



T.C.

**ÇANAKKALE ONSEKİZ MART ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ**

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

**BÜYÜME ÜZERİNE KANTİTATİF GENETİK ARAŞTIRMALAR:
GENOTİP ÇEVRE ETKİLEŞİMİ, AKRABALI YETİŞME VE
ÜNİFORMİTE PROBLEMİ
DOKTORA TEZİ**

HAKAN ERDEM

**Tez Danışmanı
PROF. DR. TÜRKER SAVAŞ**

ÇANAKKALE – 2023



T.C.

ÇANAKKALE ONSEKİZ MART ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

**BÜYÜME ÜZERİNE KANTİTATİF GENETİK ARAŞTIRMALAR: GENOTİP
ÇEVRE ETKİLEŞİMİ, AKRABALI YETİŞME VE ÜNİFORMİTE PROBLEMİ**

DOKTORA TEZİ

HAKAN ERDEM

Tez Danışmanı

PROF. DR. TÜRKER SAVAŞ

ÇANAKKALE – 2023

ETİK BEYAN

Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Tez Yazım Kuralları'na uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada; tez içinde sunduğum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi, tüm bilgi, belge, değerlendirme ve sonuçları bilimsel etik ve ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu, tez çalışmada yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi, kullanılan verilerde herhangi bir değişiklik yapmadığımı, bu tezde sunduğum çalışmanın özgün olduğunu, bildirir, aksi bir durumda aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiğimi taahhüt ve beyan ederim.

Hakan ERDEM

28/08/2023

TEŞEKKÜR

Bu tez çalışmasının ortaya çıkması ve sürdürülmesi aşamasında hiçbir yardımını esirgemeyen, engin bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım değerli Bilim İnsanı ve danışman hocam sayın Prof. Dr. Türker SAVAŞ 'a teşekkürü büyük bir borç bilip, minnet ve şükranlarımı sunarım.

Çalışmanın şekillenmesi aşamasında tavsiyelerini bizden esirgemeyen saygı değer hocam Prof. Dr. İ. Yaman YURTMAN'a ve tez izleme sürecindeki katkılarından dolayı sayın hocalarım Doç. Dr. Burcu MESTAV ve Prof. Dr. Ali KARABAYIR'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Savunma sınavındaki katkılarından dolayı Dr. Öğr. Üyesi Yahya Tuncay TUNA ve Prof. Dr. Alper YILMAZ'a teşekkürlerimi sunarım.

Doktora eğitimim sırasında sağladıkları burs imkanları için YÖK ve TÜBİTAK'a teşekkürü bir borç bilirim.

Hayatımın her döneminde maddi ve manevi her türlü desteğini esirgemeyen, bu günlere gelmemi sağlayan annem Hamide ERDEM ve babam Mehmet ERDEM'e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Hakan ERDEM
Çanakkale, Ağustos 2023

ÖZET

BÜYÜME ÜZERİNE KANTİTATİF GENETİK ARAŞTIRMALAR: GENOTİP ÇEVRE ETKİLEŞİMİ, AKRABALI YETİŞME VE ÜNİFORMİTE PROBLEMİ

Hakan ERDEM

Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi

Lisansüstü Eğitim Enstitüsü

Zootekni Anabilim Dalı Doktora Tezi

Danışman: Prof. Dr. Türker SAVAŞ

28/08/2023, 63

Bu tez projesi kantitatif genetik temelinde büyümeyi üç farklı konu ile ele almaktadır. Büyüme dönemindeki farklı yumurtacı tavuk genotiplerinde iç içe geçmiş besleme ve parazit çevrelerinde genotip çevre etkileşimi, farklı akraba çiftleştirmelerinden elde edilen akrabalı yetişmiş Japon bıldırcını palazlarının büyüme döneminde maruz kaldıkları parazit enfestasyonuna verecekleri tepkiler ve Japon bıldırcınlarında üniformite için büyümenin bir fonksiyonu olarak ele alınan canlı ağırlığın kalıntısına ait fenotiplere ilişkin genetik parametrelerin tahmin edilmesi bu tez projesinin konularıdır. Genotip çevre etkileşimi kapsamında yapılan çalışma, beslenme ortamında yapılan değişikliğin genotiplerin akar enfestasyonuna verdikleri tepkilerde değişikliklere neden olduğunu göstermektedir. Akrabalı yetişmiş bıldırcınlar ile yapılan çalışmada büyüme üzerine akrabalı yetiştirme depresyonu gözlenmiştir. Ayrıca aynı akrabalı yetiştirme depresyonunun büyüme üzerindeki şiddetinin, farklı akraba çiftleşmelerine göre farklılık gösterdiği görülmüştür. Üniform büyümenin irdelendiği çalışmada ise kalıntı varyansının içinde genetik bir varyansın olduğu ve bunun ayıklanabileceği görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Kanatlı, Varyasyon, Yem kısıtı, Akrabalı yetiştirme depresyonu, Kalıntı varyansı

ABSTRACT

QUANTITATIVE GENETIC STUDIES ON GROWTH: GENOTYPE ENVIRONMENT INTERACTION, INBREEDING AND THE UNIFORMITY PROBLEM

Hakan ERDEM

Çanakkale Onsekiz Mart University

School of Graduate Studies

Doctoral Dissertation in Animal Science

Advisor: Prof. Dr. Türker SAVAŞ

28/08/2023, 63

This thesis project deals with growth based on quantitative genetics with three different topics. Genotype-environment interaction in interwoven feeding and parasite environments in different laying hen genotypes during growth period, the responses of inbred Japanese quails obtained from different inbreedings to parasite infestation during the growing period and estimation of genetic parameters related to phenotypes of body weight residual considered as a function of growth for uniformity in Japanese quails are the subjects of this thesis project. The study carried out within the scope of genotype-environment interaction shows that changes in the feeding environment cause changes in the responses of genotypes to mite infestation. In a study with inbred quails, inbreeding depression was observed upon growth. It was also observed that the severity of inbreeding depression on growth differed between different inbreeding matings. In the study in which uniform growth was examined, it was observed that there was genetic variance in the residual variance.

Keywords: Poultry, Variation, Feed Restriction, Inbreeding depression, Residual variance

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
JÜRİ ONAY SAYFASI.....	i
ETİK BEYAN.....	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
ÖZET	iv
ABSTRACT	v
İÇİNDEKİLER	vi
SİMGELER ve KISALTMALAR.....	viii
TABLolar DİZİNİ.....	x
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xi

BİRİNCİ BÖLÜM

GİRİŞ

1

İKİNCİ BÖLÜM

ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

3

2.1. Büyüme	3
2.2. Genotip ve Çevre Etkileşimi.....	5
2.3. Akrabalı Yetiştirme.....	7
2.4. Üniform Büyümenin Kantitatif Genetik Kontrolü	10

ÜÇÜNCÜ BÖLÜM

MATERYAL YÖNTEM

14

3.1. Yumurtacı Piliçlerde Genotip X Kırmızı Akar Enfestasyonu X Besleme Etkileşimi.....	14
3.1.1. İstatistiksel Analizler.....	16
3.2. Akrabalı Yetiştirilmiş Bıldırcınların Kanatlıların Kırmızı Akarına Tepkisi.....	17
3.2.1. Başlangıç Bıldırcın Popülasyonunun Oluşturulması.....	17
3.2.2. Çalışma Düzeni.....	18
3.2.3. İstatistiksel Analizler.....	20
3.3. Üniform Büyümenin Kantitatif Genetik Kontrolü.....	20

DÖRDÜNCÜ BÖLÜM		
ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA		23
4.1.	Yumurtacı Piliçlerde Genotip X Kırmızı Akar Enfestasyonu X Besleme Etkileşimi.....	23
4.1.1.	Çalışma bulguları.....	23
4.1.2.	Tartışma.....	29
4.2.	Akrabalı Yetişmiş Bıldırcınların Kanatlıların Kırmızı Akarına Tepkisi.....	32
4.2.1.	Çalışma bulguları.....	32
4.2.2.	Tartışma.....	38
4.3.	Üniform Büyümenin Kantitatif Genetik Kontrolü.....	41
4.3.1.	Çalışma bulguları.....	41
4.3.2.	Tartışma.....	56
BEŞİNCİ BÖLÜM		
SONUÇ ve ÖNERİLER		61
KAYNAKÇA		64
ÖZGEÇMİŞ.....		I

SİMGELER VE KISALTMALAR

AS	Atak-s
h^2	Kalıtım derecesi
$\bar{x}$	En küçük kareler ortalaması
σ^2	Varyans
AG	Akraba grubu
AKS	Akrabasız
AL	Ad libitum
AO	Ana-oğul
B	Besleme çevresi
b	Tahmin değeri
BCA	Başlangıç canlı ağırlığı
BK	Baba-kız
C	Cinsiyet
CA	Canlı ağırlık
DIC	Sapma bilgi ölçütü
DNM	Deneme
F	Akrabalı yetiştirme katsayısı
GCV	Genetik varyasyon katsayısı
GYT	Günlük yem tüketimi
HP	Ham protein
KKA	Kanatlıların kırmızı akarı
ln	Doğal logaritma
LS	Light Sussex
NHR	New Hampshire Red
ÖZK	Öz kardeş
P	Parazit çevresi
P ⁻	Kontrol
P ⁺	Enfeste
PG	Parazit genotip etkileşimi
SH	Standart hata

ÜVK	Üvey kardeş
YDO	Yem değerlendirme oranı
YK	Yem kısıtı
Ψ	Odds oranı
VK	Varyasyon kaynağı
G	Genotip
SS	Standart sapma
g	Gram

TABLOLAR DİZİNİ

Tablo No	Tablo Adı	Sayfa No
Tablo 1	Popülasyon yapısı	21
Tablo 2	Besleme çevrelerine göre deneme başı ve deneme sonu canlı ağırlığa ilişkin en küçük kareler ortalaması ($\bar{x}$), standart hatası ve P değeri	23
Tablo 3	Ad libitum (AL) ve yem kısıtıyla (YK) beslenen enfeste ve kontrol grubu kuşlara ilişkin haftalık canlı ağırlık (CA, g), yem değerlendirme oranı (YDO, Yem g/CA g) ile ad libitum beslenen kuşların hayvan başına günlük yem tüketimine (GYT, g) ait varyasyon kaynaklarına göre önem seviyeleri	24
Tablo 4	Genotiplere göre ad libitum ve kısıtlı beslenen enfeste ve kontrol kuşlarına ilişkin canlı ağırlık yönelimine ait regresyon katsayıları (b, g) ve standart hataları (SH)	26
Tablo 5	Çıkış gücü için tahmin değeri (b), standart hatası (SH) ve odds oranı (Ψ), çıkış ağırlığı için en küçük kareler ortalaması ($\bar{X}$) ve standart hatası (SH)	33
Tablo 6	Embriyo kaybı için dönemlere göre tahmin değeri (b), standart hatası (SH) ve odds oranı (Ψ)	34
Tablo 7	Enfeste ve kontrol çevresindeki kuşlara ilişkin haftalık canlı ağırlık (CA, g), hayvan başına günlük yem tüketimi (GYT, g), hematokrit değerine (HEMA) ait varyasyon kaynaklarına (VK) göre önem seviyeleri	35
Tablo 8	Kontrol ve enfeste gruplarında meydana gelen ölümlere ilişkin tahmin değerleri (b) ile standart hataları (SH), odds (Ψ) oranları ve önem seviyeleri (P)	38
Tablo 9	Akraba gruplarında meydana gelen ölümlere ilişkin tahmin değerleri (b) ile standart hataları (SH), odds (Ψ) oranları ve önem seviyeleri (P)	38
Tablo 10	Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler	43
Tablo 11	Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik ve fenotipik korelasyonlar	44
Tablo 12	Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler	48
Tablo 13	Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik ve fenotipik korelasyonlar	48
Tablo 14	Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler	52
Tablo 15	Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik ve fenotipik korelasyonlar	52
Tablo 16	Tekrarlı modelde (Model 4) canlı ağırlığa ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler	56

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil No	Şekil Adı	Sayfa No
Şekil 1	Çalışmada kullanılan yumurtacı tavuk genotipleri, soldan sağa doğru Atak-s, Light Sussex, New Hampshire Red	14
Şekil 2	İki parçalı ahşap tuzak ve kümelenmiş <i>D. gallinae</i>	16
Şekil 3	Çalışmada kullanılan akar tuzakları	19
Şekil 4	Haftalara göre akar popülasyon yoğunluğu	24
Şekil 5	Ad libitum çevredeki enfeste (P+) ve kontrol (P-) grubu genotiplerde haftalık ortalama canlı ağırlık yönelimleri	25
Şekil 6	Yem kısıtı çevresindeki enfeste (P+) ve kontrol (P-) grubu genotiplerde haftalık ortalama canlı ağırlık yönelimleri	26
Şekil 7	Ad libitum çevrede yetiştirilen enfeste (P+) ve kontrol (P-) grubu genotiplerde ortalama hayvan başı günlük yem tüketimi (GYT) (g)	27
Şekil 8	Ad libitum çevrede yetiştirilen enfeste (P+) ve kontrol (P-) grubu genotiplerde ortalama yem dönüşüm oranı (YDO), Yem g/CA g	28
Şekil 9	Yem kısıtı çevrede yetiştirilen enfeste (P+) ve kontrol (P-) grubu genotiplerde ortalama yem dönüşüm oranı (YDO), Yem g/CA g	29
Şekil 10	Denemelere göre gram canlı ağırlık başına akar sayısı	35
Şekil 11	Enfeste ve kontrol çevrelerinde deneme sonu canlı ağırlığına ilişkin en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları (Parazit çevrelerinin kendi içlerindeki farklı harfler farklılıkların önemliliğini göstermektedir $P<0,05$)	36
Şekil 12	Enfeste ve kontrol çevrelerinde hayvan başı günlük yem tüketimine ilişkin en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları (Parazit çevrelerinin kendi içlerindeki farklı harfler farklılıkların önemliliğini göstermektedir $P<0,05$)	36
Şekil 13	Enfeste ve kontrol çevrelerinde hematokrit değerlerine ilişkin en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları	37
Şekil 14	Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları	42
Şekil 15	Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyans Gibbs tahmin zincirleri	42
Şekil 16	Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarının genetik varyanslarına ait son dağılımlar	43
Şekil 17	Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları	45
Şekil 18	Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait Gibbs tahminleri zincirleri	46
Şekil 19	Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyansların son dağılımları	47

Şekil 20	Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları	50
Şekil 21	Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyansların Gibbs tahmin zincirleri	50
Şekil 22	Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyansların son dağılımları	51
Şekil 23	Tekrarlı modelde (Model 4) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları	53
Şekil 24	Tekrarlı modelde (Model 4) canlı ağırlığın kalıntısına ait genetik varyansların Gibbs tahminleri zincirleri	54
Şekil 25	Tekrarlı modelde (Model 4) canlı ağırlığın kalıntısına ait genetik varyansların son dağılımları	55

BİRİNCİ BÖLÜM

GİRİŞ

Kantitatif genetik, Mendel kalıtımının dışında kalan fenotipler için, bireyler arasındaki niceliksel varyasyonun kalıtımıyla ilgilenmektedir (Falconer ve Mackay, 1989; Gillespie, 2004). Bu varyasyon sürekli ve varyasyonun bu sürekliliği söz konusu özelliği determine eden küçük etkili genler ile aynı genotipe dahil bireylerin farklı fenotipte olmasına neden olan çevre etkileri nedeniyle ortaya çıkmaktadır (Kavuncu, t.y.). Kantitatif karakterler birçok gen ve bu genlerin birbirleriyle oluşan etkileşimleri tarafından kontrol edilmektedir. Bir fenotipin ifadesi hem dominansi, epistasi, pleiotropi, mutasyon gibi genetik faktörler hem de çevresel faktörler ve bunların birbirleriyle olan etkileşimlerinden meydana gelmektedir. Eğer genler öne sürülen bu özelliklere sahipse popülasyonun genetik özelliklerini ve seçim sonunda (doğal veya yapay) sonuçların ne olacağını tahmin etmede bize yardımcı olacaktır (Falconer ve Mackay, 1989). Tahmin edilen/öngörülen bu genetik yapının farklı çevreler ile olan etkileşimi sonucunda fenotipik değerlerde farklılıklar görülebilir.

1946 yılında Haldane genotip ile çevrenin genetik biliminin temel sorunu olduğunu bildirmiştir. Genotip çevre etkileşimi ve akrabalı yetiştirme kantitatif genetik kuramının temel konularındandır. O günlerden günümüze birçok türde yapılan çok sayıda çalışma popülasyonların farklı çevrelerdeki farklı “davranışlarını” ortaya koymuştur. Wright 1921 ve 1922 yıllarında yayınlamış olduğu makalelerinde popülasyon içindeki akrabalık ilişkilerine değinmiş ve akrabalı yetiştirme katsayısını tanımlamıştır. Wright’tan beri popülasyonda akrabalık ile ilgili sorular güncel olarak merak uyandırmakta ve konunun halen tam anlamıyla aydınlatılamamış noktaları bulunmaktadır. Akrabalı yetiştirmenin olumlu ve olumsuz etkilere neden olduğu birçok araştırmacı tarafından vurgulanmaktadır.

Popülasyon içinde meydana gelen canlı ağırlıktaki varyasyon hem üretim süreci içerisinde çeşitli müdahalelerin gereksinimine yol açmakta (seyreltme, gruplama) hem de meydana gelecek hayvan kayıpları ile fazladan iş gücü ve ekonomik kayıplara neden olabilmektedir. Genotipler ölçülebilen makro çevre faktörlerine (sıcaklık, mevsim, besleme vb.) ve bireyin kendisine ait olan ve ölçülmesi güç veya ölçülemeyen mikro çevre faktörlerine farklı tepkiler verebilmektedir. Klasik yaklaşımda çevre/kalıntı/residual/artık

varyansın popülasyondaki ailelerde ve aileler içinde homojen olduđu varsayılır. Ancak son zamanlardaki arařtırmalara g re bu varyansın içinde genetik heterojen bir varyans da bulunmaktadır (Rowe vd., 2006; Wolc vd., 2009). Mikro  evre fakt rlerinden kaynaklanan genetik varyasyon, kalıntı varyansında genetik farklılıklara neden olabilmektedir (Iung vd., 2019). Bu kalıntı varyansındaki farklılıklardan yararlanılarak d ř k kalıntı varyanslarının se ilimi ile buradaki genetik varyasyon daraltılabilir. Bu varyasyonun daraltılması sonucunda ise  niform bir yapı elde edilebilir.

Bu tez projesi kantitatif genetik kuramı temelinde b y me  er evesinde genotip  evre etkileřimi, akrabalı yetiřme ve  niformite konularını kapsamaktadır. Bu ba lamda tez  alıřması;

1. Erken b y me d nemindeki farklı yumurtacı tavuk genotiplerinde i  i e ge miř  evrelerde (Besleme ve Parazit), b y menin nasıl etkilenece i ve bu  evresel de iřimlere genotiplerin eřit derecede yanıt verip vermeyece ini,
2. Farklı akraba  iftleřtirmelerinden elde edilen akrabalı yetiřmiř Japon bıldırcını palazlarının b y me d neminde maruz kaldıkları parazit enfestasyonuna benzer tepkiler verip vermeyece ini,
3. Japon bıldırcınlarında b y menin bir fonksiyonu olarak ele alınan canlı a ırlı ın kalıntısına ait fenotiplere iliřkin genetik parametrelerin tahminlenmesi, konu edinmiřtir.

İKİNCİ BÖLÜM

ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Büyüme

Büyüme ve gelişme çoğunlukla beraber anılmakta ve bazen birbirlerinin yerine de kullanılan bu iki terim aslında birbirinden farklı biyolojik süreçleri içermektedir. Organizma ve organlar boyutsal olarak büyümüş olsalar bile belirli işlevleri yerine getirmek için henüz gelişmemiş olabilir (Bose, t.y.). Büyüme belirli bir periyodu kapsarken gelişim süreci yaşam boyu farklı evrelerde devam etmektedir. Büyüme zigotun oluşumuyla beraber başlayarak bireyin yetişkinliğe ulaşmasıyla son bulan bir süreçtir. Hücrelerin ve hücreler arası bileşenlerin çoğalarak vücuttaki çeşitli doku ve organların boyutunun artması şeklinde tanımlanmaktadır. Hücrelerdeki bu boyut artışı mitoz bölünme sonucunda hücre sayısındaki artışa bağlı olarak (hiperplazi) veya hacimsel olarak hücrelerin kapladığı alanın artmasına bağlı (hipertrofi) şekillenmektedir (Bose, t.y., Owens vd., 1993). Hem fetal dönemde hem de daha sonrasında büyüme öncelikle çeşitli genetik faktörlerin etkisinde gerçekleşmektedir (Balasundaram ve Avulakunta, 2022). Bunun yanı sıra çevresel faktörler büyüme üzerine etki ederek büyümeyi şekillendirmektedir. Bir organizmanın fenotipi, ontogenez esnasında meydana gelen fizyolojik proseslerin denge ve dengesizliğine ilişkin sonucu yansıtır (Servia vd., 2002). Dolayısıyla büyüme dönemindeki çevrenin, immünokompetansı da içeren birçok fizyolojik sonucu bulunmaktadır (Fair ve Ricklefs, 2001).

Evrimsel süreçte vücut boyutunun rutin yaşam sırasında meydana gelen stresten ziyade nadir görülen aşırı stres faktörleriyle başa çıkacak şekilde seçile geldiği öne sürülmektedir (McMahon, 1973; Sebens, 1987). Genler vücut boyutunu ve şeklini belirlemede baskın bir rol oynamasına rağmen bunu nasıl yaptıkları büyük ölçüde bilinmemektedir (Conlon ve Raff, 1999). Tüm hayvanların tek hücreli zigottan embriyo olarak büyümeye başladıkları göz önüne alındığında, hangi mekanizmaların türler arasındaki vücut boyutu çeşitliliğine yol açtığı, organizmaların doğru boyuta ulaşması için nasıl büyüdüğü henüz tam anlamıyla bilinmemektedir (Mirth ve Riddiford, 2007). Ancak büyümenin genetik bir kontrol altında olduğu bilinmektedir. Buna en iyi örnek ise günümüzdeki etlik piliçlerin yoğun seleksiyon programlarıyla geldikleri noktadır.

Büyüme süreci boyunca bireyin büyüme hızı farklı zamansal noktalarda değişimler gösterir. Bu farklılıklar büyümenin genel seyri çerçevesinde oluşan farklılıklar olmakla birlikte çeşitli çevresel faktörlerin etkisi ile bazı dönemlerde bu olağan seyirden sapmalar gözlemlenebilir. Örneğin doğum sonrası dönemde büyüme hızı yüksek iken ilerleyen dönemde büyüme hızı doğal olarak azalmaktadır. Ancak bu dönemlerde ortaya çıkacak hastalık, besin yetersizliği ve dengesizliği gibi olumsuz çevre etmenleri büyümenin yavaşlamasına, durmasına hatta gerilemesine neden olabilir. Bunun yanı sıra eşit çevre koşulları altındaki bireyler bu koşullara farklı duyarlılıklar gösterebilir. Bu duyarlılığı anlamak için çevresel etmenleri makro ve mikro olmak üzere iki kısımda ele alacak olursak; mikro çevre hayvanı/canlıyı çevreleyen kafes, padok, durak gibi bireyin ilk temas halinde olduğu (hatta bağırsak mikrobiyotası dahil) birincil ortamı tanımlamaktadır. Makro çevre ise besin, oda, barınak, iklim gibi ikincil fiziksel ortamı kapsamaktadır (NRC, 2011). Mikro çevre popülasyonda canlının daha çok sadece kendisinin maruz kaldığı koşullar ile ilgiliyken makro çevre diğer popülasyon bireylerini de çevrelemektedir. Makro çevrede meydana gelen değişimler tüm popülasyon bireylerini etkilese bile her bir birey bu değişimden farklı oranlarda etkilenebilir veya hiç etkilenmeyebilir. Bireylerin etkilenme düzeyleri genetik yapıları ile yakından ilişkili olmakla birlikte mikro çevredeki etkiler de belirleyici bir faktördür. Örneğin bireyleri aynı genetik yapıya sahip bir popülasyonda aynı besleme uygulamasının tüm bireyleri eşit oranda etkilemesi beklenir. Ancak mikro çevreden kaynaklı bireyler arasında bir varyasyon gözlemlemek mümkündür. Burada mikro çevreyi; besin için oluşan rekabet (hiyerarşi), kafes katlarına ulaşan farklı ışık yoğunluğu, barınak içindeki farklı bölgelerdeki sıcaklık ve havalandırma farklılıkları, hatta “duygusal” etkiler olarak tanımlamak mümkündür. Tüm bu nedenlerle aynı çevre koşullarına maruz bırakılan popülasyon bireyleri arasında büyüme bakımından varyasyon gözlenmektedir.

Çiftlik hayvanlarında büyümenin değerlendirilmesindeki en basit yöntem belirli periyotlarla canlı ağırlık takibidir. Bunun yanı sıra büyüme sürecinin izlenmesinde vücut bölümlerinin oransal ilişkileri de incelenmektedir. Vücut uzunluğu, cidago yüksekliği gibi uzunluk ile ifade edilebilen vücut bölümleri kemik kapaklarının kapanmasıyla birlikte durur ve yaşam boyu bu sınırın üstüne doğal olarak çıkamaz. Çoğu türde yetişkin yaşa ulaşıldığında büyüme durmaktadır. Ancak canlı ağırlık değişimi büyümenin bittiği nokta olarak kabul edilen ergin yaştan sonra da devam etmektedir. Canlı ağırlık değişimleri

çeşitli fizyolojik dönemler (üreme, laktasyon vb.) ve çevresel etmenlerin etkisi ile gerçekleşmektedir (Tölü vd., 2009). Herhangi bir olumsuz etmenin bulunmadığı çevrede ise canlılar ağırlıklarını optimum düzeyde tutma eğilimindedirler (Savaş vd., 2006). Yetişkin yaştaki canlı ağırlık değişimleri çoğunlukla vücuttaki yağ rezervlerindeki değişim ve vücut sıvıları ile ilgili olmakla birlikte, kas kütesindeki değişimlerle de meydana gelmektedir. “Kas kütesindeki artış üç şekilde meydana gelebilir; bunlar kas liflerinin sayısındaki artış, liflerin uzunluğunun ve genişliğinin artmasıdır. İskelet kası lifleri bölünemediğinden daha fazla kas lifi üretimi miyoblastların füzyonu ile gerçekleşebilir ve iskelet kası liflerinin yetişkin yaştaki sayısı genellikle erken dönemde belirlenir (insanlarda doğumdan önce). Bu nedenle doğum sonrasındaki kas kütesi artışı hücre büyümesi ile elde edilir” (Alberts vd., 2002). Bu nedenle yetişkin boya ulaşıldığında iskelet kaslarının gelişimi de bir nevi sınırlanmış olur. Kas kütesindeki boyutsal gelişim için çaba sarf edilmesi gerekmektedir. İnsanlarda buna vücut geliştiricilerinin göstermiş oldukları yoğun efor ve beslenme rejimi örnek olarak gösterilebilir.

2.2. Genotip ve Çevre Etkileşimi

Bir fenotipin şekillenmesi genetik ve çevresel faktörlerin kontrolü altında gerçekleşmektedir. Bir ortamdaki en iyi genotip farklı bir ortamda en iyi olmayabilir (Falconer, 1952). Herhangi bir çevre koşulundaki farklı genotipler hatta bu genotipler içerisindeki farklı aileler değişen çevre koşuluna farklı tepkiler verebilmektedirler (Truberg ve Huhn, 2000; Settar vd., 1999). Bilindiği gibi ölçülebilen bir karaktere ait performans bakımından genotipler arasındaki farkın farklı çevrelerde değişmesi genotip ve çevre etkileşimi olarak adlandırılmaktadır (Bowman, 1972). Genotip çevre etkileşimi bir çevreden diğer çevreye genotiplerin sıralamasındaki değişim, söz konusu çevrelerde gözlenen performans farklılığı veya bunların bir kombinasyonu şeklinde görülebilir (Truberg ve Huhn, 2000). Genotip çevre etkileşiminde belirli bir özellik için genotiplerin performansları aynı yönde artabilir, azalabilir veya biri artarken diğeri azalabilir ki bu hem biyolojik açıdan hem de ekonomik açıdan önem arz etmektedir (Drinkwater ve Hetzel, 1991). Genotip çevre etkileşimi önemsiz ise farklı çevrelerden elde edilen fenotipik ortalama ile genetik performans belirlenebilir. Ancak genotip çevre etkileşimi önemli ise bu ortalama, genotiplerin nispi performans bakımından önemli farklar gösterdiği alt çevreler tarafından maskelenmektedir (Fox vd., 1997). Söz konusu bu durumda bir

karakter bakımından herhangi bir çevredeki en iyi genotip bir başka çevrede o karakter için en iyi genotip olmayabilir (Mulder ve Bijma, 2005). Genotip çevre etkileşiminin varlığı ıslah programlarının etkinliğini düşürebilir (Hammami vd., 2009). Bu nedenle yetiştirme sistemlerinde hangi genotipin hangi çevre koşulunda en iyi ve en kötü performansı sergilediğinin bilinmesi verimlilik ve sürdürülebilirlik açısından önemlidir. Islah programlarına tabi genotipler kontrollü koşullar altında gerçekleştirdikleri performansı yetiştirici koşullarında da göstermelidir (Chu, 2019). Söz konusu ıslah programlarının optimizasyonu için anahtar, ortamlar arasındaki genetik korelasyondur (Falconer, 1952; Mengistu, vd. 2020). Şayet ortamlar arasındaki genetik korelasyon <1 ise genotip çevre etkileşimi seleksiyona etki etmektedir ve seleksiyonun başarısını geniş bir çevreden birkaç çevreye indirmektedir (Cooper ve DeLacy, 1994).

