı ile ilgili major gen incelemesi yapmıştır. Ticari koşullarda yetiştirilen bir etçi tavuk ırkının (SaO) genetik yapısı 15 kuşak için araştırılmıştır. SaO'nun segregasyon analizleri, poligenik ve bir major lokusun bulunduğu segregasyon modeli ile gerçekleştirildi. Analizler genetik varyansın bir kısmını açıklayan major genin varlığını göstermektedir. Major genin, baskın bir etkisi olduğu bulunmuştur ve yaklaşık %0.90 σ_p 'lik bir etkiye sahip olduğu gösterilmiştir. Bu da iki homozigot sınıf arasında tahmin edilen farka eşdeğerdir (% 10'dan fazla). Seleksiyonda fenotipi arttıran allel frekansı ilk veri setinden 0,35 olarak bulundu.

Janutta vd. (2006) bir köpek ırkında dirsek displazisi için major gen incelemesi yapmıştır. Li vd. (2006) çam ağaçlarının pas direnci ile ilgili major genleri incelemişlerdir. Loblol çamının pas direncini etkileyen major genlerin varlığı, altı ebeveynin yarım-diallel çiftleşmesiyle üretilen bir popülasyonda araştırılmıştır. Poligenik etkileri ve tek bir major gen etkisi için yorumlama yapmak için bir Bayesçi karmaşık segregasyon analizi kullanılmıştır. Varyans unsurları Gibbs örnekleme ile tahmin edilmiştir. Karmaşık segregasyon analizi sonuçları, Bayes faktörünün iddia ettiği gibi, bir major gen etkisi ve poligenik etkileri olan modelin daha iyi uyduğunu gösterdi.

Famula vd. (2007) bir köpek ırkında tüy rengi ve sağırılık ile ilgili major genleri incelemişlerdir.

Sanchez vd. (2007) Duroc ve White domuz melezlerine ait yağ asit ve kas yağı içeriklerine ait major genleri bulmuştur. Bir F2 Duroc × Büyük Beyaz populasyonunda önce segregasyon analizi, daha sonra da ilave moleküler bilgi kullanılarak QTL haritalaması yapılmıştır. Segregasyon analizi kullanarak bir Duroc domuz populasyonunda kas içi yağ (IMF) içeriğini etkileyen major genin varlığı test edilmiştir. Ayrıca, domuz genomundaki varsayılan geni bulmak ve yağ asidi kompozisyonunu etkileyen QTL'yi haritalamak için aynı deney hayvanları üzerinde moleküler analiz gerçekleştirildi. Bu amaçla, Large White domuzlardan ve Duroc'dan bir F2 populasyonu oluşturuldu ve IMF özellikleri açısından ölçülmüştür. Segregasyon analizi, çekinik bir Duroc alleli ile Duroc homozigot domuzlarda IMF'yi %1.8 artırabilen major geni doğrulamıştır.

Axenovich vd. (2007) tilkilerde döl verimi ile ilgili major gen incelemesi yapmışlardır. Bu türün üreme stratejisinin genetik temeli hakkında fikir edinmek için, birbiri ile ilişkili 20665 hayvanı içeren tilkilerin geniş soy ağacında doğum ağırlığına karmaşık segregasyon analizi yapılmıştır. Herhangi bir major gen etkisinin önemini kontrol etmek için Elston-Stewart geçiş olasılık testi kullanılmıştır. Analizler, bu özelliğin kalıtımının, düşük doğuş ağırlığını resesif bir major gen tarafından yönlendirilebileceğini göstermiştir.

Skotarczak vd. (2007) atlarda ikizlik oranı ile ilgili major genleri Bayeşçi segregasyon analizi ile incelemiştir. Uygulanan algoritmanın özellikleri birkaç benzetimli veri seti kullanılarak da incelenmiştir. Fenotipin bir major gen ile açıklanabildiğini göstermişlerdir (Çizelge 2.6).

Çizelge 2.6. Marjinal sonsal ikizleme oranı için standart sapmalar (SD) ve %95 EYSY'ler (Skotarczak vd. 2007).

⁽¹⁾ Parameter	Ortalama	Standart Sapma	EYSY%95 Sol	EYSY%95 Sağ
σ^2_a	1.656	0.274	1.122	2.0
f_A	0.119	0.027	0.068	0.174
μ_{AA}^*	1.504	0.168	1.176	1.835
σ^2_G	0.484	0.162	0.197	0.814

⁽¹⁾ μ_{AA} = genotip AA'nın eklemeli etkisi; σ^2_a = eklemeli varyansı; σ^2_G = major gen varyansı.

Skotarczak vd. (2008) yumurtacıların üreme fenotipleri ile ilgili major genleri incelemiştir. Szwaczkowski vd. (2009) fare hatlarında canlı ağırlığı ile ilgili bir major gen olup olmadığını incelemek için Bayeşçi segregasyon analizi kullanmışlardır. Rasgele (C Hatlarında 2813 fare) on bir kuşakta 21, 42 ve 63 günlük canlı ağırlığına segregasyon analizi uygulanmıştır. Model parametrelerinin sonsal yoğunluk dağılımlarını elde etmek için Gibbs örnekleme algoritması kullanılmıştır. Poligenik model ile orta derecede kalıtsallık olduğu tahmin edildi. Sonuçlar, canlı ağırlık için karışık bir kalıtım modeli (major gen + poligenik) olduğunu göstermektedir. Tek gen varyansının fenotipik varyansa oranı %9.7 ile %41 arasında değiştiği gözlenmiştir. Seçilmemiş ve seçilen hatlar arasında major gen frekanslarında önemli farklılıklar bulunmuştur.

Cabal vd. (2010) Alpaka t y kalitesi ile ilgili major genleri Bayes i segregasyon analizi ile tespit etmiřtir. Huacaya (HU) ve Suri (Peru) alpaka ırklarında t y  apı (FD), FD'nın SD (SDFD), FD'nın CV ve konfor fakt r  (CF) i in maj r genlerin varlıđını belirlemektir. Dinlendirilmiř bulařma olasılıkları ile Bayes segregasyon analizleri, SU ve HU ırkları i in 1.906 ve 6.592 kayıtları kullanılarak ger ekleřtirildi. Major genlerin varlıđının kanıtı, %95 sonsal yođunluk sıfır i ermediđinde istatistiksel olarak desteklendi. FD, SDFD, CV deđerleri ve CF deđerlerinde artıř ile iliřkili  nemli major genler bulundu. (t y  apı (FD). FD'nin standart sapması (SD). Konfor fakt r  (CF). FD (CV) varyasyon katsayısı. Yođunluk (DE)). S t verimi  zerine  nemli veya  nerici QTL etkileri,  eřitli koyun cinslerinde veya ırklar arasında  apraz olarak tanımlanmıřtır. Bununla birlikte, koyun s t  kayıtları  zerinde Bayes i segregasyon analizini kullanan yakın tarihli bir arařtırma, Churra s t koyun cinsinde s t verimini etkileyen herhangi bir major gen tespit etmedi (İlahi ve Othmane 2011).

Vallejo vd. (2010) g kkuřađı alabalıklarında hastalıklara dayanaklılıkla ilgili major gen varlıđını incelemiřtir. Sadece fenotipik veriler (genetik belirte  kullanmadan) ve Bayes i segregasyon analizi y ntemleri (BMSA) kullanarak BCWD (Bakteriyel sođuk su hastalıđı) direncini etkileyen temel nitelik lokasyonlarının kanıtlarını arařtırmıřtır. Sonu ları BCWD direncinin genetik varyasyonunda poligenik etkilerin  nemini vurgulamaktadır.

İlahi Ve Othmane (2011) Churra s t koyunlarında toplam s t veriminde major gen varlıđını karmařık segregasyon analizi ile incelemiřlerdir. 1999 yılı ile 2002 yılları arasında 15 İřpanyol Churra s t s r s  tarafından 5156 koyuna ait 7126 laktasyondan elde edilen veriler toplanmıřtır. On tekerr rl  50.000 Gibbs  rnekleme ile istatistiksel yorumlama yapılmıřtır. Bu  alıřmanın sonu ları, %95 en y ksek sonsal yođunluk b lgesi (EYSY %95) i in s t veriminden sorumlu bir major gen olmadıđını ve poligenik modelin kullanılmasının daha uygun olduđunu g stermiřtir ( izelge 2.7).

 izelge 2.7. Gibbs  rneđi g re tahmini marjinal sonsal Churra s t koyunlarında toplam s t verimi i in karma bir genel modelden ve sol ve sađdan %95 en y ksek sonsal yođunluk b lgelerine (EYSY% 95) uyumlu parametreler (İlahi Ve Othmane 2011).

Parametreler	Sonsal Ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY 95% Sol	EYSY 95% Sađ
Hata varyansı (σ^2_e)	420.83	40.26	348.90	504.58
Poligenik varyansı (σ^2_u)	65.20	25.05	1.70	156.90
Major gen varyansı (σ^2_G)	23.17	18.42	0.00	102.25
Eklemeli gen etkisi (a)	6.45	3.90	0.00	17.83
Major gen frekansı (p)	0.56	0.20	0.08	0.98
Kalıtım derecesi (h^2)	0.10	0.02	-	-

Chatziplis vd. (2012) Sakız koyun ırkında süt verimi ile ilgili fenotipler için major gen incelemesi yapmıştır. Sakız koyun ırkında doğum zorluğu, doğum sırasındaki süt verimi, süt yağ içeriği için genetik parametreler tahmin edilmiştir. 20 ila 31 yılı kapsayan, tekrarlanan kayıtlar kullanıldı. Veriler, Kuzey Yunanistan'da (6021 tekrarlanan kayıtlar) ve Kıbrıs Rum Kesiminden elde edilmiştir (6965 tekrarlanan kayıtlar). Genetik parametreler, en çok olabilirlik yöntemi ile poligenik ve major gen etilerini içeren karmaşık segregasyon modeli ile tahmin edilmiştir. Her iki popülasyonda da süt veriminden sorumlu bir major geninin varlığını gösterilmiştir (Çizelge 2.8 ve 2.9). Sonuç olarak Chatziplis vd. (2012) major genin büyük olasılıkla Chios koyun ırkında süt verimindeki ve yağ içeriğindeki büyük bir değişimi kontrol ettiğini sonucuna varmışlardır.

Çizelge 2.8. İki popülasyonda (Kıbrıs ve Yunan) süt verimi için, sonsal kalıtım modelinden ve %95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY95%) sol ve sağ sınırlarından parametrelerin sonsal ve standart sapmaları (Chatziplis vd. 2012).

Genetik Parametreler	Kıbrıslı popülasyonu			Yunan popülasyonu		
	Sonsal Ortalama	Sonsal S.sapma	EYSY %95	Sonsal Ortalama	Sonsal S.sapma	EYSY %95
Hata varyansı	24.1	0.88	22.66/25.54	22.04	1.12	20.21/23.88
Poligenik varyansı	4.64	1.63	1.96/7.31	5.65	2.47	1.59/9.71
Major gen varyansı	18.4	3.61	12.47/24.33	16.82	4.75	9.02/24.61
Poligenik kalıtım derecesi	0.15	0.05	0.07/0.24	0.17	0.07	0.06/0.29
Toplam kalıtım derece	0.47	0.05	0.38/0.55	0.44	0.08	0.32/0.57
Eklemeli gen etkisi	44.85	6.23	34.63/55.08	55.48	11.78	36.14/74.81
Major gen frekansı	0.73	0.06	0.64/0.83	0.83	0.07	0.72/0.94
Dominant etkisi	-40.31	7.23	-52.2/-28.4	-39.32	9.16	-54.4/-24.3

Çizelge 2.9. Kıbrıslı popülasyonda yağ içeriği ve doğum ağırlığı için sonsal ve standart kalıtım değerleri ile karma kalıtım modelinden ve %95 en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (EYSY 95%) sağ ve sol sınırlarından parametreler (Chatziplis vd. 2012).

Genetik Parametreler	Yağ içeriği			Doğum ağırlığı		
	Sonsal Ortalama	Sonsal S.sapma	EYSY %95	Sonsal Ortalama	Sonsal S.sapma	EYSY %95
Hata varyansı	0.487	0.019	0.456/0.019	0.436	0.016	0.409/0.46
Poligenik varyansı	0.086	0.025	0.042/0.128	0.044	0.020	0.011/0.07
Major gen varyansı	0.288	0.098	0.128/0.449	0.053	0.037	-0.007/0.1
Poligenik kalıtım derecesi	0.15	0.04	0.08/0.21	0.089	0.038	0.027/0.15
Toplam kalıtım derece	0.41	0.07	0.29/0.53	0.135	0.033	0.086/0.21
Eklemeli gen etkisi	0.556	0.118	0.363/0.749	0.551	0.393	-0.095/1.2
Major gen frekansı	0.73	0.08	0.60/0.86	0.590	0.213	0.240/0.94
Dominant etkisi	-0.451	0.148	-0.69/-0.21	0.024	0.831	-1.341/1.4

Win vd. (2016) belirli nedenlerle tespit edilemeyen major genlerin kanser araştırmalarında önemli olabileceğini ifade etmişlerdir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu çalışmada daha önceden toplanmış bir veri seti kullanılacaktır (Allan vd. 2004, Ehsani vd. 2012). 12 adet M16 ve 12 adet ICR fare hatları çaprazlanarak 66 adet F1 oluşturulmuştur. M16 hızlı canlı ağırlık artışı için, ICR ise rassal kontrol amacıyla selekte edilmiş hatlardır. F1 kendilenerek F2 popülasyonu ($n=661$) oluşturulmuş ve 8. hafta canlı ağırlıkları, yem tüketimi ve yem etkinliği ölçülmüştür. Yem etkinliği; her haftanın canlı ağırlık artışlarını o haftanın yem tüketimine bölerek bulunmuştur.

3.2. Metot

Bu çalışmada kullanılan model, geleneksel küçük etkili ve sonsuz sayıda gen olduğunu kabul eden modelden farklı olarak popülasyonda bir major genin genetik varyansın açıklamada etkili olduğunu kabul etmektedir. Böyle bir genin varlığının incelenmesi pratik açıdan önem arz edebilmektedir. Karışık kalıtım modeli, genetik varyansın hem bir major gen hemde poligenik unsurlarca açıklanabildiğini kabul etmektedir. Elston ve Stewart (1971), Laye ve Elston (1975), bu konuda en etkili yayınlar arasındadır (Gianola ve Soransen 2002). Guo vd. (1992) belirttiği üzere segregasyon analizinin ön kabullere aşırı duyarlı olmaları, yanlış sonuçların eldesine yol açabilmektedir. Janss vd. (1995) tanımladığı segregasyon analiz modeli, pedigrilerin varlığında major genlerin Bayesçi segregasyon analizi ile incelenmesine olanak tanımaktadır.

Bayesçi veri analizi, gözlemlerden yola çıkarak olasılıkçı modeller kullanarak belirli parametreler hakkında yorumlama yapmaya olanak tanır. Önemli bir özelliği ise belirsizliği tanımlamada olasılık dağılımlarını kullanmasıdır. Gelman vd. (2004) Bayesçi veri analizini üç adıma ayırmıştır:

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

Sorensen ve Gianola (2002) Bayesçi veri analizinin avantajlarını bildirmiştir. Bayesçi düşüncenin ortak sağduyuya hitap ettiğini, örneğin Bayesçi güven aralıklarının doğrudan parametrenin bu aralıkta bulunup bulunmadığını belirtirken, frekanstistik yorumlanması tekrarlı örneklemelerin limiti ile yorumlama yapıldığını vurgulamışlardır.

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

Bayes Teoremi: $B_1, B_2, \dots, B_k$ olayları S örneklem uzayını 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 uzayını bir ayrışımını oluşturuyorsa ve $i: 1, 2, \dots, k$ için $P(B_i) \neq 0$ ise, S içinde $P(A) \neq 0$ olan herhangi bir A olayı için ($r = 1, 2, \dots, k$ iken) şunu:

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

Olarak yazılabilir (Freund 2002).

Veya genel olarak, θ için y gözlemlerini kullanarak olasılıkçı yorumlama yapmak istiyorsak, $P(\theta)$ önsele 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 bunların tahmini için bir MCMC yöntemi olan Gibbs örnekleme kullanılabilir. Gibbs örnekleme; şartlı sonsal dağılımlarından tekrarlı bir şekilde örnekleme üreterek, bileşik dağılımdan sonuçlar elde edilmesine olanak tanır. Sorensen ve Gianola (2002) Bayesçi ve MCMC yöntemlerinin uygulamalarını derlemiştir.

Bu çalışmada iki alleli olan (A_1 ve A_2) bir major genin ($1-q$) ve q gen frekansları ile bir fare populasyonda canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği ile ilişkili olup olmadığı incelenmiştir. Major lokus genotipler A_1A_1 , A_1A_2 , ve A_2A_2 olarak kabul edilmiştir. Hardy-Weinberg dengesi nedeni ile allellerin bağımsız olarak $(1-q)^2$, $2q(1-q)$ ve q^2 frekansları ile birleştikleri kabul edilmiştir. $m = (m_1, m_2, m_3)$ vektörü bu A_1A_1 , A_1A_2 , ve A_2A_2 genotiplerinin fenotipteki etkilerini ifade ettiği kabul edilmiştir (İlahi ve Othmane 2011);

$$y = X\beta + Zu + ZWm + e \quad (3.1)$$

Modelinde; y gözlemleri (CA, YT ve YE), β cinsiyet etkisini, u rassal eklemeli poligenik etkileri, m genotip ortalamaları, e ise rassal hatayı göstermektedir.

Kolmogorov-Smirnov testi ile gözlemlerin normallik testi yapılmış ve belirli dönüştürümler (transformasyonlar) ile normallik sağlanmaya çalışılmıştır. Veya farklı dönüştürümlerin (transformasyonların) 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 önsel dağılışı

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

olarak belirlenmiştir.

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

Model (3.1)'den Gibbs örnekleme kullanılarak sonsal dağılışlar iBAY bilgisayar programı (Janss 2008) ile elde edilmiştir. İlgili fenotipte major gen olup olmadığı en yüksek sonsal bölgelerin 0 içerip içermediği ve mendelci geçiş olasılıklarının incelenmesi ile belirlenmiştir. Buna göre 11, 12 ve 22 genotiplerinden "1" allelinin geçiş olasılıklarının EYYB'de 1, 0.5 ve 0 değerleri ile ifade edilmesi ve aralıkların çakışmaması gözlemesi ile mümkündür (Kadarmideen ve Janss 2005).

Gibbs örnekleme bileşik sonsal dağılışlardan ilgi duyulan parametrelerin sonsal dağılışlarını üretmektedir. Bu örneklemler kullanılarak, sonsal dağılıştan belirli tanıtıcı istatistikler belirlenebilir. Bu durumda tek bir uzun Markov Zinciri Monte Carlo mu (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 yok ise 5 veya 10 kısa zincire ait ortalamalar kullanılmıştır. İlk 5000 örneklem hedef dağılıştan uzakta olabileceği için (burn-in) uzaklaştırılmıştır. Örneklemler arası yüksek korelasyon nedeni ile her 100. örnek kayıt edilmiştir.

Yakınsama tayini Gibbs örneklemleri 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 ψ_{ij} ($i = 1, \dots, n; j=1, \dots, m$) için hesaplanır:

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

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

W ve B kullanılarak bir zincire ait marjinal sonsal varyansı :

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

bunu kullanarak

$$\hat{R} = \sqrt{\frac{\widehat{\text{var}}^+(\psi \setminus y)}{W}}, \quad (3.2)$$

hesaplanır. Eğer $\hat{R} \rightarrow 1$ için $n \rightarrow \infty$ yaklaşıyor ise yakınsama gerçekleşmiş demektir.

4. BULGULAR

4.1. Tanıtıcı İstatistikler

Bu çalışmada bir F2 fare populasyonunda canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği ile ilgili major genlerin varlığı segregasyon analizi ile incelenmiştir. Canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği ile ilgili tanıtıcı istatistikler Çizelge 4.1'da verilmiştir.

Çizelge 4.1. Canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği ile ilgili tanıtıcı istatistikler.

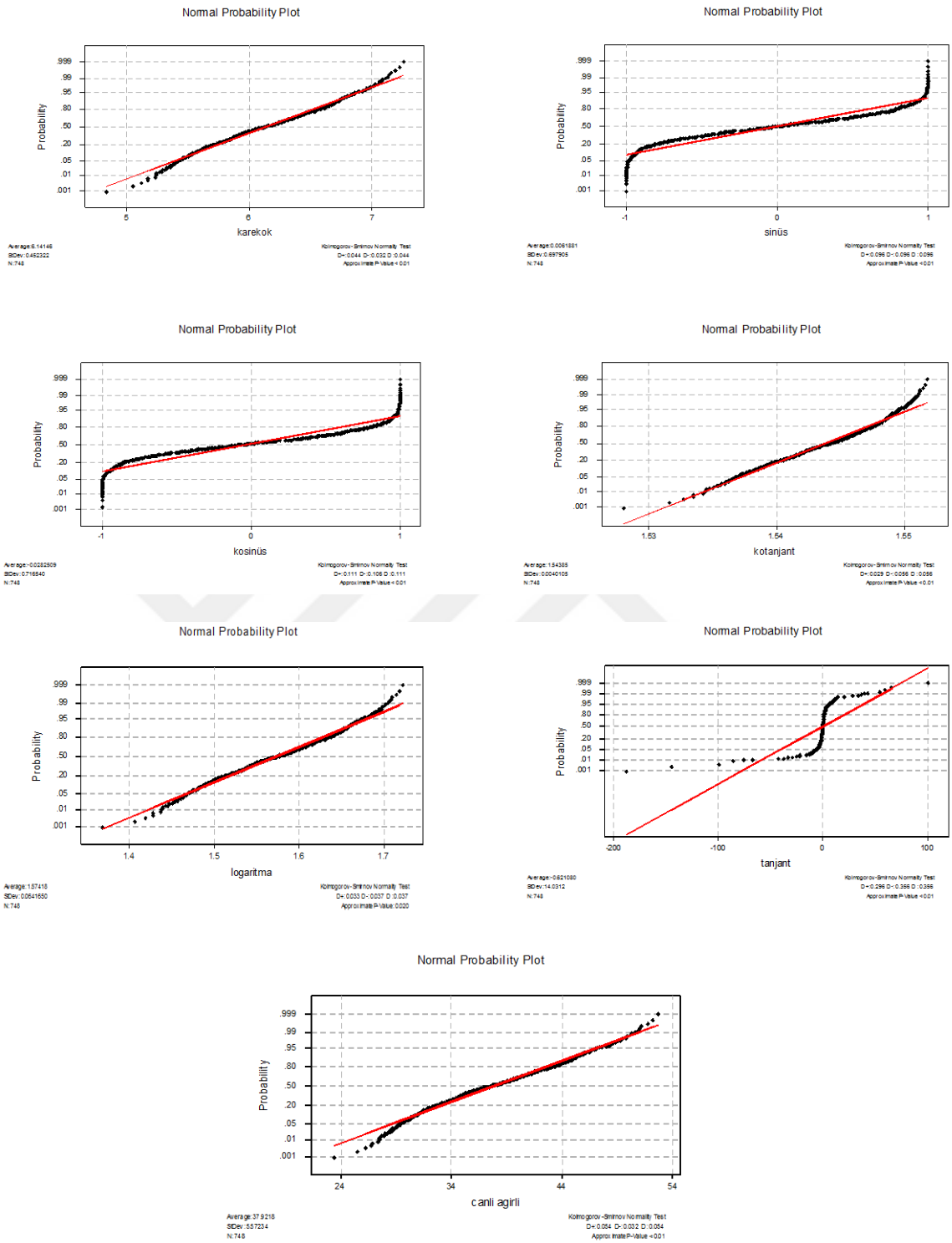
	Canlı ağırlık	Yem tüketimi	Yem etkinliği
N	748	748	748
Ortalama	37.922	187.27	0.0587
Medyan	37.600	188.1	0.06
Standart sapma	5.572	20.34	0.01922
Ortalama standart hatası	0.204	0.74	0.0007
Minimum	23.370	122.89	-0.01
Maximum	52.740	243.28	0.15

4.2. Normallik ve Dönüştürümlerin (Transformasyonların) İncelenmesi

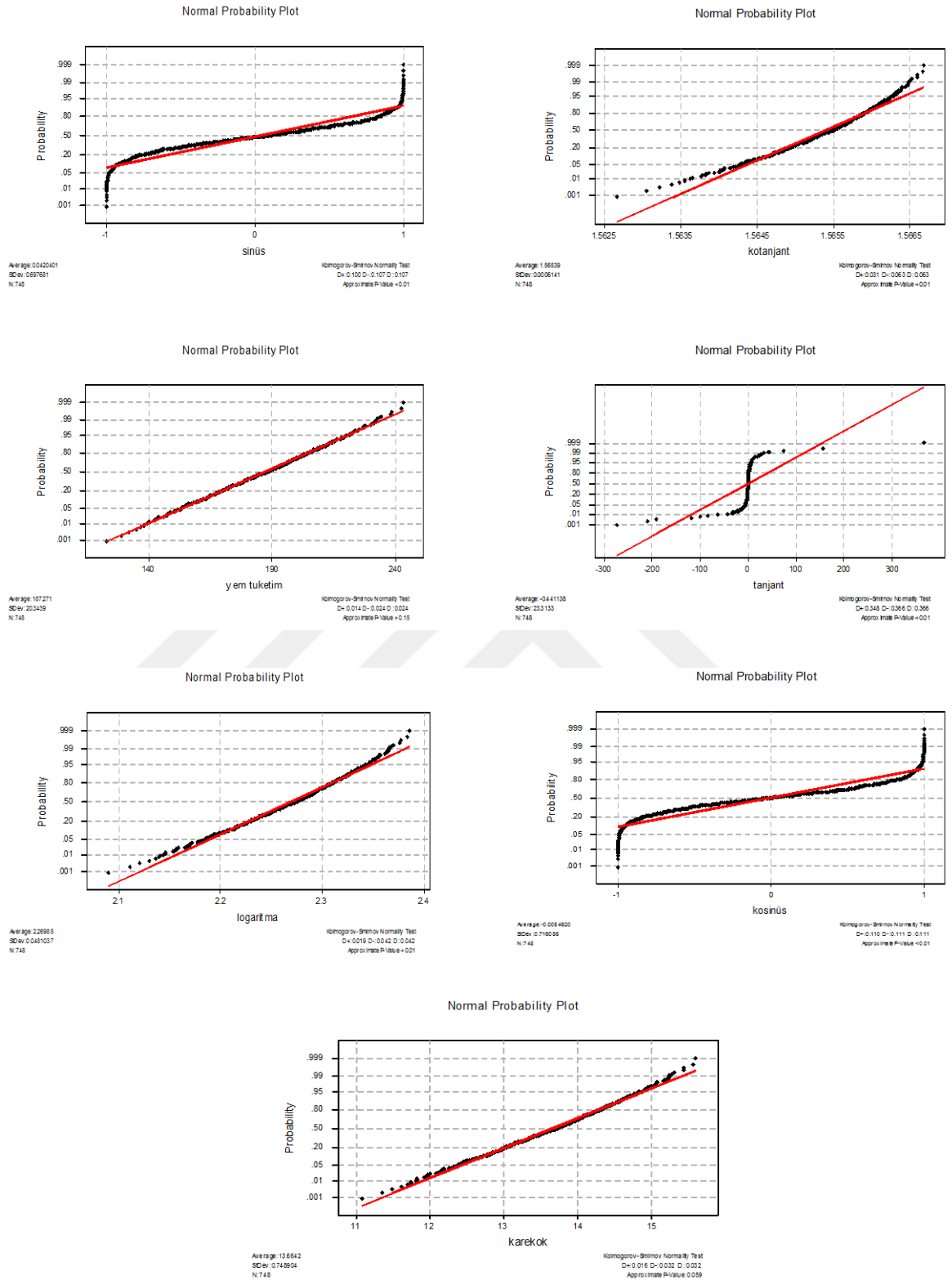
Bu çalışmada farklı dönüştürümlerin (transformasyonların) major gen analizlerine olan etkisi de incelenmiştir. Bu amaçla bütün fenotiplere doğal logaritma, kare kök, üssel, sinüs, kosinüs, tanjant, ve kotanjant dönüştürümleri uygulanmıştır. Çizelge 4.2'de bu dönüştürümler sonrası normallik testi için Kolmogorov-Smirnov test istatistikleri verilmiştir. Bunlarla ilgili şekiller, Şekil 4.1, 4.2 ve 4.3'te verilmiştir.

Çizelge 4.2. Canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği için Kolmogorov Smirnov normallik testi sonuçları.

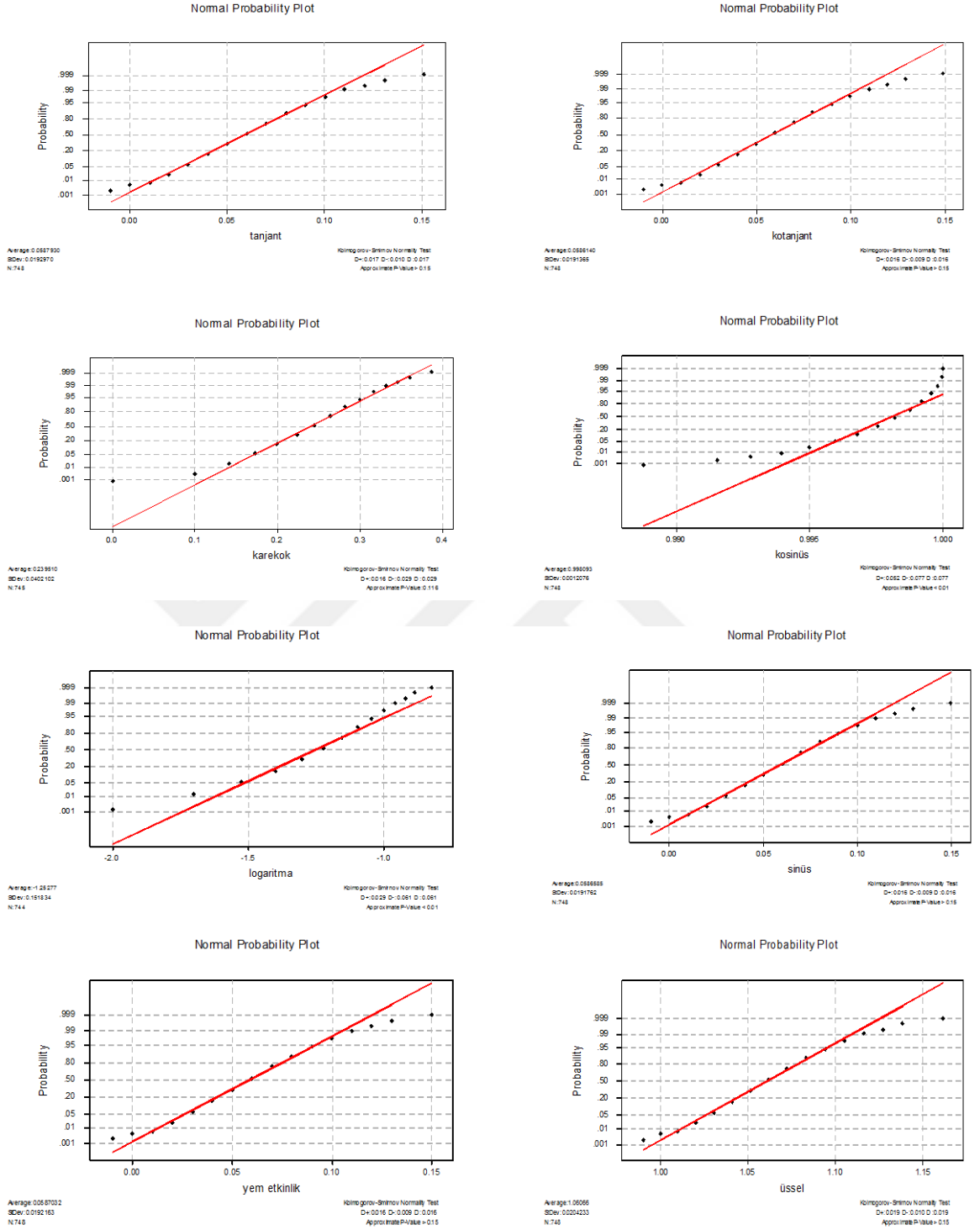
		N	P	Ortalama	Standart sapma	D		
						D+	D	D-
Canlı ağırlık	orjinal	748	0,01	37.92	5.57	0,05	0,03	0,05
	doğal logaritma		0,02	1.57	0,06	0,03	0,03	0,03
	karekök		0,01	6,14	0,45	0,04	0,04	0,03
	üssel		-	-	-	-	-	-
	sinüs		0,01	0,006	0,69	0,09	0,09	0,09
	kosinüs		0,01	-0,02	0,71	0,11	0,11	0,10
	tanjant		0,01	-0,62	14,03	0,29	0,35	0,35
	kotanjant		0,01	1,54	0,004	0,02	0,05	0,05
Yem tüketimi	orjinal	748	0,15	187.27	20.34	0,01	0,02	0,2
	doğal logaritma		0,01	2.26	0,04	0,01	0,04	0,04
	karekök		0,059	13.66	0,74	0,01	0,03	0,03
	üssel		-	-	-	-	-	-
	sinüs		0,01	0,04	0,69	0,1	0,1	0,1
	kosinüs		0,01	-0,005	0,71	0,1	0,1	0,1
	tanjant		0,01	-0,44	23,31	0,34	0,36	0,36
	kotanjant		0,01	1,56	0,00	0,03	0,06	0,06
Yem etkinliği	orjinal	748	0,15	0,05	0,01	0,01	0,01	0,00
	doğal logaritma		0,01	-1,25	0,15	0,02	0,06	0,06
	karekök		0,11	0,23	0,04	0,01	0,02	0,02
	üssel		0,15	1,06	0,02	0,01	0,01	0,01
	sinüs		0,15	0,05	0,01	0,01	0,01	0,00
	kosinüs		0,01	0,99	0,00	0,05	0,07	0,07
	tanjant		0,15	0,05	0,01	0,01	0,01	0,01
	kotanjant		0,15	0,05	0,01	0,01	0,01	0,00



Şekil 4.1. Canlı ağırlık ve farklı dönüştürümlerin Kolmogorov-Smirnov normallik testi.



Şekil 4.2. Yem tüketimi ve farklı dönüştürümlerin Kolmogorov-Smirnov normallik testi.



Şekil 4.3. Yem etkinliği ve farklı dönüştürümlerin Kolmogorov-Smirnov normallik testi.

4.1, 4.2 ve 4.3 şekillere göre, canlı ağırlık ($P < 0.05$) fenotipinin normal dağıldığını ifade eden H_0 hipotezi red edilmiştir (Çizelge 4.2, Şekil 4.1). Yem tüketimi ise hem orjinal ölçekte hem de karekök dönüştürümü için normal dağılışa uymaktadır (Çizelge 4.2, Şekil 4.2). Yem etkinliğinin ise hem orjinal ölçekte hem de karekök, üssel, sinüs, tanjant ve kotanjant dönüştürümleri için normal dağılışa uyduğu Kolmogorov-Smirnov testi ile gösterilmiştir (Çizelge 4.2, Şekil 4.3).

4.3. Canlı Ağırlık İçin Major Gen Analizleri

4.3.1. Canlı ağırlık için poligenik modeli

Poligenik model için yorumlama (3.1) numaralı modelden major gen unsurunun çıkartılması ile elde edilmiştir. Uzun (100.000 veya 200.000) zincir sonuçlarının, kısa (50.000) zincir sonuçları ile karşılaştırılmasının fark yaratmadığının belirlenmesi nedeni ile 10 tekerrürlü 50.000'lik markov zincirlerinin oluşturulmasına karar verilmiştir. Çizelge 4,3'da orjinal veri setinin, Çizelge 4,4'de dönüştürümleri için model parametrelerine ait sonsal ortalamalar ve kalıtım derecesi tahminleri verilmiştir.

Çizelge 4.3. 50.000 Gibbs örneğine göre, canlı ağırlık için poligenik modelden segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılışlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.

Genetic Parametreler	Sonsal ortalamalar	Sonsal Standartsapmalar	Mod	EYSY%95 Sol	EYSY%95 Sağ
Hata varyansı σ_e^2	12.36	1.60	12.70	8.44	17.47
Poligenik varyansı σ_u^2	5.19	2.53	3.87	1.62	21.36
Kalıtım derecesi h^2	0.29	0.63			

Çizelge 4.4. Doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs ve kotanjant dönüştürümleri için poligenik modelden varyans bileşenleri ve (EYSY %95) için marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik Parametreler	Sonsal ortalamalar	Sonsal standart sapmalar	Mod	EYSY%95 Sol	EYSY%95 Sağ
Doğal logaritma					
Hata varyansı σ_e^2	0.00896	0.00102	0.00892	0.00296	0.01258
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00330	0.00157	0.00275	0.00024	0.01604
Kalıtım derecesi h^2	0.59	0.27			
Kare kök					
Hata varyansı σ_e^2	0.08224	0.01040	0.08505	0.03253	0.11604
Poligenik varyansı σ_u^2	0.03298	0.01631	0.02656	0.00000	0.12826
Kalıtım derecesi h^2	0.28	0.61			
Logaritma					
Hata varyansı σ_e^2	0.00168	0.00020	0.00177	0.00045	0.00233
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00064	0.00032	0.00052	0.00000	0.00310
Kalıtım derecesi h^2	0.27	0.61			
Sinüs					
Hata varyansı σ_e^2	0.09470	0.00608	0.09635	0.05572	0.11853
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00497	0.00545	0.00019	0.00000	0.06541
Kalıtım derecesi h^2	0.051	0.47			
Kosinüs					
Hata varyansı σ_e^2	0.50945	0.02677	0.50282	0.41603	0.61616
Poligenik varyansı σ_u^2	0.01073	0.01090	0.00290	0.00000	0.09619
Kalıtım derecesi h^2	0.02	0.29			
Kotanjant					
Hata varyansı σ_e^2	0.00001	0.00000	0.00001	0.00000	0.00001
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00001	0.00001	0.00000	0.00000	0.00006
Kalıtım derecesi h^2	0.5	1			

Farklı dönüştürümlerin farklı kalıtım dereceleri tahmin ettiği Çizelge 4.4'de gösterilmiştir. Buna göre kosinüs dönüştürümü ile kalıtım derecesinin tahmini 0.02'ye düşerken, log dönüştürümü ile 0.59'a yükselmiştir. Tahmin edilen poligenik varyanslar canlı ağırlık için yüksek miktarda genetik varyans olduğunu göstermiştir. Orjinal veri seti için tahmin edilen kalıtım derecesi ($h^2 = 0.29$, Çizelge 4.3) bunu doğrulamıştır. Canlı ağırlığı için kalıtım derecesinin sonsal ortalamaları ($\pm$ SD), Poligenik model kullanılarak kalıtım derecesi tahmini $h^2 = 0.29 (\pm 0.63)$ ve major gen modelinde kalıtım derecesi $h^2 = 0.81 (\pm 0.98)$ olarak bulundu (Çizelge 4.5, 4.3). Major gen modeline ait kalıtım derecesinin poligenik modelin kalıtım derecesinden daha yüksek olduğu gözlenmiştir.

4.3.2. Canlı ağırlık için segregasyon analizi

Çizelge 4.3-Çizelge 4.5'da hem orjinal veri seti hem de ilgili dönüştürümleri için (3.1) numaralı modeldeki parametrelere ait marjinal sonsal dağılımlara ait tanıtıcı istatistikler verilmiştir. Major gen sonsal analizlerinde (Çizelge 4.5) en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (σ_G^2) için sıfır içerip içermediğinin incelenmesi sonucu sadece orjinal ölçekte major gen varlığı belirlenmiştir. Bununla birlikte ne orjinal veri seti ne de dönüştürümleri normal dağılıma uymadığı için sonuçların dikkatli bir şekilde yorumlanması gerekmektedir. Sonuçları doğrulamak amacı ile Mendelci geçiş olasılıkları da incelenmiştir (Çizelge 4.9). Buna göre 11, 12 ve 22 genotiplerinden "1" allelinin geçiş olasılıklarının EYYB'de 1, 0.5 ve 0 değerleri ile ifade edilmesi ve aralıkların çakışmamasının gözlenmesi ile mümkündür (Kadarmideen ve Janss 2005). Çizelge 4.9'deki geçiş olasılıkları canlı ağırlık için kalıtımın mendelci olduğu hipotezi reddetmiştir.

Gibbs örneklemesinin yakınsaması $\hat{R}$ değerinin 1 civarında olup olmadığı incelenerek ve zincirler içi otokorelasyonlara ait şekil ve test istatistikleri (Ek 1) incelenerek belirlenmiştir. Çizelge 4.10'de gösterildiği üzere sinüs ve kosinüs dönüştürümü haricinde yakınsama sağlanmıştır.

Çizelge 4.5. 50.000 Gibbs örneğine göre, canlı ağırlık için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.

Genetik Parametreler	Sonsal Ortalamalar	Sonsal standart Sapmalar	EYSY%95 Sol	EYSY%95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	11.13	1.96	6.56	17.34
Poligenik varyansı (σ_u^2)	4.46	2.55	0.00	18.52
Major gen varyansı (σ_G^2)	44.21	121.37	101.71	1401.92
Eklemeli gen etkisi (α)	7.32	11.61	0.00	61.24
Dominant etkisi	1.04	6.38	0.00	37.87
Major gen frekansı	0.47	0.32	0.00	1.01
Kalıtımderecesi h^2	0.81	0.98		

Dominant etkinin (1.04) eklemeli gen etkisinden (7.32) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 44.21$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 4.46$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Ayrıca, Janss vd. (1998) ve Miyake vd. (1999) major gen varyasyonlarının büyüklüğünün, ayrık bir major genin varlığının bir göstergesi olarak kullanılmasını önermişlerdir. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.47$ ve $q = 1 - p = 0.53$ bulunmuştur.

Canlı ağırlık için veriler normal dağılıma uymadığı için (Şekil 4.1) farklı transformasyon (dönüştürüm) yöntemleri kullanılarak Gibbs örneklemesi ile uygulanan Bayesçi segregasyon analizlerine ait sonuçlar Çizelge 4.6, 4.7 ve 4.8'de sunulmuştur.

Çizelge 4.6,7,8'te EYSY %95 göre; doğal logaritma, kare kök, logaritma, kosinüs, sinüs, ve kotanjant'te major gen varyansı (σ_G^2) (0) içerdiği için vücut ağırlığından sorumlu major gen olmadığını tespit ettik.

Bütün dönüştürüm (transformasyon) yöntemlerinde dominant etkisi eklemeli gen etkisinden daha küçük olarak bulunmuştur. Kullanılan farklı transformasyon (dönüştürüm) yöntemlerinde major gen varyansının, poligenik varyansdan önemli derecede yüksek olduğu bulunmuştur. Major gen frekansları ise kotanjant'ta ($p = 0.42$ ve $q = 1 - p = 0.58$), doğal logaritma 'da ($p = 0.44$ ve $q = 1 - p = 0.56$) (Çizelge 4.6), kare kök'te ($p = 0.50$ ve $q = 1 - p = 0.50$), logaritma'da ($p = 0.42$ ve $q = 1 - p = 0.58$) (Çizelge 4.7), kosinüs'te ($p = 0.51$ ve $q = 1 - p = 0.49$), ve sinüs'te ($p = 0.51$ ve $q = 1 - p = 0.49$) (Çizelge 4.8) bulunmuştur.

