

## Süt Sığırlarında Çok Özellikli Model Kullanılarak Farklı Laktasyonlara İlişkin Ölçüm Günü Süt Verimlerinin Değerlendirilmesi

Serhat ARSLAN GALİP BAKIR

Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, 65080, Van

Geliş Tarihi : 24.01.2005

**Özet:** Tekrarlanan ölçümler için çok değişkenli model yaklaşımında genel bir birey model tanımlaması kullanılmıştır. Genotipik ve fenotipik varyans-kovaryanslar için tanımlanan matrisin tekil olması nedeniyle akrabalı ilişkiler için tanımlanan matrisin genelleştirilmiş tersi karışık model eşitliklerinde kullanılmıştır. Bu tanımlama simülasyon tekniği ile elde edilen bir veri setine uygulanmıştır. Süt sığırlarında laktasyon verimleri için 3 özellik bakımından sınıflandırılan veri setine 4 farklı modelin uyumu yapılarak elde edilen varyans-kovaryans unsurları ve kalıtım dereceleri, gerçek değerlerle ve seleksiyon indeksiyle ilişkilerine göre karşılaştırılmıştır. Tanımlanan 4 model için 3 özelliğin tanımlandığı veri setinde bu kriterler bakımından tekrarlanabilen modellerin en iyi sonucu verdiği belirlenmiştir.

**Anahtar kelimeler:** Tekrarlanabilen model, tekrarlanan ölçüm, tahminleme, çok değişkenli analiz.

### Evaluating Test Day Milk Yields by Using Multiple Different Traits Models for Different Lactations in Dairy Cattle

**Abstract:** The general animal model have been used for repeated measurements with multiple traits model approach. Due to the fact that defining matrix for genotypic and phenotypic variance and covariances was singular form, defining generalized inverse of the matrix for relationships was used in mixed model equation. This definition was fitted on the data set observed from simulation technique. Actual variance and covariances and heritability were compared with estimating variance and covariance components and heritability according to their selection index, from four model fitted to be grouped into three traits data sets for lactation yields in dairy cattle. Repeatability model was the best fit in the data set and results relating to investigate three traits in the all four model definition.

**Key words:** Repeatability model, repeated measurement, estimation, multiple-trait

### GİRİŞ

Karışık model eşitliklerinin çok değişkenli özelliklere ve tekrarlanan ölçümleri içeren veri setlerinin uygulanması Henderson (1973) tarafından gösterilmiştir. Büyükbaş hayvan ıslahında bu yöntem, tekrarlanabilen modeller (repeatability model) ve çok değişkenli modeller kapsamında incelenerek sadece tek bir değişken için örneğin, ilk laktasyon verilerinde yoğun olarak uygulanmıştır. Bu iki model Meyer (1983) tarafından yeniden düzenlenerek BLUP tahminlerinin REML yönteminde nasıl elde edileceği gösterilmiştir. Ancak, çok değişkenli yaklaşımda sahadan alınan verilerde, zamana bağlı değişim nedeniyle, hata varyanslarının ilişkili olmadığı ve şansa bağlı dağıldığı gibi önemli varsayımların geçerli olmadığı belirlenmiştir. Tekrarlanan ölçümlerde, eklemeli gen etkilerine ilişkin korelasyonların yüksek olması, veri kümesinin bağımsız verilerden oluşmamasına bağlıdır. Bu nedenle söz konusu yaklaşım kabul görmemiştir (Quaas ve Pollak, 1976; Jamrozik ve ark., 1998). Henderson (1963, 1975) ve Meyer ve Thompson (1984), seleksiyon için çok değişkenli analizde bazı düzenlemeler yaparak yeni bir model önermişlerdir. Ancak modelde birden fazla laktasyon kaydının aynı anda kullanımı mümkün olmamıştır (Deckkers. ve ark., 1998).

Bu çalışmada tekrarlanan ölçümleri içeren ve hatalar için oto-korelasyonun geçerli olduğu veri kümelerinde analiz için seçeneğe olabilecek üç farklı model ile elde edilen sonuçlara göre en uygun model tanıtılmıştır.

