

**ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI
2011-DR-011**

**KANTİTATİF ÖZELLİKLERİN ANALİZİNDE
HATA TERİMİ *NORMAL*, *STUDENT-t* veya
SLASH DAĞILIMI GÖSTEREN DOĞRUSAL
MODELLERİN KULLANILMASI**

Burcu MESTAV

**Tez Danışmanı:
Prof. Dr. Kadir KIZILKAYA**

AYDIN-2011

ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE
AYDIN

Zootekni Anabilim Dalı Doktora Programı öğrencisi Burcu MESTAV tarafından hazırlanan “Kantitatif Özelliklerin Analizinde Hata Terimi *Normal*, *Student-t* veya *Slash* Dağılımı Gösteren Doğrusal Modellerin Kullanılması” başlıklı tez, 29.11.2011 tarihinde yapılan savunma sonucunda aşağıda isimleri bulunan jüri üyelerince kabul edilmiştir.

	Ünvanı, Adı Soyadı	Kurumu	İmzası
Başkan:	Prof. Dr. Yavuz AKBAŞ	Ege Üniv.
Üye:	Prof. Dr. Kadir KIZILKAYA	ADÜ
Üye:	Prof. Dr. Tufan ALTIN	ADÜ
Üye:	Prof. Dr. Soner BALCIOĞLU	Akdeniz Üniv
Üye:	Doç. Dr. İbrahim CEMAL	ADÜ

Jüri üyeleri tarafından kabul edilen bu Doktora Tezi, Enstitü Yönetim Kurulununsayılı kararıyla..... tarihinde onaylanmıştır.

Prof. Dr. Cengiz ÖZARSLAN
Enstitü Müdürü

ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE
AYDIN

Bu tezde sunulan tüm bilgi ve sonuçların, bilimsel yöntemlerle yürütülen gerçek deney ve gözlemler çerçevesinde tarafımdan elde edildiğini, çalışmada bana ait olmayan tüm veri, düşünce, sonuç ve bilgilere bilimsel etik kuralların gereği olarak eksiksiz şekilde uygun atıf yaptığımı ve kaynak göstererek belirttiğimi beyan ederim.

...../...../20...

Burcu MESTAV

ÖZET

KANTİTATİF ÖZELLİKLERİN ANALİZİNDE HATA TERİMİ NORMAL, STUDENT-t veya SLASH DAĞILIMI GÖSTEREN DOĞRUSAL MODELLERİN KULLANILMASI

Burcu Mestav

Doktora Tezi, Zootekni Anabilim Dalı
Tez Danışmanı: Prof. Dr. Kadir Kızılkaya
2011, 72 sayfa

Bu çalışmada, hata terimi *Normal*, *Student-t* veya *Slash* dağılan çok değişkenli doğrusal karışık etkili modeller kantitatif özelliklerin analizi için geliştirilmiştir. Hata terimi *Normal* (NOR), üç (ST3) veya on (ST10) serbestlik dereceli *Student-t*, ve birbuçuk (SL1.5) veya üç (SL3) serbestlik dereceli *Slash* dağılımlı çok değişkenli doğrusal karışık etkili hayvan modelleri kullanılarak beş farklı popülasyon beş tekerrürlü olarak türetilmiştir. *Student-t* ve *Slash* (Dirençli) modellerin geçerliliğini belirlemek amacıyla; her popülasyondaki her tekerrür *Normal*, *Student-t* ve *Slash* modelleri kullanılarak, genetik, genetik olmayan ve hata (ko)varyansları ve serbestlik derecelerinin tahmin için analiz edilmiştir. Elde edilen sonuçlar, *Normal*, *Student-t* ve *Slash* popülasyonlar için *Student-t* ve *Slash* modelleriyle tahmin edilen serbestlik derecesi tahminlerinin yansız olduğunu; *Student-t* ve *Slash* modellerin, *Normal*, *Student-t* veya *Slash* dağılımı gösteren popülasyonların analizi için kullanılabileceğini belirtmiştir. Buna ek olarak; tahmin edici log-olabilirlik değeri, *Normal*, *Student-t* veya *Slash* dağılımı gösteren popülasyonlar için en uygun modeli belirlemede iyi bir model seçme kriteri olarak belirlenmiştir. Çok değişkenli *Normal*, *Student-t* ve *Slash* modelleri, Yeni Zelanda'da bulunan 12124 baş Romney koyundan toplanan süttan kesim ağırlığı, birinci yaş ağırlığı ve yapağı verimlerinin analizi için uygulanmıştır. *Student-t* ve *Slash* modellerine ait serbestlik dereceleri 12.6 ve 3.15 olarak tahminlenmiştir. Doğrudan ve maternal genetik ve hata (ko)varyans son dağılımlar modellere göre benzerlik göstermiştir. Normal modelle elde edilen doğrudan ve maternal kalıtım dereceleri ait son ortalamalar *Student-t* ve *Slash* ile tahmin edilenlerle benzer bulunmuştur. Bu sonuçlar; *Normal*, *Student-t* veya *Slash* modelinin Romney ırkına ait süttan kesim ağırlığı, birinci yaş ağırlığı ve yapağı verimlerinin analizi için uygun olduğunu belirtmiştir.

Anahtar Sözcükler: Dirençli model, gibbs örnekleme, *student-t* dağılım, *slash* dağılım

ABSTRACT**USE OF LINEAR MODELS WITH NORMAL, STUDENT-*t* OR SLASH
DISTRIBUTED ERROR FOR THE
ANALYSIS OF QUANTITATIVE TRAITS**

Burcu MESTAV

Ph.D. Thesis, Department of Animal Science
Supervisor: Prof. Dr. Kadir KIZILKAYA
2011, 72 pages

In this study, multivariate linear mixed effects models with *Normal*, *Student-t* or *Slash* distributed errors were developed to analyze quantitative traits. Five different populations with five replicates were simulated using multivariate linear mixed effects animal models with *Normal* (NOR), three (ST3) or ten (ST10) degrees of freedom *Student-t*, and one and half (ST1.5) or three (SL3) degrees of freedom *Slash* distributed error. In order to validate *Student-t* and *Slash* (Robust) models, each replicate in each population was analyzed to estimate genetic, non-genetic error (co)variances and degrees of freedom using *Normal*, *Student-t* and *Slash* distributed models. Results indicated that unbiased estimate of degrees of freedom for *Normal*, *Student-t* or *Slash* population was obtained from *Student-t* and *Slash* models; and *Student-t* and *Slash* model could be used to fit Normal and heavy-tailed distributed populations. In addition, Predictive Log-Likelihood was found as a good model choice criterion to determine a model fit better for *Normal*, *Student-t* and *Slash* population. Multivariate *Normal*, *Student-t* and *Slash* models were also applied to analyze weaning weight, yearling weight and fleece weight data collected from 12124 Romney sheep in New Zealand. Posterior means of degrees of freedom for *Student-t* and *Slash* models were estimation 12.6 and 3.15. Posterior distributions of direct, maternal genetic and error (co)variances were similar across models. Posterior means of direct and maternal heritabilities from Normal model seemed to agree with those from the *Student-t* and *Slash* models. These results indicate that *Normal*, *Student-t* or *Slash* model is adequate for the analysis of weaning, yearling and fleece weights from Romney sheep.

KeyWords: Robust model, gibbs sampling, *student-t* distribution, *slash* distribution

ÖNSÖZ

Bu çalışmada; kantitatif özelliklerin analizinde kullanılan Normal dağılımlı modellere bir alternatif, olarak dirençli Student-t ve Slash dağılımlı modellerin geliştirilmesi amaçlanmıştır. Bu amaç için; simülasyon çalışması ile beş farklı serbestlik dereceli popülasyonlar türetilerek Bayesian yaklaşımı ile analiz edilmiştir.

Simülasyon çalışmasının yanı sıra Yeni Zelanda’da yetiştirilen Romney koyun ırkı sürüsünden alınan süttten kesim ağırlığı, birinci yaş ağırlığı ve yapağı verimi verileri de analiz edilmiştir.

Tez çalışmam süresince çalışmamın her aşamasında yardımcı, yardımcı olan, değerli katkı ve eleştirileriyle bana yol gösteren danışman hocam Sayın Prof. Dr. Kadir KIZILKAYA’ya teşekkürlerimi sunarım. Ayrıca çalışmam boyunca katkı ve önerileri ile bana destek veren Prof. Dr. Yavuz AKBAŞ, Prof. Dr. Orhan KARACA ve Doç. Dr. İbrahim CEMAL’e, tez savunmamda katkılarından dolayı Prof. Dr. Soner BALCIOĞLU ve Prof. Dr. Tufan ALTIN’a, teşekkür ederim. Gerek çalışmam süresince gerekse de tez yazım sürecinde hep yanımda olan ve destek veren bölüm arkadaşlarım Arş. Gör. Nezih ATA, Arş. Gör. Zeynep KAÇAMAKLI ve Arş. Gör. A. Önder ÜSTÜNDAĞ’a, manevi olarak desteklerini eksik etmeyen arkadaşlarım Arş. Gör. Necmiye ÜÇER ve Arş. Gör. Fulya Kaya APAK’a, tezimin yazım aşamasında bana yardımcı olan Yrd. Doç. Dr. Korhan GÜNEL’e teşekkürlerimi sunarım.

Lisanstan itibaren Doktora çalışmamın sonuna kadar engin bilgileriyle benim bugünlere gelmeme yardımcı olan Bölüm hocalarım Prof. Dr. Mete KARACAOĞLU, Prof. Dr. Mustafa AKŞİT, Doç. Dr. Mürsel ÖZDOĞAN, Doç. Dr. Atakan KOÇ, Yrd. Doç. Dr. Hulusi AKÇAY, Öğr. Gör. Birol BİRİNCİOĞLU, Öğr. Gör. Dr. Onur YILMAZ, Arş. Gör. Dr. Demir ÖZDEMİR ve Arş. Gör. Dr. Murat YILMAZ’a sevgi ve teşekkürlerimi sunarım.

Destek ve sevgileri ile hep benimle olan eşime, Anneme, Babama, Kardeşlerime, kızım Melin Arya’ya teşekkür ve sevgilerimi sunarım.

Burcu Mestav

İÇİNDEKİLER

KABUL ONAY SAYFASI.....	.iii
BİLİMSEL ETTİK BİLDİRİM SAYFASI.....	.v
ÖZET	vii
ABSTRACT.....	.ix
ÖNSÖZxi
SİMGELER DİZİNİ.....	xv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xvii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xix
KISALTMALAR	xxi
1. GİRİŞ	1
2. LİTERATÜR ÖZETİ.....	3
2.1. Bayesian Yaklaşımı ve MCMC Yöntemleri	3
2.1.1. Ön (Prior) Dağılım	4
2.1.2. Olabilirlik Fonksiyonu (Likelihood)	5
2.1.3. Son (Posterior) Dağılım	5
2.1.4. MCMC (Metropolis-Hasting ve Gibbs Örnekleme) Yöntemleri	5
2.2. Dirençli Modeller	7
2.2.1. Student-t Dağılımı	9
2.2.2. Slash Dağılımı	10
2.3. Dirençli Modellerin Hayvan Islahında Kullanımı.....	11
2.4. Romney Koyun Irkı ve Genetik Parametre Tahminleri	16
3. MATERYAL VE METOT	17
3.1. Materyal	17
3.1.1. Simülasyon Çalışması	17
3.1.2. Sahadan Elde Edilen Veriler	19
3.2. Metot	21
3.2.1. Ön (Prior) Dağılım	23
3.2.1.1. λ_i ve v Serbestlik Derecesine (n) ait Ön Dağılımlar	25
3.2.2. Olabilirlik (Likelihood) Fonksiyonu	26
3.2.3. Ortak Son (Posterior) Yoğunluk Fonksiyonu.....	26
3.2.4. Parametrelerin Tam Şartlı Yoğunluk Fonksiyonları	26
3.2.4.1. (Ko)varyans matrisleri G_0 , H_0 ve R_0 için tam şartlı yoğunluk fonksiyonları.....	27

3.2.4.2. λ_i ve serbestlik derecesi (ν) için tam şartlı yoğunluk fonksiyonları	28
3.2.5. Model Karşılaştırma	29
3.2.6. Marjinal Hata (Ko)Varyans, Kalıtım Derecesi ve Genetik Korelasyonlar	30
3.2.7. MCMC Uygulaması	32
4. BULGULAR	35
4.1. Hata Terimi Normal Dağılım Gösteren Popülasyon (NOR)	35
4.2. Hata Terimi Üç Serbestlik Dereceli ($n=3$) Student-t Dağılımı Gösteren Popülasyon (ST3)	39
4.3. Hata Terimi On Serbestlik Dereceli ($n=10$) Student-t Dağılımı Gösteren Popülasyon (ST10)	42
4.4. Hata Terimi Bir Buçuk Serbestlik Derecesli ($n=1.5$) Slash Dağılımı Gösteren Popülasyon (SL1.5)	45
4.5. Hata Terimi Üç Serbestlik Dereceli ($n=3$) Slash Dağılımı Gösteren Popülasyon (SL3)	49
4.6. Simülasyon Çalışmasına ait Genetik Parametre Tahminleri	52
4.7. Sahadan Elde Edilen Veri Setine Ait Sonuçlar.....	55
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	61
KAYNAKLAR.....	67
ÖZGEÇMİŞ.....	71

SİMGELER DİZİNİ

v	Serbestlik Derecesi
σ_a^2	Eklmeli Genetik Varyans
σ_m^2	Maternal Genetik Varyans
σ_e^2	Hata Varyansı
h_a^2	Eklmeli Kalıtım Derecesi
h_m^2	Maternal Kalıtım Derecesi

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Normal dağılım ve dirençli dağılımlara ait yoğunluk grafiği.....	8
Şekil 3.1. Simülasyon çalışmasının şematik görüntüsü.....	19

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Simülasyon çalışmasında, verilerin türetilmesi ve analizinde uygulanan modeller.....	32
Çizelge 4.1. NOR popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri	35
Çizelge 4.2. NOR popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri	36
Çizelge 4.3. NOR popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri	37
Çizelge 4.4. NOR popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri	38
Çizelge 4.5. NOR popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri	38
Çizelge 4.6. ST3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri	39
Çizelge 4.7. ST3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri	40
Çizelge 4.8. ST3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri.....	41
Çizelge 4.9. ST3 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri	41
Çizelge 4.10. ST3 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri	42
Çizelge 4.11. ST10 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri	43
Çizelge 4.12. ST10 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri	43
Çizelge 4.13. ST10 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri.....	44
Çizelge 4.14. ST10 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri	45
Çizelge 4.15. ST10 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri	45
Çizelge 4.16. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri	46
Çizelge 4.17. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri	46
Çizelge 4.18. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri.....	47
Çizelge 4.19. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri	48
Çizelge 4.20. SL1.5 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL Değerleri	48
Çizelge 4.21. SL3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri	49

Çizelge 4.22. SL3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri.....	50
Çizelge 4.23. SL3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri	51
Çizelge 4.24. SL3 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri.....	52
Çizelge 4.25. SL3 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerler	52
Çizelge 4.26. NOR, ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonlarında üç özelliğe ait kalıtım derecelerinin gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen değerleri.....	53
Çizelge 4.27. NOR, ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonlarında üç özellik arasındaki genetik korelasyonların gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen değerleri.....	54
Çizelge 4.28. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait eklemeli genetik varyans tahminleri.....	55
Çizelge 4.29. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait maternal genetik varyans tahminleri.....	55
Çizelge 4.30. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait hata varyans tahminleri.....	56
Çizelge 4.31. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait eklemeli kalıtım derecesi tahminleri.....	57
Çizelge 4.32. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait maternal kalıtım derecesi tahminleri	57
Çizelge 4.33. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özellikler arası genetik korelasyon değerleri.....	58
Çizelge 4.34. SKA, BYA ve YV özelliklerinin ST ve SL modelleriyle tahmin edilen serbestlik derecesine ait tanımlayıcı değerler	59
Çizelge 4.35. ST ve SL modellerine ait PLL değerleri.....	59

KISALTMALAR

ANOVA	Varyans Analizi
ML	En Yüksek Olabilirlik
REML	Kısıtlanmış En Yüksek Olabilirlik Tahmini
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
SO	Son Ortalama
SS	Son Standart Sapma
SOD	Son Ortanca Değer
SOA	%95 Son Olasılık Aralığı
NOR	Hata Terimi Normal Dağılım Gösteren Tahmin Modeli
ST	Hata Terimi Student-t Dağılımı Gösteren Tahmin Modeli
SL	Hata Terimi Slash Dağılımı Gösteren Tahmin Modeli
NOR	Hata Terimi Normal Dağılım Gösteren Popülasyon
ST3	Hata Terimi Üç Serbestlik Dereceli Student-t Dağılımı Gösteren Popülasyon
ST10	Hata Terimi On Serbestlik Dereceli Student-t Dağılımı Gösteren Popülasyon
SL1.5	Hata Terimi Birbuçuk Serbestlik Dereceli Slash Dağılımı Gösteren Popülasyon
SL3	Hata Terimi Üç Serbestlik Dereceli Slash Dağılımı Gösteren Popülasyon
SKA	Sütten Kesim Ağırlığı
BYA	Bir Yaş Ağırlığı
YV	Yapağı Verimi
PLL	Tahminlenmiş log-olabilirlik

1. GİRİŞ

Hayvan ıslahının temel amacı; çiftlik hayvanlarının genetik kapasitesini iyileştirerek ekonomik özelliklerden elde edilecek geliri, minimum girdiyle maksimum seviyeye ulaştırmaktır. Hedeflenen maksimum değere ulaşmak, ancak genetik kapasitesinin belirlenmesi ve buna bağlı olarak ıslah edilmesiyle mümkün olmaktadır. Genetik kapasitenin belirlenmesi, genetik varyans ve kalıtım derecesi gibi genetik parametrelerin tahminiyle mümkündür.

Varyans unsurlarının tahmininde geçmişten günümüze bir çok tahmin yöntemi geliştirilmiş olup yaygın şekilde kullanılmaktadır. Bu yöntemlerden; genetik varyansların tahmini için Varyans Analizi (ANOVA), Maksimum Olabilirlik (ML), Kısıtlanmış en yüksek olabilirlik (REML) ve Bayesian istatistiği, damızlık değer tahmini için de En iyi doğrusal sapmasız tahminleyici (BLUP) en çok kullanılan tahmin yöntemleridir. Bu yöntemlerde tahmin işlemi hata teriminin *Normal* dağılım gösterdiği varsayımına dayanmaktadır. Ancak (tek değişkenli veya çok değişkenli) *Normal* dağılıma dayalı istatistiksel yorumlamanın sıradışı gözlemlere duyarlı olduğu bilinmektedir. Hayvan ıslahında veriler büyük boyutludur ve sıra dışı gözlemler bu tip veri setlerinde sıkça gözlenmektedir. Bu gerçeğe ve matematiksel istatistik literatüründeki dirençli yöntemlere olan önemli derecedeki ilgiye rağmen, hayvan ıslahı uygulamaları dahil bir çok alanda uygulamalı istatistiksel analizler *Normal* modele dayalı olmaya devam etmektedir. Doğrusal regresyon da dahil olmak üzere yöntemlerin birçoğu esas itibarıyla dirençli istatistiksel modeller geliştirmek yerine sıradışı gözlemleri test etmeye yönelmişlerdir. Sıradışı gözlemler atıldıktan sonra dahi, daha sonraki analiz hala *Normal* doğrusal modele dayalı bir yöntemle sınırlı kalmıştır. Bu yaklaşımın en ciddi problemi, sonuçta yapılan yorumlamanın sıra dışı gözlemin atılması işlemindeki belirsizliği yansıtmakta başarısız olmasından kaynaklanmaktadır. Özellikle, standart hatalar oldukça küçük olma eğilimindedirler. Bundan dolayı, sıra dışı gözlemlere biraz direnç (robustness) sağlamak oldukça arzu edilen bir durumdur (Firat, 2001).

Özellikle son yıllarda bilgisayar teknolojisinde meydana gelen gelişmeler ve bu gelişmelerle paralel olarak yaygınlaşan Bayesian yaklaşımının kullanımıyla, sıra dışı gözlemlere dirençli modellerin istatistiksel analizlerde kullanımı artmıştır. Bayesian yaklaşımının temeli; model parametreleriyle ilgili olarak araştırmacının deneyimlerinden ya da daha önce yapılan araştırmalardan elde edilen ön bilgi ile verilerden elde edilen objektif bilginin birleştirilmesine dayanmaktadır. Ön bilgiyle objektif bilginin birleştirilmesi ile son dağılım elde edilmekte ve varyans unsurları da son dağılımdan tahminlenmektedir. Ancak Bayesian yaklaşımında, özellikle karışık etkili doğrusal modellerde parametrelere ait son dağılımların belirlenmesi çok boyutlu integral hesaplamaları gerektirmektedir. Bayesian yaklaşımında ortaya çıkan bu zorluk Markov Chain Monte Carlo (MCMC) örnekleme yöntemlerinin (Metropolis Hasting ve Gibbs Örneklemesi) geliştirilmesiyle giderilmiştir. MCMC yöntemleri, parametrelere ait son dağılımdan parametre değerlerinin türetilmesine dayanmaktadır. Böylece MCMC yöntemleri çözümü analitik olarak zor olan bazı problemlerin, benzetim teknikleri ve bilgisayar yazılımları sayesinde hızlı bir biçimde çözülmesine imkan sağlamıştır (Yardımcı ve Erar, 2005).

MCMC yöntemlerinden biri olan Gibbs Örneklemesi belli bir dağılıştan rasgele değerler üreten iteratif bir esasa dayanmaktadır (Galiç, 2002). Gibbs örneklemesi ile bütün bilinmeyen parametreler verildiğinde gözlem vektörüne ait tam şartlı yoğunluk fonksiyonları elde edilir ve bu fonksiyondan varyans unsurları tahmini yapılmaktadır.

Bu tezin amacı; hayvan ıslahında, kantitatif özelliklerin analizinde kullanılan ve sıra dışı gözlemlerin bulunduğu veri setlerinin, dirençli dağılımlar kullanılarak Bayesian yaklaşımına dayalı olarak MCMC yöntemleriyle analiz edilmesidir. Bu amaçla hata terimi *Normal*, ve farklı serbestlik dereceli *Student-t* veya *Slash* dağılımı gösteren popülasyonların analizinde kullanılacak dirençli modellerin geliştirilmesidir.

2. LİTERATÜR ÖZETİ

2.1. Bayesian Yaklaşımı ve MCMC Yöntemleri

Hayvan ıslahında veriler genellikle klasik istatistik yöntemleri ile analiz edilmektedir. Yeni yöntemlerin üstünlüğü, klasik analizlerde yapılan gerçekçi olmayan varsayımları azaltması ve daha sapmasız tahminlere ulaşmamıza imkan vermesidir. Söz konusu varsayımların tutmadığı durumlarda varyans analizi yolu ile tahminlenen varyans unsurları ve kalıtım dereceleri sapmalı olmaktadır. Geliştirilen yöntemlerin çoğu dengesiz verilerde genel doğrusal modellerin kullanımına yöneliktir (Akbaş, 2000).

