

Tavuklarda Kısmi Yumurta Verimlerinde Öz Kardeş Gruplarının Genetik Varyansa Etkileri

Türker SAVAŞ Emel ÖZKAN

Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü, Tekirdağ

Özet: Yumurta veriminin kalıtımında eklemeli olmayan gen etkileri de rol oynar. Genellikle bu gen etkileri uygulamada dikkate alınmazlar. Ancak bunların dikkate alınmaması varyans ve kovaryans unsurlarının hatalı tahmin edilmelerine, dolayısıyla damızlık değerlerde sapmaya neden olabilmektedir. Eklemeli olmayan gen etkilerinin istatistik modellerde dikkate alınmaları analizlerin kompleksleşmelerine ve hesap hacminin genişlemesine neden olur. Bunu önlemek amacıyla bu çalışmada eklemeli olmayan gen etkilerinin öz kardeş grupları üzerinden tahmin edilerek genetik varyansın bu etkilerden arındırılma olanakları araştırılmıştır. Aynı zamanda iki istatistiksel yöntem, REML ve Gibbs-Sampling karşılaştırılmıştır.

REML ve Gibbs-Sampling yöntemleri ile tahmin edilen bulgular, bu iki yöntem arasındaki farkın önemsiz olduğunu işaret etmektedir. Ancak öz kardeş grupları etkisinin yer aldığı ve almadığı modellerden elde edilen tahmin değerleri arasında fark bulunmuştur. Öz kardeş gruplarının modelde yer alması ile genetik varyansların %6 ile %34 arasında düştüğü gözlenmiştir. Aynı zamanda hata varyanslarında %6'ya varan artış görülmüştür. Çalışma bulgularına göre toplam varyansda öz kardeş grupları varyansı payları %1 ile %6 arasında değişmektedir.

Sonuç olarak, eklemeli olmayan gen etkilerinin doğrudan modelde yer almasına göre öz kardeş grupları modelinde işlem hacminin küçük olması bu modelin avantajıdır. Bu nedenle, özellikle ıslah uygulamalarında, varyans unsurları tahmininde modelde öz kardeş grupları etkisinin yer alması önerilmektedir.

Anahtar sözcükler: Yumurtacı tavuk, yumurta verimi, öz kardeşler, varyans unsurları

Effects of fullsib groups on genetic variances in partial egg production traits of laying hens

Summary: Non-additive gene effects play a role on the heredity of egg production. Generally these gene effects are not taken into account in practice. However, this may cause misestimating of variance and covariance components, thus this may result in biased in breeding values.

Considering of non-additive gene effects in statistical models makes the analysis to be more complexes and calculation volumes to be widened. To prevent this, by estimating non-additive gene effects in models on fullsib groups, possibilities of purifying genetic variances from these effects were investigated in this study. At the same time, the two statistical methods, REML and Gibbs-Sampling were compared.

The data which were estimated by the methods REML and Gibbs-Sampling showed that the difference between these two methods was not significant. However, there was a clear difference between estimated values derived from models excluding and including the effects of fullsib groups. When fullsib groups were included in the model, there was a decrease in genetic variances (from 6 to 34%). Whereas there was an increase in error variances up to 6%. The rate of variances of fullsib groups in total variance chanced from 1% to 6%. According to these results, the rate of variances of fullsib groups were found to be significant in total variances.

Consequently, if non-additive gene effects are used directly in the model, fullsib groups model has an advantage as it requires small calculation volumes. Therefore, especially in breeding

practices, it could be suggested that effect of fullsib groups should be included in any model in order to estimate variance components.

Key words: Layer, egg production, fullsib, variance components

Giriş

Kantitatif özelliklerin kalıtımında eklemeli gen etkilerinin yanı sıra dominans, epistatik ve pleiotropik gen etkileri de rol oynar. Eklemeli olmayan gen etkileri olarak adlandırılan bu genetik faktörler, ıslah uygulamalarında çoğunlukla dikkate alınmazlar. Ancak bunların dikkate alınmaması varyans unsurlarının hatalı tahminine ve bunun sonucu olarak da damızlık değerlerde sapmaya neden olabilmektedir.