### MATERYAL VE YÖNTEM

Çalışmada ilk 3 laktasyonlar için tutulan ölçüm günü kayıtları esas alınarak gerçek bir veri kümesinden 3 özellik için (süt, yağ ve protein verimi) benzeşim tekniği ile oluşturulan bir veri kümesi kullanılmıştır. Benzeşim aşağıdaki tanımlamalara göre yapılmıştır.

Çalışmada 1200 ana ile şansa bağlı olarak çiftleşen 100 babaya ait toplam 10.000 hayvan için verim özellikleri simülasyonla elde edilmiştir. Her hayvan için gözlem değerleri;

$$y_{ij} = \mu + C_j + u_i \quad (1)$$

matematik modeli esas alınarak oluşturulmuştur. Burada  $y_{ij}$ , i. babadan j. cinsiyette doğan yavrunun verim değeri  $C_j$ , cinsiyetin etkisi;  $u_i$ ; normal dağılım fonksiyonunu içeren  $u_i = \phi\sigma_b$  eşitliğine göre oluşturulmuş i. babaya ait şansa bağlı etki miktarı olmaktadır. Tüm  $u_i$  değerleri:

$$u_i = \frac{1}{2}(u_b + u_a) + \phi\sqrt{0.5}\sigma_b \quad (2)$$

eşitliğinde düzenlenerek elde edilmiştir. Burada  $u_b$  ve  $u_a$  baba ve analara ait damızlık değerler olmaktadır.

Henderson (1973) tarafından tanımlanan genel doğrusal modelin matris yazılımı:

$$Y=Xb+Wu+e \quad (3)$$

şekindedir. Burada;

$y$ = gözlem değerleri vektörü,

$b$ = bütün sabit etkileri içeren bilinmeyen etkiler vektörü,

$u$ = şansa bağlı etkiler için bilinmeyen etkiler vektörü,  $X$  ve  $W$ ,  $b$  ve  $u$ 'lar için oluşturulan desen matrisleri ve  $e$  şansa bağlı hatalar için oluşturulan vektördür. Modelde beklenen değerler ve birlikte değişimler (varyans-kovaryanslar) şu şekilde olmaktadır.

$$E \begin{bmatrix} Y \\ u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} Y \\ u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} WGW' & WG & R \\ WG & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix} \quad (4)$$

şekindedir. Burada;  $G$  ve  $R$  varyans ve kovaryanslara ait simetrik matrisler olmaktadır. Karışık model eşitliklerine göre modelin şansa bağlı  $u$  (BLUP) ve sabit  $b$  (BLUE) vektörleri için çözümü:

$$\begin{bmatrix} XR^{-1}X & XR^{-1}W \\ WR^{-1}X & XR^{-1}W + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XR^{-1}Y \\ WR^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (5)$$

şekindedir.  $Y$  gözlem değerleri kadar farklı faktörleri içerdiği durumlarda  $G$  ve  $R$  matrisinin doğrudan çarpımı ile dağılışa ait matris elde edilmektedir. Bu durum için  $G$  ve  $R$ :

$G=V \otimes A$  ve  $R=I \otimes C$  şeklinde gözlenmektedir. Burada  $V$  ilişki matrisi,  $A$ ,  $p$  kadar özellik için genetik kovaryanslar,  $C$ ,  $p$  kadar özellik için hatalara ait kovaryans matrisi  $\otimes$  ise doğrudan çarpım (kronecker product) işlemcisidir (Searle ve ark., 1992).

### Tekrarlanan ölçümleri içeren çok değişkenli model

$m$  zaman olmak üzere,  $m$  zamanında aynı özellik için  $n$  kadar gözlem yapıldığında toplam gözlem sayısı  $p=n.m$  şeklinde gösterilebilir.  $p$  hayvancılıkta genellikle zamana bağlı olarak ölçülen ve zamana bağlı bir fonksiyonla ilişkilendirilebilen, canlı ağırlık, süt, yağ ve protein verimleri gibi sürekli ölçüm değerleri olmaktadır.  $m$  zaman aralığı genellikle eşit aralıklarla artan bir seviyede seçilmektedir. Bu nedenle her özellik için eşit zaman dilimleri tanımlıdır. Bu durumun  $A$  gibi bir matriste özetlenmesiyle tekrarlanabilen model oluşturulmaktadır (repeatability model).

