

Et Tipi Ana Hattı Japon Bildircin Sürüsünde Çok Özellikli Seleksiyonun Fenotipik ve Genetik İlerlemelere Etkisi ^{[1][2]}

Doğan NARİNÇ ¹ Tülin AKSOY ² 

^[1] Çalışma ilk isim yazarın Doktora Tezinden özetlenmiştir

^[2] Çalışma Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetim Birimi tarafından desteklenmiştir (Proje no: 2011.03.0121.005)

¹ Namık Kemal Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı, TR-59100 Tekirdağ - TÜRKİYE

² Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, TR-07100 Antalya - TÜRKİYE

Makale Kodu (Article Code): KVFD-2013-9918

Özet

Bu çalışmada, et tipi bildircin ana hattı geliştirmek için karışık model eşitliklerinden yararlanarak çok özellikli seleksiyon programı uygulamanın fenotipik ve genetik ilerlemelere etkisi incelenmiştir. Araştırmada pedigrı kaydı bulunan yaklaşık 2.000 birey kullanılmış olup, bildircin türünde çok özellikli birey modeli ile seleksiyon Türkiye'de ilk kez uygulanmıştır. Bir başlangıç sürüsünden (AHBS: ana hattı başlangıç sürüsü) şansa bağlı çiftleşmelerle 160 aileden oluşan (160 erkek - 480 dişi) ana hattı seleksiyon sürüsü (AHSS-1) elde edilmiştir. Sürüde ilk seleksiyon kriteri olarak 5 haftalık yaştaki canlı ağırlık (CA) seçilmiştir. Bunun yanında, ana hattında 20 haftalık yaşa kadar olan toplam yumurta verimi (YV), Gompertz büyüme eğrisinden tahmin edilen 5 haftalık yaştaki bağıl büyüme hızı (BBH) ve 10-11, 14-15 ve 17-18 haftalık yaşlarda toplanan yumurtalardan elde edilen döllülük oranı (DO) özellikleri seleksiyon kriterleri olarak kullanılmıştır. Çok özellikli BLUP değerleri elde edilmiş ve damızlık değerlerine göre en iyi %25 erkek ve dişi bildircin bir sonraki sürünün (AHSS-2) ebeveynleri olacak şekilde seçilmiştir. Seleksiyon sonrasında genetik parametre tahminleri, gerçekleşen genetik parametreler, seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemeler ve genetik yönelimler elde edilmiştir. Kuşaklarda CA, BBH ve YV özellikleri bakımından istatistiksel olarak önemli genetik ilerlemeler sağlanmıştır. Çalışma sonuçları, negatif genetik ilişkili özelliklerin çok özellikli BLUP yöntemiyle seleksiyonda bir arada değerlendirilebileceğini ortaya koymuştur.

Anahtar sözcükler: Karışık model eşitlikleri, BLUP birey modeli, Genetik ilerleme, Çok özellikli seleksiyon

Effects of Multi-Trait Selection on Phenotypic and Genetic Changes in a Meat Type Dam Line of Japanese Quail

Summary

The present study in Japanese quail was aimed to develop multi-trait genetic selection program for meat type dam line utilizing the mixed-model methodology. In total, 2000 pedigreed quail were formed the basis of the research where a multi-trait animal model was performed for the first time in a selection study of quail in Turkey. A flock consisting of a total of 160 families (160 male- 480 female) was developed from the initial flock (AHBS: initial flock of dam line), so as to obtain a selection flock dam line (AHSS-1). Body weight at 5 weeks of age (CA) was chosen as a primary selection criterion in flock. The total egg number (YV) from the day of first lay to the 20 weeks of age, relative growth rate (BBH) at 5 weeks of age derived from Gompertz equation, and fertility rate (DO) were used as selection criteria in AHSS. Multi-trait BLUP methodology was carried out for genetic improvement of birds. In flock, 25 percent of males and females with highest breeding value were selected to produce next generations (AHSS-2). Genetic parameter estimates, realized genetic parameters, selection responses, and genetic trends were obtained. Significant ($P<0.01$) selection responses for CA, BBH and YV traits on generations were observed. The results of the study revealed that the negative genetic relationships exhibited between some studied traits had overcome by modern poultry breeding methods such as selection via multi-trait BLUP.


Keywords: Mixed model equations, BLUP animal model, Response to selection, Multi-trait selection


GİRİŞ

Et ve yumurta verimi oldukça yüksek olan Japon bildircini ticari üretimde her geçen yıl daha fazla önem kazanmaktadır.

Uzak Doğu ve Asya ülkelerinde genellikle yumurta verimi için yetiştirilen bildircin, Avrupa ve Amerika'da ise daha

İletişim (Correspondence)

 +90 242 3102480

 zootečni@akdeniz.edu.tr

çok et üretimi amacıyla yetiştirilmektedir ^[1,2]. Japon bildircinlerini konu alan bilimsel çalışmaların büyük kısmı türün model hayvan olarak değerlendirilmesiyle ilgili olmakla birlikte ^[3-7], gerçekleştirilen sınırlı sayıdaki ıslah çalışmasında da erken dönemlere ait yumurta verimi ya da sabit bir yaşa ait canlı ağırlık için kısa ve uzun dönemli seleksiyon uygulanmıştır ^[8-12]. Bu çalışmaların çoğunda modern ıslah araçları kullanılmamış olup fenotipik değerlere göre basit kitle seleksiyonu uygulanmıştır. Kısmi yumurta verimi ve haftalık canlı ağırlık özelliklerine ait kalıtım dereceleri yüksek olduğundan, kısa dönemli seleksiyon çalışmalarında bile oldukça başarılı sonuçlar alınmıştır ^[9]. Diğer yandan, söz konusu özellikler ile negatif genetik ilişkili olan döllülük ya da yumurta kalitesi gibi bazı karakterlerde ortaya çıkan gerilemelerden dolayı söz konusu çalışmalar sürdürülemez hale gelmiştir ^[8]. Bunun yanında ıslah çalışmalarının sonuçları ticari ürüne dönüştürülemez. Günümüzde ticari üretimde kullanılan bildircinler genellikle ıslah edilmemiş ve mevcut potansiyellerinin çok daha altında ürün veren sürülerden oluşmaktadır ^[13].