Genotip çevre etkileşimi özellikle doğal popülasyonlarda genetik varyasyonu muhafaza eden bir kuvvettir ve poligenik kalıtımda allellerin eklemeli etkilerinin çevreye göre değiştiğine yönelik basit modele dayanır (Gillespie ve Turelli, 1989). “Eklemeli genetik korelasyon, iki ortamda ifade edilen fenotiplerin, genlerin pleiotropik etkilerine veya farklı lokuslardaki aleller arasındaki bağlantı dengesizliğine atfedilebilen aynı genetik temele sahip olma derecesini tahmin eder” (Via ve Lande, 1985). Çevreler arası genetik korelasyon ne kadar yüksek ise ifade edilen fenotiplerin benzer gen yerlerinden etkilendiği söylenebilir. Eklemeli genetik temeli olan ve farklı çevrelerde oluşan bir fenotipte varyasyon, heterozigot gen yerlerinin sayısına bağlı olarak artar. Çevreye ilişkin ideal bir fenotipte kantitatif özellik ile seçilim değeri arasındaki ilişki içbükeydir ve heterozigot gen yeri sayısına bağlı olarak ortalama seçilim değeri de artar. Bu durum seleksiyon, polimorfizm ve eklemeli genetik varyans arasında bir dengenin oluşmasına neden olur (Gillespie ve Turelli, 1989).

Haldane (1946) genotip ile çevrenin genetik biliminin temel bir sorunu olduğunu dile getirmiş, Gillespie ve Turelli (1989) genotip çevre etkileşiminin açıklanmasına ilişkin teorik iyi bir altyapı oluşturmuşlardır. Genotip ve çevre konusu hayvan ıslahı uygulaması açısından genetiğin ötesinde çok daha önemli bir sorun olarak karşımıza çıkmaktadır. N'Dri vd. (2007), yavaş büyüyen etlik piliçlerde karkas özellikleri için istatistiksel önemli bir genotip-çevre etkileşimini bildirmişlerdir. Özellikle kontrol edilmesi nispeten daha güç olan koşullarda üretimi gerçekleşen çiftlik hayvanı türlerinde, doğal olarak konu daha da

öne çıkmaktadır. Mota vd. (2016) tepki normu modelleri ile Hereford ve Braford sığırlarında kene direncine yönelik genotip çevre etkileşimi tespit etmişlerdir. Carvalheiro vd. (2019), tropik koşullarda et sığırlarında tepkinin çevresel değişimlere göre doğrusal olmadığını, yani kötü koşullara dayanıklı hayvanların iyi koşullara da iyi bir tepki gösterecekleri anlamına gelmediğini vurgulamaktadırlar. Marks (1996)'ın bıldırcınlarda 4. haftalık canlı ağırlık üzerine yapmış olduğu uzun süreli seleksiyon çalışmasında 39 generasyon boyunca hatlardan birisini düşük ham proteinli (%20) yem ile diğer hattı ise yüksek ham proteinli (%28) yem ile beslemiştir. 39. generasyonda her iki hattaki kuşlara 18, 21, 24 ve 27 ham proteinli yem sunmuştur. 39 generasyon boyunca düşük proteinli (%20) yem ile beslenen hattaki kuşlar sunulan dört ham protein seviyesine de tepkisiz kalırken %28 ham protein ile beslenmiş hattaki kuşların düşük protein seviyesinde düşük canlı ağırlığa, yüksek protein seviyesinde yüksek canlı ağırlığa sahip olduğunu bildirmiştir.

Genotip çevre etkileşimini konu alan çalışmalar genellikle tek bir çevre faktöründe ya da kümülatif çevrede oluşan veya oluşturulan koşullarda yürütülmüştür. Genotip çevre etkileşiminin ikiden fazla çevrede çevreler arası etkileşim durumunda nasıl geliştiği yeterince bilinmemektedir. İç içe geçmiş çevrelerde genotip çevre etkileşimini açıklamak daha da güçtür. Bu tip koşullarda çevrelerin, söz konusu performansa etkilerine ilişkin nitelikleri, diğer bir değişle çevrelerin hiyerarşisi tahmin edilerek soruna yaklaşıması gerekmektedir.

2.3. Akrabalı Yetiştirme

Akrabalığın derecesi, aynı orijinli alellerin bir lokusta bir araya gelme olasılığı olarak ölçülür ve akrabalı yetiştirme katsayısı olarak adlandırılır. Wright'ın (1922) akrabalık katsayısı ve akrabalı yetiştirme katsayısı tanımı en geniş kabulü bulmuştur. İki birey arasındaki ilişki katsayısı, onları ortak atalarına bağlayan her çizgi için hesaplanan bir toplamla elde edilir. Bu ilişkiye dayalı olarak bir birey için tahmin edilen akrabalı yetiştirme katsayısı, ebeveynler arasındaki akrabalık katsayısının yarısına eşittir ve buna doğrusal Mendel yaklaşımı denir. Tamamen olasılıksal olan bu yaklaşım, ortak atalardan türeyen ilgili iki bireyin ortak genlerinin oranını verir. Örneğin, öz kardeş çiftlerinde, tüm lokuslardaki allellerden biri, bu varsayıma göre teorik olarak aynı atadan olacaktır. Bununla birlikte, pratikte bu durum nadiren olur. Çünkü iki kardeşin her biri anne ve

babadan iki farklı alleli miras almış olabilir ve öte yandan, sık sık genetik varyasyon ve mutasyon meydana gelebilir. Ayrıca, bu varsayım, olası farklı genetik mekanizmaların yanı sıra, farklı ilgili çiftleşmelerdeki ortak genlerin olası gerçek oranlarını göz ardı eder.

Akrabalı yetiştirme popülasyonunda olumlu ve olumsuz birtakım etkilere neden olabilmektedir (Hill, 1995). Akrabalı yetiştirme bir ıslah yöntemi olabilmesine karşın aynı zamanda bir sorun olarak da ortaya çıkabilmektedir. Akrabalı yetiştirmenin olumsuz etkileri özellikle yaşama gücü ve üreme özellikleri gibi düşük kalıtım derecesine sahip özelliklerde belirgindir. Bilindiği üzere akrabalı yetiştirme homozigotlaşma oranını artırmaktadır. Bu durum akrabalı yetiştirilmiş bireylerde ve popülasyonda allel çeşitliliğinin azalmasına neden olmaktadır. İleri düzeyde akrabalı yetiştirilmiş popülasyonlarda, ebeveyn popülasyonuna göre allel kayıpları görülmektedir (Shikano vd., 2001). Akrabalı yetiştirme aynı zamanda popülasyonda var olan resesif semiletal veya letal allellerin bir araya gelerek olumsuz etkilerinin ortaya çıkmasına neden olabilir. Tüm bu olumsuz etkiler akrabalı yetiştirme depresyonu olarak adlandırılmaktadır. Özellikle küçük popülasyonlarda ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı hızla yükselebilir. Ancak “arınma” (pursing) olarak adlandırılan bazı nadir durumlarda, akrabalı yetişen popülasyonda semiletal ve letal resesif allellerin ayıklanması sonucu yaşama gücü ve üreme özellikleri iyileşebilmektedir (Gulisija ve Crow 2007; Savaş, 2008).

Akrabalı yetiştirme depresyonunun nedenleri konusu halen tartışılmaya devam edilmektedir. Bu konudaki en önemli hipotez, resesif bir dizi semiletal ve/veya letal resesif allellerin kombinasyonunun lokuslarda ortak orijin nedeniyle daha kolay bir araya gelebilmesidir. Bunların dışında epistasinin de etkili olduğuna ilişkin bildirişler bulunmaktadır (Leberg ve Firmin 2008). Söz konusu depresyon genellikle her bir %10 akrabalı yetiştirme katsayısı artışına karşılık ilgili özelliğin regresyonu olarak ifade edilmektedir. Ancak Sittmann vd. (1966) ile Kulenkamp vd. (1973) akrabalı yetiştirmenin etkisinin doğrusal olmadığını bildirmişlerdir. Akrabalı yetiştirme özellikle üreme özelliklerinde performans geriliğine neden olabilmektedir (Ablanalp, 1990). Akrabalı yetiştirmeden etkilenen diğer bir özellik ise yaşama gücüdür (Falconer, 1984). Gavora vd. (1979) 35 yıl boyunca marek hastalığına direnç yönünde seleksiyona tabi tutulmuş bir tavuk hattında akrabalı yetiştirmenin seyrini araştırmışlardır. Her bir tavuğun bir yaşına dek kullanıldığı varsayılarak hesapladıkları teorik ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı %69

olurken, ampirik olarak hesapladıkları aynı değer %39 olarak gerçekleşmiştir. Hindiler ile yapılan bir çalışmada akrabalı yetiştirilen bir popülasyonda kuluçka kabiliyetinin azaldığı ve mortalite oranının arttığı görülmüştür (Cahaner vd., 1980). Trompelt vd. (1982) baba-kız, öz kardeşler ve amca-yeğen çiftleşmeleri sonucu elde edilen ilk generasyon bildiricileri büyük baba ile çiftleştirerek ikinci ve üçüncü generasyonu elde etmişler; üçüncü generasyonunun dişilerini de büyük amca ile çiftleştirmişlerdir. İkinci ve üçüncü generasyonda en yüksek ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı, başlangıç popülasyonu öz kardeşler çiftleştirilmesi olan popülasyonda elde edilmiştir. Son generasyonda ilk yumurtlama yaşı %18,8 artmış, 150 günlük yumurta verimi ise %11 ile %22,8 arasında azalmıştır. Yumurta ağırlığında ise azalma %4,2 ile %12,2 arasında gerçekleşmiştir. Ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı %44 olarak hesaplanan sülünlerde yapılan bir çalışmada her %10'luk akrabalı yetiştirme katsayısı artışına karşılık yumurta veriminin 5,8 adet ve yumurta ağırlığının 0,42 g düştüğü belirlenmiştir (Woodard vd., 1983). Savaş (1998) iki yumurtacı hat verilerinde yaptığı analiz sonucunda hattın birinde yumurta verimi, toplam yumurta kütlesi ve yem değerlendirme oranı için akrabalı yetiştirme depresyonu bildirirken diğer hatta söz konusu özelliklerde depresyon gözlememiştir

Akrabalı yetiştirme depresyonunun şiddeti farklı ortamlarda değişebilir. Kötü koşullarda, akrabalı yetiştirme daha kötü etkileri beklenebilir. Bazı hastalık etmenlerine karşı popülasyonlar ve/veya popülasyon bireyleri arasında genetik anlamda tolerans ve direnç farklılıkları görülebilmektedir. Hastalıklara tolerans ve/veya direnç ilişkin genetik mekanizmalar hali hazırda yeterince aydınlatılamamıştır. Bilindiği gibi ticari kanatlı hibritlerin elde edilmesi için kullanılan büyük ebeveyn (grand parent) hatları kapalı olarak saf yetiştirmeye (akrabalı yetiştirme) tabi tutulmaktadır. Ancak nispeten sınırlı sayıda popülasyon büyüklüğüne sahip bu hatlarda, çok uzunca bir süredir kapalı yetiştirilmeleri nedeniyle ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı artmaktadır. Bu hatlarda akrabalı yetiştirme düzeylerinin, özellikle hastalık ve zararlılara direnç veya tolerans mekanizmaları üzerindeki etkileri bilinmemektedir. Calleri vd. (2006) termitleri model olarak kullandıkları akrabalı yetişen ve uzak yetişen iki farklı popülasyonda gerçekleştirdikleri çalışmada yaşama gücü bakımından her iki popülasyonun kontrol grupları arasında istatistiksel bir fark gözlememiştir. Fakat bir mantar türü olan *Metarhizium anisopliae* ile bulaşık olan her iki popülasyondan akrabalı yetişmiş olan popülasyonun uzak yetişen popülasyondan istatistiksel olarak daha kısa bir yaşama sahip olduğunu belirlemişlerdir.

Akrabalı yetişmeye ilişkin bilimsel çalışmaların daha ziyade üreme ve diğer performans özellikleri üzerinde yoğunlaştığı görülmektedir. Ancak genetik çeşitliliğin (varyasyon) azalmasına neden olan akrabalı yetişmenin, hastalık ve zararlılara direnç ve/veya tolerans yönünde de olumsuz etkilerinin olabileceği düşünülmektedir. Nitekim Spielman vd. (2004) *Drosophila melanogaster*'de akrabalı yetişmenin *Bacillus thuringiensis*'in ürettiği bir insektisit toksin olan thuringiensin ve *Serratia marcescens*'e karşı direnci düşürdüğünü tespit etmişlerdir. Öte yandan hastalık ve zararlılara direnç ve/veya tolerans ile akrabalı yetişme arasındaki ilişkiyi ele alan çalışma sayısının oldukça az olduğu görülmektedir. Muhtemelen bu durum hastalık ve/veya dirence ilişkin fenotipin ölçülmesindeki sıkıntılardan kaynaklanmaktadır. Akrabalı yetişme konusunda ayrıntılı derlemelerde de bu konunun genel ifadelerle geçiştirildiği gözlenmektedir (Howard vd., 2017).

2.4. Üniform Büyümenin Kantitatif Genetik Kontrolü

Fenotipik varyasyon (V_P) genetik ve çevre varyans (V_E) unsurlarından oluşmaktadır. Genetik varyans (V_G) ise temelde eklemeli genetik varyans (V_A), dominans varyans (V_D) ve epistatik varyans (V_I) unsurlarını içermektedir.

$$V_P = V_G + V_E \quad (2.1)$$

$$V_G = V_A + V_D + V_I \quad (2.2)$$

Popülasyonda bir sonraki generasyonu etkileyecek olan genetik varyans eklemeli genetik varyans içinde yer almaktadır. Dolayısıyla kantitatif genetikte kalıtım derecesi toplam genetik varyansın fenotipik varyansa oranını (V_G/V_P) değil, dar anlamda kalıtım derecesi olarak da ifade edilen eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranını (V_A/V_P) ifade etmektedir. Ebeveynden yavrulara genlerin yarısı aktarılmaktadır. Ana ve babadan aktarılabilecek genlerin hangi yarısının yavruya geçeceği ise şans faktörüne bağlı olarak rastgele gerçekleşmektedir. Bu şans faktörü Mendel örnekleme terimi/Mendel rastgeleliği (Mendelian Sampling term (MS)) olarak adlandırılmaktadır.

$$A_{\text{yavru}} = 1/2 A_{\text{baba}} + 1/2 A_{\text{ana}} + \text{MS} \quad (2.3)$$

$$\begin{aligned} \sigma^2_A &= \text{Var}(A) = \text{var}(1/2 A_{\text{baba}}) + \text{var}(1/2 A_{\text{ana}}) + \text{var}(\text{MS}) \\ &= 1/2^2 \text{var}(A_{\text{baba}}) + 1/2^2 \text{var}(A_{\text{ana}}) + \text{var}(\text{MS}) \\ &= 1/4 \text{var}(A_{\text{baba}}) + 1/4 \text{var}(A_{\text{ana}}) + \text{var}(\text{MS}) \end{aligned} \quad (2.4)$$

Mendel örnekleme teriminin tahmini ebeveyne ait çok sayıdaki yavrudan elde edilecek veriler ile mümkün kılınabilir. Çünkü ebeveynden yavruya mutlak olarak genlerin yarısı aktarılmış durumdadır. Ebeveynin diğer akrabaları ile olan genetik ilişkileri daha karmaşık bir yapıda olduğundan yeterli sayıda yavru ile MS tahmin edilebilir ve varyans unsurları daha isabetli tahmin edilebilir.

Genetik varyansa dahil olmayan unsurlar yani genetikten kaynağını almayan veya tahmin edilemeyen varyans unsurları çevre varyansı (V_E) olarak nitelendirilmekte ve bu varyansın popülasyon içerisinde homojen bir dağılım gösterdiği kabul edilmektedir. Bununla birlikte, çoğu zaman genetik varyasyonu tam olarak parçalara ayırmak mümkün olmayabilir (epistatik etkiler, genotip çevre etkileşimi). Bu nedenle bu etkiler genellikle çevre varyansına dahil edilir (Zhang, 2005). Bu anlamda yapılan çalışmalar çevre varyansının genetik bir varyansı da içerdiğini ve popülasyon içinde heterojen bir yapıya sahip olduğunu ortaya koymuştur (Mackay, 1981; Ibáñez-Escriche vd., 2008; Mulder vd., 2009; Lung vd., 2019). Özellikle et üretimi için yetiştirilen çiftlik hayvanlarının planlanan üretim süreci boyunca canlı ağırlık bakımından bir örnek olmaları istenir. Sürü içinde meydana gelen canlı ağırlıktaki varyasyon hem üretim süreci içerisinde çeşitli müdahalelerin gereksinimine yol açar (seyreltme, gruplama) hem de meydana gelecek hayvan kayıpları ile fazladan iş gücü ve ekonomik kayıplara neden olmaktadır. Genotipler ölçülebilen makro çevre faktörlerine (sıcaklık, mevsim, besleme vb.) ve bireyin kendisine ait olan ölçülmesi güç veya ölçülemeyen mikro çevre faktörlerine farklı tepkiler verebilmektedir. Mikro çevre faktörlerinden kaynaklanan genetik varyasyon, çevre varyansında genetik farklılıklara neden olabilmektedir (Lung vd., 2019). Klasik yaklaşımda çevre/kalıntı/artık/residual varyansın popülasyondaki ailelerde ve aileler içinde homojen olduğu varsayılır. Ancak araştırmalara göre bu varyansın içinde genetik heterojen bir varyans da bulunmaktadır (Rowe vd., 2006; Wolc vd., 2009). Bu kalıntı varyansındaki farklılıklardan yararlanılarak düşük kalıntı varyanslarının seçilimi ile buradaki genetik varyasyon daraltılabilir. Mulder vd. (2008), varyansın daraltılması yönünde yapılan seleksiyonun ekonomik getiriye arttırdığını göstermişlerdir. Eşit veya eşitlenen sistematik çevre etkileri altında büyüyen organizmalarda popülasyon içi canlı ağırlık varyasyonunun temelinde mikro çevresel farklılıklar yer almaktadır (Janhunen vd., 2012). Balıklarda ve etlik piliçlerde yapılan çalışmalarda canlı ağırlık ile canlı ağırlık kalıntısı arasında

istatistiksel olarak önemli negatif bir ilişki saptanmıştır (Mulder vd., 2009; Janhunen vd., 2012). Wolc vd. (2009), etlik piliçlerde canlı ağırlığın kalıntısına ilişkin kalıtım derecesini 0,023 olarak tahmin etmişlerdir. Ancak yazarlar orta yüksek fenotipik varyansa (%25) dikkat çekmişlerdir. Sae-Lim vd. (2017) üniformite parametresi olarak Atlantik Somon balıklarında standardize edilmiş canlı ağırlığı kullandıkları çalışmalarında kalıtım derecesini (0,036) düşük olarak tahmin etmişlerdir. Bilindiği üzere kalıtım derecesi toplam fenotipik varyasyondaki eklemeli genetik etkinin payı ($h^2=V_A/V_P$) şeklinde ifade edilmektedir. Ancak yukarıda söz edilen kalıtım dereceleri Mulder vd. (2009) tarafından geliştirilen aşağıdaki eşitlikler kullanılarak düzeltme yapılmıştır.

$$h_{res}^2 = \sigma_{A_{res}}^2 / (\sigma_{A_{res}}^2 + \sigma_{e_{res}}^2) \quad (2.5)$$

$$\sigma_{A_v}^2 = h_{res}^2 2(\overline{\sigma_e^2})^2 \quad (2.6)$$

$$h_v^2 = \sigma_{A_v}^2 / (2\sigma_P^4 + 3\sigma_{A_v}^2) \quad (2.7)$$

$$GCV_E = \sigma_{A_v} / \overline{\sigma_e^2} \quad (2.8)$$

$$SH = h_v^2 * Sh_{h_{res}^2} / h_{res}^2 \quad (2.9)$$

Burada h_{res}^2 transforme edilmiş kalıntı varyansından $[\ln(\sigma_e^2)^2]$ elde edilen kalıtım derecesini, $\sigma_{A_{res}}^2$ transforme edilmiş kalıntı varyansından elde edilen eklemeli genetik varyansı, $\sigma_{e_{res}}^2$ transforme edilmiş kalıntı varyansından elde edilen hata varyansını, $\overline{\sigma_e^2}$ canlı ağırlığa ait kalıntı varyansı ortalamasını, σ_P^4 canlı ağırlığa ilişkin fenotipik varyansın karesini, h_v^2 kalıntıya ait düzeltilmiş kalıtım derecesini, $\sigma_{A_v}^2$ kalıntıya ait düzeltilmiş eklemeli genetik varyansı, GCV_E genetik varyasyon katsayısını ifade etmektedir. SH h_v^2 'ye ait yaklaşık standart hatayı, $Sh_{h_{res}^2}$ ise h_{res}^2 'e ait standart hatayı ifade etmektedir. Yapılan bu standartlaştırma işlemi kalıntıya ait elde edilen kalıtım derecesinin gözlemlenen fenotip ile (burada canlı ağırlık) mukayese edilmesini kolaylaştırmak amacıyla yapılmaktadır.

Sae-Lim vd. (2015) farklı çevrelerdeki iki gökkuşacağı alabalığı popülasyonu ile yapmış oldukları çalışmada canlı ağırlığa ilişkin kalıntının kalıtım derecesini sırasıyla $h_v^2=0,010$ ve $h_v^2=0,024$ olarak tahmin etmişlerdir. İlgili özelliğe ait genetik varyasyon katsayıları (GCV_E) ise 0,17 ve 0,30 olarak tahmin edilmiştir. Yousefi Zonuz vd. (2019) yerel bir tavuk ırkında çıkım ağırlığının kalıntısına ait kalıtım derecesini bivariyet ve univariyet modellerde erkekler ve dişiler için 0,067 ile 0,090 arasında, genetik varyasyon katsayısını ise 0,83 ile 0,86 gibi yüksek bir düzeyde tahmin etmişlerdir. Mulder vd. (2009)

37-60 günlük yaş aralığındaki etlik piliçler ile yaptıkları çalışmada canlı ağırlığın kalıntısına ait kalıtım derecesinin tahmininde dişi ve erkek bireyler için ayrı ayrı univariyet ve bivariyet modelleri kullanmışlardır. Univariyet modelde dişiler için kalıtım derecesini $h_v^2=0,034$, bivariyet modelde $h_v^2=0,047$ ve standart hatalarını sırasıyla 0,003 ve 0,004 olarak tahmin etmişlerdir. Erkekler içinse h_v^2 univariyet modelde 0,029, bivariyet modelde 0,046 ve standart hataları sırasıyla 0,003 ve 0,005 olarak, GCV_E ise 0,35 ve 0,57 tahminlenmiştir. Silva vd. (2021) iki farklı bıldırcın hattında çıkım ve 6. hafta canlı ağırlığının kalıntısına dair yapmış oldukları çalışmada çıkım ağırlığı için erkeklerde h_v^2 0,002-0,005, dişilerde 0,003-0,004 standart hatalarını ise 0,001 düzeyinde tahmin etmişlerdir. Çalışmada 6. hafta için erkeklerde h_v^2 0,005-0,02, dişilerde 0,005-0,01, standart hataları ise sırasıyla 0,004-0,01 ve 0,005-0,01 olarak; GCV_E ise 0,13 ile 0,25 arasında tahminlenmiştir. Neves vd. (2012) et ırkı sığırlarda süttten kesime kadar olan canlı ağırlık kazancı ve 550 günlük canlı ağırlığın kalıntısına ait yapmış oldukları tahminlerde canlı ağırlık kazancı için h_v^2 0,033-0,059, canlı ağırlık içinse 0,029-0,055 değerlerini rapor etmişlerdir. Wolc vd. (2009) etlik piliçlerde 34. gün canlı ağırlığı ve konformasyon skoru üzerine yapmış oldukları çalışmada h_v^2 erkekler için sırasıyla 0,030 ve 0,023, dişiler için 0,038 ve 0,032 olarak tahmin edilmiştir. Her iki özellik için GCV_E 0,25 ile 0,36 arasında değişmektedir. Felleki ve Lundeheim (2013) domuzlarda meme başı sayısı ile ilgili yaptıkları çalışmada kalıntı varyansına ait kalıtım derecesini farklı modellerde 0,03 ile 0,07 arasında tahmin ederken genetik varyasyonu 0,34 ile 0,54 arasında rapor etmişlerdir.

ÜÇÜNCÜ BÖLÜM

MATERYAL YÖNTEM

3.1. Yumurtacı Piliçlerde Genotip X Kırmızı Akar Enfestasyonu X Besleme Etkileşimi

Araştırma, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Etik Kurulu'nun 23.02.2018-2018/02-03 onay tarihi ve numarası izni ile yürütülmüştür. Çalışmada 1 günlük yaşta tamamı dişi Atak-s (AS), New Hampshire Red (NHR) ve Light Sussex (LS) genotiplerinin her birinden 120'ser dişi civciv kullanılmıştır. AS genotipi Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü tarafından geliştirilen Rhode Island Red ve Barred Plymouth Rock anaçlarından elde edilen hibrit yumurtacı bir genotiptir (Şekil 1). NHR genotipi, Rhode Island Red ırkından, yumurta verimi yönünde yoğun seleksiyona tabi tutularak Amerika Birleşik Devletleri'nde geliştirilmiştir (Şekil 1). LS, İngiliz Sussex kontluğunda yerel genotiplerden elde edilmiş bir ırktır (Şekil 1).



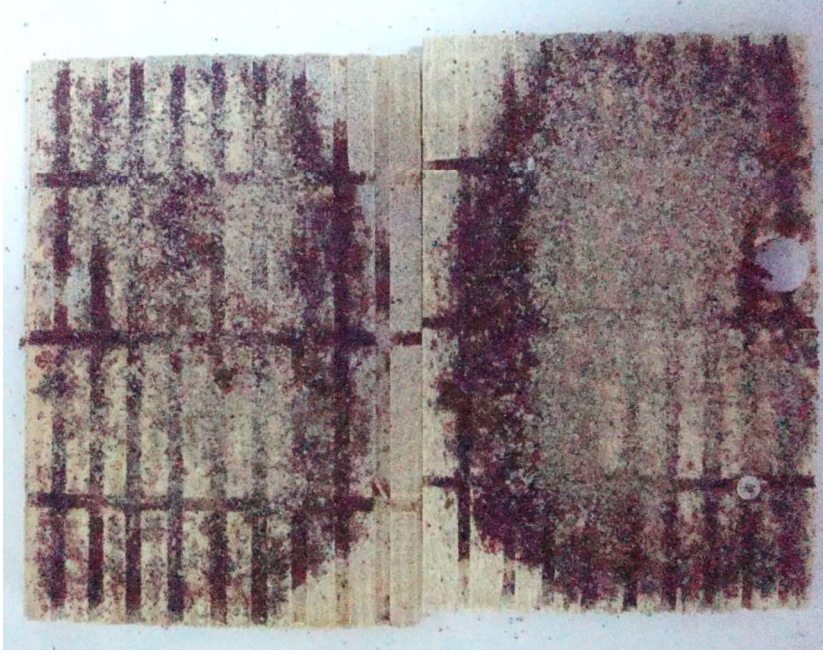
Şekil 1. Çalışmada kullanılan yumurtacı tavuk genotipleri, soldan sağa doğru Atak-s, Light Sussex, New Hampshire Red

Civcivler 12 günlük yaşta her kafeste 4 civciv olacak şekilde kafeslere yerleştirilmiştir. Birbirlerini etkiledikleri bilinen beslenme (B) ve parazit (P) olarak adlandırılan iki çevre faktörü ile çalışma yürütülmüştür. Bu anlamda her bir genotipten yem kısıtlaması uygulanan ve *Dermanyssus gallinae* ile enfeste edilmiş (YK/P⁺), yalnızca yem kısıtlaması uygulanmış (YK/P⁻), *ad libitum* beslenen ve akar ile enfeste edilmiş (AL/P⁺) ve yalnızca *ad libitum* beslenen (AL/P⁻) dört grup oluşturulmuştur. Yem

kısıtlaması uygulanan gruplarda her bir grup ve genotip için 8 tekerrür (32 kuş), *ad libitum* beslenen gruplarda ise 7 tekerrür (28 kuş) bulunmaktadır. Yem kısıtlaması, her bir genotipin AL/P⁻ grubuna ilişkin bir gün öncesine ait yem tüketiminin %20'si olarak uygulanmıştır.

Çalışmada 8 haftalık yaşa kadar %23 ham protein (HP) sonraki 4 hafta ise %20HP'li yem kullanılmıştır. Çalışma süresince 16 saat aydınlık 8 saat karanlık olacak şekilde bir aydınlatma programı uygulanmıştır. Haftalık olarak canlı ağırlık (CA) ve yem tüketimi takibi 0,05 g hassasiyetli terazi ile yapılmıştır. *Ad libitum* çevrede hayvan başına günlük yem tüketimi (GYT) ile hem *ad libitum* hem de kısıtlı besleme çevresinde hayvan başına yem değerlendirme oranı ($YDO, [yem, g] \cdot [canlı\ ağırlık\ artışı, g]^{-1}$) hesaplanmıştır.