Varyans unsurlarının tahmininde kullanılan ilk yöntem 1921 yılında Fisher tarafından geliştirilen varyans analizidir. Bu alanda ilk ciddi adım Henderson tarafından atılmıştır. Daha sonra günümüzde de halen kullanılmakta olan olabilirlik temelli Maksimum olabilirlik yöntemi Hartley ve Rao tarafından geliştirilmiştir. Bilgisayar teknolojisinin de gelişmesiyle varyans unsurları tahmininde klasik istatistik yöntemlerinden farklı olarak Bayesian istatistiği kullanılmaya başlanmıştır. Bayesian teoremi 1763 yılında bir din görevlisi olan Thomas Bayes tarafından geliştirilmiş ve istatistikte yeni bir akımın oluşmasına neden olmuştur. 1763 yılında yayınlanmış olmasına rağmen Bayesian düşüncesinin kullanımı 20.yy'dan sonra artmıştır. Kendall ve Buckland (1971) Bayesian tahmininin tanımını "invers olasılık yöntemleri kullanarak popülasyon parametrelerinin tahmini" şeklinde yaparken, Gianola ve Fernando (1986) ise tanımını "önceki durumla ilgili birikmiş bilgiyi yansıtan ön dağılışların (prior distribution) işleme dahil edilerek, şansa bağlı değişkenlerle ilgili yapılan bir yorumlama tarzı" şeklinde tanımladıklarını belirtmiştir.

Bayesian yaklaşımında öncelikle modelde bilinmeyen parametreler (sabit, şansa bağlı etkiler ve varyans unsurları) için bir ön (prior) dağılım belirlenir ve veriye

ait olabilirlik fonksiyonu ile birleştirilerek parametrelere ait son (posterior) dağılım elde edilmektedir.

2.1.1. Ön (Prior) dağılım

Varyans unsurlarının tahminini yapmak amacıyla, seçilen parametrik modeli tam olarak tanımlamak için ilave varsayımların yapılması gerekmektedir. Öncelikle modeldeki bilinmeyen tüm parametreler (sabit etkiler, şansa bağlı etkiler ve varyans unsurları gibi) için ön dağılım tayin edilir. Bu durum başlangıçta parametrelerin değerleri hakkında çok az bir bilgiye sahip olduğumuz anlamına gelir. Bunun için tüm parametrelere daha önce yapılan çalışmalardan veya kaynaklardan yola çıkarak değerler verilir ve buna ön bilgi denir. Parametreler hakkındaki bu ön bilgi, değerleri doğru şekilde yansıtmalıdır. Ön bilgiyi analize dahil eden istatistiksel yöntemler, bu ön bilgiyi dikkate almayan yöntemlere göre daha kesin ve doğru yorumlamalar yapılmasını sağlar. Bu durum, Bayesian yaklaşımının hayvan ıslahındaki önemini ortaya koymaktadır.

Bayesian yaklaşımında, farklı ön dağılımlar farklı son dağılımların bulunmasına neden olur. Bayesian istatistiğinde yapılan çalışmalara göre farklı ön dağılımlar bulunmaktadır. Bu dağılımlar belirli ve belirsiz ön dağılımlardır. Tanım aralığındaki integrali ya da toplamı 1'e eşit olan ön dağılımlara belirli ön dağılımlar; sonsuza eşit olan ön dağılımlara ise belirsiz ön dağılımlar denir. Ön dağılımın belirsiz olmasına karşın son dağılım belirli olabilir. Bilgi içermeyen ön dağılımların kullanılmasındaki temel amaç, parametreler hakkındaki ön bilginin az olması ya da veriden elde edilen bilgi dışında bilgiye ihtiyaç duyulmamasıdır. Bu ön dağılımların kullanılması durumunda Bayesian yaklaşımı ile elde edilen tahminler ve klasik yaklaşım ile elde edilen tahminler arasında önemli bir fark olmadığı söylenebilir. Bu ön dağılımlara örnek olarak tekbiçimli (uniform) ön dağılımlar, düz (flat) ön dağılımlar, dağınık (diffuse/vague) ön dağılımlar, Jeffreys'in ön dağılımları verilebilir. Bilgi içeren (informative) ön dağılımlar ise, parametreler hakkında ön bilgiye sahip olunması durumunda bu ön bilginin formülasyonu ile elde edilir.

Ön bilgi, konu ile ilgili uzman görüşlerine ya da aynı konu hakkındaki geçmiş deneyimlere dayanarak elde edilebilir. Diğer bir ön dağılım olan eşlenik ön dağılımlar, parametreler hakkındaki ön bilginin belirsiz olmadığı varsayıldığında bu ön bilgiler bazı dağılımlarla belirtilebilmektedir. Bu dağılımlar, uygun matematiksel özelliklere sahip ön dağılımlar ailesinin üyeleridir. Bu tür ailelere "doğal eşlenik aileler" adı verilmektedir (Tektaş, 2006).

2.1.2. Olabilirlik Fonksiyonu (Likelihood)

Ön dağılımlar belirlendikten sonra verilerin olabilirlik fonksiyonu olabilirlik temeline dayalı olarak tanımlanır.

2.1.3. Son (Posterior) Dağılım

Son dağılım, olabilirlik fonksiyonu ile ön dağılımın çarpımından meydana gelmektedir. Varyans unsurlarının tahminlenmeleri, son dağılımlar üzerinden gerçekleştirilmektedir.

$$\text{Son dağılım} = \text{Olabilirlik fonksiyonu} \times \text{Ön dağılım}$$

Bayesian yaklaşımı 1990'ların ilk yarısından itibaren kantitatif genetik alanında uygulanmaya başlanmıştır (Wang vd. 1993, Sorensen vd. 1994). Hayvan ıslahı alanında ise tek özellikli karışık doğrusal modellerde, seleksiyon etkisinin çalışıldığı modellerde, anaya ait etkinin de eklendiği modeller, birey modeli, çok özellikli doğrusal modellerde, tek özellikli eşikli modellerde, iki özellikli eşikli ve Normal modellerde, tek değişkenli boğa ve hayvan modellerinde genetik ve fenotipik parametrelerin tahmininde kullanılmıştır.

2.1.4. MCMC (Metropolis-Hasting ve Gibbs Örnekleme) Yöntemleri

Birçok Bayesian probleminde, uygun yorumlamalar yapabilmek için parametrelerin tam şartlı yoğunluk fonksiyonlarına ihtiyaç duyulmaktadır. Bununla birlikte, son

dağılımdan parametre tahmini yapmak ve bu tahminleri analitik yöntemlerle elde etmek oldukça zor veya imkansızdır. Bu durum varyans unsurları hakkındaki yorumlamalar da dahil olmak üzere bir çok uygulamalı problemler için geçerlidir. Dolayısı ile, son dağılımdan her bir parametreye ait tam şartlı yoğunluk fonksiyonu elde etmek için analitik integral yerine sayısal integral yöntemlerine ihtiyaç duyulmaktadır (Fırat, 2001). İntegral alma yöntemlerine dayalı olan bu istatistik yönteminin uygulanmasındaki zorluk MCMC metodlarının geliştirilmesi ile büyük oranda giderilmiştir (Tempelman, 1998).

MCMC metodu, analitik ve sayısal integrasyon tekniklerinin uygulanamadığı kompleks son dağılımın yorumlanmasına imkan sağlayan önemli bir hesaplama metodudur (Sorensen ve Gianola, 2002). Bu metod, ilk olarak Albert ve Chib (1993) tarafından ortaya atılmış ve daha sonraları Sorensen vd. (1995) tarafından hayvan ıslahına uygulanmıştır (Kızılkaya, 2002). Bu metotta Monte-Carlo simülasyonu sırasında iterasyonlar sonucu Markov zincirleri oluşturulmaktadır (Sorensen ve Gianola, 2002). MCMC ile sonlu sayıda gözlem değeri kullanılarak, sonsuz sayıda veri elde etmek mümkündür. Böylece çözümü analitik olarak zor olan bazı problemlerin, benzetim teknikleri ve bilgisayar yazılımları sayesinde hızlı biçimde çözülmesi mümkün olmaktadır (Yardımcı ve Erar, 2005). Günümüzde en çok kullanılan MCMC yöntemleri Metropolis-Hasting ve Gibbs Örneklemeye yöntemleridir. Gibbs örnekleme yönteminde son dağılımları incelemek için güçlü bir iteratif metod olmuştur (Geman and Geman, 1984).

Gibbs örnekleme yönteminde bilinmeyen tüm parametreler için tam şartlı yoğunluk fonksiyonlarının (Full Conditional Densities) elde edilmesini sağlar (Tempelman, 1998). Tam şartlı yoğunluk fonksiyonu, modelde bütün diğer parametreler verildiğinde ilgi duyulan değişkenin yoğunluğudur. Örneğin, gibbs örnekleme $f(a|y)$, $f(b|y)$ veya $f(a,b|y)$ 'nin dağılımlarını tahmin etmek için kullanılacaksa, bu durumda $f(a|b,y)$ ve $f(b|a,y)$ tam şartlı dağılımlarına gereksinim vardır. Bu yoğunluk fonksiyonlarının herhangi birini elde etmek amacıyla değişkenlerin bir tanesine

rasgele bir başlangıç değeri verilir ve daha sonra tek tek tam şartlı yoğunluk fonksiyonlarından değerler üretilir.

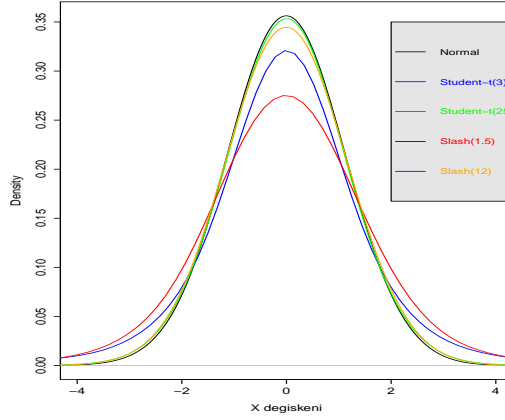
Gibbs örneklemesindeki zincirin uzunluğunun ne kadar olacağı konusunda farklı görüşler vardır. Bazı araştırmacılar ya tek uzun zincir (single long chain) metodu (Geyer, 1992) yada çoklu kısa zincir (multiple short chain) metodunu (Gelman ve Rubin, 1992) önermişlerdir. Çoklu kısa zincirde belli bir adet örnek paralel olarak çalıştırılmakta olup bu yöntem tek uzun zincir metoduna göre daha etkili bulunmuştur. Çünkü birbirini paralel olarak takip eden örnekler arasında yüksek korelasyon bulunduğu bildirilmiştir (Fırat, 2001). Tek uzun zincirde ise başlangıçta kaydedilen değerler (burn-in periyodu) parametrelere ait dağılımdan çekilmediği varsayımına dayanarak atılması gerekmektedir (Geyer, 1992). Bazı araştırmacılar ise popülasyon parametrelerine ait dağılımlara yakınsadığından emin olmak için sürecin farklı başlangıç değerleri ile yeniden başlatılmasını savunmaktadırlar. Mevcut durum için son dağılıma yakın başlangıç değerleri kullanılması halinde bir takım olumsuzluklarla karşılaşılmayacağı da bildirilmektedir (Fırat, 2001).

2.2. Dirençli Modeller

Tek veya çok değişkenli *Normal* dağılıma dayalı istatistiksel yorumlamanın sıradışı gözlemlere duyarlı olduğu bilinmektedir. Sıra dışı gözlemlere biraz direnç (robustness) sağlamak oldukça arzu edilen bir durumdur (Fırat, 2004).

Sıra dışı gözlemler içeren veri setlerinin analizinde Gaussian (*Normal*) dağılımı yerine, Normal/Bağımsız (veya ölçek karışım normal) olarak tanımlanan ve dirençli dağılım olarak da adlandırılan, tek veya çok değişkenli *Student-t* veya *Slash* dağılımları gibi Normal dağılıma göre daha kalın ve geniş kuyruklu olan dağılımların kullanılması alternatif bir çözüm olarak sunulmuştur.

Normal dağılım ile Normal/Bağımsız dağılımlardan olan *Student-t* ve *Slash* dağılımları arasındaki farkı göstermek amacıyla Şekil 2.1'de *Normal*, 3 ve 25 serbestlik dereceli *Student-t* ile 1.5 ve 12 serbestlik dereceli *Slash* dağılımları verilmiştir.



Şekil 2.1. Normal dağılım ve dirençli dağılımlara ait yoğunluk grafiği

Şekil 2.1’de görüldüğü gibi serbestlik derecesi küçüldükçe *Student-t* ve *Slash* dağılımların kuyrukları *Normal* dağılıma göre daha kalkık hale gelmektedir. Böylece dağılımın uç kısmında yer alan sıra dışı gözlemler için *Normal* dağılıma göre daha fazla olasılık değeri sağlanmaktadır. Buna ek olarak, serbestlik derecesi arttıkça yani teorik olarak sonsuza gittiğinde hem *Student-t* hem de *Slash* dağılımı *Normal* dağılıma dönüşmektedir.

Nomal/bağımsız dağılım gösteren \mathbf{y} değişkeni aşağıdaki şekilde doğrusal bir modelde ifade edildiğinde (Lange ve Sinsheimer, 1993):

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \frac{\mathbf{e}}{\sqrt{\lambda}} \quad (2.2.1)$$

$\boldsymbol{\mu}$: ortalamalar vektörü, \mathbf{e} : hata vektörü olup $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R})$ şeklinde *Normal* dağılım göstermektedir. Modelde yer alan λ değişkeni ν (serbestlik derecesi) parametresi verildiğinde $p(\lambda|\nu)$ yoğunluk fonksiyonuna sahip ve pozitif değerler alan şansa bağlı bir değişken olarak tanımlanmaktadır.

λ değişkeni verildiğinde, \mathbf{y} değişkeninin şartlı ortalaması $\boldsymbol{\mu}$ ve (ko)varyans matrisi $\frac{\mathbf{R}}{\lambda}$ olan bir *Normal* dağılım ($\mathbf{y} \sim N(\boldsymbol{\mu}, \frac{\mathbf{R}}{\lambda})$) göstermektedir. Buna karşılık, \mathbf{y} değişkeninin marjinal yoğunluk $p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\mu}, \mathbf{R}, \nu)$ dağılımı da $p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\mu}, \mathbf{R}, \lambda)$ şartlı dağılımın λ değişkenine göre aşağıda verildiği şekilde

$$p(\mathbf{y} | \mu, \mathbf{R}, \nu) = \int \mathbf{p}(\mathbf{y} | \mu, \mathbf{R}, \lambda) \mathbf{p}(\lambda | \nu) d\lambda \quad (2.2.2)$$

integrali alınarak elde edilmektedir. Normal/bağımsız dağılımlar içerisinde yer alan ve dirençli tahminler sağlayan kalın kuyruklu *Student-t* ve *Slash* dağılımları bu şekilde elde edilen dağılımlar arasında yer almaktadır.

2.2.1. *Student-t* Dağılımı

$$\mathbf{y} = \mu + \frac{\mathbf{e}}{\sqrt{\lambda}} \quad (2.2.3)$$

doğrusal modelinde pozitif ($\lambda > 0$) değerler alan λ değişkeninin, $Gamma(\frac{\nu}{2}, \frac{\nu}{2})$

$$p(\lambda | \nu) = \frac{(\nu/2)^{\nu/2}}{\Gamma(\nu/2)} \lambda^{(\nu/2)-1} \exp(-\frac{\nu}{2}\lambda) \quad (2.2.4)$$

dağılımından türetilmesi sonucunda; \mathbf{y} değişkeninin marjinal olasılık dağılımı ν serbestlik dereceli çok değişkenli *Student-t* dağılımı göstermektedir (Lange ve Sinsheimer, 1993).

İspat:

$$\begin{aligned} p(\mathbf{y} | \mu, \mathbf{R}, \nu) &= \int p(\mathbf{y} | \mu, \mathbf{R}, \lambda) \mathbf{p}(\lambda, \nu) d\lambda \\ &= \int (2\pi)^{-\frac{p}{2}} |\mathbf{R}\lambda^{-1}|^{-\frac{1}{2}} \exp[-\mathbf{0.5}(\mathbf{y} - \mu)'(\mathbf{R}\lambda^{-1})(\mathbf{y} - \mu)] \\ &\quad \times \frac{(\nu/2)^{\frac{\nu}{2}}}{\Gamma(\frac{\nu}{2})} \lambda^{(\nu/2)-1} \exp[-\frac{\nu\lambda}{2}] d\lambda \\ &= \int (2\pi)^{-\frac{p}{2}} |\mathbf{R}|^{-\frac{1}{2}} \lambda^{\frac{p}{2}} \exp[-\mathbf{0.5}\lambda(\mathbf{y} - \mu)'(\mathbf{R}^{-1})(\mathbf{y} - \mu)] \\ &\quad \times \lambda^{(\nu/2)-1} \exp[-\frac{\nu\lambda}{2}] d\lambda \\ &= (2\pi)^{-\frac{p}{2}} |\mathbf{R}|^{-\frac{1}{2}} \frac{(\nu/2)^{\frac{\nu}{2}}}{\Gamma(\frac{\nu}{2})} \\ &\quad \int \lambda^{\frac{p}{2} + \frac{\nu}{2} - 1} \exp[-\mathbf{0.5}\lambda(\mathbf{y} - \mu)'(\mathbf{R}^{-1})(\mathbf{y} - \mu + \nu)] d\lambda \end{aligned}$$

$$p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\mu}, \mathbf{R}, \nu) = \frac{\Gamma(\frac{\nu+p}{2})}{|\mathbf{R}|^{\frac{1}{2}} \pi^{\frac{p}{2}} \Gamma(\frac{\nu}{2}) \nu^{\frac{p}{2}}} \left[1 + \frac{(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})' (\mathbf{R}^{-1}) (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})}{\nu} \right]^{-\frac{\nu+p}{2}} \quad (2.2.5)$$

ν serbestlik dereceli çok değişkenli *Student-t* dağılımıdır.

2.2.2. *Slash* Dağılımı

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \frac{\mathbf{e}}{\sqrt{\lambda}} \quad (2.2.6)$$

doğrusal modelinde yer alan λ değişkeni $0 < \lambda \leq 1$ arasında tanımlandığında ve

$$p(\lambda | \nu) = \nu \lambda^{\nu-1} \quad (2.2.7)$$

yoğunluk fonksiyonlu *Beta*($\nu, 1$) dağılımından türetildiğinde, \mathbf{y} değişkeninin marjinal yoğunluk fonksiyonu ν serbestlik derecesine sahip çok değişkenli *Slash* dağılımı göstermektedir (Lange ve Sinsheimer, 1993).

İspat:

$$\begin{aligned} p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\mu}, \mathbf{R}, \nu) &= \int p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\mu}, \mathbf{R}, \lambda) p(\lambda, \nu) d\lambda \\ &= \int (2\pi)^{-\frac{p}{2}} |\mathbf{R}\lambda^{-1}|^{-\frac{1}{2}} \exp[-0.5(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})' (\mathbf{R}\lambda^{-1}) (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})] \times [\nu \lambda^{\nu-1}] d\lambda \\ &= \int (2\pi)^{-\frac{p}{2}} |\mathbf{R}|^{-\frac{1}{2}} \lambda^{\frac{p}{2}} \exp[-0.5\lambda(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})' (\mathbf{R}^{-1}) (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})] \times [\nu \lambda^{\nu-1}] d\lambda \\ &= (2\pi)^{-\frac{p}{2}} |\mathbf{R}|^{-\frac{1}{2}} \nu \int \lambda^{\frac{p}{2} + \nu - 1} \exp[-0.5\lambda(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})' (\mathbf{R}^{-1}) (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})] d\lambda \\ p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\mu}, \mathbf{R}, \nu) &= \begin{cases} \frac{|\mathbf{R}|^{-\frac{1}{2}} \nu 2^{\frac{p}{2} + \nu} \Gamma(\frac{p}{2} + \nu; 0.5(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})' (\mathbf{R}^{-1}) (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu}))}{(2\pi)^{\frac{p}{2}} [(\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})' (\mathbf{R}^{-1}) (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu})]^{\frac{p}{2} + \nu}} & \mathbf{y} \neq \boldsymbol{\mu} \\ \frac{|\mathbf{R}|^{-\frac{1}{2}} \nu}{(2\pi)^{\frac{p}{2}} 2^{\nu+p}} & \mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} \end{cases} \quad (2.2.8) \end{aligned}$$

Andrews ve Mallows (1974) Normal/Bağımsız (ölçek karışım normal) dağılımlar için gerekli koşulları tanımlayarak bu dağılımlarla ilgili örnekler sunmuşlardır. West (1984) hata terimi *Student-t* dağılımı gösteren tek yönlü varyans analizini

ve modelde şansa bağlı etkiler için *Normal* dağılımdan daha kalın kuyruğa sahip dirençli dağılımlar tanımlanmışlardır. Hata varyansı ile şansa bağlı varyanslara ait oranın bilindiğini kabul ederek, bu model ile tahminler üzerine uç gözlemlerin etkilerinin azaltıldığını belirtmiştir.

Lange vd. (1989) uç gözlemler içeren veri setlerinin istatistiksel modellenmesinde *Normal* dağılımın uygun bir versiyonu olarak *Student-t* dağılımını dikkate almış ve maksimum olabilirlik yöntemiyle, serbestlik derecesi de dahil olmak üzere bütün parametreleri tahmin etmiştir. Olabilirlik oran testi (likelihood ratio test) sonuçları; veri setlerine uygulanan *Student-t* modelinin, hata terimi *Normal* dağılan modelden çok daha iyi uyduğunu göstermiştir.

Lange ve Sinsheimer (1993), Lange vd.(1989)'nin çalışmasını daha da genişletmiş ve *Student-t* dağılımına alternatif daha kalın kuyruklu Normal/Bağımsız dağılımlar önermiştir. Bu dağılımlarda hata terimi e_i , şartlı olarak $e_i \sim N(0, \frac{\sigma_e^2}{\lambda_i})$, $i = 1, 2, \dots, n$, şeklinde tanımlanmıştır. Hata terimlerine ait ölçek faktörü olan λ_i için de *Gamma* veya *Beta* dağılımını kullanmıştır. Geweke (1993)'in ekonometrik modeller üzerine yaptığı çalışmada, Gibbs örnekleme yöntemini kullanarak uygulamış olduğu bağımsız *Student-t* hata modellerinin *Normal* dağılan hata modellerine göre veri setine daha iyi uyduğunu belirlemiştir.

Fernandez ve Steel (1999) regresyon hata vektörlerinin Normal/Bağımsız (ölçek karışım Normal) dağılım gösterdiğini varsaymış ve bilinmeyen serbestlik derecesine sahip çok değişkenli bir *Student-t* dağılımından bağımsız örnekleme durumunu incelemişlerdir.

2.3. Dirençli Modellerin Hayvan Islahında Kullanımı

Hayvan ıslahı uygulamalarında yüksek verimli veya ekonomik değeri yüksek olan hayvanlar için özel bakım ve besleme uygulandığında bunların verimleri ve sonuç olarak da bu hayvanların tahmin edilen damızlık değerleri etkilenmektedir (Stranden, 1996). Stranden ve Gianola (1998) seleksiyona tabi tutulan ve embriyo transferinin uygulandığı dört sürüde, özel bakım ve beslemenin etkisini simüle etmiş ve üç

farklı karışık etkili doğrusal modeli (*Gaussian*, çok değişkenli *Student-t* dağılımı ve bağımsız *Student-t* dağılımı) Gibbs örnekleme yöntemi kullanarak uygulamıştır. Özel bakım ve beslemenin olmadığı durumda bütün modeller aynı sonuçları vermesine rağmen, özel muamelenin uygulandığı durumda *Student-t* modeliyle daha yansız damızlık değer tahminleri elde edilmiştir.