$$A = \begin{bmatrix} H_1 & R_{12} & \dots & R_{1n} \\ & H_2 & \dots & R_{2n} \\ & & \dots & \vdots \\ & & & H_n \end{bmatrix} \quad (6)$$

Bu yazılımda;  $H_i$ = elemanları  $h_{ki}=h_i^2$  olan  $m \times m$  boyutlu matris,  $R_{ij}$ = elemanları  $r_{ki}=h_i h_j r_{gij}$  olan  $m \times m$  boyutlu matris,  $h_i^2 = i$  özelliği için kalıtım derecesi,  $r_{gij} = i$  ve  $j$  özellikleri arasındaki genetik korelasyonlar olmaktadır.  $A$  matrisinde  $m > 1$  olduğu için matris tam rank (full rank) değildir. Matrisin rankı  $n$  kadar tanımlı farklı özelliğin sayısına eşit olmaktadır. Bu matrisin (5) numaralı eşitlikte kullanımı matrisin tam ranklı olması şartına bağlıdır. Başka bir söyleyişle matrisin determinantının sıfırdan farklı olması gerekir. Bu durumda  $G$  matrisinin tersi tanımlı değildir.  $G$  matrisinin tersinin alınabilmesini sağlamak amacıyla:

$$(EAE')^{-1} = \begin{bmatrix} A_{11}^{-1} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (7)$$

şekindedir. Burada  $E$  elementer matris (birim matris) işlemcisidir.  $A_{11}$  ise  $n$  kadar bağımsız özellik için  $n \times n$  boyutlu alt matris olmaktadır. Meyer (1983) tekrarlanabilen modeller için bu tanımın kullanımına ait teorik özellikleri göstermiştir. Burada  $X$  ve  $W$  matrislerinin çarpılmasıyla oluşturulan  $T$  transformasyon matrisi kullanılarak çözümler elde edilir.  $G$  matrisinin genelleştirilmiş tersinin  $G^T=(V^*A_{11})^{-1}$  şeklinde kullanımıyla (5) nolu eşitlik:

$$\begin{bmatrix} T'R^{-1}XT & T'R^{-1}WT \\ T'WR^{-1}XT & T'XR^{-1}W + G^T \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} T'R^{-1}Y \\ T'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (8)$$

olarak yazılabilir.  $n \times k$  etkilerinin tahminleri  $\hat{b}$  ve  $\hat{u}$  olmaktadır.  $k$  faktör seviyeleridir. Beş numaralı eşitliğin yeniden düzenlenmesiyle oluşturulan 8 numaralı eşitlik daha az parametre içerir. Model bazı özelliklere sahiptir: her özellik için kayıt sayısına bağlı olarak gözlem değerleri sabit değildir. Farklı hayvanlar için farklı sayıda gözlem değeri kullanılabilir. Fenotipik ve genotipik kovaryans matrisleri bu parametrelerin tahminlerini içerir. Tekrarlanan gözlemlerde fenotipik parametrelerin homojen olduğu varsayımı geçerlidir (Smith ve Graser, 1986). Bu varsayımı hayvan ıslahında tekrarlanan gözlemler için geçerli değildir. Ancak, farklı matrislerde hatalara ilişkin varyans ve birlikte değişimlerin elde edilmesine izin vermesi gibi bir avantaja sahiptir.

Çalışmada tanımlanan diğer üç model faktör seviyelerinin kombinasyonlarında ve şansa bağlı etkilerde kısıtlamalar yapılarak oluşturulmuştur. Buna göre tam model olarak kabul edilen

tekrarlanabilen model (TM) tanımına ek olarak üç farklı model tanımlanmıştır. Bu modeller, TM1, TM2, TM3 olarak isimlendirilmiştir. Modelde  $n \times m$  kadar etki tanımlanmıştır. Bu etkilerden  $n$  şansa bağlı,  $m$  sabit etki sayısını ifade etmiştir. Tam model olan TM'de iki şansa bağlı etki için Z matrisinde toplam 20.000 kombinasyon tanımlıdır (4 baba x 5000.birey). TM1'de bireyler için kısıtlamaya gidilerek en alt ve en üst damızlık değerine sahip bireyler tanımlıdır. TM2'de en üst 100 birey, TM3'de ise sadece en üst BLUP'a sahip ilk beş birey tanımlanarak model oluşmuştur. Kısıtlamalar DFREML (ver. 3.0) programında Prune Animal /Sire /Dam aşamasında yapılmıştır.