Enfestasyon için *D. gallinae*, Çanakkale ili ve çevresindeki köy kümeslerinden toplanmıştır. Parazit popülasyonunun üremesi ve kontrolü için iki parçalı ahşap tuzaklar kullanılmıştır (Şekil 2). Her bir ahşap tuzağa/kafese hemen hemen eşit miktarda akar yerleştirilmiştir. Tuzaklardan parazitin popülasyon dinamiği gözlenmiştir. Bir tuzakta 1 cm² deki ortalama ergin akar sayısı tespit edilmiştir. Deneme kuşlarının 6, 8, 10 ve 12 haftalık yaşlarında ahşap tuzakların fotoğrafı çekilmiş ve çekilen fotoğraflarda akar popülasyonunun kapladığı alan belirlenmiştir. 1 cm² deki akar sayısı ile oranlanarak toplam akar yükü tahmin edilmiştir. Çalışma 12 haftalık yaşta sonlandırılmıştır.



Şekil 2. İki parçalı ahşap tuzak ve kümelenmiş *D. gallinae*

3.1.1. İstatistiksel Analizler

İstatistiksel analizlerde YK ve AL⁻ besleme koşulları ayrı ayrı ele alınarak analizler gerçekleştirilmiştir. Deneme başı ve deneme sonu canlı ağırlığının analizinde genotip, parazit ve bunların etkileşiminin yer aldığı modelde varyans analizi yöntemi kullanılmıştır (Denklem 3.1).

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + p_j + gp_{ij} + e_{ijk} \quad (3.1)$$

Burada; Y_{ijk} başlangıç canlı ağırlığını veya deneme sonu canlı ağırlığını, μ popülasyon ortalamasını, g_i i'inci genotipin sabit etkisini, p_j j'inci parazit grubunun sabit etkisini, gp_{ij} genotip parazit etkileşimini, e_{ijk} şansa bağlı hatayı ifade etmektedir.

Haftalık canlı ağırlıkların analizinde modelde yaş, genotip, parazit, yaş (hafta) ve bunların etkileşimi ile başlangıç canlı ağırlığının kovaryet olarak yer aldığı tekrarlı varyans analizi yöntemi kullanılmıştır. GYT ve YDO istatistiksel analizlerinde ise başlangıç canlı ağırlığı (BCA) hariç (kovaryet) aynı model ve yöntem kullanılmıştır. Bu analizler

sonucunda istatistiksel olarak önemsiz olan etkileşimler modelden çıkarılarak analizler tekrarlanmıştır.

$$Y_{ijklmo} = \mu + c_{ijklm} + g_j + p_k + w_l + \beta x_{ijkm} + (gXp)_{jk} + (gXw)_{jl} + (pXw)_{kl} + (gXpXw)_{jkl} + e_{ijklmo} \quad (3.2)$$

Burada; Y_{ijklmo} haftalık canlı ağırlığı, μ popülasyon ortalamasını, c_{ijklm} j'inci genotip k'inci parazit grubu l'inci haftalık yaştaki m'inci kuşun şansa bağlı etkisini, g_j j'inci genotipin sabit etkisini, p_k k'inci parazit grubunun sabit etkisini, w_l l'inci haftanın sabit etkisini, β regresyon katsayısını, x_{ijkm} j'inci genotip k'inci parazit grubu m'inci kuşun başlangıç canlı ağırlığını, e_{ijklmo} şansa bağlı hatayı ifade etmektedir.

Tüm alt grupların haftalık canlı ağırlıklarına ilişkin eğrilerin eğimini karşılaştırmak amacıyla regresyon analizinden yararlanılmıştır. Her bir gruba ait regresyon katsayısının diğer gruplar ile karşılaştırılmasında yalnızca yaş x parazit x besleme x genotip etkileşiminin yer aldığı genel doğrusal modelden elde edilen ortogonal kontrastlardan yararlanılmıştır. Basit olarak kontrast (c) iki ortalama arasındaki farkı test eder ($H_0: \bar{x}_1 = \bar{x}_2$; $c_1 = 1$, $c_2 = -1$). Bunun yanı sıra tek bir ortalama ile diğer ortalamalar arasındaki farkı veya birçok ortalama arasındaki fark beraber test edilebilir.

Tüm analizler için SAS (2002) paket programı kullanılmıştır.

3.2 Akrabalı Yetişmiş Bildircinların Kanatlıların Kırmızı Akarına Tepkisi

Bu çalışma, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Etik Kurulu'nun 28.12.2018-2018/12-08 onay tarihi ve numarası izni ile yürütülmüştür.

3.2.1. Başlangıç Bildircin Popülasyonunun Oluşturulması

Çanakkale çevresindeki 5 farklı yöreden temin edilen Japon bildircinları numaralanarak bireysel kafeslere yerleştirilmiştir. Çiftleştirmeler 3 dişiye 1 erkek şeklinde planlanmıştır. Akrabalı yetismeyi önlemek için erkek ve dişilerin farklı yöre ve yetiştiricilerden elde edilenlerin çiftleştirilmelerine dikkat edilmiştir. Erkek bildircinlar her

gün bir dişinin yanına konularak çiftleşmeleri sağlanmıştır. Kuluçka için toplanan yumurtalar ana numaraları ile numaralandırılmıştır. Kuluçkanın ilk 15 günü sıcaklık 37,7 °C nem %55, son 2 gün ise sıcaklık 37,5 °C nem %65 düzeyinde tutulmuştur. Palazların hangi anaya ait olduklarının belirlenmesi için her bir anaya ait yumurtalar kuluçkanın 15. günü bir çıkım bölmesine alınmıştır. Çıkım sonucunda elde edilen palazların çıkım ağırlıkları alınıp her bir palaza numara verilmiştir. Başlangıç popülasyonunun oluşması için bu işlem 3 kez tekrarlanmıştır.

3.2.2. Çalışma Düzeni

Elde edilen popülasyon bireylerinde öz kardeş, üvey kardeş ve ebeveyn-yavru çiftleştirmeleri yapılarak 0,125 ve 0,25 düzeyinde akrabalı yetiştirme katsayısına (F) sahip palazlar elde edilmiştir. Bu şekilde akrabasız ebeveyn (AKS) çiftleştirilmesinden elde edilen palazlar (F=0,0), üvey kardeş (UVK) çiftleşmesinden elde edilen palazlar (F=0,125), öz kardeş (OZK) çiftleşmesinden elde edilen palazlar (F=0,25), baba kız (BK) (F=0,25) ve ana oğul (AO) (F=0,25) çiftleşmesinden elde edilen palazlar olarak 5 akrabalı yetiştirme gurubu (AG) oluşturulmuştur.

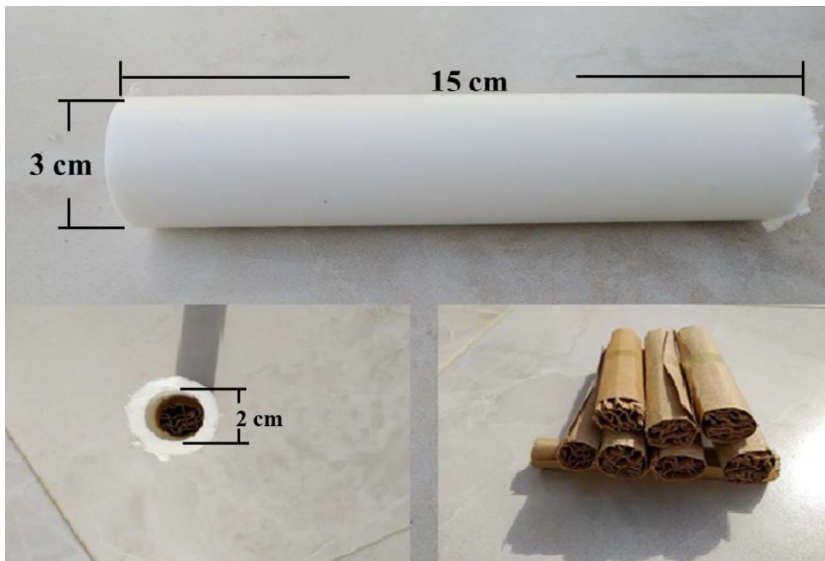
Kuluçka işlemleri başlangıç popülasyonunda olduğu gibi rutin bir şekilde yerine getirilmiştir. Çıkım sonucu elde edilen palazların çıkım ağırlıkları alınmış çıkım gerçekleşmeyen yumurtalarda ise döl kontrolü yapılmış ve embriyo kayıpları tespit edilmiştir. Embriyo kayıpları erken dönem (ilk 5 gün), orta (6-12. günler arası) ve geç dönem (13-17. günler arası) olmak üzere üç grubu ayrılmıştır. Her bir ana için döller yumurtalardan çıkan palazlar ile çıkış gücü $[(\text{çıkan palaz sayısı}/\text{döllü yumurta sayısı}) \times 100]$ hesaplanmıştır.

1 haftalık yaşta tartımları yapılan toplamda 200 palazdan oluşan AG ikiye ayrılarak yarısı kontrol odasında yarısı ise *D. gallinae* (kanatlıların kırmızı akarı, KKA) ile bulaşık olan enfeste odasına yetiştirilmiştir. Enfeste (P⁺) ve kontrol (P⁻) çevrelerinde her bir akraba grubu beş bildirgin içeren dört tekerrürden oluşmuştur. P⁺ ve P⁻ gruplarında her bir AG'nin başlangıç ortalama canlı ağırlıklarının (BCA) benzer olması sağlanmıştır. P⁺ çevresinde kafeslere (tekerrürlere) akarlar için özel yapılmış tuzaklar takılmıştır. Bu tuzaklar *Dermanyssus gallinae* ile bulaştırılmıştır Tuzaklar plastik boru (Pprc) ve oluklu karton

olmak üzere iki parçadan oluşmaktadır (Şekil 3). Oluklu kartonlar katlanarak plastik borunun içine yerleştirilmiştir. Kartonların gerek boru içinde aralıklarının açılmasının engellemek gerekse tartım esnasında akarların kontrolünü sağlamak için etrafları bir kat kâğıt ile sarılmıştır. Her bir borunun uzunluğu 15 cm, içlerindeki kartonlar ise 12x12 cm uzunluğundadır. Kartonların boru uzunluğundan kısa olmasındaki amaç kartonların su ve dışkı ile temasını engelleyerek ıslanmalarını/nemlenmelerini engellemektir. Tuzaklarda bulunan akarlar her hafta tartılarak (0,001 g hassasiyetle) akar popülasyonunun gelişimi gözlenmiştir.

Akar yoğunluğunun tespiti için 0,005 g bir akar kümesinde ne kadar ergin akar olduğu sayılarak tespit edilmiştir. Buradan yola çıkılarak her bir traptaki ergin akar yoğunluğu haftalık olarak tahmin edilmiştir. Hematokrit tayini için palazlardan haftada 2 kez kanat venasından kan alınmıştır. Hematokrit tüplerine alınan örnekler santrifüj edilerek hematokrit skalası ile hematokrit değeri tespit edilmiştir. Palazlarda haftalık olarak canlı ağırlık (CA) tartımları yapılmıştır. Palazlara yem ve su *ad libitum* olarak sunulmuş, haftalık yem tüketimi takibi yapılmıştır. Çalışma süresince hem palazların gelişimi hem de akar popülasyonunun sorunsuz bir şekilde sürdürülebilmesi için ortam sıcaklığının 25 °C dolayında tutulması sağlanmıştır. Çalışma 6 haftalık yaşta sonlandırılmıştır.

KKA'nın popülasyon büyüklüğünü kontrol etmek zordur (Erdem vd., 2020). Bu nedenle bu çalışma aynı şekilde dört kez (deneme) tekrarlanmıştır.



Şekil 3. Çalışmada kullanılan akar tuzakları

3.2.3. İstatistiksel Analizler

CA ve hematokrit (HEMA) değeri istatistiksel analizleri parazit grubu (P^+ , P^-), akrabalı yetiştirme grubu (AO, BK, OZK, UVK ve AKS), deneme tekrarı (1,...,4), cinsiyet (erkek, dişi), yaş (hafta) ve bunların etkileşimlerinin yer aldığı tekrarlı ölçümler varyans analizine göre yapılmıştır. Çıkış ağırlığı akrabalı yetiştirme grubu, cinsiyet ve bunların etkileşiminin yer aldığı modelde varyans analizi yöntemine göre analiz edilmiştir. CA analizi için BCA kovaryet olarak kullanılmıştır. Yem tüketimi için istatistiksel analizde parazit grubu, akrabalı yetiştirme grubu, yaş ve bunların etkileşimlerinin yer aldığı tekrarlı ölçümler varyans analizine göre yapılmıştır. *Post hoc* analizlerde Tukey testinden yararlanılmıştır. Ölüm oranları akrabalı yetiştirme grubu, parazit grubu ve bunların etkileşimlerinin yer aldığı bir model ile genelleştirilmiş eşitlik kestirimi yöntemiyle her bir deneme için ayrı ayrı analiz edilmişlerdir. Aynı yöntem kullanılarak çıkış gücü ve embriyo kayıpları akrabalı yetiştirme grubunun yer aldığı modelde analiz edilmiştir. Odds oranları ($\Psi=e^b$) Euler sayısı (e) ve tahmin değerleri (b) kullanılarak hesaplanmıştır. *Post hoc* analizde Wald ki-kare testinden yararlanılmıştır.

3.3. Üniform Büyümenin Kantitatif Genetik Kontrolü

Çalışma için kullanılan veriler 3.2 başlıklı çalışmada kullanılan Japon bıldırcınlarına ait CA verilerinden oluşturulmuştur. Her bir deneme (kuluçka partisi) kendi içinde olacak şekilde akrabalı yetiştirme ve enfestasyonun etkisini gidermek amacıyla elde edilen CA'lar enfeste edilmemiş akrabasız gruplara göre düzeltilmiştir. Düzeltme işlemi için parazit ve akraba grubunun yer aldığı doğrusal modelden elde edilen çıkım, 2, 4 ve 6. hafta CA'lara ait etki miktarları tahmin edilerek enfeste edilmemiş ve akrabasız gruba göre düzeltme işlemi gerçekleştirilmiştir. Bu verilere ek olarak akrabasız yetiştirilmiş 1885 kuştan daha CA verileri elde edilmiştir. Bu kapsamda analizlerde kullanılan popülasyona ilişkin bilgiler Tablo 1'de özetlenmiştir.

Tablo 1

Popülasyon yapısı

Birey sayısı	2787
Baba sayısı	121
Ana sayısı	170
Baba başına ana sayısı	1,4
Baba başına yavru sayısı	23
Ana başına yavru sayısı	16
Dişi birey sayısı	1238
Erkek birey sayısı	1259

Analizler öncesi veri setinin hazırlanması, pedigrinin yeniden numaralandırılması RE-NUM-OR programı vasıtasıyla gerçekleştirilmiştir (Yazgan, 2018). Canlı ağırlıklara ait kalıntıların tahmininde REML yöntemi kullanılmıştır. Airemlf90 (Masuda, 2019) programı yardımıyla 3.3, 3.4, 3.5 ve 3.6 numaralı modeller ile analizler gerçekleştirilmiştir. Elde edilen verilerin kalıntı varyansı ile olan bağımlılığını azaltmak ve normal dağılımı sağlamak adına veriler transforme edilmiştir (Mulder vd., 2009). Bu amaçla kareleri alınan kalıntıların, doğal logaritmaları (ln) alındığında 0 ile 1 arasındaki değerlerin negatif olmamaları adına bu değerlerin en az 1 olması için tüm veri setine “1” eklenmiştir. Daha sonra verilerin doğal logaritmaları (ln) alınarak veriler transforme edilmiştir. Elde edilen bu veri seti ile kalıntılara ait varyans bileşenlerinin tahmini için Bayesyen yaklaşımı temelinde MCMC (Markov chain Monte Carlo) yöntemi olan Gibbs örnekleme kullanılmıştır. Aşağıda belirtilen modeller (3.3, 3.4, 3.5, 3.6) ile yapılan her bir analizde 500,000 iterasyonluk zincirler oluşturulmuştur. Modellere göre değişmekle birlikte genetik kovaryans matrisi için başlangıç değeri 0,1 veya $\begin{bmatrix} 0,1 & 0,01 \\ 0,01 & 0,1 \end{bmatrix}$, hata kovaryansı matrisi içinse başlangıç değeri 1 olarak verilmiştir.

Birey modelinde çıkım, 2, 4 ve 6. haftaların analizinde;

$$\text{Model 1: } Y_{ijklm} = \mu + kp_i + k_j + c_k + a_l + e_{ijklm} \quad (3.3)$$

$$\text{Model 2: } Y_{ijklmn} = \mu + kp_i + k_j + c_k + a_l + m_m + e_{ijklmn} \quad (3.4)$$

Bivariate modelde cinsiyetlerin analizinde;

$$\text{Model 3: } Y_{ijklm} = \mu + kp_i + k_j + a_k + e_{ijklm} \quad (3.5)$$

Tekrarlı model analizinde;

$$\text{Model 4: } Y_{ijklmnp} = \mu + kp_i + k_j + c_k + h_l + a_m + p_n + m_p + e_{ijklmnp} \quad (3.6)$$

eşitlikleri kullanılmıştır. Eşitliklerde yer alan μ popülasyon ortalamasını, kp kuluçka partisinin etkisini, k kafes katının etkisini, c cinsiyetin etkisini, h haftanın etkisini, a eklemeli genetik etkiyi, p permanent etkiyi, m maternal etkiyi, e şansa bağlı etkiyi ifade etmektedir.

Bu analiz sonucunda elde edilen zincirler burn-in değerlerini saptamak için Geweke analizine tabi tutulmuştur. Burn-in değerleri zincirden çıkarıldıktan sonra elde edilen son dağılımlar kovaryans matrisleri için başlangıç değeri olarak verilerek 500,000 iterasyonluk zincirler oluşturulmuştur. Bu zincirlerde Geweke analizi ile burn-in değerleri tespit edilerek zincirden çıkarıldıktan sonra genetik parametreler tahmin edilmiştir. Genetik parametrelerin tahmininde 2.5, 2.6, 2.7, 2.8 ve 2.9 numaralı eşitlikler kullanılmıştır. Analizlere başlandığında sonsal dağılımdan elde edilen sonuçların her bir Gibbs zinciri arasındaki otokorelasyonun yüksek olduğu görülmüştür. Otokorelasyonun azaltılması için zincirdeki sırasıyla her 10-50-100 veriden 1'i analizler için kullanılmıştır. Ancak bu işlemlerin belirgin bir şekilde otokorelasyonu azaltılmadığı ve elde edilen genetik parametrelere bir etkisinin olmadığı görülmüştür. Bu nedenle tüm analizlerde elde Gibbs zincirlerindeki tüm veriler kullanılmıştır.

DÖRDÜNCÜ BÖLÜM

ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1. Yumurtacı Piliçlerde Genotip X Kırmızı Akar Enfestasyonu X Besleme Etkileşimi

4.1.1. Çalışma bulguları

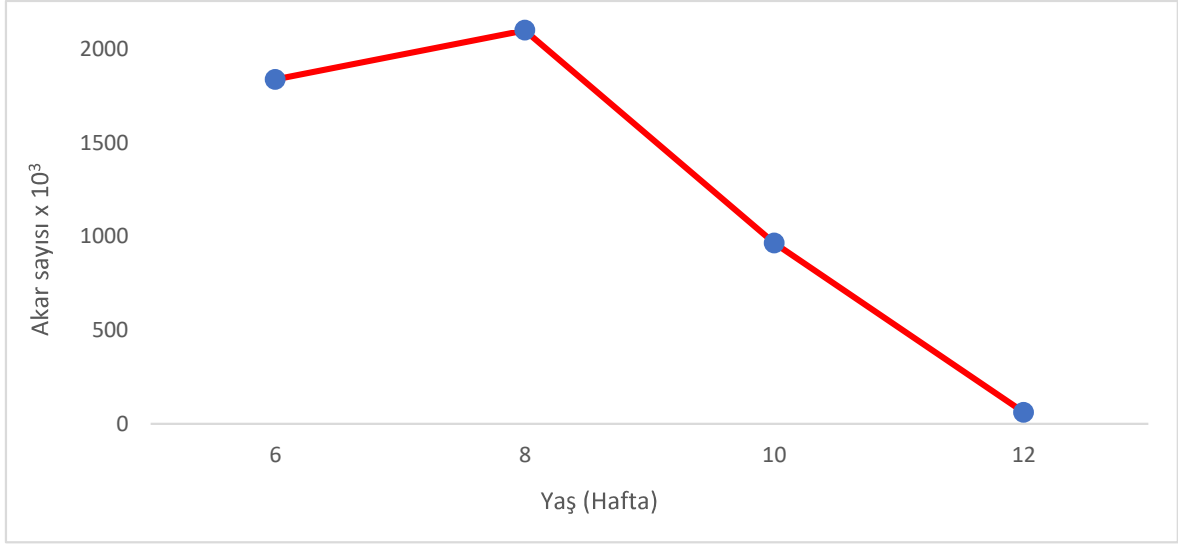
Tablo 2’de *ad libitum* (AL) ve yem kısıtı (YK) çevrelerine ilişkin deneme başı ve deneme sonu canlı ağırlıkları için en küçük kareler ortalamaları verilmiştir. Beklenildiği gibi hem deneme başı hem deneme sonu canlı ağırlıkları için genotipler arasında farklılık gözlenmiştir ($P=0,0122$ ve $P<0,0001$).

Parazit genotip etkileşiminin (PG) ise etkisi gözlenmemiştir ($P=0,2399$). Ancak çalışma sonunda yem kısıtı koşullarında parazit (P), kanatlıların canlı ağırlıklarını etkilemiştir ($P=0,0058$). Deneme sonunda canlı ağırlık bakımından genotipler arasında da fark gözlenmektedir ($P<0,0001$).

Tablo 2

Besleme çevrelerine göre deneme başı ve deneme sonu canlı ağırlığa ilişkin en küçük kareler ortalaması ($\bar{x}$), standart hatası ve P değeri

	<i>Ad libitum</i>				Yem Kısıtı			
	Deneme başı		Deneme sonu		Deneme başı		Deneme sonu	
	$\bar{x}$	SH	$\bar{x}$	SH	$\bar{x}$	SH	$\bar{x}$	SH
AS	88,06	1,947	969,18	20,440	86,35	1,710	843,34	15,770
NHR	93,87	1,965	1242,70	20,963	93,31	1,710	1006,40	16,085
LS	85,79	1,947	1032,22	20,612	86,99	1,710	907,44	15,729
<i>P</i> değeri								
Parazit	0,9684		0,6962		0,9395		0,0058	
Genotip	0,0122		<,0001		0,0072		<,0001	
ParazitxGenotip	0,9750		0,2399		0,5463		0,8432	



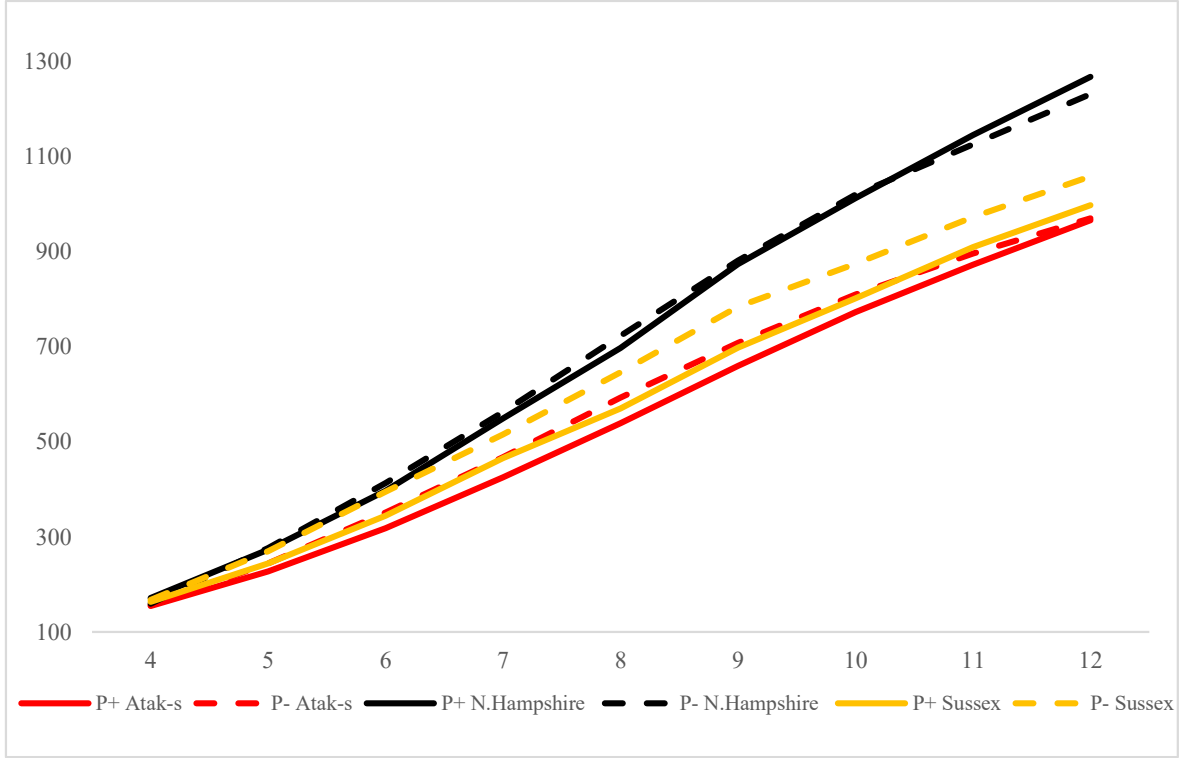
Şekil 4. Haftalara göre akar popülasyon yoğunluğu

Çalışmada 6 haftalık yaştan itibaren akar popülasyonu gözlenmiştir (Şekil 4). Akar popülasyonunda yaklaşık 2 milyon ile en yüksek sayıda olduğu 8 haftalık yaştan sonra azalma gözlenmiştir.

Tablo 3

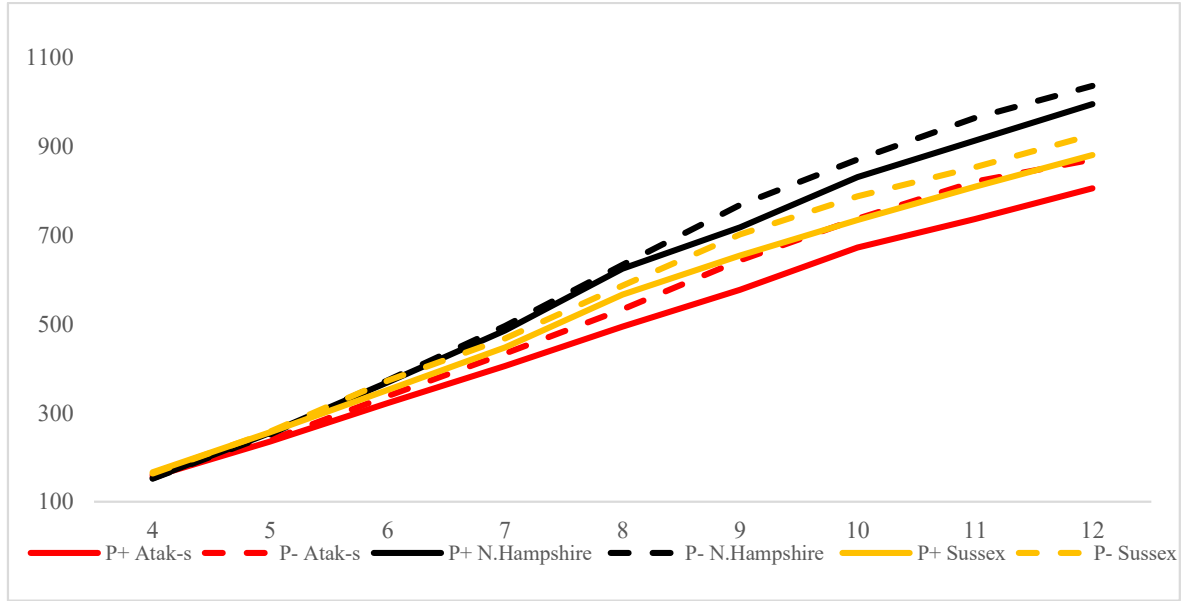
Ad libitum (AL) ve yem kısıtıyla (YK) beslenen enfeste ve kontrol grubu kuşlara ilişkin haftalık canlı ağırlık (CA, g), yem değerlendirme oranı (YDO, Yem g/CA g) ile *ad libitum* beslenen kuşların hayvan başına günlük yem tüketimine (GYT, g) ait varyasyon kaynaklarına göre önem seviyeleri

VK	CA		YDO		GYT
	AL	YK	AL	YK	AL
BCA	<,0001	<,0001	-	-	-
Yaş	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001
Parazit	<,0001	<,0001	0,6743	0,0481	0,0417
Genotip	<,0001	<,0001	<,0001	0,0015	<,0001
Yaş * Parazit	0,2129	<,0001	<,0001	<,0001	0,0002
Yaş * Genotip	<,0001	<,0001	0,0110	0,0500	0,1016
Parazit * Genotip	<,0001	0,1309	0,2238	0,6802	0,0004
Yaş * Parazit * Genotip	0,9966	1,0000	0,7497	0,0005	0,8988



Şekil 5. Ad libitum çevredeki enfeste (P^+) ve kontrol (P^-) grubu genotiplerde haftalık ortalama canlı ağırlık yönelimleri

Her bir besleme (B) çevresine göre parazit (P) ve genotip (G) alt gruplarının haftalık yaşlar bazında canlı ağırlık (CA) ortalamalarına ilişkin varyasyon kaynaklarının P değerleri Tablo 3’de, yönelimler ise Şekil 5 ve Şekil 6’te görülmektedir. AL besleme çevresinde parazit, genotip ve PG haftalık canlı ağırlık üzerine etkilidir ($P < ,0001$). New Hampshire Red (NHR) genotipi çalışma boyunca hem enfeste (P^+) hem de kontrol (P^-) grubunda en yüksek canlı ağırlık ortalamasına sahiptir. NHR genotipi AL koşullarda enfestasyonu tolere ederek P^+ ve P^- gruplarında haftalık canlı ağırlıklar bazında benzer bir seyir sergilemiştir. Çalışmanın sonunda P^+ veya P^- AL kuşlarının canlı ağırlıkları benzerdir. Bununla birlikte, AL çevrede çalışma boyunca Light Sussex (LS) genotipindeki P^+ kuşlar, P^- kuşlara göre daha düşük bir CA ortalamasına sahiptir.