Stranden ve Gianola (1999) hata terimi *Student-t* dağılımı gösteren karışık etkili doğrusal modellere ait parametreleri tahmin etmek için Bayesian yaklaşımının uygulanmasını göstermişlerdir. Bu uygulamada veriler özel bakım besleme durumu dikkate alınarak türetilmiştir. Türetilen veriler *Normal*, sürü faktörüne göre gruplama yapılarak uygulanan çok değişkenli *Student-t* (t-H) ve hata teriminin tek değişkenli *Student-t* dağıldığını varsaydıkları (t-1) model ile analiz etmişlerdir. Tek değişkenli *Student-t* modeli, *Gaussian* modeline ve sürü faktörüne göre gruplama yapılarak uygulanan çok değişkenli *Student-t* modeline göre eklemeli genetik ve hata varyanslarının daha doğru tahmin edilmesini sağlamıştır. Tek değişkenli *Student-t* modeli uygulanarak elde edilen kalıtım derecesi tahminleri diğer iki modelden elde edilen tahminlerle karşılaştırıldığında gerçek değerlere daha yakın bulunmuştur.

Kantitatif özelliklere ait lokusların (QTL) istatistiksel olarak haritalanmasında; gözlem değerlerinin *Normal* dağılım gösterdiğinin kabul edilmesi yaygın bir varsayımdır. Bu varsayımdan her hangi bir şekilde sapma, QTL'in belirlenmesinde gerekli olan istatistiksel gücü ve dirençliliği etkilemektedir.

Von Rohr ve Hoeschele (2002) dört farklı hata dağılımının uygulandığı QTL'e dayalı çalışmada, *eğik Student-t* modelini de kullanmışlardır. *Eğik Student-t* modeliyle tahmin edilen, eklemeli QTL ve dominant QTL varyansların *Normal* dağılımla elde edilenlere göre gerçek değerlere daha yakın olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca, *eğik Student-t* modelinin uygulanışı, parametre tahminlerindeki isabeti artırmış ve elde edilen sonuçlar, *eğik Student-t* hatalı modellerin kullanılmasının QTL haritalamada daha uygun olabileceğini belirtmiştir.

Rosa (1999) ve Rosa vd.(2003) üreme toksikolojisi ile ilgili çalışmalarında, doğum ağırlıklarının istatistiksel analizinde *Student-t* ve *Slash* dağılımlarını kullanmışlardır. Serbestlik derecesinin marjinal son dağılımının çok küçük değerlere yoğunlaştığı *Normal* dağılımın uygun olmadığı ortaya konulmuştur. Ayrıca, model seçme kriteri olarak Bayes Faktör değerleri karşılaştırıldığında, bu veri setinin analizinde uzun ve kalkık kuyruklu dağılımların kullanılmasının *Normal* dağılıma göre daha uygun olduğu belirlenmiştir.

Cardoso vd.(2007) çok ırka dayalı, et sığırı popülasyonundaki genetik değerlendirmede, uç gözlemleri belirlemeyi ve genetik değerlendirmede bunların etkilerini azaltmayı amaçlamışlardır. Bu amaçla, hata terimlerini homojen veya heterojen varyanslı *Normal* dağılım dışında *Student-t* veya *Slash* dağılımıyla da tanımlamışlardır. Normal, orta derecede ve aşırı etkili uç gözlemlerin etkilerinin incelendiği bu çalışmada, heterojen varyansa dayalı *Student-t* hata dağılımlı modelin diğer modellere göre üstün olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca, uç gözlemlerin de açık bir şekilde belirlenebildiğini ve farklı modellere göre tahmin edilen damızlık değerler arasında rank korelasyonların da farklı olduğunu tespit etmişlerdir.

Albert ve Chib (1993) sıralı kesikli verilerin analizi için kümülatif probit fonksiyonu yerine, kümülatif *Student-t* fonksiyonunun kullanılmasını önermişlerdir. Böylece, *Normal* dağılım yerine *Student-t* dağılımı gösteren eşikli bir modelin tanımlanması gerçekleştirilmiştir.

Gianola ve Sorensen (1996) kesikli verilerin kantitatif genetik analizi için şansa bağlı etkileri de içeren bir hiyerarşik Bayes modeli tanımlayarak Albert ve Chib (1993)'in çalışmasını genişletmişlerdir. Ayrıca, Albert ve Chib (1993) temel değişkeni tanımlayan tek veya çok değişkenli model için Gibbs örnekleme yönteminin ve uç gözlemlerin belirlenmesi de dahil olmak üzere model karşılaştırmaları için de model seçme kriterlerinden Bayes Faktörün kullanılmasını önermişlerdir.

Kızılkaya vd. (2003) buzağılama güçlüğü gibi kesikli varyasyon gösteren özelliklerin genetik analizi için Bayesian istatistiğini kullanarak hiyerarşik eşikli

karışık *Student-t* modeli geliştirmiştir. Modelin uygulanabilirliğini simülasyon çalışmasıyla ortaya koyduktan sonra İtalyan etçi Piemontese sığır ırkından sağlanan buzağılama güçlüğü verilerinin genetik analizine uygulamışlardır. Aynı çalışmada, farklı metotlara göre damızlık değer tahminleri arasında önemli bir fark bulunmamasına rağmen, Bayesian model seçme kriterlerine göre, *Student-t* modelinin veri setine daha iyi uyum sağladığını bildirmişlerdir.

Chang vd.(2006) farklı laktasyon evrelerinde gözlenen klinik mastitis verilerinin analizinde, genetik parametre tahminleri için *Student-t* ve *Slash* dağılımlarına dayalı dirençli kesikli modellerin kullanılabileceğini göstermişlerdir. Pseudo-Bayes Faktör'ünün model seçme kriteri olarak kullanıldığı bu çalışmada, *Student-t* ve *Slash* modelleri, probit modeline göre daha üstün bulunmuştur. Serbestlik derecesi, *Slash* dağılımı için 2.2 ve *Student-t* dağılımı için de 8.5 tahminlenerek; kalın kuyruklu dağılımların analiz için daha uygun olduğu belirlenmiştir.

Kızılkaya (2007) yaptığı simülasyon çalışmasında, sürekli dağılım gösteren iki özelliğin birlikte analizi için *Student-t* dağılımına dayalı doğrusal karışık etkili bir model tanımlamıştır. Metodun geçerliliği; *Normal* ve *Student-t* dağılımı gösteren popülasyonlardan üretilen veriler analiz edilerek, *Student-t* dağılımlı modelin *Normal* dağılımlı modele bir alternatif olup olmadığı Deviance Information Criteria (DIC) gibi model seçme kriterlerinin kullanılmasıyla gösterilmiştir. Simülasyon çalışması; *Student-t* modeli için serbestlik derecesi tahmininin mümkün olduğunu ve model seçme kriterinin (DIC)'de veri setine göre uygun modeli belirlediğini belirlemiştir.

Kızılkaya ve Mestav(2009) dirençli ve hiyerarşik yapıda, iki değişkenli *Slash* dağılımı gösteren karışık etkili doğrusal modellerin kullanımı üzerine bir simülasyon çalışması yapmışlardır. Simülasyon çalışması, iki değişkenli *Slash* dağılımlı modellerde, serbestlik derecesi tahminlerinin mümkün ve DIC kriterinin de iki değişkenli veri seti için uygun modeli belirlemede yeterli bir ölçü olduğunu belirtmişlerdir.

Kızılkaya vd. (2010) kalın kuyruklu hata terimlerine sahip iki deęişkenli, 4 veya 12 serbestlik dereceli *Student-t* ve *Normal* dağılımı kullanarak türettikleri veri setlerini Bayesian yaklaşımını kullanarak hata terimi bivaryet *Student-t* ve *Normal* olan modellere göre analiz etmişlerdir. Simülasyon çalışması dışında 7883 İtalyan Piemontese sığır ırkından alınan gebelik süresi ve doğum ağırlığı verilerini de aynı yöntemle analiz etmişlerdir. Simülasyon çalışmasında tahmin edilen serbestlik derecelerinin sapmasız ve doğru olarak tahminlendiğini, baba ve sürü varyansı tahminlerinin tahmin modellerinde benzer deęerleri verdiğini göstermişlerdir. Sahadan elde edilen verilerde serbestlik derecesinin küçük çıkması ve bunu destekleyen PLL deęerleri *Student-t* tahmin modelinin *Normal* modele göre daha uygun olduğunu göstermişlerdir.

Mestav ve Kızılkaya (2011a) yaptıkları simülasyon çalışmasında; *Slash* dağılımı gösteren hata terimli veri setlerinde, hata terimlerine ait serbestlik derecesi ile genetik ve genetik olmayan parametreleri birlikte tahmin etmişlerdir. Her veri setini hata terimleri iki deęişkenli *Student-t*, *Slash* ve *Normal* olan modellerle hiyerarşik Bayesian yaklaşımı kullanılarak analiz etmişlerdir. Model seçme kriteri olan Tahmini log likelihood (Predictive log-likelihood=PLL) deęerleri, kalın kuyruklu dağılım gösteren veri setleri için *Student-t* ve *Slash* dağılımlı modellerin *Normal* modele göre çok daha uygun olduğunu belirtmişlerdir. Bunun yanı sıra serbestlik derecesi ortalamasını da yansız ve isabetli tahmin etmişlerdir.

Mestav ve Kızılkaya (2011b) İtalyan Piemontese ırkı 7883 hayvandan elde edilen doğum ağırlığı verilerini *Normal*, *Student-t* veya *Slash* dağılımı gösteren karışık etkili modeller kullanarak hiyerarşik Bayesian yaklaşımına göre analiz etmişlerdir. Bayesian model seçme kriterleri ve *Student-t* ile *Slash* dağılımları için elde edilen düşük serbestlik derecesi tahminleri, İtalyan Piemontese ırkı hayvandan elde edilen doğum ağırlığı verilerinin analizi için *Normal* dağılım yerine *Student-t* veya *Slash* dağılımının uygulanmasının alternatif bir yöntem olarak kullanımını önermişlerdir.

2.4. Romney Koyun Irkı ve Genetik Parametre Tahminleri

Eskiden Romney Marsh olarak adlandırılan fakat genel olarak çiftçiler tarafından Kent olarak isimlendirilen Romney koyunu İngiltere’de yetiştirilen bir ırktır. 1800 den bugüne yapağı verim yönlü olarak yetiştirilmektedir. Özellikle Yeni Zelanda’da et ve daha çok yapağı yönünden önemli bir gelir kaynağıdır. 19.yüzyılın başında bu ırka Leicester koyun ırkı katılarak ıslah çalışmaları başlamıştır. Romney ırkı yoğun olarak yapağı üretimi yapılmaktadır. Sağlıklı olgun bir koyundan yılda 10kg yapağı elde edilmektedir.

Baker vd. (1979)’nin 1050 Romney ırkı koyunlarda en küçük kareler yöntemini kullanarak fenotipik ve genetik varyansları tahminlemiştir. Yapılan çalışma sonucunda bir yaş ağırlığı ve bir yaş döneminde elde edilen yapağı verimine ait kalıtım derecelerini sırasıyla 0.20 ve 0.40 olarak tahmin etmişlerdir.

Enns ve Nicoll (2002) ’nin siyah yünlü Romney ırkında 1984-1994 yılları arasında aldıkları bir yaş ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışı değerlerini doğrusal olmayan eşikli modellerle analiz etmişlerdir. Çalışma sonucunda on yıllık periyotta ortalama değerlere göre elde edilen kalıtım dereceleri bir yaş ağırlığı ve günlük ağırlık artışı için sırasıyla 0.070 ve 0.082 olarak tahminlemiştir.

Wulji vd. (2010) yapağı yönünden seleksiyon uygulanan dokuz yıl boyunca 114 babanın 2987 dölünden alınan bir yaş ağırlığı ve temiz yapağı verimine ait değerleri analiz etmişlerdir. Analiz sonucunda, bir yaş ağırlığı ve temiz yapağı verimi için tahminlenen kalıtım derecelerini sırasıyla 0.51 ve 0.36 olarak elde etmişlerdir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu çalışmanın materyalini simülasyon çalışmasıyla türetilen verilerle, Yeni Zelanda'da yetiştirilen Romney ırkı koyunlarda toplanan süttten kesim ağırlığı (SKA), birinci yaş ağırlığı (BYA) ve yapağı verimleri (YV) oluşturmuştur.

3.1.1. Simülasyon Çalışması

Simülasyon çalışmasında, hata terimi çok değişkenli *Normal* (NOR), üç serbestlik dereceli *Student-t* (ST3), on serbestlik dereceli *Student-t* (ST10), birbuçuk serbestlik dereceli *Slash* (SL1.5) ve üç serbestlik dereceli *Slash* (SL3) dağılımı gösteren modellerle tanımlanan, beş populasyon beş tekerrürlü (veri seti) olarak simüle edilmiştir.

Popülasyonların herbirinde yer alan beş veri setinin herbirinde y_1 , y_2 ve y_3 özellikleri için i . bireye ait fenotipik değerler, aşağıda matris gösterimiyle verilen karışık doğrusal hayvan modeliyle türetilmiştir:

$$\mathbf{y}_i = \mathbf{X}_i \mathbf{b} + \mathbf{Z}_i \mathbf{d} + \mathbf{W}_i \mathbf{h} + \frac{\mathbf{e}_i}{\sqrt{\lambda_i}} \quad (3.1.1)$$

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix}_i = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 \\ \mathbf{X}_2 \\ \mathbf{X}_3 \end{bmatrix}_i \mathbf{b} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 \\ \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{Z}_3 \end{bmatrix}_i \mathbf{d} + \begin{bmatrix} \mathbf{W}_1 \\ \mathbf{W}_2 \\ \mathbf{W}_3 \end{bmatrix}_i \mathbf{h} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} \lambda^{-\frac{1}{2}} \quad (3.1.2)$$

Modelde:

\mathbf{y} : gözlem vektörü,

\mathbf{b} : özelliklere ait ortalamaları ve cinsiyet etkisini içeren sabit etkiler vektörü

\mathbf{d} : eklemeli doğrudan genetik etkiler vektörü,

\mathbf{h} : sürü etkileri vektörü

\mathbf{X} , \mathbf{Z} ve \mathbf{W} : \mathbf{b} , \mathbf{d} ve \mathbf{h} etkilerine ait desen matrisleri ve

\mathbf{e} : hata terimlerini içeren vektördür.

Şansa bağlı eklemeli doğrudan genetik, sürü ve hata etkilerinin, \mathbf{G}_0 , \mathbf{H}_0 ve \mathbf{R}_0 parametrelerine bağlı olarak $\mathbf{a} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0)$, $\mathbf{h} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{H}_0)$ ve $\mathbf{e} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0)$ şeklinde *Normal* dağılım gösterdikleri kabul edilmiştir. Burada, özelliklere ait eklemeli genetik (ko)varyans matrisinin

$$\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{d_1}^2 & \sigma_{d12} & \sigma_{d13} \\ \sigma_{d21} & \sigma_{d_2}^2 & \sigma_{d23} \\ \sigma_{d31} & \sigma_{d32} & \sigma_{d_3}^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 11.0 & 4.0 & 1.7 \\ 4.0 & 19.0 & 2.9 \\ 1.7 & 2.9 & 6.0 \end{bmatrix} \quad (3.1.3)$$

sürü etkisine ait varyans matrisinin,

$$\mathbf{H}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{h1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{h2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{h3}^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3.0 & 0 & 0 \\ 0 & 7.0 & 0 \\ 0 & 0 & 2.0 \end{bmatrix} \quad (3.1.4)$$

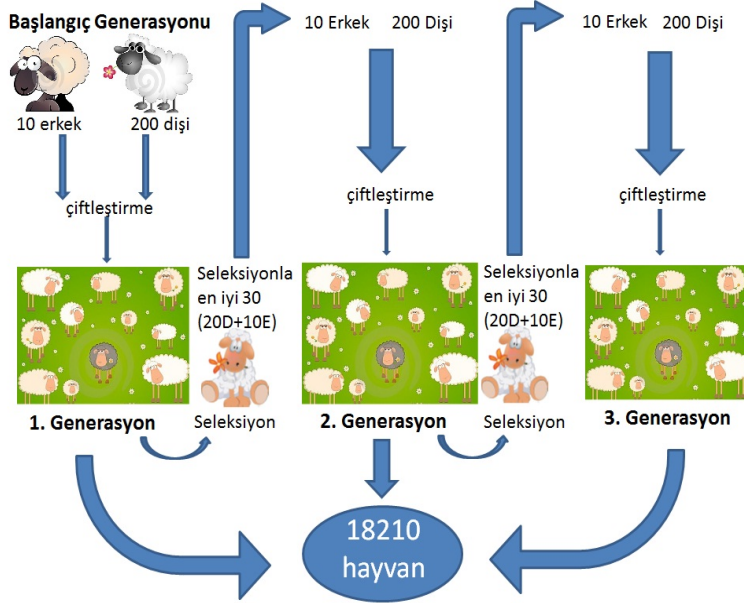
ve hata terimlerine ait (ko)varyans matrisinin de

$$\mathbf{R}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e12} & \sigma_{e13} \\ \sigma_{e21} & \sigma_{e2}^2 & \sigma_{e23} \\ \sigma_{e31} & \sigma_{e32} & \sigma_{e3}^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 21.0 & 7.0 & 5.5 \\ 7.0 & 30.0 & 4.5 \\ 5.5 & 4.5 & 10.0 \end{bmatrix} \quad (3.1.5)$$

değerlerine sahip olduğu varsayılmıştır. Ayrıca, her gözleme ait λ_i değerleri de $\nu = 3$ ($\nu = 10$) serbestlik dereceli *Student-t* dağılımı gösteren ST3 (ST10) popülasyonları için *Gamma*($\nu/2, \nu/2$) dağılımından; $\nu = 1.5$ ($\nu = 3$) serbestlik dereceli *Slash* dağılımı gösteren SL1.5 (SL3) popülasyonları için de *Beta*($\nu, 1$) dağılımından çekilerek türetilmiştir. *Normal* dağılım için de $\lambda_i=1$ kabul edilmiştir. Fenotipik değerler türetilirken özellikler (y_1, y_2 ve y_3) için genel ortalamalar $\mu_1 = 50, \mu_2 = 100$ ve $\mu_3 = 10$ ve cinsiyet etkisi de erkekler (E) için $b_{E_1} = 5, b_{E_2} = 20$ ve $b_{E_3} = 1$ ve dişiler (D) için de $b_{D_1} = -5, b_{D_2} = -20$ ve $b_{D_3} = -1$ olarak belirlenmiştir. Eklemeli genetik etkiler, sürü etkisi ile hata da $\mathbf{G}_0, \mathbf{H}_0$ ve \mathbf{R}_0 parametre değerlerine göre türetilmiş ve her bir hayvanın rastgele olarak sürü ve cinsiyet gruplarına atanması da *Uniform* dağılım kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Popülasyonlardaki fenotipik değerler, başlangıç generaysonundan itibaren 3. generasyona kadar her generasyon seleksiyonla seçilen ebeveynlerden elde edilen

dölleri için türetilmiştir. Simülasyon çalışmasının şematize hali Şekil 3.1’de verilmiştir.



Şekil 3.1. Simülasyon çalışmasının şematik görüntüsü

Şekil 3.1’de görüldüğü gibi başlangıç generasyonu, 10 erkek ve 200 (1Ex20D) dişi toplamda 210 hayvandan oluşmuştur. Başlangıç generasyonunda her dişinin 30 döl verdiği düşünülerek 1. generasyonu meydana getiren 6000 döl elde edilmiştir. Elde edilen 6000 dölden seleksiyon yöntemiyle en iyi 10 erkek ve 200 dişi seçilmiş olup yine her erkek 20 dişi ile çiftleştirilerek 6000 döl içeren 2. generasyon oluşturulmuştur. 3. generasyon ise yine aynı yöntemle seçilen en iyi hayvanların çiftleştirilmesi sonucu elde edilmiştir. Böylece her bir tekrür, başlangıç generasyonundan (210 hayvan) itibaren 3 generasyon boyunca 18000 (6000 döl x 3 generasyon) döl elde edilmesi suretiyle toplamda 18210 hayvandan oluşmuştur.

3.1.2. Sahadan Elde Edilen Veriler

Araştırma materyali olarak Yeni Zelanda’da Romney koyun ırkının yetiştirildiği bir sürüden 1984 ile 1995 yılları arasında 12124 hayvandan toplanan süttan kesim

ağırlığına (SKA), birinci yaş ağırlığına (BYA) ve yapağı verimine (YV) ait değerler kullanılmıştır. Veri setinden elde edilen bilgilere göre, doğum yılı faktörü on iki seviyeli, bir batındaki yavru sayısı tekiz, ikiz ve üçüz olarak üç seviyeli ve cinsiyet faktörü de erkek ve dişi olarak iki seviyeli belirlenmiştir. Bunlara ek olarak, hayvanlara ait baba ve ana bilgileri kullanılarak pedigrisi oluşturulup hayvanlar yeniden numaralandırılmıştır. Sütten kesim ağırlığı (SKA), bir yaş ağırlığı (BYA) ve yapağı verimine (YV) ait gözlem değerlerinin istatistiksel olarak tanımlanmasında ve analizinde kullanılan Normal/bağımsız karışık etkili doğrusal model, matris gösterimiyle *i.* hayvan için aşağıda verilmiştir.

$$\mathbf{y}_i = \mathbf{X}_i\mathbf{b} + \mathbf{Z}_{1i}\mathbf{d} + \mathbf{Z}_{2i}\mathbf{m} + \varepsilon_i \quad (3.1.6)$$

Modelde:

$\mathbf{y}_i = \begin{bmatrix} y_{SKA} \\ y_{BYA} \\ y_{YV} \end{bmatrix}_i$: *i.* hayvana ait sütten kesim ağırlığı (y_{SKA_i}), bir yaş ağırlığı (y_{BYA_i}) ve yapağı verimini (y_{YV_i}) içeren 3x1 boyutunda bir gözlemler vektördür.

$\mathbf{b} = \begin{bmatrix} \mathbf{b}_{SKA} \\ \mathbf{b}_{BYA} \\ \mathbf{b}_{YV} \end{bmatrix}$: sütten kesim ağırlığı, bir yaş ağırlığı ve yapağı verimlerini etkileyen cinsiyet, bir batında doğan kuzu sayısı ve yıl faktörlerini içeren sabit etkiler vektörüdür.

$\mathbf{d} = \begin{bmatrix} \mathbf{d}_{SKA} \\ \mathbf{d}_{BYA} \\ \mathbf{d}_{YV} \end{bmatrix}$: şansa bağlı eklemeli genetik etkiler vektörüdür.

$\mathbf{m} = \begin{bmatrix} \mathbf{m}_{SKA} \\ \mathbf{m}_{BYA} \\ \mathbf{m}_{YV} \end{bmatrix}$: şansa bağlı maternal genetik etkiler vektörüdür.

$\mathbf{X}_i = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_{SKA} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_{BYA} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{X}_{YV} \end{bmatrix}_i$: *i.* hayvana ait sabit etkiler desen matrisidir ve özellikler için sabit etkilerle gözlem değerleri arasındaki bağlantıyı sağlamaktadır.

$\mathbf{Z}_{1i} = \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_{1SKA} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{1BYA} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{1YV} \end{bmatrix}_i$ ve $\mathbf{Z}_{2i} = \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_{2SKA} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{2BYA} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{2YV} \end{bmatrix}_i$:i. hayvana ait şansa bağlı eklemeli doğrudan ve maternal etkiler desen matrisleridir ve bu etkilerle gözlem değerleri arasındaki bağlantıyı sağlamaktadır.