Canlı ağırlığı için kalıtım derecesi poligenik model kullanılarak doğal logaritma transformasyonu (dönüştürümü) için tahmini kalıtım derecesi $h^2 = 0.59 (\pm 0.27)$, kare kök $h^2 = 0.28 (\pm 0.61)$, logaritma $h^2 = 0.27 (\pm 0.61)$, kosinüs $h^2 = 0.02 (\pm 0.29)$, sinüs $h^2 = 0.051 (\pm 0.47)$, kotanjant $h^2 = 0.5 (\pm 1)$ (Çizelge 4.4) ve major gen modelinde kalıtım derecesi doğal logaritma dönüştürümü için $h^2 = 0.81 (\pm 0.98)$, kotanjant $h^2 = 1 (\pm 1)$ (Çizelge 4.6), kare kök $h^2 = 0.91 (\pm 0.99)$, logaritma $h^2 = 0.86 (\pm 0.98)$ (Çizelge 4.7), kosinüs $h^2 = 0.84 (\pm 0.98)$, ve sinüs $h^2 = 0.80 (\pm 0.86)$ (Çizelge 4.8) bulundu.

Çizelge 4.6. 50.000 Gibbs örneğine göre, kotanjant ve doğal logaritma dönüştürümleri (transformasyonları) için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

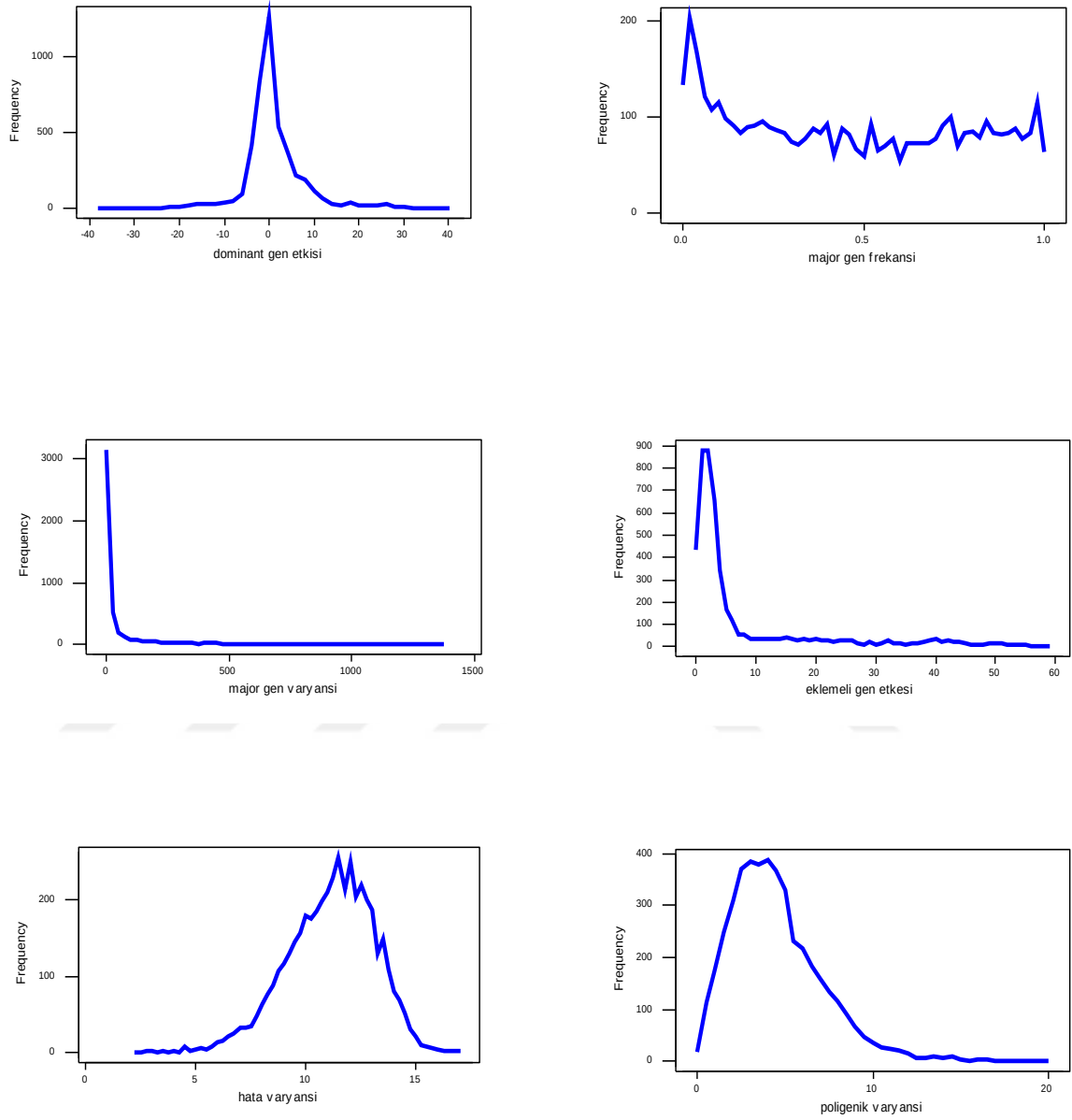
Genetik Parametre -ler	kotanjant				Doğal logaritma			
	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı	0.01	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
Poligenik varyansı	0.01	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01
Major gen varyansı	0.01	0.01	0.00	0.01	0.03	0.07	0.00	0.69
Eklemeli gen etkisi	0.01	0.01	0.00	0.04	0.18	0.21	0.00	1.29
Dominant etkisi	0.01	0.01	-0.04	0.04	0.03	0.21	-0.74	0.98
Major gen frekansı	0.41	0.31	0.00	1.01	0.44	0.31	0.00	1.01
Kalıtım derecesi h^2	1	1			0.81	0.98		

Çizelge 4.7. 50.000 Gibbs örneğine göre, kare kök ve logaritma dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik Parametre -ler	Karekök				Logaritma			
	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ	Sonsal ortalama	Sonsal Standart sapmalar	EYSY %95 Sol	EYSY %95 Sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.08	0.01	0.019	0.11	0.01	0.01	0.01	0.01
Poligeni kvaryansı (σ_u^2)	0.03	0.02	0.00	0.15	0.01	0.01	0.00	0.01
Major gen Varyansı (σ_G^2)	0.48	1.49	0.00	20.88	0.01	0.02	0.00	0.22
Eklmeli gen etkisi (a)	0.78	1.25	0.00	7.34	0.11	0.15	0.00	0.75
Dominant etkisi	0.02	0.60	-1.60	2.33	- 0.01	0.10	-0.33	0.43
Major gen frekansı	0.51	0.32	0.00	1.01	0.41	0.32	0.00	1.01
Kalıtım derecesi h^2	0.91	0.99			0.86	0.98		

Çizelge 4.8. 50.000 Gibbs örneğine göre, sinüs ve kosinüs dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik Parametre -ler	sinüs				kosinüs			
	Sonsal ortalama	sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.02	0.01	0.01	0.03	0.04	0.01	0.02	0.06
Poligenik varyansı (σ_u^2)	0.01	0.01	0.00	0.02	0.01	0.01	0.00	0.03
Major gen varyansı (σ_G^2)	0.06	0.03	0.00	0.14	0.30	0.16	0.00	0.60
Eklmeli gen etkisi (a)	0.14	0.07	0.00	0.41	0.37	0.02	0.31	0.44
Dominant etkisi	0.14	0.51	-0.70	0.70	0.02	1.16	-1.35	1.48
Major gen frekansı	0.51	0.29	0.00	1.01	0.50	0.29	0.00	1.01
Kalıtım derecesi h^2	0.80	0.86			0.84	0.98		



Şekil 4.4. Canlı ağırlık için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

Çizelge 4.9. AA, AB ve BB genotiplerinden kalıtıma uğrayan A alelinin geçiş olasılıklarının %95 En yüksek Sonsal Yoğunlukların (EYSY) sol ve sağ sınırları.

Canlı Ağırlık	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
	Pr(A AA)	0.00000	1.00323
	Pr(A AB)	0.00000	1.00381
	Pr(A BB)	0.00000	1.00335
Yem Tüketimi	Geçiş Olasılığı	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
	Pr(A AA)	0.00000	1.00271
	Pr(A AB)	0.00000	0.96765
	Pr(A BB)	0.00000	0.31410
Yem Etkinliği	Geçiş Olasılığı	EYSY%95 sol	EYSY%95 sağ
	Pr(A AA)	0.00197	1.00200
	Pr(A AB)	0.00200	1.00201
	Pr(A BB)	0.00199	1.00383

4.4. Major Gen Modelin Yakınsaması İle İlgili Sonuclar

(3.2) numaralı modeli kullanılarak Gibbs örneklemesinin yakınsaması $\hat{R}$ değerinin 1 civarında olup olmadığı incelenerek belirlenmiştir.

Çizelge 4.10. Canlı ağırlık, doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.

Parametre -ler	Hata varyansı	Poligenik varyansı	Major gen varyansı	Eklemeli gen etkisi	Dominant gen etkisi	Major gen etkisi
Orjinal	1.000033	1.000098	1.000923	1.002559	1.000464	1.000395
doğal logaritma	*	*	1.000437	1.000893	1.001294	1.000527
karekök	1.000151	1.000033	1.001924	1.008175	1.001329	1.001437
üssel	*	*	1.001573	1.006064	1.001045	1.001063
sinüs	*	*	1.000696	1.01639	1.38174**	1.00015
kosinüs	1.00009	1.00009	0.999998	1.004999	5.54321 **	1.000036
tanjant	*	*	*	1.010821	1.020426	1.001639

* parametre yakınsamış ama değer küçük olduğu için bilgisayar programı hesaplamadı.

** parametre yakınsamamış.

Çizelge 4.11. Yem tüketimi, doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.

Parametre -ler	Hata varyansı	Poligenik varyansı	Major gen varyansı	Eklemeli gen etkisi	Dominant gen etkisi	Major gen etkisi
Orjinal	1.000108	1.000084	0.99999	1.008708	1.00132	1.000192
doğal logaritma	*	*	1.003503	1.002725	1.018865	1.001923
karekök	1.000098	1.000046	1.001759	1.00272	1.001275	1.000359
üssel	*	*	1.00116	1.001621	1.001234	1.000159
sinüs	1.00012	1.0005	0.999993	1.004587	5.24323**	1.000001
kosinüs	1.00005	1.00015	0.999999	1.000374	5.40142**	1.00001
tanjant	*	*	*	*	*	1.005109

* parametre yakınsamış ama değeri küçük olduğu için bilgisayar programı hesaplamadı.

** parametre yakınsamamış.

Çizelge 4.12. Yem etkinliği, üssel, sinüs, kosinüs, tanjant, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.

Parametre -ler	Hata varyansı	Poligenik varyansı	Major gen varyansı	Eklemeli gen etkisi	Dominant gen etkisi	Major gen etkisi
Orjinal	*	*	1.001863	1.008368	1.010733	1.002651
doğal logaritma	*	*	1.003155	1.009019	1.01115	1.003454
karekök	*	*	1.001689	1.005697	1.007937	1.004306
üssel	*	*	*	*	*	1.001484
sinüs	*	*	1.00636	1.018784	1.003735	1.001775
kosinüs	*	*	1.003979	1.016936	1.005075	1.003146

* parametre yakınsamış ama değer küçük olduğu için bilgisayar programı hesaplamadı.

** parametre yakınsamamış.

4.5. Poligenik Modelin Yakınsaması İle İlgili Sonuclar

(3.2) numaralı modeli kullanılarak Gibbs örneklemesinin yakınsaması $\hat{R}$ değerinin 1 civarında olup olmadığı incelenerek belirlenmiştir.

Çizelge 4.13. Canlı ağırlık, doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.

Parametre -ler	Hata varyansı	Poligenik varyansı
Orjinal	1.000013	1.000013
doğal logaritma	*	*
karekök	1.000007	1.000007
üssel	*	*
sinüs	1.000035	1.000127
kosinüs	0.999997	1.000039
tanjant	*	*

* parametre yakınsamış ama değer küçük olduğu için bilgisayar programı hesaplamadı.

Çizelge 4.14. Yem tüketimi, doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.

Parametre -ler	Hata varyansı	Poligenik varyansı
Orjinal	1.000011	1.000013
doğal logaritma	*	*
karekök	1.000057	1.000067
üssel	*	*
sinüs	0.999994	1.000127
kosinüs	1.000023	1.000184
tanjant	*	*

* parametre yakınsamış ama değer küçük olduğu için bilgisayar programı hesaplamadı.

Çizelge 4.15. Yem etkinliği, üssel, sinüs, kosinüs, tanjant, ve kotanjant dönüştürümlerinde $\hat{R}$ kullanılarak yakınsama olup olmadığına incelenmesi.

Parametre -ler	Hata varyansı	Poligenik varyansı
Orjinal	*	*
doğal logaritma	*	*
karekök	*	*
üssel	*	*
sinüs	*	*

* parametre yakınsamış ama değer küçük olduğu için bilgisayar programı hesaplamadı.

4.6. Yem Tüketimi İçin Major Gen Analizleri

4.6.1. Yem tüketimi için poligenik modeli

Yem tüketimi için poligenik yorumlama (3.1) numaralı modelden major gen unsurunun çıkartılması ile elde edildi. Uzun (100.000 veya 200.000) zincir sonuçlarının, kısa (50.000) zincir sonuçları ile karşılaştırılmasının fark yaratmadığının belirlenmesi nedeni ile 10 tekerrürlü 50.000'lik markov zincirlerinin oluşturulmasına karar verildi. Çizelge 4.16'de orjinal veri setinin, Çizelge 4.17'de dönüştürümleri için model parametrelerine ait sonsal ortalamalar ve kalıtım derecesi tahminleri verilmiştir.

Çizelge 4.16. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem tüketimi için poligenik modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.

Genetik Parametreler	Sonsal Ortalamalar	sonsal standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 sağ
Hata varyansı σ_e^2	211.35	32.17	217.75	192.76	305.35
Poligenik varyansı σ_u^2	117.42	52.86	102.72	84.42	398.18
Kalıtım derecesi h^2	0.35	0.63			

Çizelge 4.17. Doğal logaritma, kare kök, logaritma, sinüs, kosinüs, ve kotanjant dönüştürümleri için poligenik modelden varyans bileşenleri ve (EYSY %95) için marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik Parametreler	Sonsal ortalamalar	sonsal standart sapmalar	Mod	EYSY%95 sol	EYSY%95 sağ
Doğal logaritma					
Hata varyansı σ_e^2	0.00663	0.00092	0.00678	0.00126	0.01035
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00314	0.00147	0.00284	0.00000	0.01240
Kalıtım derecesi h^2	0.36	0.61			
Kare kök					
Hata varyansı σ_e^2	0.29652	0.04225	0.30086	0.09807	0.42660
Poligenik varyansı σ_u^2	0.14758	0.06933	0.11092	0.01278	0.61092
Kalıtım derecesi h^2	0.66	0.62			
Logaritma					
Hata varyansı σ_e^2	0.00125	0.00017	0.00132	0.00028	0.00185
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00058	0.00028	0.00049	0.00000	0.00234
Kalıtım derecesi h^2	0.32	0.63			
Sinüs					
Hata varyansı σ_e^2	0.48663	0.02596	0.48337	0.39952	0.58934
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00685	0.00797	0.00010	0.00000	0.10195
Kalıtım derecesi h^2	0.01	0.03			
Kosinüs					
Hata varyansı σ_e^2	0.50861	0.02810	0.51466	0.41111	0.63970
Poligenik varyansı σ_u^2	0.01287	0.01457	0.00015	0.00000	0.15330
Kalıtım derecesi h^2	0.025	0.35			
Kotanjant					
Hata varyansı σ_e^2	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00003
Kalıtım derecesi h^2	0.00	0.00			

Farklı dönüştürümlerin farklı kalıtım dereceleri tahmin ettiği Çizelge 4.16'te gösterilmiştir. Buna göre kotanjant dönüştürümü ile kalıtım derecesinin tahmini 0.00'a düşerken, kare kök dönüştürümü ile 0.66'ya yükselmiştir. Tahmin edilen poligenik varyanslar yem tüketimi için yüksek miktarda genetik varyans olduğunu göstermiştir. Orjinal veri seti için tahmin edilen kalıtım derecesi ($h^2 = 0.35$, Çizelge 4.16) bunu doğrulamıştır. Yem tüketimi için kalıtım derecesinin sonsal ortalamaları ($\pm$ SD), poligenik model kullanılarak kalıtım derecesi tahmini $h^2 = 0.35 (\pm 0.63)$ ve major gen modelinde kalıtım derecesi $h^2 = 0.96 (\pm 0.98)$ olarak bulundu (Çizelge 4.16, 4.18). Major gen modeline ait kalıtım derecesinin poligenik modelin kalıtım derecesinden daha yüksek olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.18).

4.6.2. Yem Tüketimi İçin Segregasyon Analizi

Yem tüketimi için Çizelge 4.16-Çizelge 4.18'te hem orjinal veri seti hem de ilgili dönüştürümleri için (3.1) numaralı modeldeki parametrelere ait marjinal sonsal dağılımlara ait tanıttıcı istatistikler verilmiştir. Major gen sonsal analizlerinde (Çizelge 4.18) En yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (σ_G^2) için sıfır içerip içermediğinin incelenmesi sonucu sadece orjinal ölçekte major gen varlığı belirlenmiştir. Sonuçları doğrulamak amacı ile Mendelci geçiş olasılıkları da incelenmiştir (Çizelge 4.9). Buna göre 11, 12 ve 22 genotiplerinden "1" allelinin geçiş olasılıklarının EYYB'de 1, 0.5 ve 0 değerleri ile ifade edilmesi ve aralıkların çakışmamasının gözlenmesi ile mümkündür (Kadarmideen ve Janss 2005). Çizelge 4.9'deki geçiş olasılıkları yem tüketimi için kalıtımın mendelci olduğu hipotezi reddetmiştir.

Gibbs örneklemesinin yakınsaması $\hat{R}$ değerinin 1 civarında olup olmadığı incelenerek ve zincirler içi otokorelasyonlara ait şekil ve test istatistikleri (Ek 2) incelenerek belirlenmiştir. Çizelge 4.11'de gösterildiği üzere sinüs ve kosinüs dönüştürümü haricinde yakınsama sağlanmıştır.

Çizelge 4.18. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem tüketimi için major gen modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar (EYSY%95) için özet istatistikler.

Genetik parametreler	Sonsal ortalamalar	sonsal standart sapmalar	Mod	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	142.22	37.21	144.36	129.01	272.07
Poligenik varyansı (σ_u^2)	132.29	58.89	113.39	111.34	423.27
Major gen varyansı (σ_G^2)	919.99	2111.35	218.66	382302.40	20355.53
eklemeli gen etkisi (a)	28.80	26.70	0.15	0.00	162.81
Dominant gen etkisi	24.88	20.19	120.26	41.84	125.20
Major gen frekansı	0.38	0.23	0.09	0.00	1.003
Kalıtım derecesi h^2	0.96	0.98			

Dominant etkinin (24.88) eklemeli gen etkisinden (28.80) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 919.99$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 132.29$) önemli derecede yüksek bulunmuştur. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.38$ ve $q = 1 - p = 0.62$ bulunmuştur.

Çizelge 4.19,20,21'da EYSY%95 göre; doğal logaritma, kare kök, logaritma, kosinüs, sinüs, ve kotanjant'te major gen varyansı (σ_G^2) (0) içerdiği için yem tüketiminden sorumlu major gen olmadığını tespit ettik.

Bütün dönüştürüm yöntemlerinde dominant etkisi eklemeli gen etkisinden daha küçük olarak bulunmuştur. Kullanılan farklı dönüştürüm yöntemlerinde major gen varyansının, poligenik varyansdan önemli derecede yüksek olduğu bulunmuştur. Major gen frekansları ise karekök'te ($p = 0.46$ ve $q = 1 - p = 0.54$), doğal logaritma'da ($p = 0.38$ ve $q = 1 - p = 0.62$) (Çizelge 4.19), sinüs'te ($p = 0.50$ ve $q = 1 - p = 0.50$), logaritma'da ($p = 0.40$ ve $q = 1 - p = 0.60$) (Çizelge 4.20), kosinüs'te ($p = 0.50$ ve $q = 1 - p = 0.50$), ve kotanjant'ta ($p = 0.46$ ve $q = 1 - p = 0.54$) (Çizelge 4.21) bulunmuştur.

Yem tüketimi için kalıtım derecesi poligenik model kullanılarak doğal logaritma transformasyonu (dönüştürüm) için tahmini kalıtım derecesi $h^2 = 0.36 (\pm 0.61)$, kare kök $h^2 = 0.66 (\pm 0.62)$, logaritma $h^2 = 0.32 (\pm 0.63)$, kosinüs $h^2 = 0.025 (\pm 0.35)$, sinüs $h^2 = 0.01 (\pm 0.03)$, kotanjant $h^2 = 0.00 (\pm 0.00)$ (Çizelge 4.17) ve major gen modelinde kalıtım derecesi doğal logaritma transformasyonu (dönüştürümü) için $h^2 = 0.92 (\pm 0.99)$, kare kök $h^2 = 0.95 (\pm 0.99)$ (Çizelge 4.19), sinüs $h^2 = 0.86 (\pm 0.98)$, logaritma $h^2 = 0.85 (\pm 0.94)$ (Çizelge 4.20), kosinüs $h^2 = 0.42 (\pm 0.98)$, ve kotanjant $h^2 = 01 (\pm 1)$ (Çizelge 4.21) bulundu.

Çizelge 4.19. 50.000 Gibbs örneğine göre, Kare kök ve doğal logaritma dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

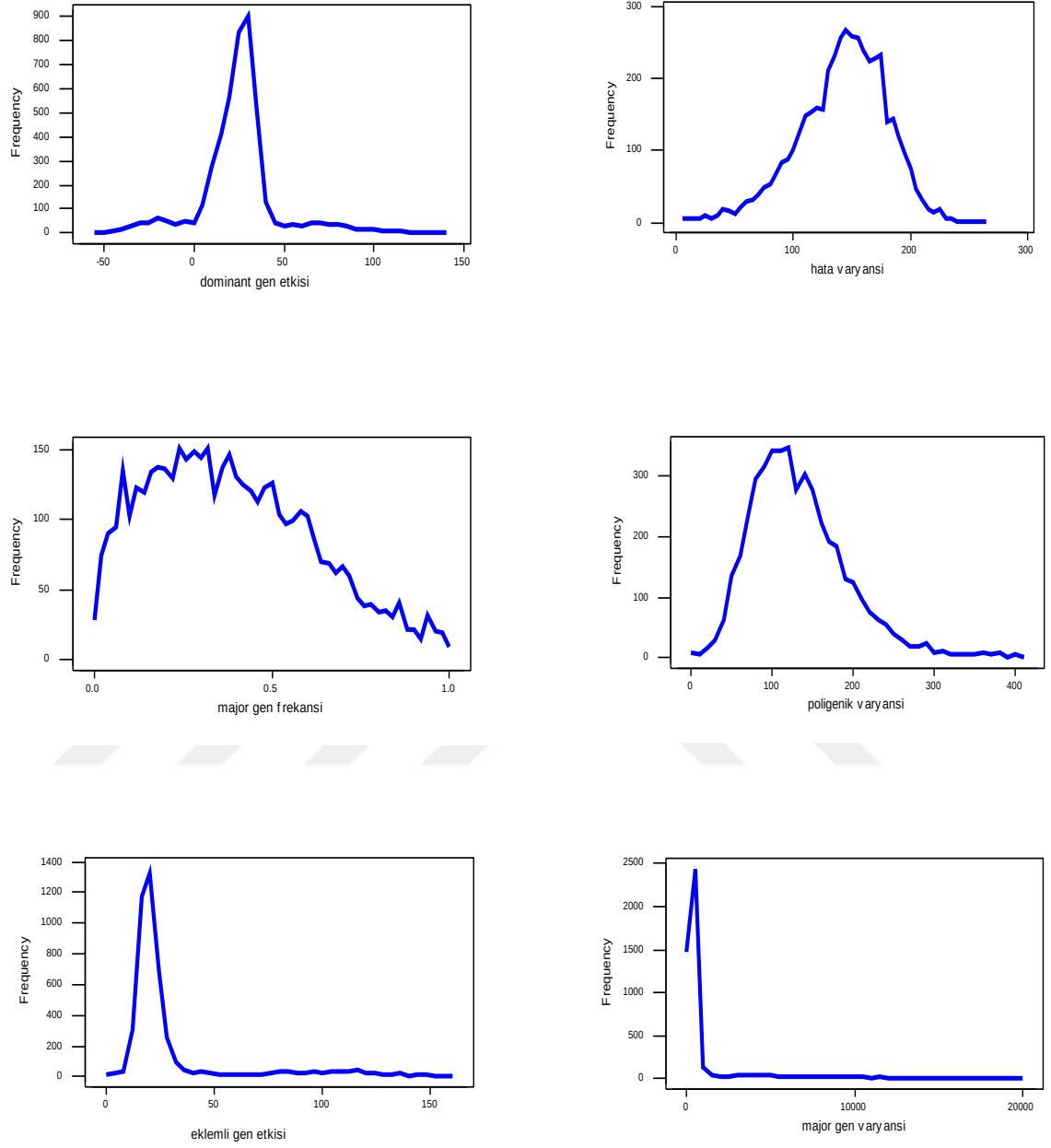
Genetik Parametre-ler	Doğal logaritma				Kare kök			
	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY % 95 sol	EYSY %95 sağ	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı	0.01	0.001	0.001	0.01	0.19	0.05	0.02	0.36
Poligenik varyansı	0.01	0.001	0.001	0.01	0.17	0.07	0.02	0.50
Major gen varyansı	0.05	0.11	0.00	0.90	3.52	9.54	0.00	84.45
Eklemleri gen etkisi	0.17	0.14	0.00	0.89	1.56	1.84	0.00	10.37
Dominant etkisi	-0.05	0.29	-1.08	0.38	1.17	1.46	-0.06	9.04
Major gen frekansı	0.46	0.26	0.00	1.00	0.38	0.23	0.00	1.00
Kalıtım derecesi h^2	0.92	0.99			0.95	0.99		

Çizelge 4.20. 50.000 Gibbs örneğine göre, sinüs ve logaritma dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik Parametre -ler	Logaritma				Sinüs			
	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı	0.001	0.001	0.0001	0.001	0.05	0.004	0.02	0.06
Poligenik varyansı	0.001	0.001	0.0001	0.002	0.004	0.004	0.00	0.05
Major gen varyansı	0.005	0.02	0.00	0.21	0.30	0.16	0.00	0.60
Eklmeli gen etkisi	0.07	0.06	0.00	0.51	0.36	0.02	0.30	0.44
Dominant etkisi	0.04	0.06	- 0.12	0.41	- 0.01	1.14	- 1.35	1.44
Major gen frekansı	0.40	0.23	0.00	1.01	0.50	0.29	0.00	1.004
Kalıtım derecesi h^2	0.85	0.94			0.86	0.98		

Çizelge 4.21. 50.000 Gibbs örneğine göre, kotanjant ve kosinüs dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik Parametre -ler	Kosinüs				Kotanjant			
	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı	0.04	0.003	0.03	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00
Poligenik varyansı	0.002	0.002	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.0001
Major gen varyansı	0.31	0.16	0.00	0.61	0.001	0.00	0.00	0.0001
Eklmeli gen etkisi	0.37	0.01	0.33	0.43	0.002	0.003	0.00	0.02
Dominant etkisi	- 0.46	1.06	- 1.34	1.47	0.001	0.002	-0.004	0.01
Major gen frekansı	0.50	0.29	0.00	1.01	0.46	0.29	0.00	1.003
Kalıtım derecesi h^2	0.42	0.98			1	1		



Şekil 4.5. Yem tüketimi için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

4.7. Yem Etkinliği İçin Major Gen Analizleri

4.7.1. Yem etkinliği için poligenik modeli

Yem etkinliği için poligenik yorumlama (3.1) numaralı modelden major gen unsurunun çıkartılması ile elde edildi. Uzun (100.000 veya 200.000) zincir sonuçlarının, kısa (50.000) zincir sonuçları ile karşılaştırılmasının fark yaratmadığının belirlenmesi nedeni ile 10 tekerrürlü 50.000'lik markov zincirlerinin oluşturulmasına karar verildi. Çizelge 4.22'de orjinal veri setinin, Çizelge 4.23'de dönüştürümleri için model parametrelerine ait sonsal ortalamalar ve kalıtım derecesi tahminleri verilmiştir.

Çizelge 4.22. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem etkinliği için poligenik modelden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar (EYSY%95) için özet istatistikler.

Genetik Parametreler	Sonsal ortalamalar	Sonsal standart sapmalar	Mod	EYSY % 95 sol	EYSY % 95 sağ
Hata varyansı σ_e^2	0.00019	0.00004	0.00020	0.00000	0.00033
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00021	0.00007	0.00033	0.00003	0.00059
Kalıtım derecesi h^2	0.52	0.63			

Çizelge 4.23. Üssel, sinüs, kosinüs, tanjant ve kotanjant dönüştürmeleri için poligenik modelden varyans bileşenleri ve (EYSY %95) için marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik parametreler	Sonsal ortalamalar	Sonsal standart sapmalar	Mod	EYSY%95 sol	EYSY%95 sağ
Üssel					
Hata varyansı σ_e^2	0.00022	0.00005	0.00023	0.00000	0.00037
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00025	0.00009	0.00025	0.00004	0.00071
Kalıtım derecesi h^2	0.53	0.64			
Sinüs					
Hata varyansı σ_e^2	0.00019	0.00004	0.00020	0.00000	0.00032
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00021	0.00008	0.00040	0.00004	0.00062
Kalıtım derecesi h^2	0.52	0.66			
Kosinüs					
Hata varyansı σ_e^2	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00001	0.00001	0.00000	0.00000	0.00009
Kalıtım derecesi h^2	1	1			
Tanjant					
Hata varyansı σ_e^2	0.00019	0.00005	0.00020	0.00000	0.00032
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00022	0.00008	0.00021	0.00004	0.00062
Kalıtım derecesi h^2	0.53	0.61			
Kotanjant					
Hata varyansı σ_e^2	0.00019	0.00004	0.00019	0.00000	0.00032
Poligenik varyansı σ_u^2	0.00021	0.00007	0.00035	0.00003	0.00058
Kalıtım derecesi h^2	0.52	0.63			

Farklı dönüştürüm yöntemlerinin farklı kalıtım dereceleri tahmin ettiği Çizelge 4.23'de gösterilmiştir. Buna göre kotanjant ve sinüs dönüştürümü ile kalıtım derecesinin tahmini 0.52'ye düşerken, kosinüs dönüştürümü ile 1'e yükselmiştir. Tahmin edilen poligenik varyanslar yem etkinliği için yüksek miktarda genetik varyans olduğunu göstermiştir. Orjinal veri seti için tahmin edilen kalıtım derecesi ($h^2 = 0.52$, Çizelge 4.3) bunu doğrulamıştır. Yem etkinliği için kalıtım derecesinin sonsal ortalamaları ($\pm$ SD), poligenik model kullanılarak kalıtım derecesi tahmini $h^2 = 0.52 (\pm 0.63)$ ve major gen modelinde kalıtım derecesi $h^2 = 0.81 (\pm 0.98)$ olarak bulundu (Çizelge 4.22, 4.24). Major gen modeline ait kalıtım derecesinin poligenik modelin kalıtım derecesinden daha yüksek olduğu gözlenmiştir.

4.7.2. Yem Etkinliği İçin Segregasyon Analizi

Çizelge 4.22-Çizelge 4.24'ta hem orjinal veri seti hem de ilgili dönüştürümleri için (3.1) numaralı modeldeki parametrelere ait marjinal sonsal dağılımlara ait tanıtıcı istatistikler verilmiştir. Major gen sonsal analizlerinde (Çizelge 4.24) en yüksek sonsal yoğunluk bölgelerinin (σ_G^2) için sıfır içerip içermediğinin incelenmesi sonucu hem orjinal ölçekte hemde dönüştürümleri için major gen olmadığı belirlenmiştir. Bununla birlikte orjinal veri seti ve dönüştürümlerinden sadece doğal logaritma ve kosinüs normal dağılıma uymadığı belirlenmiştir. Sonuçları doğrulamak amacı ile Mendelci geçiş olasılıkları da incelenmiştir (Çizelge 4.9). Buna göre 11, 12 ve 22 genotiplerinden "1" allelinin geçiş olasılıklarının EYYB'de 1, 0.5 ve 0 değerleri ile ifade edilmesi ve aralıkların çakışmamasının gözlenmesi ile mümkündür (Kadarmideen ve Janss 2005). Çizelge 4.9'deki geçiş olasılıkları yem etkinliği için kalıtımın mendelci olduğu hipotezi reddetmiştir.

Gibbs örneklemesinin yakınsaması $\hat{R}$ değerinin 1 civarında olup olmadığı incelenerek ve zincirler içi otokorelasyonlara ait şekil ve test istatistikleri (Ek 3) incelenerek belirlenmiştir. Çizelge 4.12'de gösterildiği üzere orjinal veri seti ve dönüştürümleri yakınsama sağlanmıştır.

Çizelge 4.24. 50.000 Gibbs örneğine göre, yem etkinliği için major gen modelinden Segregasyon analizine ait parametre tahminlerinin sonsal dağılımlarına ait ortalama, standart sapma ve en yüksek sonsal yoğunluklar için özet istatistikler.

Genetik parametreler	Sonsal ortalamalar	Sonsal standart sapmalar	Mod	EYSY%95 sol	EYSY%95 sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.00017	0.00004	0.00018	0.00000	0.00031
Poligenik varyansı (σ_u^2)	0.00017	0.00007	0.00029	0.00001	0.00050
Major gen varyansı (σ_G^2)	0.00221	0.00502	0.00004	0.00000	0.04408
Eklemlen gen etkisi (a)	0.05073	0.05327	0.00029	0.00000	0.29994
Dominant gen etkisi	- 0.00347	0.05787	0.30155	- 0.17884	0.31596
Major gen frekansı	0.60428	0.31332	0.98889	0.00200	1.00389
Kalıtım derecesi h^2	0.93	0.99			

Dominant etkinin (- 0.00347) eklemeli gen etkisinden (0.05073) daha küçük olduğu bulunmuştur. Analizlerde major gen varyansı ($\sigma_G^2 = 0.00221$), poligenik varyansdan ($\sigma_u^2 = 0.00017$) yüksek bulunmuştur. Ayrıca, Janss vd. (1998) ve Miyake vd. (1999) major gen varyasyonlarının büyüklüğünün, ayırık bir major genin varlığının bir göstergesi olarak kullanılmasını önermişlerdir. Populasyondaki major gen frekansı $p = 0.60$ ve $q = 1 - p = 0.40$ bulunmuştur.

Çizelge 4.25,26,27'da EYSY%95 göre; üssel, sinüs, kosinüs, tanjant, ve kotanjant'ta major gen varyansı (σ_G^2) (0) içerdiği için yem etkinliği sorumlu major gen olmadığını tespit ettik.Bütün dönüştürüm yöntemlerinde dominant etkisi eklemeli gen etkisinden daha küçük olarak bulunmuştur. Kullanılan farklı transformasyon (dönüştürüm) yöntemlerinde major gen varyansının, poligenik varyansdan önemli derecede yüksek olduğu bulunmuştur.

Major gen frekansları ise üssel'de ($p = 0.47$ ve $q = 1 - p = 0.53$) (Çizelge 4.25), sinüs'te ($p = 0.45$ ve $q = 1 - p = 0.55$), kosinüs'te ($p = 0.47$ ve $q = 1 - p = 0.53$) (Çizelge 4.26), tanjan'da ($p = 0.62$ ve $q = 1 - p = 0.38$), ve kotanjan'da ($p = 0.51$ ve $q = 1 - p = 0.49$) (Çizelge 4.27) bulunmuştur.

Yem etkinliği için kalıtım derecesi poligenik model kullanılarak üssel transformasyonu (dönüştürümleri) için tahmini kalıtım derecesi $h^2 = 0.53 (\pm 0.64)$, sinüs $h^2 = 0.52 (\pm 0.66)$, kosinüs $h^2 = 1 (\pm 1)$, tanjan $h^2 = 0.53 (\pm 0.61)$, kotanjant $h^2 = 0.052 (\pm 0.63)$ (Çizelge 4.23) ve major gen modelinde kalıtım derecesi üssel transformasyonu (dönüştürüm) için $h^2 = 0.94 (\pm 0.99)$ (Çizelge 4.25), sinüs $h^2 = 0.95 (\pm 0.99)$, kosinüs $h^2 = 1 (\pm 1)$ (Çizelge 4.26), tanjan $h^2 = 0.92 (\pm 0.99)$, ve kotanjant $h^2 = 0.95 (\pm 0.99)$ (Çizelge 4.27) bulundu.

Çizelge 4.25. 50.000 Gibbs örneğine göre, üssel dönüştürümü için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

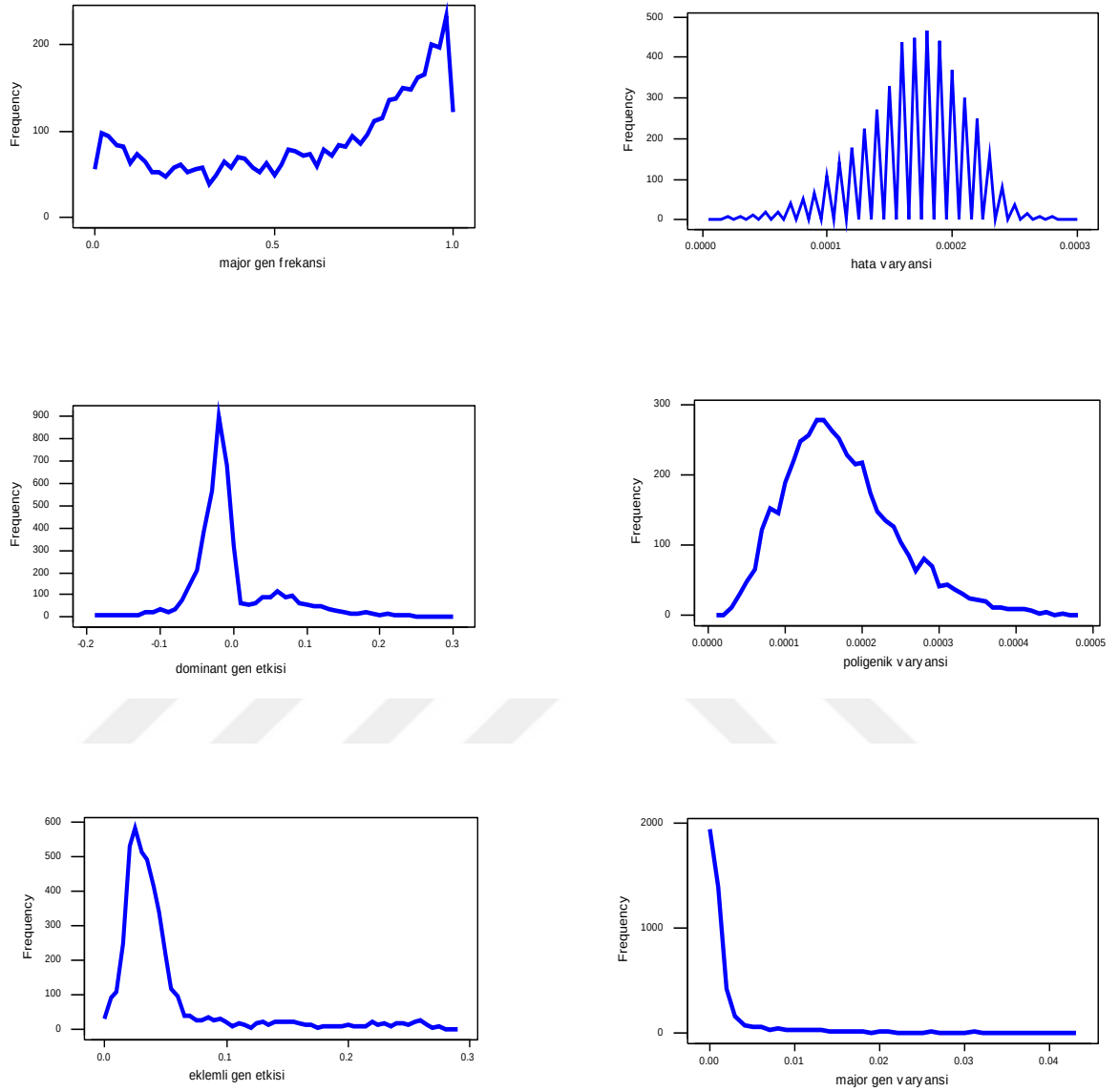
Genetik parametreler	Üssel			
	Sonsal ortalama	Sonsal Standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı (σ_e^2)	0.00018	0.00005	0.00000	0.00033
Poligenik varyansı (σ_u^2)	0.00021	0.00009	0.00001	0.00061
Major gen varyansı (σ_G^2)	0.00279	0.00583	0.00000	0.06934
Eklemeli gen etkisi (a)	0.05427	0.05300	0.00000	0.36580
Dominant etkisi	0.01648	0.07533	- 0.14514	0.33803
Major gen frekansı	0.46832	0.33381	0.00000	1.00390
Kalıtım derecesi h^2	0.94	0.99		

Çizelge 4.26. 50.000 Gibbs örneğine göre, sinüs ve kosinüs dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik Parametre -ler	Sinüs				Kosinüs			
	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı	0.00017	0.00004	0.00000	0.00029	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
Poligenik varyansı	0.00017	0.00008	0.00000	0.00053	0.00000	0.00000	0.00000	0.00003
Major gen varyansı	0.00292	0.00506	0.00000	0.04899	0.00001	0.00001	0.00000	0.00007
Eklmeli gen etkisi	0.06585	0.06435	0.00000	0.35794	0.00280	0.00145	0.00000	0.00813
Dominant etkisi	0.02250	0.06757	- 0.08759	0.28876	- 0.00077	0.00316	0.01206	0.00402
Major gen frekansı	0.45265	0.34018	0.00000	1.00394	0.46758	0.28617	0.00000	1.00377
Kalıtım derecesi h^2	0.95	0.99			1	1		

Çizelge 4.27. 50.000 Gibbs örneğine göre, tanjant ve kotanjant dönüştürümleri için EYSY %95 ve major gen modelden elde edilen parametreler için tahmini marjinal sonsal ortalama ve marjinal sonsal standart sapmalar.

Genetik parametreler	Tanjant				Kotanjant			
	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ	Sonsal ortalama	Sonsal standart sapmalar	EYSY %95 sol	EYSY %95 sağ
Hata varyansı	0.00017	0.00004	0.00001	0.00030	0.00017	0.00004	0.00000	0.00029
Poligenik varyansı	0.00018	0.00008	0.00001	0.00056	0.00018	0.00008	0.00000	0.00057
Major gen varyansı	0.00190	0.00524	0.00000	0.06397	0.00294	0.00765	0.00000	0.07810
Eklmeli gen etkisi	0.05029	0.05712	0.00000	0.34876	0.05962	0.07694	0.00000	0.44199
Dominant etkisi	- 0.01423	0.04800	- 0.08901	0.31113	0.01167	0.06475	- 0.088	0.33908
Major gen frekansı	0.61814	0.29848	0.00200	1.00392	0.51490	0.33828	0.00000	1.00375
Kalıtım derecesi h^2	0.92	0.99			0.95	0.99		



Şekil 4.6. Yem etkinliği için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi, ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

5. TARTIŞMA

Hayvan ıslahı ve genetik çalışmaları derin ve karmaşık pedigrı bilgi kaynakları kullanmaktadır. Doğru damızlık değeri tahmini, daha yüksek genetik ilerlemelere olanak tanımaktadır (Karacaören ve Fırat 2012). Benzer şekilde bu derin ve karmaşık pedigrilerin major gen analizlerinde kullanılması daha doğru tahminlere ve yüksek genetik ilerlemelere olanak tanır (Wolc vd. 2009; Janss 1997a, b). Gibbs örnekleme derin pedigrilerden doğru bir biçimde istatistiksel yorumlamalar yapılmasına olanak tanımaktadır. Bu tezde sadece F2 popülasyonu kullanılmış olsa da kuramsal olarak n kuşaklık pedigriler Gibbs örnekleme ile analiz edilebilmektedir.