Şekil 6. Yem kısıtlı çevresindeki enfeste (P^+) ve kontrol (P^-) grubu genotiplerde haftalık ortalama canlı ağırlık yönelimleri

YK koşullarında P ve G için haftalık canlı ağırlık ortalamalarındaki fark istatistiksel olarak önemlidir ($P<0,0001$). YK genotiplerinde özellikle 8. haftadan itibaren P^+ ve P^- grubu kuşları arasındaki CA farkı dikkat çekmektedir. YK koşulları altında, Atak-s (AS) genotipi *D. gallinae* enfestasyonundan diğer genotiplere göre daha fazla etkilenmiştir. PG ise istatistiksel olarak anlamlı değildir ($P=0,1309$).

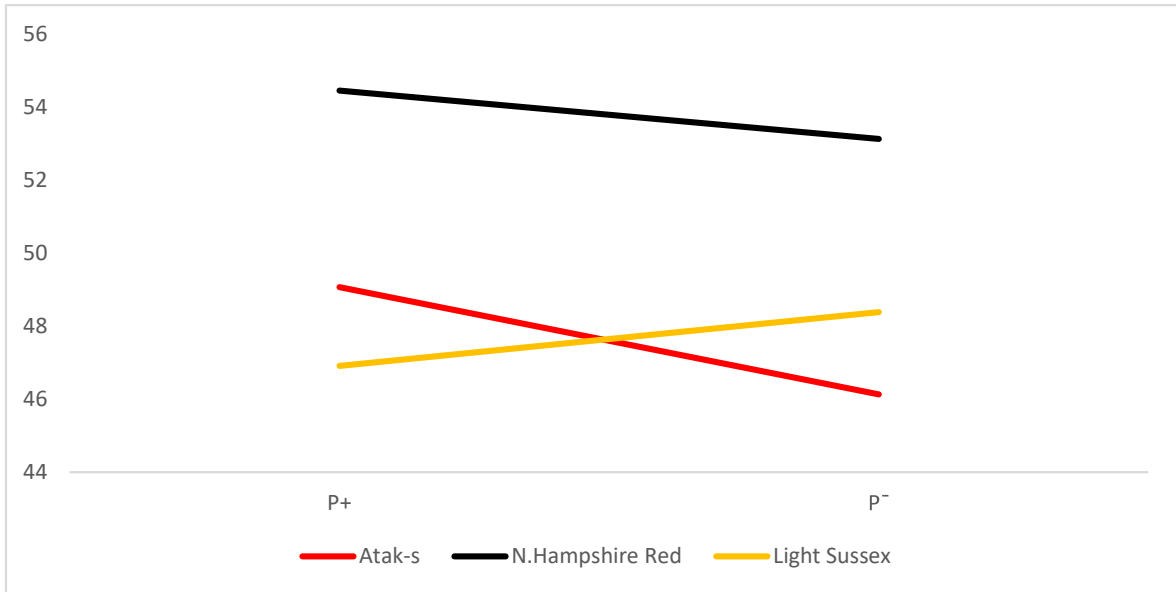
Tablo 4

Genotiplere göre *ad libitum* ve kısıtlı beslenen enfeste ve kontrol kuşlarına ilişkin canlı ağırlık yönelimine ait regresyon katsayıları (b) ve standart hataları (SH)

Besleme	Parazit	Genotip	b	SH
<i>Ad libitum</i>	Enfeste	AS	12,28 ^a	0,097
		NHR	16,35 ^b	0,224
		LS	12,71 ^c	0,125
	Kontrol	AS	12,81 ^c	0,098
		NHR	16,18 ^b	0,245
		LS	13,88 ^d	0,109
Yem Kısıtlı	Enfeste	AS	10,61 ^e	0,073
		NHR	13,72 ^d	0,196
		LS	11,68 ^f	0,072
	Kontrol	AS	11,57 ^f	0,075
		NHR	14,05 ^d	0,175
		LS	12,54 ^{ac}	0,102

Regresyon katsayılarını tamamı 0'dan önemli derecede farklıdır ($P<0,0001$). Farklı harfler ile gösterilen regresyon katsayıları arasındaki fark önemlidir ($P<0,05$)

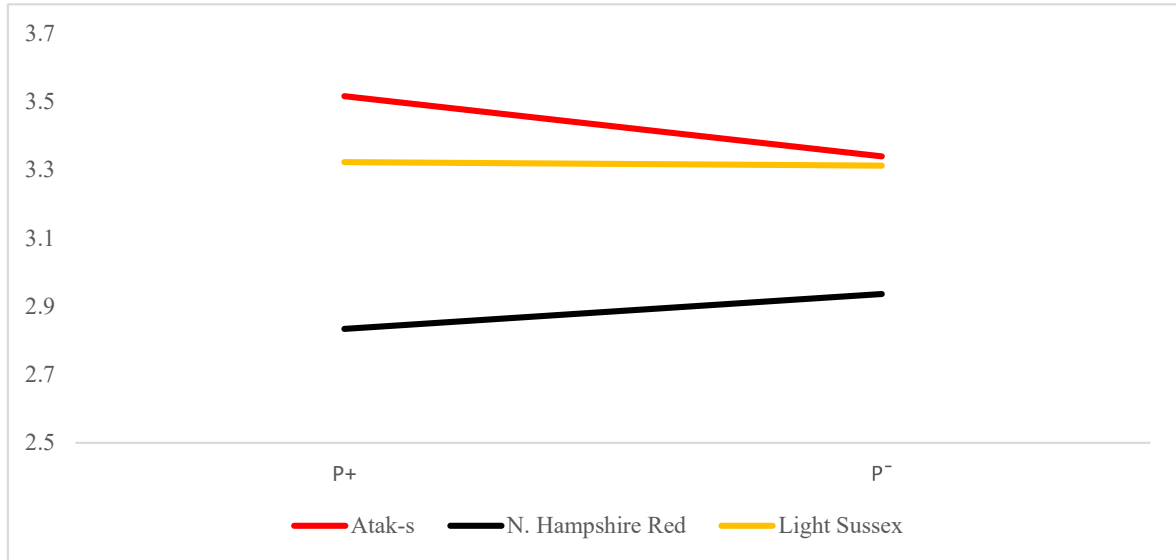
Besleme x parazit x genotip alt gruplarının haftalık yaşta canlı ağırlık regresyonlarına göre hem AL hem de YK çevresinde NHR genotipi en hızlı büyüyen genotiptir (Tablo 4). Aynı zamanda bu kuşlar her bir besleme çevresi temelinde P^+ ve P^- çevrelerinde benzer bir büyümeye sahiptir. AL koşullarda AS ve LS genotipinde P^+ kuşlarının büyüme eğimi P^- kuşlarına göre sırasıyla %4 ve %8 daha düşüktür. AS ve LS genotiplerinde P^- kuşları P^+ kuşlarından daha iyi bir büyüme performansı olduğu görülmektedir. YK koşulunda AS ve LS genotipi P^+ kuşları P^- kuşlarına göre sırasıyla %8 ve %7 oranında daha düşük bir eğime sahiptir. AL koşulda olduğu gibi YK koşulunda da AS ve LS genotipi P^- kuşlarının daha iyi bir büyüme performansı olduğu görülmektedir. LS genotipinde, AL/ P^+ ve YK/ P^- ortamları arasındaki büyüme oranındaki orantısal fark birbirlerine yakındır. Buradan hareketle LS genotipi için enfestasyonun ve yem kısıtının hemen hemen aynı etkilere sahip olduğu söylenebilir. Ancak AS genotipinde, enfekte olmuş kuşlar, YK çevresinde AL çevresine göre iki kat daha düşük bir büyüme oranı göstermektedir.



Şekil 7. Ad libitum çevrede yetiştirilen enfeste (P^+) ve kontrol (P^-) grubu genotiplerde ortalama hayvan başı günlük yem tüketimi (GYT) (g)

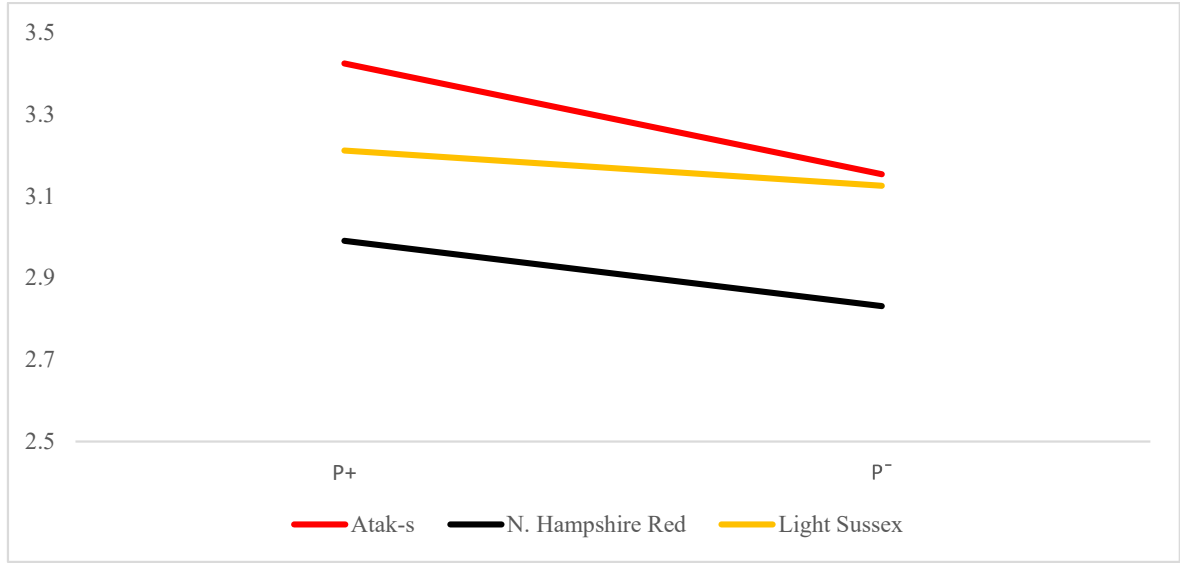
Ad libitum besleme çevresinde genotip ve parazit alt gruplarının haftalık yaşlar bazında günlük yem tüketimi ortalamalarının yönelimine ilişkin varyasyon kaynaklarının P değerleri Tablo 3’de, ortalamaları ise Şekil 7’de görülmektedir. Parazit çevresi, genotip ve bunların etkileşimleri GYT üzerine etkilidir (sırasıyla, $P=0,0417$, $P<,0001$, $P=0,0004$).

Enfeste çevrede büyüyen AS ve NHR kuşları kontrol grubu kuşlarına göre daha çok yem tüketmiştir. Öte yandan LS genotipi enfeste çevrede kontrol grubu kuşlarına göre daha az yem tüketmiştir. Çalışmanın yem kısıtlama yöntemine göre YK çevresinde yem tüketimleri AL/P⁻ grupları tarafından belirlenmiştir. Bu nedenle YK/P⁺ ve YK/P⁻ kuşları, AL/P⁻ gruplarına göre %20 daha az yem tüketmiştir.



Şekil 8. Ad libitum çevrede yetiştirilen enfeste (P⁺) ve kontrol (P⁻) grubu genotiplerde ortalama yem dönüşüm oranı (YDO), Yem g/CA g

AL ve YK çevrelerinde genotip ve parazit alt gruplarının haftalık yaşlar bazında YDO yönelimine ilişkin varyasyon kaynaklarının *P* değerleri Tablo 3’de, ortalamalar ise Şekil 8 ve Şekil 9’de görülmektedir. AL çevrede genotipler arasında YDO bakımından bir farklılık söz konusudur ($P<0,0001$). Ancak parazit çevresinin YDO üzerine bir etkisi görülmemektedir ($P=0,6743$). AL çevrede YDO için NHR genotipi enfeste ve kontrol çevrelerinde en iyi genotip iken AS ve LS genotipleri benzer YDO’lara sahiptir. Genotip parazit etkileşimi ise önemsizdir ($P=0,2238$). AS ve LS genotiplerinde YDO’ya bakıldığında P⁻ çevresinde neredeyse aynı değere sahipken en iyi YDO’nun P⁺ çevresinde NHR genotipine ait olduğu görülmektedir. P⁺ ve P⁻ çevrelerine göre AS kuşlarının YDO değerleri sırasıyla 3,52’den 3,34’e düşerken, NHR kuşlarında tersine 2,83’ten 2,93’e yükselmekte; LS genotipinde ise bu değer neredeyse değişmemektedir (P⁺=3,32, P⁻=3,31).



Şekil 9. Yem kısıtı çevrede yetiştirilen enfeste (P^+) ve kontrol (P^-) grubu genotiplerde ortalama yem dönüşüm oranı (YDO), Yem g/CA g

YK çevresinde genotip ve parazit YDO üzerine etkili olmaktadır (sırasıyla $P=0,0015$, $P=0,0481$). Genotip parazit etkileşiminin ise önemsiz olduğu görülmektedir ($P=0,6802$). AL çevrede olduğu gibi YK çevresinde de AS ve LS genotiplerinin P^- çevrede YDO neredeyse aynı değere sahiptir. YK çevresinde AS ve LS genotiplerinin YDO değerleri P^+ çevresinden P^- çevresine azalmaktadır (sırasıyla 3,42'den 3,15'e ve 3,21'den 3,12'ye). AL çevresinden farklı olarak YK çevresindeki NHR genotipinin YDO değeri P^+ ortamından P^- ortamına doğru diğer genotiplerle aynı yönde (2,99'dan 2,83'e) düşmüştür. Bu durum, parazitin etkisinin AL çevresinde önemsiz YK çevresinde ise önemli olduğu da göz önünde bulundurulursa, NHR genotipinde YDO bakımından çevreler açısından bir etkileşime işaret etmektedir.

4.1.2. Tartışma

Bu çalışmada canlı ağırlık (CA) bakımından *ad libitum* (AL) çevredeki kuşlarda parazit genotip etkileşimi (PG) söz konusu iken yem kısıtı (YK) çevresindeki kuşlarda PG'nin önemsiz olduğu görülmektedir. AL çevrede genotipler enfestasyondan farklı şekilde etkilenirken YK çevresinde genotiplerin enfestasyona tepkileri benzer şekilde gerçekleşmiştir. YDO bakımından PG her iki besleme çevresinde de görülmemektedir.

Doğal olarak yalnızca AL çevrede varyasyona yol açan günlük yem tüketimi bakımından kuşlarda PG meydana gelmiştir.

Yem kısıtı uygulaması kanatlı yetiştiriciliğinde, özellikle etlik piliç yetiştiriciliğinde, metabolik rahatsızlıkları önlemek ve canlı ağırlığı kontrol altında tutmak için sıklıkla kullanılmakla beraber (Zubair ve Leeson, 1994; Balog vd., 2000; Urdaneta-Rincon ve Leeson, 2002; Camacho vd., 2004; Fassbinder-Orth ve Karasov, 2006) büyüme döneminde sunulan besinin yetersizliği (protein, enerji, miktar vb.) canlı ağırlık kazancında azalma, yem değerlendirmede kötüleşme gibi büyümeyi etkileyen olumsuzluklara neden olabilmektedir (Vaughters vd., 1987; Plavnik ve Hurwitz, 1990; Acar vd., 1995). Organizma yetersiz besin kaynağını vücuttaki işlevler (büyüme, gelişme, onarım, savunma ve üreme gibi) arasında paylaştırmada zorluklar yaşayabilir (Coop ve Kyriazakis, 1999). Bu durum bazı vücut fonksiyonlarında aksaklıklara neden olabilir. Öte yandan yapılan bazı çalışmalarda yem kısıtlamasının bağışıklık ile ilgili parametreleri etkilemediğine hatta doğuştan gelen bağışıklığı arttırdığına dair bildirişler bulunmaktadır (Hangalapura vd., 2005; Fassbinder-Orth ve Karasov, 2006; Klasing, 2007; Khajavi vd., 2010).

AL çevrede haftalık canlı ağırlık ortalamalarına bakıldığında New Hampshire Red (NHR) ve Atak-S (AS) genotiplerinde P^+ ve P^- kuşlar arasında canlı ağırlık farkının azaldığı hatta kapandığı görülmektedir (Şekil 5). P^+ kuşlarının P^- kuşlarına göre daha çok yem tükettiği de (Şekil 7) göz önünde bulundurulursa canlı ağırlık temelinde bu kuşların enfestasyon ile başa çıkabildikleri söylenebilir. Ancak Light Sussex (LS) genotipinde tam tersi bir durum söz konusudur. *D. gallinae* (Kanatlıların kırmızı akarı, KKA) ile enfeste edilen LS'lerin kontrol çevresindeki LS'lerden daha az yem tükettikleri ve daha düşük bir canlı ağırlığa sahip oldukları görülmektedir. Bu anlamda KKA enfestasyonu altındaki kuşların yem tüketimlerini azalttıkları veya arttırdıklarına yönelik çeşitli bildirişler bulunmaktadır (Williams, 2003; Mul vd., 2009; Erdem vd., 2020). Çalışmada kullanılan NHR ve LS genotipleri saf, AS genotipi ise hibrit bir genotiptir. Hibrit bireylerin heterosis etkisi nedeniyle saf ırklara göre kötü ortam koşullarına daha dayanıklı olması beklenir (Ali vd., 2000). AL çevredeki P^+ ve P^- kuşları karşılaştırıldığında AS genotipi LS genotipine göre daha iyi bir büyüme performansı göstermiştir. Ancak bu sonuç, yem kısıtı uygulanan hayvanlarda desteklenmemektedir.

Şekil 6'da YK çevresindeki genotiplerin CA ortalamaları neredeyse birbirlerine paralel bir şekilde ilerlediğinden genotip çevre etkileşiminin olmadığı açıkça görülmektedir ($P=0,1309$). YK çevresindeki her bir genotipe kendi içinde aynı düzeyde yem verilmiş olmasına rağmen P^+ kuşlarının P^- kuşlarına göre daha düşük bir canlı ağırlığa sahip oldukları belirgin bir şekilde görülmektedir.

AS ve NHR genotiplerinin büyümesi düşünüldüğünde, negatif bir etkinin (KKA enfestasyonu) pozitif bir etkiyle (*ad libitum* besleme) hafifletildiği görülmektedir. Ancak, uygun koşullar sağlanmazsa (yem kısıtı) büyüme olumsuz etkilenmektedir. Buna göre YK çevresindeki kuşların büyümesi AL kuşlarına göre önemli ölçüde yavaşlamış ve canlı ağırlığı en yüksek olan NHR kuşları bu durumdan en çok etkilenen genotip olmuştur. AS ve LS kuşları, yem kısıtlamasından benzer şekilde etkilenmiştir.

Shelford'un (1931) tolerans yasasına göre bir organizma herhangi bir faktörün alt ve üst sınırları arasındaki koşullarda (tolerans aralığı) yaşamını devam ettirmekte, bir başka deyişle o faktörü tolere edebilmektedir. Tolerans aralığı faktörlere göre değişebildiği gibi aynı faktör bakımından organizmalara göre de değişebilir. Çalışmanın sonuçları, her bir genotip için P^+ kuşlar ile P^- kuşları arasındaki canlı ağırlık farklılıklarının AL çevrede YK çevresinde olduğundan daha küçük olduğunu göstermektedir. Bu sonuçlara göre, beslenme ortamı enfestasyonun etkisinde sınırlayıcı bir faktördür.

Şekil 7'da ortalama günlük yem tüketimi (GYT) bakımından genotip sıralamasının değişmesiyle sonuçlanan (crossover) genotip çevre etkileşimi açıkça görülmektedir. LS genotipi P^+ çevresinde P^- çevresine göre daha az yem tüketirken AS ve NHR genotipleri P^+ çevresinde P^- çevresine göre daha fazla yem tüketmiştir. Bununla birlikte, her iki besleme ortamındaki parazit grupları arasındaki YDO farklılıkları önemli olmamakla birlikte, Şekil 8 ve Şekil 9'da görünen PG de önemli değildir. Öte yandan, Şekil 8 ve Şekil 9'e bakıldığında, AL çevredeki önemsizliğe kıyasla YK çevresindeki KKA'nın önemli etkilerinden dolayı genotiplerin büyüme eğiminde küçük farklılıklar vardır. Paraziter hastalıkların YDO üzerine olumsuz etkilerinin olduğu (Phengvichith ve Ledin, 2007; Tellez vd., 2014; Yin vd., 2014) ve *Dermanyssus gallinae*'nin yem alımını artırıp büyümeyi yavaşlattığı, yem dönüşüm oranında kötüleşmeye neden olduğu rapor edilmektedir (Kirkwood, 1967; Williams, 2003; Sleenckx vd., 2019; Erdem vd., 2020).

Erdem vd. (2020) ise enfeste bildiricilerin enfeste olmayanlara göre daha az yem tükettiklerini bildirmiştir. Parazitler hem konakların besinine ortak olarak hem de yaratmış oldukları doğrudan veya dolaylı etkiler sonucu bozulan homeostasisinin dengelenmesi için tüketilen besinin büyüme ve gelişme için yeterince değerlendirilememesine neden olabilirler. Konak homeostazı sürdürmek için enerji ve protein açığını kapatmak adına yem tüketimini arttırabilir veya parazitin meydana getirdiği stres ile başa çıkamayarak yem tüketimini azaltabilir. GYT ve YDO göz önüne alındığında, genotiplerin aynı beslenme ortamına maruz kaldıklarında bile enfestasyona karşı farklı tepkiler verdiği görülmektedir.

YK çevresinde, NHR genotipi, P⁻ kuşlarının aksine büyüme ve gelişme için P⁺ kuşlar sunulan yemi değerlendirmede zorluk yaşıyor gibi görünmektedir. Muhtemelen büyüme ve gelişme için kullanacağı enerjinin bir kısmını enfestasyon ile baş etmeye harcamaktadır. AL çevredekı NHR ve AS genotipleri yem tüketimini artırarak bu olumsuz durumdan etkilenmemiştir. Ancak AL çevresindeki LS genotipinde diğer genotiplere göre, muhtemelen enfestasyonun farklı etkileri açığa çıkmaktadır. KKA enfestasyonunda yem tüketiminin azalmasının altında farklı mekanizmalar yatabilir. Bunlardan birincisi akarların ısırıklarıyla oluşan kaşıntı nedeniyle kuşların kaşınma sıklığını yem tüketimi aleyhine artırmaları olabilir (Konyalı vd., 2018; Erdem vd., 2020). Diğer bir neden ise parazitin yarattığı fizyolojik rahatsızlığa bağlı iştahsızlık olarak adlandırılabilir. İştah fizyolojisi üzerine etkili olduğu bilinen beyin serotonin aktivitesinin dış parazit enfestasyonunun yoğunluğuna göre olumlu veya olumsuz etkilendiği rapor edilmiştir (Överli vd., 2014).

4.2. Akrabalı Yetişmiş Bildiricilerin Kanatlıların Kırmızı Akarına Tepkisi

4.2.1. Çalışma bulguları

Bu çalışmanın kanatlıların kırmızı akarı enfestasyonuna ait bulgularına geçmeden önce çalışmada kullanılan yumurta ve palazlarda bazı çıkım özelliklerine ait akrabalı yetişmenin etkileri ile ilgili bulgular Tablo 5 ve Tablo 6 'da sunulmuştur.

Tablo 5'te çıkış gücü ve çıkış ağırlığı ile ilgili akrabalı yetişme gurupları (AG) arasında önemli farklılıklar olduğu görülmektedir ($P \leq 0,0001$). Ana oğul (AO), baba kız (BK), öz kardeş (ÖZK) gruplarında akrabasız (AKS) gruba göre daha düşük çıkış gücü gözlenmiştir. Odds oranlarına bakıldığında, AO, BK ve ÖZK'deki çıkış gücü olasılıkları

AKS grubuna göre sırasıyla %54, %38 ve %27 daha düşüktür. Bununla birlikte, üvey kardeş (UVK) grubu, AKS'den biraz daha yüksek (1,15 kat) ancak önemsiz ($P>0,05$) bir çıkış gücü olasılığına sahiptir. AO grubu yumurtaları en düşük çıkış gücü olasılığına sahip olmasına rağmen, en yüksek ortalama çıkış ağırlığına sahiptir ($P=0,0001$). BK, UVK ve AKS gruplarına ait yumurtaların çıkış ağırlıkları benzer iken, ÖZK grubu en düşük çıkış ağırlığına sahiptir.

Tablo 6'te AG'ye göre yumurtalardaki embriyo kayıplarının sonuçlarını özetlemektedir. Erken dönemde AO, BK ve ÖZK yumurtalarının embriyo kaybı olasılığı önemli ölçüde farklılık göstermemiştir ($P>0,05$). En düşük embriyo kaybı olasılığı UVK grubuna aittir. Erken dönemde embriyo kaybı olasılığı en çok AO ve BK yumurtalarında görülmektedir (sırasıyla AKS'den 1,77 kat ve 1,73 kat daha yüksek). Erken dönem embriyo kaybı için UVK ve AKS grupları benzer olasılıklara sahiptir. Orta dönem embriyo kaybında sadece AO grubu AKS grubundan farklılaşmaktadır ($P\leq 0,05$). Geç dönemde ise AO, BK ve ÖZK grupları arasında fark bulunmamaktadır ($P>0,05$). Bununla birlikte, AO ve BK grubu AKS grubundan önemli ölçüde farklılaşmaktadır ($P\leq 0,05$). Tablo 6 'te görüldüğü gibi AO grubu dışında orta dönem embriyo kayıpları diğer dönemlere göre daha düşüktür.

Tablo 5

Çıkış gücü için tahmin değeri (b), standart hatası (SH) ve odds oranı (Ψ), çıkış ağırlığı için en küçük kareler ortalaması ($\bar{X}$) ve standart hatası (SH)

	Çıkış gücü				Çıkış ağırlığı	
	b	SH	Ψ	%	$\bar{x}$	SH
AO	-0,79 ^a	0,137	0,46	58	8,70 ^a	0,066
BK	-0,48 ^b	0,139	0,62	63	8,54 ^{ac}	0,065
ÖZK	-0,32 ^b	0,139	0,73	69	8,30 ^b	0,059
UVK	0,14 ^c	0,155	1,15	76	8,49 ^c	0,060
AKS	0 ^c	0	1	73	8,50 ^c	0,041

Aynı sütunda farklı harfler ile gösterilen “ b ” ve “ $\bar{X}$ ” ‘ler arasındaki farklar önemlidir ($P<0,05$).

Tablo 6

Embriyo kaybı için dönemlere göre tahmin değeri (b), standart hatası (SH) ve odds oranı (Ψ)

	Erken dönem				Orta dönem				Geç dönem			
	b	SH	Ψ	%	b	SH	Ψ	%	b	SH	Ψ	%
AO	0,57 ^a	0,188	1,77	17	1,34 ^a	0,225	3,80	16	0,56 ^a	0,223	1,75	11
BK	0,55 ^a	0,181	1,73	19	0,39 ^b	0,265	1,48	7	0,44 ^{ab}	0,220	1,55	11
ÖZK	0,27 ^{ac}	0,188	1,31	15	0,30 ^b	0,265	1,35	7	0,39 ^{abc}	0,216	1,48	11
UVK	-0,36 ^b	0,225	0,70	9	0,00 ^b	0,288	1,00	6	0,04 ^{bc}	0,237	1,04	9
AKS	0,00 ^{bc}	0,000	1,00	13	0,00 ^b	0,000	1,00	6	0,00 ^c	0,000	1,00	8

Aynı sütunda farklı harfler ile gösterilen ortalamalar arasındaki farklar önemlidir ($P<0,05$).

Canlı ağırlık başına düşen akar yoğunluğuna bakıldığında her denemede farklılık gösterdiği Şekil 10'da görülmektedir. En düşük akar yoğunluğu ilk denemede, en yüksek ise son denemede gözlenmiştir.

