

TC
SÜLEYMAN DEMİREL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ON POPULASYONLU ANADOLU KARAÇAMI [*Pinus nigra*
Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe] AĞAÇLANDIRMA
DENEMESİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİK

(9 Yıllık Sonuçlar)

MEHMET AKÇAKAYA

Danışman: Yrd. Doç. Dr Süleyman GÜLCÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ
ORMAN MÜENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI
ISPARTA-2011

TEZ ONAYI

Mehmet AKÇAKAYA tarafından hazırlanan “On Populasyonlu Anadolu Karaçamı [*Pinus nigra* Arnold. Subsp. *Pallasiana* (Lamb) Holmboe] Ağaçlandırma Denemesinde Genetik Çeşitlilik (9 Yıllık Sonuçlar)” adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından oy birliği / oy çokluğu ile Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Mühendisliği Anabilim Dalı’nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman: Yrd.Doç Dr.Süleyman GÜLCÜ

Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri.

Doç.Dr. Atila GÜL

Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Fakültesi Peyzaj Mimarlığı Anabilim Dalı

:Yrd. Doç. Dr. Ayşe DELİGÖZ

Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Anabilim Dalı

Doç. Dr. Cengiz KAYACAN
Enstitü Müdürü

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
İÇİNDEKİLER	i
ÖZET	iii
ABSTRACT	iv
TEŞEKKÜR	v
ŞEKİLLER DİZİNİ	vi
ÇİZELGELER DİZİNİ	vi
1. GİRİŞ	1
1.1 Türün Genel Özellikleri	4
1.2 Anadolu Karaçamının Ülkemizdeki Yayılışı	6
1.3 Varyasyon Kaynakları ve Bileşenleri	6
1.4 Populasyon Genetiği ve Canlılarda Gözlenen Karakterler	9
2. KAYNAK ÖZETLERİ	11
3. MATERYAL VE YÖNTEM	25
3.1 Materyal	25
3.1.1. Çalışma Alanının Tanıtımı	25
3.2 Yöntem	26
3.2.1 Ölçülen karakterler	27
3.2.1.1 Fidan boyu (FB)	27
3.2.1.2 Dal açısı (DA)	28
3.2.1.3 Yaşama yüzdesi (YY)	29
3.2.1.4 Dal kalınlığı (DK) ve Dal sayısı (DS)	29
3.3 Verilerin Değerlendirilmesi	30
3.3.1 Varyans analizleri	30
3.3.2. Kalıtım derecelerinin ve genetik kazancın tahmini	35
3.3.3. Genetik ve fenotipik korelasyonlar	41
4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA	43
4.1 Ölçülen Karakterler Bakımından Populasyonların Karşılaştırılması	43
4.1.1 Fidan boyu	43
4.1.2 Dallanma karakterleri	44
4.1.3 Yaşama yüzdesi	48

4.2 Genetik eřitlilik, Kalıtım Dereceleri ve Genetik Kazan	49
4.3 Genetik ve Fenotipik Korelasyonlar	54
5. SONU	56
6. KAYNAKLAR	60
ÖZGEMİŐ	67

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

ON POPULASYONLU ANADOLU KARAÇAMI [*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe] AĞAÇLANDIRMA DENEMESİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİK (9 Yıllık Sonuçlar)

Mehmet AKÇAKAYA

Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Orman Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Yrd.Doç.Dr. Süleyman GÜLCÜ

Bu çalışmada 10 farklı orijinli Anadolu Karaçamı [*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe] populasyonuna ait fidanlarla tesis edilen ağaçlandırma denemesinin dokuzuncu yılında bazı adaptif karakterler bakımından genetik çeşitlilik düzeylerinin belirlenmesi ve bu kapsamda bazı genetik ve fenotipik parametreler ile genetik kazanç miktarlarının tahmin edilmesi amaçlanmıştır.

Deneme Aydoğmuş/Keçiborlu/Isparta ağaçlandırma sahasında Göller Yöresinden örneklenen 10 doğal populasyondan örneklenen tohumlardan yetiştirilen 2+0 yaşlı fidanlarla 2001 yılında 3 yinelemeli rastlantı parselleri deneme desenine uygun olarak kurulmuştur. Denemede her populasyondan 10'ar aileye ait fidanlar her yinelemede 10 bireyle temsil edilmiştir. 2010 yılı itibarıyla 9. yaşına ulaşan denemede fidan boyu (cm), dal açısı (derece), yaşama yüzdesi, dal sayısı (adet), dal kalınlığı (mm) gibi bazı karakterler ölçülmüştür. Bu bağlamda ölçülen ve gözlenen karakterler bakımından populasyonlar arası ve populasyon içi genetik çeşitlilik, kalıtım derecesi ve genetik kazanç tahmin edilmiştir. Ayrıca araştırmaya konu olan ve 9. yılda arazide ölçülen karakterler arasındaki genetik ve fenotipik korelasyonlar hesaplanmıştır. Buna göre ölçülen karakterler bakımından gerek populasyonlar arasında gerekse populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde farklılıklar ortaya çıkmıştır.

Anahtar kelimeler: Anadolu Karaçamı [*Pinus nigra* Arnold. subsp. *Pallasiana* (Lamb) Holmboe], Genetik çeşitlilik, Kalıtım Derecesi, Genetik Kazanç

2011, 67 sayfa

ABSTRACT

M.Sc. Thesis

GENETIC DIVERSITY OF REFORESTATION TRIALS WITH TEN POPULATIONS OF ANATOLIAN BLACK PINE [*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe] (9 Year Results)

Mehmet AKÇAKAYA

Süleyman Demirel University Graduate School of Applied and Natural Sciences
Forest Engineering Department

Supervisor: Yrd.Doç.Dr. Süleyman GÜLCÜ

In this study it was aimed to determine genetic diversity level of afforestation trials in the ninth year, established with seed stand of different origin Anatolian Black Pine [*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe] in the sense of specific adaptive characteristics and in this sense estimate the amount of genetic gain with specific genetic and phenotypic parameters.

2+0 year old sapling grown from seeds ensampled from 10 natural populations from Region of Lakes in Aydoğmuş/Keçiborlu/Isparta afforestation field and 3 iterative random parcels of 2001 were found to be suitable to trial pattern. In the trial saplings of 10 family from each population were represented with 10 individuals. By 2010, some characteristics such as sapling height (cm), stem angle (level), survival percent, number of sapling (piece), sapling thickness (mm) were measured in the 9th year of trial. In this frame, inter-population and intra-population genetic diversity, level of heritage and genetic gain were estimated in the sense of measured and observed characteristics.