Etlik piliç ıslahında başlıca seleksiyon ölçütleri olan büyüme hızı, yemden yararlanma ve karkas verimi özelliklerinin yanında büyüme eğrisi parametreleri, fiziksel ve teknolojik et kalite özellikleri, göğüs açısı gibi 20'nin üzerinde özellik kullanılmıştır ^[14,15]. Bildircinlerde ise kesim-karkas, büyüme eğrileri ve et kalite özellikleri için genetik parametre tahmini yapılan bazı çalışmalar bulunmakla birlikte, söz konusu özelliklerin dahil olduğu ana ve baba hatlarını geliştirmeye yönelik bir ıslah çalışması bulunmamaktadır ^[1,9]. Etlik piliç ıslahında genetik parametre tahminleri için kullanılan ebeveyn-yavru benzerliği ya da seleksiyon sonucu gerçekleşen kalıtım derecesi gibi yöntemler yerlerini sınıf-içi korelasyon temeline dayanan uygulamalara bırakmıştır ^[16]. Fenotipik kitle seleksiyonu terk edilmiştir ve damızlık değerler çeşitli karışık model eşitliklerinin çözümüyle elde edilmektedir ^[17-21].

Kanatlı hayvanların genetik iyileştirilme çalışmalarında uygulanan ıslah programları birbirini izleyen iki aşamadan oluşmaktadır. Bunlardan birincisi ana ya da baba ebeveyn sürülerin hat içi seleksiyonla belirli özellikler bakımından geliştirilmesi, ikincisi de belirli özellikler bakımından geliştirilmiş ebeveyn hatlarının melezlenmesidir ^[17]. Birinci aşamada eklemeli genetik etkiler kullanılarak akrabalık düzeyleri yüksek saf hatlar elde edilmesi amaçlanır. İkinci aşamada ise eklemeli olmayan genetik etkilerden de yararlanılarak daha üstün verim performansına sahip melez genotipler elde edilmesi hedeflenir. Hayvanlarda ölçülen özelliklerin geliştirilmesi, özellik ya da özellikler için genetik parametrelerin tahmini, uygun ıslah aracının seçilmesi, damızlık değerlerin tahmin edilmesi ve seleksiyon gibi uygulamaların tümü ilk aşamada yapılması gereken işlemlerdir ^[15]. Bu çalışmada et verimi amacıyla ana hattı olarak geliştirilmekte olan bir Japon bildircini sürüsünde çok özellikli BLUP (best linear unbiased prediction) yöntemiyle gerçekleştirilen seleksiyonun etkileri üzerinde durulmuştur.

Seleksiyon kriterleri olarak 5. hafta canlı ağırlığı, 20 haftalık yaşa kadar olan toplam yumurta verimi, Gompertz büyüme eğrisinden tahmin edilen 5 haftalık yaştaki bağıl büyüme hızı, 10-11, 14-15 ve 17-18 haftalık yaşlarda toplanan yumurtalardan elde edilen döllülük oranı kullanılmıştır. Araştırmada çok özellikli seleksiyonla birlikte fenotipik ve genetik değişimlerin ortaya konulması, parametrelerden yola çıkarak gelecek kuşaklara yönelik öngörülerde bulunulması amaçlanmıştır.

MATERYAL ve METOT

Sürü Yönetimi

Çalışma Akdeniz Üniversitesi Zootekni Bölümü Kanatlı Hayvan Araştırma Merkezi'nde gerçekleştirilmiş ve Akdeniz Üniversitesi Deney Hayvanları Etik Kurulu 09/69-02.14.2011 sayılı kararı uyarınca yürütülmüştür. Başlangıç sürüsü oluşturmak amacıyla Akdeniz Üniversitesi ve Konya Selçuk Üniversitesi araştırma birimlerinde barındırılan, daha önce ıslah edilmemiş, şansa bağlı çiftleşen bildircinlerden toplam 1500 döllü yumurta alınarak, rastgele ve eşzamanlı biçimde kuluçkaya konulmuştur. Kuluçkadan çıkan civcivlere kanat numarası takılarak pedigrî kayıtları başlatılmıştır. Civcivlerin 3 haftalık yaşta cinsiyetleri belirlenmiş ve rastgele seçilen 120 dişi-40 erkek bildircin ana hattı başlangıç sürüsü (AHBS) oluşturmak amacıyla bireysel damızlık kafeslerine yerleştirilmiştir. Her biri üç dişi ve bir erkek bildircinden oluşan toplam 40 ailedeki bildircinler 10 haftalık yaşa geldiğinde, 15 gün boyunca toplanan yaklaşık 1200 yumurta iki parti halinde kuluçka makinesine yerleştirilmiştir. Kuluçka süresi sonunda makineden çıkan civcivlere kanat numarası takılmış ve 21. günde tüylenmelerine göre cinsiyet tayini yapılan kadar, çevre kontrollü bir büyütme odasında yer alan ve her katında 96x43x21 cm boyutlarında bölmeler bulunan, altı katlı, ısıtıcılı büyütme kafeslerinde barındırılmıştır. Her bölme 50 adet civciv yerleştirilmiştir (82.56 cm²/bildircin). Üçüncü hafta canlı ağırlık ölçümü sırasında şansa bağlı olarak toplam 160 erkek ve 480 adet dişi bildircin seçilmiş ve bireysel damızlık yumurtacı kafeslerine yerleştirilmiştir. Böylece 160 aileden oluşan birinci ana hattı seleksiyon sürüsü (AHSS-1) oluşturulmuştur. AHSS-1'de seleksiyon kriterleri olarak 5. hafta canlı ağırlığı (CA), 5. hafta bağıl büyüme hızı (BBH), 20 haftalık yaşa kadar olan yumurta verimi (YV) ve döllülük oranı (DO) özellikleri belirlenmiştir. AHSS-1'de yüksek döllülük sağlamak amacıyla, erkek bildircinler 15 hafta boyunca her gün aile içindeki ayrı bir dişiyle çiftleştirilmiştir. Bildircinlerin çıkıştan itibaren haftalık canlı ağırlık tartımları bireysel olarak gerçekleştirilmiştir. Bireysel yumurta verimleri 20 haftalık yaşa kadar günlük kayıt edilmiş ve sayısal olarak (adet) değerlendirilmiştir. Döllülük oranlarının tespiti için 10., 11., 14., 15., 17., 18. haftalarda döllü yumurtalar toplanmış ve haftalık olarak kuluçka makinesine konularak kuluçkanın 15. gününde embriyonun durumuna bakılarak döllülük kontrolü yapılmıştır.