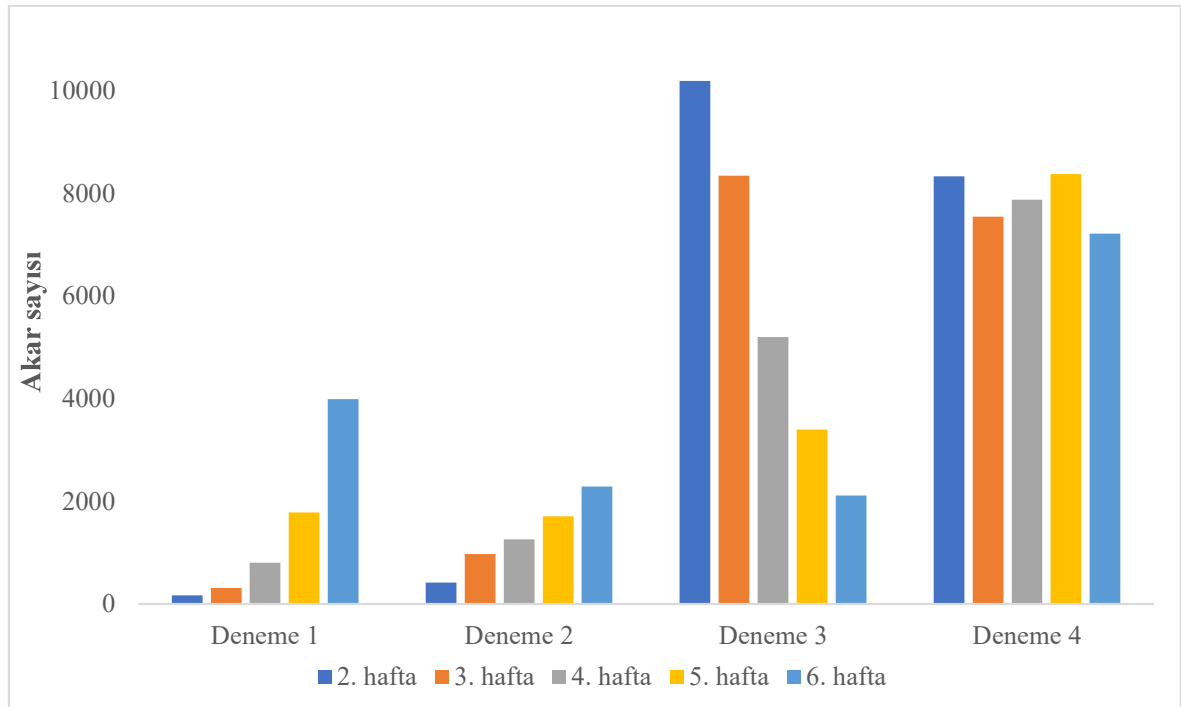
P^+ ve P^- çevrelerinde AG'ye göre deneme sonu CA'nın en küçük kareler ortalaması Şekil 11'de sunulmuştur. P ve AG faktörlerinin CA üzerine etkisi önemli bulunmuştur ($P<0,0001$). Ancak P ve AG etkileşimi önemsizdir ($P=0,1723$). P^+ çevredeki tüm akraba gruplarının P^- çevresindeki eş akraba gruplarından daha düşük bir canlı ağırlıkla denemeyi tamamladıkları görülmektedir (Şekil 11, $P<0,0001$). Canlı ağırlıktaki bu farklılık her bir AG için oransal olarak benzer düzeydedir (%5-%6). Hem P^+ hem de P^- çevresinde en yüksek canlı ağırlığa UVK ve AKS gruplarının, en düşük canlı ağırlığa ise ÖZK grubunun sahip olduğu görülmektedir.

Tablo 7

Enfeste ve kontrol çevresindeki kuşlara ilişkin haftalık canlı ağırlık (CA, g), hayvan başına günlük yem tüketimi (GYT, g), hematokrit değerine (HEMA) ait varyasyon kaynaklarına (VK) göre önem seviyeleri

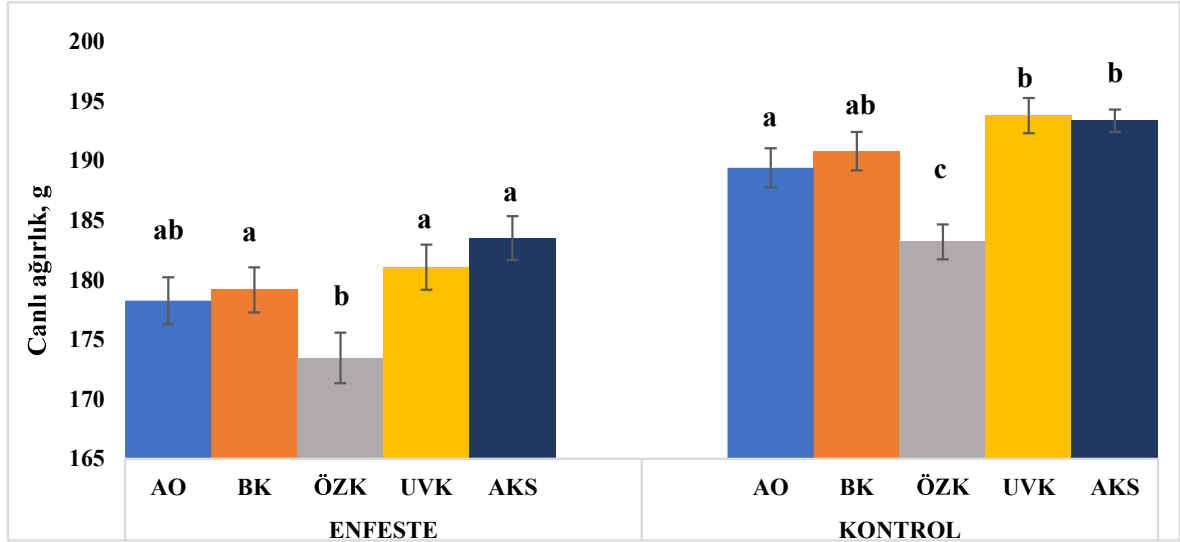
VK	CA	GYT	HEMA	VK	CA	GYT	HEMA
AG	<,0001	<,0001	<,0001	D*AG*YAŞ	<,0001	0,8243	<,0001
DNM	<,0001	<,0001	<,0001	DNM*P*AG	0,0251	0,2652	<,0001
P	<,0001	<,0001	0,0070	DNM*P*YAŞ	<,0001	<,0001	<,0001
C	<,0001	.	<,0001	P*AG*YAŞ	0,0148	0,9473	0,0002
YAŞ	<,0001	<,0001	<,0001	C*AG*YAŞ	<,0001	.	0,0526
BCA	<,0001	.	.	C*DNM*AG	0,4155	.	<,0001
AG*YAŞ	<,0001	0,9004	<,0001	C*P*AG	0,7872	.	0,0006
DNM*AG	0,0001	0,0235	<,0001	C*P*YAŞ	0,0122	.	0,0931
DNM*YAŞ	<,0001	<,0001	0,0035	C*DNM*YAŞ	0,0003	.	0,2931
DNM*P	<,0001	<,0001	<,0001	C*DNM*P	0,9104	.	0,0037
P*AG	0,1723	0,5341	<,0001	C*DNM*AG*YAŞ	0,005	.	<,0001
P*YAŞ	<,0001	<,0001	<,0001	C*DNM*P*AG	0,0535	.	<,0001
C*AG	0,7292	.	0,0058	C*P*AG*YAŞ	0,2413	.	0,0262
C*YAŞ	<,0001	.	<,0001	C*DNM*P*YAŞ	0,0611	.	0,0122
C*P	0,0555	.	0,0147	DNM*P*AG*YAŞ	<,0001	0,9858	<,0001
C*DNM	0,0066	.	0,0001	C*DNM*P*AG*YAŞ	0,0027	.	<,0001

AG: Akraha grubu; DNM: Deneme; P: Parazit C: Cinsiyet; BCA: Başlangıç canlı ağırlığı

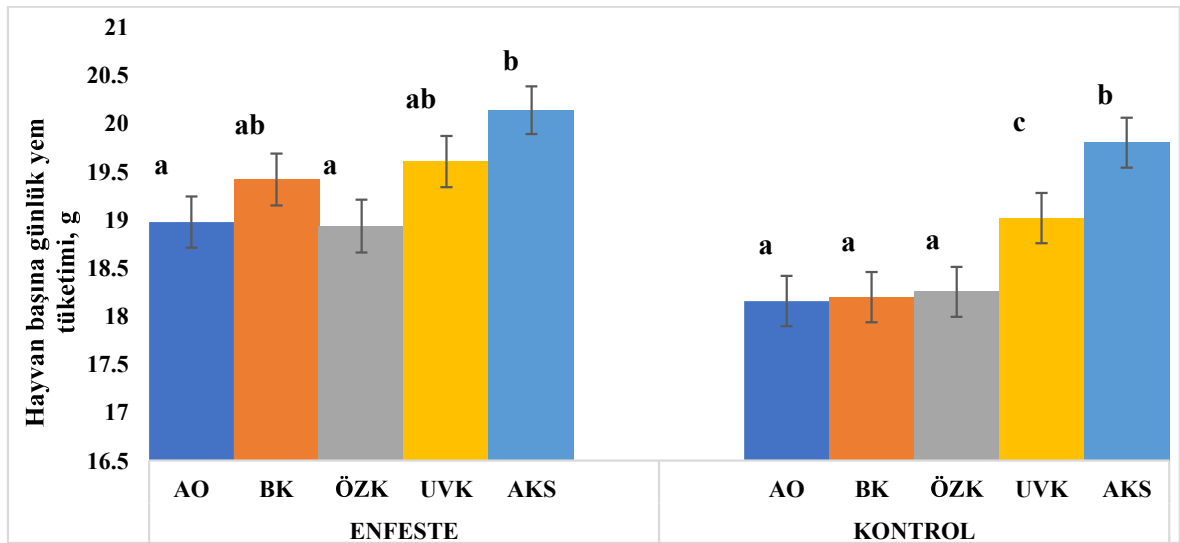


Şekil 10. Denemelere göre gram canlı ağırlık başına akar sayısı

Şekil 12’de gruplara ait GYT sunulmuştur. Tablo 7’te görüldüğü üzere P ve AG etkisi istatistiksel açıdan önemli iken ($P<0,0001$) P*AG etkileşiminin istatistiksel açıdan önemsiz olduğu görülmektedir ($P=0,5341$). Enfeste grubu hayvanlar enfeste olmayanlara göre daha fazla yem tüketmişlerdir. P⁺ kuşları, P⁻ kuşlarından daha fazla yem tüketirken, AKS en yüksek yem tüketimine sahiptir.

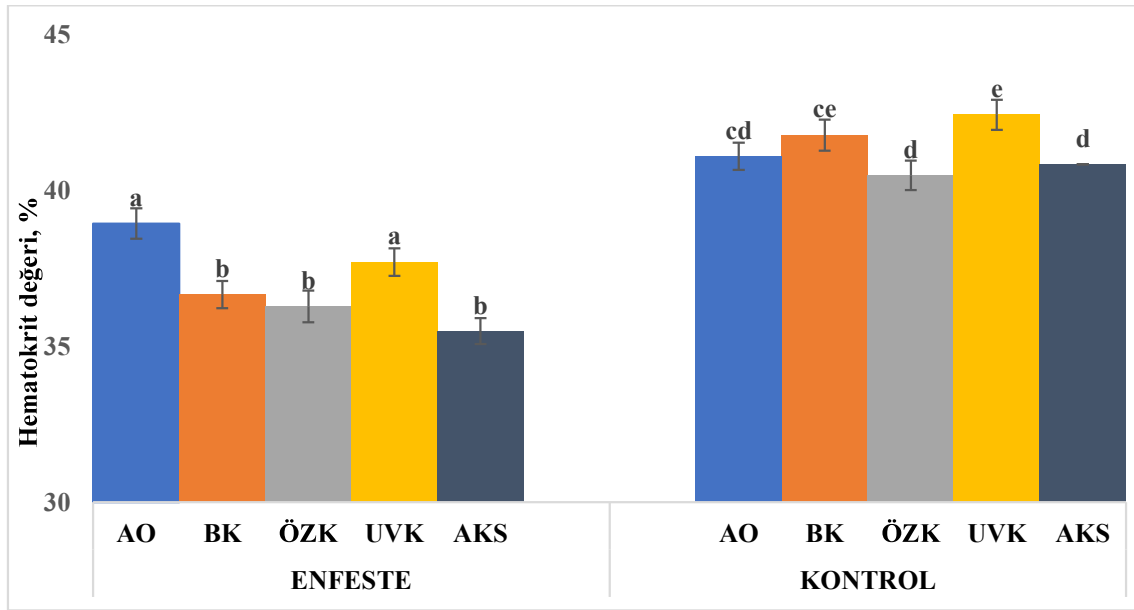


Şekil 11. Enfeste ve kontrol çevrelerinde deneme sonu canlı ağırlığına ilişkin en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları (Parazit çevrelerinin kendi içlerindeki farklı harfler farklılıkların önemliliğini göstermektedir $P<0,05$)



Şekil 12. Enfeste ve kontrol çevrelerinde hayvan başı günlük yem tüketimine ilişkin en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları (Parazit çevrelerinin kendi içlerindeki farklı harfler farklılıkların önemliliğini göstermektedir $P<0,05$)

Tablo 7’de görüldüğü gibi P, AG ve P*AG etkileşimi hematokrit değeri üzerine etkilidir ($P \leq 0,0070$). Hematokrit değeri P^- çevresindeki kuşlarda %40 ve %42 arasında değişirken P^+ çevresindeki kuşlarda bu değerler %35 ile %39 arasındadır. Her iki çevrede de AKS ve ÖZK kuşlarının hematokrit değerleri benzerdir. P^+ çevresinde AO ve UVK diğer akrabalı yetişmiş kuşlardan daha yüksek hematokrit değerine sahipken P^- çevresindeki AG’lerde net bir yönelim görülmemektedir.



Şekil 13. Enfeste ve kontrol çevrelerinde hematokrit değerlerine ilişkin en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları (Farklı harfler farklılıkların önemliliği göstermektedir $P_{P*AG} < 0,05$)

Denemelerde meydana gelen ölümlere bakıldığında ilk üç denemede P etkisi bakımından istatistiksel bir farklılık görülmemektedir ($P > 0,05$). Dördüncü denemede ise ölüm olasılığının enfeste edilen grupta enfeste edilmeyen gruba göre %36,6 daha yüksek olduğu görülmektedir. P ve AG arasında bir etkileşim olmamasına rağmen, AG'ye göre P^+ ve P^- çevrelerinin kendi içinde yapılan genel bir ölüm oranı analizi sonucunda, P^+ kuşlarda AKS grubunun AO, BK ve ÖZK gruplarından daha düşük ölme olasılığına sahip olduğu görülmektedir (Tablo 9).

Tablo 8

Kontrol ve enfeste gruplarında meydana gelen ölümlere ilişkin tahmin değerleri (b) ile standart hataları (SH), odds (Ψ) oranları ve önem seviyeleri (P)

		b	SH	Ψ	P değeri	
Deneme 1	Enfeste	-0,003	0,063	0,997	P	0,2463
					AG	0,6958
					P*AG	0,6252
Deneme 2	Enfeste	0,000	0,055	1,000	P	0,4742
					AG	0,0081
					P*AG	0,5238
Deneme 3	Enfeste	-0,053	0,071	0,949	P	0,5009
					AG	0,7108
					P*AG	0,7881
Deneme 4	Enfeste	0,312	0,111	1,366	P	<,0001
					AG	0,0693
					P*AG	0,1867

Kontrol grubu için b=0 Ψ =1 dir.

Tablo 9

Akraba gruplarında meydana gelen ölümlere ilişkin tahmin değerleri (b) ile standart hataları (SH), odds (Ψ) oranları ve önem seviyeleri (P)

		b	SE	Ψ	P değeri	
Enfeste	AO	0,05	0,091	1,05	DNM	<,0001
	BK	0,10	0,091	1,11	AG	0,0608
	ÖZK	0,05	0,092	1,05	DNM*AG	0,0849
	UVK	0,00	0,092	1,00		
Kontrol	AO	0,00	0,061	1,00	DNM	0,5267
	BK	0,00	0,061	1,00	AG	0,4640
	ÖZK	0,05	0,062	1,05	DNM*AG	0,8141
	UVK	0,00	0,061	1,00		

AKS grubu için b=0 Ψ =1 dir.

4.2.2. Tartışma

Akrabalı yetişme depresyonunun canlı ağırlık, üreme, yaşama gücü gibi özellikler üzerinde olumsuz etkilere sebep olabileceği farklı yazarlarca da dillendirilmiştir (Sittmann vd., 1966; Callerri vd., 2006; Norberg ve Sørensen, 2007; Selvaggi vd., 2010; Patiabadi vd., 2016). Öte yandan popülasyonda akrabalı yetişmenin iyi ve kötü etkileri bir arada bulunabilir (Barczak vd., 2009). Bu çalışmada da akrabalı yetişme katsayısının artması

canlı ağırlık ortalamasının düşmesine neden olmuştur. Hem P⁺ hem de P⁻ çevresinde en yüksek canlı ağırlık ortalamaları akrabasız [AKS (F=0,000)] ve üvey kardeş [UVK (F=0,125)] grubuna, en düşük canlı ağırlık ortalaması ise öz kardeş [ÖZK (F=0,25)] grubuna aittir. Enfestasyon nedeniyle her bir akrabalı yetiştirme grubunda (AG) CA bakımından %5 ile %7 arasında değişen bir düşme gözlenmiştir. *D. gallinae*'nin büyüme üzerindeki bu olumsuz etkisi çeşitli çalışmalarda belirtilmiştir (Keçeci vd.,2004; Kilpinen ve Steenberg 2009; Erdem vd., 2020; Erdem ve Savaş, 2021). Bu etki, farklı akrabaların çiftleşmesinden elde edilen akrabalı yetiştirilmiş kuşları benzer şekilde etkiliyor gibi görünmektedir. Bu sonuç büyüme için akrabalı yetiştirme depresyonunun şiddetinin parazit enfestasyonu altında değişmediğini göstermektedir.

Ana oğul (AO), baba kız (BK) ve ÖZK akraba grupları aynı akrabalı yetiştirme katsayısına sahiptir. Ancak görüldüğü gibi akrabalı yetiştirmeden aynı şekilde etkilanmemektedirler. Muhtemelen akrabalı yetiştirme depresyonu akrabalı yetiştirme katsayısı ile doğrusal bir ilişki içinde değildir (Sittmann vd., 1966; Kulenkamp vd., 1973). Akrabalı yetiştirilmiş bireyler aynı akrabalı yetiştirme katsayısına sahip olsalar bile farklı akraba çiftleştirmeleri aynı etkilere sahip olmayabilir (Erdem ve Savaş, 2022). Bununla birlikte, ana veya baba ile yavru arasındaki akrabalık katsayısı kesinlikle 0,5 olduğundan ve ayrıca kuşlarda erkek yavrular anadan aynı cinsiyet kromozomuna ve dişi yavrular babadan tek cinsiyet kromozomuna sahip olduğundan ana oğul ve baba kız çiftleştirmelerinden elde edilen (AO ve BK) yavrularda daha büyük akrabalı yetiştirme depresyonu beklenmektedir. Çünkü aynı atadan gelen genlerin bir araya gelebilme beklentisi daha olasıdır. Teorik olarak, öz kardeşler aynı genlere sahip olabilir veya tamamen farklı genlere sahip olabilirler. Bilindiği gibi 0,5 değeri ortalama akrabalık katsayısını vermektedir. Bu nedenle örneğin insanda moleküler yöntemlerle baba veya annenin belirlenmesi kardeşlerin belirlenmesine göre daha kolaydır (Pinchuk, 2018).

Ancak bu çalışmada ÖZK grubunda CA bakımından AO ve BK grubundan daha yüksek akrabalı yetiştirme depresyonu gözlemlenmiştir. Embriyo kayıplarına ve çıkış ağırlıklarına bakıldığında, AO ve BK yumurtalarının ÖZK ve UVK yumurtalarına göre daha yüksek embriyo kayıplarına ve daha düşük çıkım oranlarına sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu sonuçların yanı sıra, AO ve BK'den elde edilen palazların çıkım ağırlığı diğer AG'lerden daha yüksek olarak gerçekleşmiştir. Palazların nispeten yüksek bir yaşama

gücü ve kondisyonla yumurtadan çıkmaları muhtemeldir. Çalışmada kullanılan bu palazlar AO ve BK grubunun ÖZK grubuna göre daha iyi bir CA ile çalışmayı tamamlamasına neden olmuş olabilir. Burada meydana gelen durum aslında letal allellerin doğal seçim yolu ile popülasyondan arınmasına bir örnek teşkil etmektedir. Akrabalı yetiştirme ile homozigotlaşmanın artması çekinik durumdaki letal allellerin homozigot duruma geçerek etkilerini göstermesine (buradaki durumda embriyo aşamasında kayıplara neden olmakta) ve popülasyondan ayıklanmalarına neden olmaktadır. Böylece popülasyondaki letal genlerin frekansı azalmakta ve akrabalı yetiştirme depresyonunun etkileri azalmaktadır. Bu olaya genetik arınma (genetic purging) denilmektedir.

Ana etkiler GYT'yi etkilese bile parazit (P) AG etkileşimi istatistiksel anlamda önemsizdir. Akrabalı yetiştirilmiş grupların akrabasız yetişen gruptan daha az yem tükettikleri ve parazite maruz kalan tüm grupların yem tüketiminin arttığı görülmektedir. Oransal olarak yem tüketiminin kontrole göre en çok arttığı grup ise %6 ile BK grubudur. Canlılar herhangi bir olumsuz etmene /strese maruz kaldıklarında bununla başa çıkabilmek için çeşitli yollar izlemektedirler. Bunlardan biri yem alımını arttırarak bu stres faktörünün etkilerini en aza indirmek olmaktadır. Dördüncü bölümde (Başlık 4.1. Yumurtacı Piliçlerde Genotip X Kırmızı Akar Enfestasyonu X Besleme Etkileşimi) ad-libitum koşullarda beslenen ve parazite maruz kalan kuşların yem tüketimini arttırarak enfeste olmayan kuşlar ile aynı canlı ağırlık düzeyinde deneme sonuna ulaştıkları, ancak yem kısıtı uygulandığı durumda ise enfeste kuşların daha düşük deneme sonu canlı ağırlığına sahip olduğu gösterilmektedir. Bu durumun aksine enfestasyon sonucu yem alımının düştüğüne dair bildirişler de bulunmaktadır (Williams, 2003; Erdem vd.,2020). Bu durum muhtemelen enfestasyonun şiddetinden kaynaklanmaktadır.

D. gallinae enfestasyonuna maruz kalan kuşlarda anemi şekillenebilmektedir (Chauve, 1998; Kilpinen vd., 2005; Erdem vd., 2020). Hematokrit değerleri hem P hem de AG'ler arasında önemli ölçüde farklılık göstermektedir ($P<0,05$). Hematokrit değeri P^+ çevresinde P^- çevresine göre daha düşüktür. Enfeste akraba grupları arasında AO ve UVK grubunun diğer akraba gruplarına göre hematokrit değerinin yüksek olması dikkat çekicidir. Yüksek hematokrit seviyesine sahip kuşlar, strese maruz kaldıklarında bu duruma daha kolay uyum sağlayabilmektedir (McWilliams, 2008). Hematokrit seviyesi doğrudan oksijen taşınımını etkilemektedir. Düşük hematokrit seviyesi, bir başka deyişle

anemi doku ve organlara oksijen taşınımını sekteye uğratarak hipoksiye neden olabilmektedir. Kandaki düşük oksijen seviyesi (hipoksi) ise homeostasinin bozulmasına neden olur (Zhang, 1998).

D. gallinae enfestasyonlarında enfestasyon yoğunluğunun artması sonucunda ölümler gözlemlenmektedir (Chauve, 1998; Chirico vd., 2003; Erdem vd., 2020). Denemelerde meydana gelen ölümlere bakıldığında muhtemelen enfestasyon düzeyinin düşük olması nedeniyle ilk üç denemede ölüm olasılığı enfeste edilen ve edilmeyen gruplarda benzerdir. Ancak son denemede enfestasyon düzeyinin artmasıyla birlikte P^{+} 'de P^{-} çevresine göre ölüm oranında bir artış görülmüştür (Şekil 10 ve Tablo 8). Bu anlamda parazitin bıldırcınlarda ölüm oranlarına etkisi görülmektedir. Enfeste kuşlarda AKS'ye kıyasla AO, BK ve ÖZK'de ölüm olasılığında da hafif bir artış gözlenmiştir (Tablo 9). Ancak, burada çalışmanın önemli etkilerinden olan enfestasyon şiddetinin etkili olabileceğini belirtmek gerekir.

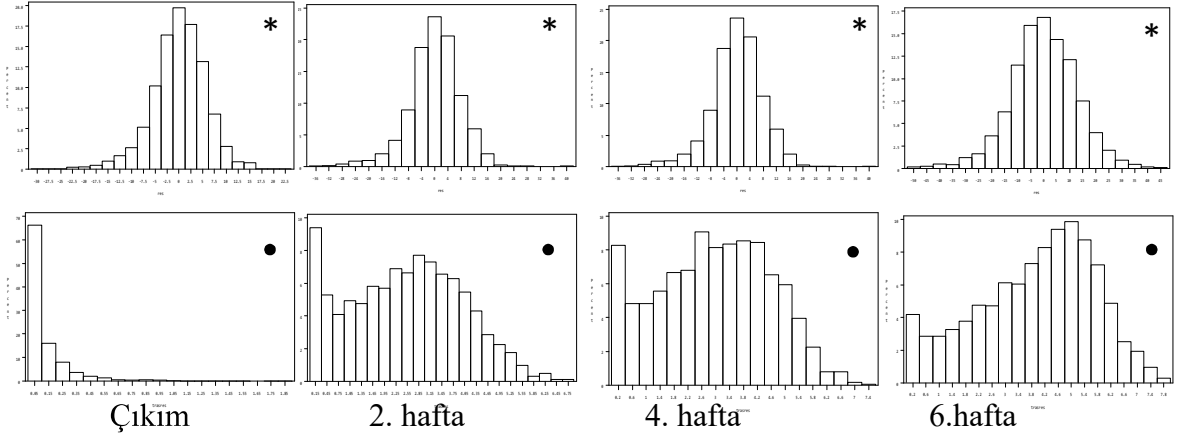
4.3. Üniform Büyümenin Kantitatif Genetik Kontrolü

4.3.1. Çalışma Bulguları

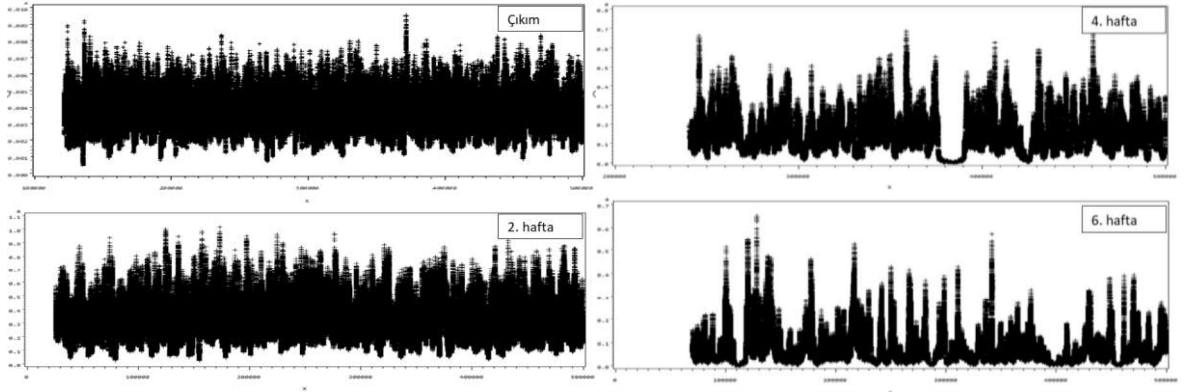
Model 1 ile analiz edilen canlı ağırlığın kalıntısının transformasyon öncesi dağılımlarına bakıldığında normale yakın bir dağılım sergiledikleri, transformasyon sonucu bu durumun değiştiği görülmektedir (Şekil 14). Analiz sonrasında çıkım ve 2. haftaya ait kalıntı genetik varyansları Gibbs zincirlerinin yönelimi ile dağılımlarının 4. ve 6. Haftalara ait kalıntı genetik varyanslarından daha iyi görüldüğü gözlenmektedir (Şekil 15 ve 16).