Moreover genetic and phenotypic correlations which are the subject of research and characteristics measured in the 9th year were calculated. According to this, there are important statistical differences in the sense of characteristics measured both among populations and among families within populations.

Key words: Anatolian Black Pine [*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe, genetic diversity, Heritability, Genetic gain

2011, 67 pages

TEŞEKKÜR

Tez çalışmasının başlangıcından sonuçlandırılmasına kadar geçen süreçte bilgi ve tecrübesi ile çalışmalarına ışık tutan, ilgi ve desteğini tez çalışmasından önce lisans Eğitimim boyunca da esirgemeyen, bilimsel deneyimi yanında hayat tecrübelerinden de bir rehber gibi her zaman ve her an yararlandığım tez danışmanım Yrd.Doç. Dr. Süleyman GÜLCÜ'ye teşekkürlerimi sunarım.

Tezimin hazırlanmasının her aşamasında yardımlarını esirgemeyen, verilerin değerlendirilmesinde de üstün gayretlerinden istifade ettiğim değerli sınıf arkadaşım Orman Yüksek Mühendisi Sultan ÇELİK UYSAL'a teşekkür ederim

Arazi çalışmaları boyunca her türlü yardımı esirgemedi ve zamanında yapan, arazi çalışmalarında da bizzat beraber olan değerli meslektaş büyüğüm Keçiborlu İşletme Şefi sayın Mehmet DEMİREKİN'e ayrıca çok teşekkür ederim.

Arazi çalışmalarında özveriyle çalışarak ölçümlerde yardımcı olan değerli arkadaşlarım Orhan AKKAYA, Cengiz BARCIN, Fatih SÜNBÜL, Fatma AKKAYA ve Hamide YAVUZ'a da teşekkür ederim.

Tez çalışmalarım boyunca her türlü desteklerini esirgemeyen mesai arkadaşlarımdan Isparta Orman İşletme Müdürü Ramazan BALCI, İşletme Müdür Yardımcısı Ahmet GÜNEŞ, Kadastro Mülkiyet Şefi Yeliz A.ÇATAL Isparta İşletme şefi Sibel KORKMAZ, Dazkırı Şefi, Cumhur GAFAR, Dinar Şefi Özlem GAFAR'a da ayrıca teşekkür ederim.

Ayrıca Tez çalışmalarım süresince yardımlarını esirgemeyen Süleyman ERİŞEL, Mehmet GÜLBAŞ, Mehmet DEMİRKOL ve Ferda Nur ŞENER arkadaşlarıma teşekkürü bir borç bilirim

Mehmet AKÇAKAYA

ISPARTA, 2011

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Deneme alanının uydudan görünümü	26
Şekil 3.2. Deneme deseni (P1A5= Birinci populasyonun beşinci ailesine ait fidanlar P3A8= üçüncü populasyonun sekizinci ailesine ait fidanlar)	27
Şekil 3.3. Fidan boyu ölçümü	28
Şekil 3.4. Dal açısı ölçümü	29
Şekil 3.5. Dal kalınlığı ölçümü	30
Şekil 4.1. Populasyonların fidan boyu ortalamaları	44
Şekil 4.2. Populasyonların dal kalınlığı ortalamaları	46
Şekil 4.3. Populasyonların dal sayısı ortalamaları	47
Şekil 4.4. Populasyonların dal açısı ortalamaları	48
Şekil 4.5. Çalışılan karakterler için değişik seleksiyon yoğunluklarına göre tahmin edilen toplam genetik kazanımları	54

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Çalışmaya konu olan populasyonlara ait bazı bilgiler	25
Çizelge 3.2. Çalışılan karakterlerin varyans analizleri için kullanılan karma model ve beklenen kareler ortalamaları, Fidan boyuna ait varyans analizi sonuçları	33
Çizelge 3.3. Gözlenen karakterlerin analizinde kullanılan ANOVA modeline göre varyans bileşenleri için hesaplanan katsayılar	34
Çizelge 4.1. Fidan boyuna ait varyans analizi sonuçları	43
Çizelge 4.2. Fidan boyuna ait Duncan testi sonuçları	44
Çizelge 4.3. Dal kalınlığına ait varyans analizi sonuçları	45
Çizelge 4.4. Dal kalınlığına ait Duncan testi sonuçları	45
Çizelge 4.5. Dal sayısına ait varyans analizi sonuçları	46
Çizelge 4.6. Dal açısına ait varyans analizi sonuçları	47
Çizelge 4.7. Populasyonların ortalama yaşama yüzdeleri.....	48
Çizelge 4.8. Gözlenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranları ve bazı genetik parametreler.....	51
Çizelge 4.9. Gözlenen karakterlerde $S_1=1/100$ ($i_1=2.508$) ve $S_2=1/25$ ($i_2=1.965$) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç	52
Çizelge 4.10. Gözlenen karakterlerde $S_1=5/100$ ($i_1=2.018$) ve $S_2=1/25$ ($i_2=1.965$) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç	52
Çizelge 4.11. Gözlenen karakterlerde $S_1=10/100$ ($i_1=1.730$) ve $S_2=1/25$ ($i_2=1.965$) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç	52
Çizelge 4.12. Gözlenen karakterlerde $S_1=15/100$ ($i_1=1.536$) ve $S_2=1/25$ ($i_2=1.965$) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç	52
Çizelge 4.13. Gözlenen karakterlerde $S_1=20/100$ ($i_1=1.386$) ve $S_2=1/25$ ($i_2=1.965$) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç	53

Çizelge 4.14. Gözlenen karakterlerde $S_1=25/100$ ($i_1=1.259$) ve $S_2=1/25$ ($i_2=1.965$) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç.....	53
Çizelge 4.15. Gözlenen karakterler arasında genetik korelasyonlar ve standart hataları (diyagonalların sol alt kısmı) ile fenotipik (diyagonalların sağ üst kısmı) korelasyonlar	55

1. GİRİŞ

Uzun yıllardan beri arařtırmacılar tarafından birçok bitki türü üzerinde ıslah çalışmaları, yürütölmektedir. Islah çalışmaları zirai bitki türlerinde, orman bitki türlerinden daha önce arařtırılmaya başlanmıştır. Islah her hangi bir canlı türünde gen havuzunun insanlar tarafından kendi ihtiyaçlarını daha iyi karşılayabilecek şekilde, zamanla deęiřtirilmesi anlamına gelmektedir (Gölcü, 2002).