AHSS-1'de seleksiyon kriteri olan özelliklere ait ölçümler alındıktan sonra, damızlık değer tahminleri yapılmış ve sürüdeki en iyi 40 erkek ile 120 dişi bıldırcın, sonraki kuşağın (AHSS-2) ebeveynleri olarak seçilmiştir. AHSS-1'de gerçekleştirilen tüm işlemler AHSS-2'de de uygulanmıştır. AHSS, AHSS-1 ve AHSS-2 bıldırcınlarına büyüme döneminde %23 HP ve 2.900 kcal/kg ME içerikli karma yem, 21. günden deneme sonuna kadar %20 HP ve 2.800 kcal/kg ME içerikli karma yem *ad-libitum* olarak verilmiştir. Sürülere deneme boyunca günlük 18 saat aydınlatma yapılmıştır.

İstatistik

AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 bıldırcınlarında haftalık canlı ağırlık değerleri kullanılarak Gompertz büyüme modeli ile her bir bıldırcın için bireysel büyüme analizleri gerçekleştirilmiş ve büyüme eğrisi parametreleri, haftalık mutlak büyüme oranları, haftalık bağıl büyüme oranları belirlenmiştir. Büyümenin doğrusal olmayan regresyon analizinde aşağıda eşitliği sunulan Gompertz modelinden yararlanılmıştır [22].

$$y = \beta_0 \cdot \exp(-\beta_1 \cdot \exp(-\beta_2 \cdot t))$$

Modelde y ; canlı ağırlığı, t ; zamanı (gün), β_0 ; asimptotik ağırlığı, β_1 ; integrasyon sabitini, β_2 anlık büyüme hızını ifade etmektedir. Model parametrelerinin tahmini SAS 9.3 NLIN prosedürü kullanılarak Levenberg-Marquardt iterasyon yöntemiyle gerçekleştirilmiştir [23]. Gompertz büyüme modeli kullanılarak her bir bireye ait bağıl büyüme hızı $BBH = [\beta_2 (\ln(\beta_0) - \ln(y, t))]$ eşitliğiyle hesaplanmıştır [22].

Özellikler için tanımlayıcı istatistiklerin elde edilmesinde SAS programının MEANS prosedüründen yararlanılmıştır [23]. Verilerin normalliği SAS programının UNIVARIATE prosedürü kullanılarak Kolmogorov-Smirnov testiyle sınanmış ve BBH, YV ve DO özelliklerinin normal dağılışı göstermediği belirlenmiştir ($P < 0.05$). Verilerin normal dağılışa uydurulması amacıyla parametrik dönüşüm yöntemlerinden Box-Cox [24] kullanılmış, ancak sadece YV özelliği normal dağılışı göstermiş, ardından parametrik olmayan dönüşüm yöntemlerinden Rank dönüşümü [25] uygulanarak diğer özellikler için normal dağılışı sağlanmıştır.

Genetik Parametre Tahminleri

Genetik parametrelerin tahmin edilmesinde kullanılan karışık doğrusal model (I) eşitliği aşağıda sunulmuştur [18]:

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

Burada; y , gözlem değerlerini içeren vektör, β sabit etkiler vektörü, u ise şansa bağlı etkilere ilişkin vektördür. X ve Z sırası ile β ve u vektörlerine ilişkin desen matrisleridir. e hata terimlerine ait vektördür. y gözlem vektörünün $y \sim MVN(X\beta, ZGZ' + R)$ ile çok değişkenli normal dağılışı gösterdiği varsayılmaktadır. Ayrıca, u ve e 'nin sırası ile $u \sim MVN(0, G)$ ve $e \sim MVN(0, G)$ ile çok değişkenli normal dağılışa sahip olduğu varsayılmaktadır. Burada, I birim

matris ve A akrabalık matrisi olmak üzere, $G = G_0 \otimes A$ (II) baba ve baba içi ana varyans-kovaryans unsurlarını içeren eklemeli genetik etkiler matrisi, $R = R_0 \otimes I$ (III) ise hata terimlerini içeren varyans-kovaryans matrisidir.

Tahmin edilecek varyans-kovaryans parametreleri θ vektörü ile gösterilmek üzere, REML için olabilirlik fonksiyonu Eşitlik 4'teki gibi yazılır

$$l_R(\theta) = -\frac{1}{2} \log|V| - \frac{1}{2} \log|X'V^{-1}X| - \frac{1}{2} r'V^{-1}r - \frac{n-p}{2} \log(2\pi) \quad (IV)$$

Burada,

$$V = ZGZ' + R \quad \text{ve} \quad r = y - X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y = y - X\hat{\beta}$$

olup p X matrisinin rankıdır [23].

Çok özellikli BLUP değerlerinin elde edildiği karışık doğrusal model gösterimi V numaralı eşitlikte sunulmuştur.

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z' \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + A^{-1} \otimes G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (V)$$

Eşitlikte \hat{b} bilinmeyen sabit etkiler vektörünü; \hat{a} tahmin edilmek istenen damızlık değerleri içeren, ortalaması sıfır, varyansı $A\sigma^2_a$ olan rastgele etkiler vektörünü ifade etmektedir. Eşitlikte y vektörü verimleri içermekte, X sabit etkiler için desen matrisi, Z şansa bağlı etkiler için dağılan birey desen matrisidir. Matrislerin yapısal durumlarına göre, karışık model eşitliklerinde farklı modeller oluşturulabilir, bu çalışmada birey (animal) modeli kullanılmıştır [18,26]. Modelde G eklemeli genetik varyans-kovaryans matrisi, R hata varyans-kovaryans matrisi, A akrabalık derecelerini içeren akrabalık matrisini temsil etmektedir. Akrabalık matrisleri SAS programının INBREED prosedüründe oluşturulmuş [27], çok özellikli karışık model eşitliklerinin çözümü aynı programın IML prosedüründe gerçekleştirilmiştir [23].

Seleksiyon

AHSS-1'de CA, BBH, YV ve DO özelliklerine ait veriler kullanılarak tüm bireyler için çok özellikli BLUP değerleri bir üst başlıkta açıklandığı şekilde tahmin edilmiştir [18]. Her hayvana ait bir indeks değeri oluşturmak üzere, dikkate alınan özelliklere ait BLUP değerleri eşit ekonomik ağırlık katsayılarıyla çarpılmıştır. Böylece her hayvana ait damızlık değerler çok özellikli bir indekse dönüştürülmüştür. Erkek ve dişi bıldırcınların en yüksek indeks değeri gösteren %25'lik kısmı bir sonraki kuşağın ebeveynleri olarak seçilmiştir.