$\boldsymbol{\varepsilon}_i = \begin{bmatrix} \varepsilon_{SKA} \\ \varepsilon_{BYA} \\ \varepsilon_{YV} \end{bmatrix}_i$: i. hayvana ait şansa bağlı hata vektörü olup, farklı hayvanlara ait hata değerleri arasında bir ilişki olmadığı ($r_{\varepsilon_i \varepsilon_{i'}} = 0$ ve $i \neq i'$) kabul edilmektedir. i. hayvan için hata vektörü hem *Normal* dağılımı hem de kalın kuyruklu (*Student-t* veya *Slash*) dağılımları içerecek şekilde normal/bağımsız dağılım olarak Kızılkaya vd. (2010) tarafından aşağıdaki gibi tanımlanmıştır.

$$\boldsymbol{\varepsilon}_i = \begin{bmatrix} \varepsilon_{SKA} \\ \varepsilon_{BYA} \\ \varepsilon_{YV} \end{bmatrix}_i = \begin{bmatrix} e_{SKA} \\ e_{BYA} \\ e_{YV} \end{bmatrix}_i \lambda_i^{-\frac{1}{2}} = \mathbf{e}_i \lambda_i^{-\frac{1}{2}} \quad (3.1.7)$$

Burada, \mathbf{e}_i ortalaması sıfır ($\mathbf{0}$) ve varyansı \mathbf{R}_0 olan çok değişkenli *Normal* dağılımı gösteren bir vektördür ($\mathbf{e} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0)$) ve burada üç özellik için

$$\mathbf{R}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{SKA}^2 & \sigma_{SKA-BYA} & \sigma_{SKA-YV} \\ \sigma_{BYA-SKA} & \sigma_{BYA}^2 & \sigma_{BYA-YV} \\ \sigma_{YV-SKA} & \sigma_{YV-BYA} & \sigma_{YV}^2 \end{bmatrix} \quad (3.1.8)$$

şekindedir.

λ_i değişkeni, ν serbestlik derecesi verildiğinde $p(\lambda | \nu)$ yoğunluk fonksiyonuna sahip ve pozitif değerler alan rassal bir değişkendir. Eşitlik 3.1.7'de i. hayvana ait hata teriminin tanımlanmasından da anlaşılacağı gibi her hayvan için bir λ_i değeri; süttten kesim (y_{SKA_i}), bir yaş ağırlığı (y_{BYA_i}) ve yapağı verimlerine (y_{YV_i}) ait hata terimlerine uygulanmıştır.

3.2. Metot

Bu çalışmada hem simülasyon ile türetilen NOR, ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonların hem de sahadan elde edilen verilerin analizinde yer alacak bütün

faktörleri içerecek şekilde aşağıda tanımlandığı şekilde hata terimi; NOR, ST veya SL dağılımı gösteren genel bir karışık etkili doğrusal hayvan modeli kullanılmıştır.

$$\mathbf{y}_i = \mathbf{X}_i \mathbf{b} + \mathbf{Z}_{1i} \mathbf{d} + \mathbf{Z}_{2i} \mathbf{m} + \mathbf{W}_i \mathbf{h} + \boldsymbol{\varepsilon}_i \quad (3.2.9)$$

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix}_i = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 \\ \mathbf{X}_2 \\ \mathbf{X}_3 \end{bmatrix}_i \mathbf{b} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 \\ \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{Z}_3 \end{bmatrix}_i \mathbf{d} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 \\ \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{Z}_3 \end{bmatrix}_i \mathbf{m} + \begin{bmatrix} \mathbf{W}_1 \\ \mathbf{W}_2 \\ \mathbf{W}_3 \end{bmatrix}_i \mathbf{h} + \begin{bmatrix} \boldsymbol{\varepsilon}_1 \\ \boldsymbol{\varepsilon}_2 \\ \boldsymbol{\varepsilon}_3 \end{bmatrix}_i \quad (3.2.10)$$

şeklinde tanımlanabilir (Straden ve Gianola, 1998). Modelde

\mathbf{y}_i : i'inci hayvandan elde edilen y_1 , y_2 ve y_3 özelliklerine ait gözlem değerlerini içeren gözlemler vektörünü,

\mathbf{b} : sabit etkiler vektörünü,

\mathbf{d} ve \mathbf{m} : sırasıyla eklemeli doğrudan ve maternal genetik etkiler vektörünü ve

\mathbf{h} : genetik olmayan şansa bağlı (sürü, yıl, mevsim vb.) etkiler vektörünü belirtmektedir.

\mathbf{X}_i , \mathbf{Z}_{1i} , \mathbf{Z}_{2i} ve \mathbf{W}_i ise i'inci hayvana ait sabit etkiler, eklemeli doğrudan-maternal genetik etkiler ve genetik olmayan şansa bağlı etkilere ait desen vektörleridir.

Hata terimleri $\boldsymbol{\varepsilon}_i$ Normal/Bağımsız dağılıma sahiptir ve

$$\begin{bmatrix} \boldsymbol{\varepsilon}_1 \\ \boldsymbol{\varepsilon}_2 \\ \boldsymbol{\varepsilon}_3 \end{bmatrix}_i = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}_i \lambda_i^{-\frac{1}{2}} = \mathbf{e}_i \lambda_i^{-\frac{1}{2}} \quad (3.2.11)$$

yapısındadır. Burada, \mathbf{e} ortalaması sıfır ve varyansı \mathbf{R}_0 olan çok değişkenli *Normal* dağılıma sahip bir vektör ($\mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{R}_0)$) ve λ_i ise $p(\lambda | \nu)$ yoğunluk dağılımına sahip şansa bağlı pozitif bir değişkendir. Ayrıca, ν terimi de $p(\lambda | \nu)$ yoğunluk dağılımının hiper-parametresi olarak tanımlanır. Eşitliklerin daha kolay yazılması açısından, 3.2.9 numaralı modelde yer alan \mathbf{d} ve \mathbf{m} vektörleri $\mathbf{a} = [\mathbf{d} \ \mathbf{m}]$ şeklinde bir vektörde tanımlanarak 3.2.9 numaralı model

$$\mathbf{y}_i = \mathbf{X}_i \mathbf{b} + \mathbf{Z}_i \mathbf{a} + \mathbf{W}_i \mathbf{h} + \mathbf{e}_i \lambda_i^{-\frac{1}{2}} \quad (3.2.12)$$

olarak yeniden yazılmıştır.

3.2.1. Ön (Prior) Dağılım

Bayesian yaklaşımına göre bilinmeyen bütün parametreler için (\mathbf{b} , \mathbf{a} , \mathbf{h} , \mathbf{G}_0 , \mathbf{H}_0 , \mathbf{R}_0 , v ve λ_i) bir ön dağılım tanımlanmaktadır. Sabit etkiler için tanımlanan ön dağılım

$$p(\mathbf{b}) \propto \mathbf{1} \quad (3.2.13)$$

şeklinde sabit bir dağılım olarak kabul edilmiştir. Şansa bağlı eklemeli doğrudan ve maternal (\mathbf{a}) genetik etkiler için yapısal bir ön dağılım olarak çok değişkenli *Normal* dağılım aşağıdaki şekilde tanımlanmıştır.

$$\mathbf{a} \mid \mathbf{G}_0 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A}) \quad (3.2.14)$$

$$p(\mathbf{a} \mid \mathbf{G}_0) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{qa}{2}} |\mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A}|^{\frac{qa}{2}}} \exp\{-0.5\mathbf{a}' \mid \mathbf{G}_0^{-1} \otimes \mathbf{A}^{-1} \mid \mathbf{a}\} \quad (3.2.15)$$

burada

$$\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{d_1}^2 & \sigma_{d_1 d_2} & \sigma_{d_1 d_3} & \sigma_{d_1 m_1} & \sigma_{d_1 m_2} & \sigma_{d_1 m_3} \\ \sigma_{d_2 d_1} & \sigma_{d_2}^2 & \sigma_{d_2 d_3} & \sigma_{d_2 m_1} & \sigma_{d_2 m_2} & \sigma_{d_2 m_3} \\ \sigma_{d_3 d_1} & \sigma_{d_3 d_2} & \sigma_{d_3}^2 & \sigma_{d_3 m_1} & \sigma_{d_3 m_2} & \sigma_{d_3 m_3} \\ \sigma_{m_1 d_1} & \sigma_{m_1 d_2} & \sigma_{m_1 d_3} & \sigma_{m_1}^2 & \sigma_{m_1 m_2} & \sigma_{m_1 m_3} \\ \sigma_{m_2 d_1} & \sigma_{m_2 d_2} & \sigma_{m_2 d_3} & \sigma_{m_2 m_1} & \sigma_{m_2}^2 & \sigma_{m_2 m_3} \\ \sigma_{m_3 d_1} & \sigma_{m_3 d_2} & \sigma_{m_3 d_3} & \sigma_{m_3 m_1} & \sigma_{m_3 m_2} & \sigma_{m_3}^2 \end{bmatrix}$$

eklemeli doğrudan ve maternal genetik etkilere ait (ko)varyans matrisini, \mathbf{A} matrisi de Henderson akrabalık matrisini ve q_a da hayvan sayısını belirtmektedir. Eşitlik 3.2.15 için,

$$\mathbf{Q}_a = \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1' \\ \mathbf{a}_2' \\ \mathbf{a}_3' \end{bmatrix} \times [\mathbf{a}_1' \quad \mathbf{a}_2' \quad \mathbf{a}_3'] \otimes \mathbf{A}^{-1} \quad (3.2.16)$$

$$\mathbf{Q}_a = \begin{bmatrix} \mathbf{a}_{d_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_1} & \mathbf{a}_{d_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_1} & \mathbf{a}_{d_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_2} & \mathbf{a}_{d_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_2} & \mathbf{a}_{d_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_3} & \mathbf{a}_{d_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_3} \\ \mathbf{a}_{m_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_1} & \mathbf{a}_{m_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_1} & \mathbf{a}_{m_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_2} & \mathbf{a}_{m_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_2} & \mathbf{a}_{m_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_3} & \mathbf{a}_{m_1}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_3} \\ \mathbf{a}_{d_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_1} & \mathbf{a}_{d_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_1} & \mathbf{a}_{d_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_2} & \mathbf{a}_{d_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_2} & \mathbf{a}_{d_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_3} & \mathbf{a}_{d_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_3} \\ \mathbf{a}_{m_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_1} & \mathbf{a}_{m_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_1} & \mathbf{a}_{m_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_2} & \mathbf{a}_{m_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_2} & \mathbf{a}_{m_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_3} & \mathbf{a}_{m_2}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_3} \\ \mathbf{a}_{d_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_1} & \mathbf{a}_{d_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_1} & \mathbf{a}_{d_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_2} & \mathbf{a}_{d_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_2} & \mathbf{a}_{d_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_3} & \mathbf{a}_{d_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_3} \\ \mathbf{a}_{m_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_1} & \mathbf{a}_{m_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_1} & \mathbf{a}_{m_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_2} & \mathbf{a}_{m_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_2} & \mathbf{a}_{m_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{d_3} & \mathbf{a}_{m_3}' \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_{m_3} \end{bmatrix}$$

şeklinde tanımlandığında eşitlik 3.2.15'deki ön dağılım

$$p(\mathbf{a} | \mathbf{G}_0) = \frac{1}{(2\pi)^{q_a} |\mathbf{G}_0|^{\frac{q_a}{2}} |\mathbf{A}|} \exp(-0.5(\text{tr} [\mathbf{G}_0^{-1} \mathbf{Q}_a])) \quad (3.2.17)$$

olarak yeniden yazılmıştır.

Genetik olmayan şansa bağlı etkilerin de

$$\mathbf{h} | \mathbf{H}_0 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{H}_0) \quad (3.2.18)$$

$$p(\mathbf{h} | \mathbf{H}_0) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{q_h}{2}} |\mathbf{H}_0|^{\frac{q_h}{2}}} \exp(-0.5(\text{tr} [\mathbf{H}_0^{-1} \mathbf{Q}_h])) \quad (3.2.19)$$

şeklinde çok değişkenli *Normal* dağılımla tanımlanan yapısal bir ön dağılıma sahip

olduğu kabul edilmiştir. Burada $\mathbf{H}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{h_1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{h_2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{h_3}^2 \end{bmatrix}$ genetik olmayan şansa

bağlı etkilere ait (ko)varyans matrisini belirtmektedir. \mathbf{G}_0 , \mathbf{H}_0 ve \mathbf{R}_0 (ko)varyans matrisleri için gerekli ön dağılımlar ters (inverted)-*Wishart* dağılımı olarak

$$p(\mathbf{G}_0 | \kappa_a, \mathbf{K}_a) \propto |\mathbf{G}_0|^{-\frac{\kappa_a+3}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}(\mathbf{K}_a \mathbf{G}_0^{-1}) \right\} \quad (3.2.20)$$

$$p(\mathbf{H}_0 | \kappa_h, \mathbf{K}_h) \propto |\mathbf{H}_0|^{-\frac{\kappa_h+3}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}(\mathbf{K}_h \mathbf{H}_0^{-1}) \right\} \quad (3.2.21)$$

$$p(\mathbf{R}_0 | \kappa_e, \mathbf{K}_e) \propto |\mathbf{R}_0|^{-\frac{\kappa_e+3}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}(\mathbf{K}_e \mathbf{R}_0^{-1}) \right\} \quad (3.2.22)$$

şeklinde tanımlanmıştır (Gianola ve Sorenson, 1996). Bu dağılımlarda yer alan \mathbf{K}_a , \mathbf{K}_h , \mathbf{K}_e , κ_a , κ_h ve κ_e unsurları ise ters-*Wishart* dağılımında modellerin hiper-parametrelerini belirtmektedir.

Eşitlik 3.2.11'de verilen λ_i değişkeni için farklı ön dağılımlar tanımlanarak ε_i terimi için *Normal* dağılımın dışında *Student-t* veya *Slash* gibi kalın kuyruklu dağılımların tanımlanması da aşağıdaki bölümlerde açıklandığı şekilde yapılmıştır.

3.2.1.1. λ_i ve serbestlik derecesine (ν) ait ön dağılımlar

Normal dağılım

λ_i değişkeni, $\lambda_i=1$ şeklinde tanımlandığında Eşitlik 3.2.11 de yer alan ε_i terimi *Normal* dağılım göstermektedir.

Student-t dağılımı

λ_i değişkenine ait ön dağılımın

$$p(\lambda_i | \nu) = \frac{(\nu/2)^{\nu/2}}{\Gamma(\nu/2)} \lambda_i^{(\nu/2)-1} \exp\left(-\frac{\nu}{2} \lambda_i\right) \quad (3.2.23)$$

şeklinde $\text{Gamma}(\nu/2, \nu/2)$ dağılımı olduğu varsayıldığında, ε_i terimi *Student-t* dağılımı göstermektedir. Burada ν *Student-t* dağılımına ait serbestlik derecesi olup

$$\frac{1}{(1 + \nu)^2} \quad (3.2.24)$$

şeklinde bir ön dağılıma sahiptir.

Slash dağılımı

λ_i değişkenine ait ön dağılımın

$$p(\lambda_i | \nu) = \nu \lambda_i^{\nu-1} \quad (3.2.25)$$

şeklinde $\text{Beta}(\nu, 1)$ dağılımı olduğu varsayıldığında ε_i terimi *Slash* dağılımı göstermektedir. Burada ν *Slash* dağılımına ait serbestlik derecesi olup

$$p(\nu | a, b) \propto \nu^{a-1} \exp(-b\nu) \quad (3.2.26)$$

şeklinde bir ön dağılıma sahiptir.

3.2.2. Olabilirlik (Likelihood) Fonksiyonu

Ön dağılımlar belirlendikten sonra verilerden sağlanacak bilgiyi yansıtan olabilirlik fonksiyonu Eşitlik 3.1.6'e göre n birey için aşağıda tanımlanmıştır.

$$\begin{aligned} p(\mathbf{y} | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0, \lambda |) &= \prod_{i=1}^n \left((2\pi)^{-\frac{1}{2}} \left| \frac{\mathbf{R}_0}{\lambda_i} \right|^{-\frac{1}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} (\mathbf{y}_i - \mu_i)' \left(\frac{\mathbf{R}_0}{\lambda_i} \right)^{-1} (\mathbf{y}_i - \mu_i) \right\} \right) \\ &= (2\pi)^{-\frac{n}{2}} |\mathbf{R}_0|^{-\frac{n}{2}} \prod_{i=1}^n (\lambda_i^{\frac{1}{2}}) \exp \left\{ -\frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \lambda_i (\mathbf{y}_i - \mu_i)' (\mathbf{R}_0)^{-1} (\mathbf{y}_i - \mu_i) \right\} \end{aligned}$$

3.2.3. Ortak Son (Posterior) Yoğunluk Fonksiyonu

Bütün parametrelere ait ortak son yoğunluk fonksiyonu, bilinmeyen parametreler için tanımlanan ön dağılımlar ile olabilirlik fonksiyonunun çarpılmasıyla elde edilmiştir. Modelde yer alan bütün parametrelere ait ortak son yoğunluk fonksiyonu

$$\begin{aligned} p(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{h}, \mathbf{G}_0, \mathbf{H}_0, \mathbf{R}_0, \lambda, \nu | \mathbf{y}) &\propto \prod_{i=1}^n ((\lambda_i)^{\frac{1}{2}}) \\ &\exp \left\{ -\frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \lambda_i (\mathbf{y}_i - \mu_i)' (\mathbf{R}_0)^{-1} (\mathbf{y}_i - \mu_i) \right\} \\ &\times |\mathbf{G}_0|^{(-\frac{qa + \kappa_a + 3}{2})} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}([\mathbf{K}_a + \mathbf{Q}_a] \mathbf{G}_0^{-1}) \right\} \\ &\times |\mathbf{H}_0|^{(-\frac{qh + \kappa_h + 3}{2})} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}([\mathbf{K}_h + \mathbf{Q}_h] \mathbf{H}_0^{-1}) \right\} \\ &\times |\mathbf{R}_0|^{(-\frac{n + \kappa_e + 3}{2})} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}(\mathbf{K}_e \mathbf{R}_0^{-1}) \right\} \\ &\times \prod_{i=1}^n p(\lambda_i | \nu) \times p(\nu | \xi) \end{aligned} \quad (3.2.27)$$

şeklinde elde edilmiştir.

3.2.4. Parametrelerin Tam Şartlı Yoğunluk Fonksiyonları

Analitik olarak Eşitlik 3.2.27' de verilen ortak son yoğunluk fonksiyonunda parametrelere ait tanımlayıcı değerleri elde etmek amacıyla örnekleme yapılması imkansızdır. Doğrudan ortak son yoğunluk fonksiyonunun kullanımı yerine, Gibbs örnekleme veya Metropolis-Hastings algoritması gibi MCMC yöntemleri kullanılarak şartlı son yoğunluk fonksiyonlarından örnekleme yapılabilmektedir.

Böylece, model parametrelerine ait marjinal yoğunluklar oluşturulabileceği gibi bunlara ait tanımlayıcı değerler de elde edilmektedir (Geman ve Geman, 1984). Bu aşamada bütün parametreler için tam şartlı yoğunluk fonksiyonları aşağıdaki bölümlerde verildiği şekilde oluşturulmuştur.

Sabit(**b**) ve Şansa Bağlı (**a, h**) Etkilere Ait Tam Şartlı Yoğunluk Fonksiyonları

Lokasyon parametrelerinin (**b, a** ve **h**) şartlı yoğunluk fonksiyonu aşağıdaki gibi elde edilmiştir (Sorensen ve Gianola, 2002).

$$\theta = [\mathbf{b}'\mathbf{a}'\mathbf{h}']', \mathbf{M} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 & 0 & \mathbf{Z}_1 & 0 & 0 & \mathbf{W}_1 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 & 0 & 0 & \mathbf{Z}_2 & 0 & 0 & \mathbf{W}_2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{X}_3 & 0 & 0 & \mathbf{Z}_3 & 0 & 0 & \mathbf{W}_3 \end{bmatrix} \text{ ve } \mathbf{R} = \mathbf{R}_0 \otimes \lambda$$

tanımlandıktan sonra karışık model eşitliklerinin sol tarafı $\mathbf{C} = \mathbf{M}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{M} + \Omega$ yazılabilir ve

$$\Omega = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}_0^{-1} \otimes \mathbf{A}_0^{-1} & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{I} \otimes \mathbf{H}_0 \end{bmatrix} \text{ dir.}$$

Buna göre, karışık model eşitlikleri $\mathbf{C}\hat{\theta} = \mathbf{t}$ ve $\mathbf{t} = \mathbf{M}'\mathbf{R}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{y}_3 \end{bmatrix}$. Bunlara göre ,

$$P(\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{h} | \mathbf{G}_0, \mathbf{H}_0, \mathbf{R}_0, \mathbf{y}) = N \left(\begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{a}} \\ \hat{\mathbf{h}} \end{bmatrix}, \mathbf{C}^{-1} \right) \quad (3.2.28)$$

3.2.4.1. (Ko)varyans matrisleri \mathbf{G}_0 , \mathbf{H}_0 ve \mathbf{R}_0 için tam şartlı yoğunluk fonksiyonları

Ekleme genetik ve genetik olmayan şansa bağlı etkilere ait (ko)varyans (\mathbf{G}_0 ve \mathbf{H}_0) matrislerinin şartlı yoğunluk fonksiyonları Eşitlik 3.2.27'den elde edilmiş ve Eşitlik 3.2.29 ve 3.2.30'da verilmiştir.

$$p(\mathbf{G}_0 | \mathbf{a}, \mathbf{b}, \mathbf{h}, \mathbf{H}_0, \mathbf{R}_0, \lambda, \nu, \mathbf{y}) \propto |\mathbf{G}_0|^{-\frac{q_a \kappa_a + 3}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}([\mathbf{K}_a + \mathbf{Q}_a] \mathbf{G}_0^{-1}) \right\} \quad (3.2.29)$$

ve

$$p(\mathbf{H}_0 | \mathbf{a}, \mathbf{b}, \mathbf{h}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0, \lambda, \nu, \mathbf{y}) \propto |\mathbf{H}_0|^{-\frac{q_h + \kappa_h + 3}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}([\mathbf{K}_h + \mathbf{Q}_h] \mathbf{H}_0^{-1}) \right\} \quad (3.2.30)$$

\mathbf{G}_0 ve \mathbf{H}_0 'ın tam şartlı yoğunluk fonksiyonları, parametreleri $(q_a + \kappa_a)$, $[\mathbf{K}_a + \mathbf{Q}_a]$ ve $(q_h + \kappa_h)$, $[\mathbf{K}_h + \mathbf{Q}_h]$ olan ters-*Wishart* yoğunluk fonksiyonu olarak elde edilmiştir.

Hata (ko)varyans matrisinin tam şartlı son yoğunluk fonksiyonu da

$$p(\mathbf{R}_0 | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{h}, \mathbf{G}_0, \mathbf{H}_0, \lambda, \nu, \mathbf{y}) \propto |\mathbf{R}_0|^{-\frac{\psi + 3}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} \text{tr}(\psi_e \mathbf{R}_0^{-1}) \right\} \quad (3.2.31)$$

yapısında olup parametreleri $\psi = n + \kappa_e$ ve $\psi_e = \mathbf{K}_e + \sum_{i=1}^n \lambda_i (\mathbf{y}_i - \mu_i)(\mathbf{y}_i - \mu_i)'$ şeklinde tanımlanan ters-*Wishart* dağılımı olarak elde edilmiştir.