Öz kardeşler arasındaki fenotipik benzerliğin yarısı eklemeli genetik varyansa, dörtte biri dominant varyansa dayanmaktadır (Soysal, 1998). Gen yerleri arasındaki interaksiyonlar ile yine öz kardeşler arasındaki fenotipik benzerlikte payı olan maternal genetik varyans, toplam varyansdaki paylarının çok düşük olması nedeniyle genellikle uygulamada dikkate alınmazlar.

Kanatlı hayvanlarda eklemeli olmayan gen etkileri genellikle heterosis çalışmalarında gündeme gelmiştir (Flock, 1980; Brade, 1984; Hagger, 1986; Sheridan, 1986a,b). Bu çalışmalarda heterosis etkisinin yumurta veriminde önemli olduğu sonucuna varılmıştır. Aynı zamanda bu çalışmalarda heterosis etkisinin nedeni olarak dominans, üstün dominans ve epistasi tartışılmıştır. Hagger (1986) tavuklarda melezleme denemeleri sonucu yumurta verimi, yumurta ağırlığı, canlı ağırlık ve eşeyssel olgunluk yaşı için istatistiksel olarak önemli dominans etkileri tahmin etmiştir. Aynı yazar başka bir çalışmasında 21-40. haftalık yaşlar arasında yumurta verimi için maternal etkilerden söz etmekte ve eklemeli gen etkilerinin 41-60. haftalık yaşlar arası yumurta verimi için önemini yitirdiğini bildirmektedir (Hagger, 1989).

Eklemeli olmayan gen etkilerinin tahminine yönelik yöntemler oldukça karmaşıktır. Zira bu tip gen etkilerinin birey modeli ile tahmininde eklemeli genetik akrabalık matrisi yanı sıra söz konusu genetik akrabalık matrislerinin de oluşturulması gerekir. Bu çalışmada, hesap hacmini makul bir seviyede tutmak ve sözü edilen karmaşıklığı biraz olsun giderebilmek amacıyla, eklemeli olmayan gen etkilerinin öz kardeş grupları varyansı aracılığıyla tahmini ve eklemeli genetik varyansın bu etkilerden arındırılması amaçlanmıştır.

Materyal ve Yöntem

Materyal

Analizlerde ticari bir ıslah programı çerçevesinde yetiştirilen ve iki generasyona ait, biri baba hattı (Rhodelaender, hat A) diğeri ana hattı (White Rock, hat D) olmak üzere, iki kahverengi yumurtacı saf hattan elde edilen bireysel yumurta verimi verileri kullanılmıştır. Çizelge 1'de hatlara ait akrabalık yapısı verilmiştir. Tavukların, 20-60. haftalık yaşlar arası (YVT) bireysel verim testleri yapılmıştır. Her bireyin 20-24 (YV1),

25-32 (YV2), 33-44 (YV3) ve 45-60 (YV4) haftalık yaşlar arasında yumurtladıkları toplam yumurta sayıları analiz edilmişlerdir. Kullanılan Pedigri dört generasyon geriye takip edilebilmektedir. Verilerin düzenlenmesinde SAS (1989) istatistik paket programı kullanılmıştır.

Çizelge 1. Analiz edilen hatlara ait akrabalık yapısı

	Hat A		Hat D	
	1. Generasyon	2. Generasyon	1. Generasyon	2. Generasyon
Baba	62	69	62	100
Ana	464	456	428	941
Döl	2958	2618	3250	6355

Yöntem

Yumurta verimi verilerini normal dağılıma uydurabilmek amacıyla Box-Cox transformasyonu uygulanmıştır (Savaş vd., 1998). İstatistik analizlerde iki yöntem ve model karşılaştırılmıştır. Yöntemlerden REML için MTC paket programı (Mizstal, 1994), Gibbs-Sampling için ise LMMG paket programı (Reinsch, 1996) kullanılmıştır. Analizler, univariyete olarak aşağıdaki modeller ile gerçekleştirilmiştir.

$$y_{ij} = \mu + R_i + a_{ij} + e_{ij} \quad (1) \quad y_{ijk} = \mu + R_i + \text{ök}_{ij} + a_{ijk} + e_{ijk} \quad (2)$$

Bu modellerde y_{ij} veya y_{ijk} yumurta verimini, μ populasyonun genel ortalamasını, R_i yıl-kümes-kafes'in sabit etkisini, ök_{ij} öz kardeş grubunun şansa bağlı etkisini, a_{ij} veya a_{ijk} bireyin şansa bağlı etkisini, e_{ij} veya e_{ijk} şansa bağlı hatayı ifade etmektedir. Görüldüğü gibi modeller arasındaki tek fark öz kardeş etkisinin yer alması veya almamasıdır.