BULGULAR

AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 sürülerinde CA, BBH, YV ve DO özellikleri için tanımlayıcı istatistikler *Tablo 1*'de sunulmuştur. Söz konusu tabloda dört özellik bakımından sürüler arasındaki farklılıklar sınanması amacıyla gerçekleştirilen varyans analizi ve Duncan çoklu karşılaştırma testlerinin

Tablo 1. Özellikler için tanımlayıcı istatistikler ve hipotez testi sonuçları
Table 1. Descriptive statistics for studied traits and results of hypothesis tests

Özellik	Kuşak	N	Ortalama	Standart Hata	Varyasyon Katsayısı (%)	En Düşük Gözlem	En Yüksek Gözlem	P
CA	AHBS	159	174.40 ^b	1.54	19.46	133.40	229.20	0.005
	AHSS-1	624	174.66 ^b	0.76	18.91	124.70	230.30	
	AHSS-2	640	178.30 ^a	0.73	18.54	117.50	241.20	
BBH	AHBS	159	1.75 ^b	0.02	37.06	-0.26	3.69	0.000
	AHSS-1	624	1.80 ^b	0.02	34.34	-0.26	3.56	
	AHSS-2	640	2.04 ^a	0.03	32.31	-0.22	4.10	
YV	AHBS	119	76.72 ^b	0.65	21.43	9	96	0.004
	AHSS-1	624	76.16 ^b	0.60	14.92	11	95	
	AHSS-2	640	78.70 ^a	0.47	11.90	13	97	
DO	AHBS	159	75.77	0.56	22.66	0	100	0.079
	AHSS-1	624	78.88	0.86	21.42	0	100	
	AHSS-2	640	80.22	1.09	27.62	0	100	

CA: 5. hafta canlı ağırlığı, g; BBH: 5 haftalık yaştaki bağıl büyüme hızı, %; YV: 20 haftalık yaşa kadar olan toplam yumurta verimi, adet; DO: 10-11, 14-15 ve 17-18 haftalık yaşlarda saptanan döllülük oranı, %; ^{a-b}: söz konusu özellik bakımından sürüler arasında istatistiksel farklılık bulunmaktadır, P<0.01

Tablo 2. Seleksiyon üstünlüğü, genetik ilerleme ve gerçekleşen kalıtım dereceleri
Table 2. Selection objectives, selection responses and realized heritabilities

Özellik	Seleksiyon Üstünlüğü	Genetik ilerleme	Gerçekleşen Kalıtım Derecesi
CA	7.6348	3.6400	0.4768
BBH	0.0043	0.0024	0.5583
YV	5.5532	2.5400	0.4574
DO	7.6261	1.3400	0.1757

CA: 5. hafta canlı ağırlığı, g; BBH: 5 haftalık yaştaki bağıl büyüme hızı, %; YV: 20 haftalık yaşa kadar olan toplam yumurta verimi, adet; DO: 10-11, 14-15 ve 17-18 haftalık yaşlarda saptanan döllülük oranı, %

sonuçları yer almaktadır. CA, BBH ve YV özellikleri bakımından AHSS-2 için saptanan ortalamalar AHBS ve AHSS-1 sürülerine ait ortalamalardan istatistiksel olarak önemli derecede yüksek bulunmuştur (P<0.01). Bunun yanında, DO özelliği için gerçekleştirilen hipotez testi sonucuna göre her üç sürüye ait ortalamalar arasında önemli farklılık bulunmamıştır.

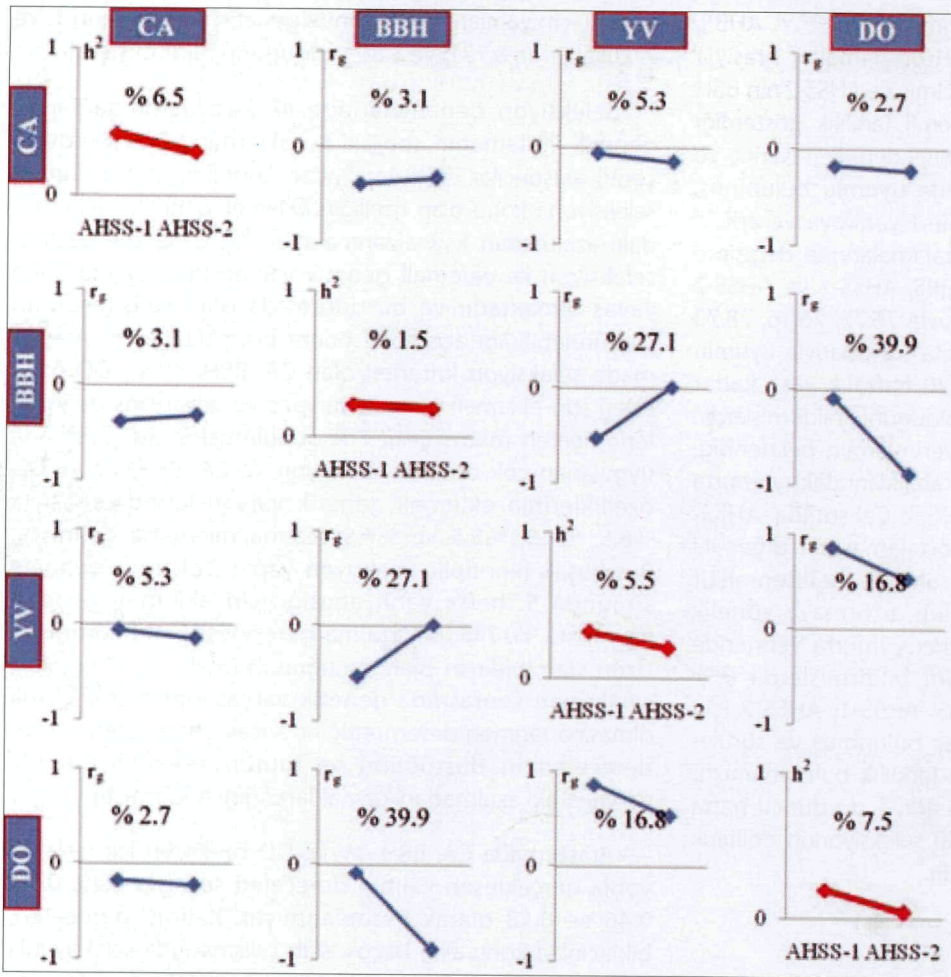
Her özellik için seleksiyon üstünlükleri, seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemeler ve karakterler için seleksiyonla gerçekleşen kalıtım dereceleri Tablo 2'de gösterilmiştir. Gerçekleştirilen çok özellikli seleksiyon sonucunda eklemeli genetik varyans ve kovaryanslarda meydana gelen değişim ölçülerini içeren matris Şekil 1'de sunulmuştur. Kuşaklar boyunca her özellik bakımından bireyler için tahmin edilen BLUP değerleri ve bunların ortalamalarından yola çıkarak tahmin edilen genetik yönelimler de Şekil 2'de sunulmuştur. Genetik yönelimin tahmin edilmesi, yürütülen ıslah programının izlenmesi ve değerlendirilebilmesi açısından gereklidir. Islah programlarının uygulandığı populasyonlarda hayvanların damızlık değerlerinin giderek