Yukarıda tanımlanan değişkenlerin dışında, ölçek λ_i ve serbestlik derecesi ν değişkenlerine ait şartlı son yoğunluk dağılımları da *Student-t* ve *Slash* dağılımına göre farklı olduğundan aşağıdaki şekilde her dağılım için ayrı ayrı açıklanmıştır.

3.2.4.2. λ_i ve serbestlik derecesi (ν) için tam şartlı yoğunluk fonksiyonları

Student-t dağılımı

i. hayvana ait λ_i değişkeninin tam şartlı son yoğunluk dağılımı, i. hayvana ait λ_i değişkeninin şartlı son yoğunluk dağılımından bağımsızdır. Buna göre, i. hayvana ait λ_i değişkeninin şartlı son yoğunluk fonksiyonu,

$$p(\lambda_i | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{h}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0, \lambda_{-i}, \nu, \mathbf{y}) \propto (\lambda_i)^{\frac{\nu}{2}} \exp \left\{ -\frac{\lambda_i}{2} [(\mathbf{y}_i - \mu_i)' \mathbf{R}_0^{-1} (\mathbf{y}_i - \mu_i) + \nu] \right\} \quad (3.2.32)$$

şeklinde elde edilmiştir. Burada λ_{-i} : i. hayvana ait λ_i hariç diğer hayvanlara ait λ 'ları içeren bir vektördür. Bu durumda λ_i değişkenine ait şartlı son yoğunluk fonksiyon parametreleri $\alpha = \frac{\nu}{2}$ ve $\beta = \frac{1}{2} [(\mathbf{y}_i - \mu_i)' \mathbf{R}_0^{-1} (\mathbf{y}_i - \mu_i) + \nu]$ olan, bir $p(\lambda_i | \mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{h}, \mathbf{R}_0, \lambda_{-i}, \nu, \mathbf{y}) \sim \text{Gamma}(\alpha, \beta)$ dağılımı göstermiştir.

Student-t dağılımına ait serbestlik derecesinin (v) tam şartlı son yoğunluk fonksiyonu Eşitlik 3.2.24' da verilen ön dağılım ve Eşitlik 3.2.27' da v değişkenini içeren terimlerin birleştirilmesiyle elde edilmiştir.

$$p(v|\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0, \lambda, \mathbf{y}) \propto \left(\frac{\left(\frac{v}{2}\right)^{\frac{v}{2}}}{\Gamma\left(\frac{v}{2}\right)} \right)^n \times \prod_{i=1}^n \left((\lambda_i)^{\frac{v}{2}} \exp \left\{ -\frac{\lambda_i v}{2} \right\} \right) \times \frac{1}{(1+v)^2} \quad (3.2.33)$$

Slash dağılımı

Slash dağılımı için i . hayvana ait λ_i ($i= 1, 2, \dots, n$) değişkeninin tam şartlı son yoğunluk fonksiyonu

$$p(\lambda_i|\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{R}_0, \lambda_{-i}, v, \mathbf{y}) \propto (\lambda_i)^v \exp \left\{ -\frac{\lambda_i}{2} (\mathbf{y}_i - \mu_i)' \mathbf{R}_0^{-1} (\mathbf{y}_i - \mu_i) \right\} \quad (3.2.34)$$

şeklinde elde edilmiştir. Buna göre λ_i değişkenine ait tam şartlı yoğunluk fonksiyonu parametreleri $\alpha = v + 1$ ve $\beta = \frac{1}{2} [(\mathbf{y}_i - \mu_i)' \mathbf{R}_0^{-1} (\mathbf{y}_i - \mu_i) + v]$ olan

$$p(\lambda_i|\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{R}_0, \lambda_{-i}, v, \mathbf{y}_i) \sim \text{Gamma}(\alpha, \beta)$$

sınırları belli (Truncated) bir *Gamma* dağılımı göstermiştir.

Slash dağılımına ait serbestlik derecesinin (v) tam şartlı son yoğunluk fonksiyonu Eşitlik 3.2.26'de verilen ön dağılım ve Eşitlik 3.2.27'de v değişkenini içeren terimlerin birleştirilmesiyle oluşturulan,

$$p(v|\mathbf{b}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0, \lambda, \mathbf{y}) \propto v^{n+\alpha-1} \exp \left\{ -v \left(b - \sum_{i=1}^n \log \lambda_i \right) \right\} \quad (3.2.35)$$

ve parametreleri $n + a$ ve $b - \sum_{i=1}^n \log \lambda_i$ olan bir *Gamma* dağılımı göstermiştir.

3.2.5. Model Karşılaştırma

Simülasyon çalışmasında ve gerçek veri setinin analizinde model karşılaştırması NOR, ST ve SL modellerinden elde edilen Tahmini log-olabilirlik (Predictive log-likelihood=PLL) değerlerinin kullanımı ile gerçekleştirilmiştir.

M_k (k =NOR, ST veya SL) modeli için n gözleme göre PLL değeri;

$$\begin{aligned}
 PLL_k &= \sum_{i=1}^n \log p(y_i|y_{(i)}, M_k) \\
 &= \sum_{i=0}^n \left(\frac{1}{G} \sum_{j=i}^G p^{-1}(y_i|\theta^{(j)}, M_k) \right)^{-1}
 \end{aligned}$$

şeklinde hesaplanmıştır (Raftery, 1996; Kızılkaya, 2002; Cardoso vd., 2007). Modellere ait PLL değerleri arasındaki fark 2.5 ve üzerinde olduğunda modeller arasında fark olduğu belirtilmiştir.

PLL seçme kriterine ek olarak ST ve SL modellerinden elde edilen serbestlik derecesi tahminleride analiz edilen veri setleri için uygun olan modeli belirtmektedir. Kızılkaya vd. (2010)' nin yaptığı çalışmalarda; serbestlik derecesinin *Student-t* dağılımı için 30 ve üzerinde tahminlendiğinde dağılımın *Normal* dağılıma yaklaştığını bildirmiştir. Serbestlik derecesinin 30'un altında tahminlenmesi durumunda veri setinde sıra dışı gözlemlerin varlığının bir göstergesi olduğunu ve o veri seti için dirençli modellerin uygun olduğunu bildirmişlerdir. Kızılkaya ve Mestav (2009)'ın yaptıkları çalışmayla *Slash* dağılımı için serbestlik derecesinin 12 ve üzeri olarak tahminlendiği durumlarda dağılımın *Normal* dağılıma yaklaştığını bildirmişlerdir.

3.2.6. Marjinal Hata (Ko)Varyans, Kalıtım Derecesi ve Genetik Korelasyonlar

Eşitlik 3.2.9'da yer alan hata (ϵ_i) terimlerine ait Marjinal Hata (ko)varyans parametreleri (R_ϵ) her model için aşağıda verildiği şekilde hesaplanmıştır (Stranden ve Gianola, 1999; Kızılkaya ve Mestav, 2009).

NOR modeli için

$$R_\epsilon = R_0 \quad (3.2.36)$$

ST modeli için

$$R_\epsilon = R_0 \left(\frac{v}{v-2} \right) \quad (3.2.37)$$

ve SL modeli için

$$R_{\varepsilon} = R_0 \left(\frac{v}{v-1} \right) \quad (3.2.38)$$

şeklindedir.

Doğrudan ve Maternal kalıtım derecesi ve genetik korelasyon tahminleri, simülasyon ve gerçek veri setinin analizinde tahmin edilen genetik ve genetik olmayan ve hata (ko)varyans değerleri kullanılarak aşağıda tanımlandığı şekilde elde edilmiştir.

Simülasyon çalışması için kalıtım derecesi ve genetik korelasyon

$$h_{d_{i,j}}^2 = \frac{\sigma_{d_{i,j}}^2}{\sigma_{d_{i,j}}^2 + \sigma_{h_{i,j}}^2 + \sigma_{\varepsilon_i}^2} \quad (3.2.39)$$

$$r_{d_{i,j},d'_{k,j}} = \frac{\sigma_{d_{i,j},d'_{k,j}}}{\sqrt{\sigma_{d_{i,j}} \sigma_{d'_{k,j}}}} \quad (3.2.40)$$

Gerçek veri seti analizi için kalıtım derecesi ve genetik korelasyonlar

$$h_{d_{i,j}}^2 = \frac{\sigma_{d_{i,j}}^2}{\sigma_{d_{i,j}}^2 + 2\sigma_{d_{i,j},m_{i,j}} + \sigma_{m_{i,j}}^2 + \sigma_{\varepsilon_{i,j}}^2} \quad (3.2.41)$$

$$h_{m_{i,j}}^2 = \frac{\sigma_{m_{i,j}}^2}{\sigma_{m_{i,j}}^2 + 2\sigma_{d_{i,j},m_{i,j}} + \sigma_{d_{i,j}}^2 + \sigma_{\varepsilon_{i,j}}^2} \quad (3.2.42)$$

$$r_{d_{i,j},d'_{k,j}} = \frac{\sigma_{d_{i,j},d'_{k,j}}}{\sqrt{\sigma_{d_{i,j}} \sigma_{d'_{k,j}}}} \quad (3.2.43)$$

$$r_{m_{i,j},m'_{k,j}} = \frac{\sigma_{m_{i,j},m'_{k,j}}}{\sqrt{\sigma_{m_{i,j}} \sigma_{m'_{k,j}}}} \quad (3.2.44)$$

$$r_{d_{i,j},m_{k,j}} = \frac{\sigma_{d_{i,j},m_{k,j}}}{\sqrt{\sigma_{d_{i,j}} \sigma_{m_{k,j}}}} \quad (3.2.45)$$

Burada i ve k indisleri özellikleri, j indisi de NOR, ST ve SL modelini belirtmektedir.

3.2.7. MCMC Uygulaması

Simülasyon yöntemi ile elde edilen popülasyonlardaki herbir tekerrür hata terimi *Normal* (NOR), *Student-t* (ST) ve *Slash* (SL) dağılım gösteren tahmin modelleriyle Bayesian istatistiğine dayalı olarak Gibbs örnekleme kullanılarak analiz edilmiştir (Çizelge 3.1). Böylece herbir popülasyonda 15 (3 tahmin modeli x 5 tekerrür) analiz, beş popülasyon için ise toplamda 75 (bir popülasyonda 15 analiz x 5 popülasyon) analiz gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 3.1. Simülasyon çalışmasında, verilerin türetilmesi ve analizinde uygulanan modeller

Populasyon	Tahmin Modeli
<i>Normal</i> ($\nu = \infty$)	<i>Normal, Student-t, Slash</i>
<i>Student-t</i> ($\nu = 3$)	<i>Normal, Student-t, Slash</i>
<i>Student-t</i> ($\nu = 10$)	<i>Normal, Student-t, Slash</i>
<i>Slash</i> ($\nu = 1.5$)	<i>Normal, Student-t, Slash</i>
<i>Slash</i> ($\nu = 3$)	<i>Normal, Student-t, Slash</i>

Analizde her popülasyon içinde farklı başlangıç değerleri kullanılarak Gibbs zinciri oluşturulmuştur. Her bir zincirdeki toplam iterasyon (örnek) sayısı 100000 ve zincirin başlangıcında atılacak iterasyon sayısı (Burn-in) ise 25000 olarak belirlenmiştir. Böylece ilk 25000'lik burn-in periyodu atıldıktan sonra her bir iterasyon değeri kaydedilmek suretiyle her parametre için toplam 75000'lik Gibbs zinciri elde edilmiştir. Örnekleme sonucu elde edilen tahmin değerleri, R-project programı kullanılarak özetlenmiştir.

Sahadan elde edilen veriler için hata terimi *Normal* (NOR), *Student-t* (ST) ve *Slash* (SL) dağılım gösteren modellerle Bayesian istatistiğine dayalı olarak Gibbs örnekleme kullanılarak analiz edilmiştir. Analizde 500000'lik Gibbs zinciri oluşturulmuştur. Zincirin başlangıcında atılacak iterasyon sayısı (Burn-in) ise 250000 olarak belirlenmiştir. Böylece ilk 250000'lik burn-in periyodu atıldıktan

sonra her bir iterasyon deęeri kaydedilmek suretiyle her parametre için toplam 250000'lik Gibbs zinciri elde edilmiştir. Örnekleme sonucu elde edilen tahmin deęerleri, R-project programı kullanılarak özetlenmiştir.

4. BULGULAR

4.1. Hata Terimi *Normal* Dağılım Gösteren Popülasyon (NOR)

Gerçek modele göre hata terimi *Normal* dağılım gösteren popülasyon verileri NOR, ST ve SL dağılım gösteren tahmin modelleriyle analiz edildiğinde tahmin edilen eklemeli genetik ve sürü varyansına ait tanımlayıcı değerler sırasıyla Çizelge 4.1 ve 4.2’ de verilmiştir.

Çizelge 4.1. NOR popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ^a ± SS ^b	SOD ^c	%95 SOA ^d
NOR	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.9 ± 0.9	10.9	[9.3, 12.6]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.0 ± 0.8	4.0	[2.6, 5.7]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.9 ± 0.4	1.6	[0.8, 2.4]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	19.6 ± 1.3	19.6	[17.1, 22.3]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	2.9 ± 0.6	2.9	[1.9, 3.9]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.9 ± 0.4	5.8	[5.0, 6.7]
ST	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.9 ± 0.9	10.9	[9.3, 12.6]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.0 ± 0.8	4.0	[2.6, 5.6]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.6 ± 0.5	1.6	[0.7, 2.5]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	19.6 ± 1.3	19.6	[17.1, 22.3]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	2.9 ± 0.5	2.9	[1.9, 4.0]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.9 ± 0.4	5.9	[5.1, 6.8]
SL	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.9 ± 0.8	10.8	[9.4, 12.5]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.1 ± 0.8	4.1	[2.6, 5.6]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.6 ± 0.4	1.6	[0.8, 2.5]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	19.7 ± 1.3	19.6	[17.2, 22.4]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	2.9 ± 0.5	2.9	[1.9, 4.0]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.9 ± 0.4	5.9	[5.1, 6.8]

^aSon Ortalama

^bSon Standart Sapma

^cSon Ortanca Değer

^dSon Olasılık Aralığı

Çizelge 4.2. NOR popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.1 \pm 0.5	3.1	[2.3, 4.2]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	8.1 \pm 1.3	8.0	[6.0, 10.9]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.3 \pm 0.4	2.2	[1.7, 3.1]
ST	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.1 \pm 0.5	3.1	[2.3, 4.2]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	8.1 \pm 1.2	7.9	[6.0, 10.8]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.3 \pm 0.4	2.2	[1.7, 3.1]
SL	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.1 \pm 0.5	3.1	[2.3, 4.2]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	8.1 \pm 1.3	7.9	[6.0, 10.9]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.3 \pm 0.4	2.2	[1.7, 3.1]

NOR, ST ve SL modelleri ile üç özellik için tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans ve sürü varyans değerleri incelendiğinde gerçek ve tahmin değerlerinin benzer olduğu ve tahmin modelleri arasında fark olmadığı gözlenmiştir. Bu benzerlik NOR popülasyonuna ait hata terimlerinin *Normal* dağılım gösteren modelle türetilmiş olmasından kaynaklanmıştır. Bunun yanı sıra, Son Ortalama (SO) ve Son Ortanca Değerleri (SOD) birbirlerine eşit veya yakın değerde olduğu buna bağlı olarak da dağılımların simetrik veya simetriğe yakın olduğu gözlenmiştir.

NOR, ST ve SL modeller ile analiz edilen NOR popülasyonunda tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Çizelge 4.3. NOR popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 21.0$	21.0 ± 0.5	21.0	[20.0, 22.0]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 7.0$	6.9 ± 0.5	6.9	[6.0, 7.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 5.5$	5.5 ± 0.3	5.5	[5.0, 6.0]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 30.0$	29.7 ± 0.8	29.7	[28.2, 31.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 4.5$	4.4 ± 0.3	4.4	[3.8, 5.0]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 10.0$	10.1 ± 0.3	10.1	[9.6, 10.6]
ST	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 21.0$	21.2 ± 0.5	21.2	[20.2, 22.2]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 7.0$	7.0 ± 0.5	7.0	[6.1, 7.8]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 5.5$	5.6 ± 0.3	5.6	[5.1, 6.1]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 30.0$	30.0 ± 0.8	30.0	[28.5, 31.5]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 4.5$	4.5 ± 0.3	4.5	[3.9, 5.1]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 10.0$	10.2 ± 0.3	10.2	[9.7, 10.7]
SL	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 21.0$	21.0 ± 0.5	21.0	[20.0, 21.9]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 7.0$	6.9 ± 0.5	6.9	[6.0, 7.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 5.5$	5.5 ± 0.3	5.5	[5.0, 6.0]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 30.0$	29.7 ± 0.8	29.7	[28.2, 31.2]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 4.5$	4.4 ± 0.3	4.4	[3.8, 5.0]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 10.0$	10.1 ± 0.3	10.1	[9.6, 10.6]

Çizelge 4.3’de hata (ko)varyanslarına ait tahmin değerleri incelendiğinde; tahmin modelleri arasında fark olmadığı gözlenmiştir. NOR, ST ve SL modelleri ile elde edilen parametre değerleri ile gerçek parametre değerlerinin benzer olduğu saptanmıştır. Modeller arasında fark olmaması bu popülasyonda sıra dışı gözlem olmadığını da ifade etmektedir. Bu popülasyon için hangi modelin daha iyi sonuç verdiğini yada uygun modelin hangisi olduğunu belirlemek amacıyla tahminlenen serbestlik derecesine ve model seçme kriterine bakılmıştır. Popülasyon NOR’un ST ve SL modellerine göre analizinde tahmin edilen serbestlik derecelerine ait SO, SS, SOD ve %95 SOA değerleri Çizelge 4.4’de verilmiştir.

Çizelge 4.4. NOR popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
ST	$v=\infty$	151.4 ± 45.0	145.2	[81.3, 241.8]
SL	$v=\infty$	15.4 ± 4.9	14.5	[8.5, 24.7]

ST ve SL modellerine ait serbestlik derecesi tahmin değerleri sırasıyla 151.35 ve 15.43 olarak saptanmıştır. ST ve SL tahmin modellerinden elde edilen serbestlik derecesi değerlerinin, ST ve SL modellerinin NOR modeline yakınsaması açısından yeterli büyüklükte olduğunu belirtmiştir. Bu durum aynı zamanda eklemeli genetik (ko)varyanslar, sürü varyans ve hata (ko)varyanslarına ait değerlerin benzer olmasını da açıklamaktadır. Serbestlik derecesinin yanı sıra en uygun modeli seçmek için model seçme kriterine de bakılması gerekmektedir. NOR popülasyonu için elde edilen NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri Çizelge 4.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.5. NOR popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri

Tahmin Modeli	NOR	ST	SL
NOR	-162471	-162470	-162470

Çizelge 4.5 incelendiğinde NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerlerinin benzer ve modellere ait PLL değerleri arasındaki farkın 2.5’den küçük olduğu gözlenmiştir. Modeller arasındaki fark 2.5 değerinden küçük olduğu için modeller arasındaki fark önemsiz kabul edilmiştir [?]. Başka bir ifadeyle, analiz edilen popülasyon *Normal* dağılıma yaklaştıkça, ST ile NOR ve SL ile NOR modellerine ait PLL değerleri arasındaki fark da küçülmektedir [?,33]. Bu durumda, NOR popülasyonu için NOR, ST veya SL modeliyle yapılan analizde bir farklılık olmadığı her üç modelin de bu popülasyon için uygun olduğu ortaya çıkmaktadır.

4.2. Hata Terimi Üç Serbestlik Dereceli ($\nu=3$) *Student-t* Dağılımı Gösteren Popülasyon (ST3)

Hata terimi, üç serbestlik dereceli *Student-t* (ST3) dağılımı gösteren popülasyonun, NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edildiğinde elde edilen eklemeli genetik (ko)varyans, sürü varyans ve hata (ko)varyans tahmin değerleri sırasıyla Çizelge 4.6, 4.7 ve 4.8' de verilmiştir.

Çizelge 4.6. ST3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	7.1 ± 0.7	7.1	[5.8, 8.6]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	2.2 ± 0.7	2.2	[1.0, 3.5]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.2 ± 0.4	1.2	[0.5, 1.9]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	14.1 ± 1.2	14.0	[11.9, 16.5]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	1.9 ± 0.5	1.9	[1.0, 2.8]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	3.9 ± 0.4	3.9	[3.2, 4.6]
ST	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.8 ± 0.8	10.8	[9.3, 12.6]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.0 ± 0.8	4.0	[2.6, 5.5]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.8 ± 0.4	1.8	[1.0, 2.7]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	20.0 ± 1.4	19.9	[17.4, 22.7]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	3.0 ± 0.5	3.0	[2.0, 4.1]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.8 ± 0.4	5.8	[5.0, 6.7]
SL	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.0 ± 0.8	10.0	[8.5, 11.6]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	3.7 ± 0.7	3.7	[2.3, 5.2]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.7 ± 0.4	1.7	[0.9, 2.5]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	18.3 ± 1.3	18.3	[15.8, 21.0]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	2.8 ± 0.5	2.8	[1.8, 3.9]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.4 ± 0.4	5.3	[4.6, 6.2]

Çizelge 4.7. ST3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.2 ± 0.5	3.1	[2.3, 4.3]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.6 ± 1.2	7.5	[5.6, 10.3]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.2 ± 0.4	2.2	[1.6, 3.0]
ST	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.1 ± 0.5	3.0	[2.3, 4.2]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.6 ± 1.2	7.5	[5.6, 10.3]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.1 ± 0.3	2.1	[1.6, 2.9]
SL	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.1 ± 0.5	3.0	[2.3, 4.2]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.6 ± 1.2	7.5	[5.6, 10.3]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.1 ± 0.3	2.1	[1.6, 2.9]

Çizelge 4.6 incelendiğinde, tahmin modellerine göre eklemeli genetik (ko)varyans tahmin değerlerinin NOR modelinde gerçek parametre değerlerine göre düşük tahminlendiği gözlenmiştir. ST ve SL modelleriyle tahminlenen değerlerin ve gerçek değerlerin birbirlerine yakın veya benzer olduğu saptanmıştır. Bu sonuçlar, sıra dışı gözlemler içeren veri setlerinde NOR modellerinin kullanılarak genetik (ko)varyans tahminlerinin yapılmasının uygun olmadığını, düşük ve yanlış tahminler ortaya koyduğunu göstermiştir. Çizelge 4.7’de NOR, ST ve SL modelleriyle tahmin edilen sürü varyansları incelendiğinde, tahminlenen değerlerin gerçek parametre değerleri ile uyum içerisinde olduğu ve tahmin modelleri arasında farklılık olmadığı gözlenmiştir. Çizelge 4.8’ de ST3 popülasyonu için NOR, ST ve SL modelleriyle tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri verilmiştir.