Bu çalışmada daha önce moleküler analiz ile QTL olduğu bildirilen (Ehsani vd. 2012) bir F2 fare veri setinden, canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği fenotipleri ve bunların farklı dönüştürümleri (transformasyonları) için segregasyon analizi ile major gen incelemesi yapılmıştır. Her ne kadar moleküler bilgiye erişim ucuzlaşsa da (Daş 2015) Türkiye gibi gelişmekte olan ülkelerde hayvan ıslahı çalışmalarında DNA bilgisinin kullanılması halen uygulanabilir değildir. Bu bağlamda bu tezin ana amacı ucuz ve doğru bir yöntem olan segregasyon analizine ait sonuçların, F2 verisetinden moleküler bilgi ile elde edilen sonuçlarla örtüşüp örtüşmediğinin incelenmesidir. Segregasyon analizlerinin fenotiplerin normallğine duyarlı olduğu bildirilmiştir (Jarvik 1998; Sonchez vd. 2003). Bu tezin bir diğer amacı ise farklı dönüştürüm tekniklerinin major gen analizlerine olan etkisinin incelenmesidir.

Segregasyon analizi kullanılarak moleküler genetik teknolojilerine ihtiyaç duyulmaksızın pek çok çalışma için major genler belirlenmiştir. Bu çalışmada normallik sağlanmasa da canlı ağırlık için farelerde major gen olduğu gösterilmiştir. Bununla birlikte yapılan dönüştürümler sonrası yine de normallik sağlanamamış (Şekil 4.1, Çizelge 4.2) ve major genin varlığı dönüştürüm ile de gösterilememiştir. Dönüştürüm sonrası major gen analizi için yorumlamanın değişmesi Jarvik (1998) ve Cemal (2001)'ın bildirmiş olduğu; segregasyon analizlerinin normallği duyarlılığını doğrulamaktadır.

Wolc vd. (2009) farelerde canlı ağırlık fenotipi ile ilgili yaptıkları çalışmada kalıtım derecesini 0.25 ile 0.47 aralığında tahmin etmişlerdir ve bu değeri bu çalışmanın sonucu ile örtüşmektedir ($h^2 = 0.42$). Wolc vd. (2009), kontrol ve seleksiyon hatlarını segregasyon analizi ile kıyasladıklarında major gen frekanslarının önemli derecede farklı olduğunu göstermiştir ve tek bir major genin poligenik etkiler ile canlı ağırlık için önemli olduğunu ortaya koymuşlardır.

Mevcut çalışmanın sonuçları doğrudan Wolc vd. (2009)'nın sonuçları ile karşılaştırılamasa da, major gen varlığını gösteren belirli sonuçlar elde edilmiştir (Çizelge 4.5, Şekil 4.4). Bununla birlikte Wolc vd. (2009)'un belirttiği üzere fare iyi bir model organizma olsa da bulunan veya belirlenen major gen etkileri çoğu zaman üzerinde çalışılan popülasyona özeldir ve hatta çok büyük etkilerle tespit edilen major genler başka popülasyonlarda belirlenemeyebilmektedir. Wolc vd. (2009) segregasyon analizi sonuçlarının DNA analizinin sonuçları ile örtüştüğünü rapor etmişlerdir.

Benzer olarak Ehsani vd. (2012), bu tezin materyali ile genomik ilişki çalışması uygulayarak üç QTL'in canlı ağırlık için önemli olduğunu ortaya koymuşlardır. Bu

çalışmada ise DNA bilgisi kullanılmaksızın sadece pedigrî ve fenotiplerce major gen olabileceği ortaya koymuştur. Bununla birlikte bu çalışmada sadece bir tane major genin canlı ağırlığı etkileyebileceği kabul edilmiştir ve DNA analizlerinin sonuçları (Karacaören 2014) bu önkabülün doğru olmadığını göstermektedir. Yine de hem canlı ağırlık (Çizelge 4.5) hem de yem tüketimine (Çizelge 4.18) ait major gen varyanslarının en yüksek sonsal bölgelerinin sıfır içermemesi major gen varlığını ispatlamaktadır. Mendelci geçiş olasılıkları ise beklenen alel sayımları ile örtüşmemektedir (Çizelge 4.9). Bu çalışmada bu durum genomik ilişki çalışmalarının temel ön kabülü olan Mendel'in ikinci yasasından sapma olarak da adlandırılabilen dengesiz bağıntı (linkage disequilibrium) ile açıklanabilir. İlişki haritalamacılığı Mendel'in ikinci kanunu olan bağımsız segregasyondan sapmaları bilgi kaynağı olarak kullanmaktadır.

İlişki haritalamacılığı (association mapping); genler civarında yer alan ve kantitatif fenotipleri etkileyen aday işaretleyicileri (markerları) ve bağıntı (linkage) bölgelerini tespit etmeyi amaçlar. Moleküler kalıtmadaki son gelişmeler fenotipler ile ilişkili olabilen başkalaşımın: yüz binlerce tekil nükleotit polimorfizm ile saptanmasına olanak tanımıştır (Karacaören 2014). Diğer bir alternatif yöntem olan bağıntı haritalamacılığına (linkage mapping) oranla daha yüksek çözünürlük ve güçlülük sağlamaktadır (Risch and Merikangas 1996). İlişkinin gücü: populasyon bulucularının sayısına, bulucu haplotype'ların sayısına, kuşak sayısına ve başkalaşım, seleksiyon gibi faktörlere bağlı olacaktır (Collins 2007). Dengesiz bağıntı: kromozomda birbirine yakın işaretleyici (marker) veya gen bölgesinin kuşaktan kuşağa birlikte aktarılmasını açıklayan bir terim olup, genomik çalışmaların (ve dolayısı ile gen haritalama çalışmalarının) ana ön kabülünü oluşturmaktadır. Oysa mendelci geçiş olasılıkları allelerin kuşaktan kuşağa bağımsız segregasyon hipotezine (linkage) göre geçtiği ön kabülü ile hesaplanmaktadır.

Sanchez vd. (2007) hem QTL hem de segregasyon analizi kullanarak F2 domuz populasyonlarında yağ içeriği ile ilgili bulguları bu çalışmanın sonuçlarına benzerlik göstermektedir. Sanchez vd. (2007), dönüştürüm ile normalleştirme sağladıklarında, major gen kanıtının yok olduğunu göstermişler, QTL ve segregasyon analizlerinin kısmen örtüştüğü sonucuna varmışlardır. İki yöntem arasındaki ana farkın, QTL çalışmalarının en az iki QTL olduğunu göstermesine segregasyon analizinin bir QTL olduğunu kabul etmesine bağlamaktadırlar.

Pomp vd. (2005)'ta farelerde hızlı büyüme oranı için genomik haritalama yapabilmek için iki farklı fare hattından oluşturulan büyük bir F2 populasyonunda QTL'lerin yerini belirlediler. Bu amaçla belli bir sürede plazma insülin, glikoz seviyeleri ve vücut kompozisyonu gibi özellikleri incelediler ve ölçülen tüm özellikleri etkileyen, büyük olasılıkla 13 adet kromozom üzerinde 19 benzersiz bölgeyi temsil eden 95 QTL belirlediler. Bununla birlikte yağ biriktirme büyüme ve enerji tüketiminin yaşa bağlı olarak düzenlenmesini gösteren birkaç QTL belirlenmiştir.

Karacaören vd. (2006)'da süt sığırlarında yem tüketimi ve canlı ağırlık fenotiplerinden sorumlu major genleri Bayesçi segregasyon yöntemi ile incelemiş ve yem tüketimi ve canlı ağırlık fenotiplerinden sorumlu major gen olduğunu tespit etmişlerdir (Çizelge 2.5). Ama mendelci geçiş olasılıkları testleri ile, hem yem tüketimi hemde canlı ağırlıktan sorumlu major gen olmadığını bildirmişlerdir. Bizim çalışmamızın sonuçları da Karacaören vd. (2006)'ın sonuçlarına benzer olarak en

yüksek sonsal yoğunluk bölgeleri %95 (EYSY%95) 0 içermediği için yem tüketimi ve canlı ağırlık fenotiplerinden sorumlu major gen olduğunu gösterse de (Çizelge 4.5, Çizelge4.18) kalıtım deseninin mendelci olduğu hipotezi rededilmiştir.

Karacaören (2014)'te aynı F2 fare veri setini genom tabanlı ilişki analizini kullanarak canlı ağırlığı etkileyen yedi SNP olduğunu göstermiştir. Bu çalışmada ise DNA bilgisi kullanılmaksızın sadece pedigr ve fenotiplerce major gen olabileceği ortaya konmuştur. Bununla birlikte yapılan Kolmogrov-Smirnow normallik testi iki çalışmada da canlı ağırlık için normalliğin sağlanmadığı vurgulanmıştır (şekil 4.1, Çizelge 4.2). Bununla birlikte Bayesçi analizlerin hem normallikten sapma, hem de (dolayısı ile) küçük örneklem durumunda, olabilirlikçi yöntemlere oranla daha güçlü oldukları gösterilmiştir (Gelman vd. 2004; Gianola ve Soransen 2002).

Sanchez vd. (2003) vücut kompozisyonu ve karkasını etkileyen major bir gen olup olmadığını segregasyon analizi için iki yöntem ile incelediler. Bayesçi-Gibbs örnekleme (Bayesian-GS) ve maksimum olabilirlik-Quasi Newton algoritması (ML-QN) yoluyla yapan analizlere göre vücut kompozisyonu ve karkası etkileyen major gen varlığını ortaya koydular (Çizelge 2.2).

Sanchez vd. (2003); ML-QN ile büyük populasyonların pedigrilerinin kullanılmasına olanak tanıdığı için major genleri tespit etmek için güvenilir bir yaklaşım olduğu sonucuna varmışlardır. Ancak, Bayesian-GS poligenik ve major genlerin nesiller boyunca tahmin edilmesine olanak tanıdığı için daha kapsamlı analizler yapmaya olanak tanıyan bir yöntem olduğunu bildirmişlerdir. Her iki yöntem de dönüştürüm kullanılmaksızın major gen varlığını tespit etmiştir. Bizim çalışmamız da dönüştürüm kullanarak ve kullanmayarak canlı ağırlıktan sorumlu major gen varlığını Bayesçi segregasyon analizi ile inceledik ve dönüştürüm sonrası major gen kanıtının ortadan kalktığını gözlemledik.

Haring vd. (2011) deneysel bir kedi populasyonunda canlı ağırlık major gen varlığını, bir çevresel ve dört genetik model (genel, karma kalıtım, major gen ve poligenik) kullanarak incelemişler ve canlı ağırlıkta birden fazla major lokusun sorumlu olabileceğini bildirmişlerdir. Ayrıca insanlarda canlı ağırlık fenotipten sorumlu olan birden fazla major lokus olduğunu daha önce ortaya koymuştur (Thorleifsson vd. 2009; Willer vd. 2009). Bizim çalışmamızda fare örneklem büyüklüğü yeterince geniş olduğundan ve iki modelinde (major gen + poligenik) canlı ağırlıktan sorumlu major gen olduğunu göstermiştir (Çizelge4.5).

Moleküler genetik çalışmalar fenotiplerin, QTL veya ilişkili genlerce açıklanabileceği önkabülü ile yapılmaktadır (Campos vd. 2010). Genomik varyansın, fenotipik varyansı açıklaması ise üzerinde çalışılan fenotipin genetik mimarisi ile ilişkili olacaktır (Gianola 2013). Gianola (2013) Bayesçi analizlerde farklı önseller kullanarak, farklı genetik mimarilerin farklı fenotiplerde nasıl inceleneceğini tartışmış ve hangi yöntem veya modelin "en iyi" olduğunun bilinemediği sonucuna varmıştır.

Bu tezde de bir kantitatif fenotipdeki çeşitliği açıklarken farklı modellerin farklı yorumlara yol açabileceği, daha doğru sonuçlara ulaşmak için farklı modellere ait sonuçların karşılaştırılması gerektiği gösterilmiştir. Nitekim Ehsani vd. (2012) ve Karacaören (2014) yem etkinliği için farklı etki büyüklüklerine sahip QTL veya ilişkili

genleri moleküler bilgi ile tespit etmişlerdir. Bu tezde ise farklı dönüştürümler veya orijinal ölçek için, yem tüketiminin kalıtımının poligenik olduğu sonucuna varılmıştır. Bununla birlikte yem etkinliği: canlı ağırlık artışlarının, yem tüketimine bölünmesi suretiyle üretilmiş bir fenotip olup, taşıdığı çeşitlilik oldukça küçük bulunmuştur (Çizelge 4.1). Yem etkinliğinin genetik analizinde büyük bir olasılıkla ek olarak moleküler işaretleyici bilgisi kullanılması daha faydalı olacaktır.

Bu çalışmadan elde edilen poligenik kalıtım dereceleri canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliği için: 0.29, 0.35 ve 0.52 iken Ehsani vd. (2012) sırası ile 0.42, 0.53 ve 0.58 olarak daha büyük tahminler rapor etmişlerdir. Kullanılan yöntem farklılıkları mevcut tez ve Ehsani vd. (2004) sonuçları arasında oransal bir farka yol açsa da , yem etkinliği için kalıtım derecesi tahminleri örtüşmektedir.

Bu çalışmada markov zincirlerinin yakınsaması hem görsel olarak Gibbs örnekleme oto korelasyonlarının iterasyon sayısına göre azalması (Çizelge 4.10,11,12) hem de $\hat{R}$ test istatistiğinin 1 değerine yaklaşp yaklaşmamasına göre incelenmiştir (Gelman vd. 2004). Çizelge 4.12'de gösterildiği üzere özellikle yem etkinliğinde zincirler içi ve arası çeşitlilik çok düşük olduğundan ilgili $\hat{R}$ test istatistiği hesaplanamamıştır. Ama bazı model parametreleri her üç fenotipde de hem orijinal ölçekte hem de dönüştürümler için yakınsamamıştır.

Segregasyon analiz sonuçları QTL ve bağıntı analiz sonuçlarıyla daha önce karşılaştırılmış Sanchez vd. (2007) olsa da, bilgimiz dahilinde ilk kez bir segregasyon analiz sonucu genom tabanlı ilişki analizinin sonuçları ile uygulamalı olarak karşılaştırılmıştır. Her ne kadar hem canlı ağırlık hem de yem tüketimi için genomik ilişki sonuçlarının ön gördüğü üzere major gen olduğu saptansa da, mendelci geçiş olasılıkları bu sonucu doğrulamamıştır. Gelecek çalışmalar bu mendelci geçiş olasılıklarından sapmanın nedenlerini daha farklı deneme desenleri (geriye melezleme, rasgele pedigree... gibi) kurarak inceleyebilir.

6. SONUÇLAR

Segregasyon analizi major genlerin sadece pedigrisi ve fenotipleri ile belirlenebilmesini ucuz ve etkin bir şekilde 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 tesbiti yapan bir yöntemdir. Özellikle zootekni kapsamında kullanılan geniş ve derin pedigriler mümkün bütün genotip bileşmelerini ayrı ayrı yazmaya izin vermemektedir. Bu bağlamda Gibbs örnekleme yönteminin kullanılması yaklaşık olarak segregasyon analizi yapılmasına olanak tanımaktadır. Bu tezde canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliğinin major bir gen tarafından yönlendirilip yönlendirilmediğinin bir F2 fare populasyonuna ait veri seti kullanılarak segregasyon analizi ile incelenmiştir. Segregasyon analizi canlı ağırlık ve yem tüketimi için major genleri tespit etse de (Çizelge 4.9) bunların kalıtım deseninin Mendelci olduğu hipotezi reddedilmiştir.

Bu çalışmada normallik ve bununla ilgili olarak yapılan farklı doğal logaritma ve geometrik dönüştürmelerin segregasyon analizinden elde edilecek sonuçları ve dolayısı ile major gen hakkında yapılacak yorumları değiştirdiği gösterilmiştir. Örneğin yem tüketiminde orjinal ölçekte normallik sağlanmış iken ve major gen kanıtı gösterilmiş iken (Çizelge 4.2), dönüştürüm yapılması major gen sinyalini yok etmiştir (Çizelge 4.2). Benzer olarak canlı ağırlık için yapılan dönüştürümler de major gen varlığı ile ilgili kanıtı yok etmiştir (Çizelge 4.5).

Her ne kadar gelişmiş ülkelerde DNA temelli ıslah çalışmaları kullanılmaya başlanmış olsa da Türkiye'de henüz bu tarz çalışmalar yapılamamaktadır. Yüksek yoğunluklu SNP bilgileri ile çiftlik hayvanlarının damızlık değerleri tahmin edilebilmekte ve seleksiyon yapılabilmektedir (Meuwissen vd. 2001). Damızlık değerleri SNP bilgisi ile hesaplanabilmektedir.

Örneğin sığırdaki genom projesi 2006'da tamamlanmıştır. Islah çalışmalarındaki başarı damızlık değerlerinin doğru bir şekilde tahminine dayalı olacaktır. İşaretleyicilerin (marker) bu anlamda faydalı olabileceği uzun zamandır bilinmektedir ama uygulaması oldukça sınırlı idi. Artık işaretleyici genotipleri daha düşük maliyetlerle elde edilebilmektedir. Dolayısı ile damızlık değerler DNA bilgisinin yardımı ile daha doğru bir şekilde tahmin edilebilmektedir. Özellikle kuşaklar arası sürenin uzun olduğu türlerde erken yaşta seleksiyon için bu yöntem uygundur. 2008 yılında genomik seleksiyon bazı ülkelerde Holsteinlar için kullanılmıştır: Kanada, Danimarka, Fransa, Hollanda, Yeni Zelanda ve Amerika Birleşik Devletleri: 2010 yılında bu sayı 16 ülkeye kadar çıkmıştır (Patry 2011).

Bu tez'de ilk kez Türkiye'de segregasyon analizi kullanılarak canlı ağırlık, yem tüketimi ve yem etkinliğinden sorumlu major bir genin varlığı fare populasyonunda incelenmiştir. Sadece pedigrisi ve fenotip bilgisi kullanılarak, Ehsani vd. (2012) ve Karacaören (2014)'in DNA kullanarak ulaştıkları sonuçlara benzer yorumlama yapılabilmektedir. Zhang vd. (1994) farelerde obesite genini belirlemiştir. Bu bağlamda denetimli çevre şartlarında yetiştirilen ve istenen çiftleştirme desenlerinin rahatlıkla yapılabildiği fare çalışmaları hem insan hem zootekni için önem arz etmektedir.

Hem teknik hem ekonomik nedenlerden henüz DNA temelli genetik ve genomik teknolojisine dayalı ıslah alıřmaları Trkiye'de uygulanamamaktadır. Hem bitkisel hem de hayvansal retimde Trkiye ok nemli yerel kaynaklara sahiptir. Bu kaynaklarda yapılacak ıslah alıřmalarında ucuz ve gvenilir bir yntem olan segregasyon analizi ile major genlerin varlıęı incelenebilir. Bu major genleri tařıyan hatlar: populasyonların daha hızlı ve etkin bir řekilde zerinde durulan fenotip iin genetik ıslahında kullanılabilirler.



7. KAYNAKLAR

- Allan, M.F., Eisen, E.J. and Pomp, D. 2004. The M16 mouse: an outbred animal model of early onset poligenik obesity-induced diabetes (diabesity). *Obes. Res.* 12: 1397–1407.
- 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 Society of America*, vol.163 no.1061–1068.
- Axenovich, T.I., Zorkoltseva, I.V., Akberdin, I.R., Beketov, S.V., Kashtanov, S.N., Zakharov, I.A. and Borodin, P.M. 2007. Inheritance of litter size at birth in farmed arctic foxes (*Alopex lagopus*, Canidae, Carnivora). *Heredity*, 98, 99–105.
- Cabal, M.A., Nieto, B., Cervantes, I., Morante, R., Burgos, A., Goyache, F., and Gutierrez, J.P. 2010. Analysis of the existence of major genes affecting alpaca fiber traits. *American Society of Animal Science. J. Anim. Sci.* 2010. 88:3783–3788.
- Cemal, B. ve Karaca, O. 2006. Çiftlik Hayvanlarında Major Genlerin Belirlenmesi ve Genotip Ayrımı. *OMÜ Zir. Fak. Dergisi*, 21(1), 105-115.
- Cemal, İ. 2001. Kantitatif Karakterlerde Major Gen Etki Biçimlerinin Parametre Tahminlerinde Ortaya Koyacağı Değişiklikler. Doktora tezi. Adnan Menderes Üniversitesi. AYDIN.
- Chatziplis, D.G., Tzamaloukas, O., Miltiadou, D., Ligda, C., Koumas, A., Mavrogenis, A.P., Georgoudis, A. and Papachristoforou, C. 2012. Evidence of major gene(s) affecting milk traits in the Chios sheep breed. *Small Ruminant Research*, 105, 61–68.
- Daş, H. 2015. Qtl Tespiti İçin Hayvanlarda Kullanılan Populasyonlar ve İstatistiksel Metodlar. *Gümüşhane Üniversitesi Sağlık Bilimleri Dergisi / Gümüşhane University Journal of Health Sciences*, 4(2).
- De los Campos, G., Gianola, D. and Allison, D. 2010. Predicting genetic predisposition in humans: the promise of whole-genome markers. *Nature Reviews Genetics*, 11.12, 880-886.
- Ehsani, A., Sørensen, P., Pomp, D. Allan, M. And Janss, L.L.G. 2012. Inferring genetic architecture of complex traits using Bayesian integrative analysis of genome and transcriptome data. *BMC Genomics*, 13-456.
- Elsen, J.M. and Le Roy, P. 1995. Optimal design for the detection of a major gene segregation in crosses between 2 pure lines. *Genet. Selec. Evol.*, 27:275-285.
- Elston, R.C. and Stewart, J.M. 1971. A general model for the genetic analysis of pedigree data. *Human Heredity*, 21, 523-542.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th edn., Longman Group Ltd, UK.
- Famula, T.R. 1986. Identifying single genes of large effect in quantitative traits using best linear unbiased prediction. *Animal Science*, vol. 63, 1986, p. 68–76.

- Famula, T.R., Edward, J.C and George, M.S. 2007. Heritability and complex segregation analysis of deafness in Jack Russell Terriers . BMC Veterinary Research, 3-31.
- Fırat, M.Z. 1995. Bayesian methods in the selection of farm animals for breeding. Doctoral Graduation Project. University of Edinburgh Department of Mathematics and Statistics.
- Freund, J.E. 2002. Matematiksel İstatistik. (Çev: Ü. Şenese), Literatür Yayıncılık, İstanbul. 664s.
- Gelman, A., Carlin, J.B., Stern, H.S. and Rubin, D.B. 2004. Bayesian Data Analysis. Chapman and Hall/CRC Texts in Statistical Science. 689p.
- Geman, S. and Geman,D. 1984. Stochastic relaxation, Gibbs distributions and Bayesian restoration of images. IEEE Trans. Patt. Anal. Mach. Intell. 6: 721–741.
- Gianola, D. 2013. Priors in whole-genome regression: the Bayesian alphabet returns. Genetics, 194(3), 573-596.
- Guo, S.W. and Thompson, E.A. 1992. Monte Carlo method for combined segregation and linkage analysis. Journal of Human Genetics, 51, 1111-1126.
- Hagger, C., Janss, L.L.G., Kadarmideen, H.N. and Strazinger, G. 2004. Bayesian inference on major loci in related multigeneration selection lines of laying hens. Poultry Science, 83, 1932-1939.
- Hanset, R. and Michaux,C. 1985a. On the genetic determinism of muscular hypertrophy in the Belgian White and Blue cattle breed. Genet. Sel. Evol., 17, 3, 359-368.
- Hanset, R. and Michaux,C. 1985b. On the genetic determinism of muscular hypertrophy in the Belgian White and Blue cattle breed. Genet. Sel. Evol., 17, 3, 369-386.
- Haring, T., Wichert, B. Dolf, G. and Haase, B. 2011. Segregation Analysis of Overweight Body Condition in an Experimental Cat Population. Journal of Heredity, 102 (S1): S28–S31.
- Hoeschele, I. 1988b. Genetic evaluation with data presenting evidence of mixed major gene and poligenik inheritance. Theoretical and Applied Genetics,76, 81-92.
- İlahi 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 Science, 20, 161-170.
- İlahi, H. and Kadarmideen, H.N. 2004. Bayesian segregation analysis of milk flow in Swiss dairy cattle using Gibbs sampling. Genetics Selection Evolution, 36, 563-576.
- İlahi, H. and Othmane, M.H. 2011. Complex segregation analysis of total milk yield in Churra dairy ewes. Asian, Australian Journal of Animal Science, 24, 330-335.
- İlahi, H., Mohamed, H. and Othmane, M.H.2012. Bayesian genetic analysis of milk yield in Tunisian Holstein dairy cattle population. Open Journal of Genetics, 2, 103-108.
- Janss, L.L.G. 1998. A package of subroutines for genetic analyses with Gibbs sampling. Genet. Appl. Livest. Prod., Vol. 27,459–560.

- Janss, L.L.G. 2008. "iBay manual version 1.46". Janss Bioinformatics, Lieden, Netherlands.
- Janss, L.L.G., Arendonk, J.V., Brascamp, E.W. 1997a. Bayesian statistical analyses for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. *Genetics*, 145, 395 – 408.
- Janss, L.L.G., Johan, A.M., Van Arendonk, J.A.M. and Brascamp, E.W.P. 1997b. Segregation analysis for presence of major genes affecting growth, backfat, and litter size in Dutch Meishan crossbreds. *J. Anim. Sci.* 75, 2864-2876.
- Janss, L.L.G., Thompson, R. and Arendonk, J.V. 1995. Application of Gibbs sampling for inference in a mixed major gene-poligenic inheritance model in animal populations. *Theor Appl Genet*, 91, 1137-1147.
- Janss, L.L.G., Werf, V.D., 1992. Identification of a major gene in F1 and F2 data when alleles are assumed fixed in the parental lines. *Genet. Selec. Evol.*, 24, 511-526.
- Janss, L.L.G., 1996. Statistical identification of major genes in pigs. Ph. D. Thesis. Wageningen Agricultural University, The Netherlands.
- Jarvik, G.P. 1998. Complex segregation analyses: uses and limitations. *Am J Hum Genet*, 63:942–946.
- Kadarmideen, H.N. and Janss, L.L.G. 2005. Evidence of a Major Gene From Bayesian Segregation Analyses of Liability to Osteochondral Diseases in Pigs. *Genetics Society of America*, 171, 1195-1206.
- Kammerer, C.M., MacCluer, J.W. and Bridges, J.M. 1984. An evaluation of three statistics of structured exploratory data analysis. *American Journal of Human Genetics* 36, 187-196.
- Karaca, O., Kaymakçı, M. ve Vanlı, Y. 1992. Koyunlarda döl veriminin genetiği ve yeni yaklaşımlar. *YY Ü. Zir. Fak. Der.*, 2, 138-157.
- Karacaören, B., Kadarmideen, H.N. and Janss, L.L.G. 2006. Investigation of major gene for milk yield, milking speed, dry matter intake, and body weight in dairy cattle. *J. Appl. Genet.*, 47 (4), 337–343.
- Karacaören, B. 2006. Phenotypic and genetic analysis of functional traits in dairy cattle under experimental management system. PhD Thesis. Swiss Federal Institute of Technology Zurich, 2006.
- Karacaören, B. 2014. Empirical comparison of association and admixture mapping for body weight using F2 mice data set. *Archiv Tierzucht*, 57, 5, 1-6 .
- Karacaören, B. ve Fırat, M.Z. 2012. Genetik ilerlemelerin hesaplanmasında kullanılan istatistiksel yöntemlerin karşılaştırılması. *Ankara Üniv Vet Fak Derg*, 59, 115-120.
- Karlin, S., Carmelli, D. and Williams, R. 1979. Index measures for assessing the mode of inheritance of continuously distributed traits. I. Theory and justifications. *Theoretical Population Biology*, 16, 81-106.
- Kinghorn, B.P., Van Arendonk, J.A.M. and Hetzel, J. 1994. Detection and use of major genes in animal breeding. *AgBiotech News and Information*, 6(12), 297N-302N.

- Knott, S.A., Haley, C.S. and Thompson, R. 1991. Methods of segregation analysis for animal breeding data: a comparison of power. *Heredity*, 68, 299-311.
- Le Roy, P. 1989. Methodes de Detection de Genes Majeurs Application aux Animaux Domestiques. These de l'Universite Paris XI Orsay, 229p.
- Le Roy, P. and Elsen, J.M. 1991. First statistical approaches of the major gene detection with special reference to discrete traits. *Major Genes for Reproduction in Sheep*, p.431-440, INRA, Paris.
- Le Roy, P. and Elsen, J.M. 1992. Simple test statistics for major gene detection: a numerical comparison. *Theor. Appl. Genet.*, 83:635-644.
- Le Roy, P., Naveau, J., Elsen, J.M. and Sellier, P. 1990. Evidence for a new major gene influencing meat quality in pigs. *Genet. Res., Camb.*, 55, 33-40.
- Li, H., Ghosh, S. Amerson, H. and Li, B. 2006. Major gene detection for fusiform rust resistance using Bayesian complex segregation analysis in loblolly pine. *Theor Appl Genet*, 113, 921-929
- Lynch, M. and Walsh, B. 1998. *Genetics and Analysis of Quantitative Traits*. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Merat, P. and Ricard, F.H. 1974. Etude d'un gene de nanisme lie au sexe chez la poule: importance de l'etat d'engraissement et gain de poids chez l'adulte. *Annales de Genetique et de Selection Animale*, 6, 211-217.
- Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J. and Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.
- Morton, N.E. and MacLean, C.J. 1974. Analysis of family resemblance III. Complex segregation of quantitative traits. *Am J Hum Genet*, 26, 489-503.
- 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, p. 671- 684.
- Pan, Y., Boettcher, J. and Gibson, J. 2001. Bayesian segregation analyses of somatic cell scores of Ontario Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 84, 2796-2802.
- Patry, C. 2011. Impacts of genomic selection on classical genetic evaluations. PHD Thesis. INRA, France.
- Piper, L.R. and Bindon, B.M. 1982. Genetic segregation for fecundity in Booroola Merino sheep. *Proceedings of the World Congress on Sheep and Beef Cattle Breeding*. Vol. 1, p.395-400, The Dunmore Press Ltd., New Zealand.
- Piper, L.R., Bindon, B.M. and Davis, G.H. 1985. The single gene inheritance of the high litter size of the Booroola Merino. *Butterworths*, London, pp 115-125.
- Pomp, D., Allan, M.F. and Eisen, E.J. 2005. Genomic mapping of direct and correlated responses to long-term selection for rapid growth rate in mice. *Genetics*, 170(4), 1863-1877.
- Roberts, R.C. and Smith, C. 1982. Genes with large effects: theoretical aspects in livestock breeding. *Genet. Appl. Livest. Prod.*, 6, 420-438.

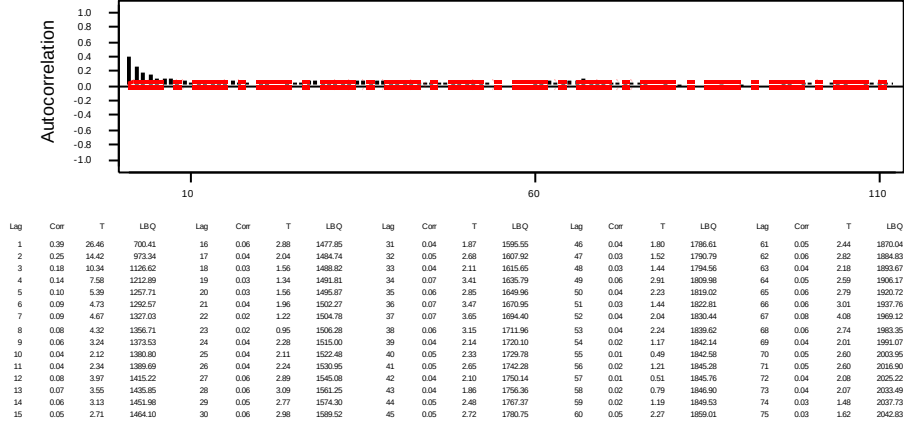
- Rollins, W.C., Tanaka, M., Nott, C.F.G. and Thiessen, R.B. 1972. On the mode of inheritance of double-muscling conformation in bovines. *Hilgardia* 41, 433-456.
- Sanchez, M.P., Bidanel, J.P., Zhang, S., Naveau, J., Burlot, T. and Le Roy, p. 2003. Likelihood and Bayesian analyses reveal major genes affecting body composition, carcass, meat quality and the number of false teats in a Chinese European pig line. *Genet. Sel. Evol.*, 35, 385-402.
- Sanchez, M.P., Iannuccelli, N., Basso, B., Bidanel, J.P., Billon, Y., Gandemer, G., Gilbert, H., Larzul, C., Legault, C., Riquet, J., Milan, D. and Le Roy, p. 2007. Identification of QTL with effects on intramuscular fat content and fatty acid composition in a Duroc $\times$ Large White cross. *BMC Genetics*, 1186/1471-2156-8-55.
- Skotarczak, E., Dobek, A., Molinski, K. and Szwaczkowski, T. 2007. The simulation study for Bayesian detection of single gene effect in animal model. *Shaker Verlag*, ed. G. Freyer, K.-E. Biebler: 101-105.
- Skotarczak, E., Szwaczkowski, T., Molinski, K., Dobek, A. 2008. Mixed model studies on inheritance of reproductive traits in laying hens a Bayesian approach. *Poult Sci.*, 87(5), 878-84.
- Smith, C. 1985. Utilization of major genes. *Genetics of Reproduction in Sheep*, Ed.: R.B. Land and D.W. Robinson, p.151-158, Butterworth, London.
- Smith, C. and Bampton, P.R. 1977. Inheritance of reaction to halothane anaesthesia in pigs. *Genetical Research*, 29, 287-292.
- Sorensen D. and Gianola D. 2002. Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics. Springer-Verlag, New York, p740, *Statistics for biology and health*.
- Sorensen, D.A., Anderson, S., Gianola, D. and Korsgaard, I. 1995. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genet Sel Evol*, 27, 229-249.
- Szwaczkowski, T. 1993. Identification of major animal genes in field collected data by use of statistical methods. A review. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 2, 91-103.
- Tanner, M.A. 1993. Tools for Statistical Inference: Methods for the Exploration of Posterior Distributions and Likelihood Functions. Springer-Verlag, New York.
- Thorleifsson, G., Walter, G.B., Gudbjartsson, D.F., Steinthorsdottir, V., Sulem, P., Helgadottir, A., Styrkarsdottir, U., Gretarsdottir, S., Thorlacius, S. and Jonsdottir, I. 2009. Genome-wide association yields new sequence variants at seven loci that associate with measures of obesity. *Nat Genet.*, 41,18-24.
- Timpson, N.J., Greenwood, C.M., Soranzo, N., Lawson, D.J. and Richards, J.B. 2018. Genetic architecture: the shape of the genetic contribution to human traits and disease. *Nature Reviews Genetics*, 19(2), 110.
- Vallejo, R.L., Wiens, G.D., Rexroad, C.E., Welch, T.J., Evenhuis, J.P., Leeds, T.D., Janss, L.L.G. and Patli, Y. 2010. Evidence of major genes affecting resistance to bacterial cold water disease in rainbow trout using Bayesian methods of segregation analysis. *Journal of Animal Science*, Vol. 88 No. 12, p. 3814-3832.

- 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. *Genet. Sel. Evol.*, 26, 91-115.
- Willer, C.J., Speliotes, E.K., Loos, R.J.F., Li, S., Lingren, C.M., Heid, I.M., Berndt, S.I., Elliott, A.L., Jackson, A.U. and Lamina, C. 2009. Six new loci associated with body mass index highlight a neuronal influence on body weight regulation. *Nat Genet.*, 41, 25-34.
- Win, A.K., Jenkins, M.A., Dowty, J.G., Antoniou, A.C., Lee, A., Giles, G.G. and Thibodeau, S.N. 2017. Prevalence and penetrance of major genes and polygenes for colorectal cancer. *Cancer Epidemiology and Prevention Biomarkers*, 26(3), 404-412.
- Wolc, A., Skotarczak, E. Schlote, W. and Szwaczkowski, T. 2009. Single-gene Effects on Body Weight in Selected and Unselected Mouse Lines Detected by Bayesian Marker-free Segregation Analysis. *Scand. J. Lab. Anim. Sci.*, Vol. 36 No. 2.
- Zhang, Y., Proenca, R., Maffei, M., Barone, M., Leopold, L. and Friedman, J.M. 1994. Positional cloning of the mouse obese gene and its human homologue. *Nature*, 372, 425-432.