yükselmesi beklenmektedir. Araştırmada CA özelliği için AHBS, AHSS-1, AHSS-2 bildircinleri için tahmin edilen BLUP değerlerinin ortalamaları sırasıyla -0.087, 0.053, 0.120 bulunmuştur. AHBS, AHSS-1, AHSS-2 sürülerinde BLUP ortalamaları BBH özelliği için 0.0109, -0.0013, 0.0043, EN özelliği için -0.399617, -0.015532, -0.068872, DO özelliği için -0.360538, -0.005145, -0.110020 olarak bulunmuştur.

TARTIŞMA ve SONUÇ

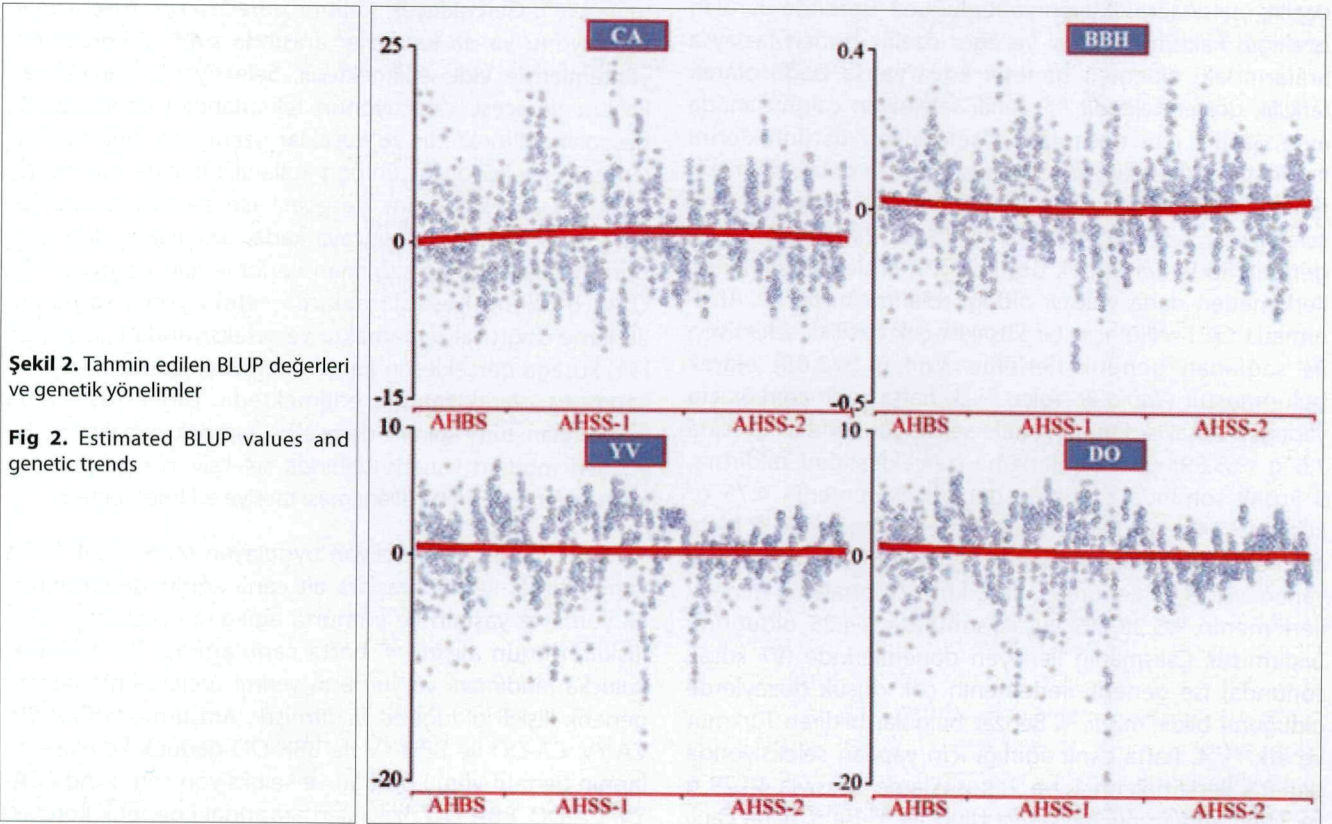
Fenotipik Değişimler

Araştırmada CA ortalamaları AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 kuşaklarında sırasıyla 174.40, 174.66 ve 178.30 g olarak bulunmuştur. Söz konusu değerler Toelle ve ark.^[28] ve Sari ve ark.^[29] tarafından bildirilen değerlerle (170 g ve 176 g) uyumlu bulunmuştur. AHSS-2 bildircinlerine ait CA ortalamasının AHBS ve AHSS-1 bildircinlerinden daha yüksek olduğu belirlenmiştir (P<0.01). Benzer şekilde Japon bildircinlerinde canlı ağırlığı arttırmak için gerçekleştirilen seleksiyon çalışmalarının tümünde birinci kuşakta istatis-



Şekil 1. Eklemeli genetik varyans-kovaryans değişim (%) matrisi (köşegeninde kalıtım dereceleri, köşegenin altında ve üstünde genetik korelasyonlar yer almaktadır, her elemanın üzerindeki % mutlak varyans-kovaryans değişimini ifade etmektedir)

Fig 1. Change (%) matrix of additive variance-covariance (heritabilities on diagonal, genetic correlations above and below the diagonal, % values on each element represent absolute changes in the variance-covariance)