REML yöntemi ile analizde yakınlık (convergence) kriteri olarak Mizstal (1994) tarafından önerilen 10^{-7} alınmıştır. Bu yakınlık düzeyine model (1) ile 100 tekrarlama (iterasyon), model (2) ile 120 tekrarlama ulaşılmıştır.

Aşağıdaki denklem yardımıyla, tek zincirden seyreltikten ve burn-in uzunluğu atıldıktan sonra elde edilen örneklerden hesaplanan kalıtım derecelerinin Monte Carlo hataları hesaplanmıştır. En düşük MCE leri veren Gibbs-Sampling zincir uzunluklarında elde edilen varyanslar nihai kalıtım derecelerinin hesaplanmasında kullanılmıştır.

$$MCE = \sqrt{\frac{\sigma^2}{Iter}}$$

Bu denklemde σ^2 tahminlerin varyansı, iter ise seyreltme (thinning) sonrası tekrarlama sayısıdır. Örnekleri birbirlerinden bağımsızlaştırmak için seyreltme GIBANAL paket programı ile belirlenmiştir (Van Kaam, 1997). Aynı zamanda bu program tekrarlama zincirlerinin ısınma (burn-in) uzunluğunun belirlenmesi için de kullanılmıştır. Her bir

özellik için 50.000 tekrarlamaya uygulanmıştır. Bunların, özelliklere göre değişmek üzere 1800 ile 4500'ü ısınma uzunluğu olarak belirlenmiştir. Nihai ısınma uzunluğu olarak her bir özellik için 10.000 alınmıştır. Örneklerden hesaplanan kalıtım derecelerinin standart sapmaları kalıtım derecelerinin standart hatasıdır.

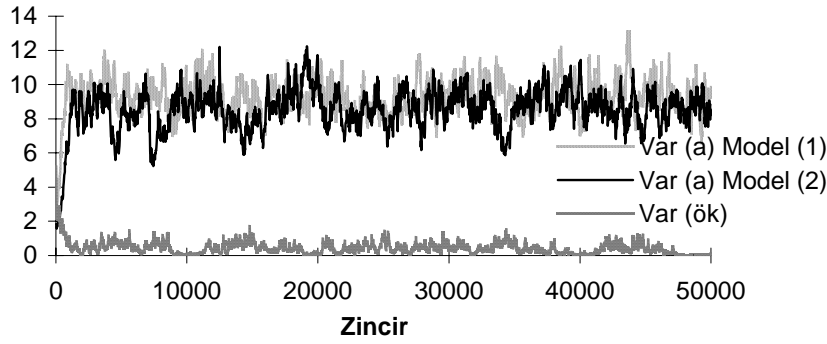
Dominans payları (d^2), öz kardeşler varyansının yalnızca dominant genetik etkiye dayandığı varsayımına göre aşağıdaki denklikten yararlanılarak hesaplanmıştır.

$$d^2 = \frac{4 * \sigma_{ök}^2}{\sigma_{ök}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

Bulgular

Gibbs-Sampling Tahminlerinin Aposteriori Dağılımları

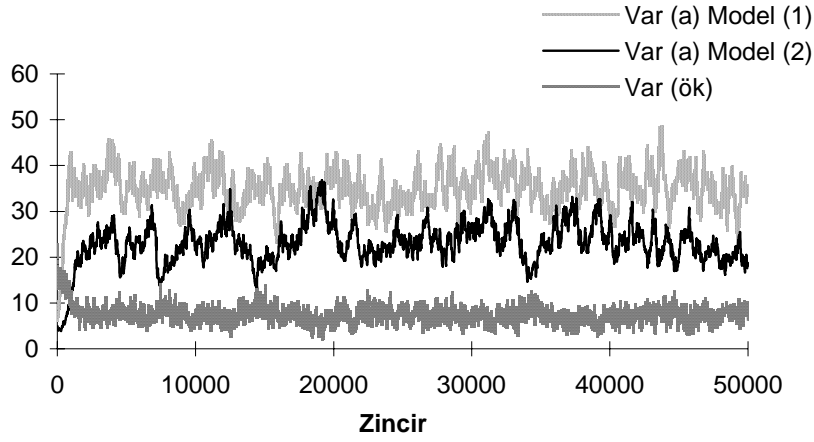
Şekil 1 ve 2'de hat A'ya ait iki yumurta verimi özelliğinin Gibbs-Sampling metoduyla ve iki farklı model ile tahmin edilen genetik (Var (a)) ve öz kardeş grupları (Var (ök)) varyanslarının yönelimleri verilmiştir. İki modelden elde edilen tahminler farklı seviyelerde olmalarına rağmen yönelimleri paralellik göstermektedir. Genetik varyanslar düşük değerlerle başlayıp ilerleyen tekraralarda yükselirken, bu durum öz kardeş grupları varyanslarında tersinedir. YV1 özelliğinde öz kardeş grupları varyansları sıfıra kadar düşmektedir. Buna karşın YV4 özelliğinde 2000 tekrarlardan sonra nispeten sabit bir yönelim göstermektedirler.