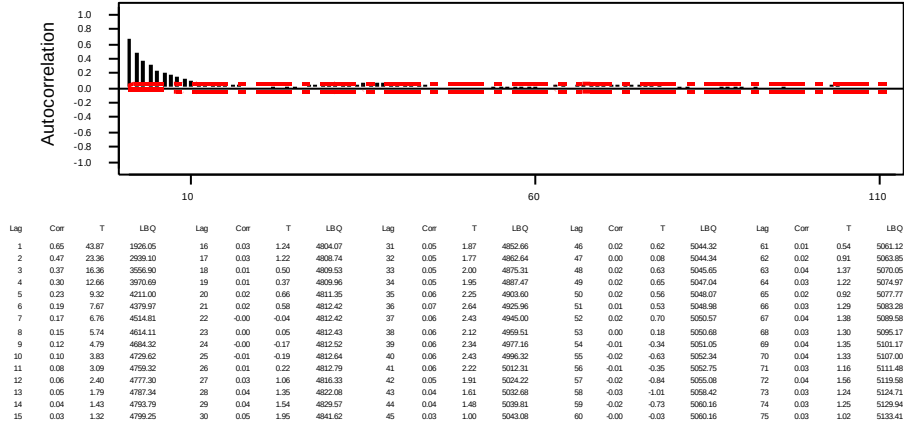
8. EKLER

EK 1. Canlı ağırlık ve dönüştürümü (transformasyonu) için testleri

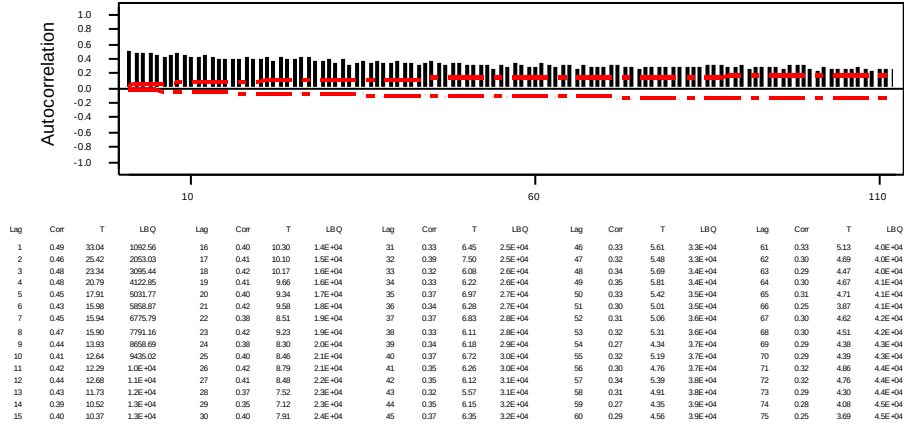
Hata varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



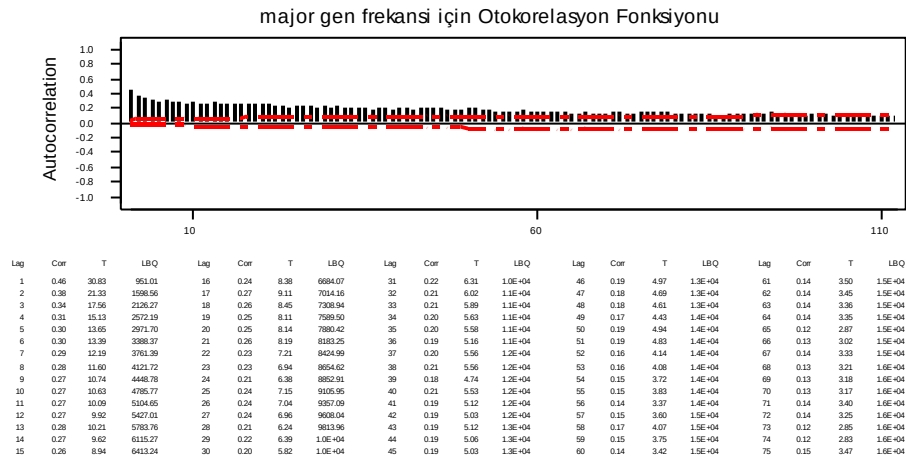
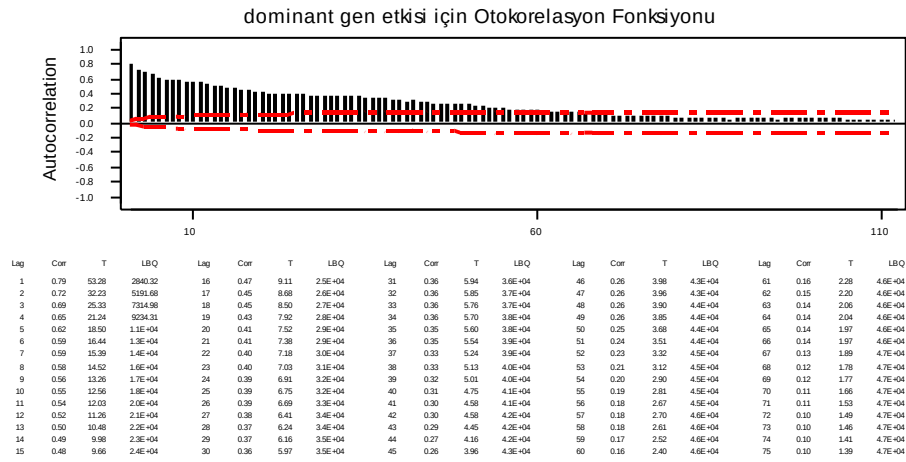
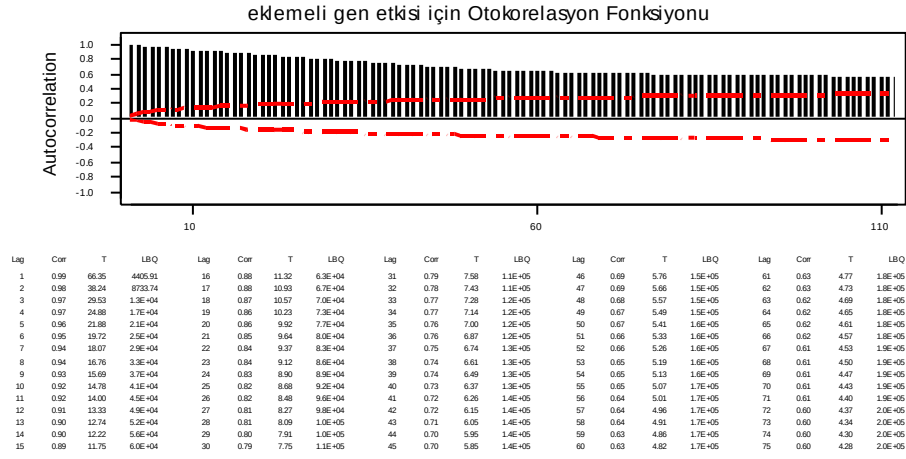
poligenik varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



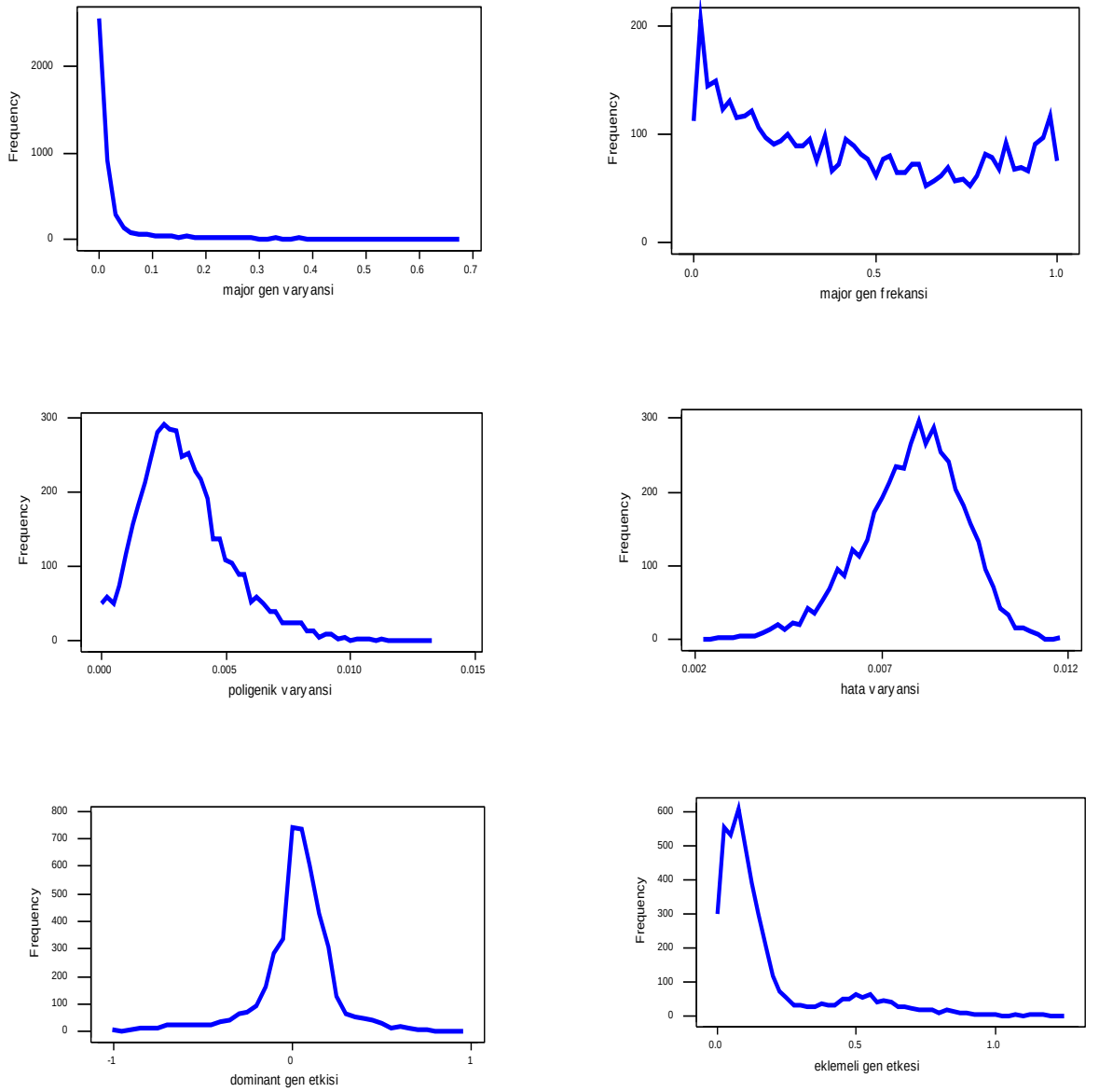
major gen varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



Şekil 8.1. Canlı ağırlık için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

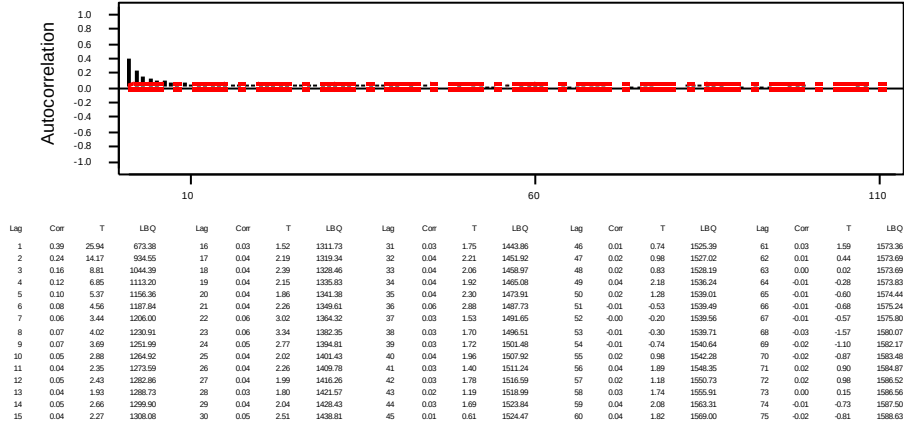


Şekil 8.2. Canlı ağırlık için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

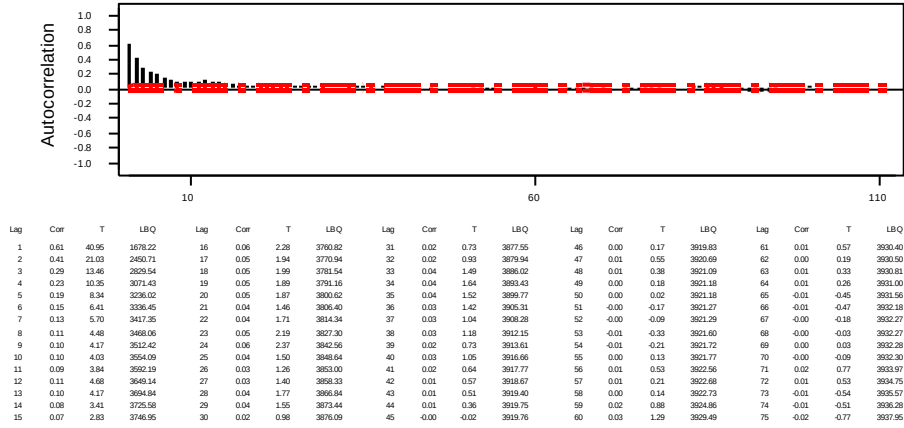


Şekil 8.3. canlı ağırlık log dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

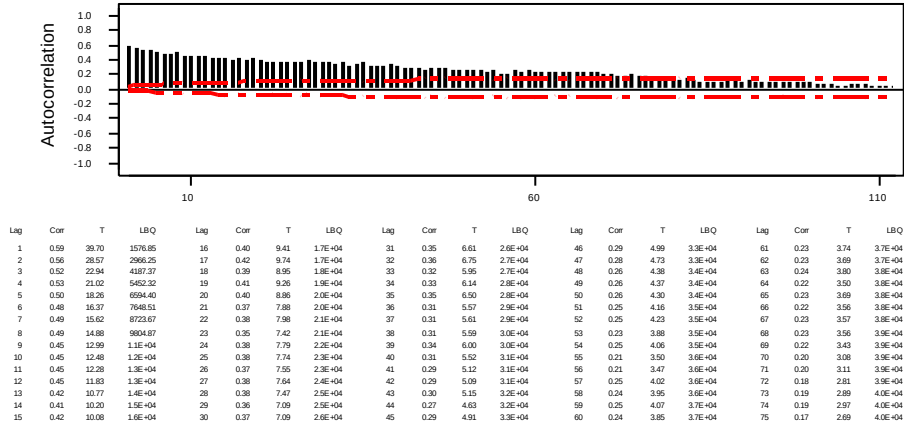
hata varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



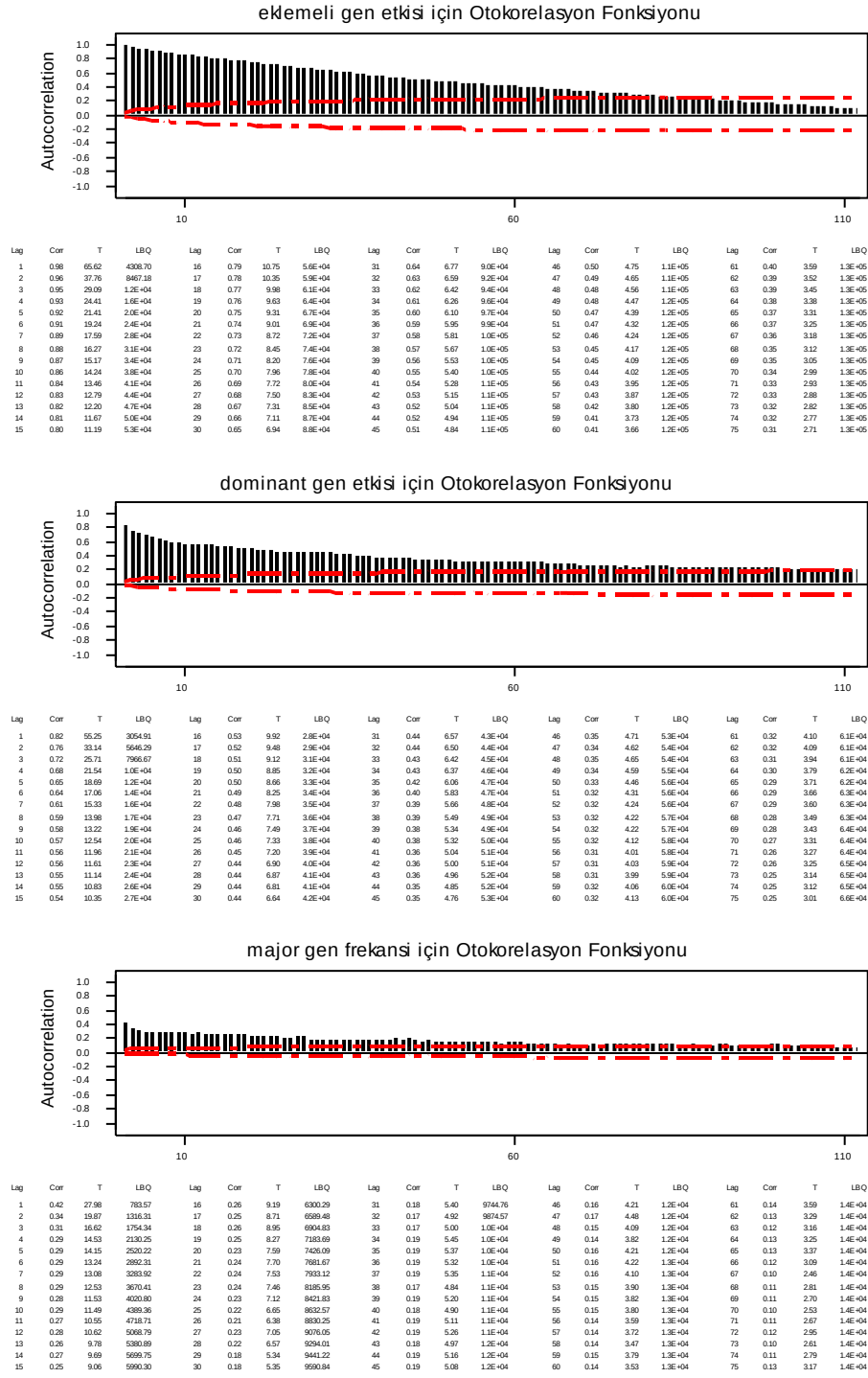
poligenik varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



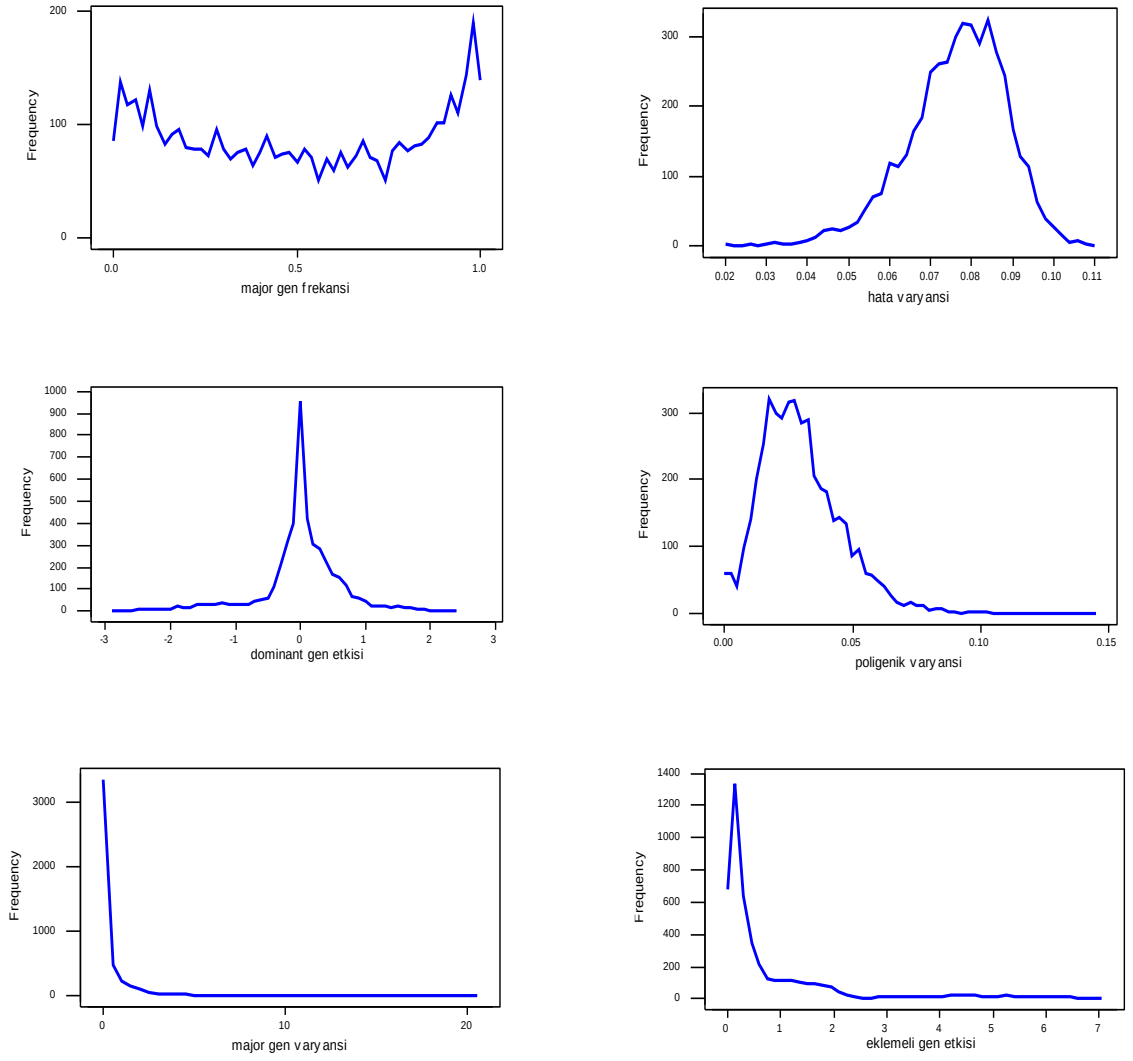
major gen varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



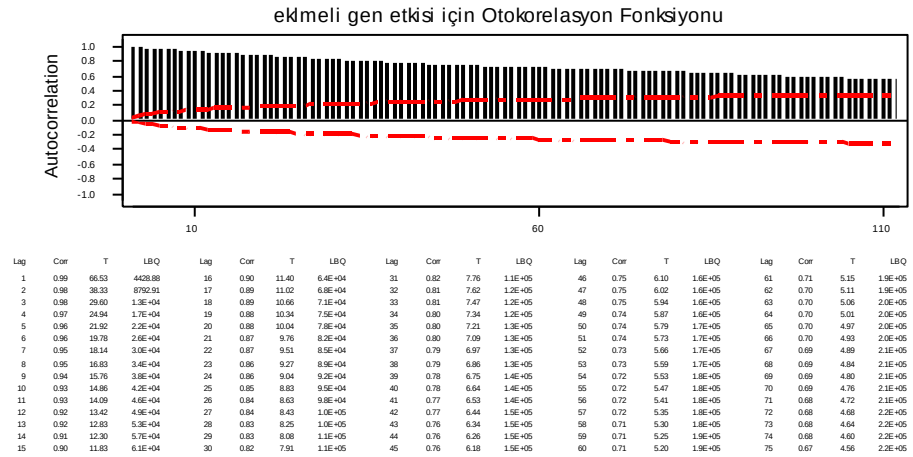
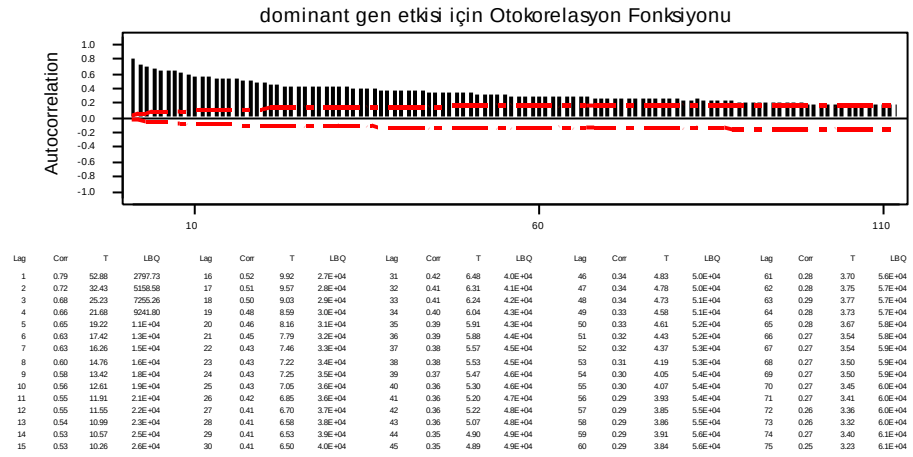
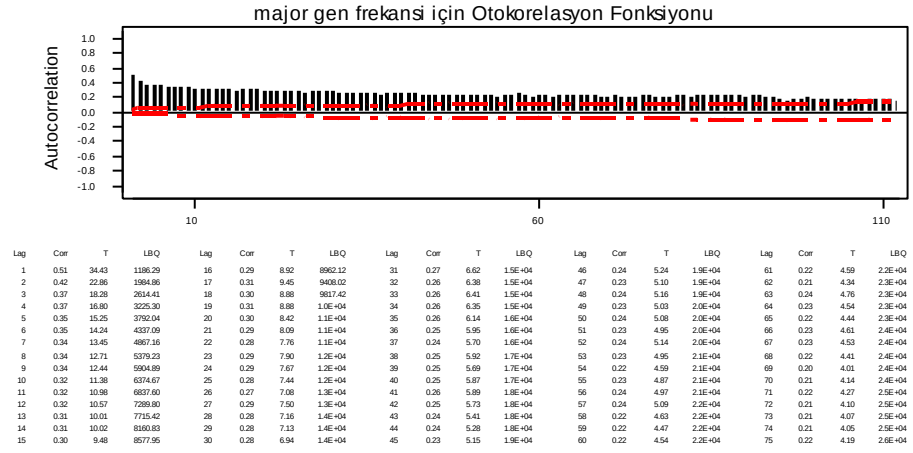
Şekil 8.4. Canlı ağırlık log dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



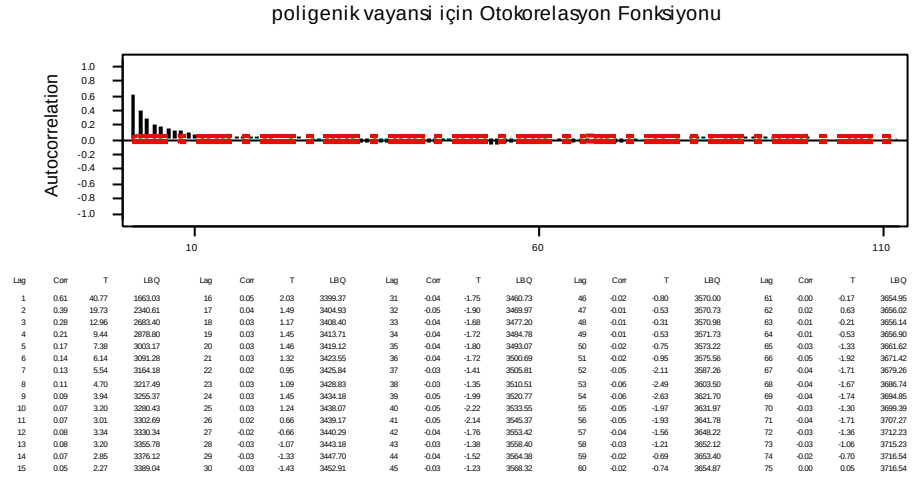
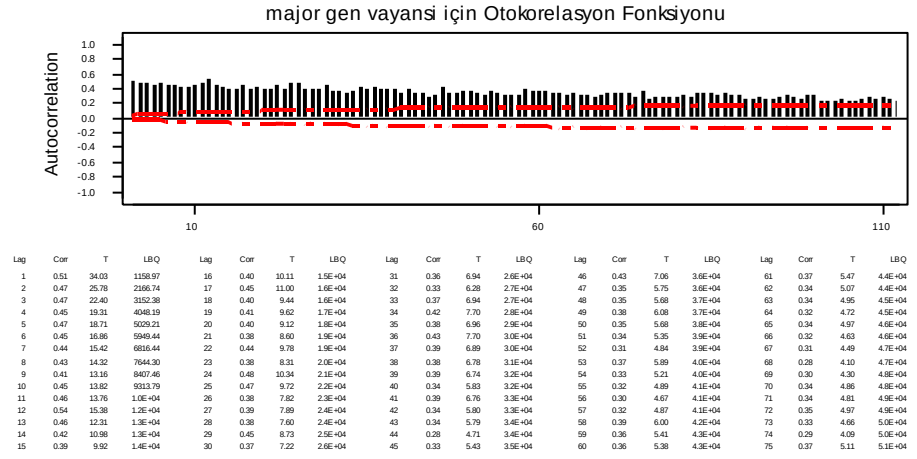
Şekil 8.5. Canlı ağırlık log dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



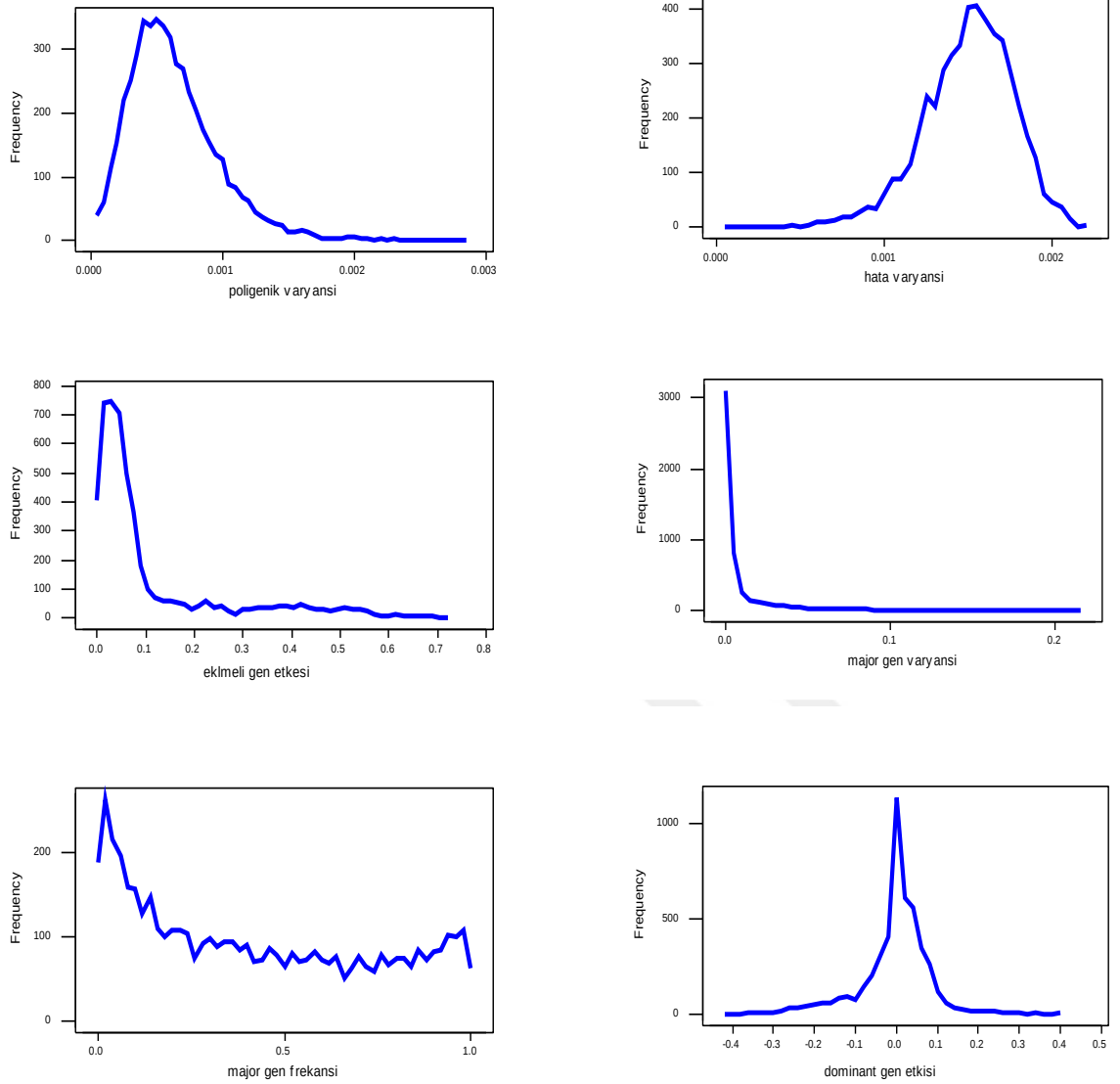
Şekil 8.6. Canlı ağırlık karekök dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.



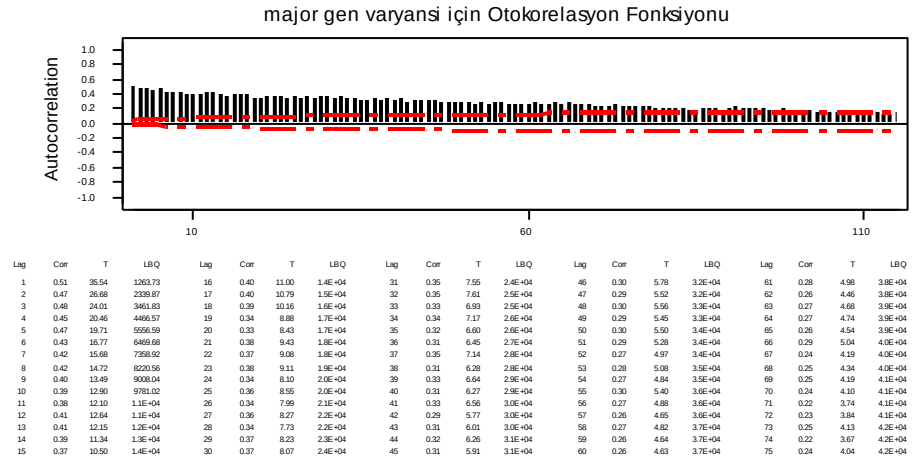
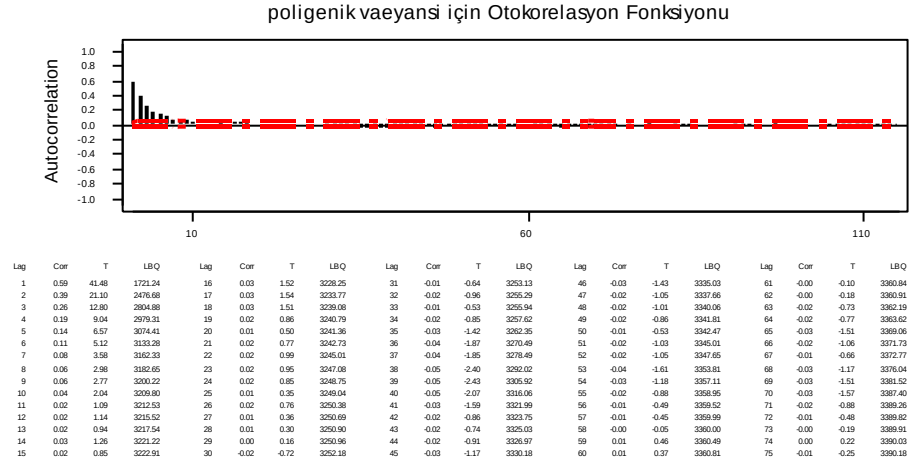
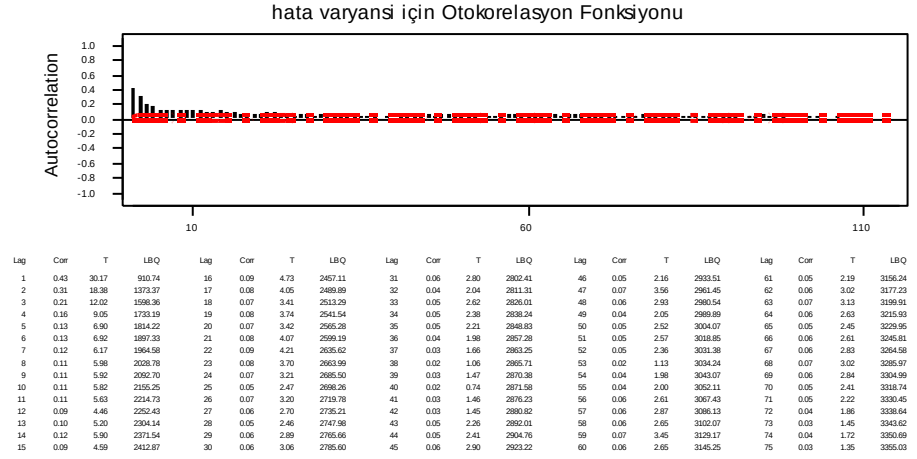
Şekil 8.7. Canlı ağırlık karekök dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



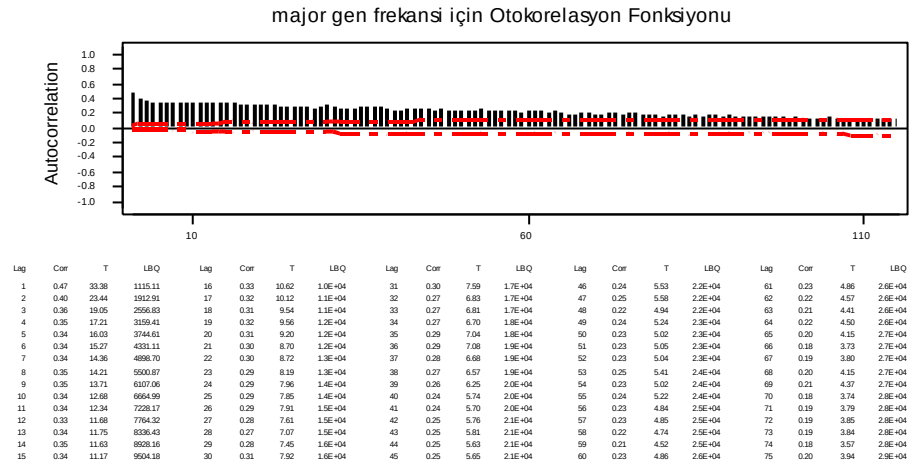
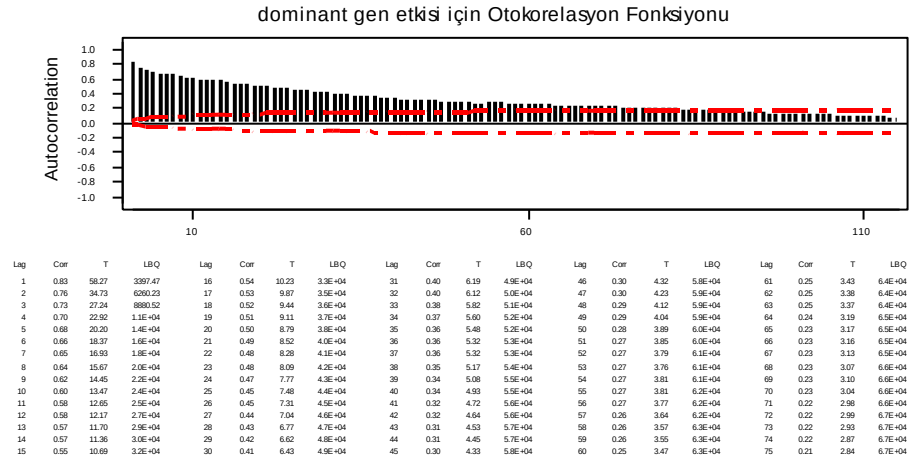
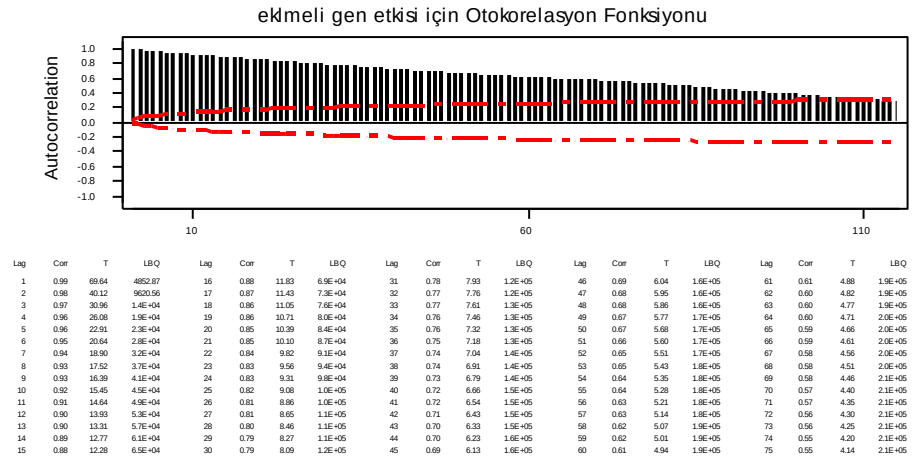
Şekil 8.8. Canlı ağırlık karekök dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



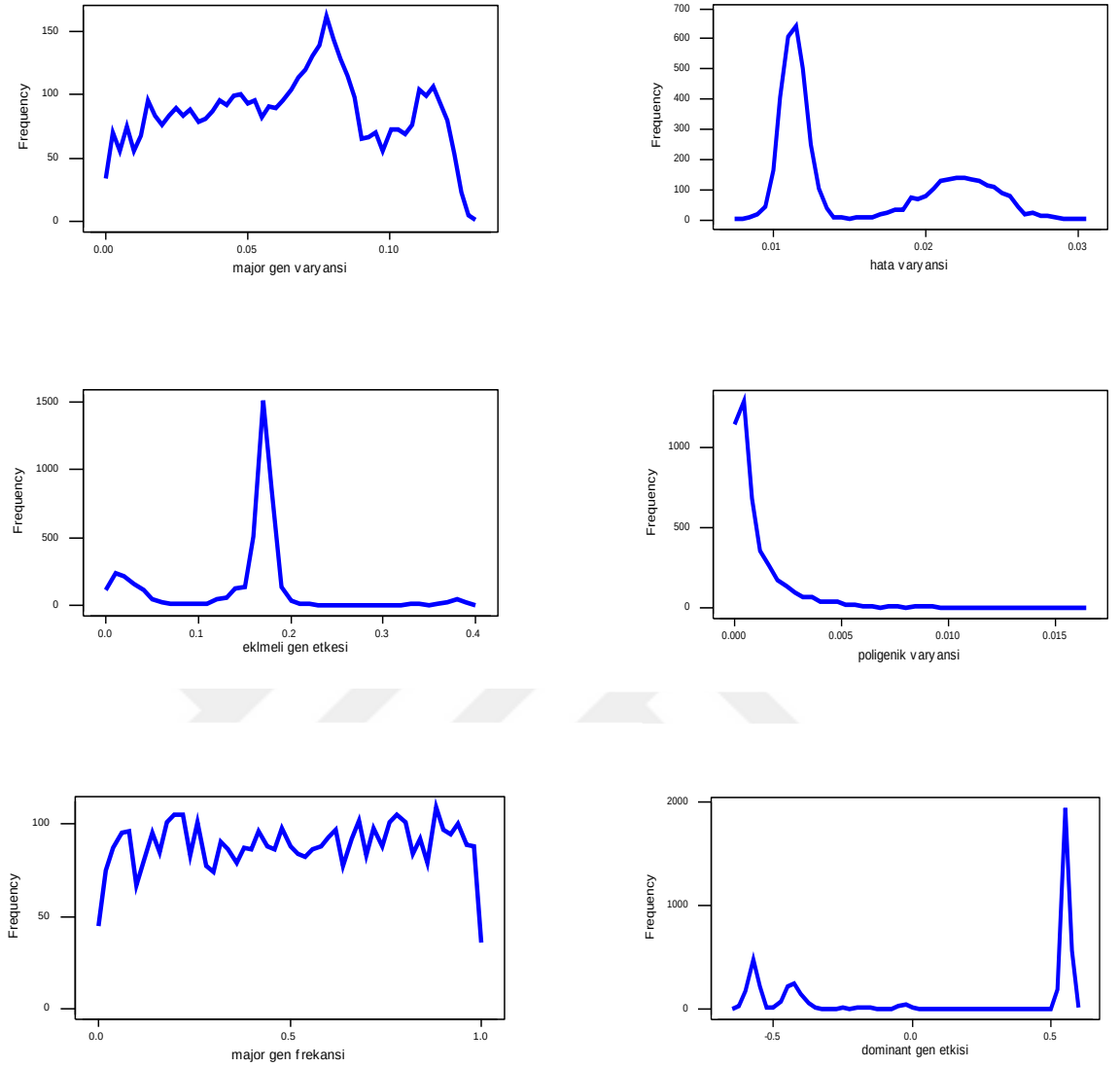
Şekil 8.9. Canlı ağırlık logaritma dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, ekimeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.