Şekil 2. Tahmin edilen BLUP değerleri ve genetik yönelimler

Fig 2. Estimated BLUP values and genetic trends

tiksel olarak anlamlı artışlar gözlenmiştir ^[8,10,12,30-33]. AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 sürülerinde BBH ortalamaları sırasıyla %1.75, 1.80 ve 2.04 olarak tahmin edilmiş ve AHSS-2'nin BBH ortalamasının diğer sürülerden önemli farklılık gösterdiği belirlenmiştir ($P < 0.01$). Söz konusu BBH değerleri Narinç ve ark.^[34] tarafından bildirilen değerlerle uyumlu bulunmuş, benzer şekilde Aggrey ve ark.^[35] ile Hyankova ve ark.^[11] bildircinlerde seleksiyonun BBH ortalamalarında değişime yol açtığını ortaya koymuşlardır. AHBS, AHSS-1 ve AHSS-2 bildircinlerinin YV ortalamaları sırasıyla 76.72, 76.16, 78.70 yumurta olarak belirlenmiştir. Çalışma sonuçlarıyla uyumlu olarak Gildersleeve ve ark.^[36] da 20 haftalık yaşa kadar yumurta sayısının 69-80 arasında olduğunu bildirmişlerdir. Literatürde bildircinlerin yumurta verimlerinin belirlendiği az sayıdaki çalışmada da farklı yaş aralıklarındaki yumurta verimleri üzerinde durulmuştur ^[37,38]. Çalışmada AHSS-2 bildircinlerinin yumurta verim ortalamasının diğer iki sürüdeki ortalamalardan yüksek olduğu belirlenmiştir ($P < 0.01$). Bildircinlerde canlı ağırlığı arttırmaya yönelik seleksiyon uygulayan birçok araştırmacı yumurta veriminde önemli gerilemeler gerçekleştiğini bildirmişlerdir ^[2,39]. Araştırmada DO ortalamaları AHBS, AHSS-1, AHSS-2 için sırasıyla %75.77, 78.88, 80.22 olarak bulunmuş ve sürüler arasında DO değerleri için anlamlı farklılık bulunmamıştır ($P > 0.01$). Benzer şekilde Nestor ve ark.^[37] dördüncü hafta canlı ağırlığı için yaptıkları çift yönlü seleksiyonun döllülük oranını etkilemediğini bildirmişlerdir.

Genetik Değişimler

Seleksiyon üstünlüğü, seleksiyonda dikkate alınan özellik sayısına, seleksiyon yoğunluğuna, üzerinde durulan özelliğin kalıtım derecesi ve eğer özellik birden fazlaysa aralarındaki eklemeli genetik kovaryansa bağlı olarak farklılık göstermektedir ^[45]. Farklı seleksiyon çalışmalarında aynı özellik için hesaplanan seleksiyon üstünlüklerini karşılaştırmak, şartlar aynı olamayacağından dolayı mümkün değildir. Tek özellikli seleksiyon yöntemleri (fenotipik kitle seleksiyonu, seleksiyon indeksi ya da BLUP) ile gerçekleşen genetik ilerlemenin çok özellikli yöntemler ile sağlanan ilerlemeden daha yüksek olduğu bilinmektedir ^[40]. Araştırmada CA özelliği için bir kuşaklık çok özellikli seleksiyon ile sağlanan genetik ilerleme 3.64 g (%2.08) olarak bulunmuştur (Tablo 2). Yolcu ^[12] 5. hafta canlı ağırlığı için yaptığı 5 kuşaklık fenotipik kitle seleksiyonunda ilk kuşakta 7.6 g (%3.89) genetik ilerleme gerçekleştiğini bildirmiş, 5 kuşak sonunda ortalama genetik ilerlemenin 4.75 g/kuşak (%2.43) olduğunu bildirmiştir. Bildircinlerde 4. hafta canlı ağırlığı için uzun dönemli fenotipik kitle seleksiyonu yapan Marks ve Lepore ^[41] ilk 6 kuşakta ortalama genetik ilerlemenin %5.38, 15 kuşak sonunda %4.25 olduğunu bildirmiştir. Çalışmanın ilerleyen dönemlerinde (97 kuşak sonunda) ise genetik ilerlemenin çok düşük düzeylerde olduğunu bildirilmiştir ^[8]. Benzer bulgular bildiren Türkmüt ve ark.^[33], 4. hafta canlı ağırlığı için yapılan seleksiyonda genetik ilerlemelerin 1. ve 2. kuşaklarda sırasıyla 14.29 g ve 3.99 g olduğunu, Baylan ve Uluocak ^[42] ise 5. hafta canlı

ağırlığı için yapılan seleksiyonda genetik ilerlemelerin 1. ve 2. kuşaklarda 8.78 g ve 5.80 g olduğunu bildirmişlerdir.

Seleksiyon denemelerinde ilk kuşaklarda sağlanan genetik ilerlemenin sonraki kuşaklardan yüksek olduğu çeşitli araştırmacılar ^[8,30,33] tarafından bildirilmiştir. Bu durum, seleksiyona konu olan özelliğin eklemeli genetik varyansındaki azalmadan kaynaklanmaktadır ^[40]. Oysa çok özellikli seleksiyon ile eklemeli genetik varyanstaki azalma daha yavaş olmaktadır ve bu durum da ıslah çalışmalarının sürdürülebilirliği açısından önem taşımaktadır ^[43]. Araştırmada seleksiyon kriterleri olan CA, BBH, YV ve DO özellikleri için eklemeli genetik varyans ve kovaryans değişimlerini içeren matris Şekil 1'de sunulmuştur. Bu çalışmada uygulanan çok özellikli seleksiyon ile CA, BBH, YV ve DO özelliklerinin eklemeli genetik varyanslarında sırasıyla %6.5, %1.5, %5.5 ve %7.5 azalma meydana gelmiştir. Beş kuşak fenotipik seleksiyon yapan Yolcu ^[12], deneme sonunda 5. hafta canlı ağırlığı için eklemeli genetik varyansta %17'lik bir azalma gerçekleştiğini bildirmiştir. Uzun süre bildircin ıslahı ile uğraşan Marks ^[8], 97 kuşaklık seleksiyon sonrasında genetik varyasyonun çok düşük olmasına rağmen devam ettiğini, ancak gerçekleşen kalıtım derecelerinin düştüğünü ve bunun eklemeli genetik varyanstaki azalmadan kaynaklandığını bildirmiştir.