Islah çalışmaları kapsamına alınan bitki türleri arasında orman ağacı türleri son yıllarda önemli bir yer tutmaya başlamıştır. Bu, dünya’da nüfus artışı ile beraber deęişen ve gelişen insan ihtiyaçları içerisinde orman ürünlerine olan talebin artmasından kaynaklanmaktadır. Bu talebi karşılamak için ormanlarımız üzerinde bir baskı oluşmaktadır. Doğal ormanlarımızın tahrip olması ile beraber genetik çeşitlilik tabanı gittikçe daralmaktadır. Ekonominin deęişen isteklerine uygun kalitede ve gelişme potansiyeline sahip ormanların yetiřtirilmesinin hedeflenmesi, orman ağaçlarının kalıtsal özelliklerinden ve varyasyonlarından faydalanmayı zorunlu hale getirmiştir. Orman kaynaklarımıza yönelik baskının azaltılması ve giderek artan odun açığının kapatılması amacıyla yapılan endüstriyel plantasyonlar için, ıslah edilmiş genetik materyal kullanılması son derece önem taşımaktadır. “Ormancılık Ana Planı” verilerine göre ölkemizin endüstriyel odun hammaddesi açığının 2010 yılında 6.6 milyon metreküp (Anonim, 1988), 2020 yılında en az 40 milyon metreküp olacağı dikkate alındığında, genetik ıslah çalışmalarının önemi belirgin olarak ortaya çıkmaktadır. Bu bağlamda, genetik prensiplere uygun olarak orman ağaçlarının ıslahı, özellikle orman ürünlerine olan talebin artmasına baęlı olarak son 40 yılda yoğunlaşmıştır. Bu konuda, ABD, Yeni Zelanda, Şili, Güney Kore, Brezilya ve İsveç gibi birçok ölkede önemli gelişmeler elde edilmiştir. Bu ölkeler, ormancılık faaliyetlerinde genetik kalitesi yüksek materyal (tohum ve fidan) kullanarak, ekonominin isteklerine uygun birim alandan daha kısa sürede çok daha fazla ve kaliteli odun hammaddesi üretebilmekte ve böylece hammadde ihtiyacının önemli bir bölümünü karşılayabilmektedir. Türkiye’nin 20 milyon hektardan fazla olan doğal orman alanlarından üretebildiğı endüstriyel odun hammaddesi, 1993 yılında 7 milyon metreküp iken, Yeni Zelanda 1.5 milyon hektarı bulan plantasyonlarından yıllık 17

milyon metreküp odun hammaddesi üretmekte ve bu üretimin yaklaşık yarısını ihraç etmektedir (Birlir, 1995).

Anadolu Karaçamı ülkemizde kızılçam'dan sonra en geniş doğal yayılış alanına sahip olan tür olup, Milli Ağaç Islahı ve Tohum Üretimi Programı'nda birinci derecede önemli, entansif ıslah çalışmalarına konu olan türler arasında ise ikinci sırada yer almaktadır (Koski ve Antola, 1993; Öztürk ve Şıklar, 2000). Bu yönde, ülkemizde Anadolu Karaçamı ıslah çalışmaları kapsamında bu güne kadar 84 tohum meşçeresi, 24 gen koruma ormanı ayrılmış, 55 tohum bahçesi tesis edilmiştir. Anadolu Karaçamı, kurak ve verimsiz alanların yeniden ağaçlandırılması amacıyla hazırlanan programlarda en çok tercih edilen türlerin başında gelmektedir. Bunun nedeni Anadolu Karaçamı'nın doğal olarak stepe en fazla yaklaşan çam türümüz olmasıdır (Saatçioğlu, 1976; Atalay, 1977). Bu türün gerek yayılış alanı bakımından, gerekse oluşturduğu ormanların sağladığı ekonomik, sosyal ve kolektif-kültürel yararları bakımından Türkiye ormancılığında ayrıcalıklı bir yeri bulunmaktadır. Diğer yandan, odunu işlenerek ve işlenmeden, inşaat malzemesi, ambalaj, maden direği, selüloz ve kâğıt endüstrisinde geniş alanda kullanılmaktadır.

Genetik ıslah çalışmalarına konu olacak türlerin geniş doğal yayılış alanına sahip olması aranan unsurların başında gelmektedir. Çünkü türün doğal yayılış alanı ile o türün, toplumun orman ürün ve hizmetlerine olan ihtiyacını karşılamadaki payı doğru orantılıdır (Namkoong et al, 1988).

Genetik ıslah çalışmalarında tür seçimi konusunda etkili olan bir diğer unsur da genetik materyal ihtiyacıdır. Ormancılık çalışmalarında genetik materyale olan ihtiyaç türün temel gençleştirme şekline bağlıdır. Özellikle yapay yolla gençleştirilen türlerle, plantasyon ormancılığına konu olan türlerde genetik materyal ihtiyacı daha fazladır. Ülkemizde ağaçlandırmalarda yaygın olarak kullanılan türlerden biri olan karaçam hem soğuk iklimde hem de ılıman iklimde yetişebilir. Yaz kuraklığına, kar yağışlarına ve geniş aralıkta görünen sıcaklık ve yağış değişmelerine karşı dayanıklı bir türdür (Genç, 2004). Anadolu karaçamının ülkemizde geniş doğal yayılış alanı bulunmasına rağmen bu alt tür ile yapılan ağaçlandırma çalışmaları çoğu zaman

başarısızlıkla sonuçlanmaktadır. Bu başarısızlığın en önemli nedenlerinden biri de, bu güne kadar bu alt türe ait ıslah çalışmalarının etkin olarak yürütülememesi ve ağaçlandırma çalışmalarında kullanılan tohum kaynaklarının değişik çevre şartlarına uyumlarının tam olarak belirlenememiş olmasıdır. Bunu gerçekleştirmek için de, Türkiye’de Anadolu karaçamı doğal populasyonlarına ait populasyonlar arası ve populasyonlar içi genetik çeşitlilik, kalıtım değerleri, karakterler arasındaki genetik ilişki vb. parametrelerin bilinmesi gerekmektedir. Temerit ve Kaya (1997), tarafından gerçekleştirilen bir araştırma çalışmasında, bu alt türe ait genetik parametrelerin populasyonlar arası ve populasyon içinde yüksek derecede genetik çeşitliliğe sahip olduğu ve Anadolu karaçamında doğal populasyonların genetik yapılarını daha iyi anlayabilmek için, fazla sayıda populasyonlarda buna benzer çalışmaların yürütülmesi önerilmektedir. Bunların yanı sıra, ülke genelinde erozyon ve bozulan doğal dengenin kısa sürede onarılması gibi zorunluluklarımızın olduğu da düşünülecek olursa, ağaçlandırma çalışmalarında nitelikli ve hızlı çalışmanın önemi daha net olarak ortaya çıkmaktadır.

