

## Seleksiyon

Bu bölümün amaçları şöyle sıralanabilir:

1. Seleksiyondan sağlanan ilerlemenin tahmin edilmesini anlamak,
2. Tek özellik bakımından seleksiyonun sebep olduğu genetik değişikliğin miktarını belirleyen faktörler hakkında bilgi sahibi olmak,
3. Seleksiyondan beklenen genetik değişikliğin miktarının nasıl hesaplanacağını anlamak,
4. Seleksiyondan sağlanacak ilerlemeyi maksimum yapacak stratejileri anlamak,

## Genetik İlerlemenin Tahmini

Hayvanlar kendi fenotipik performanslarına göre seçtiklerinde, damızlık değerlerini şu şekilde tahmin edebiliriz:

$$TDD = h^2(\text{bireysel performans} - \text{grup ortalaması}) \quad (1)$$

Seçilen baba ve anaların damızlık değer tahminlerinin ortalaması, bu ebeveynlerden olacak döllerin beklenen ortalama performans değerlerinin de tahmini olacaktır. Her ebeveyn sahip olduğu otozomal genlerinin yarısını döllere geçirir. Otozomal homolog kromozomlarda bulunan gen çiftinden hangisinin döllere geçeceğini tahmin edemeyiz, ancak gen çiftlerinden mutlaka birisinin dölle geçeceğini biliriz. Otozomal genlerden birisi mutlaka anadan diğeri de mutlaka babadan aktarılır. Genlerden yarısının anadan diğer yarısının da babadan geldiği gerçeği, seleksiyondan beklenen genetik ilerlemeyi tahminde kullanılabilir. Seçilmiş ebeveynlerden doğan döllerin performanslarındaki iyileşme genetik değişiklik olarak bilinir:

$$\Delta G = \frac{TDD_{baba}}{2} + \frac{TDD_{ana}}{2} \quad (2)$$

Birinci ve ikinci eşitlikleri birleştirirsek, ebeveyn olarak seçilen bireylerden elde edilecek döllerden beklenen ilerlemeyi tahmin edebiliriz. Eşitlik 3 gelecek generasyonun ebeveynleri olarak seçilen bireylerin bir sonucu olarak beklenen genetik ilerlemeyi ifade etmektedir:

$$\begin{aligned} \Delta G &= \frac{h^2(P_{baba} - \bar{P}_{baba})}{2} + \frac{h^2(P_{ana} - \bar{P}_{ana})}{2} \\ &= h^2 \frac{[(P_{baba} - \bar{P}_{baba}) + (P_{ana} - \bar{P}_{ana})]}{2} \\ &= h^2 \frac{[S_{baba} + S_{ana}]}{2} \end{aligned}$$

Beklenen genetik değişiklik, kalıtım derecesi ile ebeveynlerin seleksiyon üstünlüğünün ortalamasının çarpımıyla hesaplanabilir. Daha önceki dersimizde kalıtım derecesinin nasıl tahmin edileceğini öğrenmiştik, burada ebeveyn performans ortalamasının nasıl hesap edileceğini öğreneceğiz.

## Seleksiyon Üstünlüğü

Ebeveynlerin performans ortalamasının popülasyon ortalamasından sapması seleksiyon üstünlüğü olarak tanımlanır. Seleksiyon üstünlüğünün hesaplanması, ebeveyn olarak seçilen hayvanların hangi hayvanlar olduklarını bildiğimiz zaman oldukça kolaydır.

Seleksiyon üstünlüğünü hesap etmek için, ilk olarak her bir dölün ana ve babasının performanslarının toplanmasıyla işe başlanır. Performans değerlerinin sayısı döl performans değerlerinin sayısının iki katı olmalıdır. Ortalama, 'ağırlıklı ortalama' olarak adlandırılır çünkü her ebeveyn ortalama  $n$  (ürettiği döl sayısı kadar) kadar temsil edilir. On döl üreten erkek ebeveyn ortalama 10 kez dahil edilirken 1 döl üreten bir dişi ebeveyn ortalama 1 kez dahil edilir. Her döl bir dişi ve bir erkek ebeveyne sahip olduğu için, her döl için bir erkek ve bir dişi ebeveyn performansı hesap edilmelidir. Grup (popülasyon) ortalaması da ana ve babanın ait olduğu popülasyon ortalamasına katkıda bulunan hayvanların ortalama performanslarının bir ölçüsüdür. Ortalama ebeveyn performanslarını hesap ettiğimiz her bir anda, popülasyon ortalamasını da hesaba katmak durumundayız. Seleksiyon üstünlüğü bu ağırlıklı ortalamaların farkına eşittir.

### ***12 Aylık Canlı Ağırlık için Seleksiyon Üstünlüğünün Hesaplanması***

Boğa: 12 aylık canlı ağırlığı 436 kg

İki İnek: birisi 427 ve 425 kg

Popülasyon ortalaması: 410 kg

$$\bar{P}_S = \bar{P}_{ebeveyn} = \frac{436 + 427 + 436 + 425}{4} = 431$$

$$\bar{P}_P = \bar{P}_{populasyon} = \frac{410 + 410 + 410 + 410}{4} = 410$$

$$S = (\bar{P}_S - \bar{P}_P) = (431 - 410) = 21$$

### ***Günlük ortalama Canlı Ağırlık Artışı için Seleksiyon Üstünlüğünün Hesaplanması***

Boğa: 2.65 kg

Üç İnek: 2.55, 2.65 ve 2.75 kg

Popülasyon ortalaması: boğa için 2.55 ve inekler için 2.45 kg

$$\bar{P}_S = \bar{P}_{ebeveyn} = \frac{2.65 + 2.65 + 2.65 + 2.55 + 2.65 + 2.75}{6} = 2.65$$

$$\bar{P}_P = \bar{P}_{populasyon} = \frac{2.55 + 2.55 + 2.55 + 2.45 + 2.45 + 2.45}{6} = 2.50$$

$$S = (\bar{P}_S - \bar{P}_P) = (2.65 - 2.50) = 0.15$$

## Seleksiyon Üstünlüğünün Tahmini

Seleksiyon programından sağlanacak genetik ilerlemeyi henüz ebeveynler bile doğmadan tahmin edebilseydik, genetik ilerleme bakımından en avantajlı programı uygulayabilirdik.