Model 1 ile haftalara göre elde edilen kalıntıya ait genetik parametre tahminleri Tablo 10'da gösterilmektedir. Çıkım (0. hafta) ve 2. hafta canlı ağırlığın kalıntısına ait kalıtım dereceleri 4. ve 6. haftalara ait kalıtım derecelerine göre daha yüksektir. Canlı ağırlığa ilişkin kalıtım derecelerinin ise çıkım ile 4. hafta ve 2. hafta ile 6. hafta birbirlerine benzer değerlerde olduğu görülmektedir. Kalıntıya ait genetik varyasyon 6. haftada en düşük, 2. haftada ise en yüksek düzeydedir. Kalıntıya ait genetik varyanslara bakıldığında ise varyansın belirli bir yöneliminin olmadığı, düzeltilmiş genetik varyansın ise haftalara göre yükseldiği gözlenmektedir. Kalıntıya ait hata varyansının toplam varyasyondaki payı haftalara göre artmaktadır. DIC değerlerine bakıldığında en iyi değer çıkımda elde edildiği görülmektedir. Tablo 11'de bulunan haftalar arasında kalıntıya ilişkin genetik

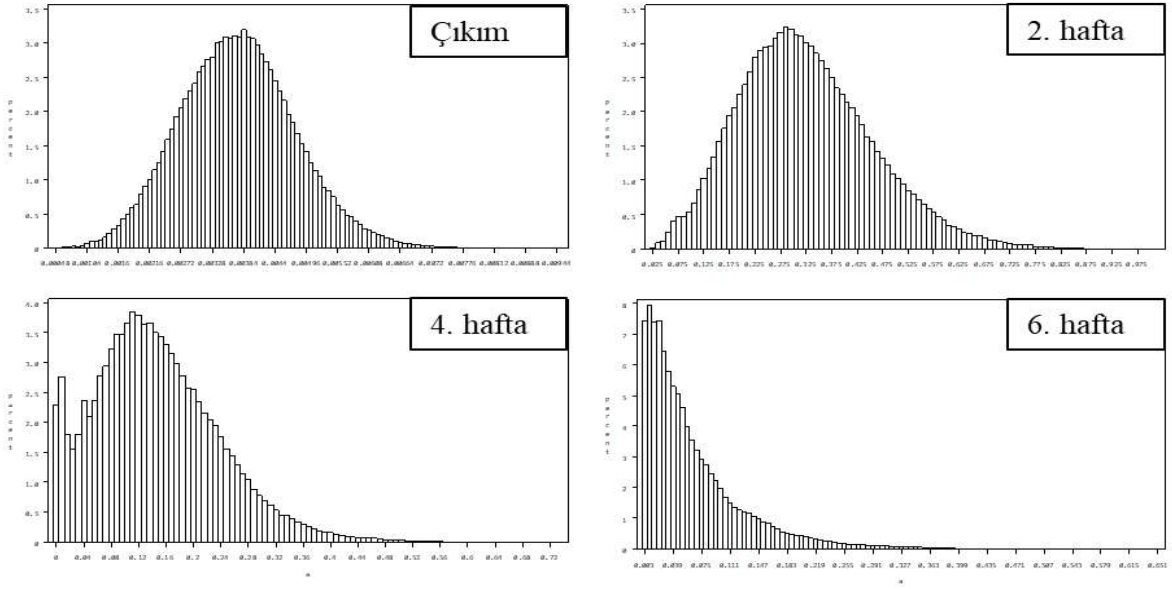
korelasyonlara bakıldığında çıkım, 2. hafta ve 4. haftalar arasında pozitif yönlü yüksek bir ilişki gözlenmektedir. Ancak 6. hafta kalıntı diğer haftalar ile nispeten daha düşük bir genetik ilişkiye sahiptir. Haftalar arasındaki kalıntıya ait fenotipik korelasyonlar ise genetik korelasyonlara göre düşük bir seviyededir.



Şekil 14. Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları



Şekil 15. Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyans Gibbs tahmin zincirleri



Şekil 16. Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarının genetik varyanslarına ait son dağılımlar

Tablo 10

Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler

	Çıkım	2. hafta	4. hafta	6. hafta
h^2	0,62	0,44	0,63	0,48
Sh	0,025	0,043	0,052	0,061
h_v^2	0,017	0,040	0,007	0,005
SH	0,0045	0,0151	0,0042	0,0047
h_{res}^2	0,12	0,15	0,06	0,02
GCV_E	0,49	0,54	0,34	0,20
σ_{Av}^2	0,017	681,8	1502,6	2577,4
σ_a^2	0,0037	0,3246	0,1468	0,0638
(SS)	(0,0010)	(0,1311)	(0,0909)	(0,0624)
σ_e^2	0,0264	18,865	24,188	30,150
(SS)	(0,0009)	(0,0919)	(0,0896)	(0,0971)
DIC	-4,039	10,846	287,457	13,998

h^2 =Canlı ağırlığa ait kalıtım derecesi; h_v^2 =Kalıntıya ait düzeltilmiş kalıtım derecesi; h_{res}^2 = Kalıntı varyansından elde edilen kalıtım derecesi; GCV_E =Genetik varyasyon katsayısı; σ_{Av}^2 = Kalıntıya ait düzeltilmiş eklemeli genetik varyans; σ_a^2 = Kalıntıya ait eklemeli genetik varyans; σ_e^2 = Kalıntıya ait hata varyansı; Sh= Standart hata; SS= standart sapma; SH= yaklaşık standart hata; DIC= Sapma bilgi ölçütü (Deviance Information Criterion)

Tablo 11

Birey modelinde (Model 1) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik ve fenotipik korelasyonlar

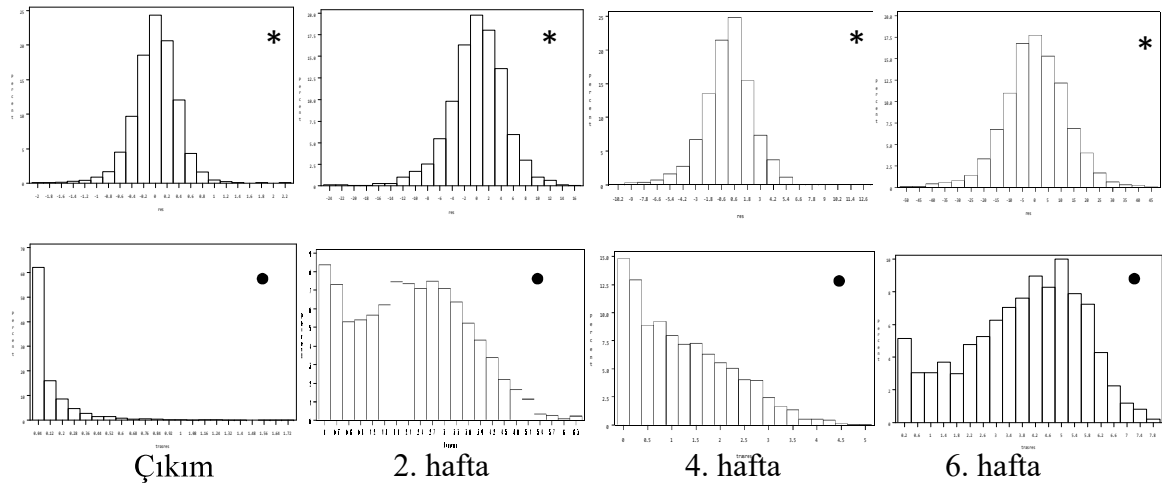
	Çıkım	2. hafta	4. hafta	6. hafta
Çıkım		0,65	0,74	0,48
2. hafta	0,09		0,90	0,57
4. hafta	0,21	0,35		0,39
6. hafta	0,09	0,15	0,18	

Köşegenin üst kısmında kalan değerler genetik korelasyonları, köşegenin altında kalan değerler fenotipik korelasyonları ifade etmektedir.

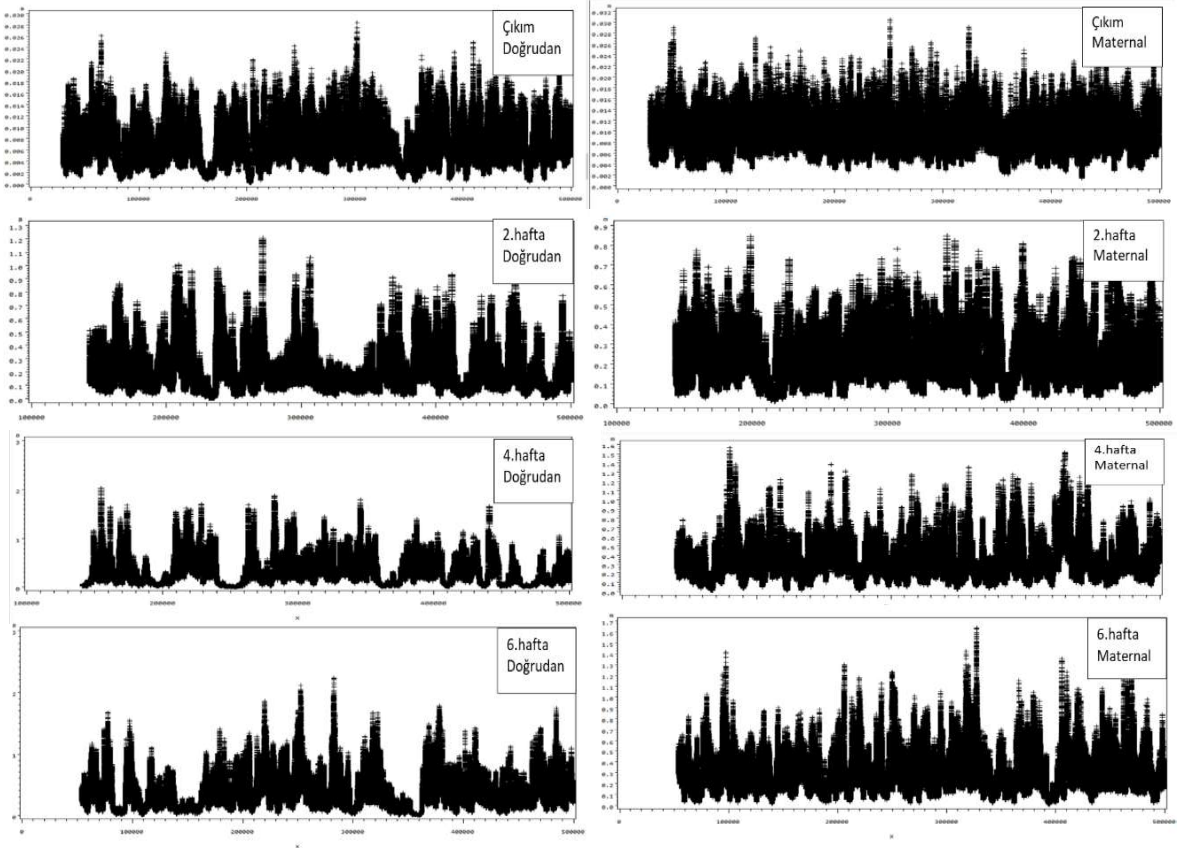
Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (denklem 3.4) transformasyon öncesi canlı ağırlığın kalıntısına ilişkin dağılımlara bakıldığında normal bir dağılım sergiledikleri görülmektedir. Transformasyon sonrası bu durumun değiştiği gözlenmektedir (Şekil 17). Analiz sonrası elde edilen maternal genetik varyans Gibbs zincirlerinin doğrudan genetik varyans Gibbs zincirlerine göre yönelimleri daha iyi görünmektedir (Şekil 18). Ek olarak maternal genetik varyanslara ait dağılımların normal dağılıma daha yakın oldukları, doğrudan eklemeli genetik varyanslara ait dağılımların ise nispeten daha yanlı oldukları görülmektedir (Şekil 19).

Denklem 3.4 ile haftalara göre elde edilen kalıntı genetik parametre tahminleri Tablo 12’de gösterilmektedir. Haftalara göre canlı ağırlığın kalıntısına ait doğrudan ve maternal düzeltilmiş kalıtım dereceleri en yüksek 6. hafta için, en düşük ise 4. hafta için tahmin edilmiştir. Canlı ağırlığa ait doğrudan kalıtım derecelerinde ise çıkımdan 6. haftaya doğru kadar bir artış görülmektedir. En düşük kalıtım derecesi çıkımda 0,17 olarak, en yüksek ise 4. haftada 0,57 olarak tahmin edilmiştir. Canlı ağırlığa ait maternal kalıtım derecelerinin çıkımdan 6. haftaya doğru azalma eğiliminde olduğu görülmektedir. En yüksek kalıtım derecesi çıkımda 0,70 olarak tahmin edilmiştir. Doğrudan ve maternal genetik etki arasındaki negatif yönlü güçlü bir genetik ilişki olduğu görülmektedir. Doğrudan ve maternal genetik varyasyon katsayılarına göre en yüksek varyasyon çıkım ağırlığında gerçekleşmiş, haftalar ilerledikçe azalmıştır. Kalıntıya ait varyansların haftalara göre yükseldiği görülmektedir. Kalıntıya ait hata varyansının toplam varyanstaki payı çıkımdan 6. haftaya doğru sırasıyla %57, %87, %81 ve %81 olarak gerçekleşmiştir. Modele (denklem 3.4) ilişkin DIC değerlerine göre en iyi değer çıkım ağırlığı kalıntısının analizinde elde edilmiştir.

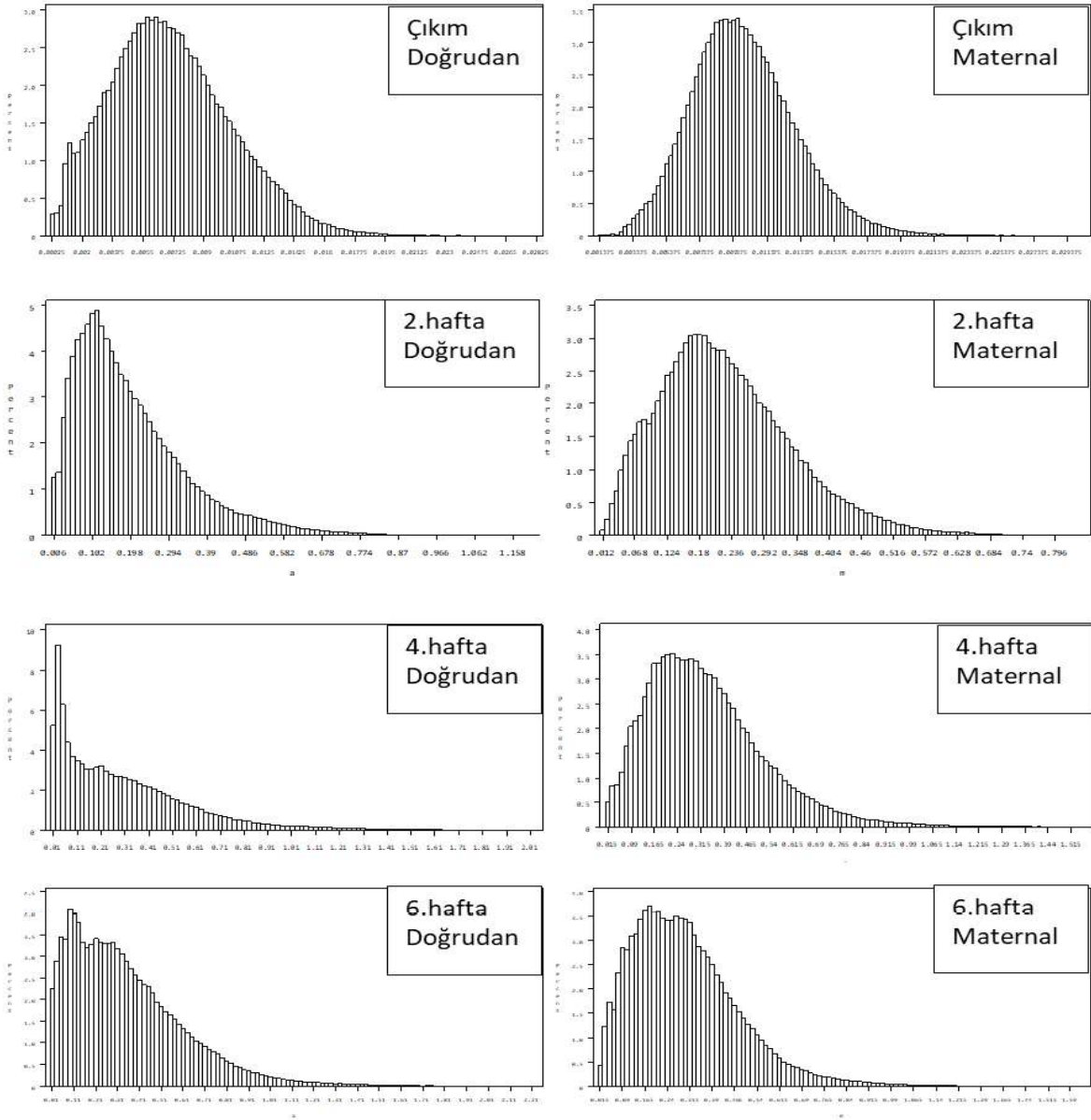
Tablo 13’te haftalar arasında kalıntıya ilişkin genetik korelasyonlara bakıldığında 4. haftanın diğer haftalar ile, 6. haftanın ise çıkım ve 4. hafta ile negatif yönde orta derece bir ilişkiye sahip olduğu görülmektedir. 2. haftaya ait kalıntılar çıkım ve 6. haftaya ait kalıntılar ile pozitif yönlü genetik ilişkiye sahiptir. Kalıntıya ilişkin fenotipik korelasyonlarda ise çıkım ve 2. hafta arasında negatif yönlü ancak düşük bir ilişki söz konusudur. Diğer haftalara ait ilişkiler ise pozitif yönlüdür. Özellikle 2.-4. ve 4.-6. haftalar arasındaki fenotipik korelasyonlar diğer haftalara göre yüksek seviyededir.



Şekil 17. Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları



Şekil 18. Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait Gibbs tahminleri zincirleri



Şekil 19. Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyansların son dağılımları

Tablo 12

Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler

	Çıkım	2. hafta	4. hafta	6. hafta
h^2	0,17	0,33	0,57	0,32
(SS)	(0,043)	(0,079)	(0,080)	(0,128)
h_m^2	0,70	0,41	0,33	0,35
(SS)	(0,042)	(0,059)	(0,053)	(0,063)
h_v^2	0,0043	0,0060	0,0008	0,0090
SH	0,0019	0,0039	0,0006	0,0060
$h_{m_v}^2$	0,0060	0,0068	0,0009	0,0078
SH	0,0014	0,0030	0,0004	0,0040
r_{vam}	-0,78	-0,78	-0,41	-0,89
h_{res}^2	0,17	0,09	0,09	0,10
$hGCV_E$	0,58	0,43	0,41	0,44
$h_{m_{res}}^2$	0,24	0,10	0,10	0,08
$mGCV_E$	0,70	0,46	0,44	0,41
$\sigma_{A_v}^2$	0,018	254,0	426,7	9863,8
σ_a^2	0,007	0,020	0,294	0,351
(SS)	(0,003)	(0,140)	(0,259)	(0,261)
σ_m^2	0,010	0,225	0,332	0,299
(SS)	(0,003)	(0,114)	(0,189)	(0,177)
σ_e^2	0,023	1,672	2,682	2,845
(SS)	(0,002)	(0,086)	(0,152)	(0,159)
DIC	-10,654	22,091	23,89	13,203

h^2 =Canlı ağırlığa ait doğrudan kalıtım derecesi; h_m^2 =Canlı ağırlığa ait maternal kalıtım derecesi; h_v^2 =Kalıntıya ait düzeltilmiş doğrudan kalıtım derecesi; $h_{m_v}^2$ =Kalıntıya ait düzeltilmiş maternal kalıtım derecesi; r_{vam} =Kalıntıya ait doğrudan ve maternal etki arasındaki genetik korelasyon; h_{res}^2 =Kalıntı varyansından elde edilen doğrudan kalıtım derecesi; $h_{m_{res}}^2$ =Kalıntı varyansından elde edilen maternal kalıtım derecesi $m/mGCV_E$ =Genetik varyasyon katsayısı; $\sigma_{A_v}^2$ =Kalıntıya ait düzeltilmiş eklemeli genetik varyans; σ_a^2 =Kalıntıya ait eklemeli genetik varyans; σ_m^2 =Kalıntıya ait maternal varyans; σ_e^2 =Kalıntıya ait hata varyansı; SS=Standart sapma; SH=yaklaşık standart hata; DIC= Sapma bilgi ölçütü (Deviance Information Criterion)

Tablo 13

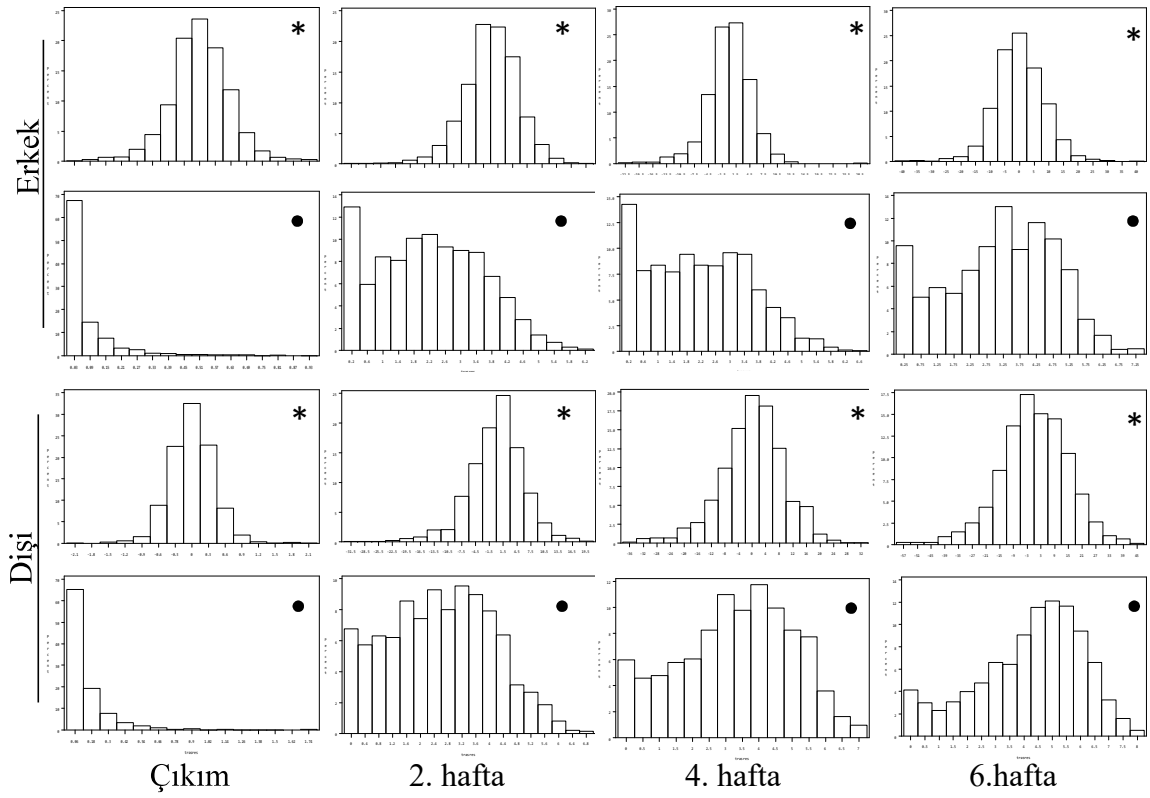
Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (Model 2) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik ve fenotipik korelasyonlar

	Çıkım	2. hafta	4. hafta	6. hafta
Çıkım		0,24	-0,26	-0,35
2. hafta	-0,04		-0,37	0,21
4. hafta	0,06	0,19		-0,37
6. hafta	0,08	0,05	0,20	

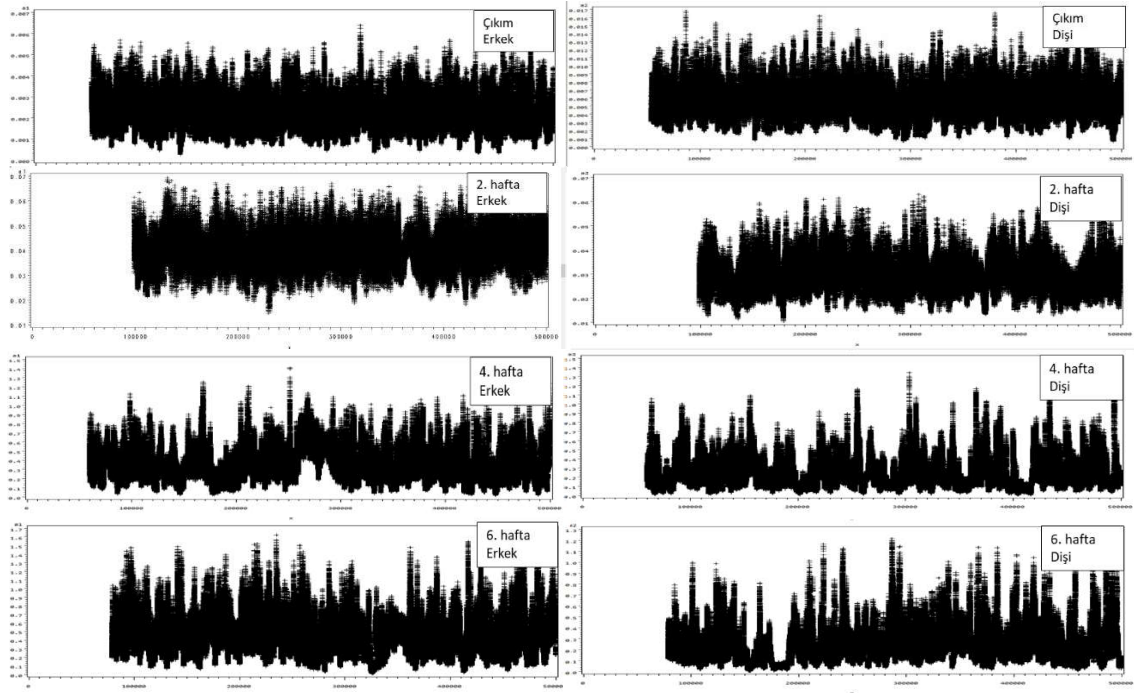
Köşegenin üst kısmında kalan değerler genetik korelasyonları, köşegenin altında kalan değerler fenotipik korelasyonları ifade etmektedir.

Hem erkeklerde hem dişilerde transformasyon öncesi canlı ağırlığın kalıntısına ilişkin dağılımların normal bir dağılım sergiledikleri görülmektedir (denklem 3.5). Transformasyon sonrası ise diğer modellerde olduğu gibi bu durumun değiştiği görülmektedir. Ancak, analiz sonrası elde edilen genetik varyans Gibbs zincirlerinin hem yönelimleri hem de dağılımlarının diğer modellerden daha iyi olduğu görülmektedir.

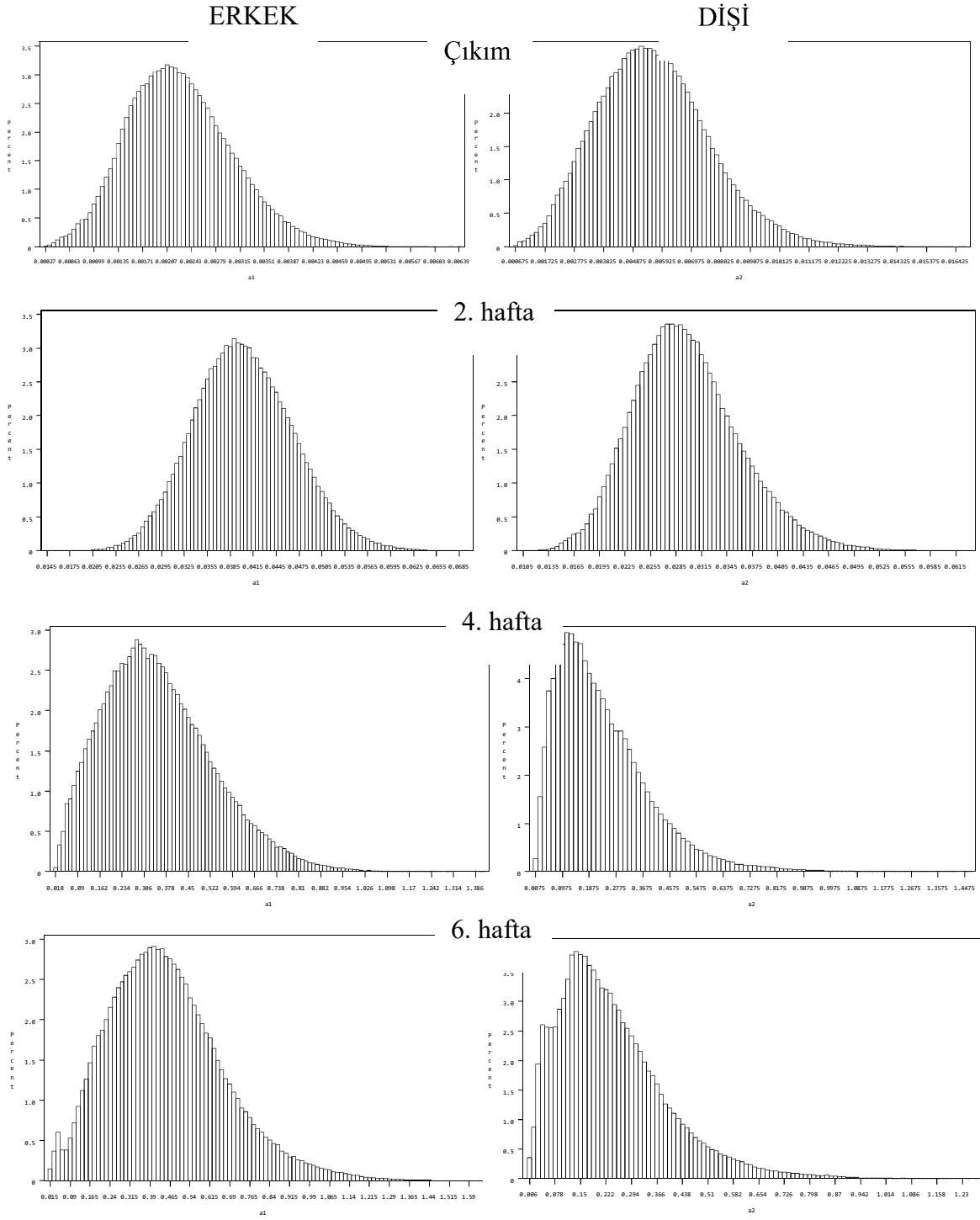
Erkek ve dişi bireylere ait ayrı ayrı tahmin edilen genetik parametreler Tablo 14 de sunulmuştur. Canlı ağırlığın kalıntısına ait düzeltilmiş kalıtım derecelerinde erkeklere ilişkin değerlerin dişilerden düşük olduğu görülmektedir. Canlı ağırlığa ait kalıtım derecelerinde ise dişilerin erkeklerden daha düşük değerlere sahip olduğu görülmektedir. Erkekler için canlı ağırlığa ait kalıtım dereceleri 0,55 ile 0,78 arasında değişirken dişiler için bu değerler 0,39 ile 0,57 arasında değişmektedir. Genetik varyasyon erkek ve dişi bireylerde haftalara göre birbirlerine benzer seyretmektedir. En yüksek genetik varyasyon katsayısı 2. haftada tahmin edilirken en düşük varyasyon ise çıkımda tahminlenmiştir. Erkekler için kalıntıya ait düzeltilmiş varyanslar dişilere göre daha düşük tahmin edilmiştir. Kalıntıya ait hata varyansının toplam varyasyondaki payı 2. hafta hariç %83 ile %93 arasında değişmektedir. 2. haftada bu değer erkekler için %51, dişiler içinse %63'tür. Modele (Denklem 3.5) ilişkin DIC değerlerine bakıldığında en iyi değer diğer modellerde olduğu gibi çıkımda elde edildiği görülmektedir. Haftalara göre kalıntıların erkek ve dişiler arasında genetik korelasyon katsayılarına bakıldığında (Tablo 15) çıkımdan 6. haftaya doğru sırasıyla 0,36, 0,79, 0,05 ve 0,24 şeklinde pozitif yönde değiştiği görülmektedir. Erkek ve dişiler arasında haftalara göre fenotipik korelasyon katsayılarında çıkımda negatif yönlü (-0,12) bir ilişki olduğu görülmektedir. 2 ve 6. haftalar için 0,04 çok düşük olan fenotipik korelasyon katsayıları 4. hafta için 0,21 olarak tahmin edilmiştir.