Çizelge 4.8. ST3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 63.0$	64.6 \pm 0.8	64.6	[63.1, 66.2]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 21.0$	22.3 \pm 0.7	22.3	[21.0, 23.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 16.5$	17.2 \pm 0.4	17.2	[16.4, 18.0]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 90.0$	89.0 \pm 1.2	89.0	[86.7, 91.3]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 13.5$	14.3 \pm 0.5	14.3	[13.4, 15.3]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 30.0$	30.4 \pm 0.4	30.4	[29.7, 31.2]
ST	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 63.0$	61.9 \pm 2.1	61.9	[58.1, 66.2]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 21.0$	20.3 \pm 1.2	20.3	[18.0, 22.8]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 16.5$	16.1 \pm 0.8	16.1	[14.6, 17.7]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 90.0$	87.5 \pm 3.0	87.4	[82.0, 93.6]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 13.5$	12.9 \pm 0.8	12.9	[11.3, 14.6]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 30.0$	29.8 \pm 1.0	29.8	[27.9, 31.9]
SL	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 63.0$	111.9 \pm 11.9	110.5	[92.8, 139.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 21.0$	36.8 \pm 4.3	36.3	[29.8, 46.5]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 16.5$	28.9 \pm 3.2	28.5	[23.6, 36.2]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 90.0$	159.1 \pm 16.8	157.1	[132.2, 197.5]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 13.5$	23.4 \pm 2.7	23.2	[18.9, 29.6]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 30.0$	54.1 \pm 5.7	53.4	[44.9, 67.1]

Çizelge 4.8 incelendiğinde tahminlenen hata (ko)varyans değerleri ile gerçek değerler arasında farklılık gözlenmiştir. Bu durum, serbestlik derecesinin modellere göre farklı tahminlenmesinden kaynaklanmıştır. NOR, ST ve SL modelleri içinden NOR ve ST modelleri ile tahminlenen değerler gerçek değerlere yakın çıkmıştır. SL modeli ile tahmin edilen değerler incelendiğinde, tahminlenen değerlerin gerçek değerlerden oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu durum Çizelge 4.9’da verilen ST ve SL modellerine ait serbestlik derecesi tahminlerinden kaynaklanmaktadır.

Çizelge 4.9. ST3 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
ST	$\nu = 3$	3.05 \pm 0.06	3.05	[2.93, 3.18]
SL	$\nu = 3$	1.14 \pm 0.02	1.14	[1.11, 1.18]

Çizelge 4.10. ST3 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri

Tahmin Modeli	NOR	ST	SL
ST3	-185654	-177156	-180103

Modellere göre tahminlenen serbestlik dereceleri incelendiğinde ST ve SL modeli için değerler düşük tahminlenmiştir. ST modeli ile tahmin edilen $\nu=3.05$ değeri gerçek parametre değerine yakın bulunmuştur. Buna bağlı olarak da ST modeli ile tahminlenen eklemeli genetik (ko)varyansların, sürü varyanslarının ve hata (ko)varyansların tahminleri gerçek parametre değerlerine çok yakın bulunmuştur. Bu durumun aksine, SL modeliyle tahmin edilen serbestlik derecesi değeri 1.14 olarak bulunmuştur. Bu değer aslında SL modeli için ST modelinde 3 serbestlik derecesine karşılık gelen değeri belirtmektedir. ST ve SL modelleri için elde edilen PLL değerleri 4.10'da verilmiştir. Model parametre tahminleri, popülasyonların analizinde uygun olan modeli belirlemede yardımcı olmasına rağmen; popülasyonların analizinde uygun olan modeli seçme kriteri PLL değerleri incelendiğinde, ST3 popülasyonu için en uygun modelin en büyük PLL değerine (-177156) sahip olan ST modeli olduğu gözlenmiştir.

4.3. Hata Terimi On Serbestlik Dereceli ($\nu =10$) *Student-t* Dağılımı Gösteren Popülasyon (ST10)

Hata teriminin, on serbestlik dereceli *Student-t* (ST10) dağılımı gösteren popülasyonun NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edildiğinde tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans, sürü varyans ve hata (ko)varyans değerleri sırasıyla Çizelge 4.11, Çizelge 4.12 ve Çizelge 4.13'de verilmiştir.

Çizelge 4.11. ST10 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.0 ± 0.8	10.0	[8.5, 11.7]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	3.7 ± 0.7	3.7	[2.3, 5.1]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.3 ± 0.4	1.3	[0.5, 2.1]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	18.5 ± 1.3	18.5	[16.1, 21.2]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	2.7 ± 0.5	2.7	[1.7, 3.7]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.5 ± 0.4	5.5	[4.7, 6.3]
ST	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.6 ± 0.8	10.6	[9.1, 12.4]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.4 ± 0.8	4.4	[2.9, 6.0]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.6 ± 0.4	1.6	[0.8, 2.5]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	20.3 ± 1.4	20.3	[17.7, 23.2]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	3.3 ± 0.6	3.3	[2.2, 4.5]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	6.0 ± 0.5	6.0	[5.1, 6.9]
SL	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.5 ± 0.8	10.5	[9.0, 12.2]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.4 ± 0.8	4.4	[2.9, 6.0]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.6 ± 0.5	1.6	[0.7, 2.5]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	20.1 ± 1.4	20.0	[17.4, 23.0]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	3.3 ± 0.6	3.3	[2.2, 4.5]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.9 ± 0.5	5.9	[5.0, 6.8]

Çizelge 4.12. ST10 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.2 ± 0.5	3.1	[2.3, 4.3]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.7 ± 1.2	7.6	[5.7, 10.4]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.2 ± 0.4	2.2	[1.6, 3.0]
ST	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.2 ± 0.5	3.1	[2.3, 4.3]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.7 ± 1.2	7.6	[5.7, 10.3]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.2 ± 0.4	2.2	[1.6, 3.0]
SL	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.2 ± 0.5	3.1	[2.3, 4.3]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.7 ± 1.2	7.6	[5.7, 10.4]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.2 ± 0.4	2.2	[1.6, 3.0]

Tahmin modelleriyle eklemeli genetik (ko)varyans ve sürü varyans değerleri incelendiğinde (Çizelge 4.11 ve 4.12), tahmin modelleri arasında fark olmadığı, tahmin değerleriyle gerçek değerlerinin uyum içinde olduğu gözlenmiştir. Aynı uyum Çizelge 4.13’de verilen hata (ko)varyans tahminleri arasında da gözlenmiştir.

Çizelge 4.13. ST10 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 26.3$	26.7 \pm 0.5	26.7	[25.6, 27.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 8.8$	8.7 \pm 0.5	8.7	[7.8, 9.6]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 6.9$	7.10 \pm 0.2	7.1	[6.6, 7.6]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 37.5$	37.4 \pm 0.8	37.4	[35.8, 38.9]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 5.6$	5.7 \pm 0.3	5.7	[5.0, 6.3]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 10.0$	12.8 \pm 0.3	12.8	[12.3, 13.3]
ST	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 26.3$	26.3 \pm 0.6	26.3	[25.2, 27.4]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 8.8$	8.3 \pm 0.5	8.3	[7.3, 9.3]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 6.9$	6.9 \pm 0.3	6.9	[6.3, 7.5]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 37.5$	36.4 \pm 0.9	36.4	[34.6, 38.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 5.6$	5.3 \pm 0.4	5.3	[4.6, 6.1]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 12.5$	12.5 \pm 0.3	12.5	[12.0, 13.1]
SL	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 26.3$	26.6 \pm 0.6	26.6	[25.5, 27.8]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 8.8$	8.4 \pm 0.5	8.4	[7.4, 9.5]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 6.9$	7.0 \pm 0.3	7.0	[6.4, 7.6]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 37.5$	36.8 \pm 0.9	36.9	[35.0, 38.6]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 5.6$	5.4 \pm 0.4	5.4	[4.7, 6.1]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 12.5$	12.7 \pm 0.3	12.7	[12.1, 13.3]

Popülasyonu tanımlayan serbestlik derecesi değerinin artmasına bağlı olarak parametre tahminleri bakımından NOR, ST ve SL modelleri arasındaki fark da artmıştır. Buna bağlı olarak Çizelge 4.14’ de verilen ST ve SL modellerine ait serbestlik derecesi tahminlerinin önemi de artmaktadır. Bu açıdan serbestlik derecesi tahmin değerleri incelendiğinde ST modeli ile tahmin edilen 10.39 değeri gerçek parametre değerine (10) çok yakın tahmin edilmiştir. SL modeliyle tahminlenen serbestlik derecesi ise 2.65 olarak tahmin edilmiştir.

Çizelge 4.14. ST10 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
ST	$\nu = 10$	10.39 \pm 0.53	10.36	[9.42, 12.49]
SL	$\nu = 10$	2.65 \pm 0.09	2.65	[2.49, 2.82]

NOR, ST ve SL tahmin modelleri arasında uygun modeli belirlemek amacıyla elde edilen PLL değerleri Çizelge 4.15’de verilmiştir. PLL değeri bakımından modeller arasında farkın 2.5’den büyük ve modeller arası farkın önemli olduğu gözlenmiştir. ST10’un analizinde kullanılacak en iyi modelin ST (-166730) olduğu saptanmıştır.

Çizelge 4.15. ST10 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri

Tahmin Modeli	NOR	ST	SL
ST10	-167207	-166730	-166814

4.4. Hata Terimi Birbuçuk Serbestlik Derecesli ($\nu = 1.5$) *Slash* Dağılımı Gösteren Popülasyon (SL1.5)

Hata teriminin birbuçuk serbestlik dereceli *Slash* dağılımı gösteren popülasyonun (SL1.5) NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edildiğinde elde edilen eklemeli genetik, sürü ve hata (ko)varyans tahmin değerleri Çizelge 4.16, Çizelge 4.17 ve Çizelge 4.18’de verilmiştir.

Çizelge 4.16. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	8.0 ± 0.7	8.0	[6.4, 9.8]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	1.7 ± 0.7	1.7	[0.3, 3.1]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.2 ± 0.5	1.2	[0.4, 2.1]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	12.9 ± 1.2	12.9	[10.6, 15.4]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	1.2 ± 0.5	1.2	[0.2, 2.2]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	4.8 ± 0.4	4.7	[3.9, 5.6]
ST	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	12.5 ± 1.1	12.5	[10.4, 14.9]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.4 ± 1.0	4.4	[2.5, 6.5]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	2.3 ± 0.6	2.3	[1.2, 3.5]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	21.2 ± 1.9	21.2	[17.8, 25.1]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	3.1 ± 0.8	3.1	[1.6, 4.6]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	7.2 ± 0.6	7.1	[6.0, 8.4]
SL	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.8 ± 1.0	10.8	[8.9, 12.9]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	3.7 ± 1.0	3.7	[2.0, 5.7]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.9 ± 0.5	1.9	[1.0, 3.1]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	18.3 ± 1.6	18.2	[15.2, 21.6]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	2.6 ± 0.7	2.6	[1.3, 4.0]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	6.1 ± 0.5	6.1	[5.1, 7.2]

Çizelge 4.17. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.5 ± 0.6	3.5	[2.5, 4.8]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	8.9 ± 1.4	8.8	[6.5, 12.0]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.4 ± 0.4	2.3	[1.7, 3.3]
ST	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.5 ± 0.6	3.4	[2.6, 4.7]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	8.8 ± 1.4	8.6	[6.5, 11.8]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.3 ± 0.4	2.3	[1.7, 3.2]
SL	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.5 ± 0.6	3.4	[2.6, 4.7]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	8.8 ± 1.4	8.6	[6.5, 11.8]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	2.3 ± 0.4	2.3	[1.7, 3.2]

Eklemleri genetik (ko)varyans tahminlerini içeren Çizelge 4.16 incelendiğinde, gerçek parametre değerleri ile NOR, ST ve SL modelleriyle tahmin edilen değerler arasında fark olduğu gözlenmiştir. ST1.5 popülasyonu düşük serbestlik derecesinden dolayı sıra dışı gözlemler içeren ve kalın kuyruklu dağılım gösteren bir popülasyondur. Bu popülasyonun analizinde NOR tahmin modeli kullanıldığında Çizelge 4.16’de görüldüğü gibi eklemleri genetik (ko)varyans tahminlerinin gerçek parametre değerlerinden önemli derecede düşük olduğu belirlenmiştir. Buna karşılık ST ve SL modelleriyle elde edilen tahmin değerlerinin gerçek parametre değerleriyle daha uyumlu olduğu gözlenmiştir. Sürü varyansına ait tahmin değerlerine bakıldığında ise NOR, ST ve SL modelleriyle elde edilen tahmin değerleri ile gerçek parametre değerlerinin uyum içinde olduğu ve bu açıdan modeller arasında fark olmadığını gözlenmiştir.

Çizelge 4.18. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 63.0$	63.3 ± 0.8	63.3	[61.7, 65.0]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 21.0$	21.0 ± 0.7	21.0	[19.6, 22.4]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 16.5$	16.2 ± 0.4	16.2	[15.3, 17.0]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 90.0$	91.7 ± 1.2	91.7	[89.4, 94.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 13.5$	14.2 ± 0.5	14.2	[13.2, 15.2]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 30.0$	29.5 ± 0.4	29.5	[28.8, 30.3]
ST	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 63.0$	55.6 ± 1.3	55.6	[53.2, 58.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 21.0$	18.1 ± 1.0	18.1	[16.1, 20.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 16.5$	14.5 ± 0.6	14.5	[13.3, 15.7]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 90.0$	79.3 ± 1.9	79.3	[75.7, 83.0]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 13.5$	11.9 ± 0.7	11.9	[10.6, 13.4]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 30.0$	26.2 ± 0.6	26.2	[25.0, 27.5]
SL	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 63.0$	62.7 ± 1.8	62.6	[59.3, 66.3]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 21.0$	20.5 ± 1.1	20.5	[18.2, 22.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 16.5$	16.2 ± 0.7	16.2	[14.9, 17.7]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 90.0$	89.8 ± 2.6	89.7	[84.9, 95.0]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 13.5$	13.6 ± 0.8	13.6	[12.0, 15.1]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 30.0$	29.7 ± 0.9	29.7	[28.1, 31.5]

Hata (ko)varyansına ait tahmin değerlerini veren Çizelge 4.18 incelendiğinde, SL modeliyle elde edilen tahmin değerlerinin gerçek parametre değerleriyle benzer olduğu gözlenmiştir. Tahmin modelleri arasında da tahmin edilen değerler açısından farklılık gözlenmiştir. Tahmin değerlerine bakıldığında; ST modeliyle elde edilen değerlerin, diğer modellerle tahmin edilenlere göre düşük olduğu gözlenmiştir. Bu farkın da serbestlik derecesinin düşük tahminlenmesinden kaynaklandığı düşünülmektedir. SL1.5 popülasyonuna ait serbestlik derecesi tahminleri ve tahmin modellerine göre PLL değerleri Çizelge 4.19 ve 4.20 da verilmiştir.

Çizelge 4.19. SL1.5 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
ST	$\nu = 1.5$	4.36 \pm 0.11	4.36	[4.16, 4.58]
SL	$\nu = 1.5$	1.51 \pm 0.03	1.51	[1.46, 1.57]

Çizelge 4.20. SL1.5 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerleri

Tahmin Modeli	NOR	ST	SL
SL1.5	-187226	-182638	-181222

SL modeliyle tahmin edilen 1.51 sd gerçek parametre değerine çok yakın tahmin edilmiştir. ST modeli içinde 1.5 değerine karşılık gelecek serbestlik derecesi de 4.36 olarak tahminlemiştir. Analiz için uygun modeli belirlemede Çizelge 4.20' de verilen PLL incelendiğinde, ST1.5 popülasyonu analizinde uygun modelin en büyük PLL değerine (-18122) sahip olan SL modeli olduğu gözlenmiştir. Bu sonuç, SL modeli ile elde edilen hata (ko)varyans tahminleri ile gerçek parametre değerleri arasındaki benzerliğin neden yüksek olduğunu açıklamaktadır.

4.5. Hata Terimi Üç Serbestlik Dereceli ($\nu = 3$) *Slash* Dağılımı Gösteren Popülasyon (SL3)

Hata terimi üç serbestlik dereceli *Slash* dağılımı gösteren popülasyonun, NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edildiğinde elde edilen eklemeli, sürü ve hata (ko)varyans tahmin değerleri sırasıyla Çizelge 4.21, Çizelge 4.22 ve Çizelge 4.23' de verilmiştir.

Çizelge 4.21. SL3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen eklemeli genetik (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	9.9 ± 0.9	9.9	[8.3, 11.6]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	3.3 ± 0.8	3.3	[1.9, 4.9]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.6 ± 0.5	1.6	[0.7, 2.5]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	17.8 ± 1.4	17.7	[15.3, 20.6]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	2.5 ± 0.6	2.5	[1.4, 3.6]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	5.9 ± 0.5	5.9	[5.0, 6.8]
ST	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.7 ± 0.9	10.7	[9.1, 12.5]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.0 ± 0.9	4.0	[2.4, 5.8]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.7 ± 0.5	1.7	[0.8, 2.7]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	19.8 ± 1.5	19.7	[16.9, 22.9]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	3.0 ± 0.7	3.0	[1.8, 4.3]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	6.5 ± 0.5	6.5	[5.5, 7.6]
SL	$\sigma_{a_1}^2 = 11.0$	10.6 ± 0.9	10.6	[8.9, 12.4]
	$\sigma_{a_{12}} = 4.0$	4.0 ± 0.9	4.0	[2.4, 5.8]
	$\sigma_{a_{13}} = 1.7$	1.7 ± 0.5	1.7	[0.8, 2.8]
	$\sigma_{a_2}^2 = 19.0$	19.5 ± 1.5	19.4	[16.6, 22.6]
	$\sigma_{a_{23}} = 2.9$	3.0 ± 0.6	3.0	[1.8, 4.3]
	$\sigma_{a_3}^2 = 6.0$	6.4 ± 0.5	6.4	[5.5, 7.4]

Çizelge 4.22. SL3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen sürü varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.2 ± 0.5	3.1	[2.3, 4.3]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.5 ± 1.2	7.4	[5.5, 10.1]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	1.9 ± 0.3	1.9	[1.4, 2.6]
ST	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.2 ± 0.5	3.1	[2.3, 4.3]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.5 ± 1.2	7.4	[5.5, 10.1]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	1.9 ± 0.3	1.9	[1.4, 2.6]
SL	$\sigma_{s_1}^2 = 3.0$	3.2 ± 0.5	3.1	[2.3, 4.3]
	$\sigma_{s_2}^2 = 7.0$	7.5 ± 1.2	7.4	[5.5, 10.1]
	$\sigma_{s_3}^2 = 2.0$	1.9 ± 0.3	1.9	[1.4, 2.6]

Çizelge 4.21 incelendiğinde, ST ve SL modellerine ait eklemeli genetik (ko)varyans değerleri hem kendi aralarında hem de gerçek parametre değerleri ile benzer bulunmuştur. NOR modeline ait tahmin değerleri ise gerçek parametre değerlerinden daha düşük tahminlenmiştir. Sürü varyansına ait Çizelge 4.22 incelendiğinde de NOR, ST ve SL modellerine ait tahmin değerleri arasında farklılık gözlenmemiş bunun yanı sıra gerçek parametre değerleri ile tahmin değerlerinin birbirine benzer sonuçlar verdiği belirlenmiştir.

Çizelge 4.23. SL3 popülasyonunda gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen hata (ko)varyans değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 31.5$	32.5 ± 0.6	32.5	[31.2, 33.5]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 10.5$	11.1 ± 0.5	11.1	[10.1, 12.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 8.3$	8.4 ± 0.3	8.4	[7.8, 9.0]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 45.0$	45.7 ± 0.9	45.7	[44.0, 47.4]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 6.8$	7.0 ± 0.4	7.0	[6.2, 7.7]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 15.0$	14.9 ± 0.3	15.0	[14.3, 15.5]
ST	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 31.5$	39.1 ± 1.4	39.0	[36.6, 41.9]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 10.5$	13.0 ± 0.8	13.0	[11.4, 14.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 8.3$	10.1 ± 0.5	10.1	[9.1, 11.2]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 45.0$	54.8 ± 2.0	54.7	[51.0, 59.0]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 6.8$	8.2 ± 0.6	8.2	[7.1, 9.3]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 15.0$	18.0 ± 0.7	18.0	[17.6, 19.4]
SL	$\sigma_{\varepsilon_1}^2 = 31.5$	31.9 ± 0.6	31.9	[30.6, 33.1]
	$\sigma_{\varepsilon_{12}} = 10.5$	10.6 ± 0.6	10.6	[9.5, 11.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{13}} = 8.3$	8.3 ± 0.3	8.3	[7.6, 8.9]
	$\sigma_{\varepsilon_2}^2 = 45.0$	44.8 ± 1.0	44.8	[42.8, 46.7]
	$\sigma_{\varepsilon_{23}} = 6.8$	6.7 ± 0.4	6.7	[5.8, 7.5]
	$\sigma_{\varepsilon_3}^2 = 15.0$	14.5 ± 0.3	14.5	[14.0, 15.3]

NOR, ST ve SL tahmin modellerine göre elde edilen hata (ko)varyanslarına ait Çizelge 4.23 incelendiğinde, ST modeline ait tahmin değeri ile gerçek parametre değerleri arasında fark olduğu ve yüksek tahminlendiği gözlenmiştir. Bu durumun serbestlik derecesinin ST modelinde yüksek tahminlenmesinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Buna karşılık SL ve NOR modelleriyle elde edilen gerçek ve tahmin değerlerinin, benzer olduğu gözlenmiştir. SL3 için tahminlenen serbestlik dereceleri ve PLL değerleri sırasıyla Çizelge 4.24 ve Çizelge 4.25’ de verilmiştir.

Çizelge 4.24. SL3 popülasyonunda gerçek ve ST ve SL modelleri ile tahmin edilen serbestlik derecesi değerleri

Tahmin Modeli	Gerçek	Tahmin		
		SO \pm SS	SOD	%95 SOA
ST	$\nu = 3$	11.22 \pm 0.62	11.19	[10.08, 12.50]
SL	$\nu = 3$	3.00 \pm 0.10	3.00	[2.81, 3.21]

Çizelge 4.25. SL3 popülasyonunda NOR, ST ve SL modellerine ait PLL değerler

Tahmin Modeli	NOR	ST	SL
SL3	-171313	-170967	-170977

SL modeli ile tahmin edilen serbestlik derecesi (3) gerçek parametre değeriyle aynı bulunmuştur. ST modeli içinde 3 değerine karşılık gelen serbestlik derecesi de 11.22 olarak tahminlenmiştir. Çizelge 4.25' de verilen ve analiz için uygun modeli belirlemede kullanılan PLL değerleri incelendiğinde SL modelinin NOR modelinden daha iyi ve modeller arasındaki farkın önemli olduğu gözlenmiştir.

4.6. Simülasyon Çalışmasına ait Genetik Parametre Tahminleri

Simülasyon yöntemiyle NOR, ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonlarında beş tekerrürlü olarak türetilen üç özelliğin; NOR, ST ve SL modelleri ile analiz edilmesi sonucunda tahmin edilen kalıtım dereceleri ve özellikler arası genetik korelasyonlar sırasıyla Çizelge 4.26 ile Çizelge 4.27'de verilmiştir.