Yukarıda belirtilen nedenlerle 2000 yılında Anadolu karaçamı’nın yoğun olarak yayılış gösterdiği Göller Yöresi’nde 23 doğal Anadolu karaçamı populasyonunda fidecik ve fidan özellikleri incelenmiştir (Gülcü, 2002). Bunlar arasından seçilen 10 populasyon, 2001 yılında Aydoğmuş/Keçiborlu/Isparta ağaçlandırma sahasında denemeye alınmıştır. Bu çalışma kapsamında 2001 yılında fidecik ve fidan karakterleri bakımından genetik çeşitlilik düzeyleri belirlenerek, araziye aktarılan bu 10 populasyona ait fidanlarda 9 yıllık sonuçlar değerlendirilmiştir.

Bu çalışmanın amacı;

- Teze konu olan Anadolu karaçamı populasyonlarında ölçülecek karakterler bakımından populasyonlar arası ve populasyonlar içi aileler arası genetik çeşitlilik düzeyini belirleyerek, kalıtım derecelerini ve genetik kazancı tahmin etmek,
- Denemeye alınan doğal populasyonlar arasında, Aydoğmuş deneme alanı ve

benzer yetiştirme ortamı özelliklerine uygun ekonomik ve adaptasyon kabiliyeti yüksek doğal tohum kaynaklarını belirlemektir.

Bu doğrultuda deneme alanında fidan boyu, dal açısı, yaşama yüzdesi, dal sayısı, dal kalınlığı gibi bazı karakterler ölçülmüştür. Ölçülen ve gözlenen karakterler bakımından populasyonlar arası ve populasyonlar içi genetik çeşitlilik ile kalıtım derecesi ve genetik kazanç tahmin edilmiştir. Ayrıca çalışmaya konu edilen populasyonlara ait fidan özellikleri ile 9. yılda arazide ölçülen karakterler arasındaki genetik ve fenotipik korelasyonlar hesaplanmıştır.

1.1. Türün Genel Özellikleri

Dünya üzerinde çok geniş bir alanda, parçalı küçük alanlar halinde yer alan Karaçam'ın asıl yayılış alanı, Güney Avrupa'dan başlamakta ve bunlardan Anadolu Karaçamı, Balkanlar, Güney Karpatlar, Kırım, Kıbrıs, Suriye ve Nihayet asıl olarak Türkiye'de de yayılış göstermektedir (Yaltırık, 1993).

Karaçamın ilk tanımlamasının 1768 yılında yapıldığı ve taksonomisinin de oldukça karmaşık olduğu belirtilmektedir (Vidakoviç, 1991). Keza karaçamın dünya üzerinde doğal yayılış gösteren 5 alt türü bulunmaktadır (Alptekin, 1986a).

Pinu nigra ssp. nigra: Avusturya Karaçamı
ssp. laricio (poiret) Maire: Korsika Karaçamı
ssp. dalmatica (Vis.) Franco: Dalmaçya Karaçamı
ssp. salzmanni (Dunal) Franco: Pirene Karaçamı
ssp. pallasiana (Lamb) Holmboe: Anadolu Karaçamı

Ülkemizde Anadolu Karaçamı boylu birinci sınıf orman ağaçlarından. Yaşlı gövdesi derin çatlaklı, kalın ve esmer kabukları vardır. Sarıçama göre daha kalındır. Bol reçineli olan tomurcukları büyük, silindirik ve uçları da sivridir. Tomurcuk pullarının kenarları kirpiklidir. İğne yaprakları 4-8 cm uzunluğunda koyu, yeşil ve serttir. Sürgün uçlarında bulunan yapraklar ise tomurcuğa doğru yönelmiş olduğundan çanak görünümünde bir boşluk meydana getirirler. İğne yaprakların

kenarları ince dişli, uç kısımları serleşmiştir ve iğne gibi batıcıdır. Erkek ve dişi çiçekler soluk sarı renkli olmasına karşın, dişi kozalaklar parlak saman sarısı renktedir. Yumurtamsı-konik şeklindeki kozalakları, sarıçam kozalaklarının aksine, simetriktir ve yok denecek kadar kısa saplıdır. Kalkan çıkık, göbek koyu renklidir. Kozalağın uç kısmındaki karpellerin çoğunun göbeğinde iğne gibi ufak bir dikenimsi çıkıntı bulunur. Kozalak boyu 3,5-10 (-12) cm. arasında değişmektedir (Yaltırık ve Efe, 1994).

Ülkemizde karaçam Trakya, karadeniz (Doğu Karadeniz hariç) Ege, Marmara, İç ve Doğu Anadolu'da bulunur. Karadeniz'de Yeşilırmağın batısında görülür. İbrelilerden Türkiye'de bozkıra en çok sokulan asli orman ağacı türümüzdür. Yayılış alanında daima denize bakan yamaçlardan kaçır, denize kapalı kısımları tercih eder. Bozkırda genellikle kar yağışlarının görülmesi ve yeterince suyun bulması yanında, karaçamanın kazık kök geliştirip bu rezerv suya ulaşabilme yeteneğinde oluşu bunda etkilidir. Anadolu karaçamanı, Batı ve Orta Karadeniz Bölümünde 400-1400 m'lerde saf meşçereler halinde, 1400-1700 m'lerde sarıçamla birlikte görülür. Batı Karadeniz'de özellikle göknar ve meşe türleri ile bulunur. İç Anadolu step sınırlarında 900 m'ye kadar meşçere halinde yaylalarda 1400 m'ye kadar münferit halde bulunur. Akdeniz Bölgesinde Toroslar'da 1200-2100 m' lerde arasında görülür. 2300 m'ye kadar çıktığı yerlerde mevcuttur. Ege ve Marmara Bölgelerinde genellikle 800-1000 m'ler arasında kızılçam ile 1000 m'den sonra saf olarak karşımıza çıkar (Genç, 2004).

Ayrıca, ekonomik değeri bakımından da oldukça önemli bir tür olan Anadolu karaçamanı, ülkemizde Kuzey Anadolu'da Tokat ve Güney Anadolu'da Kahramanmaraş illeri arasında çekilecek bir sınırın batısında saf ve karışık meşçereler halinde bulunmaktadır (Saatçioğlu, 1976). Batı Anadolu ve özellikle Güney Anadolu'da Toroslarda çok güzel ormanlar oluşturmaktadır.