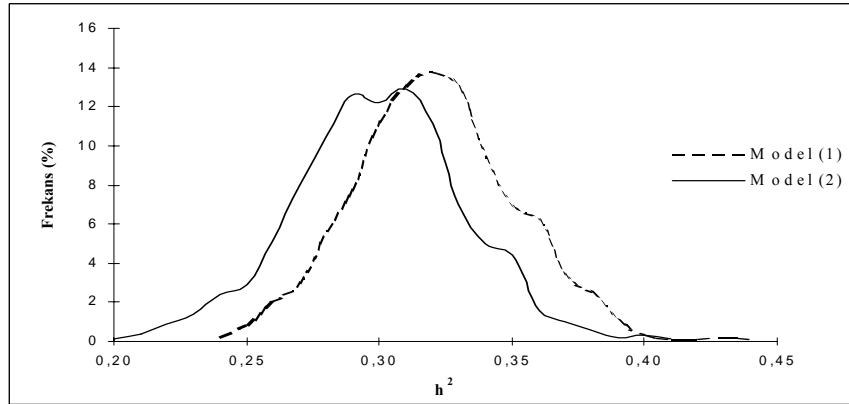
Şekil 1. Hat A'da YV1 özelliğine ait iki farklı model ile tahmin edilen genetik (Var (a)) ve öz kardeş grupları (Var (ök)) varyanslarının yönelimleri

Şekil 3 ve 4'de hat A'nın söz konusu özelliklerine ait kalıtım derecelerinin dağılımı verilmiştir. YV1 özelliğinde model (2) ile tahmin edilen kalıtım dereceleri diğer modele nazaran daha geniş bir dağılım aralığı göstermektedirler (Şekil 3). Ancak şekilden model (1) ile tahmin edilen kalıtım derecelerinin normal dağılıma, diğer modelden daha iyi uyduğu gözlenmektedir. Dağılım aralığının benzer olmasına rağmen YV4 özelliğine ait kalıtım derecelerinde modeller arasındaki fark, YV1 özelliğine nazaran, oldukça

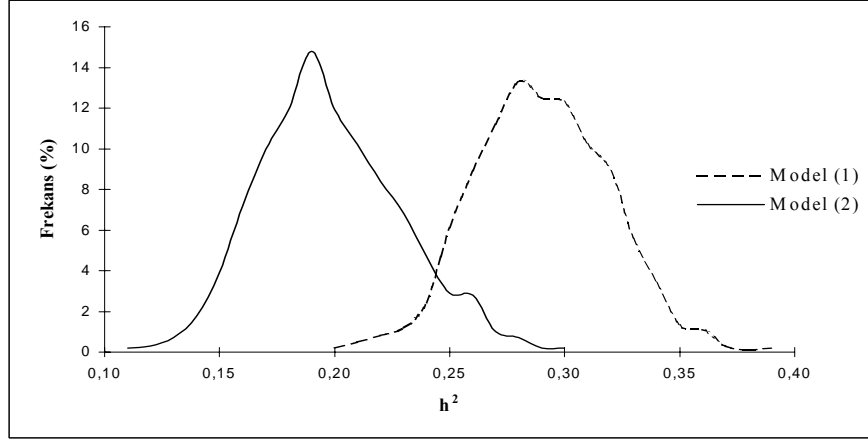
belirgindir (Şekil 4). Söz konusu her iki özelliğe ait öz kardeş grupları varyanslarının toplam varyansdaki paylarının dağılımının verildiği Şekil 5'ten görülebileceği gibi, YV1 özelliğine ait öz kardeş grupları varyans paylarının normal dağılım eğrisinden saptıkları görülmektedir. Gerek bu sapma gerekse varyansların sıfır çevresindeki yönelimleri (Şekil 1), bu özellik için öz kardeş grupları etkisinin şanstan ileri geldiğini göstermektedir. YV4 özelliğinde ise varyans paylarının dağılımı normal dağılıma daha uygundur. Monte Carlo hataları hat A'da tüm özelliklerin kalıtım dereceleri için 0,004 ile 0,006 arasında değişmektedir. Bu değerler hat D'de ise 0,003 ile 0,004 arasında değişmektedir. Aynı değerler öz kardeş varyansları payları için hat A'da 0,002, hat D'de ise 0,001 ile 0,002'dir.