### BULGULAR VE TARTIŞMA

Çalışmada TM tanımlamasında tüm faktör ve faktör kombinasyonları için parametre tahminleri elde edilmiştir. Elde edilen sonuçlar Çizelge 1.'de özetlenmiştir. TM tam model olarak isimlendirilebilir. Burada parametre tahminlerinin popülasyonu temsil edip etmediği ya da başka bir söyleyişle elde edilen tahminlerin global (maksima) ya da lokal olup olmadığına çalıştırmalar (raund) arası farkın  $10^{-6}$  olmasına göre karar verilmiştir. Buna göre TM'de elde edilen tüm tahminler global tahminlerdir. Bu nedenle TM tahminleri gerçek parametre tahminleri olarak kabul edilmiştir.

Tanımlanan diğer modeller faktör kombinasyonlarında yapılan kısıtlamalarla oluşturulmuştur. Bu kısıtlamalarda, parametrelerin daha az sayıda tahminlenebilir eşitlik kullanımı amaçlanmıştır. Örneğin TM1'de sabit faktörler modelden çıkartılarak sadece  $n$  adet şansa bağlı özellik tanımlanmıştır. Bu sayede tahminlenebilir eşitlik sayısı  $m$  sabit faktör sayısı kadar azalmıştır. Benzer şekilde TM2'de  $n$  özellik bağımsız kabul edilerek  $k$  kadar sabit faktörün çapraz sınıflandırılmasıyla ( $n \times k$ ) kadar kombinasyon tanımlı yapılmıştır. Böylece modeldeki parametreler  $m \times k$  kadar kombinasyon ve  $n$  kadar faktör için tanımlanmıştır. TM3'te ise sadece faktör seviyeleri kadar eşitlik kullanılmış, çapraz ilişkiler dikkate alınmamıştır. Van der Linde ve ark. (1999), süt sığırlarında süt veriminin sürekliliğine ilişkin parametre tahminlerinde benzer bir yaklaşımı önermiştir. Farklı laktasyon verimlerinde TM kullanılarak elde edilen fenotipik ve genotipik korelasyonlarla kalıtım derecesi ( $h^2$ ) tahminleri Çizelge 1.'de özetlenmiştir.

Çizelge 1 incelendiğinde laktasyon sıralarına göre süt, yağ ve protein verimleri için kalıtım derecesi tahminlerinin sırayla, 0.231, 0.209 ve 0.239; 0.233, 250 ve 0.229; 0.210, 0.213 ve 0.214 olduğu gözlenmektedir. İlk laktasyon verimleri için elde edilen  $h^2$  yağ ve protein verimlerinde düşük tahminlenmiştir. Süt verimine ilişkin  $h^2$  üçüncü

laktasyonda en yüksek (0.239) ikinci laktasyonda en düşük (0.209) tahminlenmiştir. Fenotipik korelasyonlar incelendiğinde genel olarak laktasyon sıralarına göre tüm verimlerde orta ya da yüksek korelasyonlar tahminlenmiştir. En yüksek fenotipik korelasyon süt ve protein verimi arasında (0.930) tahminlenmiştir. Genetik korelasyonlar beklendiği gibi düşük bulunmuştur.

Süt, yağ ve protein verimlerine ilişkin tahminlerin fenotipik ( $S_f$ ) ve genotipik ( $S_{u_m}$ ) standart hataları Çizelge 2'de özetlenmiştir. Şansa bağlı etkiler için en yüksek değerler verilmiştir.

Çizelge 2 incelendiğinde süt verimi için laktasyon sırasındaki artışa bağlı olarak parametre tahminlerinin sapmalarının da arttığı gözlenmektedir. Aynı durum yağ ve protein verimlerinde de gözlenmektedir. Süt verimine göre şansa bağlı etkiler için daha küçük hatalar hesaplanmıştır. Şansa bağlı etkilerin önceden bilinmesi nedeniyle protein ve yağ veriminde laktasyon sıralarına göre artış gözlenmemiştir. Buna karşın, süt veriminde ilk iki laktasyonda aynı değerler, üçüncü laktasyonda ise daha küçük bir değer (-0.08) hesaplanmıştır. Tahminlenen parametrelerin hatalarının da küçük olması kullanılan yöntemin  $10^{-8}$  yöntem hatasıyla tahminleme yapmasına bağlanabilir.