Araştırmada CA, BBH, YV ve DO özellikleri için seleksiyonla gerçekleşen kalıtım dereceleri sırasıyla 0.48, 0.56, 0.46 ve 0.18 olarak hesaplanmıştır. Kalıtım dereceleri, bildircinleri konu alan birçok ıslah çalışmasında seleksiyonla sağlanan genetik ilerlemeden faydalanılarak hesaplanmıştır ^[8,10,12,30]. Gerçekleşen kalıtım derecesi, yavru-ebeveyn regresyonu ya da kardeşler arasında sınıf içi korelasyon yöntemleriyle elde edilmektedir. Seleksiyonla gerçekleşen kalıtım derecesi, seleksiyonun tekrarlandığı denemelerde hesaplanabilmektedir ve kuşaklar üzerinden birikimli ilerleme ve seleksiyon üstünlüğü kullanılarak elde edilmektedir ^[40]. Gerçek kalıtım derecesi ise seleksiyonun her kuşağında dengeye ulaşmaya kadar azalmakta olup, aynı durum seleksiyonda sağlanan ilerleme için de geçerlidir. Oysa birikimli hesaplamalarda seleksiyonla sağlanan ilerleme doğrusal olmamakta ve seleksiyonda i. kuşaktan i+1. kuşağa gerçekleşen kalıtım derecesi sadece i. kuşakta sapmasız olarak tahmin edilmektedir. Diğer kuşaklarda hesaplanan tüm kalıtım dereceleri sapmalı olmaktadır. Bu yüzden modern kanatlı ıslahında seleksiyonla gerçekleşen kalıtım derecelerinin kullanılması tavsiye edilmemektedir ^[26].

Uzun dönemli seleksiyon uygulayan Marks ^[8], 4. hafta canlı ağırlığı ile ileri yaşlara ait canlı ağırlık değerlerinin, ilk yumurta yaşının ve yumurta ağırlığının pozitif genetik ilişkili, bunun aksine 4. hafta canlı ağırlığı ile döllülük, kuluçka randımanı ve yumurta verimi özelliklerinin negatif genetik ilişkili olduğunu bildirmiştir. Araştırmada CA-BBH, CA-YV, CA-DO ve BBH-YV ile BBH-DO genetik korelasyonlarının negatif yönlü olduğu ve seleksiyon sonrasında CA-YV, CA-DO, BBH-DO özellikleri arasındaki genetik korelas-

yonlarda artış olduğu belirlenmiştir. Eklemeli genetik varyanslarda gerçekleşen azalmalar ve özellikler arasındaki negatif yöndeki eklemeli genetik kovaryanslarda gerçekleşen artışların etkisiyle sürü belirli bir genetik platoya ulaşıldıktan sonra aynı seleksiyon yöntemiyle seçilen bireyler için hesaplanan seleksiyon üstünlüğünün sıfıra yakın olacağı ve genetik ilerlemenin mümkün olmayacağını söylemek olasıdır [40,43].

Bu çalışmanın sonuçlarına dayanarak, çok özellikli seleksiyon ile ana hattında genetik ilerleme mümkün olduğu kadar sağlandıktan sonra, sürüden 2 ya da 3 yeni hat oluşturulması tavsiye edilebilir. Elde edilecek yeni ana hatlarında CA, BBH, YV ve DO özellikleri için eklemeli genetik kovaryanslardaki değişimler dikkate alınarak yeni ağırlık katsayıları kullanılmalı ve farklı yönlerde genetik iyileştirme yapılmalıdır. Böylece eklemeli gen etkileri bakımından saflaştırılan ana hatları oluşturulabilir. Benzer yöntemle geliştirilecek baba hatlarının da katılacağı test melezlemeleri sonucunda elde edilecek 2'li, 3'lü ve 4'lü melez kombinasyonlarında eklemeli olmayan gen etkilerinin de dahil olmasıyla hibrit nitelikli melez genotiplerin elde edilmesine olanak sağlanabilir.

TEŞEKKÜR

Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT'a ve Arş. Gör. Emre KARAMAN'a çalışmamıza yaptıkları katkılarından dolayı teşekkür ederiz.