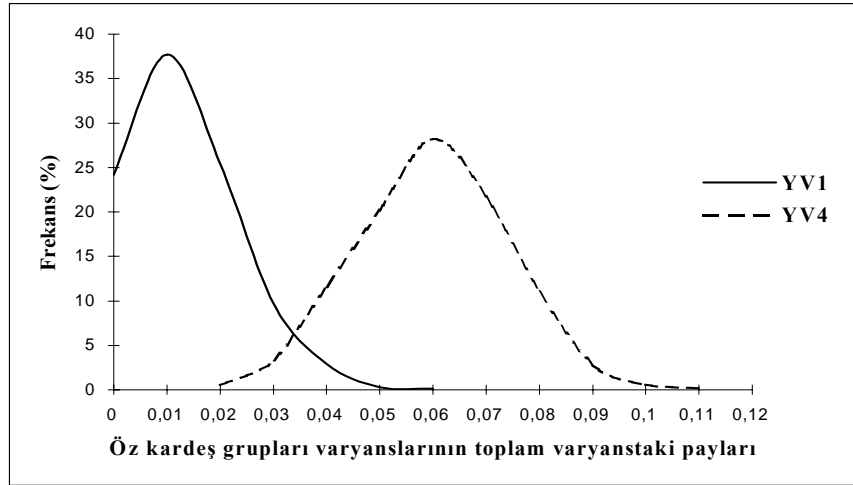
Şekil 2. Hat A'da YV4 özelliğine ait iki farklı model ile tahmin edilen genetik (Var (a)) ve öz kardeş grupları (Var (ök)) varyansları yönelimleri



Şekil 3. Hat A'da iki model ile tahmin edilmiş YV1 özelliğine ait kalıtım derecelerinin dağılımı



Şekil 4. Hat A'da iki model ile tahmin edilmiş YV4 özelliğine ait kalıtım derecelerinin dağılımı



Şekil 5. Hat A'da YV1 ve YV4 özelliklerine ait iki model ile tahmin edilmiş öz kardeş grupları varyans paylarının dağılımı

Eklemeli Genetik Varyans ve Öz Kardeş Grupları Varyansı

İki farklı yöntem (REML ve Gibbs-Sampling) ve model ile tahmin edilmiş, yumurta verimi özelliklerine ait varyans unsurları ve kalıtım dereceleri Çizelge 2,3,4 ve 5'de verilmiştir. Kalıtım derecelerinin yumurtlama periyodu boyunca trendi, hat ve modellerde aynı kalmaktadır. Yumurtlama periyodu başlangıcında (YV1) yüksek genetik varyans, pik veriminde (YV2) çok düşük genetik varyans ve sonrasında (YV3

ve YV4) tekrardan yükselme göstermektedirler. Toplam verime ait (YVT) genetik varyans ise yumurtlama periyodunun son dönemleri ile benzerlik göstermektedir.