TM1'e göre verimlerin fenotipik ve genotipik korelasyon ile kalıtım derecesi tahminleri Çizelge 3'de özetlenmiştir.

Çizelge 3 incelendiğinde TM ile oldukça yakın tahminlerin elde edildiği gözlenmektedir. Süt, yağ ve protein verimleri için laktasyon sıralarına göre çapraz sınıflandırma yapılmaması nedeniyle aynı kalıtım dereceleri tahminlenmiştir. Aynı şekilde faktör seviyelerinin çapraz sınıflandırma olarak değerlendirilmediği kısıtlamalar nedeniyle kimi genotipik ve fenotipik korelasyonlar aynı olmuştur. Örneğin ilk iki laktasyon için kısıtlama yapıldığından ilk laktasyonda tahminler aynıdır. Yağ veriminde laktasyon sıraları dikkate alınmamıştır. Bu nedenle bütün tahminler aynıdır. Yine de TM ile karşılaştırıldığında fenotipik ve genotipik korelasyonların benzer olduğu gözlenmektedir.

TM2 kullanıldığında elde edilen korelasyon ve kalıtım derecesi tahminleri Çizelge 4'de özetlenmiştir.

Çizelge 4'de TM2 kullanıldığında elde edilen tahminlerin TM'e benzer olduğu gözlenebilir. Burada laktasyon sıralarına göre kısıtlama kullanılmamıştır. Bu nedenle laktasyon sıralarına göre de tahminler değişmiştir. Kalıtım derecesi tahminleri aynı sınıflandırmanın kullanılması nedeniyle TM ile aynıdır. Fenotipik ve genotipik tahminlerin çapraz sınıflandırmaların izin verdiği durumlar için TM ile aynı korelasyonlar tahminlenmiştir. Kısıtlamalar nedeniyle bazı çapraz ilişkiler tahminlenememiştir.

Çizelge 1. n.m özellik için gerçek parametreler olarak kabul edilen çok değişkenli modelde fenotipik (diyagonal altı), genotipik (diyagonal üstü) kovaryanslar ve kalıtım dereceleri (diyagonal, koyu yazılmış) tahminleri

Özellik	Laktasyon	Süt Verimi			Yağ Verimi			Protein Verimi		
		1	2	3	1	2	3	1	2	3
Süt verimi	1. laktasyon	<b>0.231</b>	0.159	0.165	0.127	0.095	0.088	0.189	0.141	0.123
	2. laktasyon	0.564	<b>0.209</b>	0.176	0.098	0.152	0.117	0.119	0.188	0.136
	3. laktasyon	0.438	0.710	<b>0.239</b>	0.096	0.140	0.114	0.112	0.154	0.182
Yağ verimi	1. laktasyon	0.795	0.447	0.423	<b>0.233</b>	0.197	0.181	0.147	0.120	0.109
	2. laktasyon	0.448	0.821	0.655	0.603	<b>0.250</b>	0.214	0.101	0.146	0.122
	3. laktasyon	0.361	0.561	0.810	0.591	0.809	<b>0.229</b>	0.088	0.112	0.141
Protein verimi	1. laktasyon	0.930	0.522	0.416	0.838	0.497	0.369	<b>0.210</b>	0.140	0.121
	2. laktasyon	0.513	0.913	0.531	0.503	0.841	0.500	0.571	<b>0.213</b>	0.162
	3. laktasyon	0.363	0.555	0.810	0.554	0.532	0.761	0.390	0.549	<b>0.214</b>

Çizelge 2. Fenotipik standart sapmalar ( $S_f$ ) ve marjinal şansa bağlı etkilere ( $u_m$ ) ilişkin tahminler

Özellik	$S_f$	$u_m$
Süt Verimi 1. laktasyon	900.83	-0.05
Süt Verimi 2. laktasyon	1003.82	-0.05
Süt Verimi 3. laktasyon	1020.23	-0.08
Yağ Verimi 1. laktasyon	37.45	4.20
Yağ Verimi 2. laktasyon	38.26	4.20
Yağ Verimi 3. laktasyon	39.50	4.20
Protein Verimi 1. laktasyon	23.83	5.04
Protein Verimi 2. laktasyon	28.50	5.04
Protein Verimi 3. laktasyon	27.40	5.04