Çizelge 4.26. NOR, ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonlarında üç özelliğe ait kalıtım derecelerinin gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen değerleri

Popülasyon	Gerçek	Tahmin		
		NOR	ST	SL
NOR	$h_1^2 = 0.31$	0.31	0.31	0.31
	$h_2^2 = 0.34$	0.34	0.34	0.34
	$h_3^2 = 0.33$	0.32	0.32	0.32
ST3	$h_1^2 = 0.14$	0.10	0.14	0.08
	$h_2^2 = 0.16$	0.13	0.17	0.10
	$h_3^2 = 0.16$	0.11	0.15	0.09
ST10	$h_1^2 = 0.27$	0.25	0.26	0.26
	$h_2^2 = 0.30$	0.29	0.32	0.31
	$h_3^2 = 0.29$	0.27	0.29	0.28
SL1.5	$h_1^2 = 0.14$	0.11	0.17	0.14
	$h_2^2 = 0.16$	0.11	0.19	0.16
	$h_3^2 = 0.16$	0.13	0.20	0.16
SL3	$h_1^2 = 0.24$	0.22	0.20	0.23
	$h_2^2 = 0.27$	0.25	0.24	0.27
	$h_3^2 = 0.26$	0.26	0.25	0.28

Çizelge 4.26’da kalıtım dereceleri için verilen gerçek değerler ile NOR, ST ve SL modelleriyle elde edilen tahmin değerlerinin karşılaştırması, popülasyonlar içi yapılmıştır. NOR popülasyonuna ait gerçek kalıtım dereceleri (0.31, 0.34 ve 0.33) ile NOR, ST ve SL modelleriyle tahmin edilen kalıtım dereceleri benzer bulunmuştur. Bu sonuçlar; ST ve SL dirençli modellerde, *Normal* modellerin özelliklerine ulaşmak için bilinmesi gerekli olan serbestlik derecesinin yeterli büyüklükte (115 ve 15) tahmin edilebildiğini ve bu modellerin, *Normal* dağılım gösteren veri setlerinin analizi için de kullanılabileceğini göstermiştir.

Sıra dışı gözlemler içeren ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonları; NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edildiğinde elde edilen kalıtım derecesi tahminleri arasındaki fark, bu popülasyonları temsil eden serbestlik dereceleri küçüldükçe artmıştır (ST3: 0.14, 0.17, 0.15 - 0.10, 0.13, 0.11; SL1.5: 0.14, 0.16, 0.16 - 0.11, 0.11, 0.13). ST10 ve SL3 popülasyonlarında olduğu gibi serbestlik derecesi arttıkça popülasyonların

Normal dağılıma yaklaştığı gözlenmiştir. Buna bağlı olarak da dirençli ve normal modellerden elde edilen kalıtım derecesi tahminleri arasındaki farkların da azaldığı ve benzer hale geldiği gözlenmiştir (ST10: 0.26, 0.32, 0.29 - 0.25, 0.29, 0.27; SL3: 0.23, 0.27, 0.28 - 0.22, 0.25, 0.26).

Çizelge 4.27. NOR, ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonlarında üç özellik arasındaki genetik korelasyonların gerçek ve NOR, ST ve SL modelleri ile tahmin edilen değerleri

Popülasyon	Gerçek	Tahmin		
		NOR	ST	SL
NOR	$r_{g_1, g_2} = 0.28$	0.28	0.28	0.28
	$r_{g_1, g_3} = 0.21$	0.20	0.20	0.20
	$r_{g_2, g_3} = 0.27$	0.27	0.27	0.28
ST3	$r_{g_1, g_2} = 0.28$	0.22	0.27	0.27
	$r_{g_1, g_3} = 0.21$	0.22	0.23	0.23
	$r_{g_2, g_3} = 0.27$	0.26	0.28	0.28
ST10	$r_{g_1, g_2} = 0.28$	0.27	0.29	0.28
	$r_{g_1, g_3} = 0.21$	0.18	0.20	0.20
	$r_{g_2, g_3} = 0.27$	0.26	0.30	0.30
SL1.5	$r_{g_1, g_2} = 0.28$	0.17	0.27	0.27
	$r_{g_1, g_3} = 0.21$	0.19	0.24	0.24
	$r_{g_2, g_3} = 0.27$	0.15	0.25	0.25
SL3	$r_{g_1, g_2} = 0.28$	0.25	0.28	0.28
	$r_{g_1, g_3} = 0.21$	0.21	0.21	0.21
	$r_{g_2, g_3} = 0.27$	0.24	0.27	0.27

Çizelge 4.27’de popülasyonlar için NOR, ST ve SL modelleriyle tahmin edilen özellikler arası genetik korelasyonlar verilmiştir. *Normal* dağılım gösteren özellikler arası genetik korelasyonların tahmininde Normal modeller yerine ST ve SL dirençli modellerin kullanılabileceği gözlenmiştir. (NOR, ST ve SL: 0.28, 0.20, 0.27). Buna ek olarak, sıra dışı gözlem içeren popülasyonların analizinde; *Normal* dağılım gösteren modellerin uygun olmadığı ve genetik korelasyonların tahmininde ortaya çıkan farklılığın da serbestlik derecesindeki düşüklüğe bağlı olarak arttığı belirlenmiştir.

4.7. Sahadan Elde Edilen Veri Setine Ait Sonuçlar

Yeni Zelanda Romney koyun ırkı sürüsündeki 12124 hayvandan toplanan süttten kesim ağırlığı (SKA), birinci yaş ağırlığı (BYA) ve yapağı verimi (YV) özelliklerine ait veri seti NOR, ST ve SL karışık etkili modellere göre analiz edilmiştir. NOR, ST ve SL modelleriyle tahmin edilen eklemeli ve maternal genetik varyanslar sırasıyla Çizelge 4.28 ve Çizelge 4.29’ da verilmiştir.

Çizelge 4.28. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait eklemeli genetik varyans tahminleri

Tahmin Modeli	Parametre	SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{d_{SKA}}^2$	1.806 ± 0.411	1.770	[1.126, 2.708]
	$\sigma_{d_{BYA}}^2$	6.407 ± 1.087	6.315	[4.503, 8.725]
	$\sigma_{d_{YV}}^2$	0.066 ± 0.012	0.065	[0.046, 0.092]
ST	$\sigma_{d_{SKA}}^2$	1.844 ± 0.401	1.819	[1.150, 2.710]
	$\sigma_{d_{BYA}}^2$	5.799 ± 0.891	5.779	[4.132, 7.591]
	$\sigma_{d_{YV}}^2$	0.112 ± 0.022	0.110	[0.075, 0.159]
SL	$\sigma_{d_{SKA}}^2$	1.878 ± 0.398	1.841	[1.191, 2.736]
	$\sigma_{d_{BYA}}^2$	5.355 ± 0.969	5.299	[3.624, 7.415]
	$\sigma_{d_{YV}}^2$	0.084 ± 0.017	0.083	[0.056, 0.120]

Çizelge 4.29. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait maternal genetik varyans tahminleri

Tahmin Modeli	Parametre	SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{m_{SKA}}^2$	3.619 ± 0.353	3.614	[2.949, 4.328]
	$\sigma_{m_{BYA}}^2$	1.375 ± 0.175	1.368	[1.050, 1.742]
	$\sigma_{m_{YV}}^2$	0.020 ± 0.004	0.020	[0.013, 0.030]
ST	$\sigma_{m_{SKA}}^2$	3.685 ± 0.348	3.677	[3.024, 4.388]
	$\sigma_{m_{BYA}}^2$	1.639 ± 0.165	1.634	[1.329, 1.977]
	$\sigma_{m_{YV}}^2$	0.028 ± 0.006	0.027	[0.017, 0.040]
SL	$\sigma_{m_{SKA}}^2$	3.523 ± 0.347	3.518	[2.849, 4.222]
	$\sigma_{m_{BYA}}^2$	1.493 ± 0.210	1.485	[1.093, 1.928]
	$\sigma_{m_{YV}}^2$	0.029 ± 0.006	0.028	[0.018, 0.041]

SKA, BYA ve YV özellikleri NOR, ST ve SL modellerine göre analiz edildiğinde eklemeli ve maternal genetik varyans tahminleri bakımından modeller arasında

çok farklılık olmadığı gözlenmiştir. Ayrıca NOR, ST ve SL modellerine göre tahmin edilen %95 SOA değerlerinin kesiştiği de belirlenmiştir. Bu sonuçlar tahmin modellerine göre elde edilen değerler arasında farklılık olmadığını da ortaya koymuştur. Sütten kesim ağırlığına ait eklemeli genetik varyans değeri NOR: 1.806, ST: 1.844 ve SL: 1.878 olarak tahminlenirken maternal genetik varyans değerleri NOR: 3.619, ST: 3.685 ve SL: 3.523 olarak tahminlenmiştir. Eklemeli ve maternal genetik varyans tahminleri BYA özelliği için NOR: 6.407, ST: 5.799, SL: 5.355 ve NOR: 1.375, ST: 1.639, SL: 1.493, YV özelliği için de NOR: 0.066, ST: 0.112, SL: 0.084 ve NOR: 0.020, ST: 0.028, SL: 0.029 olarak bulunmuştur. SKA özelliğine ait eklemeli genetik varyans değeri maternal genetik varyansa göre daha düşük tahminlenirken, diğer özellikler için daha yüksek tahminlenmiştir. Bu sonuçlar, sütten kesim ağırlığı üzerine ana etkisinin diğer iki özelliğe göre daha fazla olduğunu göstermiştir.

SKA, BYA ve YV özellikleri için NOR, ST ve SL modellerine ait hata varyans değerleri Çizelge 4.30'da verilmiştir.

Çizelge 4.30. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait hata varyans tahminleri

Tahmin Modeli	Parametre	SO ± SS	SOD	%95 SOA
NOR	$\sigma_{\epsilon_{SKA}}^2$	7.612 ± 0.261	7.622	[7.074,8.094]
	$\sigma_{\epsilon_{BYA}}^2$	14.713 ± 0.65	14.743	[13.368,15.907]
	$\sigma_{\epsilon_{YV}}^2$	0.183 ± 0.007	0.183	[0.168,0.195]
ST	$\sigma_{\epsilon_{SKA}}^2$	7.582 ± 0.267	7.589	[7.037,8.086]
	$\sigma_{\epsilon_{BYA}}^2$	14.582 ± 0.587	14.583	[13.422,15.726]
	$\sigma_{\epsilon_{YV}}^2$	0.163 ± 0.012	0.164	[0.138,0.184]
SL	$\sigma_{\epsilon_{SKA}}^2$	7.567 ± 0.266	7.589	[7.037,8.086]
	$\sigma_{\epsilon_{BYA}}^2$	14.774 ± 0.608	14.583	[13.422,15.726]
	$\sigma_{\epsilon_{YV}}^2$	0.176 ± 0.009	0.164	[0.138,0.184]

NOR, ST ve SL modellerine göre elde edilen hata varyanslarını içeren Çizelge 4.30 incelendiğinde, tahmin değerleri açısından modeller arasında farkın olmadığı başka bir ifadeyle tahmin değerlerinin benzer olduğu gözlenmiştir.

SKA, BYA ve YV özellikleri için eklemeli ve maternal genetik varyanslar tahmin edildikten sonra eklemeli ve maternal kalıtım dereceleri, bu özelliklerin eklemeli genetik etkileri arası korelasyon, maternal etkileri arası korelasyon ve eklemeli ile maternal etkileri arası korelasyonlar NOR, ST ve SL modellerine göre hesaplanmış ve sırasıyla Çizelge 4.31, 4.32 ve 4.33'de verilmiştir.

Çizelge 4.31. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait eklemeli kalıtım derecesi tahminleri

Eklemeli Kalıtım Derecesi	Tahmin		
	NOR	ST	SL
h_{dSKA}^2	0.17 ± 0.04	0.17 ± 0.04	0.17 ± 0.04
h_{dBYA}^2	0.29 ± 0.05	0.26 ± 0.04	0.26 ± 0.04
h_{dYV}^2	0.27 ± 0.05	0.48 ± 0.10	0.37 ± 0.08

Çizelge 4.32. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özelliklerine ait maternal kalıtım derecesi tahminleri

Maternal Kalıtım Derecesi	Tahmin		
	NOR	ST	SL
h_{mSKA}^2	0.33 ± 0.04	0.34 ± 0.04	0.32 ± 0.04
h_{mBYA}^2	0.06 ± 0.01	0.07 ± 0.01	0.07 ± 0.01
h_{mYV}^2	0.09 ± 0.02	0.12 ± 0.03	0.12 ± 0.03

Çizelge 4.31 incelendiğinde, SKA özelliğine ait eklemeli kalıtım dereceleri NOR (0.17), ST(0.17) ve SL(0.17) modellerinde benzer tahminlenmiştir. BYA özelliklerine ait eklemeli kalıtım dereceleri ise ST (0.26) ve SL (0.26) modellerinde benzer NOR (0.29) modelinde ise diğer modellerden yüksek tahminlenmiştir. Ayrıca, YV özelliği için tahminlenen eklemeli kalıtım derecesi NOR (0.27), ST (0.48) ve SL (0.37) modellerinde farklı tahminlenmiştir. ST modelinde YV özelliğine ait kalıtım derecesi için diğer modellere göre yüksek tahmin değerine (0.48) ulaşıldığı belirlenmiştir. Çizelge 4.32 incelendiğinde SKA, BYA ve YV

özelliklerine ait maternal kalıtım dereceleri NOR, ST ve SL modellerinde benzer ve birbirleriyle uyumlu olduğu gözlenmiştir. SKA özelliği için tahmin edilen maternal kalıtım derecesi NOR(0.33), ST(0.34) ve SL(0.32) modellerinde BYA ve YV özelliklerden daha yüksek tahminlenmiştir. Bu durum maternal genetik varyansın bu özellik için daha yüksek tahminlenmesinden kaynaklanmıştır.

Çizelge 4.33. NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilen SKA, BYA ve YV özellikler arası genetik korelasyon değerleri

Genetik Korelasyon	Tahmin		
	NOR	ST	SL
$r_{d_{SKA},d_{BYA}}$	0.41 ± 0.13	0.56 ± 0.10	0.50 ± 0.10
$r_{d_{SKA},d_{YV}}$	0.24 ± 0.14	0.07 ± 0.14	0.18 ± 0.14
$r_{d_{BYA},d_{YV}}$	0.25 ± 0.12	0.21 ± 0.12	0.18 ± 0.12
$r_{d_{SKA},m_{SKA}}$	-0.41 ± 0.10	-0.42 ± 0.09	-0.37 ± 0.10
$r_{d_{SKA},m_{BYA}}$	-0.41 ± 0.11	-0.33 ± 0.12	-0.52 ± 0.09
$r_{d_{SKA},m_{YV}}$	-0.43 ± 0.17	-0.05 ± 0.18	-0.42 ± 0.15
$r_{d_{BYA},m_{SKA}}$	0.28 ± 0.10	0.17 ± 0.09	0.30 ± 0.10
$r_{d_{BYA},m_{BYA}}$	-0.04 ± 0.11	-0.01 ± 0.10	0.05 ± 0.12
$r_{d_{BYA},m_{YV}}$	0.29 ± 0.14	0.26 ± 0.13	0.21 ± 0.13
$r_{d_{YV},m_{SKA}}$	-0.12 ± 0.10	-0.09 ± 0.09	-0.10 ± 0.10
$r_{d_{YV},m_{BYA}}$	-0.51 ± 0.09	-0.43 ± 0.08	-0.49 ± 0.09
$r_{d_{YV},m_{YV}}$	-0.37 ± 0.11	-0.58 ± 0.09	-0.52 ± 0.09
$r_{m_{SKA},m_{BYA}}$	0.86 ± 0.02	0.88 ± 0.02	0.88 ± 0.02
$r_{m_{SKA},m_{YV}}$	0.74 ± 0.08	0.59 ± 0.10	0.65 ± 0.09
$r_{m_{BYA},m_{YV}}$	0.59 ± 0.11	0.56 ± 0.11	0.66 ± 0.09

SKA, BYA ve YV özellikleri için Çizelge 4.33’de verilen eklemeli ve maternal genetik etkiler arası genetik ilişkiler incelendiğinde, maternal etkiler ve eklemeli etkilere ait genetik korelasyonlar kendi içinde önemli bulunmuştur. Özellikler arası maternal etkilere ait genetik korelasyonlar NOR, ST ve SL modellerinde pozitif yönlü ve yüksek, ayrıca standart hataları da düşük tahminlenmiştir. Özellikler arası eklemeli genetik korelasyonlar ise, ST modeli ile tahminlenen $r_{d_{SKA},d_{YV}}$ (0.07 ± 0.14) hariç diğerlerinde önemli bulunmuş fakat maternal etkiden düşük tahminlenmiştir.

Eklemeli ve maternal genetik etkiler arası genetik ilişkiler (genetik korelasyon) incelendiğinde $r_{d_{SKA},m_{SKA}}$, $r_{d_{SKA},m_{BYA}}$, $r_{d_{YV},m_{BYA}}$ ve $r_{d_{YV},m_{YV}}$ genetik korelasyonlar üç

tahmin modelinde de önemli bulunmuştur. Tahmin edilen en yüksek genetik korelasyon değerleri NOR (0.86), ST(0.88) ve SL(0.88) modellerine göre $r_{m_{SKA},m_{BYA}}$ arasında gözlenirken, en düşük genetik korelasyon değerleri ST(-0.01) ve SL (0.05) modellerine göre $r_{d_{BYA},m_{BYA}}$ arasında gözlenmiştir.

SKA, BYA ve YV özelliklerinin ST ve SL modelleri kullanılarak analiz edilmesi sonucunda tahmin edilen serbestlik derecesine ait tanımlayıcı değerler Çizelge 4.34'de verilmiştir.

Çizelge 4.34. SKA, BYA ve YV özelliklerinin ST ve SL modelleriyle tahmin edilen serbestlik derecesine ait tanımlayıcı değerler

Tahmin Modeli	SO \pm SS	SOD	%95 SOA
ST	12.58 \pm 1.18	12.51	[10.44, 15.07]
SL	3.15 \pm 0.18	3.14	[2.81, 3.53]

Serbestlik derecelerine ait değerler incelendiğinde ST (12.58) ve SL(3.15) modelleri için tahmin edilen değerlerin çok düşük olmaması, NOR, ST ve SL modelleri ile elde edilen parametre değerleri arasında gözlenen uyum ve benzerliği açıklamaktadır. Bu durum, aynı zamanda NOR modeli dışında dirençli modellerin bu veri seti için kullanılabilirliğini de göstermiştir. Sahadan elde edilen SKA, BYA ve YV özellikleri için NOR, ST ve SL modelleri için elde edilen PLL değerleri Çizelge 4.35'de verilmiştir.

Çizelge 4.35. ST ve SL modellerine ait PLL değerleri

Tahmin Modeli	NOR	ST	SL
PLL	-51715	-51475	-51485

Model seçme kriteri PLL değerleri incelendiğinde, en uygun modelin ST (-51475) modeli olduğu gözlenmiştir. Ayrıca modeller arası farkın 2.5'dan büyük olması modeller arasında önemli bir fark olduğunu da belirtmektedir.

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bu çalışmada, hata terimi *Normal*, *Student-t* veya *Slash* dağılımı gösteren karışık etkili doğrusal modellerin hayvan ıslahı alanında uygulanması amaçlanmıştır. Bu amaçla hem simülasyon yöntemi ile türetilen popülasyonlardaki (NOR, ST3, ST10, SL1.5 ve SL3) veri setleri hem de sahadan elde edilen veri setleri kullanılmıştır.

Simülasyon yöntemi ile farklı serbestlik derecesine sahip dağılımlardan popülasyon türetilmesinin amacı sıra dışı gözlemlerin olmadığı popülasyonlar ile sıra dışı gözlemlerin olduğu ve kalın kuyruklu dağılım gösteren popülasyonların Normal ve dirençli modellerle tahminini karşılaştırmaktır. Simülasyon çalışması sonucunda tahminlenen eklemeli genetik (ko)varyans, sürü varyans, hata (ko)varyans ve serbestlik derecesi tahminleri sıra dışı gözlemlerin bulunduğu veri setleri için dirençli modellerin daha uygun modeller olduğunu göstermiştir. Bu sonuç, Lange vd.'nin sıra dışı gözlemler içeren veri setlerinin istatistiksel modellemesinde bu tip veri setleri için dirençli dağılımların kullanıldığı modellerin daha uygun model olduğunu gösterdikleri çalışma ile uyum göstermiştir.

NOR popülasyonunun ST ve SL modelleriyle analizi sonucunda tahminlenen serbestlik derecesi ve PLL değerleri bu popülasyonda sıra dışı gözlemler olmadığını ve bu popülasyon için NOR modelinin uygun bir model olduğunu göstermiştir. Bunun yanı sıra ST ve SL modellerinin de bu tip veri setlerinde NOR modeli ile benzer sonuçlar verdiğini ve ST ve SL modelleriyle de analizin mümkün olduğunu göstermiştir.

ST3 ve ST10 popülasyonları düşük serbestlik dereceli *Student-t* dağılımı ile türetilmiştir. Bu amaçla *Normal* dağılıma göre daha kalkık kuyruklu olan veri setleri oluşturulmuş ve NOR, ST ve SL modelleriyle analiz gerçekleştirilmiştir. İki popülasyon için tahminlenen hata (ko)varyans ve serbestlik derecesi bu popülasyonda sıra dışı gözlemler olduğunu göstermiştir. PLL değerleri ise ST modelinin bu popülasyonun parametre tahminlerinde kullanılacak en uygun

model olduğunu göstermiştir. Bu sonuç; Stranden ve Gianola (1999)'nın embriyo transferinin uygulandığı ve seleksiyona tabi tutulan, özel bakım besleme etkisini de ilave ederek simülasyon yöntemi ile türettikleri dört sürüyü üç farklı tahmin modeliyle analiz ettikleri ve *Student-t* modelinin uygun model olduğunu gösterdikleri çalışmayla uyum göstermiştir. Bunun yanı sıra Kızılkaya vd. (2010)'nin 4 ve 12 serbestlik derecli *Student-t* ve *Normal* dağılım kullanarak türettikleri veri setlerini Bayesian yaklaşımı kullanarak *Normal* ve *Student-t* modellerle tahmin ettikleri ve uygun model olarak *Student-t* modelini önerdikleri çalışma ile de benzerlik göstermiştir.

ST3 ve ST10 popülasyonlarının NOR, ST ve SL modelleri ile tahminlenen serbestlik derecesini marjinal son dağılımının küçük değerlere yoğunlaştığı gözlenmiştir. Bu popülasyonların analizi için dirençli dağılımların kullanılmasının daha uygun olacağını göstermiştir. Bu sonuç; Rosa (1999) ve Rosa vd. (2003)'nin üreme toksikolojisi üzerine yaptıkları istatistiksel analizde elde ettikleri düşük serbestlik derecesi sonucunda dirençli dağılım kullanımının uygun olduğunu gösterdikleri çalışmalar ile benzer sonuçlar elde edilmiştir.

Düşük serbestlik derecesiyle türetilen SL1.5 ve SL3 popülasyonları ST3 ve ST10 popülasyonlarından daha kalın kuyruğa sahip dağılımlar göstermiştir. Tahmin edilen hata (ko)varyans ve serbestlik dereceleri de bu popülasyonlarda sıra dışı gözlemlerin bulunduğu ve kalın kuyruklu dağılım gösterme sebebini desteklemektedir. Elde edilen PLL değerleri ise bu popülasyon için SL modelinin NOR ve ST modelinden daha uygun bir model olduğunu göstermiştir. Bu sonuç Kızılkaya ve Mestav'ın (2009) iki değişkenli *Slash* dağılımı gösteren modellerle türettikleri ve en uygun modelin *Slash* model olduğunu gösterdikleri çalışma ile uyum göstermiştir.