Şekil 20. Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları



Şekil 21. Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyansların Gibbs tahmin zincirleri



Şekil 22. Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait genetik varyansların son dağılımları

Tablo 14

Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler

	Çıkım		2. hafta		4. hafta		6. hafta	
	ERKEK	DİŞİ	ERKEK	DİŞİ	ERKEK	DİŞİ	ERKEK	DİŞİ
h^2	0,73	0,57	0,55	0,39	0,78	0,54	0,60	0,42
(SS)	(0,037)	(0,035)	(0,061)	(0,063)	(0,060)	(0,071)	(0,073)	(0,089)
h_v^2	0,012	0,028	0,075	0,095	0,008	0,016	0,022	0,022
SH	0,0039	0,0093	0,0092	0,0164	0,0037	0,0101	0,0099	0,0135
h_{res}^2	0,18	0,17	0,49	0,36	0,17	0,08	0,15	0,07
GCV_E	0,55	0,57	0,99	0,85	0,58	0,39	0,55	0,37
$\sigma_{A_v}^2$	0,014	0,026	1368,9	1805,8	1650,7	3218,1	5562,1	15824,3
σ_a^2	0,002	0,006	0,040	0,030	0,351	0,232	0,452	0,240
(SS)	(0,001)	(0,002)	(0,006)	(0,006)	(0,177)	(0,157)	(0,218)	(0,156)
σ_e^2	0,010	0,028	0,042	0,052	1,734	2,729	2,507	3,180
(SS)	(0,0006)	(0,001)	(0,004)	(0,004)	(0,126)	(0,146)	(0,169)	(0,167)
DIC	-36,675		-29,181		9,339		-24,573	

h^2 =Canlı ağırlığa ait kalıtım derecesi; h_v^2 = Kalıntıya ait düzeltilmiş kalıtım derecesi; h_{res}^2 = Kalıntı varyansından elde edilen kalıtım derecesi; GCV_E = Genetik varyasyon katsayısı; $\sigma_{A_v}^2$ = Kalıntıya ait düzeltilmiş eklemeli genetik varyans; σ_a^2 = Kalıntıya ait eklemeli genetik varyans; σ_e^2 = Kalıntıya ait hata varyansı; SS= Standart sapma; SH= Yaklaşık standart hata; DIC= Sapma bilgi ölçütü (Deviance Information Criterion)

Tablo 15

Cinsiyetlere ilişkin birey modelinde (Model 3) haftalık canlı ağırlıklara ilişkin kalıntıya ait genetik ve fenotipik korelasyonlar

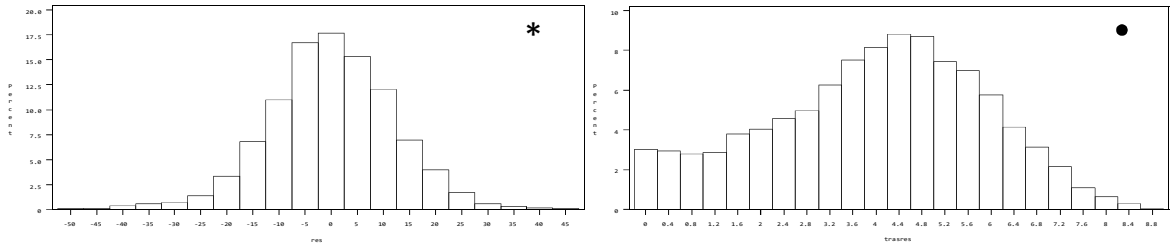
		Çıkım		2. hafta		4. hafta		6. hafta	
		Erkek	Dışi	Erkek	Dışi	Erkek	Dışi	Erkek	Dışi
Çıkım	Erkek		<u>0,36</u>	0,00	0,18	0,17	0,12	0,18	0,01
	Dışi	<u>-0,12</u>		0,43	0,10	0,19	0,40	-0,13	0,28
2. hafta	Erkek	-0,05	0,15		<u>0,79</u>	0,20	0,01	-0,14	0,09
	Dışi	0,26	-0,08	<u>0,04</u>		0,07	-0,09	-0,23	-0,10
4. hafta	Erkek	-0,01	0,05	-0,03	0,08		<u>0,05</u>	0,60	0,13
	Dışi	0,19	-0,12	0,05	0,15	<u>0,21</u>		0,39	0,89
6. hafta	Erkek	0,06	0,03	0,07	0,09	0,40	0,12		<u>0,24</u>
	Dışi	-0,04	0,04	0,16	0,03	0,04	0,47	<u>0,04</u>	

Köşegenin üst kısmında kalan değerler genetik korelasyonları, köşegenin altında kalan değerler fenotipik korelasyonları ifade etmektedir.

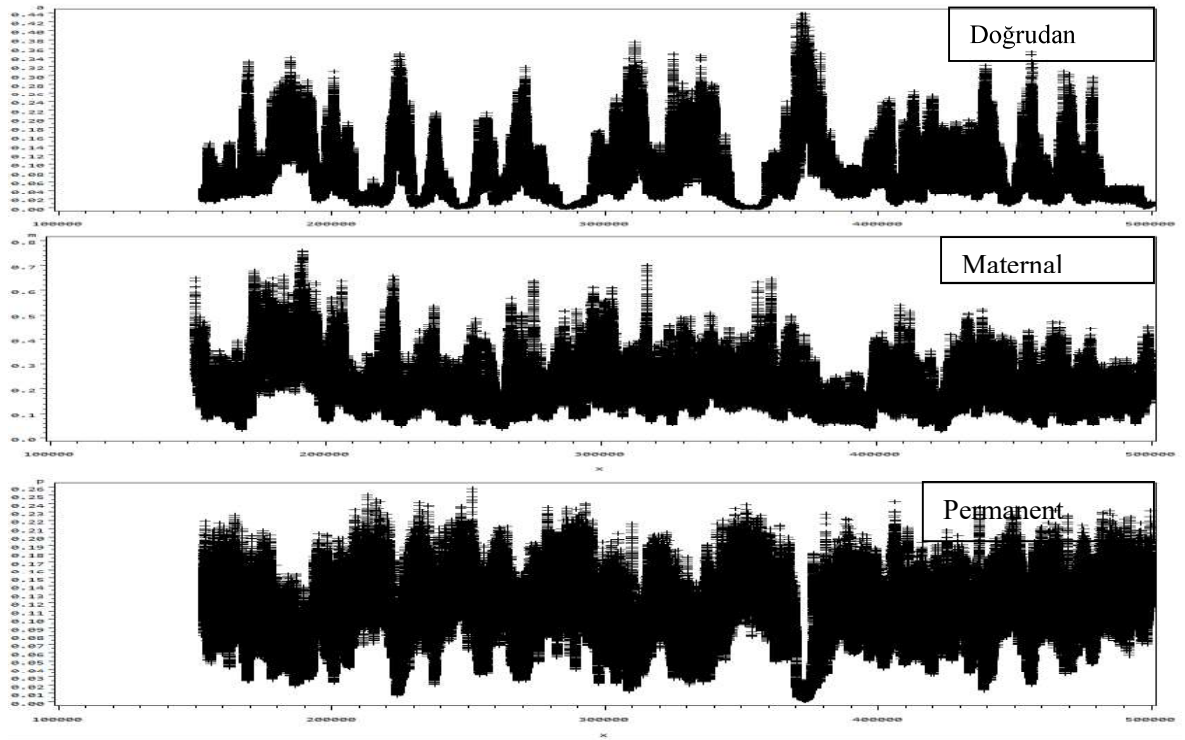
Tekrarlamalı model (denklem 3.6) ile elde edilen canlı ağırlığın kalıntısına ait transformasyon öncesi ve sonrasındaki dağılımlar normal dağılıma yaklaşmaktadır (Şekil 24). Analiz sonrası elde edilen genetik varyansların Gibbs zincirlerinin yönelimi ve

dağılımlarına bakıldığında maternal ve permanent etkilere ait varyanslarınki doğrudan etkiye ait olandan daha düzgün görünmektedir (Şekil 25).

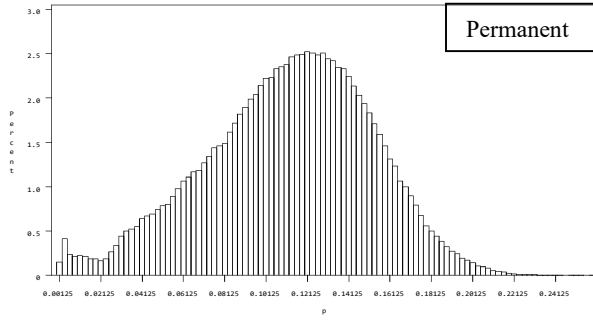
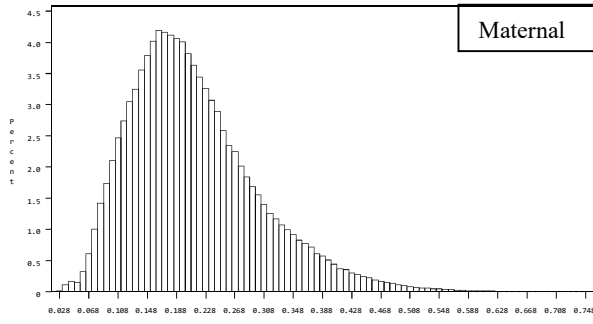
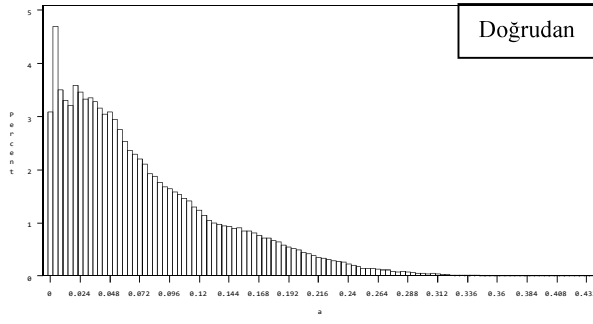
Tekrarlamalı model (denklem 3.6) ile yapılan analizler sonucunda canlı ağırlığın kalıntısına ilişkin tahmin edilen düzeltilmiş doğrudan kalıtım derecesine bakıldığında 0,011, maternal kalıtım derecesinin ise 0,030 olduğu görülmektedir (Tablo 16). Canlı ağırlığa ait doğrudan kalıtım derecesi 0,09 ve maternal kalıtım derecesi 0,20 olarak tahmin edilmiştir. Doğrudan kalıtım derecesi için 0,023 maternal kalıtım derecesi içinse 0,37 değerleri tahmin edilmiştir. Doğrudan ve maternal genetik etki arasındaki genetik ilişkiye bakıldığında negatif yönlü ancak düşük bir ilişki olduğu görülmektedir. Canlı ağırlığın kalıntısına ait hata varyansının toplam varyasyondaki payı %87'dir. Sapma bilgi ölçütüne bakıldığında genellikle diğer modellerdeki değerlerden daha yüksek olduğu görülmektedir.



Şekil 23. Tekrarlı modelde (Model 4) haftalık canlı ağırlıkların kalıntılarına ait transformasyon öncesi (*) ve sonrası (•) dağılımları



Şekil 24. Tekrarlı modelde (Model 4) canlı ağırlığının kalıntısına ait genetik varyansların Gibbs tahminleri zincirleri



Şekil 25. Tekrarlı modelde (Model 4) canlı ağırlığının kalıntısına ait genetik varyansların son dağılımları

Tablo 16

Tekrarlı modelde (Model 4) canlı ağırlığa ilişkin kalıntıya ait genetik parametreler

h^2	0,09	$vGCV_E$	0,23
(SS)	(0,025)	$h_{m_{res}}^2$	0,067
h_m^2	0,20	$mGCV_E$	0,37
(SS)	(0,043)	$\sigma_{A_v}^2$	2403,9
c_p^2	0,02	σ_a^2	0,076
(SS)	(0,013)	SH	(0,064)
h_v^2	0,011	σ_m^2	0,212
SH	0,009	(SS)	(0,088)
$h_{m_v}^2$	0,030	σ_p^2	0,112
SH	0,011	(SS)	(0,040)
$c_{p_v}^2$	0,016	σ_e^2	2,766
SH	0,006	(SS)	(0,045)
r_{vam}	-0,06	DIC	78.272
h_{res}^2	0,024		

h^2 =Canlı ağırlığa ait doğrudan kalıtım derecesi; h_m^2 = Canlı ağırlığa ait maternal kalıtım derecesi; c_p^2 = Canlı ağırlığa ait permanent kalıtım derecesi; h_v^2 = Kalıntıya ait düzeltilmiş doğrudan kalıtım derecesi; $h_{m_v}^2$ = Kalıntıya ait düzeltilmiş maternal kalıtım derecesi; r_{vam} = Kalıntıya ait doğrudan ve maternal etki arasındaki genetik korelasyon; h_{res}^2 = Kalıntı varyansından elde edilen doğrudan kalıtım derecesi; $h_{m_{res}}^2$ = Kalıntı varyansından elde edilen maternal kalıtım derecesi $v/mGCV_E$ = Genetik varyasyon katsayısı; $\sigma_{A_v}^2$ = Kalıntıya ait düzeltilmiş eklemeli genetik varyans; σ_a^2 = Kalıntıya ait eklemeli genetik varyans; σ_m^2 = Kalıntıya ait maternal varyans; σ_e^2 = Kalıntıya ait hata varyansı; σ_p^2 = Kalıntıya ait kalıcı çevre varyansı; SS= standart sapma; SH= yaklaşık standart hata; DIC= Sapma bilgi ölçütü (Deviance Information Criterion)

4.3.2. Tartışma

Damızlık hayvanların seçiminde kullanılmak üzere tahmin edilen damızlık değerlerin dayandığı fenotiplerin analizinde kullanılan genetik istatistiksel yöntemler çevre varyansının tüm popülasyona eşit bir şekilde etki ettiği teorisi üzerine kurulmuştur. Genetik varyansa dahil olmayan varyans unsurları çevre varyansına dahil edilmektedir. Çoğu zaman genetik varyasyonu tam olarak unsurlarına ayırmak mümkün olmayabilmektedir. Kontrollü koşullarda yetiştirilen popülasyonlarda genetik faktörler dışındaki varyasyonun temelinde mikro çevreye ait etkiler yatmaktadır (Janhunen vd., 2012).

Son on beş yıl içerisinde yapılan çalışmalar “çevre varyansının” genetik etkileri de içerebileceğini ve popülasyon içinde heterojen bir yapıya sahip olduğunu ortaya koymuştur (Rowe vd., 2006; Mulder vd., 2008; Wolc vd., 2009). Burada kastedilen “çevre

varyansında” bulunabilen olası genetik varyansın daraltılmasına dönük yürütülecek bir seleksiyon sonucunda popülasyonun üniform bir yapıya sahip olacağı ileri sürülmektedir (Mulder vd., 2009; Silva vd., 2021). Üniform büyümenin genetik kontrolü için yapılan çalışmalar çoğunlukla tek bir zamansal noktadaki fenotip üzerine yapılmıştır. Aynı özelliğin büyüme sürecindeki farklı zamanlarda seyrine ilişkin çalışmaya literatürde rastlanmamıştır. Wolc vd. (2009) etlik piliçlerde 34. gün canlı ağırlığını, Silva vd. (2021) bıldırcınlarda 42. gün canlı ağırlığını, Zonuz vd. (2019) yerel bir tavuk ırkında çıkım ağırlığını, Rowe vd. (2006) etlik piliçlerde 35. gün canlı ağırlığını kullanarak genetik istatistiksel modelden elde edilen kalıntıların varyansında genetik varyansı ortaya çıkarmışlardır. Kalıntı varyansı içindeki bu genetik varyasyondan yararlanılarak ilgili özellik için genetik yönelimin değiştirilebileceği, genetik varyasyon daraltılabileceği savlanmaktadır. Kalıntılardaki genetik varyasyonun daraltılması ile ilgili özellikte popülasyonun üniform bir yapıya dönüşmesi beklenmektedir. Yapılan çalışmaların genelinde genetik varyasyon katsayılarının orta-yüksek değerlere, kalıtım derecelerinin ise düşük değerlere sahip olduğu görülmektedir.

Tez çalışması kapsamında elde edilen genetik parametrelere bakıldığında literatürdeki bilgiler ile benzerlikler olduğu gibi farklılıklar da bulunmaktadır. Buradaki farklılıkların temelinde uygulanan istatistiksel yöntemler ve kullanılan fenotipler yatmaktadır. Tez projesindeki bulgulara bakıldığında model 1 (denklem 3.3) ile gerçekleştirilen analizlerde çıkım ağırlığı ve 2. hafta canlı ağırlığı için tahmin edilen kalıntıya ait kalıtım derecelerinin 4. ve 6. hafta tahmin edilen kalıtım derecelerinden daha yüksek olduğu ve genetik varyasyon katsayısının çıkımdan 6. haftaya doğru azaldığı görülmektedir. Model 2’de ise 4. hafta için tahmin edilen kalıntıya ait kalıtım derecelerinin diğer haftalara göre düşük olduğu görülmektedir. Bivariyet modelde (Model 3, denklem 3.5) tüm haftalarda h^2_p dişiler için erkeklerden daha yüksek tahmin edilmiştir. Bu değerler erkekler için haftalara göre 0,008-0,075 arasında, dişiler için ise 0,016-0,095 değişmekte, en düşük kalıtım derecelerinin 4. haftada, en yüksek ise 2. haftada olduğu görülmektedir. Tekrarlı modelde ise aynı değer 0,011 olarak tahmin edilmiştir. Canlı ağırlığa ait doğrudan kalıtım derecelerine bakıldığında tekrarlı model hariç diğer modellerde neredeyse her hafta için orta-yüksek değerlere sahip olduğu görülmektedir. Maternal etkinin dahil edildiği modellerde ise maternal genetik etkiye ait pay doğrudan genetik etkiye göre nispeten daha yüksektir. Canlı ağırlığa ve kalıntısına ait doğrudan kalıtım derecelerinin birbiri ile paralel

bir seyir göstermedikleri görülmektedir. Örneğin birey modelinde 2. hafta kalıntıya ait kalıtım derecesi çıkıma göre yüksek iken canlı ağırlık için tam tersi bir durum söz konusu olmaktadır.

Kalıntıya ait kalıtım dereceleri ile yaklaşık standart hataları arasındaki ilişkilere bakıldığında birey modellerinde kalıtım dereceleri standart hatalarının çıkım ve 2. hafta canlı ağırlığı için 1,5 ile 3,7 katı, 4. ve 6. haftalar için ise 1-1,6 katı kadar olduğu görülmektedir. Bivariyet modelde (denklem 3.5) çıkım ve 2. hafta canlı ağırlığı için 3 ile 8 katı 4 ve 6. haftalar içinse 1,6-2,2 katı, tekrarlı modelde ise kalıtım derecesi ile standart hatasının birbirine çok yakın olduğu (0,011-0,009) görülmektedir. Buradan birey modellerinden (özellikle çıkım ve 2. haftaya ait) elde edilen kalıtım derecelerinin tekrarlı modele göre daha anlamlı olduğu anlaşılmaktadır.

Tavuk ve bıldırcınlarda farklı yaş dönemlerini içeren çalışmalarda canlı ağırlığın kalıntısına ait rapor edilen genetik varyasyon katsayıları 0,13 ile 0,54 arasında değişmektedir. Bu çalışmada ise genetik varyasyon katsayısı modellere göre değişmekle birlikte 0,23 ile 0,99 arasında değişmektedir. Bu durum bu çalışma özelinde kalıntı varyansında önemli bir genetik varyasyon olduğunu göstermektedir (Mulder vd., 2009).

Birey modellerinde tahmin edilen canlı ağırlığa ait hata varyansının haftalar ilerledikçe toplam varyasyondaki payının arttığı görülmektedir. Eşitlenmiş “makro” çevre faktörleri altında yetiştirilen bu palazlara ilişkin hata varyansının toplam varyasyondaki payının değişmemesi beklenmelidir. Ancak söz konusu duruma, kontrol edilemeyen mikro çevre faktörlerinin her bir bireyi homojen etkilememesi ve büyüme sürecindeki farklı evreleri kontrol eden genetik etkilerin aynı olmamasının neden olabileceği düşünülebilir.

İstatistiksel modeller için sapma bilgi ölçütlerine (DIC) bakıldığında en iyi değerlerin cinsiyetlerin ayrı ele alındığı bivariyet modelden elde edildiği görülmektedir. Silva vd. (2021) yapmış oldukları çalışmada cinsiyetleri ayrı ayrı ele aldıklarında daha düşük DIC değerleri elde ettiklerini bildirmiştir. DIC değerinin düşük olması tahminlerin daha sapmasız olduğunun göstergesidir.

Yapılan literatür çalışmalarının çoğunluğunda büyüme döneminde tek bir zamansal noktadaki canlı ağırlık verileri değerlendirilmiştir. Bu anlamda sadece Silva vd. (2021) ve Neves vd. (2012) çıkım-doğum ağırlıkları ile eşeyssel olgunluk çağındaki canlı ağırlıkları birlikte değerlendirmişlerdir. Bu iki çalışmadan Silva vd. (2012) iki fenotip arasındaki genetik ilişkiye dair bildirişte bulunmuştur. Yazar farklı modellerde çıkım ve 6. hafta canlı ağırlığının kalıntısına ait genetik korelasyonu 0,54-0,71 arasında bildirmiştir. Model 1’de (denklem 3.3) bu iki hafta arasındaki genetik ilişki 0,48 olarak tespit edilmiştir. Ancak maternal etkinin dahil edildiği ikinci modelde (denklem 3.4) ise negatif yönlü (-0,35) bir ilişki söz konusudur. Cinsiyetlere ilişkin üçüncü modele (denklem 3.5) bakıldığında erkekler için bu değer 0,18 dişiler içinse 0,28’dir.

Canlı ağırlığın kalıntısına ilişkin Model 1’den elde edilen genetik korelasyonlara bakıldığında haftalar arasında pozitif yönlü güçlü bir genetik ilişki olduğu görülmektedir. Fenotipik ilişkilerin ise daha düşük seviyelerde olduğu göze çarpmaktadır. Maternal etkinin dahil edildiği Model 2’de ise genetik korelasyonlar orta düzeydedir. Ancak bazı haftalar arasında negatif bir genetik ilişki söz konusudur. Maternal etkinin dahil edildiği birey modelinde (2. model) canlı ağırlığın kalıntısına ait doğrudan ve maternal genetik etki arasındaki genetik korelasyona bakıldığında negatif yönlü güçlü bir ilişki gözlenmektedir. Bu durum maternal genetik etkinin dikkate alınması gerektiğinin bir göstergesidir. Model 3 ile cinsiyetler ilişkin yapılan analizlerde ise her bir hafta için erkek ve dişiler arasındaki genetik korelasyonlara bakıldığında 4. hafta hariç orta-yüksek denilebilecek pozitif yönlü bir ilişki söz konusu iken 4. haftada ise 0,05 düzeyinde çok düşük bir ilişki söz konusudur.

Transformasyon öncesi ve sonrası canlı ağırlığın kalıntısına ilişkin dağılımların farklılaştıkları görülmektedir. Üniformite için yapılacak bir seçimdeki amaç varyasyonun daraltılması için canlı ağırlığın kalıntısını “0”a yakınlaştırmak olacaktır. Kalıntılar negatif ve pozitif değerler alabildiklerinden seçilecek damızlıkların tahmin edilen damızlık değerlerin “0” a yakın olan negatif ve pozitif değerlere sahip olanlarının seçilmesi anlamına gelmektedir. Bu anlamda yapılacak seçimi daha pratik hale getirmek adına transformasyon işlemi sırasında kareleri alınan kalıntılara +1 eklenerek 0 ile 1 arasında kalacak değerlerin logaritmaları alındığında negatif bir değer almaları engellenmiştir. Bu işlem ise negatif değerlerin ortadan kalkarak transforme edilen değerlerin normal dağılımdan sapmasına neden olmuştur. Bu verilerden elde edilen Gibbs zincirlerine ve

yoğunluklarına bakıldığında (tekrarlı model hariç) çıkım ve 2. hafta için tahmin edilen dağılımların daha düzenli olduğu 4 ve 6. haftalarda ise bu durumun bozulduğu görülmektedir.

BEŞİNCİ BÖLÜM

SONUÇ VE ÖNERİLER

Tez projesi kapsamında yapılan her bir çalışma özelinde elde edilen sonuçlara kısaca değinilecek olursa:

1. Birbirleriyle iç içe geçmiş olan besleme ve parazit çevrelerinde büyüme dönemindeki yumurtacı piliç genotipleri ile yapılan çalışmanın açık bir sonucu, besleme değişikliğinin, genotiplerin parazit enfestasyonuna verdiği tepkilerde değişikliklere neden olmasıdır. Bir başka deyişle besleme ve parazit çevreleri arasında bir etkileşimin olduğu, hiyerarşik olarak ise besleme çevresinin “üst çevre” olarak nitelendirilebileceğidir. Genotiplerde büyümenin, parazit enfestasyonunun olması veya olmaması ile farklı besleme seviyelerinde benzer şekilde davrandığına ilişkin hipotez reddedilmiştir. Bu noktada genotip-çevre etkileşimi açıkça gözlenmektedir. Bu çalışma, genotip ve beslemenin, genç yumurtacı tavukların parazit tehdidine tepkilerini etkilediğini ve büyüme performansı için besleme ve parazit çevrelerinde önemli bir çevre-çevre etkileşimi olduğunu göstermiştir.

2. Akrabalı yetişmiş bıldırcınlarda büyüme döneminde akrabalı yetiştirme depresyonu gözlenmiştir. Ancak olumsuz bir çevre etmeni olarak ele alınan parazit enfestasyonu büyüme için akrabalı yetiştirme depresyonunun şiddetini değiştirmemektedir. Bununla birlikte, aynı akrabalık katsayısına sahip olsa dahi farklı akraba çiftleşmelerine göre akrabalı yetiştirme depresyonunun büyüme üzerindeki şiddetinin, farklılık gösterdiği gözlenmiştir. Bu bağlamda ana-oğul, baba-kız ve öz kardeş grupları arasında akrabalı yetiştirme depresyonundan en çok etkilenen grubun öz kardeş çiftleştirmelerinden elde edilen palazlar olduğu görülmektedir. Embriyo kayıplarına bakıldığında ise ana-oğul ve baba-kız gruplarının öz kardeş grubuna göre akrabalı yetiştirmeden daha çok etkilendikleri görülmektedir. Çıkış ağırlığında ise öz kardeş grubunun daha düşük bir çıkış ağırlığına sahip olduğu ve büyüme döneminde de bu dezavantajı sürdürdüğü görülmektedir. Embriyo döneminde ana-oğul ve baba-kız gruplarında yaşanan kayıplar bir bakıma yaşama gücü düşük olan bireylerin ayıklanmasıyla yaşama gücü daha yüksek bireylerin popülasyona katılmasını sağlayarak bir “arınmaya” neden olmuş olabilir. Akrabalı yetiştirme depresyonunun ortaya çıkması, sadece akrabalı yetiştirme katsayısıyla değil, aynı zamanda bu akrabalı yetiştirmeye neden olan akrabalık ilişkisiyle de ilişkili görünmektedir. Parazit

enfestasyonu kuşların büyümesini olumsuz etkilemiştir. Ancak ebeveynleri farklı akrabalık ilişkilerine sahip akrabalı yetişmiş enfeste kuşlar birbirlerine göre kıyaslandığında enfeste edilmemiş kuşlarla benzer sıralamaya sahip oldukları gözlenmektedir. Yani enfestasyon ile akrabalı yetiştirme grupları arasında etkileşim bulunmamaktadır. Öte yandan akrabalı yetiştirme şekli ölüm oranı üzerinde parazite maruz kalmış kuşlarda hafif bir farklılık yaratmaktadır. Tüm bulguların ışığında akrabalı yetişmiş gruplarda üvey kardeş grubunun diğer gruplara göre daha avantajlı olduğu görülmektedir.