1.2. Anadolu Karaçamının Ülkemizdeki Yayılışı

Karaçam bu kadar geniş yayılış alanında, değişik yetişme ortamı koşulları nedeniyle büyük bir varyasyona sahip olması beklenmektedir (Ürgeç, 1982; Saatçiođlu, 1971). Ülkemizde bugüne kadar gerçekleştirilen araştırma çalışmaları ile Anadolu karaçanı'nın dört varyetesi bulunmuştur (Yaltırık, 1988) .

Bunlar;

Pinus nigra var. *pallasiana* (Syn: *P. pallasiana* Lamb., *P.nigra* var. *caramanica* (Louden): Rehder-Anadolu Karaçanı

var. *pyramidata* (Acatay): Yaltırık-Ehrami Karaçanı

var. *şeneriana* (Saatçiođlu): Yaltırık-Ebe Karaçanı

var. *yaltırıkiana* Alptekin, var. *Nova*-Büyük Kozalaklı Karaçanı

1.3. Varyasyon Kaynakları ve Bileşenleri

Canlılara ait herhangi bir karakter üzerinde fenotipik olarak yapılan ölçüm ve gözlemler, o canlının genotipi ve bulunduğu çevresel koşulların etkisi ile ortaya çıkmaktadır. Başka bir deyişle, kantitatif kalıtımda gen etkisi çok küçüktür ve bu özellikler çevrenin etkisine göre, büyük ölçüde deđişim göstermektedirler. Bu nedenle, kantitatif karakterlerde fenotip- genotip eşitliđi söz konusu deđildir (Şimşek, 1993). Bu durumda canlılara ait herhangi bir karakterde yapılan ölçüm ve gözlemler için aşıđıdaki eşitlik geçerlidir (Shelbourne, 1969; Alptekin, 1986b; Falkoner, 1989; Işık, 1998).

$$P = G + E$$

P= Ölçülen ya da gözlenen karakterin fenotipik deđeri

G= Ölçülen ya da gözlenen karaktere ait genotipik deđer

E= Çevresel etkenlerin neden olduđu sapma

Çevresel etkilerden kaynaklanan sapmanın (E) tamamen ortadan kaldırılması, yani bireylerin her açıdan aynı çevre koşulları altında yetiştirilmesi durumunda gözlenen karakterin fenotipik değeri (P), genotipik değerine (G) eşit olmaktadır (Işık, 1998).

Genotipik değer, genlerin davranışlarına göre kendi içinde bileşenlerine ayrılmaktadır. Kantitatif karakteri kontrol eden genlerin eklemeli (additive) davranışları sonucunda eklemeli genetik değer ortaya çıkmaktadır. Genotipik değer bir diğer kaynağı da bir lokusta yer alan alleller arasında görülen baskınlık derecesidir. Bu durumda bir lokusa ait genotipik değer, allellerin davranışına göre eklemeli (A) ve dominant (D) değerlerinin toplamına eşit olmaktadır (Shelbourne, 1969; Falconer, 1981).

$$G = A + D$$

$$A = \text{Eklemeli etki}$$

$$D = \text{Dominant sapma}$$

Kantitatif karakteri kontrol eden genler üzerinde birden fazla lokus olması durumunda, ortaya çıkacak genotip üzerinde lokuslar arası etkileşimler de etkili olmaktadır. Lokuslar arasındaki etkileşimler dikkate alındığında, genotipik değer eklemeli (A), dominant (D) ve lokuslar arasındaki etkileşim (I) değerlerinin toplamına eşit olmaktadır (Shelbourne, 1969; Demir ve Turgut, 1999).

$$G = A + D + I$$

Bu durumda, canlılarda gözlenen bir kantitatif karakter için ölçülen fenotipik değer, eklemeli (A), dominant (D) ve etkileşim (I) genetik değerleri ile çevresel etkilerden kaynaklanan sapmanın (E) toplamına eşit olmaktadır.

$$P = A + D + I + E$$

Populasyon düzeyinde düşünülduğünde; genetik varyans, genlerin davranışlarından ve karşılıklı etkileşimlerinden, çevresel varyans ise, çevre koşullarının neden olduğu farklılıklardan ileri gelmektedir. Herhangi bir karakter bakımından populasyon düzeyinde ölçülen fenotipik varyans; eklemeli, dominant ve etkileşim genetik varyansları ile çevresel varyanstan kaynaklanan sapmanın toplamına eşittir (Falconer, 1981).

$$\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_E$$

$$\sigma^2_P = \text{Populasyon düzeyinde gözlenen fenotipik varyans}$$

$$\sigma^2_A = \text{Eklemeli genetik varyans}$$

$$\sigma^2_D = \text{Dominant genetik varyans}$$

$$\sigma^2_I = \text{Etkileşim genetik varyans}$$

$$\sigma^2_E = \text{Çevresel varyansın neden olduğu sapma}$$

Populasyonlar arasındaki genetik farklılığın bir ölçüsü olarak nitelendirilen genetik varyans, ne kadar yüksek olursa seleksiyon ile arzu edilen iyileştirmeyi sağlama olasılığı da o oranda artmaktadır. Eklemeli genetik varyans, bir karakter bakımından döllerin, ebeveynlerinin ortalamalarına yakın olması olarak açıklanmaktadır. Eklemeli olmayan genetik varyans ise, genlerin dominant ve epistatik etkileri ile bir karakter için döllerin, ebeveynlerinin ortalamasından sapmaları ile ortaya çıkmaktadır (Işık, 1998). Akrabalar arasındaki benzerlikler genetik varyansın eklemeli olan kısımlarında kendilerini göstermektedirler (Zobel and Talbert, 1984).

Islah çalışmalarının esas ilgi alanını eklemeli genetik varyans oluşturmaktadır. Çünkü eşeyli üreme yapan canlılarda yalnızca eklemeli genetik varyans kalıtım yoluyla döllere aktarılabilir. Bitkilerde eklemeli olmayan genetik varyanstan yararlanabilmek için eşeysiz üreme tekniklerinin (klonlama, doku kültürü vb.) veya belirli fertler arasında yapılacak kontrollü çaprazlama işleminin uygulanması gerekmektedir. Canlı fenotipinin şekillenmesinde rol oynayan genetik etkilerin oranı ve bu etkilerin ne kadarının genlerin eklemeli etkisinden, ne kadarının da eklemeli

olmayan etkisinden kaynaklandığı belirli bir hata oranı ile tahmin edilebilmektedir (Işık, 1998).