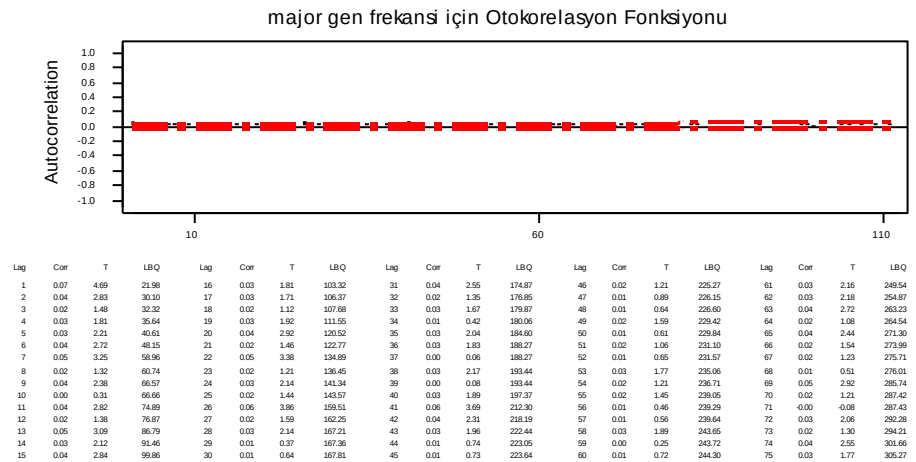
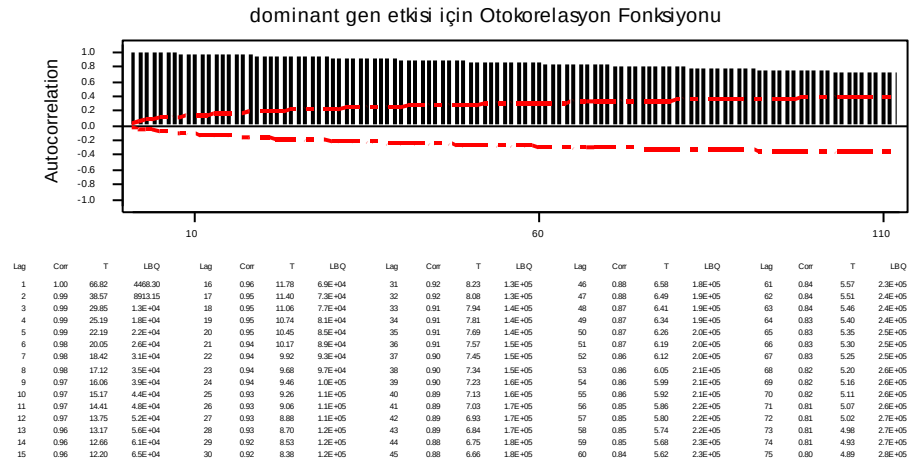
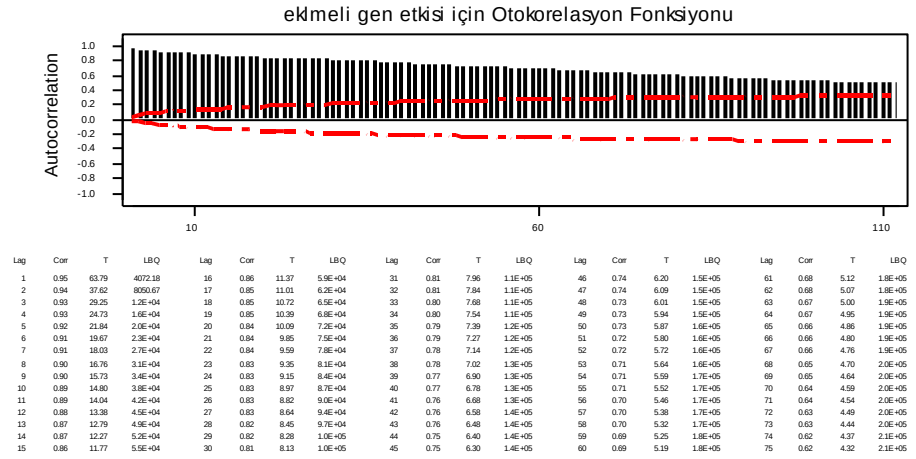
Şekil 8.10. Canlı ağırlık logaritma dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



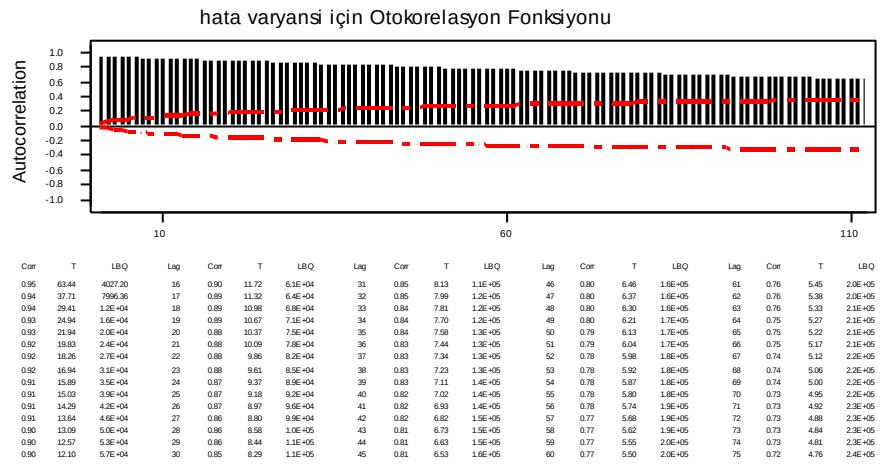
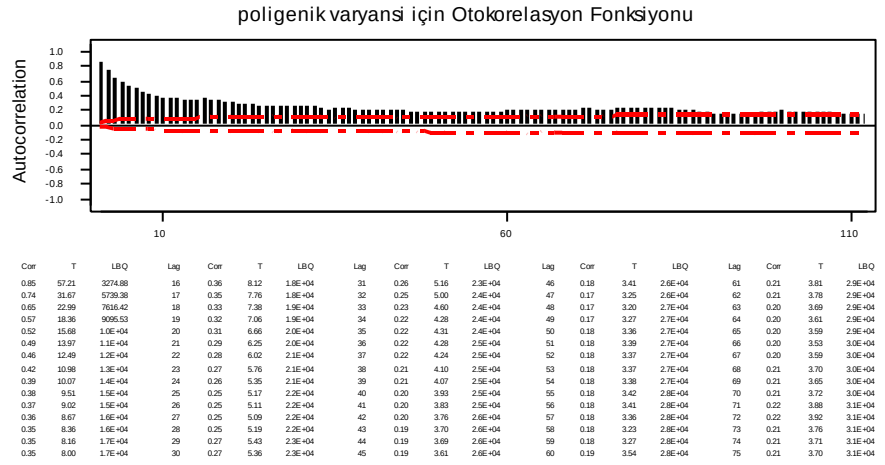
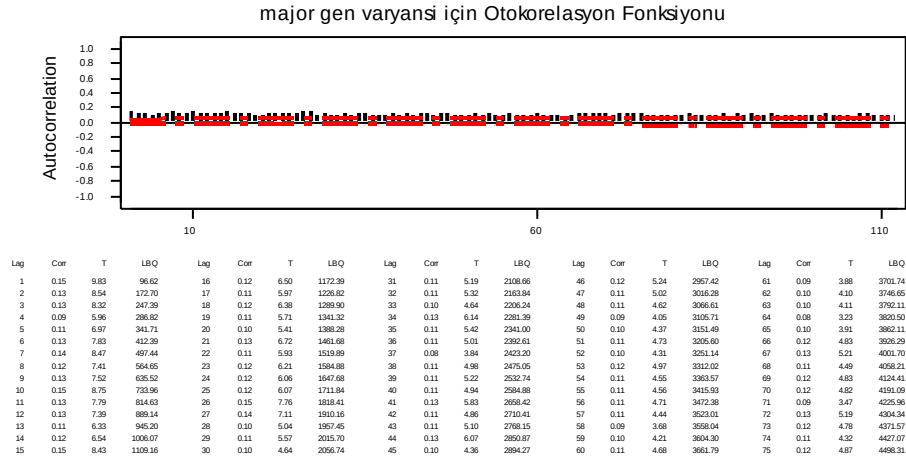
Şekil 8.11. Canlı ağırlık logaritma dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



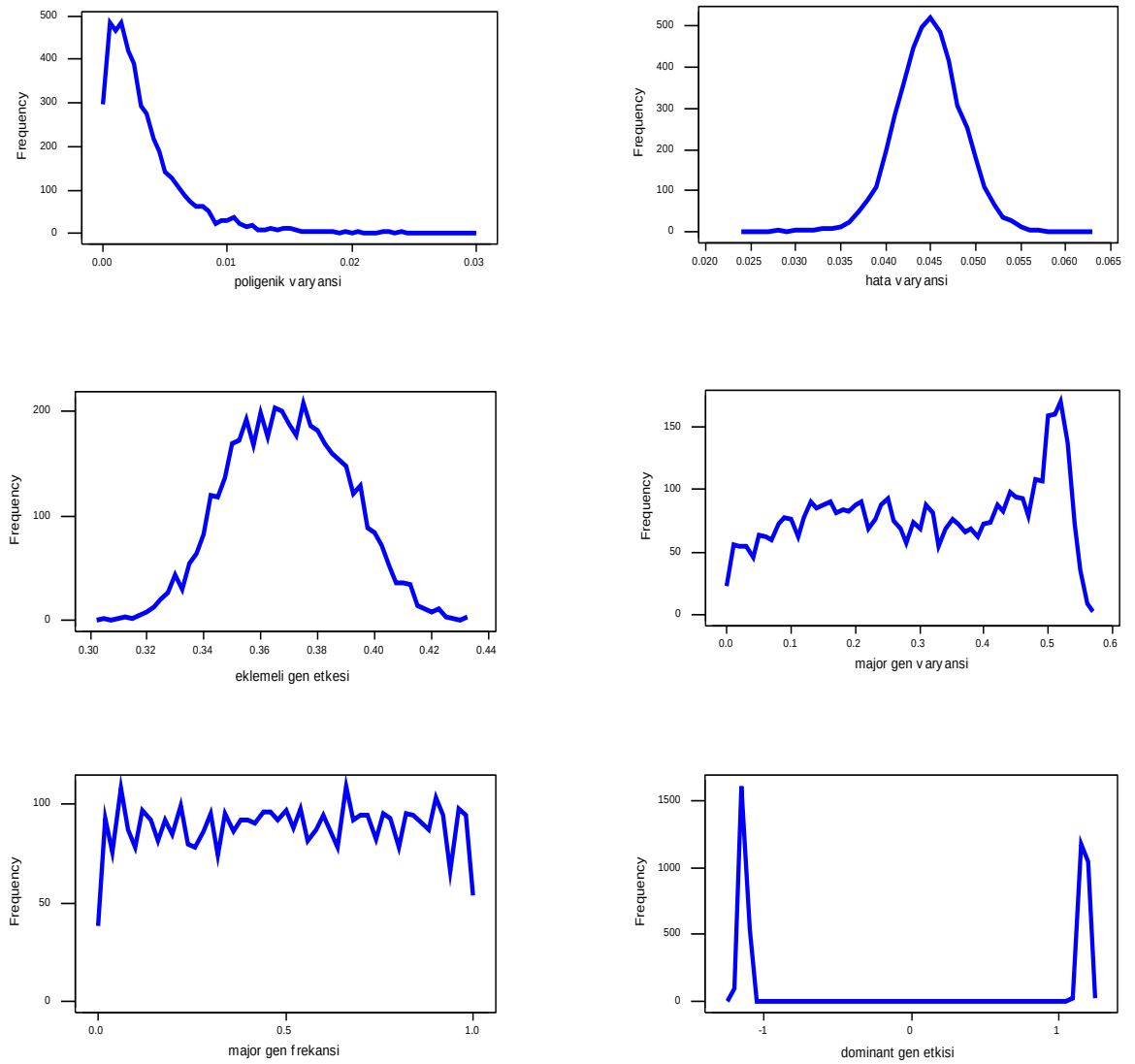
Şekil 8.12. Canlı ağırlık sinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.



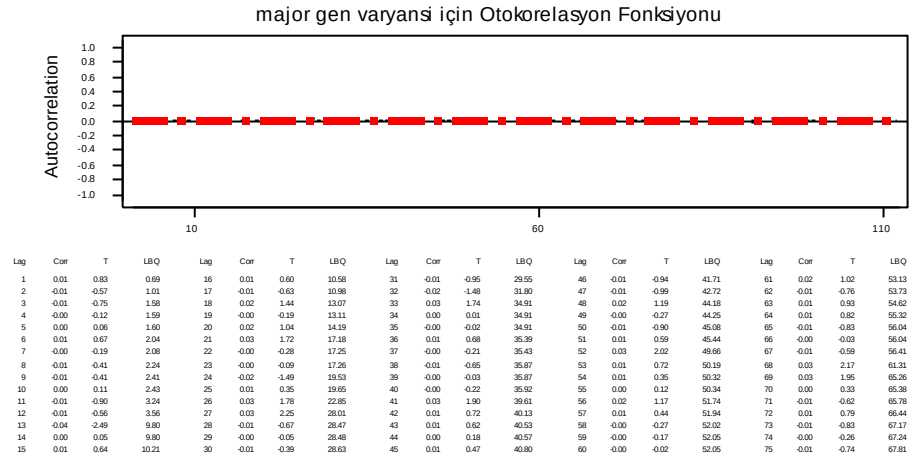
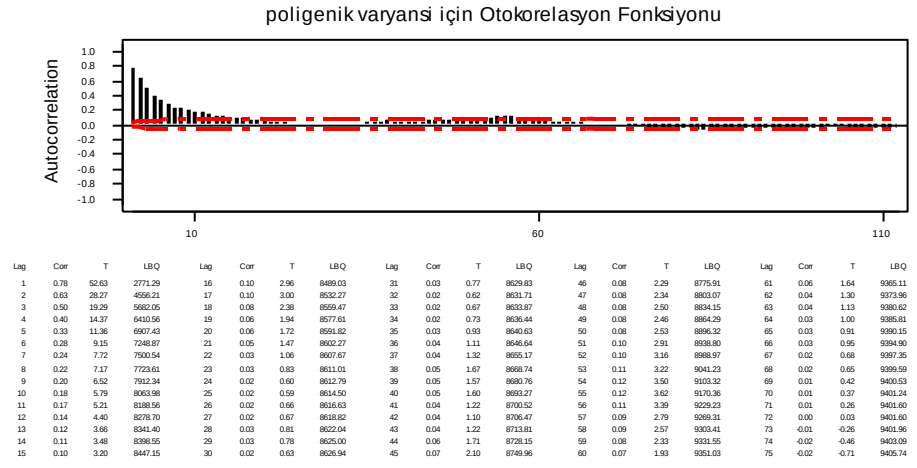
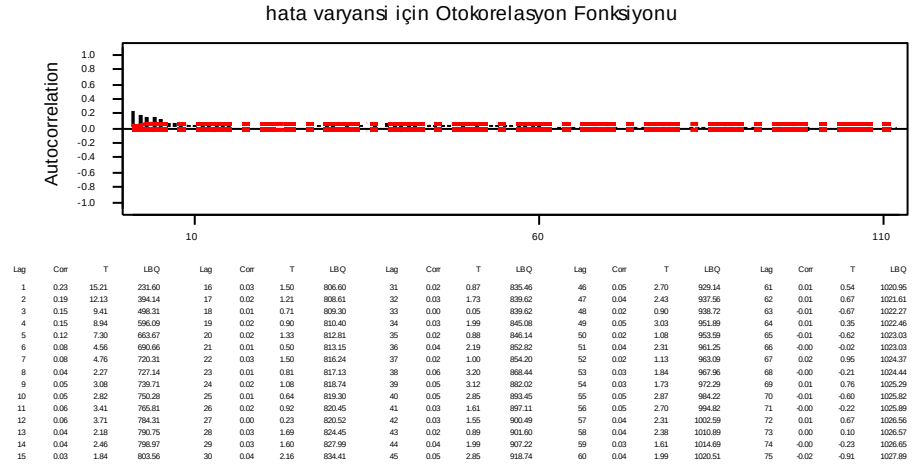
Şekil 8.13. Canlı ağırlık sinüs dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



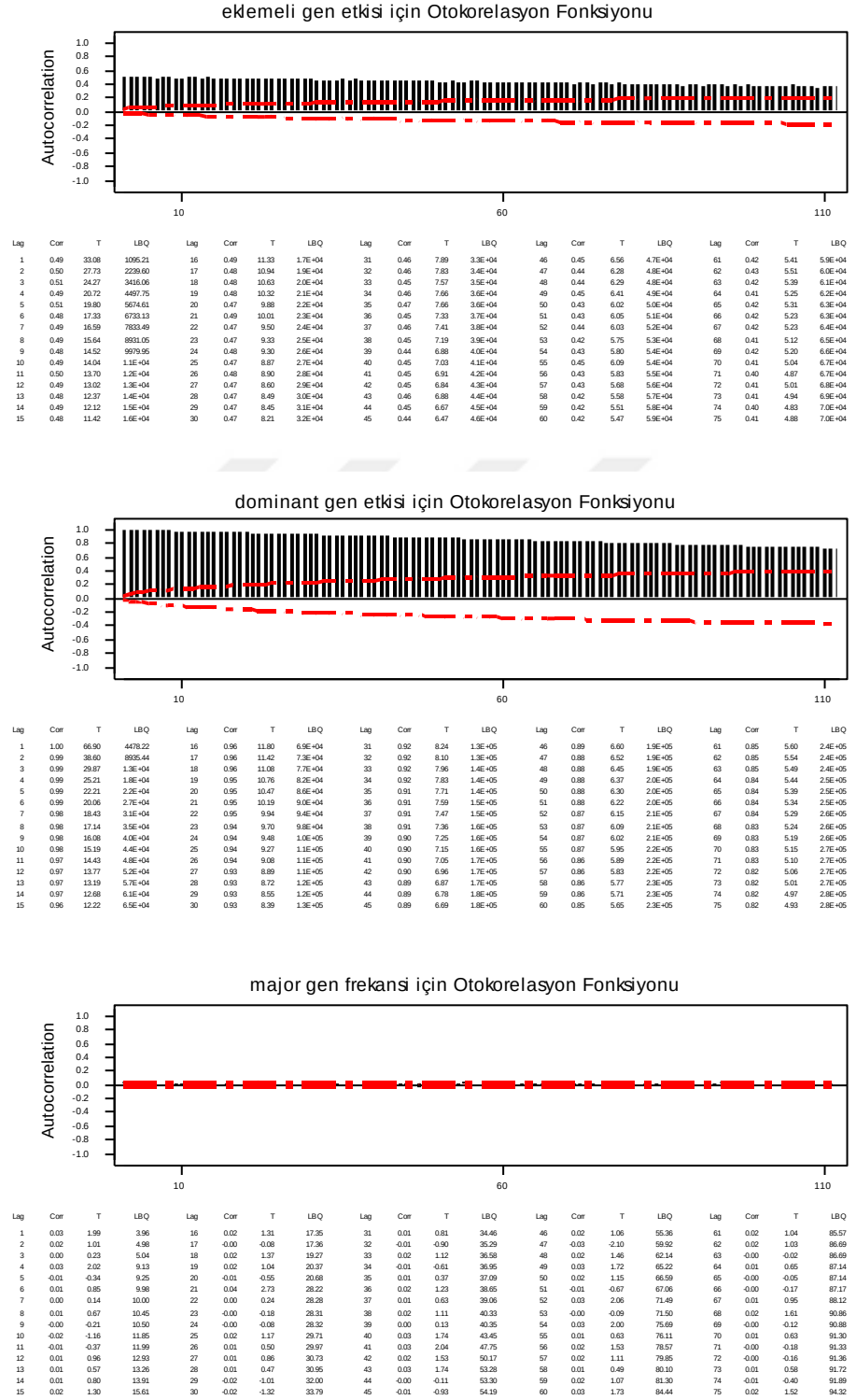
Şekil 8.14. Canlı ağırlık sinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major genvaryansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



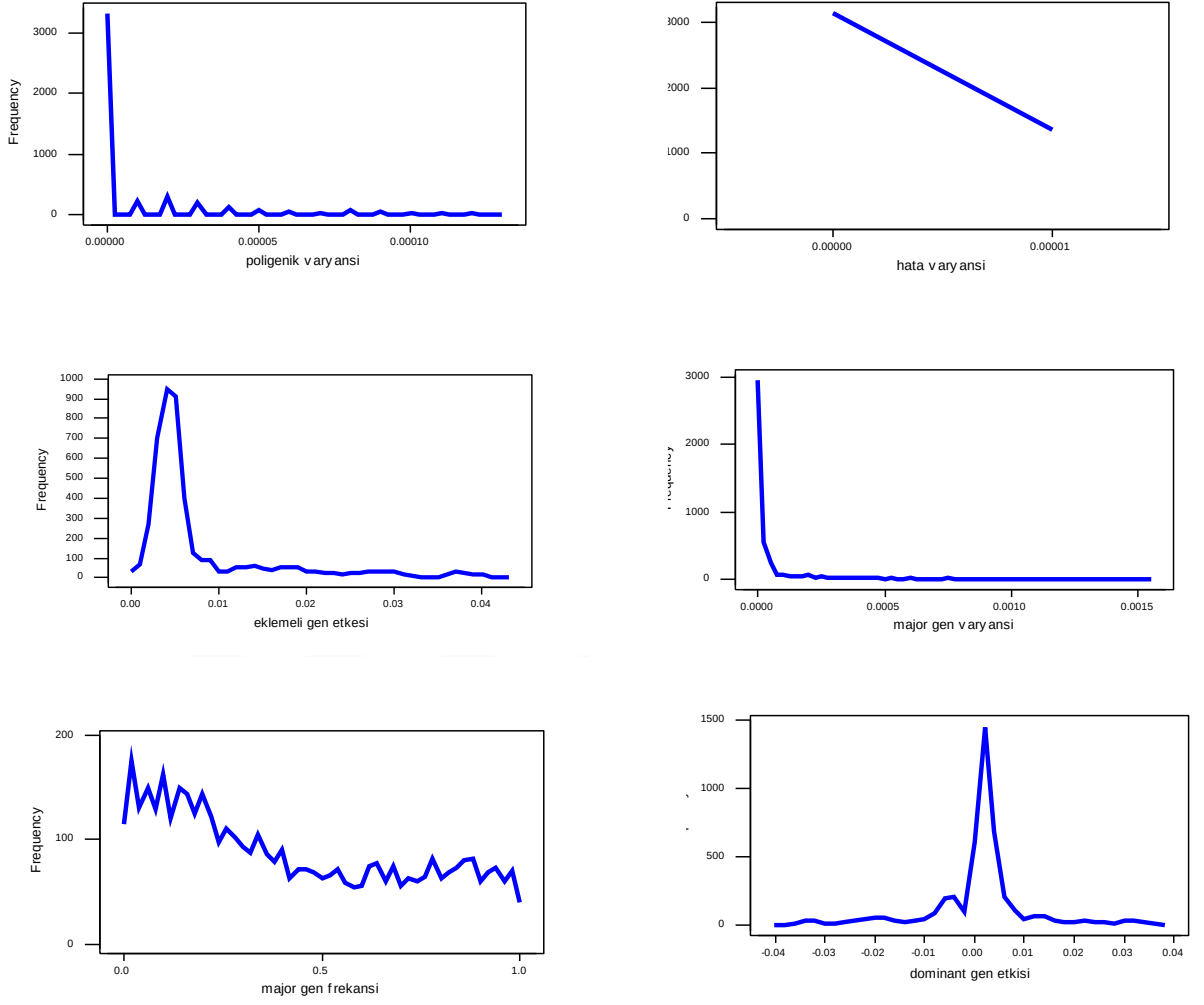
Şekil 8.15. Canlı ağırlık kosinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.



Şekil 8.16. Canlı ağırlık kosinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

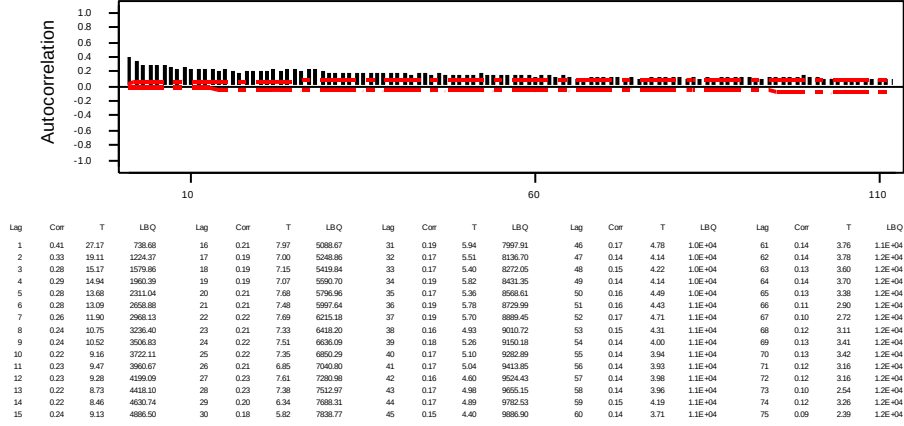


Şekil 8.17. Canlı ağırlık kosinüs dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

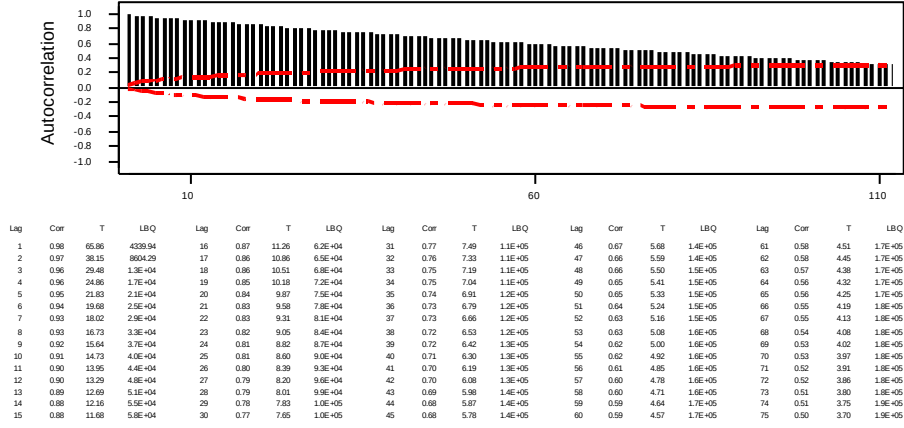


Şekil 8.18. Canlı ağırlık kotanjant dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

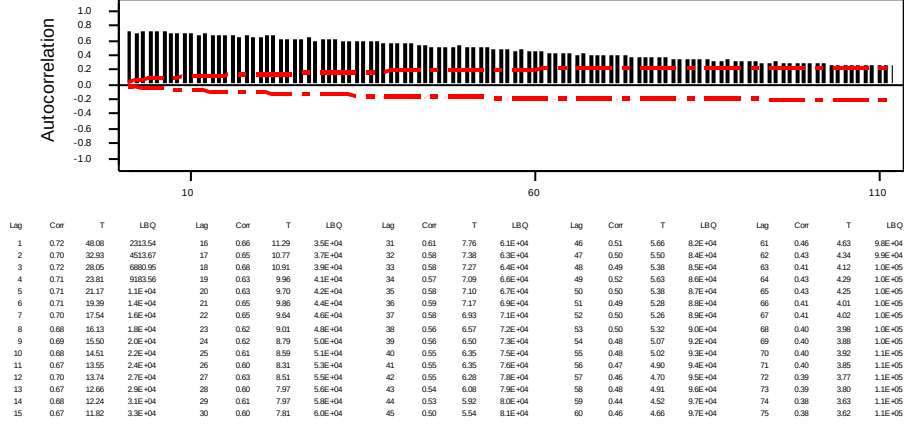
hata varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



poligenik varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu

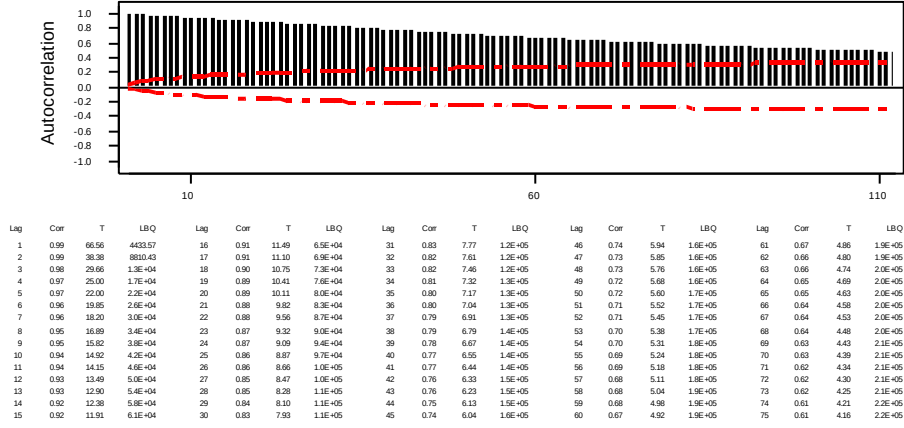


major gen varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu

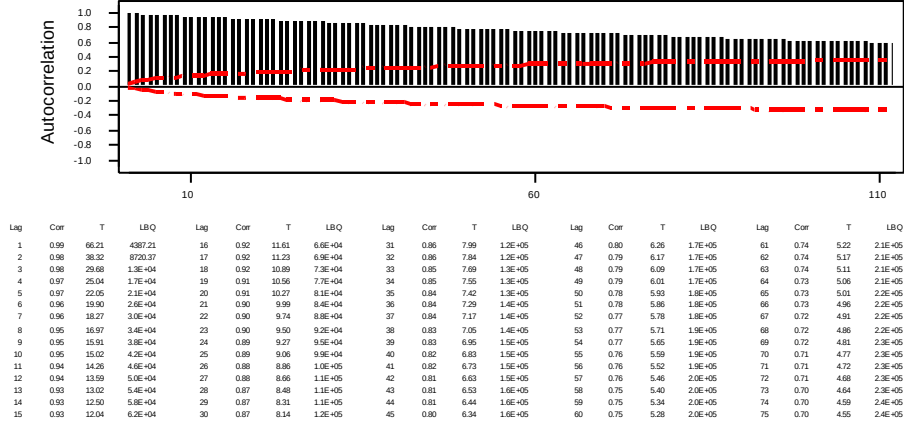


Şekil 8.19. Canlı ağırlık kotanjant dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

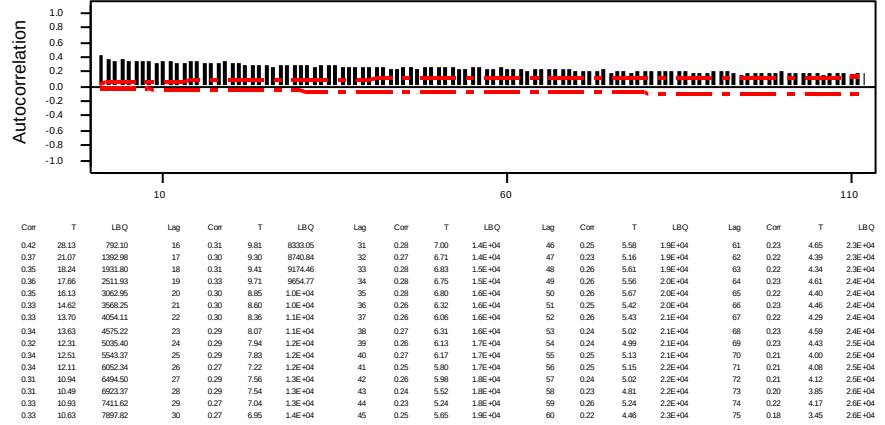
eklemeli gen etkisi için Otokorelasyon Fonksiyonu



dominant gen etkisi için Otokorelasyon Fonksiyonu



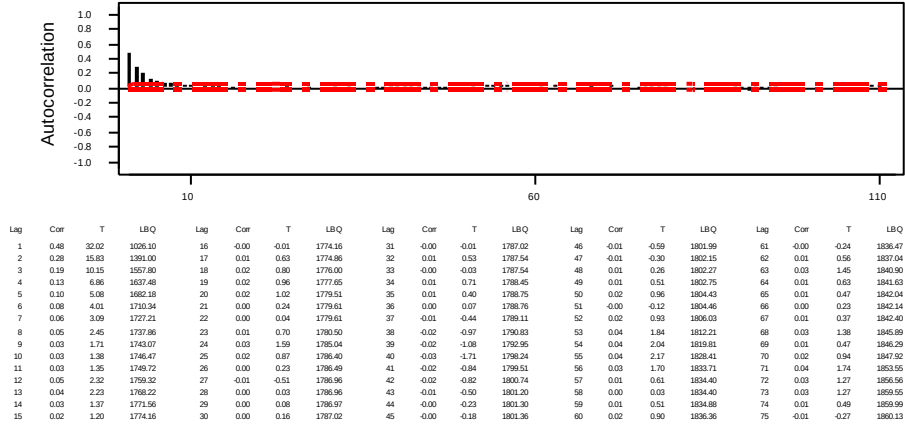
major gen frekansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



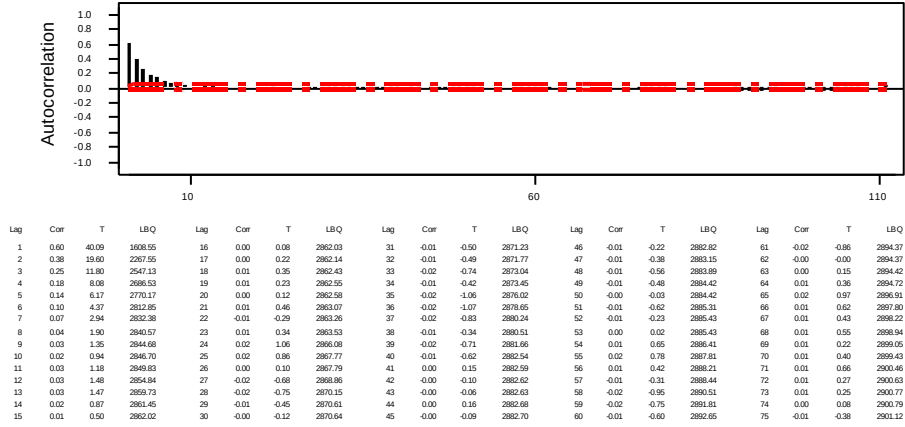
Şekil 8.20. Canlı ağırlık kotalant dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansızaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

EK 2. Yem tüketimi ve dönüştürümü (transformasyonu) için testleri

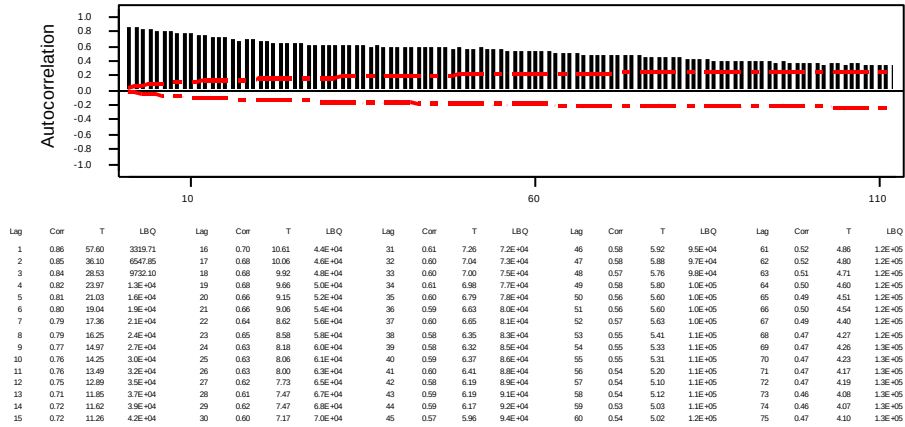
Autocorrelation Function for hata varyans



Autocorrelation Function for poligenik va

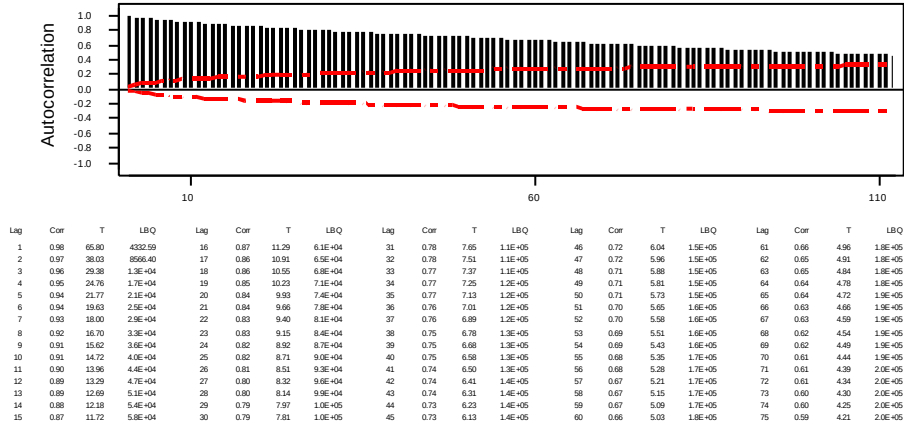


Autocorrelation Function for major gen va

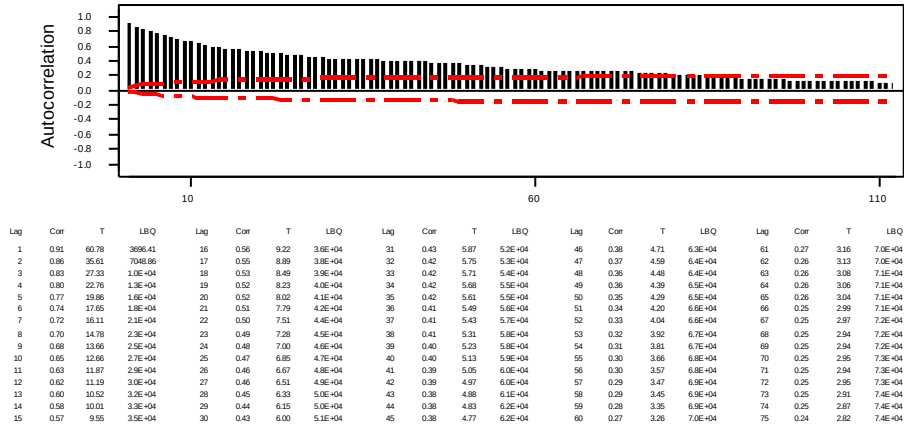


Şekil 8.21. Yem tüketimi için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

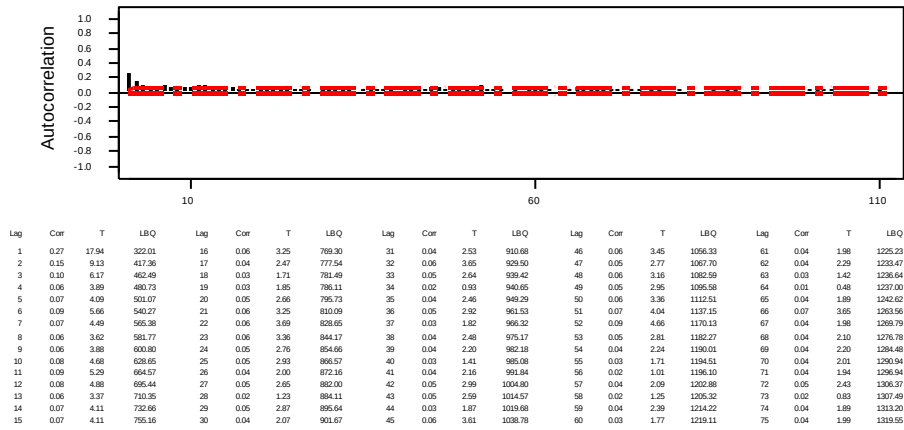
Autocorrelation Function for katkı gen et



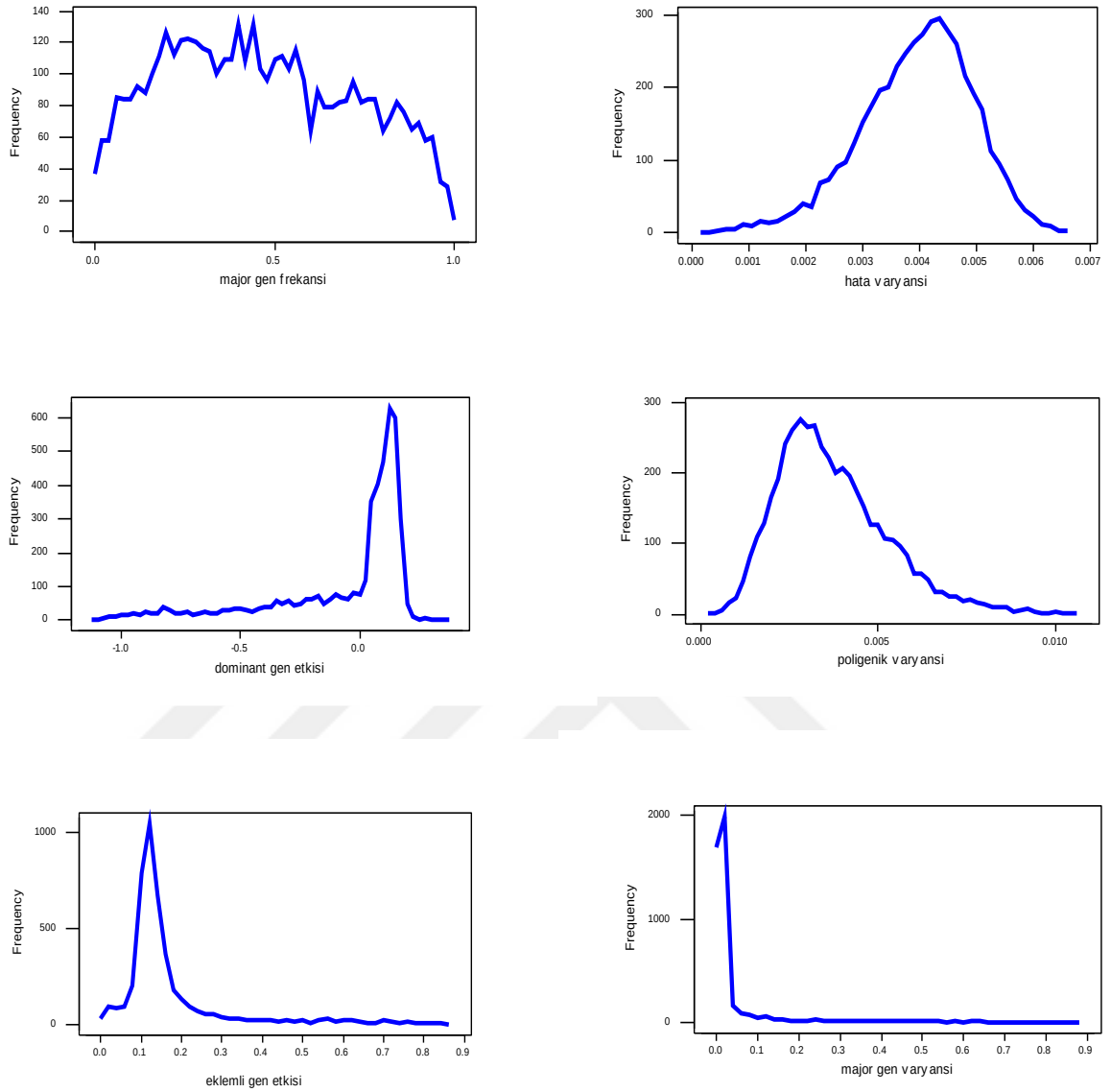
Autocorrelation Function for genot_dom ge



Autocorrelation Function for major gen fr

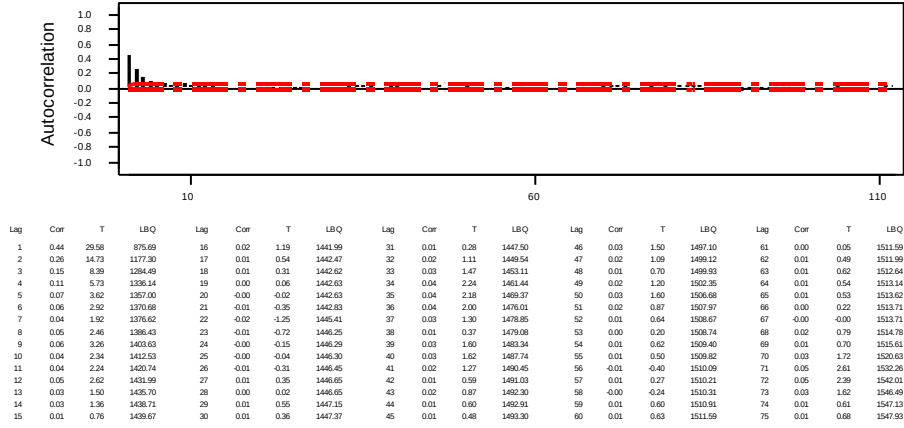


Şekil 8.22. Yem tüketimi için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

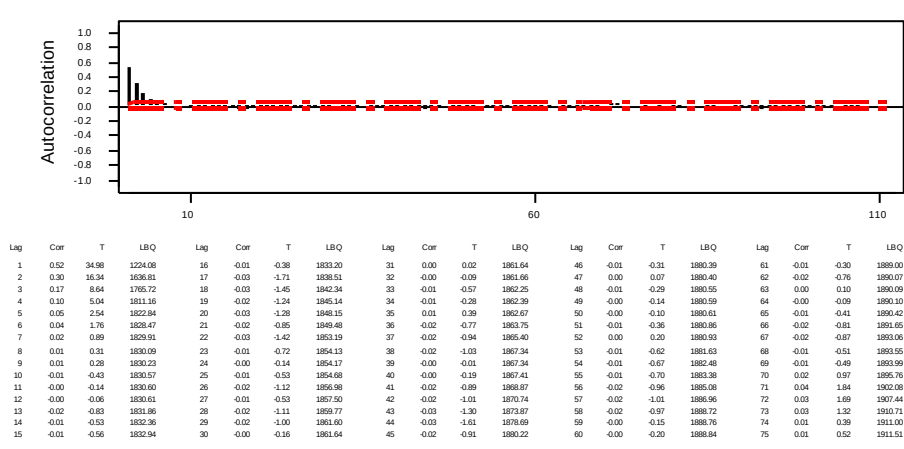


Şekil 8.23. Yem tüketim Log dönüşürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

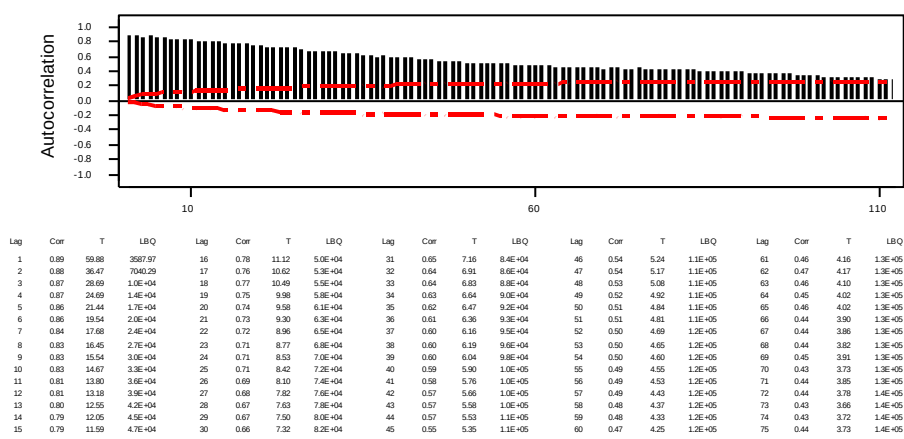
Autocorrelation Function for hata varyansı