Çizelge 3. n özellik için tanımlı modelde fenotipik (diyagonal altı), genotipik (diyagonal üstü) kovaryanslar ve kalıtım dereceleri (diyagonal, koyu yazılmış) tahminleri

Özellik	Laktasyon	Süt Verimi			Yağ Verimi			Protein Verimi		
		1	2	3	1	2	3	1	2	3
Süt verimi	1. laktasyon	<b>0.231</b>	0.159	0.165	0.127	0.095	0.088	0.189	0.141	0.123
	2. laktasyon	0.564	<b>0.209</b>	0.176	0.098	0.152	0.117	0.119	0.188	0.136
	3. laktasyon	0.438	0.710	<b>0.239</b>	0.096	0.140	0.114	0.112	0.154	0.182
Yağ verimi	1. laktasyon	0.795	0.447	0.423	<b>0.233</b>	0.197	0.181	0.147	0.120	0.109
	2. laktasyon	0.448	0.821	0.655	0.603	<b>0.250</b>	0.214	0.101	0.146	0.122
	3. laktasyon	0.361	0.561	0.810	0.591	0.809	<b>0.229</b>	0.088	0.112	0.141
Protein verimi	1. laktasyon	0.930	0.522	0.416	0.838	0.497	0.369	<b>0.210</b>	0.140	0.121
	2. laktasyon	0.513	0.913	0.531	0.503	0.841	0.500	0.571	<b>0.213</b>	0.162
	3. laktasyon	0.363	0.555	0.810	0.554	0.532	0.761	0.390	0.549	<b>0.214</b>

Çizelge 4. n kadar bağımsız m-özellikli model için fenotipik (diyagonal altı), genotipik (diyagonal üstü) kovaryanslar ve kalıtım derecesi (diyagonal, koyu yazılmış) tahminleri

Özellik	Laktasyon	Süt Verimi			Yağ Verimi			Protein Verimi		
		1	2	3	1	2	3	1	2	3
Süt verimi	1. laktasyon	<b>0.231</b>	0.159	0.165						
	2. laktasyon	0.564	<b>0.209</b>	0.176						
	3. laktasyon	0.438	0.710	<b>0.239</b>						
Yağ verimi	1. laktasyon				<b>0.233</b>	0.197	0.181			
	2. laktasyon				0.603	<b>0.250</b>	0.214			
	3. laktasyon				0.591	0.809	<b>0.229</b>			
Protein verimi	1. laktasyon							<b>0.210</b>	0.140	0.123
	2. laktasyon							0.571	<b>0.213</b>	0.162
	3. laktasyon							0.390	0.549	<b>0.214</b>

TM3 kullanıldığında elde edilen korelasyon ve kalıtım derecesi tahminleri Çizelge 5'de özetlenmiştir. Kısıtlama nedeniyle çapraz ilişkiler hesaplanamamıştır.

Çizelge 5 incelendiğinde sabit etkilerin çoğu kısıtlamaya gidilen TM3 çözümlerinin TM1 ile aynı olduğu gözlenmektedir. Ancak, kullanılan faktör sayısı çok az olduğu için çoğu tahminler elde edilememiştir.

Çalışmada kullanılan TM ile diğer üç model arasındaki ortak sonuçlar Çizelge 6'da özetlenmiştir. Burada; Seleksiyon indeksi ile damızlık değeri arasındaki ilişki katsayısı ( $r_{TI}$ ) hesaplanmış, eşitliklerin çözümlerinin elde edilmesinde toplam zamana göre her bir parametre tahmini için geçen ortalama süre (CPUT) özetlenmiştir.

Çizelge 6'da k, modeldeki etki sayısı olarak tanımlanmıştır. Çizelgede kullanılan model için, parantez içi kadar bağımsız doğrusal eşitlik kullanılmıştır.  $r_{TI}$  ise seleksiyon indeksi ve gerçek damızlık değeri arasındaki korelasyon değeri olmaktadır. Çizelge incelendiğinde en doğru tahminleme yapan modelin TM olduğu gözlenmektedir. Ancak, burada tüm ilişkiler tanımlıdır. En yüksek değer TM (0.8102) kullanıldığında hesaplanmıştır. En düşük değer ise TM3 (0.5974) kullanımına aittir. Bununla beraber, TM kullanıldığında eşitliklerin çözümü çok zaman alıcıdır. Tüm eşitliklerin çözümü için geçen zamanın parametre sayısına bölümü ile ortalama zaman (CPUT) hesaplanmıştır. TM bu yönden en zaman alıcı modeldir (1.25 mhz/da). TM3 0.15 mhz/da ile en kısa sürede işlem yapmıştır.