NOR popülasyonuna ait kalıtım dereceleri NOR, ST ve SL modellerine göre benzer tahminlenmiştir. Bu benzerliğin üç modelle tahminlenen genetik (ko)varyans, sürü varyans ve hata (ko)varyanslarının benzer tahminlendiğinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Sıra dışı gözlemlerin olduğu veya kalın kuyruklu dağılım gösteren

ST3, ST10, SL1.5 ve SL3 popülasyonları için ise NOR, ST ve SL modellerine göre tahminlenen kalıtım dereceleri popülasyonlar içinde farklı tahminlenmiştir. Bu farklılığın bu popülasyonlar için her üç modelde de farklı tahminlenen genetik (ko)varyans, sürü varyans ve hata (ko)varyanslarından kaynaklandığı düşünülmektedir. Bunun yanı sıra NOR, ST ve SL modellerine göre de kalıtım dereceleri popülasyonlar arasında farklı tahminlenmiştir. Bu durumun sıra dışı gözlemlerin olduğu veri setlerinde hata teriminin *Normal* dağıldığının varsayıldığı durumda farklı tahminler elde edileceğini göstermiştir. Bu tip veri setleri için dirençli dağılımların kullanıldığı modelleri kullanmanın daha uygun olacağını belirtmiştir. Özellikler arasında genetik korelasyonlara bakıldığında sıra dışı gözlem içeren veya kalın kuyruklu dağılım gösteren popülasyonların analizinde; *Normal* dağılım gösteren modellerin uygun olmadığı ve genetik korelasyonların tahmininde ortaya çıkan farklılığın da serbestlik derecesindeki düşüklüğe bağlı olarak artacağı düşünülmektedir.

Simülasyon çalışmasının sonuçlarına göre sıra dışı gözlemler içeren popülasyonlarda hata terimi *Normal* dağılım gösteren modellere alternatif çözüm olarak sıra dışı gözlemlere dirençli kalın kuyruklu dağılımlardan olan *Student-t* ve *Slash* modeli önerilmektedir. Bu çalışma ile yapılan önerme Roger ve Tukey (1972), Lange vd.(1989)'nin uç gözlemler içeren veri setinin istatistiksel modellemesinde *Normal* dağılım yerine *Student-t* dağılımının çok daha iyi uyduğunu gösterdikleri çalışmadan elde edilen sonuçlarla, Andrew ve Mallows (1974)'un yaptıkları çalışmada *Normal* model yerine *Student-t* modelin daha iyi sonuçlar verdiğini gösterdikleri çalışmalarla elde ettiğimiz sonuçlar uyum göstermiştir.

Dirençli modellerin hayvan ıslahındaki kullanımına yönelik sahadan elde edilen veriler NOR, ST ve SL modelleriyle analiz edilmiştir. Analiz sonucunda özelliklere göre eklemeli-maternal genetik varyans, hata varyans ve bunlara bağlı olarak tahminlenen kalıtım derecesi ve genetik korelasyonlar modellere göre farklı tahminlenmiştir. SKA ve YV'ne ait eklemeli genetik varyans NOR, ST ve SL

modellerinin üçünde de maternal genetik varyanstan düşük tahminlenmiştir. Bu artışın maternal etkiden kaynaklandığı düşünülmektedir. BYA ait eklemeli genetik varyans ise her üç modelde de maternal genetik varyanstan yüksek tahminlenmiştir. SKA, BYA ve YV'ne ait eklemeli kalıtım derecesine bakıldığında SKA özelliği için NOR, ST ve SL modellerinde benzer maternal kalıtım derecesi ise yüksek ve birbirine benzer tahminlenmiştir. NOR, ST ve SL modellerine göre BYA için tahminlenen eklemeli kalıtım derecesi (NOR:0.29, ST:0.26 ve SL:0.26) maternal kalıtım derecesinden (NOR:0.06, ST:0.07 ve SL:0.07) yüksek tahminlenmiştir. Elde edilen bu sonuç Baker (1979)'in en küçük kareler yöntemine göre elde ettiği eklemeli kalıtım derecesinden yüksek tahminlenmiştir. Bu farklılığın Bayesian yaklaşımından kaynaklandığı düşünülmektedir. Bunun yanı sıra Enns ve Nicoll (2002)'un doğrusal olmayan yöntemle elde ettiği sonuç ile maternal kalıtım derecesi benzerlik göstermiştir. Wulji'nin çalışmasından elde edilen eklemeli kalıtım derecesinden düşük tahminlenmiştir. Bu farklılığın Wuji (2010)'nin çalışmasında uyguladıkları selkesiyondan kaynaklandığı düşünülmektedir. YV'ne ait eklemeli ve maternal kalıtım dereceleri de yine üç tahmin modelinde farklı ve eklemeli kalıtım derecesi maternal kalıtım derecesinden yüksek tahminlenmiştir. YV'ne ait tahminlenen eklemeli kalıtım derecesi (NOR:0.27, ST:0.48 ve SL:0.37) Baker (1979)'in en küçük kareler yöntemine göre yapağı verimini 0.40 olarak tahminlediği çalışmasıyla sadece SL modeli ile tahminlenen değer yakın bulunmuştur. Bu durumun hem Bayesian istatistiğinden hem de Baker (1979)'ın çalışmasında sıra dışı gözlemlerden kaynaklanabileceği düşünülmektedir. Wulji (2010)'nin yaptığı çalışmada tahminlenen temiz yapağı verimi için 0.36 olarak tahminlediği çalışma ile SL modeli ile elde edilen sonuçlar benzerlik göstermiştir. Bu veri setine ait serbestlik derecesi tahminleri ve PLL değerleri hesaplanmıştır. PLL değerlerine göre sahadan elde edilen veriler için en uygun modelin ST modeli olduğunu göstermiştir.

Sahadan elde edilen verilerin NOR, ST ve SL modelleriyle analiz sonuçlarına göre; dirençli modellerin sahadan elde edilen verilere uygulanabileceğini göstermiştir. Analiz sonuçlarıyla, sahadan elde edilen veriler için de serbestlik derecesinin tahmin

edilebileceği ve PLL ile de uygun modelin belirlenebileceği gösterilmiştir. Böylece, serbestlik derecesi tahmin edilebildiğinden ST ve SL modelleri gibi dirençli modellerin NOR modeline göre her türlü veri seti için kullanılacak modeller olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar Cardoso vd. (2007)'nin Nelore-Hereford et sığırları üzerine yaptıkları çalışma ve Kızılkaya vd. (2003)'nin buzağılama güçlüğü üzerine yaptıkları çalışmalarla benzerlik göstermiştir.

Bu çalışmada elde edilen sonuçlar, sürekli (*Normal* veya kalın kuyruklu) dağılım gösteren özellikler için dirençli modellerin tanımlanmasında ve uygulanmasında serbestlik derecesi en önemli bir parametre olduğunu göstermiştir. Serbestlik derecesinin yansız tahmin edilmesi de *Normal* veya kalın kuyruklu dağılım gösteren özelliklerin *Student-t* veya *Slash* modelleriyle tek veya çok değişkenli analizinde dirençli modellerin kullanımının mümkün olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca, dirençli modellerin uygulanması sonucunda elde edilen serbestlik derecesi tahmin değerleri de analiz edilen veri setlerinin dağılımı hakkında da bilgi sağlamıştır. *Student-t* veya *Slash* dağılımlı karışık etkili doğrusal modeller, sürekli dağılım gösteren özellikler için kolayca uygulanabildiği gibi kesikli dağılım gösteren özellikler için de uygulanabilir. Kesikli dağılım gösteren özelliklerin dirençli modellerle tek veya çok değişkenli analizinde temel değişken olarak bilinen ve kategorilerin oluşmasında etken olan değişkenin *Student-t* veya *Slash* dağılımına göre tanımlanması yeterli olacak ve serbestlik derecesi tahmini de yapılabilecektir. Bu tanımlama yapıldığında sürekli ve kesikli dağılım gösteren değişkenlerin birlikte analizi de dirençli modeller kullanılarak yapılabilecektir. Hayvan ıslahı çalışmalarında farklı dağılım gösteren özelliklerin birlikte analizi de özellikler arası ilişkilerin belirlenmesinde ve damızlık değer tahminlerinin doğruluğunun artmasında katkı sağlayacaktır.

KAYNAKLAR

- [1] Fırat, M. Z., 2001. Varyans unsurlarının tahmini için gibbs örnekleme yöntemi boğa modellerine uygulayan bir fortran programı: MZFGIBBS. **Tarımda Bilişim Teknolojileri 4. Sempozyumu**, Bildiri Kitabı, pp. 11-17, Sütçü İmam Üniversitesi, Kahramanmaraş,
- [2] Yardımcı, A. Erar A., 2005. Gibbs sampling approach to variable selection in linear regression with outlier values. **Gazi Ün. Fen Bilimleri Dergisi**, 18(4): 603-611.
- [3] Galiç, A., 2002. Hayvan İslahında Boğa Modelinin Gibbs Örnekleme Kullanılarak Bayesian Analizi. Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi. Antalya
- [4] Akbaş, Y., 2000. Hayvan ıslahına yönelik verilerin değerlendirilmesinde son gelişmeler. **TYUAP Ege-Marmara Dilimi 2000 yılı Hayvancılık Bilgi Alışveriş Toplantısı**, (25-27 Nisan 2000), Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü, Menemen, İZMİR.
- [5] Kendall, M.G., Buckland, W. R., 1971 A Dictionary of statistical terms. New York: Hafner Publishing Company, Third Edition, 188. p.
- [6] Gianola D., Fernando, R.L. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, 63: 217-244.
- [7] Tektaş, D., 2006. İki Düzeyli Lojit ve Probit Modellerde Parametre Tahminlerine Bayesci Bir Yaklaşım. Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- [8] Wang, C.S., Rutledge J.J., Gianola D., 1993. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using gibbs sampling. **Genet.Sel. Evol.** 25: 41-62.
- [9] Sorenson, D.A., Wang, C.S., Jensen, J. Gianola, D., 1994. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genet. Sel. Evol.** 26: 333-360.
- [10] Tempelman, R. J., 1998. Generalized linear mixed models in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Sci.** 81: 1428-1444.

KAYNAKLAR

- [1] Fırat, M. Z., 2001. Varyans unsurlarının tahmini için gibbs örnekleme yöntemi boğa modellerine uygulayan bir fortran programı: MZFGIBBS. Tarımda Bilişim Teknolojileri 4. Sempozyumu, Bildiri Kitabı, pp. 11-17, Sütçü İmam Üniversitesi, Kahramanmaraş.
- [2] Yardımcı, A. Erar A., 2005. Gibbs sampling approach to variable selection in linear regression with outlier values. Gazi Ün. Fen Bilimleri Dergisi, 18(4): 603-611.
- [3] Galiç, A., 2002. Hayvan İslahında Boğa Modelinin Gibbs Örnekleme Kullanılarak Bayesian Analizi. Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi. Antalya.
- [4] Akbaş, Y., 2000. Hayvan ıslahına yönelik verilerin değerlendirilmesinde son gelişmeler. TYUAP Ege-Marmara Dilimi 2000 yılı Hayvancılık Bilgi Alışveriş Toplantısı, (25-27 Nisan 2000), Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü, Menemen, İzmir.
- [5] Kendall, M.G., Buckland, W. R., 1971 A Dictionary of statistical terms. New York: Hafner Publishing Company, Third Edition.
- [6] Gianola D., Fernando, R.L. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. Journal of Animal Science, 63: 217-244.
- [7] Tektaş, D., 2006. İki Düzeyli Lojit ve Probit Modellerde Parametre Tahminlerine Bayesci Bir Yaklaşım. Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- [8] Wang, C.S., Rutledge J.J., Gianola D., 1993. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using gibbs sampling. Genet.Sel. Evol. 25: 41-62.
- [9] Sorenson, D.A., Wang, C.S., Jensen, J. Gianola, D., 1994. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. Genet. Sel. Evol. 26: 333-360.
- [10] Tempelman, R. J., 1998. Generalized linear mixed models in dairy cattle breeding. Journal of Dairy Sci. 81: 1428-1444.
- [11] Sorenson, D.A., Gianola, D., 2002. Likelihood, bayesian and MCMC methods in quantitative genetics. Statistics for Biology and Health, ISBN: 0387954406, Springer Book.
- [12] Albert, J.H., Chib, S. 1993. Bayesian analysis of binary and polychotomous response data. J. Am. Stat. Assoc., 88: 669-679.

- [13] Sorenson, D.A., Anderson, S., Gianola, D. Korsgaard, I., 1995. Bayesian inference in treshold model using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 27: 229-249.
- [14] Kızılkaya, K., 2002. Hierarchical Bayesian Treshold Models Applied to the Quantitative Genetic Analysis of Calving Ease Scores in Italian Piemontese Cattle. PhD. Thesis, University of Michigan State, USA.
- [15] Geman, S., Geman, D. 1984. Stochastic relaxation, gibbs distribution, and the bayesian restoration of images. *IEEE. Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 6: 721-741.
- [16] Geyer, C.J., 1992. Pratical markov chain monte carlo. *Statistical Science*, 4: 473-511.
- [17] Gelman, A., Rubin, D. B., 1992. Inference from iterative simulation using multiple sequences. *Statistical Science*, 7: 457-472.
- [18] Fırat, M.Z. 2004. Ölçek karışım normal dağılımlara dayalı tek değişkenli ve çok değişkenli Student-t dağılımlar. IV. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi, (1-4 Eylül 2004), pp. 545-549, Isparta.
- [19] Lange, K. L., Sinsheimer, J.S. 1993 Normal/independent distributions and their applications in robust regression. *J. Comput. Graph. Stat.*, 2:175-198.
- [20] Andrews, D.F., Mallows, C.L. 1974. Scale mixtures of normal distirbutions. *Journal of the Royal Statistical Society B.*, 36: 99-102.
- [21] West, M., 1984. Outlier models and prior distributions in Bayesian linear regression. *Journal of the Royal Statistical Society B.*, 46: 431-439.
- [22] Lange, K. L., Little, R.J.A., Taylor, J.M.G. 1989. Robust statistical modeling using the t-distribution. *Journal American Statistic Assoc.*,84: 881-896.
- [23] Geweke, J., 1993. Bayesian treatment of the independent Student-t linear model. *J. Appl. Econometrics.* 8: 19-40.
- [24] Fernandez, C., Steel, M.F.J. 1999. Multivariate Student-t regression models: Pitfalls and inference. *Biometrika*, 86: 153-167.
- [25] Stranden, I.J. 1996. Robust Mixed Effects Linear ModelsWith t-Distributions and Application to Dairy Cattle Breeding. University of Wisconsin-Madison, PhD Thesis, Madison, WI, USA.
- [26] Stranden, I. J., Gianola, D. 1998. Attenuating effects of preferential treatment with Student-t mixed linear models: a simulation study. *Genet. Sel. Evol.*, 30: 565-583.

- [27] Strandén I.J., Gianola D. 1999. Mixed effects linear models with t-distributions for quantitative genetic analysis: a Bayesian approach. *Genet. Sel. Evol.*, 31: 25-42.
- [28] Rohr, P.V., Hoeschele I. 2002. Bayesian QTL mapping using skewed Student-t distributions. *Genet. Sel. Evol.*,34: 1-21.
- [29] Rosa, G.J.M. 1999. Robust mixed linear models in quantitative genetics: Bayesian analysis via Gibbs sampling. *Proc. International symposium on animal breeding and genetics, Vicosa, MC, Brazil*, pp. 133-160.
- [30] Rosa, G. J. M., Padovani, C.R., Gianola, D. 2003. Robust linear mixed models with normal/independent distributions and Bayesian MCMC implementation. *Biometrical Journal*, 45(5): 573-590.
- [31] Cardoso, F.F., Rosa, G.J.M., Tempelman, R.J. 2007. Accounting for outliers and heteroskedasticity in multibreed genetic evaluations of postweaning gain of Nelore-Hereford cattle. *J. Animal Sci.*, 85(4): 909-918.
- [32] Gianola D., Sorensen, D.A. 1996. A mixed effects threshold model with t-distributions. *Book of Abstracts of the 47th Annual Meeting of the European Association for Animal Production*, Wageningen Press, The Netherlands.
- [33] Kızılkaya, K., Carnier, P., Albera, A., Bittante, G., Tempelman, R.J. 2003. Cumulative t-link threshold models for the genetic analysis of calving ease scores. *Genetics Selection Evolution*, 35(5): 489-512.
- [34] Chang, Y.M., Gianola, D., Heringstad, B., Klemetsdal, G. 2006. A comparison between multivariate Slash, Student's t and probit threshold models for analysis of clinical mastitis in first lactation cows. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123: 290-300.
- [35] Kızılkaya, K. 2007. Student-t dağılımlı doğrusal karışık etkili model ve Bayesian MCMC uygulaması. 5. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi. 05-08 Eylül, pp. 189-194, Van.
- [36] Kızılkaya, K., Mestav B. 2009. Slash (Normal/Bağımsız) Dağılımlı Bivaryet Hayvan Modeli. 6. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi. 24-26 Haziran, pp. 178 Erzurum.
- [37] Kızılkaya, K., Garrick, D. J., Fernando, R. L., Mestav, B., Yıldız, M. A. 2010. Use of linear mixed models for genetic evaluation of gestation length and birth weight allowing for heavy-tailed residual effects. *Genetics Selection Evolution*, 42(1):26-39

- [38] Mestav, B., Kızılkaya, K. 2011a. An evaluation of robust linear mixed models for bivariate datasets with slash distributed residuals. *Kafkas Univ Vet .Fak. Derg. (Baskıda)*
- [39] Mestav, B., Kızılkaya, K. 2011b. Hata terimleri Normal, Student-t veya Slash dağılımlı karışık etkili doğrusal modellerin hayvan ıslahında kullanılmasına yönelik bir uygulama. 7. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi. 14-16 Eylül, pp.142-143, Adana.
- [40] Baker, M. J., Brougham, R. W., Cullen, N. A., Dye, D. W., Jowett, G. H., Langer, R. H. M., Smith, H. C., Wtkin, B. R., Wrigth, D. E., 1979. *New Zealand Journal of Agricultural Research*. ISSN 0028-8233. Vol:22.
- [41] Enns, R. M., Nicoll, G. B., 2002. Incidence and heritability of black wool spots in Romney sheep. *New Zealand J. Agric. Res.*, 45: 67-70.
- [42] Wulji, T., Dodds, K. G., Andrews, R. N., Turner, P. R., 2010. Selection response to fleece weigth, wool characteristic, and heritability estimates in yearling Romney sheep. *Small Ruminant Research*, 37(3): 189-201
- [43] Raftery, A. E. 1996. Hypothesis testing and model selection. In *Markov Chain Monte Carlo in Practice* (Edited By Gilks, W.R., Richardson, S., Spiegelhalter D.J). Chapman and Hall W.R pp. 163-187, London.
- [44] Rogers, W.H., Tukey, J.W., 1972. Understanding some long-tailed distributions. *Statistica Neerlandica*, 26: 211-226.

ÖZ GEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Burcu MESTAV

Doğum Yeri ve Tarihi : İzmir 23.10.1981

EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi : Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fak., Zootečni Böl.

Yüksek Lisans Öğrenimi : Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fak., Zootečni Böl.

Bildiği Yabancı Diller : İngilizce

BİLİMSEL FAALİYETLERİ

a) Yayınlar

-SCI

1. Kızılkaya K., Garrick D.J., Fernando R. L, **Mestav, B.**, Yildiz, M. A.(2010) Use of linear mixed models for genetic evaluation of gestation length and birth weight allowing for heavy-tailed residual effects, Genetic Selection Evolution. 42/1/26
2. **Mestav, B.**, Kızılkaya, K. An Evaluation Of Robust Linear Mixed Models For Bivariate Datasets With Slash Distributed Residuals, Kafkas Üniv. Vet. Fak. Derg., 2011 (baskıda)

b) Bildiriler

-Uluslararası

1. Sakarya S., **Kurt, B.**, Gökbulut C., Ertuğrul M.B., Effect of pharynx epithelial cells surface desialylation on type specific bacterial adherence, Gordon Research conference-Glycobiology, Ventura, CA US ,poster ,05/03/2007.
2. Kızılkaya, K., **Mestav, B.**, Bivariate Student-t error linear mixed model and Bayesian MCMC implementation, ADSA/ASAS Midwestern Section Meetings, Des Moines, IA, March 16-18 2009. Sözlü Bildiri

-Ulusal

1. Sakarya S., Toprak S., **Kurt, B.**, Öncü S., Ertuğrul B., S. aureus'un insan farens epiteline adheransında sialik asidin rolü, Belek Antalya, Sözlü Bildiri, 17/11/2006.
2. Öztürk B., Sakarya S., **Kurt, B.**, Öncü S., Ertuğrul M.B., Nöraminidazin koagülaz negatif stafilokoklar ve enterokoklarda bakteri adheransı ve slime oluşumuna etkisinin araştırılması, XIII. Türk Klinik Mikrobiyoloji ve İnfeksiyon Hastalıkları Kongresi ,Sözlü bildiri ,17/03/2007.
3. Sakarya S., **Kurt, B.**, Gökbulut C., Ertuğrul M.B., Kolon epitelyum yüzey sialik asit kompozisyonunun enteropatojen bakterilerin adheransındaki rolü ,XIII: Türk Klinik Mikrobiyoloji ve İnfeksiyon Hastalıkları Kongresi, Sözlü bildiri, 17/03/2007.

4. Öztürk, B., Sakarya, S., Kurt B., Ertuğrul, M.B., Öncü, S., Slime faktör üretiminin ve nöraminidazın antibiyotik direnci ile ilişkisinin incelenmesi, XIII. Türk Klinik Mikrobiyoloji ve İnfeksiyon Hastalıkları Kongresi, Sözlü bildiri, 17/03/2007.
5. **Mestav, B.**, Kızılkaya K., 2007. Japon Bildircinlarında Kabuk, Ak ve Sarı Ağırlığına ait Genetik Parametre Tahminlerinin Gibbs Örneklem Yöntemi ile Elde Edilmesi, V. Ulusal Zootečni Kongresi, 05-08 Eylül 2007, Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Van, Sözlü Bildiri.
6. Kızılkaya, K., **Mestav, B.**, 2009. Slash (Normal/Bağımsız) Dağılımlı Bivaryet Hayvan Modeli. VI. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi, 24-26 Haziran 2009, Atatürk Üniversitesi, Erzurum, Poster Bildiri.
7. Cemal, İ., **Mestav, B.**, Yılmaz, O., Karaca, O., 2009. Koyun Genomu. VI. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi, 24-26 Haziran 2009, Atatürk Üniversitesi, Erzurum, Poster Bildiri.
8. **Mestav, B.**, Kızılkaya, K., 2011. Hata Terimleri Normal, Student-t veya Slash Dağılımlı Karışık Etkili Doğrusal Modellerin Hayvan İslahında Kullanılmasına Yönelik Bir Uygulama. VII. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi, 14-16 Eylül 2011, Adana.

c) Katıldığı Projeler

1. Japon Bildircinlarının (Coturnix coturnix japonica) Değişik Yaşlardaki Yumurta Verimi ve Yumurta Kalite Özelliklerine İlişkin Genetik Parametre Tahminleri Üzerine Bir Araştırma, (2007) ADÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Kurulu, (Araştırmacı)
2. Student-t veya Slash Dağılımı Gösteren Doğrusal Karışık Etkili Modellerin Kullanılarak Kantitatif Özelliklerin Analizi (2010- 2013) ADÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Kurulu, (Araştırmacı)
3. Normal/Bağımsız dağılımlı doğrusal karışık etkili modellerin hayvan ıslahında kullanımı TÜBİTAK TOVAG 107O915, (Araştırmacı)

İŞ DENEYİMİ

Çalıştığı Kurumlar ve Yıl : Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü 5 yıl

İLETİŞİM

E-posta Adresi : bmestav@adu.edu.tr

Tarih : 29.11.2011