Autocorrelation Function for poligenik va

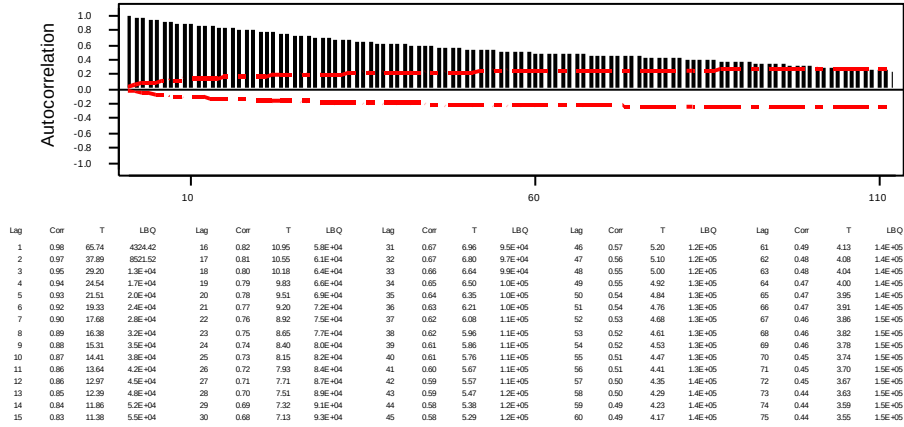


Autocorrelation Function for major gen va

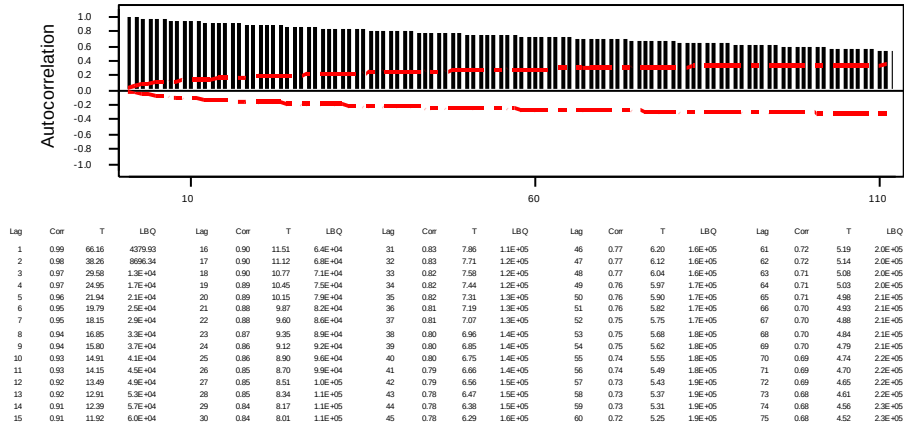


Şekil 8.24. Yem tüketim log dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

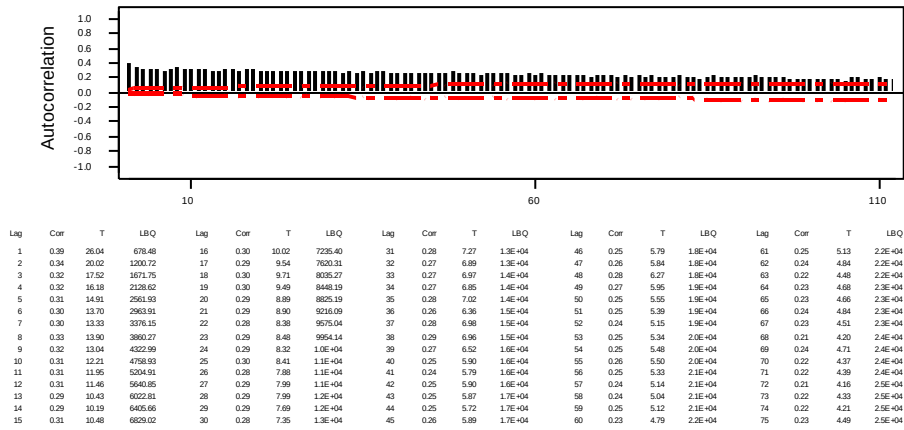
Autocorrelation Function for katkı gen et



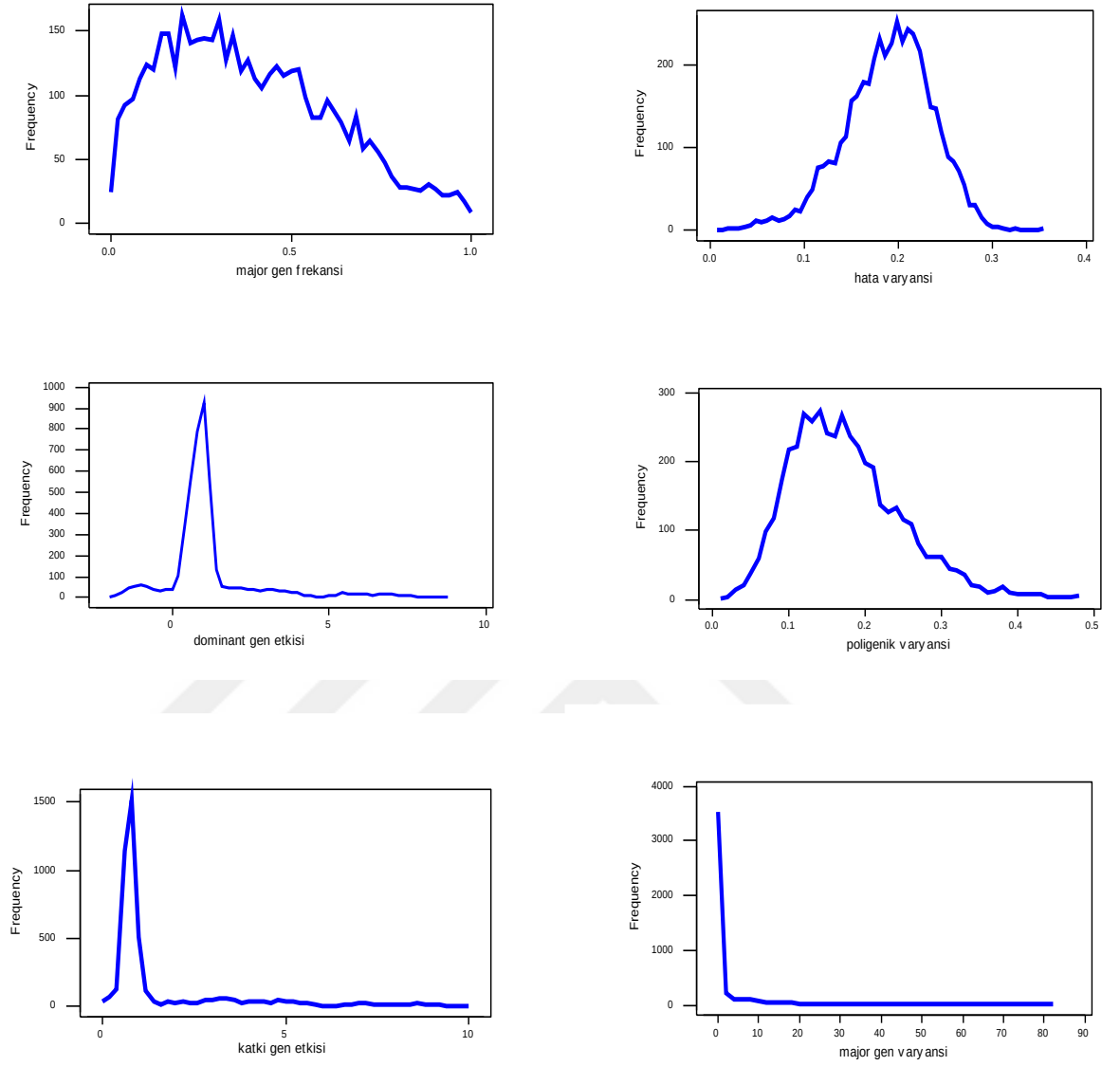
Autocorrelation Function for genot_dom ge



Autocorrelation Function for major gen fr

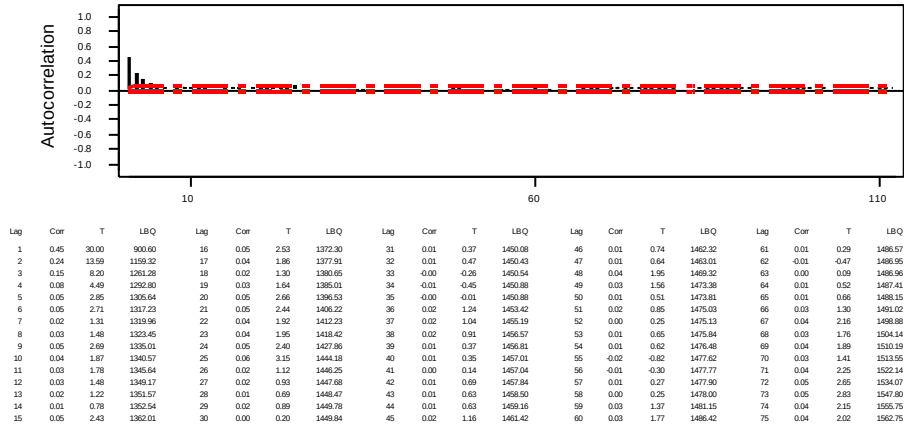


Şekil 8.25. Yem tüketim log dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

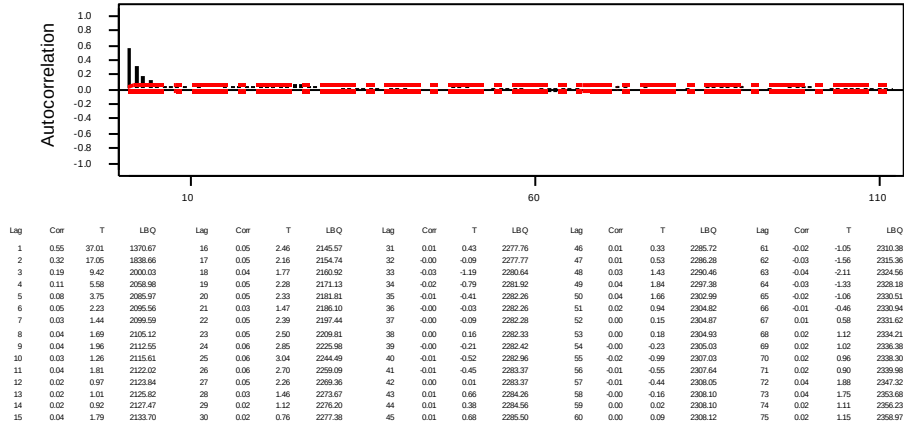


Şekil 8.26. Yem tüketim karekök dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

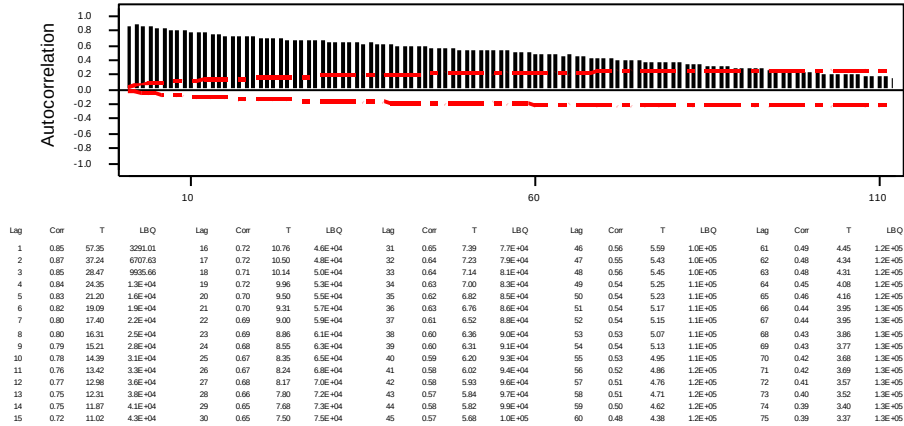
Autocorrelation Function for hata varyans



Autocorrelation Function for poligenik va

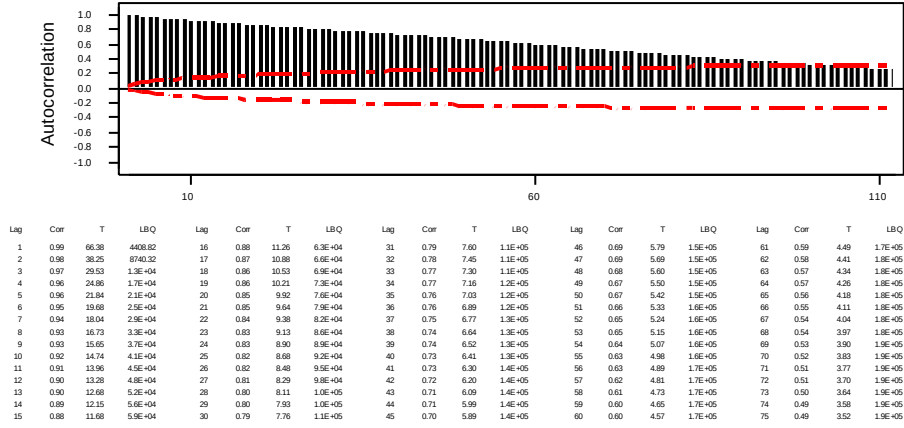


Autocorrelation Function for major gen va

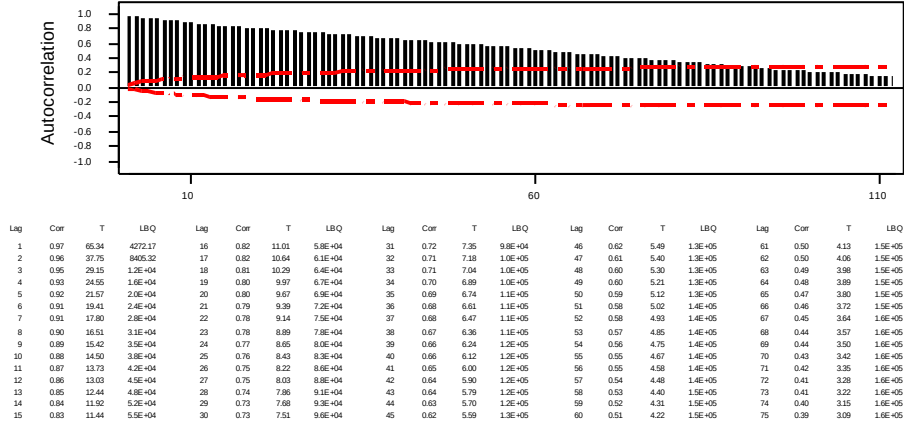


Şekil 8. 27. Yem tüketim karekök dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

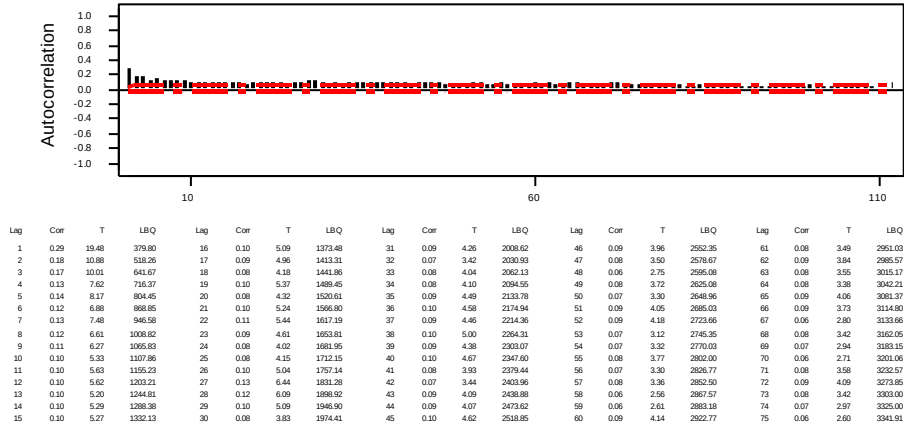
Autocorrelation Function for katkı gen et



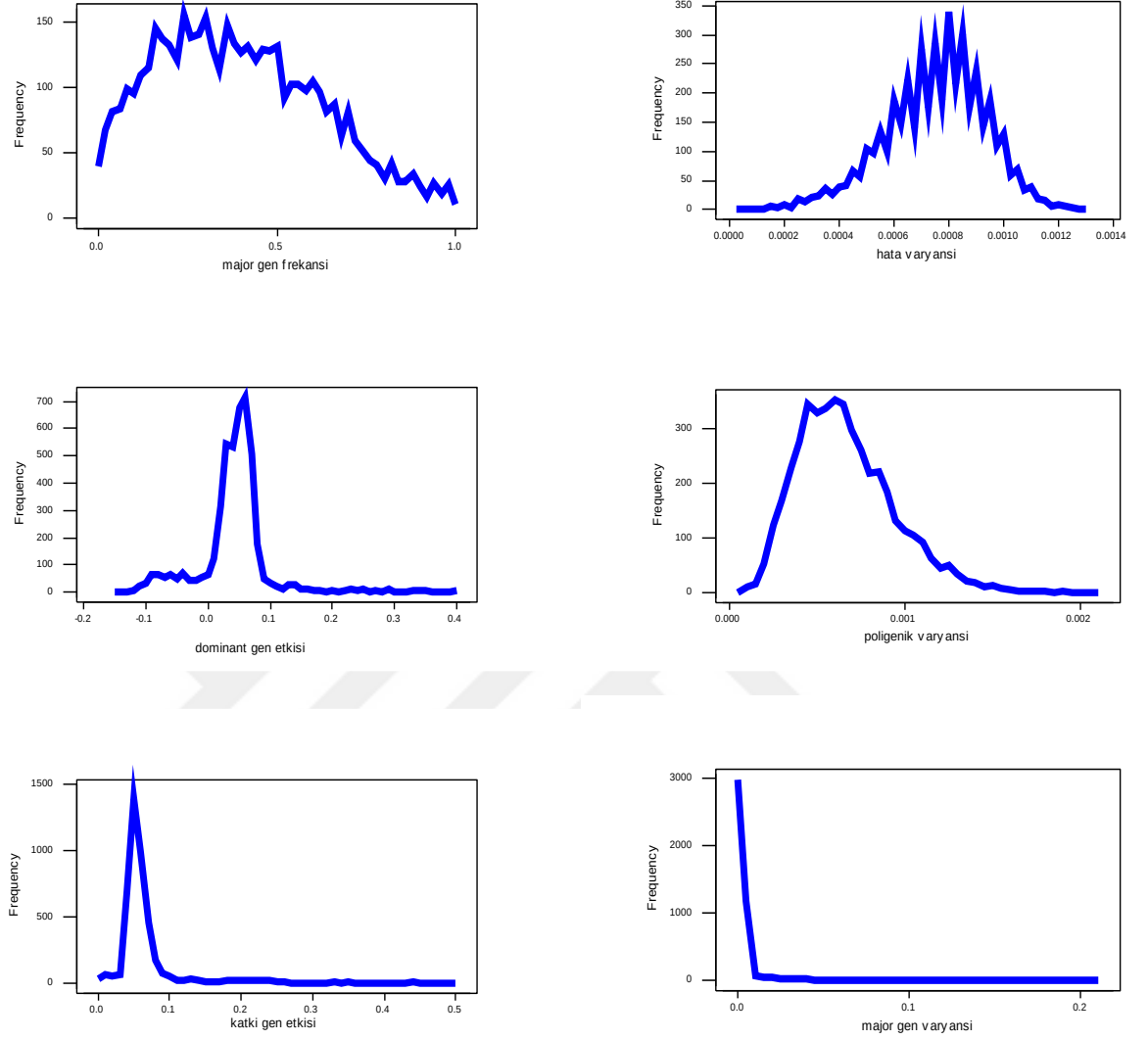
Autocorrelation Function for genot_dom ge



Autocorrelation Function for major gen fr

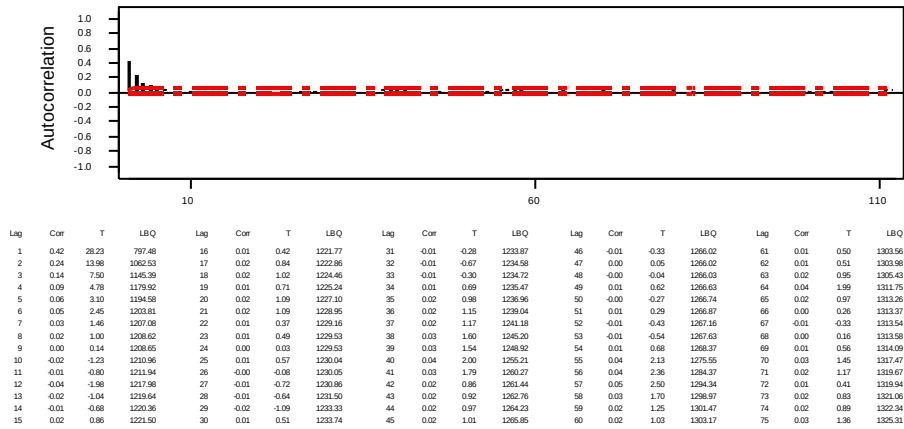


Şekil 8.28. Yem tüketim karekök dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

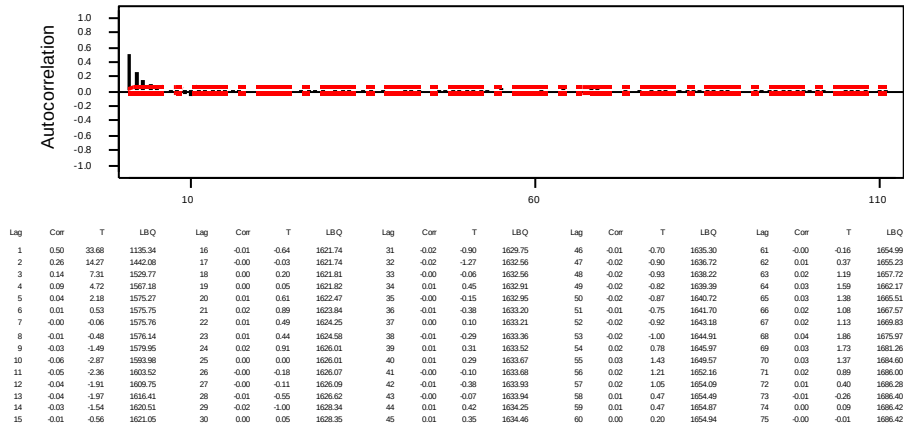


Şekil 8.29. Yem tüketim logaritma dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

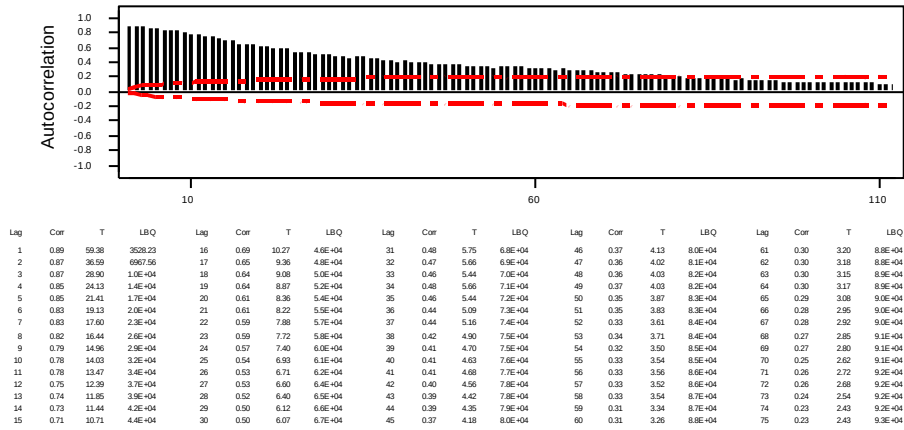
Autocorrelation Function for hata varyans



Autocorrelation Function for poligenik va

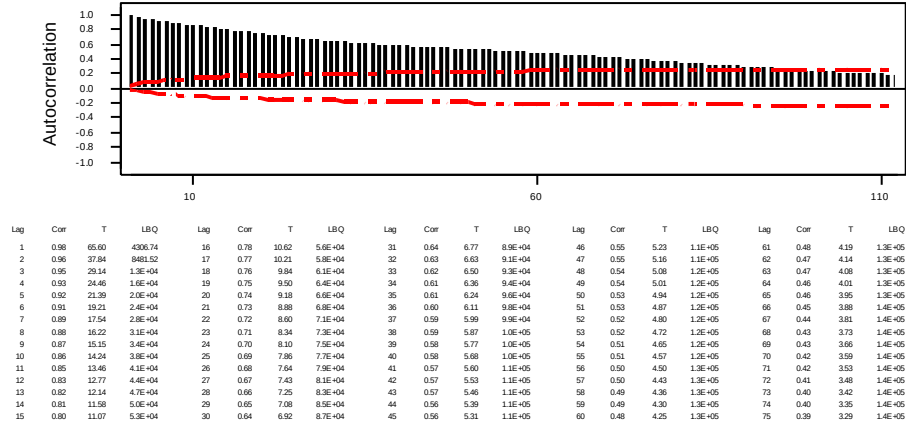


Autocorrelation Function for major gen va

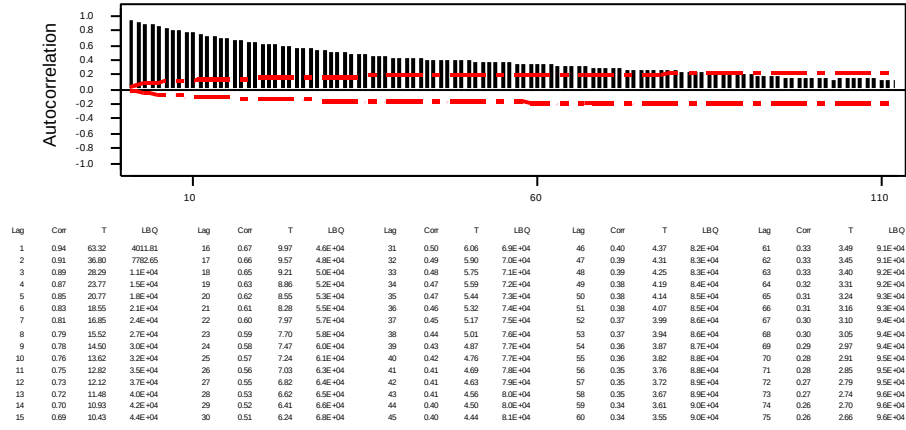


Şekil 8.30. Yem tüketimi logaritma dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

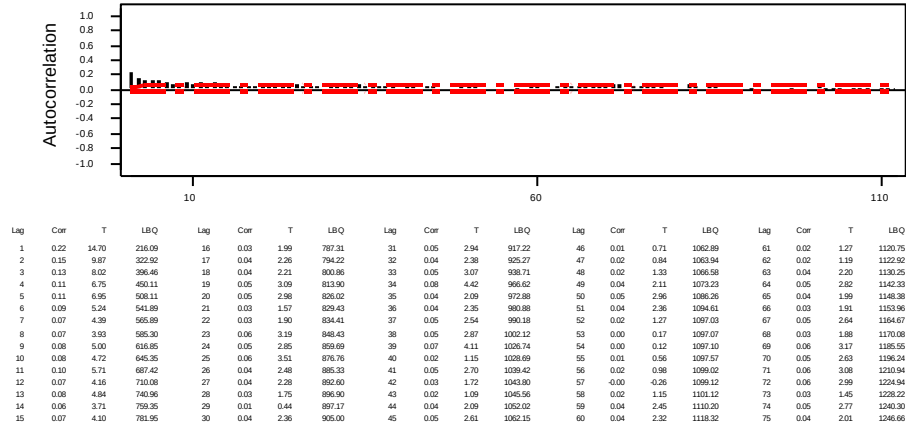
Autocorrelation Function for katkı gen et



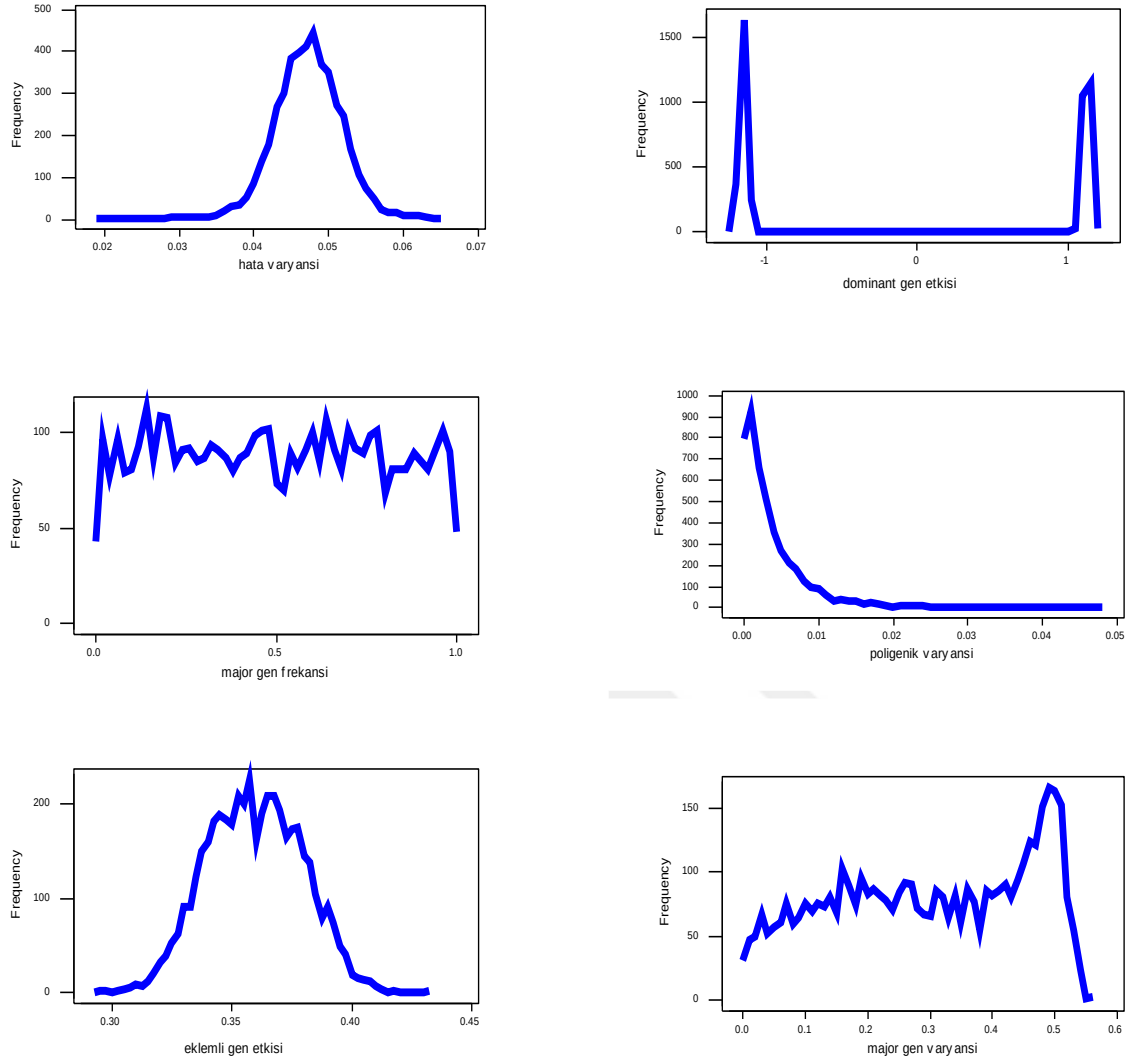
Autocorrelation Function for genot_dom ge



Autocorrelation Function for major gen fr

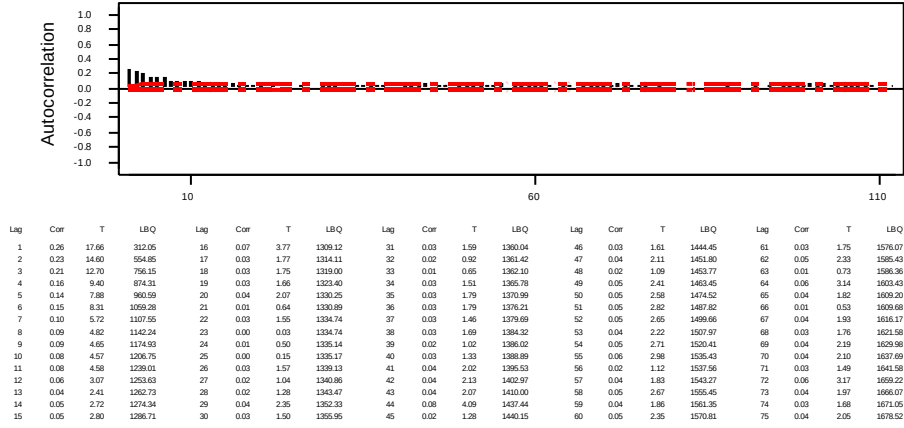


Şekil 8.31. Yem tüketimi logaritma dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

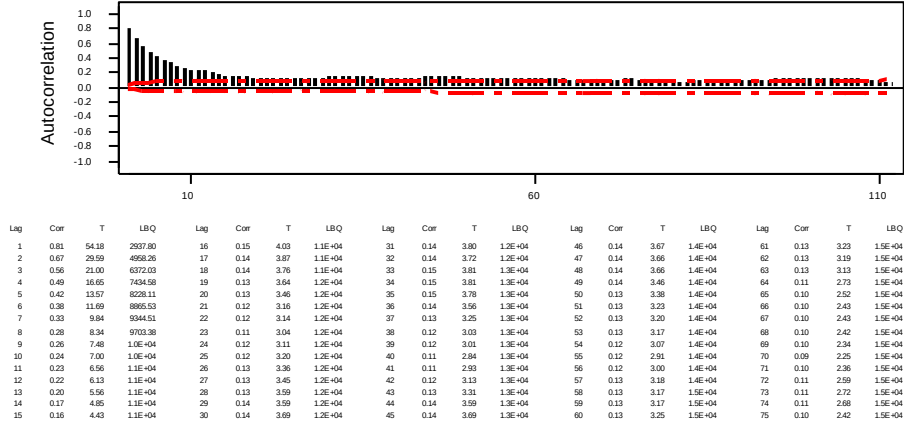


Şekil 8.32. Yem tüketimi sinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekans marjinal sonsal dağılımı.

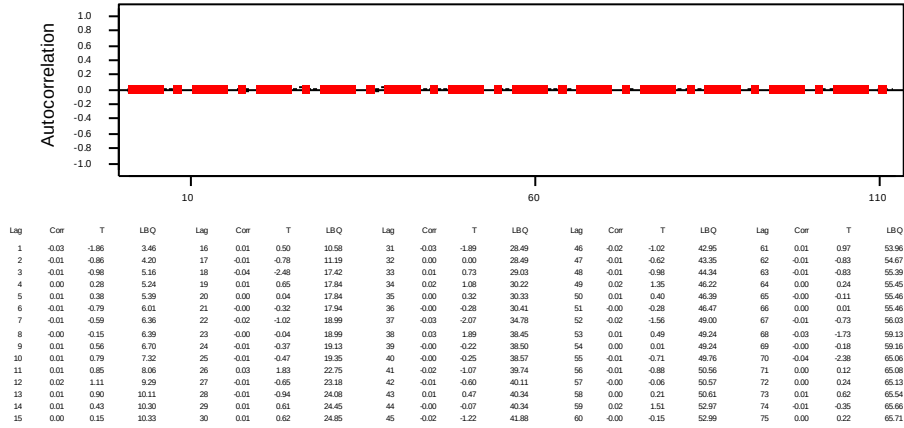
Autocorrelation Function for hata varyans



Autocorrelation Function for poligenik va

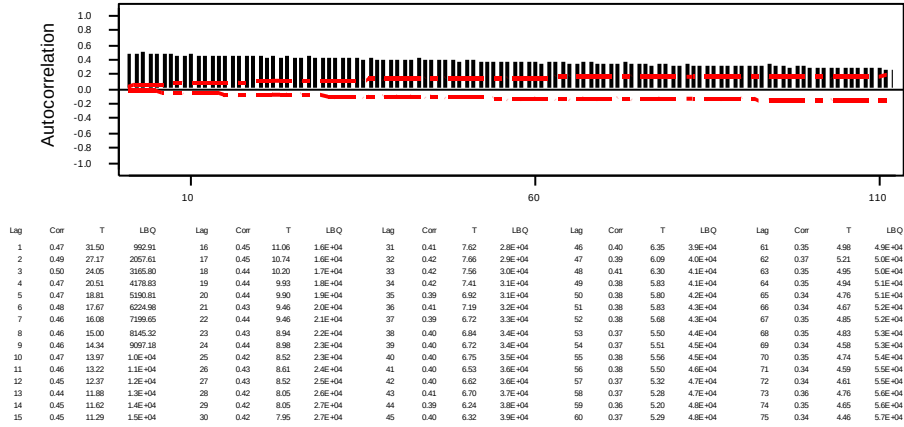


Autocorrelation Function for major gen va

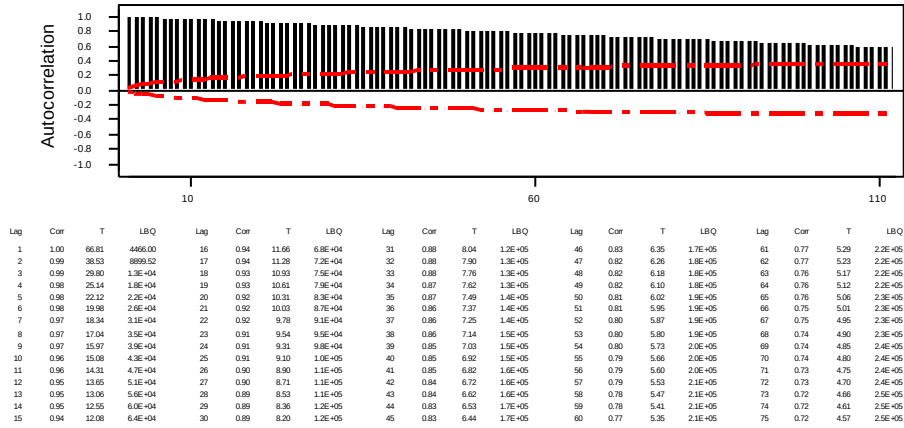


Şekil 8.33. Yem tüketimi sinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major genvaryansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

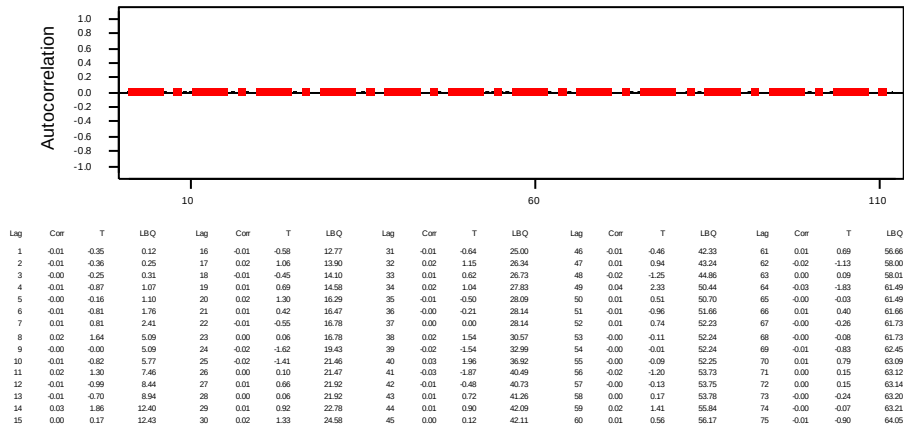
Autocorrelation Function for katkı gen et



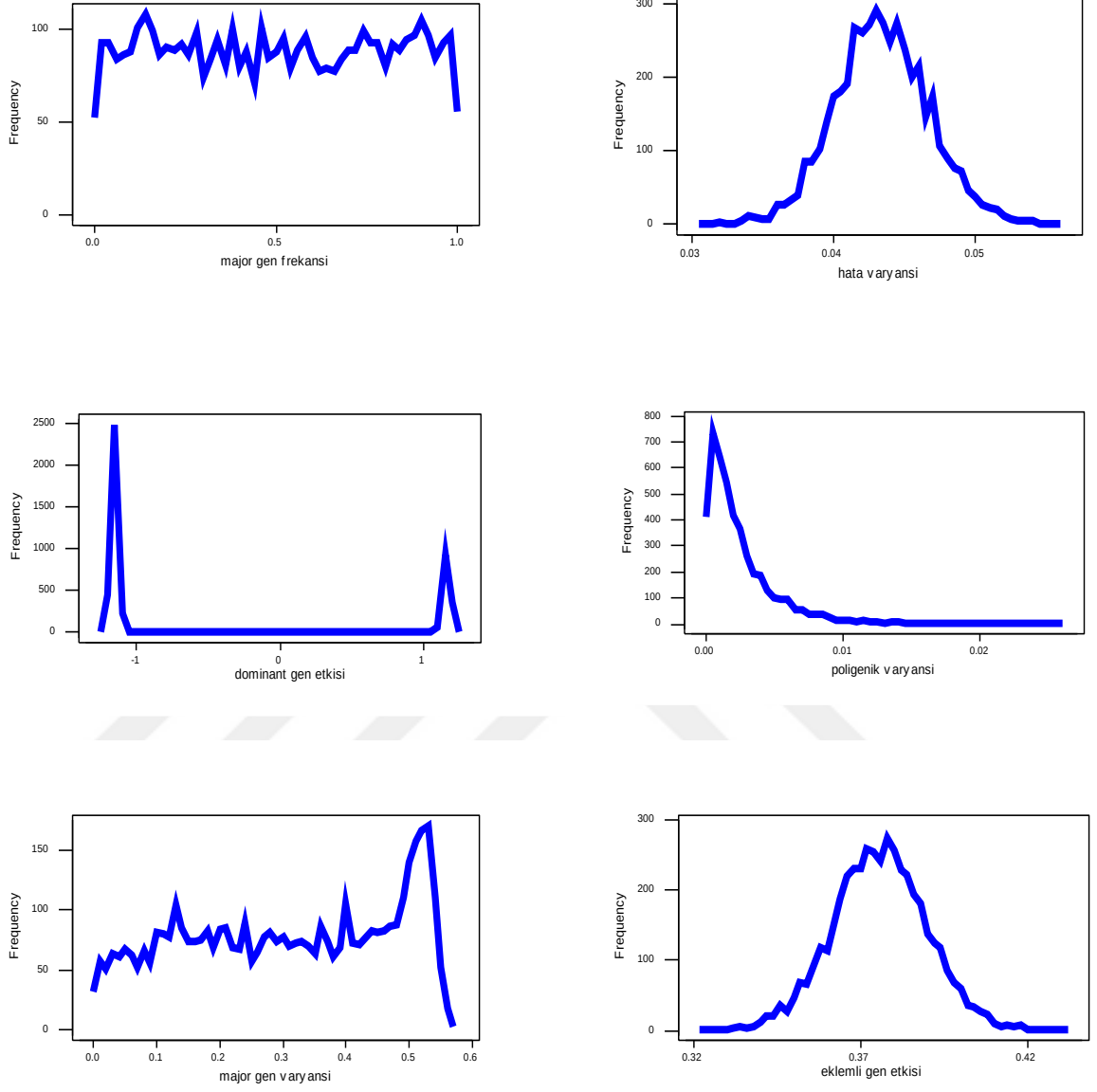
Autocorrelation Function for genot_dom ge