Kalıtım derecesi üzerinde çalışılan özellik bakımından genellikle sabittir ancak seleksiyon üstünlüğü önemli derecede farklılık gösterir. Çoğu kantitatif özelliğin normal dağılım gösterdiği gerçeğinden yola çıkarsak, seleksiyon üstünlüğünü tahmin etmek için normal dağılımın özelliklerinden faydalanabiliriz. 12 aylık canlı ağırlık bakımından seleksiyon üstünlüğü 48 kg, standart sapma ise 96 kg ise, o zaman seleksiyon üstünlüğünü standart sapmanın yarısı cinsinden ifade edebiliriz.

Benzer şekilde, günlük ortalama canlı ağırlık artışı özelliği bakımından seleksiyon üstünlüğü 0.15 ve standart sapması 0.30 ise seleksiyon üstünlüğü standart sapmanın yarısı kadardır. Seleksiyon üstünlüğünü fenotipik standart sapmaya bölersek o zaman standardize edilmiş seleksiyon üstünlüğünü elde edebiliriz. Standardize edilmiş seleksiyon üstünlüğü '*seleksiyon intensitesi*'ya da '*i*' olarak adlandırılır ve bu değer özelliğin ölçüm (skala) büyüklüğünden bağımsızdır:

$$i = \frac{S}{\sigma_p} = \frac{(\bar{P}_S - \bar{P}_P)}{\sigma_p}$$

Üzerinde durulan özellik normal dağılım gösteriyor ve kitle seleksiyonu uygulanıyor ise, seçilenlerin yüzdesini bildiğimiz vakit Tablo 1'i kullanarak seleksiyon intensitesini hesaplayabiliriz. Çoğu kantitatif özelliğin normal dağılım gösterdiğini daha önceden belirtmiştik. Kitle seleksiyonunun mantığı şudur ki, hayvanları en iyiden en kötüye doğru sıralanır ve ihtiyaç duyulan en iyil yüzdesi (oranı) seçilir. Tablo 1'de de görüldüğü gibi seçilenlerin yüzdesi %70 olduğunda seleksiyon intensitesi 0.5 demektir.

## Genetik İlerleme

Hangi seleksiyon programının en iyi olduğunu belirlemek, mümkün olan her programdan beklenen genetik ilerlemenin bilinmesini gerektirir. Genetik ilerlemenin hesaplanması için, seleksiyonda isabet derecesini, seleksiyon yoğunluğunu, üzerinde durulan özelliğin fenotipik standart sapmasını ve generasyonlar arası süreyi bilmek gerekir. Basitçe, generasyon başına düşen genetik ilerleme miktarını hesaplamak için kullanılacak formül şöyledir:

$$\Delta G = h^2(\bar{P}_S - \bar{P})$$

Seleksiyon üstünlüğünü, elimizde bulunan bilgilere göre iki şekilde hesaplayabiliriz:

$$(\bar{P}_S - \bar{P}) = (474 - 450) = 24 \text{ kg}$$

ya da

$$(i \cdot \sigma_p) = \left( \frac{1}{2} \cdot 48 \right) = 24 \text{ kg}$$

Bir karakterin fenotipik standart sapması ,  $\sigma_p$  , daha önceki bölümlerde formüller yardımı ile hesaplanabilir. Eğer bunu hesaplayacak kadar büyük bir sürü yoksa ya da bir yaklaşım gerekirse, o zaman verilerdeki en büyük ve en küçük değer arasındaki miktarı 4'e bölerek standart sapmanın yaklaşık değerini hesaplayabiliriz. Bunu şu gerçeği göz önünde bulundurarak söylemekteyiz; bir normal dağılımda gözlemlerin %95'inin  $\mu \pm 2\sigma$  aralığında olması beklenir (toplam gözlemlerin en büyüğü ve en küçüğü arasındaki farkı  $4\sigma$  ile yaklaşık olarak hesaplanabilir).

Seleksiyon yoğunluğu (i) aşağıdaki tablodan sağlanabilir. Bu tablo büyük bir populasyon olduğunu var sayar. Seleksiyon yoğunluğu küçük populasyonlar için tablodaki değerlerden daha düşük olacaktır (mesela 20 bireyden az olan populasyonlarda), özellikle populasyonun küçük bir yüzdesi seleksiyonla ayrılırsa. Bunun sebebi şundandır, küçük populasyonların normal dağılım göstermeleri beklenemez. Aşağıdaki tabloyu kullanmak için, ilk önce seleksiyonla ayrılan bireylerin yüzdesini bilmemiz gerekir. Eğer karakter normal dağılım gösteriyorsa, o zaman seleksiyon yoğunluğu ile standart sapmayı çarparak seleksiyon üstünlüğünü bulabiliriz.