1.4. Populasyon Genetiği ve Canlılarda Gözlenen Karakterler

Populasyon genetiği, bir canlı grubundaki mevcut bireyler arasında görülen benzerlik ve farklılıkların nedenlerini araştıran bir bilim dalı olarak tanımlanmaktadır. Bir populasyon içindeki benzerlik ve farklılıklar bilinirse, bunların kendilerinden sonraki generasyonlara aktarılma biçimleri de anlaşılabilir (Şimşek, 1993). Kalıtsal farklılıklardan kaynaklanan karakterler; kalitatif ve kantitatif karakterler olmak üzere iki grupta toplanmaktadır (Ürgeç, 1982). Kalitatif karakterler dölden döle geçen karakterler olup, bunların kalıtımı Mendel kurallarına göre izlenebilmektedir. Mendel karakterleri diye de adlandırılan ve çevresel faktörlerden az oranda etkilenen kalitatif karakterler, bir yada birkaç gen tarafından kontrol edilmektedir (Hartle, 1981). Kantitatif (metrik) karakterler ise, hacim, ağırlık, boy, vejetasyon süresi gibi belirli ölçü birimleriyle ölçülebilen, ekonomik değer ifade eden karakterlerdir. Yapay seleksiyonun en önemli konusu bu karakterlerden oluşmaktadır (Ürgeç, 1982). Bu karakterler birden fazla gen tarafından kontrol edilmekte ve kendisini kontrol eden genlerin bir fenotipte bulunup bulunmamasına göre çevresel faktörlerden daha çok etkilenmektedir (Işık, 1980; Falconer, 1989; Işık, 1996).

Çok genli bir kalıtım örneği gösteren kantitatif karakterlerin en önemli ve dikkat çekici özelliklerinden biri de, bu karakterlerin bir toplum yada populasyon içinde kesintisiz bir frekans dağılımı yani normal dağılım göstermesidir. Örneğin herhangi bir karaçam populasyonunda, populasyon içinde yer alan fertleri, boy bakımından kesin gruplara ayırmak mümkün değildir. Çünkü populasyon içinde en kısa ve en uzun boylu fertler arasında değişik boylara sahip birçok fert ya da fertler bulunmaktadır.

Kantitatif karakterler, kalitatif karakterlere kıyasla daha esnek bir yapı göstermektedirler. Örneğin boy bakımından aynı genotipe sahip olan bireyler, değişik çevre koşulları altında birbirinden az ya da çok farklı boylanma özelliği

gösterebilmektedirler. Bu da, kantitatif karakterlerde fenotipin genotipe eşit olmadığını ve fenotipin, hem genetik hem de çevre koşullarının etkisi altında olduğunu göstermektedir (Şimşek, 1993).

Kantitatif karakterlerin önemli özelliklerinden birisi de, bu karakterin kalıtımını kontrol altında tutan çok sayıda genden her birinin Mendel'in kalıtım ilkelerinde olduğu gibi ana babadan döllere aktarılabilmesidir. Ancak bu geçiş sırasında genlerin bağımsız olarak dağılımı ve karakterin şekillenmesinde çevre faktörlerinin de etkili olması Mendel kalıtımında beklenen oranların ortaya çıkmasını engellemektedir (Işık, 1996). Dolayısıyla, kantitatif karakterlerin kalıtımı tek bir birey ele alınarak gözlenmemektedir. Bu nedenle de, metrik karakterlerin kalıtımı ve bu karakterlerde gözlenen varyasyonların incelenmesinde populasyon genetiği ya da kantitatif genetik ilkeleri uygulanmaktadır (Işık, 1980; Falconer, 1981).

2. KAYNAK ÖZETİ

Türkiye'de en geniş doğal yayılışını Göller Yöresi'nde yapan Anadolu karaçamında genetik çeşitliliğin ortaya konulmasını amaçlayan bu araştırma çalışmasının literatür özeti bölümünde, bugüne kadar gerçekleştirilmiş ve çalışma sırasında yararlanılan araştırma çalışmaları aşağıda kronolojik sıraya göre verilmiştir. Çalışma konusu ile doğrudan ilgisi olması nedeniyle öncelikle Anadolu karaçami, daha sonra karaçamın diğer alt tür ve varyeteleri ile diğer orman ağacı türlerinde gerçekleştirilen genetik çeşitlilik ve ıslaha yönelik araştırma çalışmaları hakkında bilgiler verilmiştir.

Yeni Zelanda'da karaçamın 4 alttürüyle (subsp. *salzmannii*, *laricio*, *nigra* ve *pallasiana*) 6 değişik yerde kurulan orijin denemesine ait 20 yıllık sonuçların değerlendirildiği çalışma sonuçlarına göre, subsp. *laricio*, en erken ve en iyi uyumu yapmasına rağmen, *Dothistroma pini*'ye karşı da en hassas alt tür olarak tespit edilmiştir. Her şeye rağmen bu alt tür, habitus, gövde formu, hacim artımı ve dona dayanıklılık bakımından en iyi alt tür olduğu için ticari potansiyele sahip tek alt tür olarak tartışılmıştır. Ayrıca, denemelerde en yavaş büyüyen alt türün, Avusturya orijinli alt tür *nigra* ile Türkiye orijinli alt tür *pallasiana* olduğu belirtilmektedir (Wilcox and Miller, 1975).

Karaçamın 4 alt türünde (subsp. *laricio*, *clusiana*, *nigricans*, *pallasiana*) gerçekleştirilen izoenzim çalışmasında, *laricio* ve *pallasiana*'nın diğerlerine göre daha homojen bir yapıya sahip oldukları ve Korsika orijinli *laricio*'ların diğerlerine kıyasla *pallasiana*'ya daha yakın özellikler gösterdiği belirtilmektedir (Bonnet-Masimbert and Bıkay-Bıkay, 1978).

Pinus nigra subsp. *laricio* ve subsp. *nigricans*'da yapılan izoenzim çalışmasında, ele alınan 11 populasyonda genetik mesafeler göz önüne alınarak yürütülen analizler sonucunda, B1 alleli bakımından Korsika orijinli subsp. *laricio* diğer populasyonlardan önemli düzeyde farklılık saptanmıştır (Fineschi, 1984).

Doğal karaçam populasyonlarından seçilen 52 klon ile kurulan bir tohum bahçesinde 10 morfolojik ve anatomik ibre karakteri üzerinde çalışılmıştır. İbre özellikleri bakımından güneyden getirilen klonlar arasında önemli farklılıklar olduğu ve bu özellikler bakımından kuzeyden getirilen klonlara kıyasla daha düşük ortalama değerler gösterdiği belirtilmektedir. Çalışılan karakterlerden, ön ve arka yüzeydeki stoma sayısı, ibre üzerindeki diş sayısı ve reçine kanalı sayısı için tahmin edilen geniş anlamdaki aile kalıtım dereceleri oldukça yüksek (sırasıyla 0.78, 0.74, 0.66 ve 0.77) bulunmuştur (Matziris, 1984).