Autocorrelation Function for major gen fr

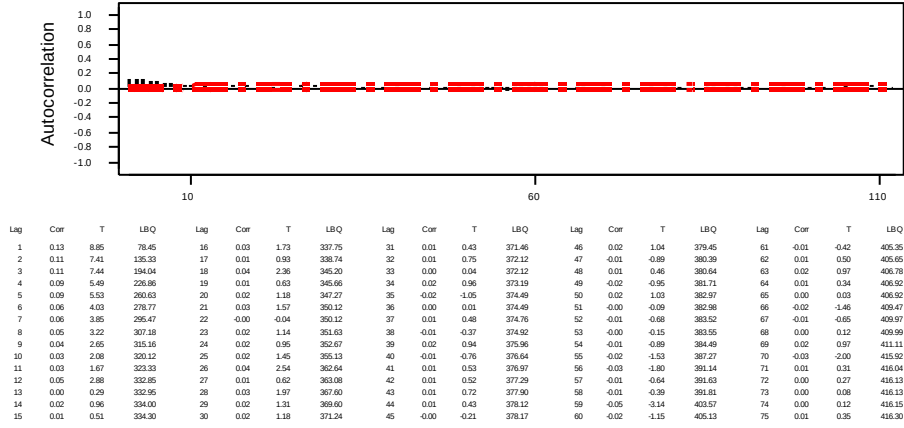


Şekil 8.34. Yem tüketim sinüs dönüştürümü içindominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

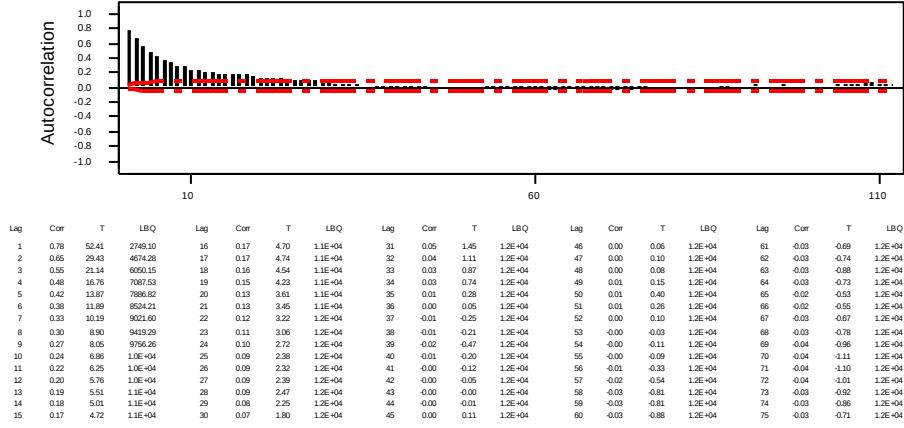


Şekil 8.35. Yem tüketim kosinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

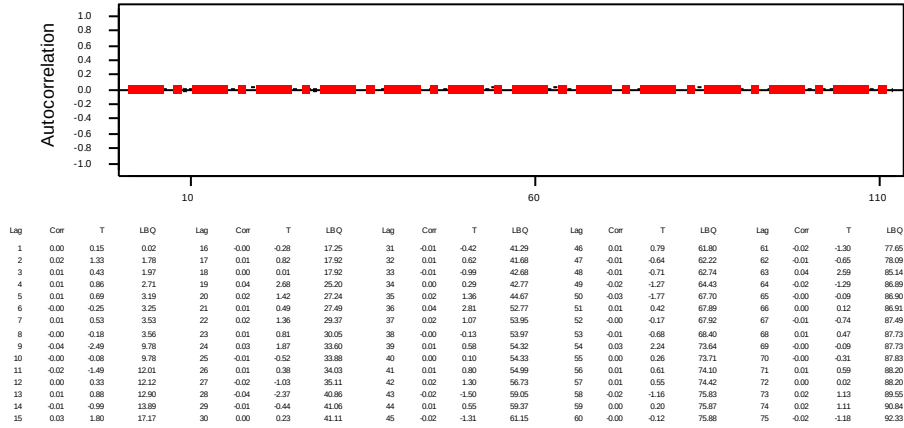
Autocorrelation Function for hata varyans



Autocorrelation Function for poligenik va

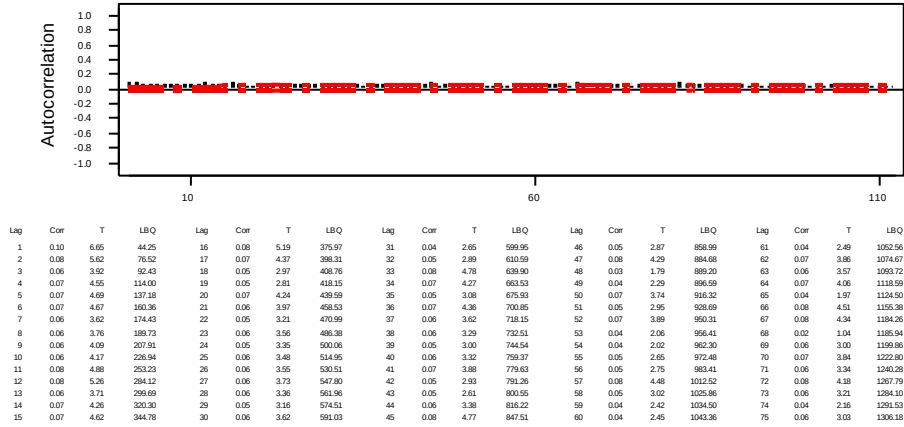


Autocorrelation Function for major gen va

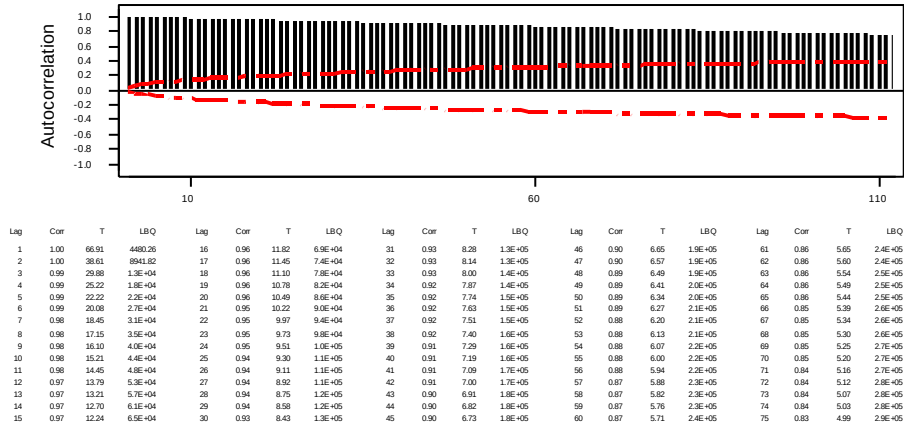


Şekil 8.36. Yem tüketim kosinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

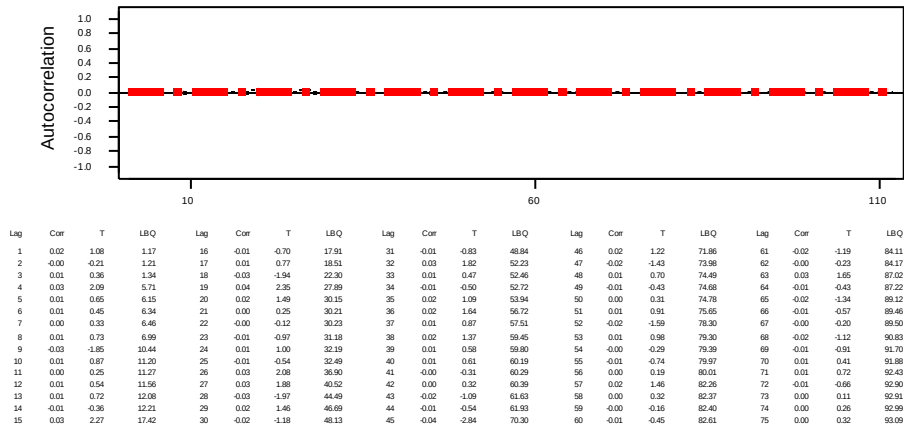
Autocorrelation Function for katkı gen et



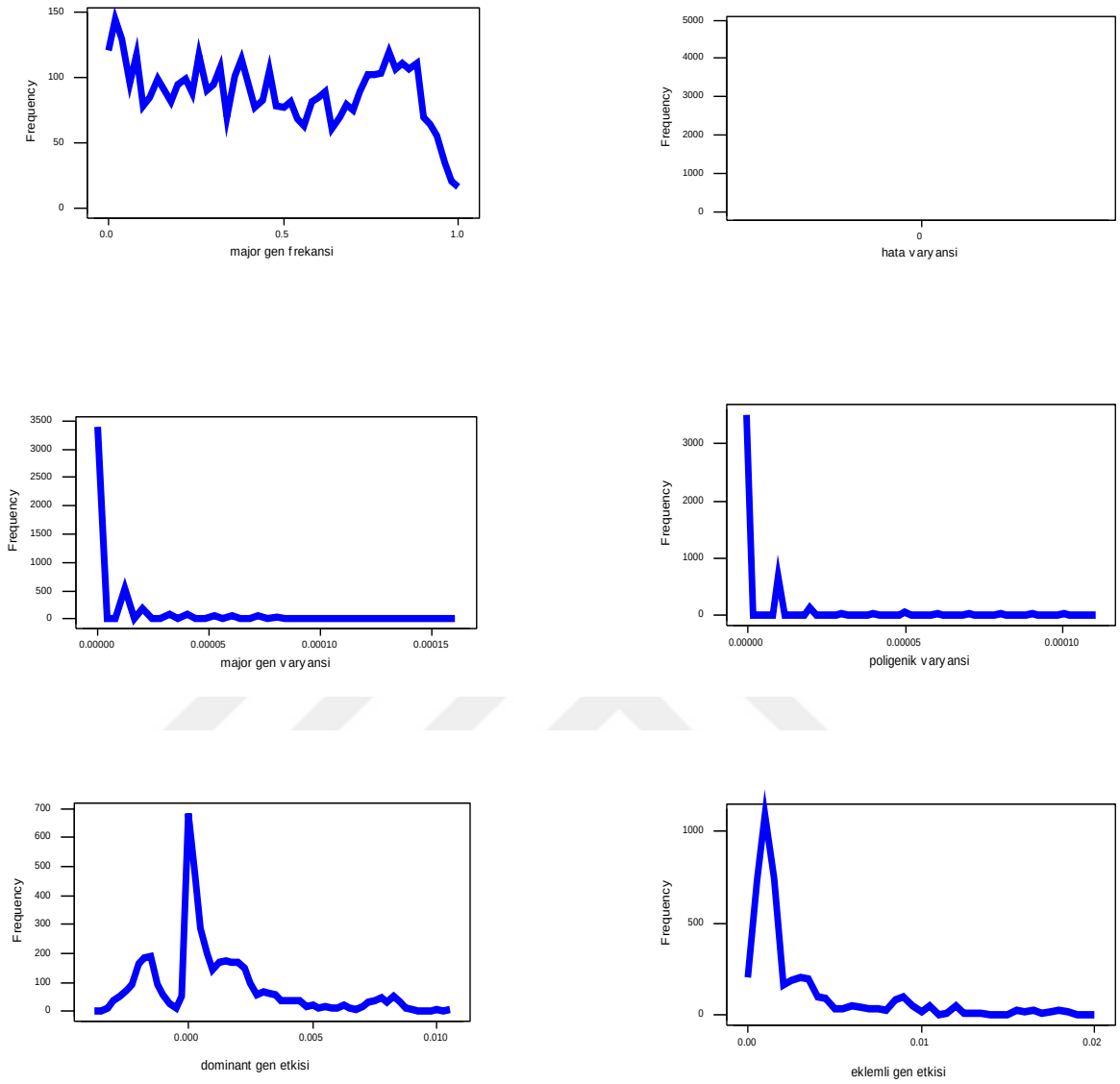
Autocorrelation Function for genot_dom ge



Autocorrelation Function for major gen fr

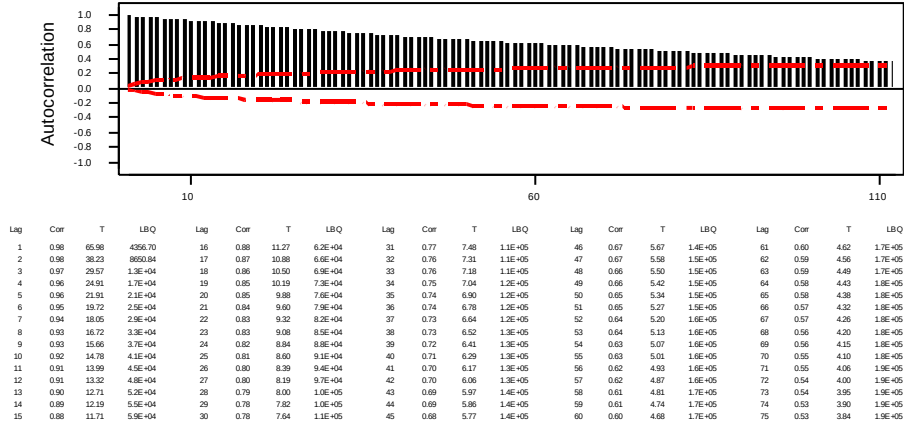


Şekil 8.37. Yem tüketimi kosinüs dönüştürümü içindominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

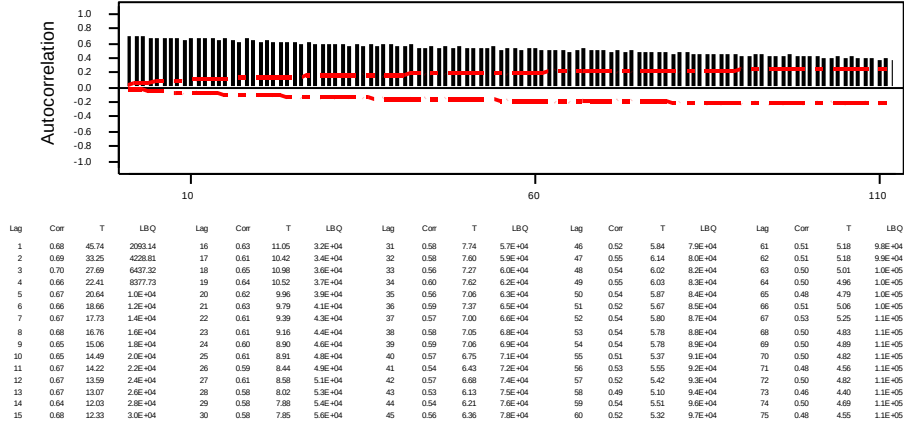


Şekil 8.38. Yem tüketimi kotanjent dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

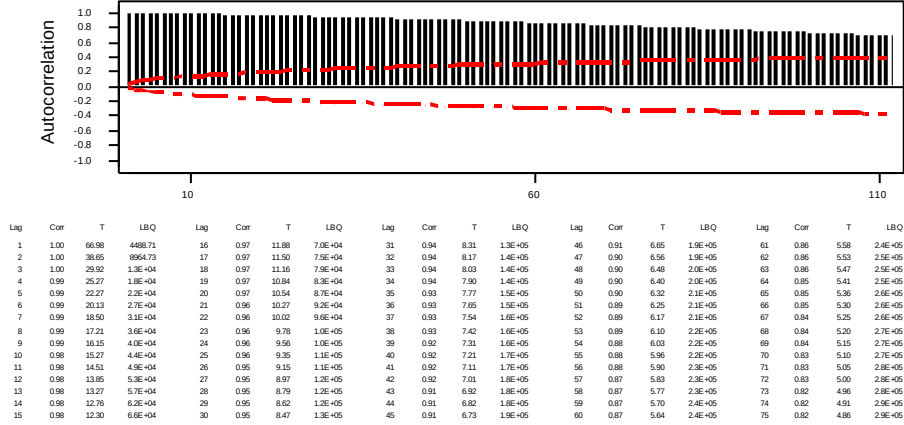
Autocorrelation Function for poligenik va



Autocorrelation Function for major gen va

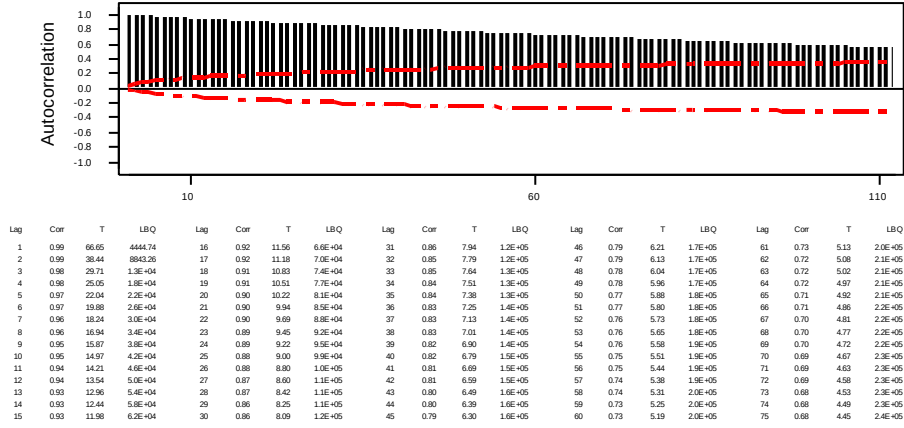


Autocorrelation Function for katkı gen et

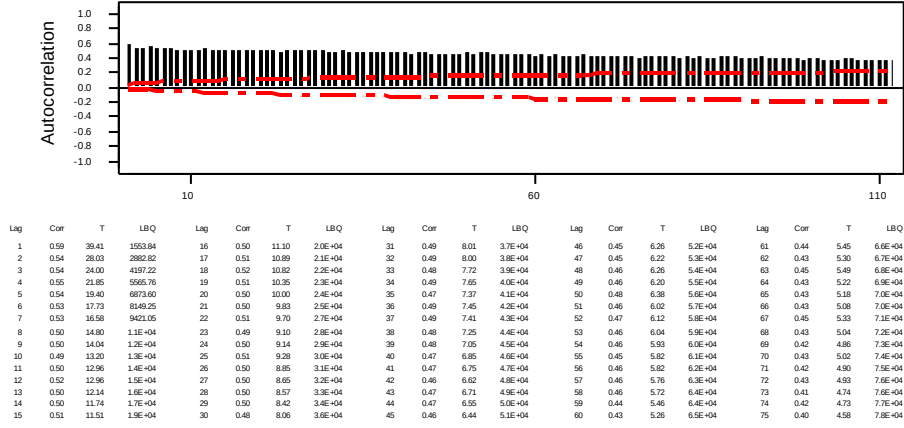


Şekil 8.39. Yem tüketimi kotanjent dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

Autocorrelation Function for genot_dom ge

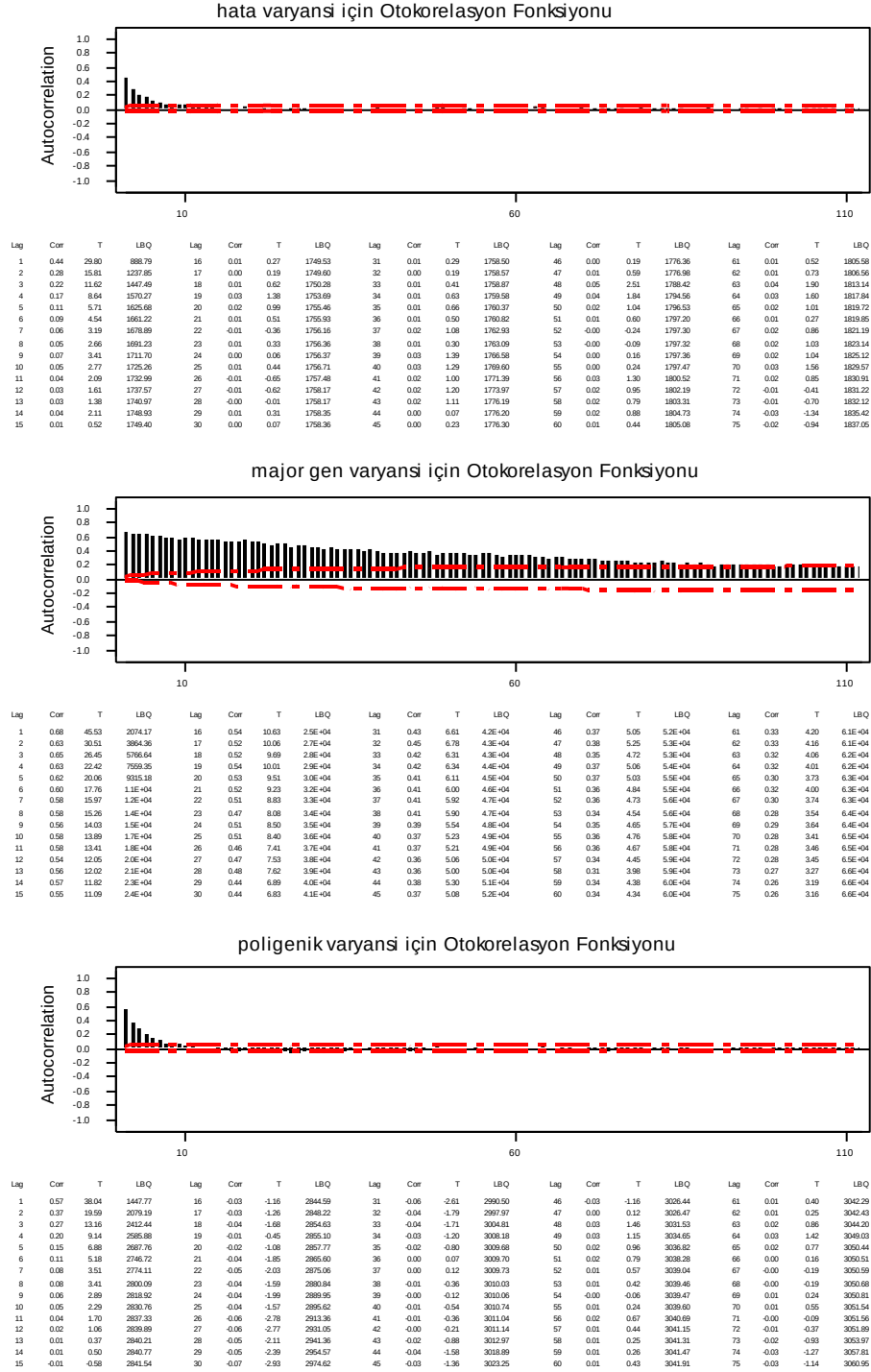


Autocorrelation Function for major gen fr

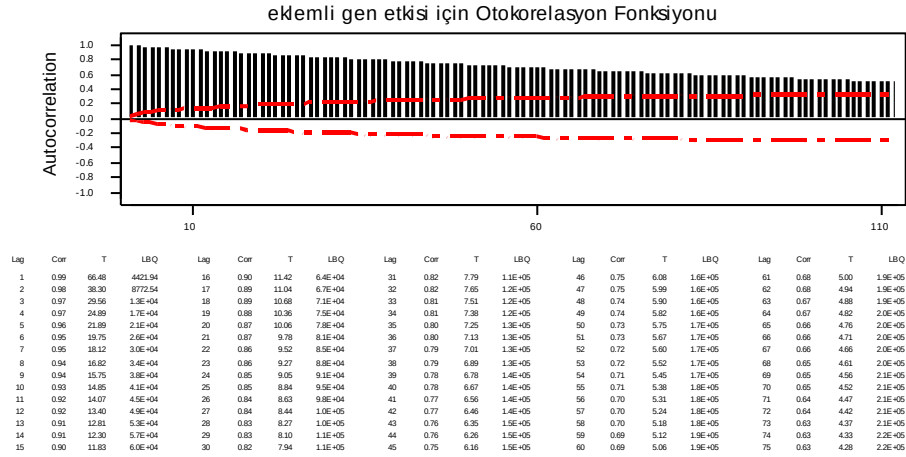
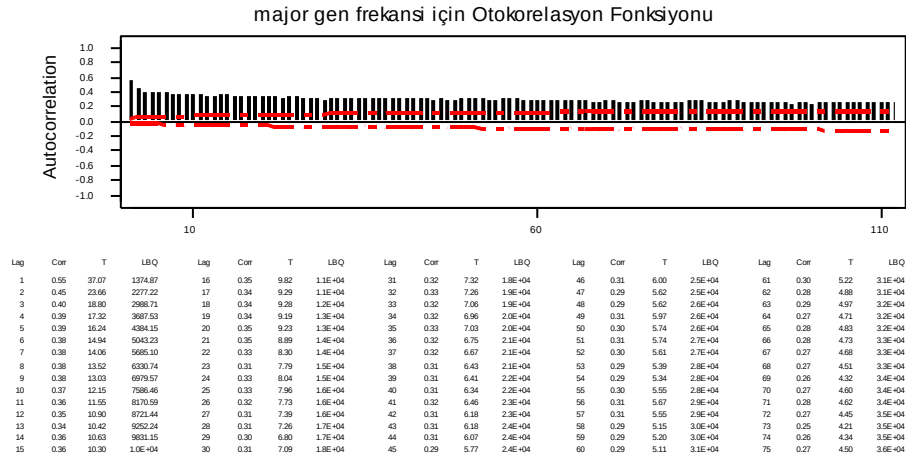
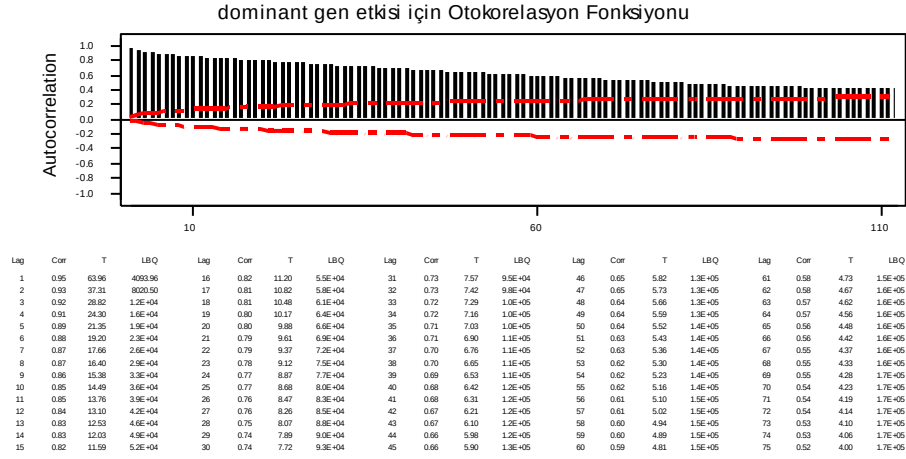


Şekil 8.40. Yem tüketimi kotanjent dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

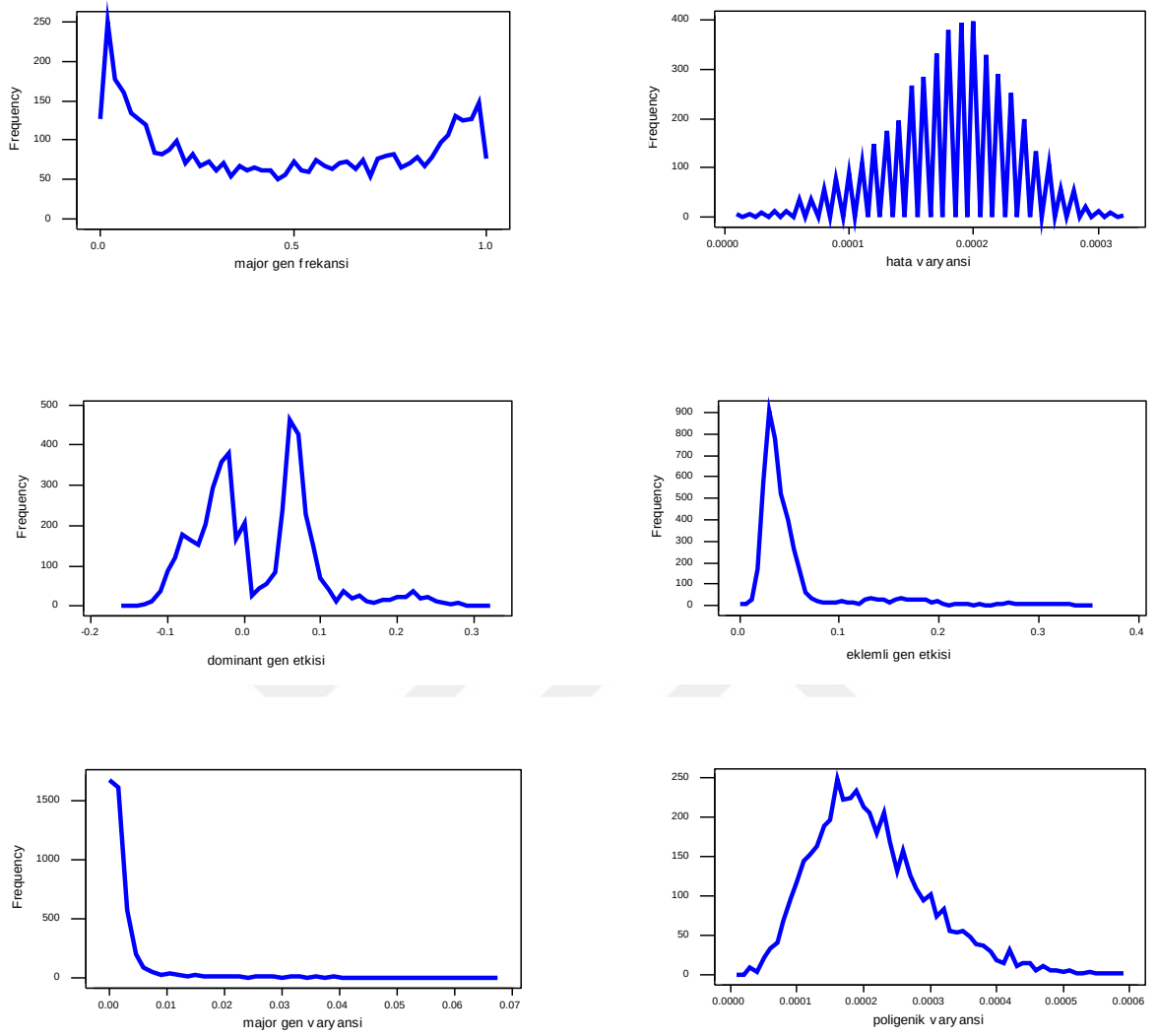
EK 3. Yem etkinliği ve dönüştürümü (transformasyonu) için testleri



Şekil 8.41. Yem etkinliği için poligenik varyansı, major genvaryansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

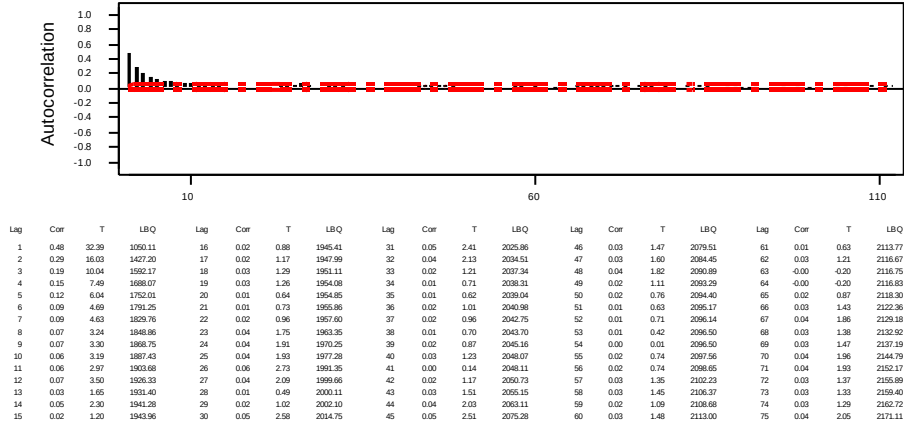


Şekil 8.42. Yem etkinliği için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

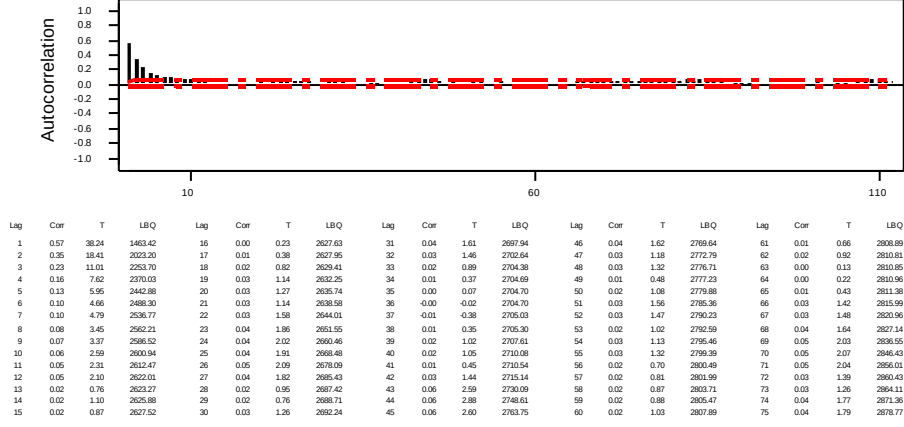


Şekil 8.43. Yem etkinliği üssal dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

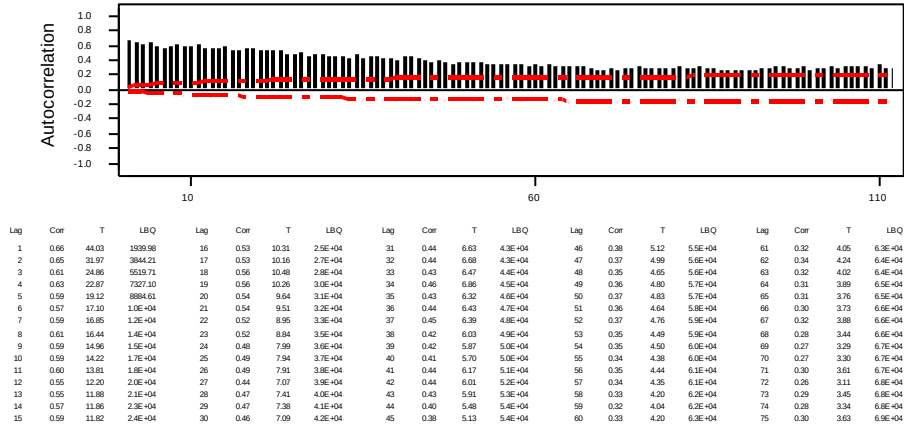
hata varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



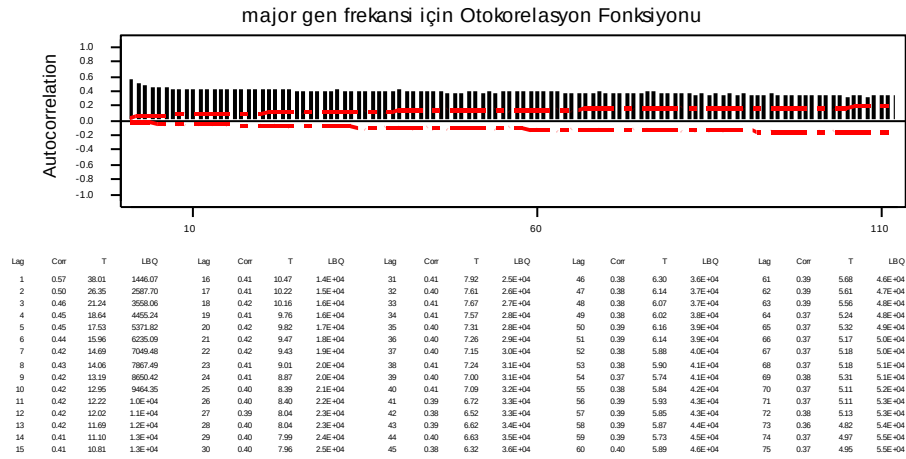
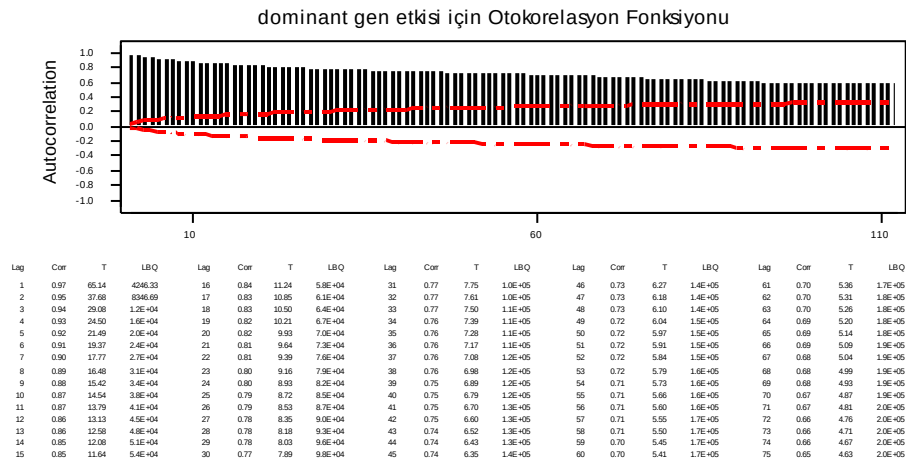
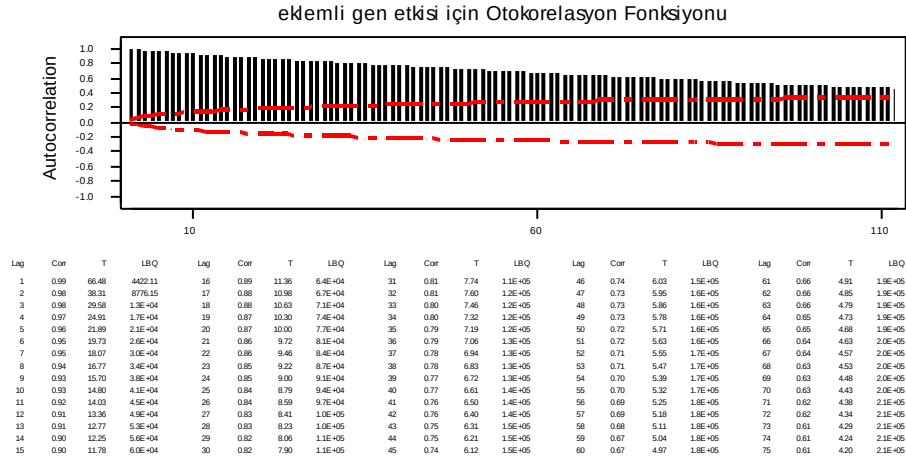
poligenik varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



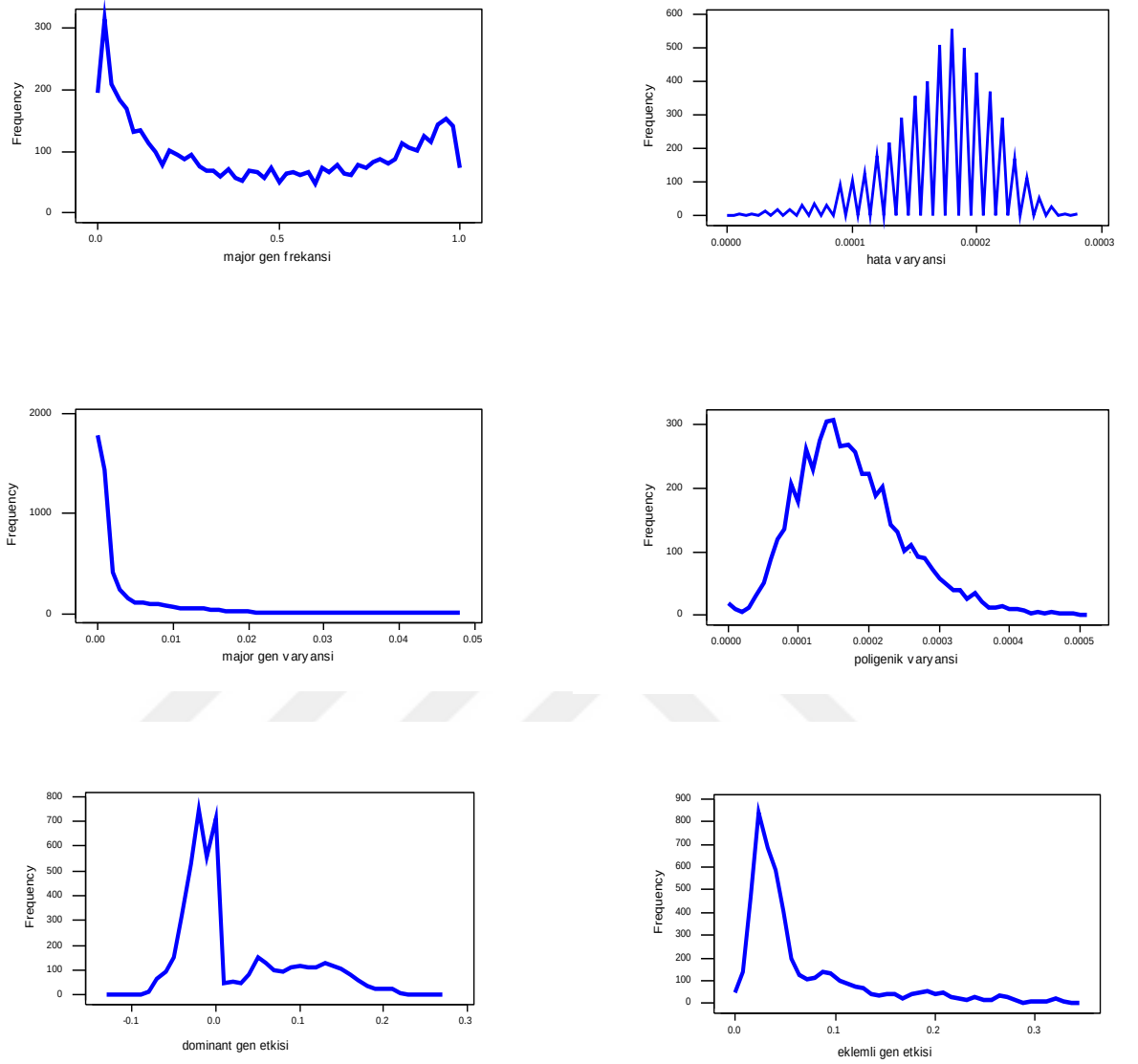
major gen varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



Şekil 8.44. Yem etkinliği üssal dönüştürümü için poligenik varyansı, major genvaryansı ve hata varyansızaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

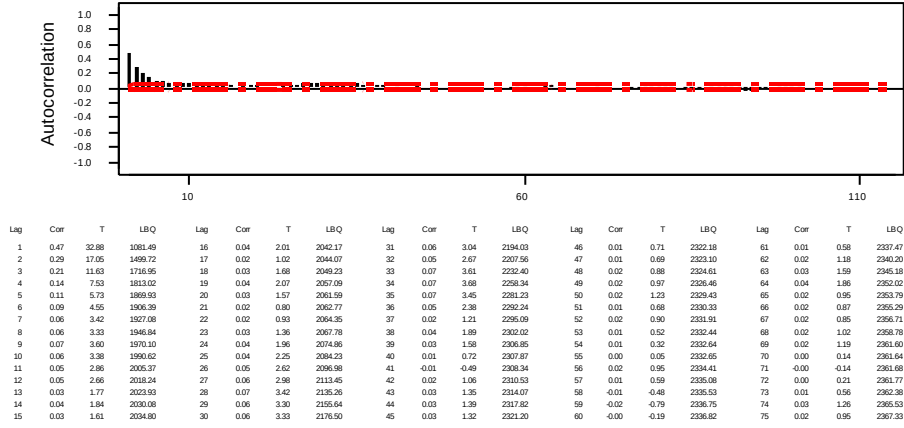


Şekil 8.45. Yem etkinliği üssal dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