Modellerin performansları eksik gözlemler için karşılaştırıldığında TM'nin yetersiz kaldığı

gözlenmiştir. TM kullanılarak yürütülen işlemlerde eksik gözlemlerin olduğu alt gruplar için hata mesajı alınmıştır. TM1, TM2 ve TM3 hemen hemen aynı tahminleri hatasız olarak vermiştir. Üç model için yakın değerler Schulte-Coerne (1983) ve Weller ve ark. (1984) tarafından elde edilen bulgularla uyum göstermektedir.

Tahminleyici eşitlik sayısı bakımından (Çizelge 6) en kullanışlı model TM3'dür. Temel olarak p<sup>2</sup> kadar eşitlik yazılması gerekmesine rağmen, eşitliğin sağ tarafında yer alan etkilerin simetri ve blok yapısından dolayı daha az eşitlikle tahminlenmesi bir avantaj olarak gözükmektedir (Quass ve Pollak, 1980; Van Vleck ve Dwyer, 1985). Büyüme eğrilerine uygun olarak yürütülen çalışmalarda bu sayı p<sup>3</sup> kadar artmaktadır.

Bu durumda en iyi sonucu vermiş gibi görünen TM'nin uygulama zamanı açısından da diğer üç modele göre daha uzun zaman alması bir başka sakıncadır. Çalışmada simülasyonla elde edilen veri kümesinde her şansa bağlı her etki seviyesi için 1000 olmak üzere toplam 3000 kadar veri kullanılmıştır. Veri kümesinin sahadan alındığı gibi alt gruplar arası tekrar sayıları eşit olmamıştır. Ancak, hayvan ıslahında tekrarlanan ölçümler kullanılacaksa veri setinin boyutu oldukça büyük olmaktadır. Örneğin 100 başlık bir sürünün 11 denetim günü kullanıldığında bu sürüye ilişkin veri kümesi, sadece süt verimleri için 1100 gözlem değeri içerecektir. Bu tip veri kümeleri için TM çok kullanışsızdır. Bu anlamda yapılan sıralamada, TM'i TM1 izlemiştir. TM2 ve TM3 ise hem kullanılan toplam eşitlik sayısı hem de toplam süre bakımından en iyi modeller olarak belirlenmiştir.

Çizelge 5. n adet bağımsız özellikli model (Tekrarlanabilen Model) için fenotipik (diyagonal altı), genotipik (diyagonal üstü) kovaryanslar ve kalıtım derecesi (diyagonal, koyu yazılmış) tahminleri

Özellik	Laktasyon	Süt Verimi			Yağ Verimi			Protein Verimi		
		1	2	3	1	2	3	1	2	3
Süt verimi	1. laktasyon	<b>0.226</b>	0.226	0.226						
	2. laktasyon	0.570	<b>0.570</b>	0.226						
	3. laktasyon	0.570	0.570	<b>0.226</b>						
Yağ verimi	1. laktasyon				<b>0.237</b>	0.237	0.237			
	2. laktasyon				0.667	<b>0.237</b>	0.237			
	3. laktasyon				0.667	0.667	<b>0.237</b>			
Protein verimi	1. laktasyon							<b>0.212</b>	0.212	0.212
	2. laktasyon							0.503	<b>0.212</b>	0.212
	3. laktasyon							0.503	0.503	<b>0.212</b>

Çizelge 6. Model uyumu ve çözümü yapılan modellere ait bazı özellikler

Model	eşitlik sayısı	r <sub>T1</sub>	CPUT*
(i) n.m modeli	(n.m.k)	0.8102	1.25
(ii) n özellikli	(n.k)	0.6122	0.93
(iii) n bağımsız m özl.	n.(mk)	0.5922	0.85
(iv) n bağ. tek. mod.	n.(k)	0.5974	0.15