Çizelge 2. REML metodu ve iki model ile tahmin edilmiş kalıtım dereceleri (h^2), genetik varyanslar (σ_a^2), hata varyansları (σ_e^2), öz kardeş grupları varyansları ($\sigma_{ök}^2$) ve öz kardeş grupları varyans payları (σ_k^2) (Hat A)

Özellik	Model (1)			Model (2)					
	h^2	σ_a^2	σ_e^2	h^2	$\sigma_{ök}^2$	σ_a^2	$\sigma_{ök}^2$	σ_e^2	d^2
YV1	0,32	9,24	19,68	0,30	0,01	8,68	0,37	19,83	0,05
YV2	0,08	0,71	8,35	0,08	0,00	0,68	0,02	8,36	0,01
YV3	0,22	3,86	13,52	0,16	0,05	2,70	0,80	13,81	0,19
YV4	0,29	34,63	85,62	0,20	0,06	24,26	6,92	88,37	0,23
YVT	0,25	68,50	200,99	0,20	0,04	54,78	9,58	204,31	0,14

Çizelge 3. Gibbs-Sampling metodu ve iki model ile tahmin edilmiş kalıtım dereceleri (h^2), genetik varyanslar (σ_a^2), hata varyansları (σ_e^2), öz kardeş grupları varyansları ($\sigma_{ök}^2$) ve öz kardeş grupları varyans payları (σ_k^2) (Hat A)

Özellik	Model (1)			Model (2)				
	$H^2 \pm SE$	σ_a^2	σ_e^2	$h^2 \pm SE$	$\sigma_{ök}^2$	σ_a^2	$\sigma_{ök}^2$	σ_e^2
YV1	0,32 ± 0,03	9,30	19,67	0,30 ± 0,03	0,01 ± 0,01	8,68	0,38	19,86
YV2	0,08 ± 0,02	0,71	8,37	0,07 ± 0,02	0,01 ± 0,01	0,62	0,07	8,38
YV3	0,22 ± 0,03	3,90	13,50	0,15 ± 0,03	0,05 ± 0,01	2,63	0,84	13,86
YV4	0,29 ± 0,04	35,00	85,49	0,20 ± 0,03	0,06 ± 0,01	23,72	7,19	88,81
YVT	0,26 ± 0,03	69,10	200,87	0,20 ± 0,03	0,04 ± 0,01	54,06	9,90	205,07

REML ve Gibbs-Sampling yöntemleri arasındaki farklar önemsizdir. Ancak modeller arasındaki farklar belirgindir. Öz kardeş gruplarının modelde yer alması ile genetik varyanslarda %6 ile %34 arasında düşüş görülmektedir. Aynı zamanda hata varyanslarında %6'ya varan artış olmaktadır. Toplam varyansda öz kardeş grupları varyansı payları %1 ile %6 arasında değişmektedir.

Hat A'da YV1'e ait kalıtım derecesi modeller arasında hemen hemen fark göstermezken, aynı özellik hat D'de oldukça büyük bir fark göstermektedir. Bu durum hatların eşeyssel olgunluk yaşlarındaki farka bağlanabilir. Pik veriminde (YV2) her iki hatta da, modeller arasında fark ya yoktur ya da çok küçüktür. Öz kardeş grupları etkisi, özellikle yumurtlama periyodunun ikinci yarısında (YV3 ve YV4) oldukça yüksektir. Aynı zamanda bu özelliklerde genetik varyansda düşme görülmektedir. Toplam yumurta veriminde öz kardeş grupları etkisinin toplam varyansdaki payları hat A'da %4, hat D'de %5'dir.

Çizelge 4. REML metodu ve iki model ile tahmin edilmiş kalıtım dereceleri (h^2), genetik varyanslar (σ_a^2), hata varyansları (σ_e^2), öz kardeş grupları varyansları ($\sigma_{\text{ök}}^2$) ve öz kardeş grupları varyans payları (ök^2) (Hat D)

Özel-lik	Model (1)			Model (2)					
	h^2	σ_a^2	σ_e^2	h^2	ök^2	σ_a^2	$\sigma_{\text{ök}}^2$	σ_e^2	d^2
YV1	0,33	8,73	17,89	0,23	0,05	6,11	1,41	18,75	0,21
YV2	0,09	0,66	6,46	0,08	0,01	0,57	0,09	6,47	0,05
YV3	0,18	2,95	13,52	0,14	0,03	2,26	0,47	13,68	0,11
YV4	0,25	38,57	115,56	0,16	0,06	24,37	9,48	119,12	0,24
YVT	0,24	70,35	223,68	0,16	0,05	47,36	14,59	229,94	0,20

Çizelge 5. Gibbs-Sampling metodu ve iki model ile tahmin edilmiş kalıtım dereceleri (h^2), genetik varyanslar (σ_a^2), hata varyansları (σ_e^2), öz kardeş grupları varyansları ($\sigma_{\text{ök}}^2$) ve öz kardeş gruplarının varyans payları (ök^2) (Hat D)