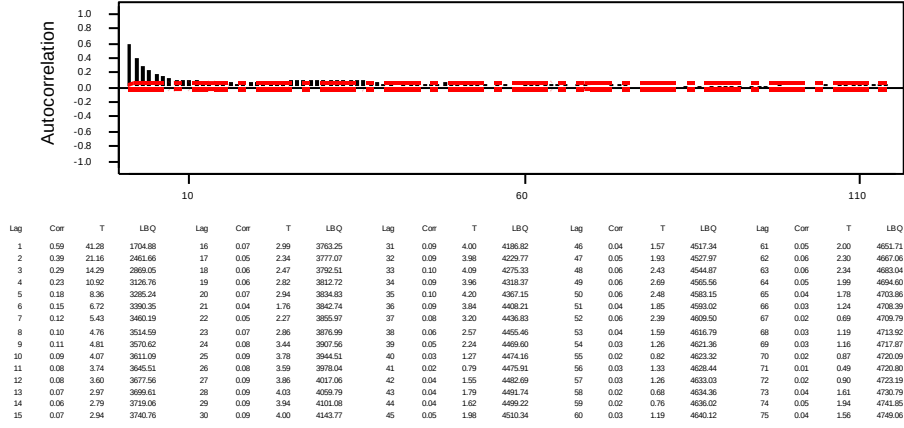


Şekil 8.46. Yem etkinliği sinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

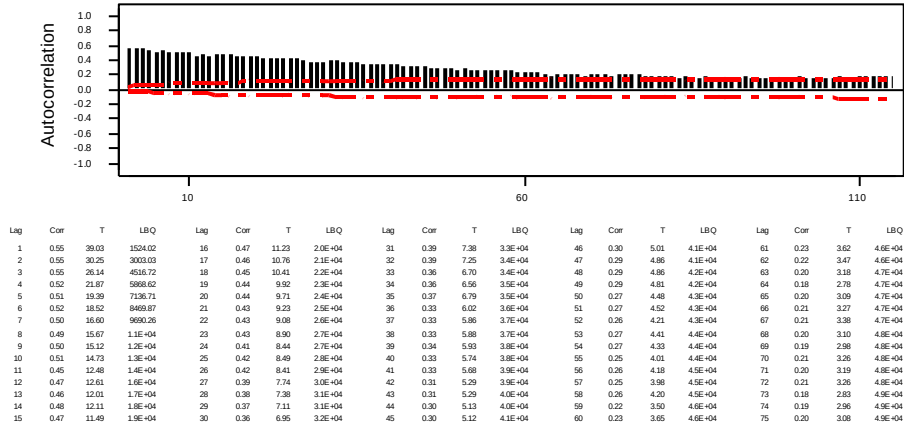
hata varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



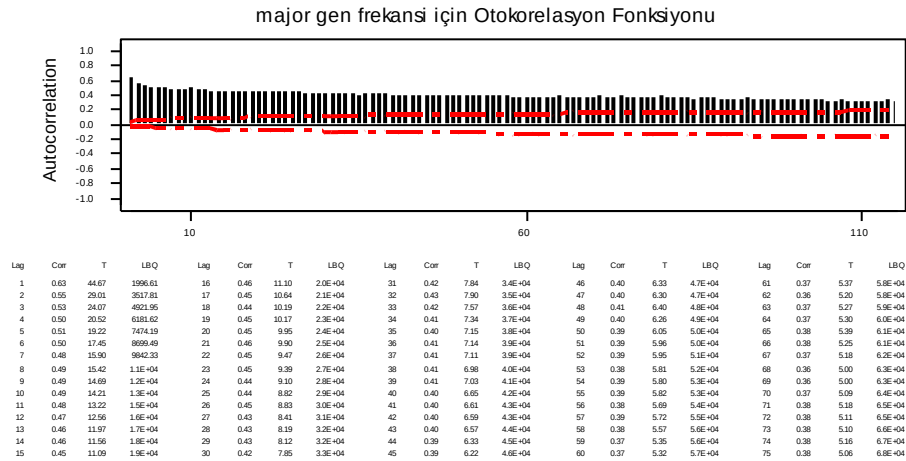
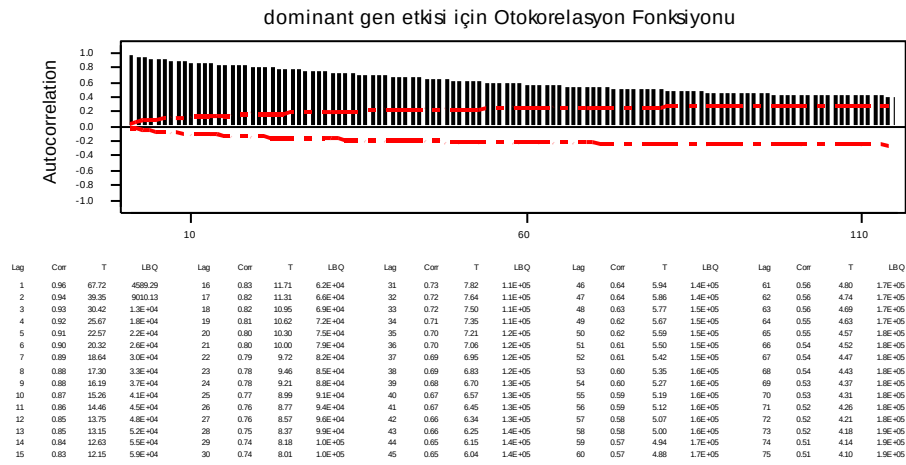
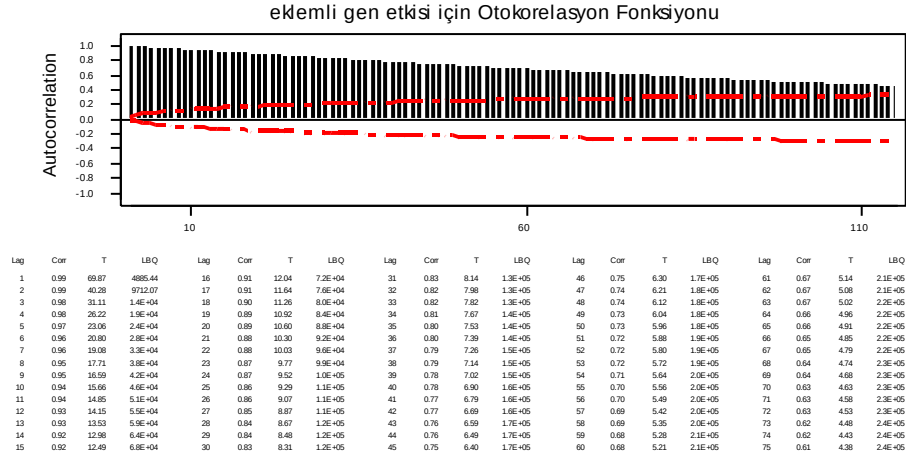
poligenik varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



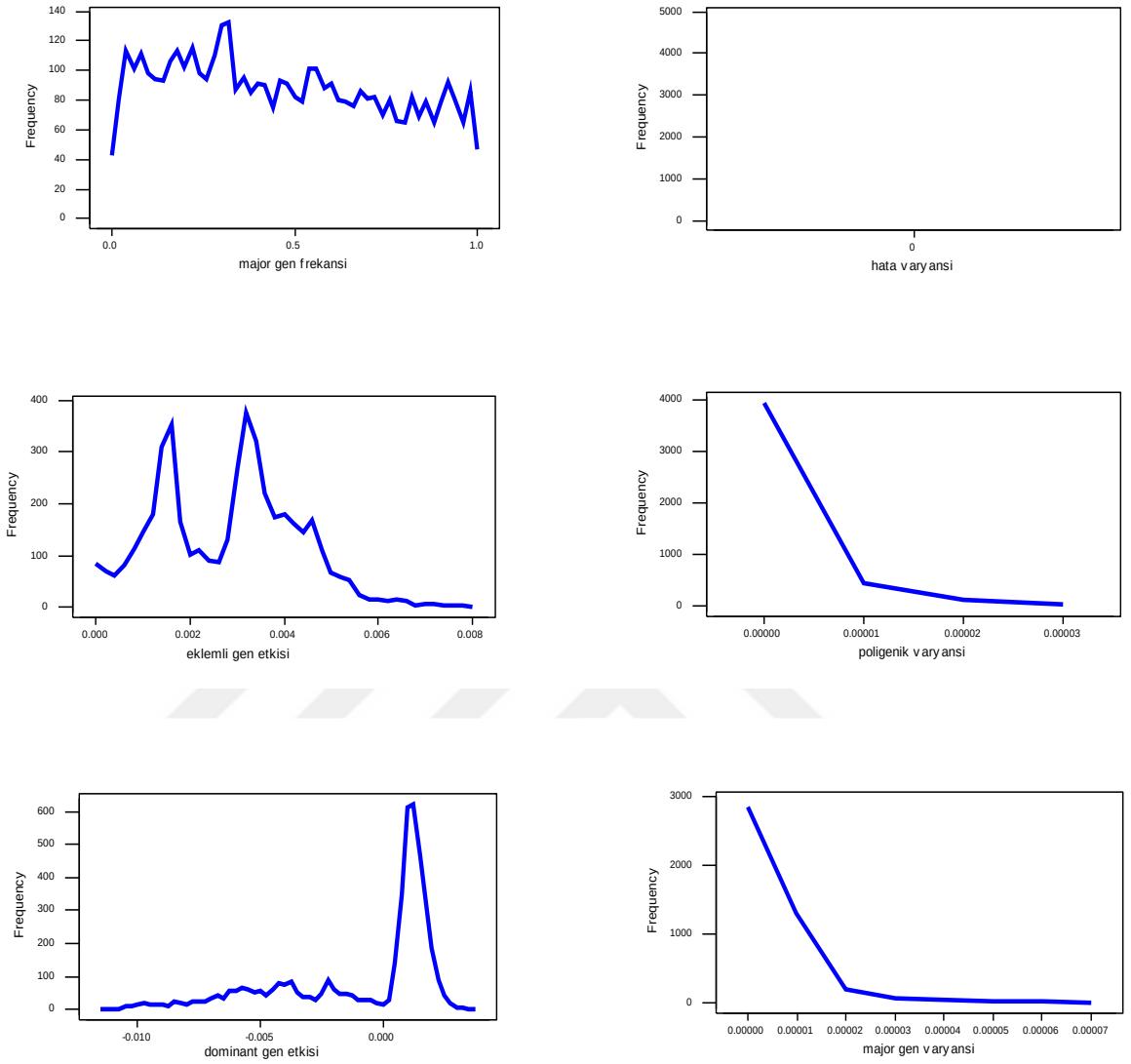
major gen varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



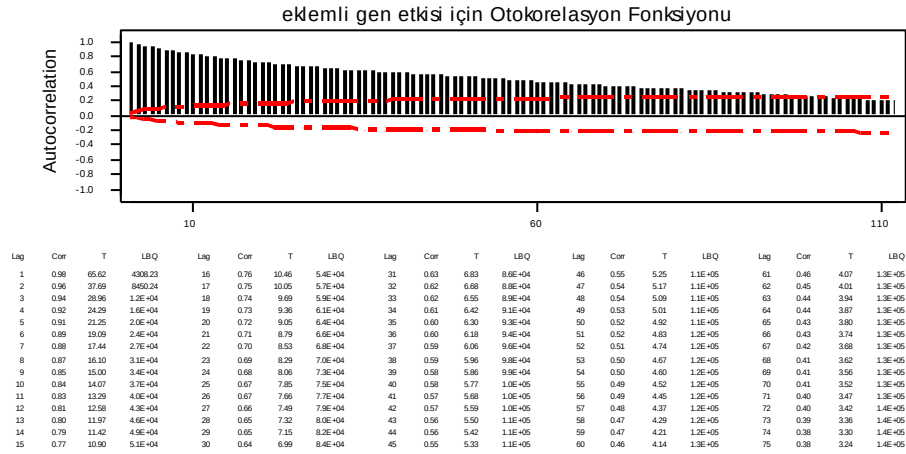
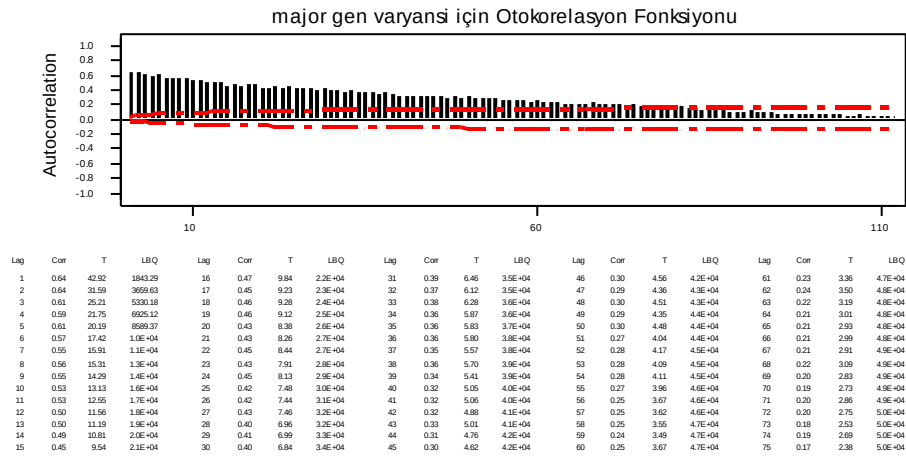
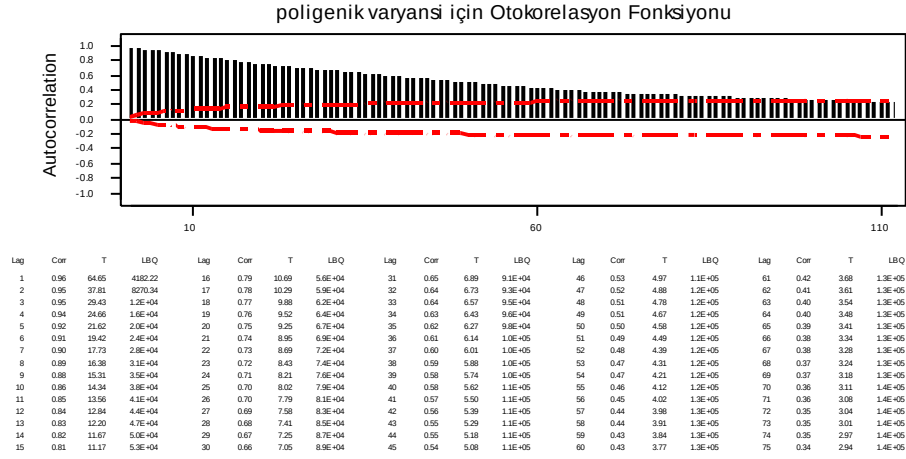
Şekil 8.47. Yem etkinliği sinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major genvaryansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



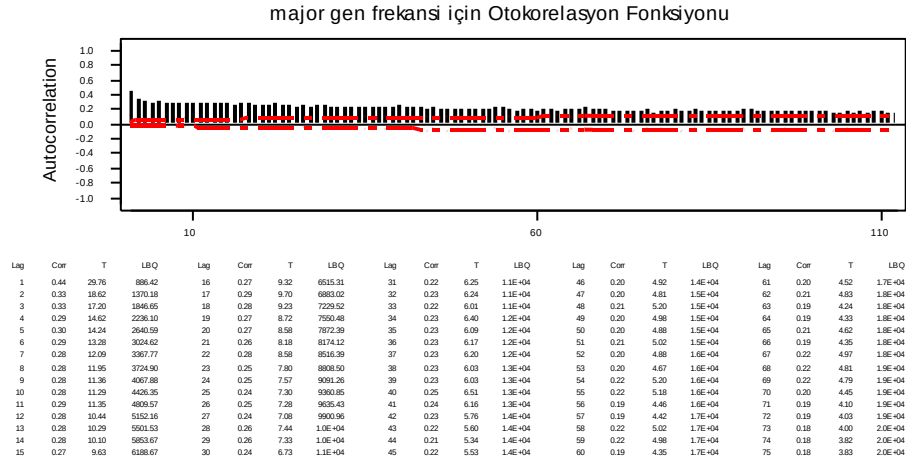
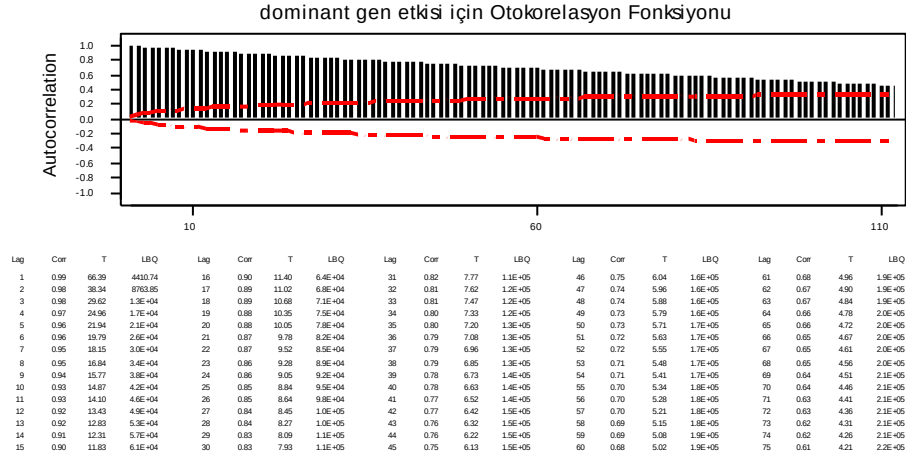
Şekil 8.48. Yem etkinliğisine dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



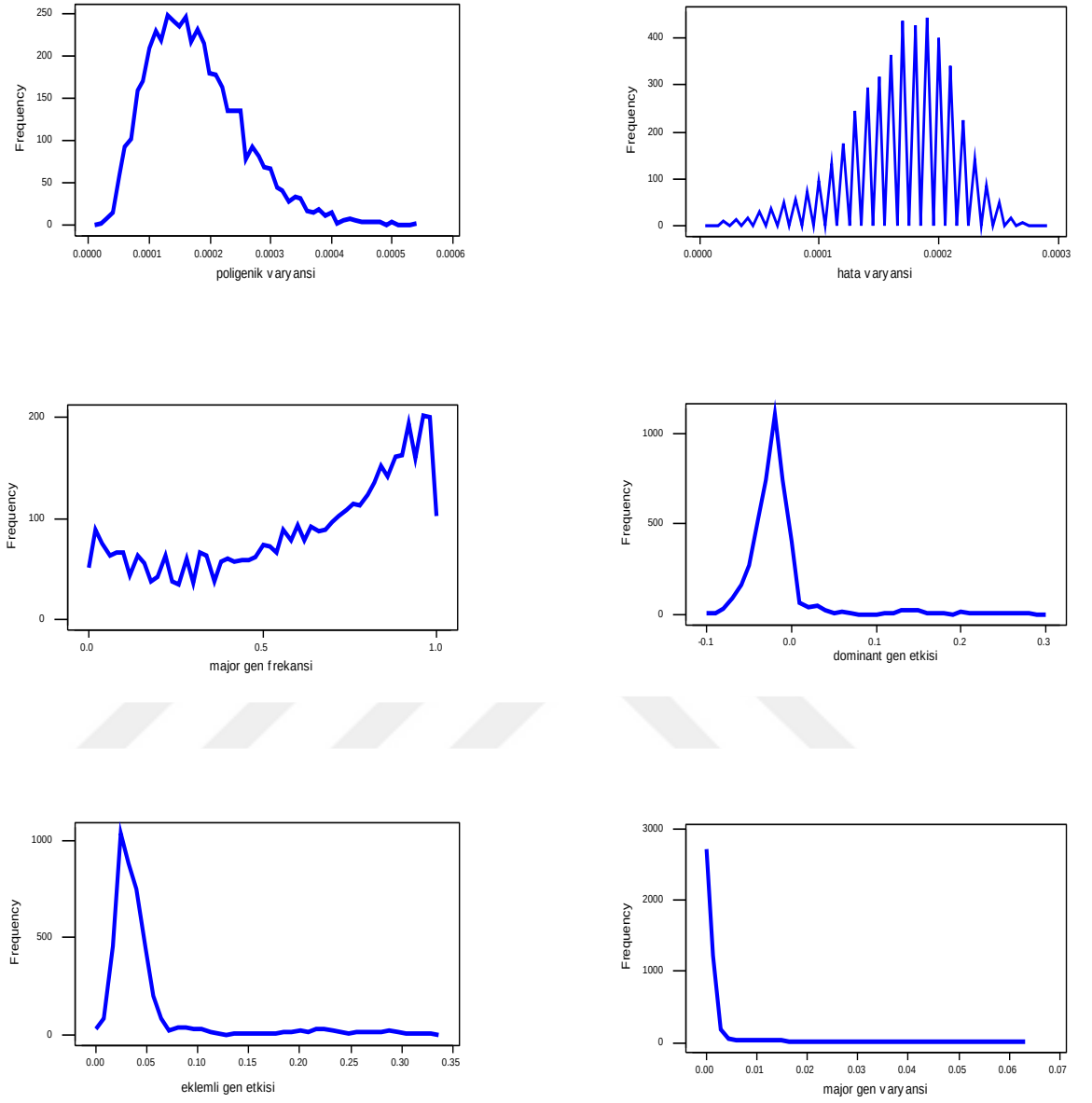
Şekil 8.49. Yem etkinliği kosinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.



Şekil 8.50. Yem etkinliği kosinüs dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı ve eklemeli gen etkisi zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

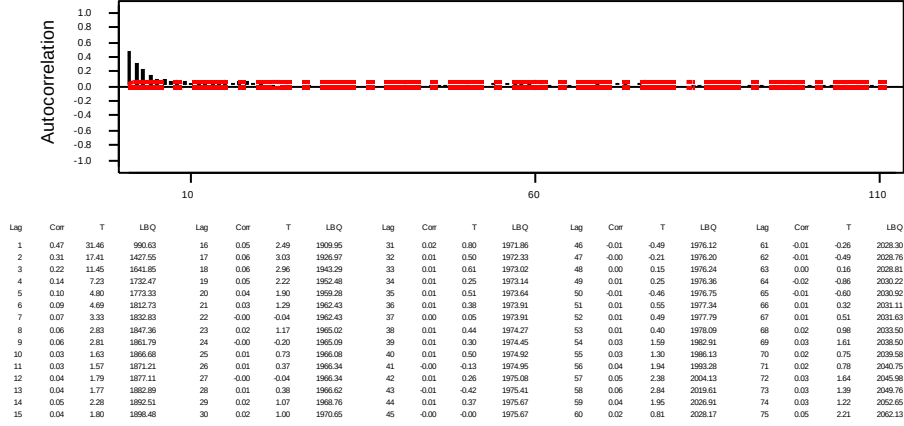


Şekil 8.51. Yem etkinliği kosinüs dönüştürümü için dominant etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

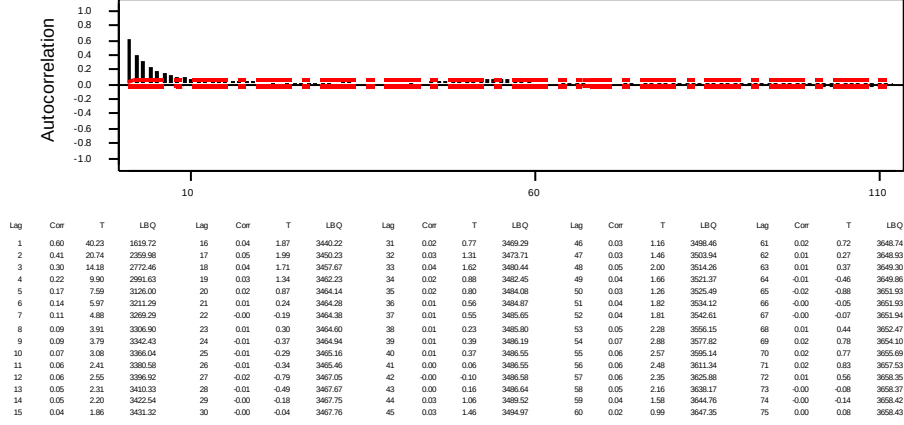


Şekil 8.52. Yem etkinliği tangent dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

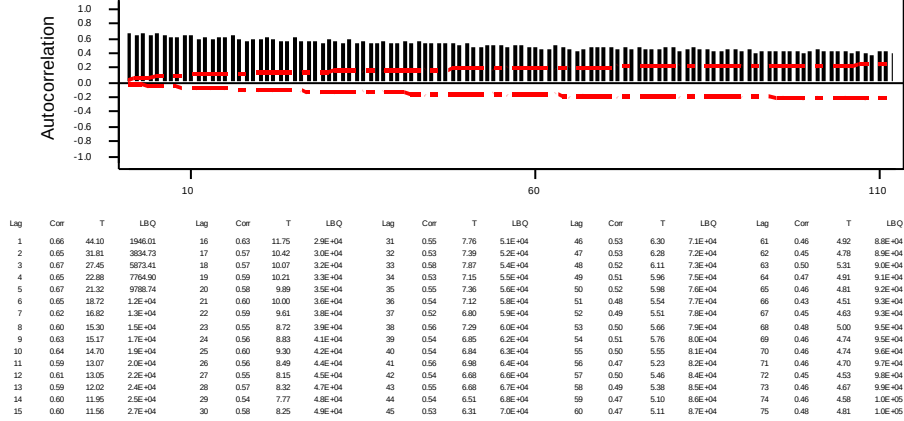
hata varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



poligenik varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu

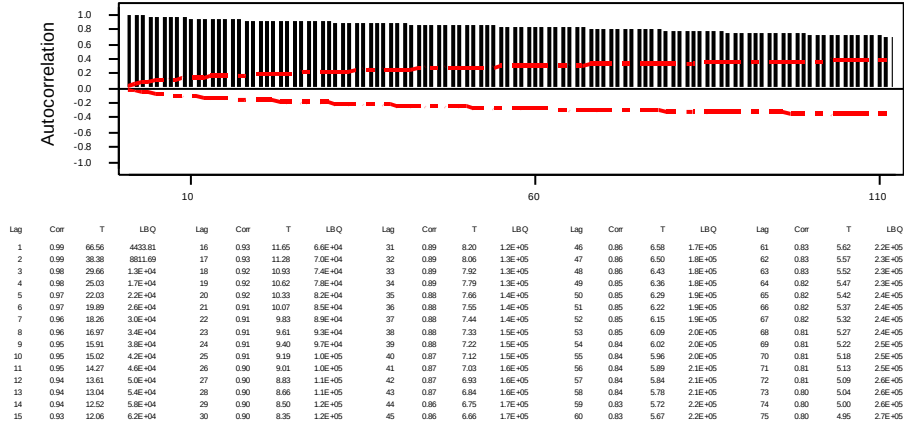


major gen varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu

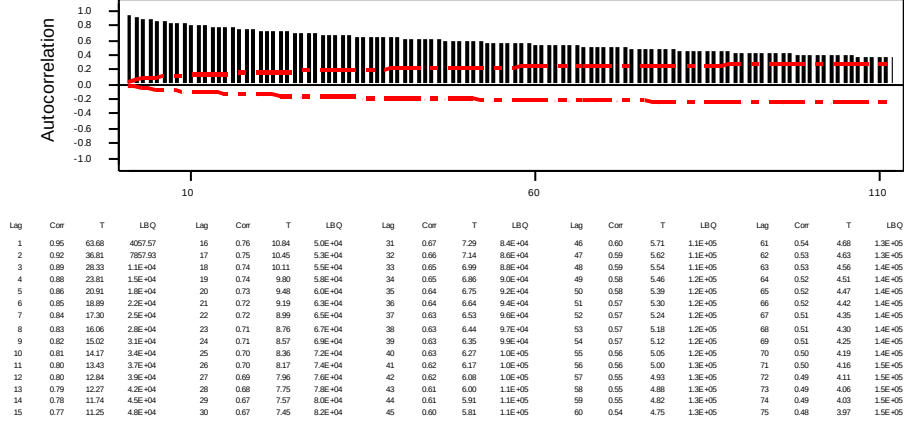


Şekil 8.53. Yem etkinliği tangent dönüştürümü için poligenik varyansı, major genvaryansı ve hata varyansızaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

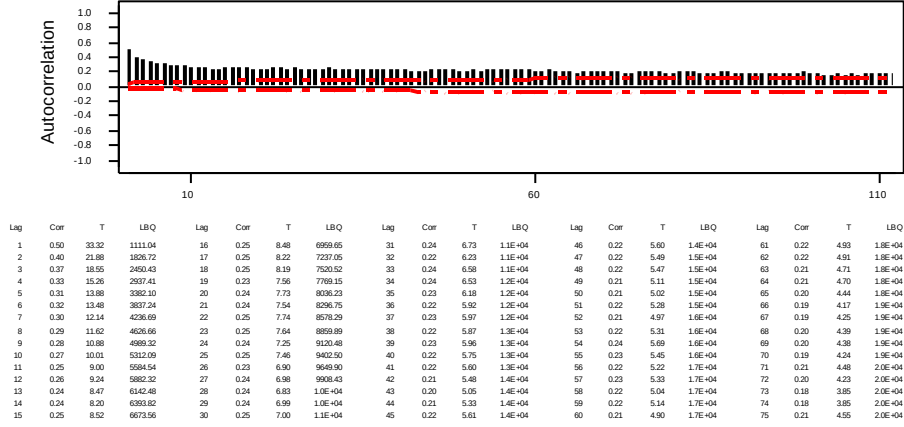
eklemli gen etkisi için Otokorelasyon Fonksiyonu



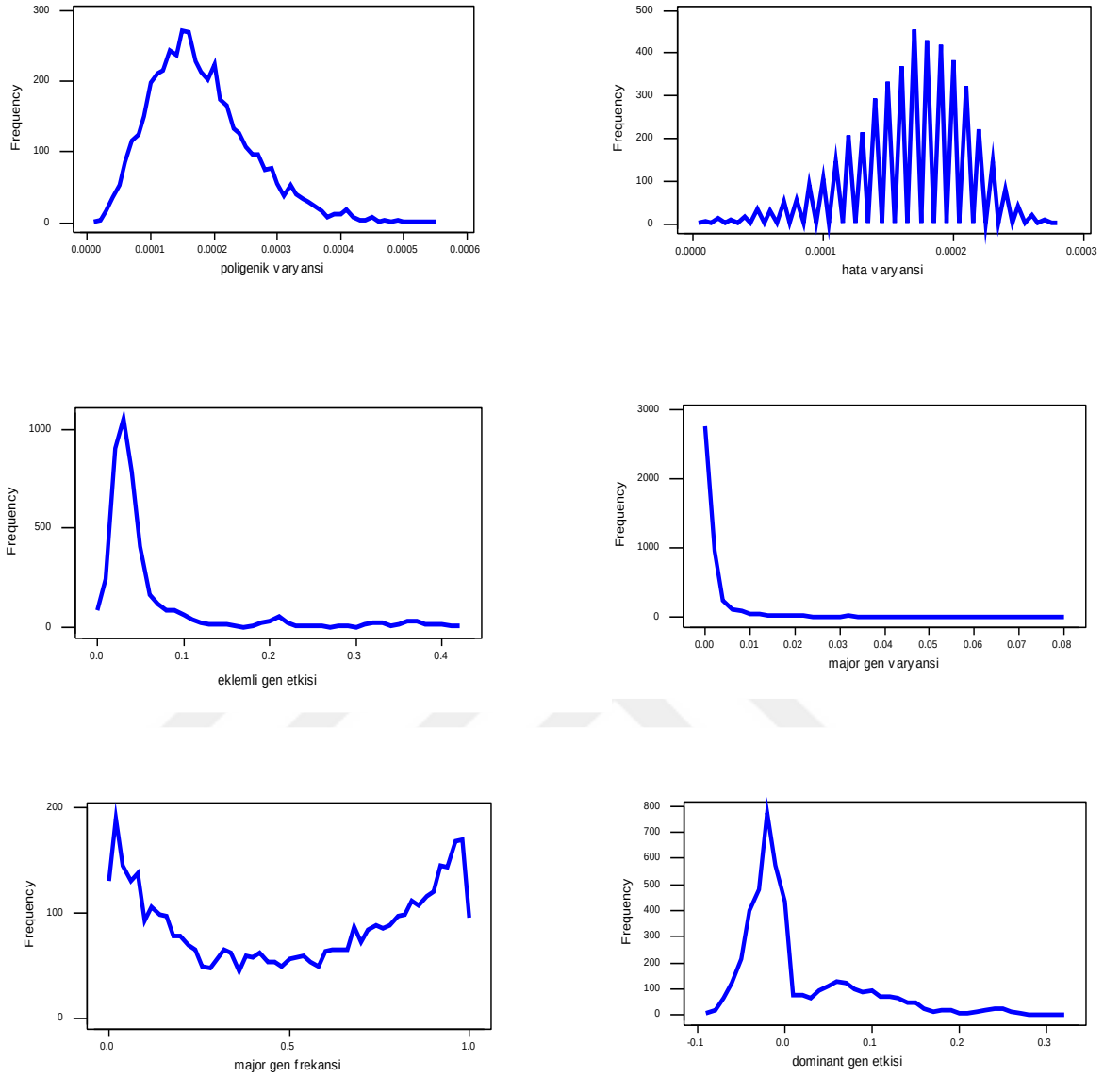
dominant gen etkisi için Otokorelasyon Fonksiyonu



major gen frekansı için Otokorelasyon Fonksiyonu

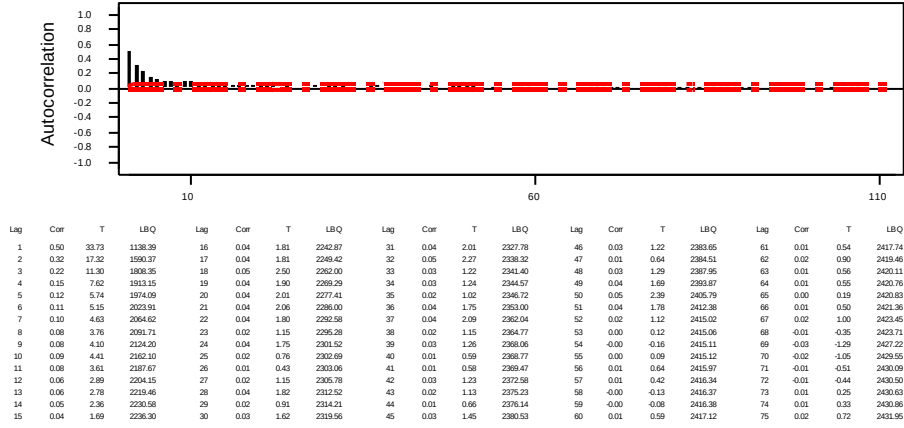


Şekil 8.54. Yem etkinliği tangent dönüştürümü için dominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

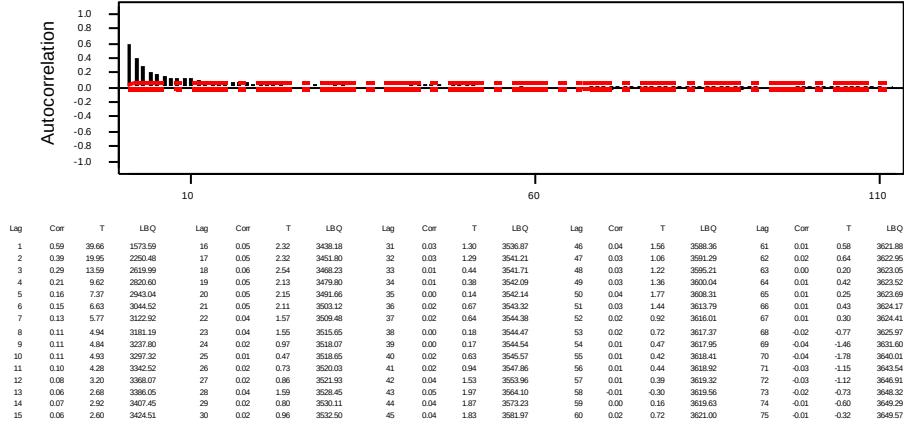


Şekil 8.55. Yem etkinliği kotangent dönüştürümü için poligenik varyansı, major gen varyansı, hata varyansı, dominant gen etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı marjinal sonsal dağılımı.

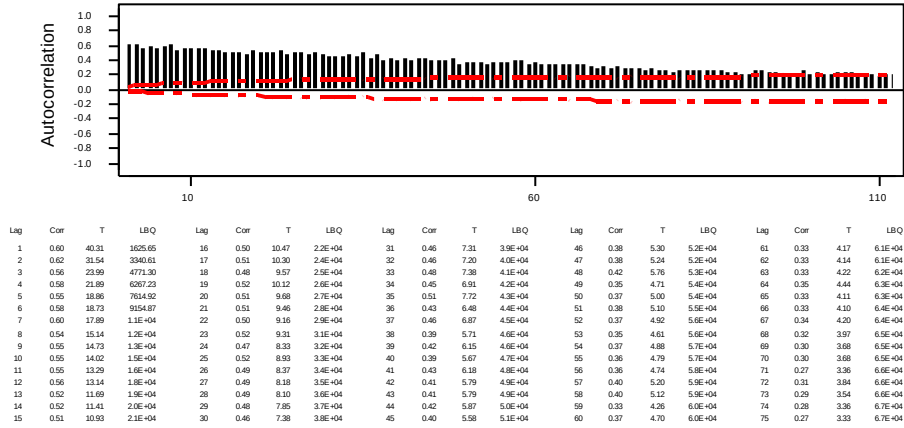
hata varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



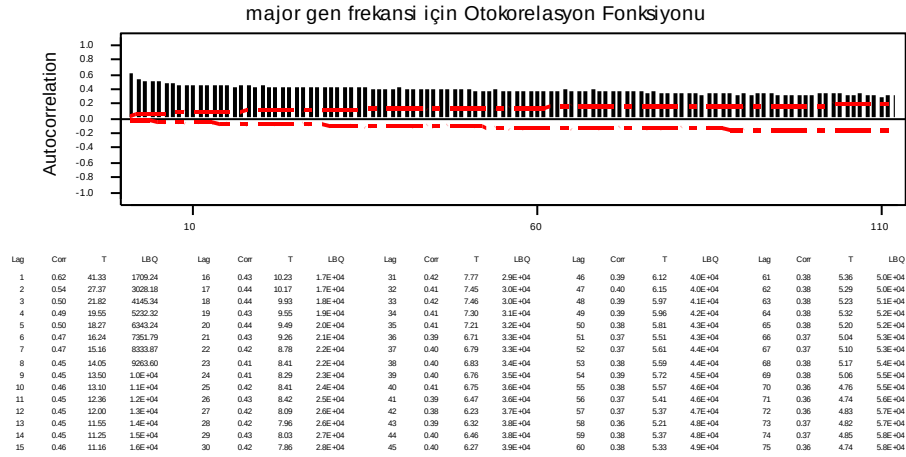
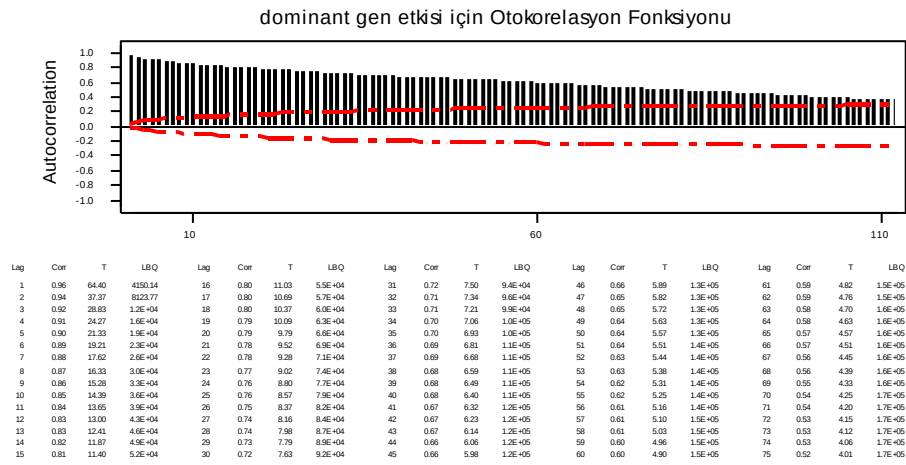
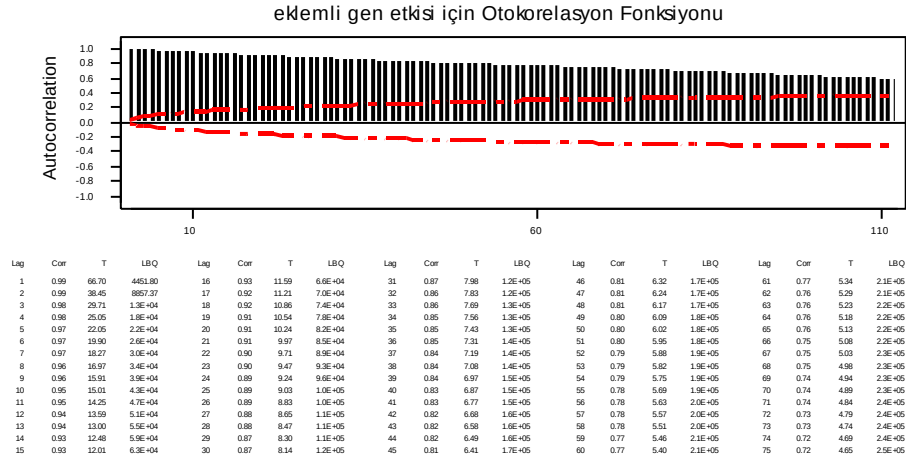
poligenik varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



major gen varyansı için Otokorelasyon Fonksiyonu



Şekil 8.56. Yem etkinliği kotangent dönüştürümü için poligenik varyansı, major genvaryansı ve hata varyansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.



Şekil 8.57. Yem etkinliği kotangent dönüştürümü içindominant etkisi, eklemeli gen etkisi ve major gen frekansı zaman serisinde otokorelasyon fonksiyonu.

ÖZGEÇMİŞ

Issam MOSLEM
issamhosen@hotmail.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2016-2018	Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Antalya (Devam)
Staj	Maejo Üniversitesi
2011	Ziraat Fakültesi, Zootečni bölümü, Tayland
Lisans	Alfurat Üniversitesi
2007-2011	Ziraat Fakültesi, Zootečni bölümü, Suriye /DierAlzor

MESLEKİ VE İDARİ GÖREVLER

Araştırma Görevlisi	Alfurat Üniversitesi
2012-2013	Ziraat Fakültesi, Zootečni bölümü, Suriye /Alraqqa

ESERLER

Ulusal bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında basılan bildiriler

1- Moslem, I. 2018. Farelerde Canlı Ağırlıktan Sorumlu Major Gen Varlığının Farklı Transformasyon Yöntemleri İle İncelenmesi. 13. Ulusal Zootečni Öğrenci Kongresi. Bildiri kitabı, Özet S: 94.