\* mhz/da

Birinci, ikinci ve üçüncü laktasyonlar için yapılan tahminler (Çizelge 1, 2 ve 3) populasyon parametreleriyle benzerlik göstermiştir. Ancak, kullanılan yöntemin de bu duruma etkili olduğu bilinmektedir (Dempfle, 1982; Meyer, 1983). Modelde tanımlı olan özelliklerin sayısı arttıkça hesaplamada büyük sorunlar yaşanmıştır. Gilmour (2000), bu durumu tanımlanan yeni blok etkisinin gerçek veriler üzerindeki olumsuz etkisinin bir yansıması şeklinde yorumlamaktadır.

Sonuç olarak, hiçbir kısıtlama yapılmaksızın uygulanan çok değişkenli modele göre (model 1), tekrarlanabilen model yaklaşımının daha az sayıda eşitlik kullanılarak parametrelerin tahminlenmesine izin veren model 2 ve 3 hayvan ıslahı çalışmalarında uygulanabilir modeller olarak gözükmektedir. Bazı sınırlamalarla yapılan bu model yaklaşımlarının populasyon parametrelerine yakın tahminlerin elde edilmesine izin veren bu modellerin, yürütülen çalışmalar için kullanışlı modeller olduğu belirlenmiştir.

#### KAYNAKLAR

Dekkers, J.C.M., Ten Hag J.H. ve Weersink, A., 1998. Economic aspect of persistency of lactation in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.*, 53: 237-252.

Dempfle, L., 1982. Zuchtwertschätzung beim rind mit einer ausführlichen darstellung der BLUP-Metode. *Züchtungsbiol.*, 3. Hamburg; Berlin. Parey.

Gilmour, A.R., 2000. Post blocking gone too far! Recovery of information and spatial analysis in field experiments. *Biometrics*, 56: 944-946.

Henderson, C.R., 1963. *Selection index and expected genetic advance*. Statistical Genetics and Plant Breeding. *NAS-NRC-publication*. 982, pp. 141-163.

Henderson, C.R., 1973. Sire evaluation and genetic trend. *Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium Honor of J.L. Lush*. Champaign, Illinois: ASAS u. ADSA, pp. 10-41.

Henderson, C.R., 1975. Best Linear Unbiased Estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*. 32: 432-447.

Jamrozik, J., Jansen, G., Schaeffer, L.R. ve Liu, Z., 1998. Analysis of persistency of lactation calculated from a random regression test-day model. *INTERBULL*, Bulletin No: 17: 64-69.

Meyer, K. ve Thompson, R., 1984. Bias in variance and covariance component estimators due to selection on a correlated traits. *Z. Tierz. Zücht.*, 101: 33-50.

Meyer, K., 1983. Scope for evaluating dairy sires using first and second lactation records. *Livest. Prod. Sci.*, 10: 531-553.

Quaas, R.L. ve Pollak, E.J., 1976. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*, 32: 949.

Quaas, R.L., ve Pollak, E.J., 1980. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. *J. Anim. Sci.*, 51: 1277-1287.

Schulte-Coerne, H., 1983. Comparison of selection indices using repeatability models and multiple trait models. *Madrid, 34th Annual Meeting of The EAAP*, Polycoppy.

Searle, S.R., Casella, G. ve McCulloch, C.E., 1992. Variance Components (In: Appendix M. Some Results in Matrix Algebra, p. 442-460). John Wiley and Sons, Inc., Ithaca, New York. 487p.

Smith, S.P., ve Graser, H.U., 1986. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. *J. Dairy Sci.*, 69: 1156-1165.

- Van der Linde, R., Groen, A. ve Gerben, J., 1999. Estimation of genetic parameters for persistency of milk production in dairy milk cattle. *Interbull Bulletin*, no: 20, 1-4.
- Van Vleck, L.D. ve Dwyer, D.J., 1985. Successive overrelaxation, block iteration and method of conjugate gradients for solving equations for multiple trait evaluation of sires. *J. Dairy Sci.*, 68: 760-767.
- Weller, J. I., Norman, H. D. ve Wiggans, G.R., 1984. Sire evaluations with parities as correlated traits and comparison with single trait evaluation. *J. Dairy Sci.*, 67: 2010-2020.