3. Farklı modellerde ve farklı fenotipler için yapılan üniformitenin kantitatif genetik kontrolü ile ilgili çalışmada, kalıntı varyansının bir kısım genetik varyans içerdiği, farklı yaş dönemlerinde büyümenin kontrolünün genetik açıdan farklılıklar gösterdiği ortaya konulmuştur. Canlı ağırlığın kalıntısına ait kalıtım derecelerinin ve genetik varyasyonun erken büyüme döneminde daha yüksek olduğu, kuşların olgun yaş canlı ağırlığına eriştiklerinde bu varyasyonun azaldığı görülmektedir. Yapılan çalışma kalıntı varyansında önemli düzeyde genetik bir varyasyonun olduğunu ortaya koymaktadır. Genetik varyasyonun bulunması üniformite için varyansın daraltılması yönünde uygulanacak seleksiyona yanıt alınabileceğinin göstergesidir.

Büyüme, birçok faktörden etkilenen ve çok sayıda gen ve bu genlerin etkileşimi tarafından kontrol edilen bir süreçtir. Kantitatif genetik temelde tür içinde bireyler arasındaki farklılıkların kalıtsal nedenlerinin anlaşılmasının bir aracıdır. Bu tez projesinde kantitatif genetik çerçevesinde ve büyüme temelinde ele alınan genotip çevre etkileşimine, akrabalı yetişen bıldırcınların parazit çevresindeki tepkilerine ve üniformite konularına değinilmiştir. Bu üç konunun ortak noktaları büyüme dönemini ve bu dönemdeki çevre etkilerini ele almalarıdır. Popülasyon içindeki bireyler birbirleri ile benzer genetik kökenlere sahip olsunlar veya olmasınlar içinde bulundukları çevreden farklı şekillerde etkilenmektedirler. Büyüme, aktarılan genetik yapının ve maruz kalınan çevresel etkilerin bir tezahürüdür. Büyüme döneminde maruz kalınan çevrenin etkileri yaşamın diğer dönemlerinde de kendini gösterebilmektedir. Embriyonal dönemden ergin yaşa ulaşana dek geçirilen farklı evrelerde büyüme çeşitli genetik faktörlerin etkisi altında hormonal ve metabolik olaylar neticesinde şekillenir. Genler ve çevre oluşan fenotipi olumlu veya olumsuz etkileşimler sürekli bir etkileşim halindedir. Kantitatif genetik açısından fenotipi meydana getiren genetik ve çevresel varyasyonun birbirinden kusursuz olarak ayrılması

nihai hedeftir. Ancak bunun pratik anlamda bugüne değin istenildiđi řekilde pek mmkn olmadığı da ařıkardır.

KAYNAKÇA

- Acar, N., Sizemore, F. G., Leach, G. R., Wideman, R. F., Owen, R. L. and Barbato, G. F. (1995). "Growth of broiler chickens in response to feed restriction regimens to reduce ascites". *Poult. Sci.*, 74(5), 833–843. doi:10.3382/ps.0740833.
- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K. And Walter P. (2002) "Molecular Biology of the Cell". 4th edition. New York: Garland Science; 2002. Genesis, Modulation, and Regeneration of Skeletal Muscle. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK26853/>
- Ali, K. O., Katule, A. M. and Syrstad O. (2000). "Genotype×environment interaction in growing chickens: comparison of four genetic groups on two rearing systems under tropical conditions". *Acta. Agric. Scand. A-An.*, 50(2), 65-71. <https://doi.org/10.1080/09064700412331312301>.
- Balasundaram, P. and Avulakunta, I., D. (2022). "Human Growth and Development". NCBI Bookshelf. A service of the National Library of Medicine, National Institutes of Health. StatPearls Publishing; 2022 Jan-.
- Balog, J. M., Anthony, N. B., Cooper, M. A., Kidd, B. D., Huff, G. R., Huff, W. E. and Rath, N. C. (2000). "Ascites syndrome and related pathologies in feed restricted broilers raised in a hypobaric chamber". *Poult. Sci.* 79,318–323, <https://doi.org/10.1093/ps/79.3.318>.
- Barczak, E., Wolc, A., Wójtowski, J., Ślósarz, P. and Szwaczkowski, T. (2009). "Inbreeding and inbreeding depression on body weight in sheep". *Journal of Animal and Feed Sciences*, 18(1), 42-50. doi:10.22358/jafs/66366/2009.
- Bose K., (t.y.). "Concept of Human Physical Growth and Development". Erişim: 06 Mart 2018, https://www.academia.edu/14062268/Concept_of_Human_Physical_Growth_and_Development.
- Bowman, J. C. (1972). "Genotype x Environment Interactions". *Ann. Genet. Sel. Anim.*,4(1), 117-123.
- Cahaner, A., Abplanalp, H. and Shultz, F. T. (1980). "Effects of Inbreeding on Production Traits in Turkeys". *Poultry Science*, 29, 1353-1362.
- Calleri, D. V., Reid, E. M., Rosengaus R. B., Vargo E. L. and Traniello J. F. A. (2006). "Inbreeding and Disease Resistance In A Social Insect: Effects of Heterozygosity

- on Immunocompetence in The Termite *Zootermopsis angusticollis*". *Proc. R. Soc. B.*, 273, 2633–2640.
- Carvalho, R., Costilla, R., Neves, H. H. R., Albuquerque, L. G., Moore, S. and Hayes, B.J. (2019). "Unraveling Genetic Sensitivity of Beef Cattle to Environmental Variation Under Tropical Conditions". *Genet. Sel. Evol.*, 51,29.
- Chauve, C. (1998). "The poultry red mite *Dermanyssus gallinae* (De Geer, 1778): Current Situation and Future Prospects for Control". *Veterinary Parasitology*, 79, 239–245. doi:10.1016/S0304-4017(98)00167-8
- Chirico, J., Eriksson, H., Fossum, O., and Jansson, D. (2003). "The poultry red mite, *Dermanyssus gallinae*, a potential vector of *Erysipelothrix rhusiopathiae* causing erysipelas in hens". *Medical and veterinary entomology*, 17(2), 232–234. doi:10.1046/j.1365-2915.2003.00428.x
- Chu, T. T. (2019). "Genotype by Environment Interactions in Poultry Breeding Programs". Doktora tezi, Aarhus Universitesi, Danimarka and Wageningen Universitesi, Hollanda.
- Conlon, I., and Raff, M. (1999). "Size Control in Animal Development". *Cell*, 96(2), 235–244. doi:10.1016/s0092-8674(00)80563-2
- Coop, R.L. and Kyriazakis, I. (1999). "Nutrition–parasite interaction". *Vet. Parasitol.*, 84,187–204. doi:10.1016/s0304-4017(99)00070-9.
- Cooper, M. and Delacy, I. H. (1994). "Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments". *Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik*, 88(5), 561–572. doi:10.1007/BF01240919
- Drinkwater, R. D. and Hetzel, D. J. S. (1991). "Applications of Molecular Biology to Understanding Genotype-Environment Interactions in Livestock Production". *Isotope and Related Techniques in Animal Production and Health*, Vienna, 15-19 April; 437-452.
- Erdem, H. and Türker, S. (2022). "Effects of Kinship Matings on Embryo Losses and Hatch-Weight in Japanese Quails: Half Sibling Matings are Safe." *Poultry Studies*, 19, 007-010. doi:10.34233/jpr.1119246
- Erdem, H., and Türker, S. (2021). "Genotype–environment interaction in layer chickens in the growing stage: comparison of three genotypes at two different feeding levels

- with or without red mite (*Dermanyssus gallinae*) infestation”. *Archive Animal Breeding* 64,447–455. doi:10.5194/aab-64-447-2021.
- Erdem, H., Konyalı, C., Akbağ, H. I. and Savaş, T. (2020). “Growth, behavioural and haematological responses to poultry red mite infestation in Japanese quail”. *Europ. Poult. Sci.*, 84. doi:10.1399/eps.2020.305.
- Fair, J., M. and Ricklefs R., E. (2002). “Physiological, growth, and immune responses of Japanese quail chicks to the multiple stressors of immunological challenge and lead shot”. *Archives of Environmental Contamination and Toxicology*, 42(1),77-87.
- Falconer, D. S. and Mackay, T. F. (1989). “Quantitative Genetics”. London, UK: Longman.
- Falconer, D.S., (1984). “Einführung in die Quantitative Genetik”. Ulmer Verlag, Stuttgart.
- Fassbinder-Orth, C. A. and Karasov, W. H. (2006). “Effects of feed restriction and realimentation on digestive and immune function in the leghorn chick”. *Poult. Sci.*, 85(8), 1449–1456. doi:10.1093/ps/85.8.1449.
- Felleki, M., and Lundeheim, N. (2013). “Genetic control of residual variance for teat number in pigs”. In *20th Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics Conference*, Napier, New Zealand, 20 to 23 October 2013, 538-541.
- Fox, P. N, Crossa, J. and Romagosa, I., (1997). “Multi-environment testing and genotype x environment interaction. Statistical Methods for Plant Variety Evaluation”. Edited by R. A. Kempton and P.N. Fox. Published in 1997 by Chapman & Hall, London. ISBN 0 412 54750 3.
- Gavora, J. S., Emsley, A. and Cole, R. K. (1979). “Inbreeding in 35 Generations of Development of Cornell S Strain of Leghorns”. *Poultry Science*, 58(5), 1133-1136.
- Gillespie, J. H. (2004). “Population Genetics”. Baltimore, USA: The Johns Hopkins University.
- Gillespie, J. H., and Turelli, M. (1989). “Genotype-Environment Interactions and The Maintenance of Polygenic Variation”. *Genetics*, 121(1), 129-138.
- Gulisija, D. and Crow, J. F. (2007). “Inferring Purging From Pedigree Data”. *Evolution*, 61, 1043-1051.
- Haldane, J. B. (1946). “The Interaction of Nature and Nurture”. *Annals of Eugenics*, 13(1), 197-205.
- Haldane, J. B. S. (1964). “The Interaction of Nature and Nurture”. *Annals of Eugenics*, 13,197-205. doi:10.1111/j.1469-1809.1946.tb02358.x

- Hammami, H., Rekik, B. and Gengler, N. (2009). "Genotype by Environment Interaction in Dairy Cattle". *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 13(1), 155-164.
- Hangalapura, B. N., Nieuwland, M. G., De Vries Reilingh, G., Buyse, J., Van Den Brand, H., Kemp, B. and Parmentier, H. K. (2005). "Severe feed restriction enhances innate immunity but suppresses cellular immunity in chicken lines divergently selected for antibody responses". *Poult. Sci.*, 84(10), 1520–1529. doi:10.1093/ps/84.10.1520.
- Hill, W. G. (1996). "Sewall Wright's 'Systems of Mating'". *Genetics*, 143(4), 1499.
- Howard, J. T., Pryce, J. E., Baes, C. and Maltecca, C. (2017). "Invited Review: Inbreeding in The Genomics Era: Inbreeding, Inbreeding Depression, and Management of Genomic Variability". *Journal of Dairy Science*, 100(8); 6009-6024.
- Ibáñez-Escriche, N., Varona, L., Sorensen, D. and Noguera, J. L. (2008). "A Study of Heterogeneity of Environmental Variance for Slaughter Weight in Pigs". *Animal*, 2(1). doi:10.1017/s1751731107001000
- Iung, L. H. S., Carvalheiro, R., Neves, H. H. R and Mulder, H. A., (2019). "Genetics and Genomics of Uniformity and Resilience in Rivestock and Aquaculture Species: A review". *J Anim Breed Genet.*, 137, 263– 280.
- Iung, L. H. S., Carvalheiro, R., Neves, H. H. R. and Mulder, H. A. (2019). "Genetics and Genomics of Uniformity and Resilience in Livestock and Aquaculture Species: A review". *J Anim Breed Genet.*, 2020; 137: 263– 280.
- Janhunen M., Kause A., Vehviläinen, H. and Järvisalo, O. (2012). "Genetics of Microenvironmental Sensitivity of Body Weight in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Selected for Improved Growth". *PloS. One.*, 7(6), e38766.
- Janhunen, M., Kause, A., Vehviläinen, H. and Järvisalo, O. (2012). "Genetics of Microenvironmental Sensitivity of Body Weight in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Selected for Improved Growth". *PloS one*, 7(6), e38766. Doi:10.1371/journal.pone.0038766
- Kavuncu, O. (bt.). "Kantitatif Genetik Teorisi". Erişim: 19 Eylül 2021, <http://www.orhankavuncu.com/index.php/populasyon/kantitatif-genetik-teorisi>
- Keçeci, T., Handemir, E. and Orhan, G. (2004). "The effect of *Dermanyssus gallinae* infestation on hematological values and body weights of cocks". *Turkish Journal of Parasitology*, 28,192–196.

- Khajavi, M., Rahimi, S., Hassan, Z. M., Kamali, M.A. and Mousavi, T. (2010). "Effect of feed restriction early in life on humoral and cellular immunity of two commercial broiler strains under heat stress conditions". *Br. Poult. Sci.*, 44(3), 490-497. doi:10.1080/000071660310001598328.
- Kilpinen, O., and Steenberg, T. (2009). "Inert dusts and their effects on the poultry red mite (*Dermanyssus gallinae*)". *Experimental and Applied Acarology*, 48(1-2), 51-62. doi:10.1007/s10493-008-9232-0.
- Kilpinen, O., Roepstorff, A., Permin, A., Nørgaard-Nielsen, G., Lawson, L. G., and Simonsen, H. B. (2005). "Influence of *Dermanyssus gallinae* and *Ascaridia galli* infections on behaviour and health of laying hens (*Gallus gallus domesticus*)". *British Poultry Science* 46(1), 26-34. doi: 10.1080/00071660400023839
- Klasing, K. C. (2007). "Nutrition and the immune system". *Br. Poult. Sci.*, 48(5), 525-537. doi:10.1080/00071660701671336.
- Konyalı, C., Erdem H., Savaş, T. (2018) "Can animal behaviors be used as an indicator for the control of poultry red mite"? *10th Animal Science Congress*, Antalya, Turkey.
- Kulenkamp, A. W., Kulenkamp, C. M., and Coleman, T. H. (1973). "The effects of expintensive inbreeding (brother x sister) on various traits in Japanese quail", *Poultry Science*, 52, 1240-1246. doi:10.3382/ps.0521240
- Leberg, P.L. and Firmin, B.D. (2008). "Role of Inbreeding Depression and Purging in Captive Breeding and Restoration Programmes". *Molecular Ecology*, 17, 334-343.
- Mackay, T. F. C. (1981). "Genetic Variation in Varying Environments". *Genet. Res. Camb.*, 37, 79-83.
- Marks, H. L. (1996). "Long-Term Selection for Body Weight in Japanese Quail Under Different Environments". *Poultry Science*, 75, 1198-1203.
- Masuda, Y. (2019). "Variance Component Estimation". Erişim: 21 Eylül 2021, https://masuday.github.io/blupf90_tutorial/vc_aireml.html
- McMahon, T. (1973). "Size and Shape in Biology: Elastic criteria impose limits on biological proportions, and consequently on metabolic rates". *Science*, 179(4079), 1201-1204. doi:10.1126/science.179.4079.1201
- McWilliams, L. H. (2008). "Physiological impact of hematocrit level during stress in broilers". Phd diss., University of Mississippi State.
- Mengistu, S. B., Mulder, H. A., Benzie, J. A., Khaw, H. L., Megens, H. J., Trinh, T. Q., and Komen, H. (2020). "Genotype by Environment Interaction Between Aerated

- And Non-Aerated Ponds and The Impact of Aeration on Genetic Parameters in Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*)". *Aquaculture*, 529, 735704. doi:10.1016/j.aquaculture.2020.735704
- Mirth, C. K. and Riddiford, L. M. (2007). "Size Assessment and Growth Control: How Adult Size is Determined in Insects". *BioEssays*, 29(4), 344–355. doi:10.1002/bies.20552
- Mota, R. R., Tempelman, R. J., Lopes, P. S., Aguilar, I., Silva, F. F. and Cardoso, F. F. (2016). "Genotype by environment interaction for tick resistance of Hereford and Braford beef cattle using reaction norm models". *Genetics Selection Evolution*, 48(1), 3.
- Mul, M., Van Niekerk, T., Chirico, J., Maurer, V., Kılıpın, O., Sparagano, O., Thind, B., Zoons, J., Moore, D., Bell, B., Gjevre, A. G. and Chauve, C. (2009). "Control methods for *Dermanyssus gallinae* in systems for laying hens: results of an international seminar". *World Poult. Sci. J.*, 65, 589–599. doi:10.1017/S0043933909000403.
- Mulder, H. A. and Bijma, P. (2005). "Effects of Genotype $\times$ Environment Interaction on Genetic Gain in Breeding Programs". *Journal of Animal Science*, 83(1), 49–61. doi:10.2527/2005.83149, 2005.
- Mulder, H. A., Bijma, P. and Hill, W. G. (2008). "Selection for Uniformity in Livestock by Exploiting Genetic Heterogeneity of Residual Variance". *Genetics Selection Evolution*, 40(1), 37.
- Mulder, H. A., Hill, W. G., Vereijken, A. and Veerkamp, R. F. (2009). "Estimation of Genetic Variation in Residual Variance in Female and Male Broiler Chickens". *Animal*, 3(12), 1673-1680.
- N'Dri, A. L., Sellier, N., Tixier-Boichard, M., Beaumont, C. and Mignon-Grasteau, S. (2007). "Genotype by Environment Interactions in Relation to Growth Traits in Slow Growing Chickens". *Genetics Selection Evolution*, 39(5), 513.
- Neves, H. H., Carneiro, R. and Queiroz, S. A. (2012). "Genetic and environmental heterogeneity of residual variance of weight traits in Nelore beef cattle". *Genetics Selection Evolution*, 44, 1-12. doi: 10.1186/1297-9686-44-19
- Norberg, E., and Sørensen, A. C. (2007). "Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down1". *Journal of Animal Science*, 85(2), 299–304. doi:10.2527/jas.2006-257

- NRC (National Research Council). (2011). "Guide for the Care and Use of Laboratory Animals". Washington, DC: National Academies Press.
- Øverli, Ø., Nordgreen, J., Mejdell, C. M., Janczak, A. M., Kittilsen, S., Johansen, I. B. and Horsberg, T. E. (2014). "Ectoparasitic sea lice (*Lepeophtheirus salmonis*) affect behavior and brain serotonergic activity in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): perspectives on animal welfare". *Physiology & behavior*, 132, 44-50. doi:10.1016/j.physbeh.2014.04.031.
- Owens, F. N., Dubeski, P. and Hanson, C. F. (1993). "Factors that alter the growth and development of ruminants". *Journal of animal science*, 71(11), 3138-3150. doi:10.2527/1993.71113138x
- Patiabadi Z., Varkoohi, S. and Savar-Sofla, S. (2016). "Inbreeding and Inbreeding Depression on Body Weight in Iranian Shal Sheep". *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 6(4), 887-893.
- Phengvichith, V. and Ledin, I. (2007). "Effect of a diet high in energy and protein on growth, carcass characteristics and parasite resistance in goats". *Trop. Anim. Health Prod.*, 39, 59–70. doi:10.1007/s11250-006-4443-z.
- Pinchuk, E. (2018). "Die Beurteilung von Geschwisterwahrscheinlichkeiten in der rechtsmedizinischen Praxis". Phd diss., Christian-Albrechts University of Kiel.
- Plavnik, I. and Hurwitz, S. (1990). "Performance of broiler chickens and turkey poults subjected to feed restriction or to feeding of low-protein or low-sodium diets at an early age". *Poult. Sci.*, 69(6), 945–952. doi:10.3382/ps.0690945.
- Rowe, S.J., White, I.M., Avendaño, S. and Hill, W. G. (2006). "Genetic Heterogeneity of Residual Variance in Broiler Chickens". *Genet. Sel. Evol.*, 38, 617. doi:10.1186/1297-9686-38-6-617
- Sae-Lim, P., Kause, A., Janhunen, M., Vehviläinen, H., Koskinen, H., Gjerde, B. and Mulder, H. A. (2015). "Genetic (co) variance of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) body weight and its uniformity across production environments". *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 1-10. doi:10.1186/s12711-015-0122-8
- Sae-Lim, P., Kause, A., Lillehammer, M. and Mulder, H. A. (2017). "Estimation of Breeding Values for Uniformity of Growth in Atlantic Salmon (*Salmo Salar*) Using Pedigree Relationships or Single-Step Genomic Evaluation". *Genetics Selection Evolution*, 49(1), 33.

- Savas, T. (1998). "Untersuchungen zur Verbesserung der Zuchtwertschätzung für Legeleistung bei Legehennen". (Doctoral dissertation, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel).
- Savaş, T. (2008). "Keçilerde Doğum Ağırlığı Üzerine Doğum Tipi X Cinsiyet Etkileşimi ve Akrabalı Yetişmenin Etkisi". *Tarım Bilimleri Dergisi*, 15, 96-103.
- Savaş, T., Tölü, C. ve Korkmaz, G. (2006). "Güvercin Yem Tüketimi: Günde Bir Öğün Yemlenen ve Önlerinde Sürekli Yem Bulunan Durgunluk Dönemindeki Güvercinlerin Yem ve Su Tüketimleri ile Canlı Ağırlık Değişimlerinin Karşılaştırılması". Erişim: 30 Mart 2023, http://www.guvercinbirligi.com/Arsiv_Makaleleri/Bakim/yemtuketimi.htm
- Sebens, K. P. (1987). "The Ecology of Indeterminate Growth in Animals". *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18, 371–407.
- Selvaggi M., Dario, C., Peretti, V., Ciotola, F., Carnicella, D., and Dario, M. (2010). "Inbreeding depression in Leccese sheep." *Small Ruminant Research*, 89(1), 42–46. doi:10.1016/j.smallrumres.
- Servia, M. J., Cobo, F. and Gonzalez, M. A. (2002). "Ontogeny of individual asymmetries in several traits of larval Chironomus riparius Meigen, 1804 (Diptera, Chironomidae)". *Canadian Journal of Zoology*, 80, 1470–1479.
- Settar, P., Yalcin, S., Turkmüt, L., Ozkan, S. and Cahanar, A. (1999). "Season by Genotype Interaction Related to Broiler Growth Rate and Heat Tolerance". *Poultry Science*, 78(10), 1353–1358. doi: 10.1093/ps/78.10.1353.
- Shelford, V. E. (1931). "Some concepts of bioecology". *Ecology*, 12(3), 455-467. doi:10.2307/1928991.
- Shikano, T., Chiyokubo, T. and Taniguchi, N. (2001). "Temporal Changes in Allele Frequency, Genetic Variation and Inbreeding Depression in Small Populations of The Guppy, *Poecilia reticulata*". *Heredity*, 86, 153–160. doi:10.1046/j.1365-2540.2001.00792.x
- Silva, A. A., Silva, D. A., Pereira, C. R. M., Abreu, C. P., Caetano, Paiva, G., J. T., Silva, F. Lopes, F., P. S. and Veroneze, R. (2021). "Exploring The Use of Residual Variance for Uniformity of Body Weight in Meat Quail Lines Using Bayesian Inference". *British Poultry Science*, 62:4, 474-484. doi: 10.1080/00071668.2021.1894320

- Sittmann, K., Abplanalp, H. and Fraser, R. A. (1966). "Inbreeding Depression in Japanese Quail". *Genetics*, 54(2), 371.
- Spielman, D., Brook, B. W., Briscoe, D. A., Frankha, R. (2004). "Does Inbreeding and Loss of Genetic Diversity Decrease Disease Resistance?" *Conservation Genetics*, 5(4), 439-448.
- Tellez, G., Shivaramaiah, S., Barta, J., Hernandez-Velasco, X. and Hargis, B. (2014). "Coccidiosis: Recent advancements in the immunobiology of eimeria species, preventive measures, and the importance of vaccination as a control tool against these apicomplexan parasites" *Veterinary Medicine: Research and Reports*, 23. doi:org/10.2147/VMRR.S57839.
- Tölü, C., Savaş, T. ve Yurtman, İ. Y. (2009). "Türk Saanen Keçilerinde Canlı Ağırlık ve Değişimi Üzerinde Değerlendirmeler". *Hayvansal Üretim*, 50(1), 9-17.
- Trompelt, S., Brandsch, H. and Brade, W. (1982). "Inzuchtversuche mit Wachteln unter besonderer Berücksichtigung verschiedener regulärer Paarungssysteme". *Arch. Tierz.*, 25, 153-158.
- Truberg, B. and Huehn, M. (2000). "Contributions to The Analysis of Genotype× Environment Interactions: Comparison of Different Parametric and Non-Parametric Tests for Interactions with Emphasis on Crossover Interactions". *Journal of Agronomy and Crop Science*, 185(4), 267-274.
- Urdaneta-Rincon, M., and Leeson, S. (2002). "Quantitative and qualitative feed restriction on growth characteristics of male broiler chickens". *Poult. Sci.* 81, 679–688. doi:10.1093/ps/81.5.679.
- Vaughters, P. D., Pesti, G. M. and Howarth, B. (1987). "Effects of feed composition and feeding schedule on growth and development of broiler breeder males". *Poult. Sci.*, 66(1), 134–146. doi:10.3382/ps.0660134.
- Via, S., and Lande, R. (1985). "Genotype-Environment Interaction and The Evolution of Phenotypic Plasticity". *Evolution*, 39(3), 505-522.
- Williams, R. E. (2003). "Livestock and poultry: Control of poultry pests". Department of Entomology, Purdue University Cooperative Extension Service, Indiana, U.S.A., Fact Sheet No. E-3.
- Wolc, A., White, I. M. S., Avendano, S. and Hill, W. G., (2009). "Genetic Variability in Residual Variation of Body Weight and Conformation Scores in Broiler Chickens". *Poultry Science*, 88(6), 1156-1161.

- Woodar, A. E., Abplanalp, H., Piseni, J. M. and Snyder, L. R., (1983). "Inbreeding Effects on Reproductive Traits in the Ring-Necked: Pheasant". *Poultry Science*, 62(9), 1725-1730.
- Wright, S. (1921a). "Systems of Mating. I. The Biometric Relations Between Offspring and Parent". *Genetics*, 6, 111-123.
- Wright, S. (1921b). "Systems of Mating. II. The Effects of Inbreeding on The Genetic Composition of A Population". *Genetics*, 6, 124-143.
- Wright, S. (1921c). "Systems of mating. III. Assortative Mating Based on Somatic Resemblance". *Genetics*, 6, 144-161.
- Wright, S. (1921d). "Systems of mating. IV. The Effects of Selection". *Genetics*, 6, 162-166.
- Wright, S. (1921e). "Systems of mating. V. General Considerations". *Genetics*, 6, 167-168.
- Wright, S. (1922). "Coefficients of Inbreeding and Relationship". *The American Naturalist*, 56,330-338.
- Yazgan, K. (2018). "RE-NUM-OR: Python-based Renumbering and Reordering Software for Pedigree Files". *Czech J. Anim. Sci.*, 63 (2), 70–77. doi: 10.17221/64/2017-CJAS.
- Yin, F., Dan, X., Sun, P., Shi, Z., Ga,o Q., Peng, S. and Li, A. (2014) "Growth, feed intake and immune responses of orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*) exposed to low infectious doses of ectoparasite (*Cryptocaryon irritans*)". *Fish. Shellfish. Immun.*, 36, 291-298. doi:10.1016/j.fsi.2013.11.019.
- Yousefi Zonuz, A., Alijani, S. and Rafat, S. A. (2019). "Genetic Heterogeneity of Residual Variance of Hatch Weight in Mazandaran Native Chicken". *British Poultry Science*, 60:4, 366-372. doi: 10.1080/00071668.2019.1614527
- Zhang, L. (1998). "Adaptation of Pharmacomechanical Coupling of Vascular Smooth Muscle to Chronic Hypoxia". *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology*, 119(3), 661–667. doi:10.1016/s1095-6433(98)01002-2
- Zhang, X. (2005). "Evolution and Maintenance of the Environmental Component of the Phenotypic Variance: Benefit of Plastic Traits under Changing Environments". *The American Naturalist*, 166(5), 569-580. doi:10.1086/491800.

Zubair, A. K. and Leeson, S. (1994). "Effect of early feed restriction and realimentation on heat production and changes in sizes of digestive organs of male broilers". *Poult. Sci.*, 73, 529–538. doi:10.3382/ps.0730529.