Özel-lik	Model (1)			Model (2)				
	$h^2 \pm \text{SE}$	σ_a^2	σ_e^2	$h^2 \pm \text{SE}$	ök^2	σ_a^2	$\sigma_{\text{ök}}^2$	σ_e^2
YV1	0,33 ± 0,02	8,80	17,86	0,24 ± 0,03	0,05 ± 0,01	6,33	1,39	18,64
YV2	0,09 ± 0,02	0,67	6,46	0,09 ± 0,01	0,01 ± 0,00	0,61	0,09	6,45
YV3	0,18 ± 0,03	2,97	13,51	0,15 ± 0,02	0,03 ± 0,01	2,39	0,45	13,62
YV4	0,25 ± 0,03	38,97	115,42	0,17 ± 0,02	0,06 ± 0,01	25,54	9,34	118,55
YVT	0,24 ± 0,02	71,05	223,45	0,17 ± 0,02	0,05 ± 0,01	50,14	14,26	228,50

Tartışma

REML ve Gibbs-Sampling ile tahmin edilen varyans unsurları ve kalıtım dereceleri, başka çalışmalarda da bildirildiği gibi benzer sonuçlar vermektedir (Van Tassel vd., 1995; Von Felde, 1996). Ancak Van Tassel vd. (1995) küçük örnekle analizlerde Gibbs-Sampling'in REML'e nazaran avantajlı olduğunu bildirmektedirler. Sonuç olarak, bu iki yöntemin karşılaştırılmasından her ikisinin de varyans unsurları tahmininde kullanılabileceği ortaya çıkmaktadır.

Çalışmada hesaplanan öz kardeş varyanslarına dayanan dominans payları, yakın tarihli çalışmaların bulgularından yüksektir (Wei ve Van der Werf, 1992; Settari vd, 1997; Besbes ve Gibson, 1998). Dominans etkinin en fazla görüldüğü özellikler YV3 ve YV4 olup bu bulgu, eklemeli genetik etkinin yumurtlama periyodunun geç dönemlerinde (41 ve 60. haftalık yaşlar) önemini yitirdiğini bildiren Hagger'i (1989) onaylamaktadır. Kalıtım derecelerinin model (2) ile düşmesi yukarıdaki bildirişler ile uyumludur.

Aggrey ve Cheng'e (1994) göre maternal çevre etkisi olarak tanımlanan yumurta iç kalitesi büyümede etkilidir. Eşeyssel olgunluk yaşındaki varyasyonun bir nedeni büyüme

dönemidir. Bu nedenle YV1 özelliğinde öz kardeş grupları etkisinin yüksek olması beklenir. Çalışmada hat A'da bu durum görülmezken, hat D'de öz kardeş grupları etkisi oldukça yüksektir. Eşeyssel olgunluğa daha geç ulaşan hat A'da bu etki yumurtlama başlangıcına kadar zayıflamaktadır. Buna karşın daha düşük bir canlı ağırlığına sahip ve daha düşük yem tüketimi gösteren hat D'de çıkış ağırlığının büyüme dönemine etkisi daha büyüktür. Bu hayvanlar hat A'ya nazaran, düşük çıkış ağırlığını büyüme döneminde telafi edemezler. Tüm hayvanlara eşit ışık programı çerçevesinde eşeyssel olgunluk yaşı canlı ağırlığına bağımlı olduğundan, hat D'de daha yüksek öz kardeş grupları varyansı tahmin edilmesi şaşırtıcı değildir. Fairfull ve Gowe (1986) yumurta veriminde maternal çevre etkisinin görülmediğini bildirirken, bu çalışmanın bulguları böyle bir sonuca varmaya izin vermemektedir. Bazı özelliklerde oldukça yüksek bulunan öz kardeş grupları varyans payları öz kardeş grupları etkisinin, yalnızca dominans ile açıklanamayacağına işaret etmektedir.