Karaçamın bir klonal tohum bahçesinde birbirini izleyen iki yılda (1986-1987) çiçeklenme fenolojisi bakımından yapılan tespit ve değerlendirme sonuçlarına göre erkek ve dişi çiçek tutmaya başlama zamanları bakımından klonlar arasında önemli düzeyde genetik varyasyonlar tespit edilmiştir. Erken veya geç çiçeklenmeye başlayan klonlar polen yayma konusunda birbirleri ile uyum sağlayamamakta ve beklenen veya olması gereken dengeyi bozduğu belirtilmektedir. Çiçeklenmeye başlama zamanının yüksek oranda genetik kontrol altında bulunduğu, birey bazında geniş anlamda aile kalıtım derecesi tomurcuk patlatma zamanı için her iki yılda da 0.69; 1986 ve 1987 yıllarında büyümeye başlama zamanı için hesaplanan kalıtım derecesinin ise sırasıyla $h^2=0.67$ (1986) ve $h^2=0.70$ (1987) olduğu bildirilmektedir (Matziris, 1984).

Karaçam'da (*Pinus nigra* Arnold.) gerçekleştirilen bir başka çalışmada, ülkelere (Avusturya, Türkiye, Yugoslavya, Fransa ve Yunanistan) ve tohumların toplandığı yörelere göre kategorilere ayrılan tohumlardan gelişen 2 haftalık fideciklerin bazı özellikleri (kromozom sayıları, kromozom uzunlukları, morfolojik indeks vb.) bakımından populasyonlar karşılaştırılmıştır. Sonuçta, ele alınan 14 populasyon arasında çok önemli farklılıklar ortaya çıkarılmıştır (Kaya vd., 1985).

'Anadolu karaçamı'nın Coğrafik Varyasyonları' adı altında gerçekleştirilen doktora çalışmasında, Türkiye'den 89, Yugoslavya'dan 2 ve Kıbrıs'tan 1 olmak üzere toplam 92 deneme alanından kozalak ve kozalağa ait diğer elemanlarla iğne yapraklara ilişkin ölçme ve tespitler yapılmıştır. Yapılan değerlendirmeler sonucunda, Boyabat

Karageriř'de var. yaltirikiana Alptekin olarak ayrılan yeni bir varyete tespit edilmiştir. Elekdağ'daki bazı fertlerin de, Anadolu karaçamı (*Pinus nigra* Anold. ssp. *pallasiana* Lamb. Holmboe) x Sarıçam (*Pinus silvestris* L.) hibridleri olduğu belirtilmektedir. Ayrıca bu çalışma sonucunda, Türkiye'deki Anadolu Karaçamı coğrafik varyasyonları Güneydoğu Akdeniz, Orta Akdeniz, Pos, Seydişehir-Doğanhisar, Batı Akdeniz, Orta Ege, Kazdağı, Marmara, Vakıfköy-Tavşanlı, Trakya, Karadeniz, Çaydurt-Bolu, Elekdağ, Karageriř-Boyabat, İç Anadolu olmak üzere 15 farklı yöresel ayırım göstermiştir (Alptekin, 1986a).

Yunanistan'da 52 klondan kurulan bir karaçam tohum bahçesinde, 16 büyüme ve dallanma karakteri bakımından klonlar birbirleri ile karşılaştırılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre, gözlenen bütün karakterler bakımından klonlar arasında önemli farklılıklar bulunmuştur. Karakterler arasında hesaplanan fenotipik korelasyon katsayıları oldukça deęişkenlik göstermekle beraber, en yüksek korelasyon (0.82) tepe tacı çapı ile üçüncü dalın uzunluğu arasında hesaplanmıştır. Aynı zamanda dal uzunluğunun dal kalınlığına göre daha fazla genetik kontrol altında olduğu ve yaş ya da dal sayısı arttıkça bu deęerin attığı belirtilmektedir (Matziris, 1989).

Orman Bakanlığı'na tohum meşçeresi olarak ayrılan doğal Anadolu Karaçamı popülasyonlarında genetik çeşitliliğin ortaya çıkarılması amacıyla gerçekleştirilen bir araştırma çalışmasında, bu tohum meşçerelerinin genetik olarak birbirinden farklı olduğu ve ortaya çıkan genetik çeşitliliğin büyük bir kısmının meşçere içindeki ağaçlar arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı sonucuna varılmıştır (Kaya ve Temerit, 1993).

Karaçam klonal tohum bahçesinde birbirini takip eden üç yılda kozalak üretimi bakımından klonlar arası çeşitlilik ve kalıtım derecelerinin hesaplandığı çalışma sonuçlarına göre, klonlar, yıldan yıla ortalama kozalak sayısı bakımından beklendiği gibi yüksek düzeyde varyasyon göstermektedir. Klon ortalamalarına göre geniş anlamda kalıtım dereceleri oldukça yüksektir (1989, 1990 ve 1991 yılları için hesaplanan h^2 , sırasıyla 0.88, 0.82 ve 0.86' dır). Yine bu çalışmada, zengin tohum senesinde üretilen tohumun genetik tabanının orta ve zayıf tohum yıllarında üretilen

tohumların genetik tabanından daha geniş olduğu da belirtilmektedir (Matziris, 1993).

Karaçamın 7 popülasyonunda gerçekleştirilen araştırma çalışmasında ise, tohum ağırlığı, kozalak ağırlığı, kotiledon sayısı, 1990-1991'de tomurcuk tutma zamanı, 1991'de tomurcuk patlatma zamanı ve 1991'de boy büyümeleri belirlenen popülasyonlarda, popülasyon içindeki aileler arasında oldukça yüksek bir varyasyon gözlenirken, popülasyonlar ve bölgeler arası varyasyon çok düşük çıkmıştır. Popülasyon içi genetik çeşitliliğin % 11.5-% 91.5 arasında değiştiği ve gözlenen birçok karakterde aile kalıtım derecelerinin oldukça yüksek (0.28 ile 0.98 arasında) olduğu ifade edilmektedir (Kaya ve Temerit, 1994).

Karaçam'ın (*Pinus nigra*) 5 doğal popülasyonunda 10 enzim sistemiyle yapılan çalışmada, heterozigozitenin 0.180 (Korsika popülasyonu) ile 0.257 (Bulgaristan popülasyonu) arasında değiştiği, toplam çeşitliliğin %94'ünün popülasyon içi çeşitlilikten ileri geldiği belirtilmektedir (Scaltsoyiannes vd., 1994).