KAYNAKLAR

- 1. Minville F:** What are quail good for in a chicken-focused world? *World's Poultry Sci J*, 65, 601-608, 2009.
- 2. Karabağ K, Alkan S, Balcıoğlu SM:** The differences in some production and clutch traits in divergently selected Japanese quails. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 16 (3): 383-387, 2010.
- 3. Minville F:** The future of Japanese quail for research and production. *World's Poultry Sci J*, 60, 500-507, 2004.
- 4. Alkan S, Karabağ K, Galiç A, Karslı T, Balcıoğlu MS:** Effects of selection for body weight and egg production on egg quality traits in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*) of different lines and relationships between these traits. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 16 (2): 239-244, 2010.
- 5. Alkan S, Karabağ K, Galiç A, Karslı T, Balcıoğlu MS:** Determination of body weight and some carcass traits in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*) of different lines. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 16 (2): 277-280, 2010.
- 6. Alkan S, Karslı T, Galiç A, Karabağ K, Balcıoğlu MS:** Japon bıldırcınlarında (*Coturnix coturnix japonica*) canlı ağırlığa ait genetik parametrelerin şansa bağlı regresyon modeli kullanılarak tahmin edilmesi. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 18 (6): 935-939, 2012.
- 7. Narinç D, Aksoy T:** Effects of mass selection based on phenotype and early feed restriction on the performance and carcass characteristics in Japanese quails. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 18 (3): 425-430, 2012.
- 8. Marks HL:** Long-term selection for body weight in Japanese quail under different environments. *Poult Sci*, 75, 1198-1203, 1996.
- 9. Minvielle F:** Genetic and breeding of Japanese quail for production around the world. *In, Proceedings 6th Asian Pacific Poultry Congress*, June 4-7, Nagoya, Japan, 1998.
- 10. Oğuz İ, Türkmut L:** Japon bıldırcınlarında (*Coturnix coturnix japonica*) canlı ağırlık için yapılan seleksiyonun bazı parametrelere etkisi. 2. Verim özellikleri ve genetik değişimler (kazançlar). *Turk J Vet Anim Sci*, 23, 311-319, 1999.
- 11. Hyankova L, Knizetova H, Dedkova L, Hort J:** Divergent selection shape of growth curve in Japanese quail 1. Responses in growth parameters and food conversion. *Br Poult Sci*, 42, 583-589, 2001.
- 12. Yolcu Hİ:** Japon bıldırcınlarında (*Coturnix coturnix japonica*) canlı ağırlık ve yumurta verimine göre seleksiyonun etkileri. *Doktora Tezi*, Akdeniz Üniv. Fen Bil. Enst., 2005.
- 13. Yapıcı N, Aksoy T, Narinç D:** Looking at the quail production in Turkey: The case of Antalya. *XII. European Symposium on the Quality of Eggs and Eggs Products*, September 10-14, Verona, Italy, Proceeding Book: 1, 456, 2006.
- 14. Emmerson DA:** Commercial approaches to genetic selection for growth and feed conversion in domestic poultry. *Poult Sci*, 76, 1121-1125, 1997.
- 15. Thiruvenkadan AK, Prabakaran R, Panneerselvam S:** Broiler breeding strategies over the decades: An overview. *World's Poultry Sci J*, 67, 309-336, 2011.
- 16. Searle SR, Casella G, McCulloch CE:** Variance Components, J. W. Wiley: New York, 1992.
- 17. Quinton M:** Use of mixed model methodology in poultry breeding: Assumptions, limitations and concerns of BLUP-based selection programmes. *In*, Muir WM, Aggrey SE (Eds): *Poultry Genetics Breeding and Biotechnology*. 203-235, CAB Int, Wallingford, Oxfordshire, UK, 2003.
- 18. Mrode RA:** Best linear unbiased prediction of breeding value: Univariate models with one random effect. *In*, Mrode RA (Ed): *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. 2nd ed., 39-64, CABI Publishing, Massachusetts, Avenue, Cambridge, USA, 2005.
- 19. Henderson CR:** Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31 (2): 423-447, 1975.
- 20. Narinç D, Karaman E, Fırat MZ, Aksoy T:** Japon bıldırcınlarında bazı yumurta verim özelliklerine ait varyans unsurlarının farklı tahmin yöntemleri kullanarak elde edilmesiyle çok özellikli genetik parametre ve BLUP tahminleri. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 17 (1): 117-123, 2011.
- 21. Garrick DJ, Fernando RL:** Implementing a QTL detection study (GWAS) using genomic prediction methodology. *Methods Mol Biol*, 1019, 275-298, 2013.
- 22. Narinç D, Aksoy T, Karaman E:** Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *J Anim Vet Adv*, 9 (3): 501-507, 2010.
- 23. SAS:** SAS/STAT User's Guide. Version 9.3 Cary, North Carolina, SAS Institute Inc, 2009.
- 24. Box GEP, Cox DR:** An analysis of transformations. *J R Stat Soc Series B*, 26, 211-252, 1964.
- 25. Aulchenko YS, Ripke S, Isaacs A, Van Duijn CM:** GenABEL: An R package for genome-wide association analysis. *Bioinformatics*, 23, 1294-1296, 2007.
- 26. Szwaczkowski T:** Use of mixed model methodology in poultry breeding: Estimation of genetic parameters. *In*, Muir WM, Aggrey SE (Eds): *Poultry Genetics Breeding and Biotechnology*. 165-201, CAB Int, Wallingford, Oxfordshire, UK, 2003.
- 27. Narinç D, Karaman E:** Kanatlı hayvan ıslahında akrabalık ve SAS programı ile akrabalık matrislerinin oluşturulması. *SDÜ Ziraat Fak Derg*, 6 (2): 68-75, 2011.
- 28. Toelle VD, Havenstein GB, Nestor KE, Harvey WR:** Genetic and phenotypic relationship in Japanese quail. *Poult Sci*, 70, 1679-1688, 1991.
- 29. Sari M, Saatçı M, Tilki M:** Japon bıldırcınlarında (*Coturnix coturnix japonica*) canlı ağırlığa ait özelliklerin genetik parametrelerinin REML metodu ile hesaplanması. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 16 (5): 729-733, 2010.
- 30. Caron N, Minvielle F, Desmarais M, Poste LM:** Mass selection for 45-day body weight in Japanese quail: Selection response, carcass composition, cooking properties, and sensory characteristics. *Poult Sci*, 69, 1037-1045, 1990.
- 31. Akşit M:** Japon bıldırcınlarında (*Coturnix coturnix japonica*) canlı ağırlık yönünde yapılan seleksiyonun kimi verim özelliklerine etkisi. *Ege Üniv Fen Bil Enst Derg*, 7, 1-4, 1996.

- 32. Anthony NB, Nestor KE, Marks HL:** Short term selection for four-week body weight in Japanese quail. *Poult Sci*, 71, 1985-1993, 1996.
- 33. Türkmüt L, Altan Ö, Oğuz İ, Yalçın S:** Japon bildircinlerinde canlı ağırlık için yapılan seleksiyonun üreme performansı üzerine etkileri. *Türk J Vet Anim Sci*, 23, 229-234, 1999.
- 34. Narinç D, Karaman E, Kaya E, Aksoy T:** Genetic architecture of absolute and relative growth rates in Japanese quail. *XXIIIth European Poultry Science Congress*, August 23-27, Tours, France, 2010.
- 35. Aggrey SE, Ankra-Badu BA, Marks HL:** Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. *Poult Sci*, 82, 538-542, 2003.
- 36. Gildersleeve RP, Satterlee DG, Scott TR, Mcree DI, Parkhurst CR, Cook ME:** Hematology of Japanese quail selected for high or low serum corticosterone responses to complex stressors. *Comp Biochem Physiol*, 86, 569-573, 1987.
- 37. Nestor KE, Bacon WL, Lambio AL:** Divergent selection for egg production in *Coturnix coturnix japonica*. *Poult Sci*, 62, 1548-1552, 1983.
- 38. Narinç D, Karaman E, Fırat MZ, Aksoy T:** Investigation of non-linear models to describe the long term egg production in Japanese quail. *Poult Sci*, 92, 1676-1682, 2013.
- 39. Marks HL:** Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environment. 4. Genetic and correlated responses from generations 12 to 20. *Poult Sci*, 70, 453-462, 1991.
- 40. Becker WA:** Manual of Quantitative Genetics. 5th ed., 437 p, Academic Enterprises, Pullman, WA, 1992.
- 41. Marks HL, Lepore PD:** Growth rate inheritance in Japanese quail. 2. Early responses to selection under different nutritional environments. *Poult Sci*, 47, 1540-1546, 1968.
- 42. Baylan M, Uluocak AN:** Bildircinlerde değişik yaşlardaki canlı ağırlığa göre seleksiyonun verimliliği. *YUTAV'99 Uluslararası Tavukçuluk Fuarı ve Konferansı*, 3-6 Haziran, İstanbul, Türkiye, Bildiri Kitabı. 626-632, 1999.
- 43. Falconer DS, Mackay TFC:** Introduction to quantitative genetics. 4th ed., 358 p, Longman, London, 1996.

Copyright of Kafkas Universitesi Veteriner Fakultesi Dergisi is the property of University of Kafkas, Faculty of Veterinary Medicine and its content may not be copied or emailed to multiple sites or posted to a listserv without the copyright holder's express written permission. However, users may print, download, or email articles for individual use.