Model (2) ile tahmin edilen kalıtım derecelerinin model (1) ile tahmin edilenlere nazaran düşük olmaları genetik varyansların öz kardeş varyansından temizlenmeleri ile açıklanabilir. Her ne kadar öz kardeş grupları varyans payları düşük gibi görünse de, bu etki modelde yer almadığında kalıtım dereceleri abartılı olarak tahmin edilmektedirler. Doğrudan dominans etkinin modelde yer almasına göre öz kardeş grupları modelinin avantajı işlem hacmini düşürmesidir. Zira dominans etkinin doğrudan modelde yer alması additif genetik akrabalığın yanı sıra dominans akrabalığın da tahminlerde kullanılmasını gerektirir. Bu durum eşitliklerin büyümesine neden olur. Bu nedenle, özellikle ıslah uygulamalarında, varyans unsurları tahmininde modelde öz kardeş grupları etkisinin yer alması önerilebilir.

Kaynaklar

- Aggrey, S.E., K.M. Cheng (1994): Animal Model Analysis of Genetic (Co)Variations for Growth Traits in Japanese Quail. *Poult. Sci.* 73: 1822-1828.
- Besbes, B., J.P. Gibson (1998): Genetic Variability of Egg Production Traits in Purebred and Crossbred Laying Hens. *Proc. of the 6th WCGALP, Armidale, Australia.*
- Brade, W. (1984): Untersuchungen zum Heterosiszuwachs und Rekombinationsverlust bei Wirtschaftlich interessierenden Merkmalen Weißer Leghornhennen. *Arch. Tierz.* 27: 361-370.
- Fairfull, R.W., R.S. Gowe (1986): Use of Breed Resources for Poultry Egg and Meat Production. *Proc. 3rd World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* XII: 242.
- Flock, D.K. (1980): Heterosischätzungen in einer Population von weißen Leghorn nach langjähriger RRS. *Vortrag, Europ. Geflügelkongreß, Hamburg.*
- Hagger, C. (1986): Genetic Effects of Heterosis in F₁ and Backcrosses of Inbred Lines of White Leghorns. *J. Anim. Breed. Genet.* 103: 26-36.
- Hagger, C. (1989): Genetic Effects Estimated From Crosses and Backcrosses of Two Related Lines of White Leghorn Chickens. *J. Anim. Breed. Gen.* 106: 241-248.
- Mizstal, I. (1994): Multitrait REML Estimation of Variance Components By Canonical Transformation, With Support for Multiple Random Effects. University of Illinois, Usa.

- Reinsch, N. (1996): Two Fortran Programs for the Gibbs Sampler in Univariate Linear Mixed Models. Arch. Tierz. 39 (2): 203-209.
- SAS Institute Inc. (1989): User's Guide. Vers. 6, Cary, NC, USA.
- Savaş, T., R. Preisinger, R. Röhe, E. Kalm, (1998): Einfluss der Box-Cox-Transformation auf die genetische Parameter und Zuchtwerte von Teillegeleistungen bei Legehennen. Züchtungskunde (Baskıda).
- Settar, P., L. Türkmüt, T. Gönül (1997): Yumurtaçılarda Bazı Performans Özellikleri İçin Genetik Varyansın Farklı Modellerle Tahminlenmesi. Yutav '97, İstanbul.
- Sheridan, A.D. (1986a): Selection for Heterosis from Crossbred Populations: Estimation of the F₁ Heterosis and its Mode of Inheritance. Brit. Poultry Sci. 27: 541-550.
- Sheridan, A.D. (1986b): Selection for Heterosis from Crossbred Populations: Comparison of the F₃ Heterosis and Backcross Populations. Brit. Poultry Sci. 27: 551-559.
- Soysal, M.İ., 1998. Kantitatif Genetik Prensipleri (Ders Notları). Tekirdağ (Basılmamış).
- Van Kaam, J.-T. (1997): GIBANAL. Analyzing Program for Markov Chain Monte Carlo Sequences. Wageningen Agricultural University, The Netherlands.
- Van Tassell, C.P., G. Casella, E.J. Pollak (1995): Effects of Selection on Estimates of Variance Components using Gibbs Sampling and Restricted Maximum Likelihood. J. Dairy Sci. 78: 678-692.
- Von Felde, A. (1996): Genetische Analyse der Futteraufnahme-Informationen von Jungebern aus Gruppenprüfung mit automatischen Fütterungsanlagen. Schriftenreihe des Institutes für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Heft 90. Diss. Kiel.
- Wei, M., J.H.J. Van der Werf (1992): Animal Model Estimation of Additive and Dominance Variances in Egg Production Traits of Poultry. In: M. Wei. Combined Crossbred and Purebred Selection in Animal Breeding. Doctor Thesis Wageningen Agricultural University, The Netherlands.