Öte yandan iki Karaçam popülasyonunun morfolometrik ve elektroforesis teknikleri kullanılarak karşılaştırıldığı bir araştırma çalışmasında, tohum özellikleri bakımından iki popülasyonun birbirinden farklılıklar gösterdiği ve gözlenen çeşitliliğin çevresel faktörlerden kaynaklandığı sonucuna varılmıştır (Aguinagalde and Bueno, 1994).

Karaçam'a (*Pinus nigra* Arnold.) ait 8 popülasyonda 203 bireyden toplanan tohumlar üzerinde gerçekleştirilen izoenzim analizleri sonucunda, popülasyonlar arası genetik mesafenin 0.005 ile 0.022 arasında değiştiği ve ortalama genetik mesafenin 0.012 olduğu hesaplanmıştır. Gen çeşitliliği, genetik farklılıklar ve gen akışını belirlemek amacıyla yapılan analizlerin sonuçlarına göre, ele alınan 8 karaçam popülasyonunun genetik yapı olarak birbirlerine benzer bir yapı gösterdikleri belirtilmektedir. Hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri, lokusların %66'sından fazlasının polimorfik, beklenen ve gözlenen heterozigozite değerlerinin de, sırasıyla 0.248 ile 0.241 arasında değiştiğini göstermiştir. Bu sonuçlara dayanılarak, pinus türleri içinde

Karaçam'ın en çok çeşitlilik gösteren tür olduğu vurgulanmaktadır (Silin and Goncharenko, 1996).

Anadolu'nun güneyinde Akdeniz boyunca uzanan Toros Dağları'nın orta kesimini oluşturan Bolkar Dağları'ndaki Anadolu Karaçamı popülasyonlarında biyolojik çeşitliliği belirlemek amacıyla gerçekleştirilen araştırma çalışması sonuçlarına göre, Bolkar Dağları'ndaki Karaçam ormanlarında biyolojik çeşitlilik yönünden zengin ve daha kapsamlı çalışmalara konu olması gereken popülasyonların olduğu belirtilmektedir (Gürses vd., 1996).

Karaçam'ın üç alt türüne (ssp. *nigra*, *salzmanii*, *laricio*) ait 5 popülasyonda 4 morfometrik tohum karakteri (boy, genişlik, ağırlık ve kanat izi) ve 23 izoenzim lokusunda yapılan çalışmada, toplam genetik çeşitliliğin büyük bir bölümünün popülasyonlar içinde olduğu ifade edilmektedir (Aguinagalde et al., 1997).

Kaz Dağları'ndaki doğal karaçam popülasyonlarından örneklenen 8 ağacın 40'ar adet tohumu üzerinde gerçekleştirilen çalışmada da, izoenzim çeşitliliği ile allellerin bağıllık derecesi araştırılmış ve 41 lokus çiftinden yalnızca 3 adedinde önemli düzeyde ortak segregasyon ile sadece birinde nispeten güçlü bir bağıllık ($r=0.13$) tespit edilmiştir (Doğan vd., 1997).

Göller Yöresi'nde kurulan ve 36 yerli Karaçam orijini ile temsil edilen orijin denemesinde, fenolojik gözlemler yapılarak gerçekleştirilen çalışmada, tomurcuk açma ve tomurcuk bağlama tarihleri bakımından orijinler arasında önemli farklılıkların olduğu ve fidan yaşama yüzdesinin orijin farklılığından etkilenmediği ancak boy büyümesinin önemli düzeyde etkilendiği sonucuna varılmıştır (Yeşilkaya, 1998).

Isparta Göller Yöresi'nden örneklenen 6 doğal Anadolu karaçamı popülasyonunda kozalak ve tohum özellikleri bakımından varyasyonların incelendiği bir araştırma çalışmasında, popülasyonlar arasında ve popülasyon içi aileler arasında önemli düzeyde farklılıkların olduğu vurgulanmaktadır (Üçler ve Gülcü, 1999).

Kaz Dağlarından örneklenen 7 Anadolu karaçamı populasyonunun genetik çeşitliliğinin belirlenmesi amacıyla toplam 315 ağaçtan kozalak toplanarak elde edilen tohumlar fidanlıkta ekilmiş ve 2 yıl boyunca 8 fidan karakteri gözlenmiştir. Araştırma sonuçlarına göre, populasyonlar arasında yalnızca bir karakter bakımından anlamlı farklılıklar tespit edilirken aile düzeyinde ise büyüme karakterleri bakımından anlamlı farklılıkların olduğu ve aile kalıtım derecelerinin de oldukça düşük (0.019-0.29) çıktığı bildirilmektedir (Velioğlu vd., 1999a).

Kaz Dağlarından örneklenen 7 karaçam populasyonunun genetik yapıları izoenzim markörleri yardımıyla belirlenmiştir. Buna göre, çalışılan 16 enzim sisteminde gözlenen 29 lokusun 17'sinin polimorfik olduğu ve hesaplanan heterozigotluğun 0.122 ile 0.186 arasında değiştiği ve toplam genetik çeşitliliğin %94'ünün populasyon içinde gözlendiği belirtilmektedir (Velioğlu vd., 1999b).

Dünyada ve Türkiye'de geniş yayılış alanına sahip olan karaçam, bu güne kadar birçok araştırmaya konu edilmiştir. Bu tür üzerinde daha önce yapılan araştırma çalışmalarında, daha çok türün anatomik, morfolojik, genetik ve fizyolojik karakterleri bakımından değişik varyasyonları olduğu vurgulanmaktadır (Gülcü, 2002).

Ülkemizdeki doğal karaçam populasyonlarında (tohum meşcereleri) bulunan genetik çeşitliliğin ne kadarının ormancılık etkinlikleriyle yeni tesis edilen veya edilecek karaçam ormanlarına aktarılabildiğinin moleküler belirteçler yardımıyla belirlendiği araştırmada çalışılan 11 RAPD primeriyle 108 polimorfik lokus elde edilmiştir. Ortalama polimorfik lokus oranı % 94 bulunmuştur. Genetik çeşitlilik parametreleri karşılaştırıldığında; tohum meşcereleri, tohum bahçeleri ve ağaçlandırmaların sırasıyla, lokus başına düşen ortalama allel sayısı (1.95, 1.94, 1.92), etkili allel sayısı (1.72, 1.70, 1.67), Shannon sabiti (0.56, 0.56, 0.53) ve polimorfik lokus oranı (95.25, 94.75, 92.00) olarak bulunmuştur. Doğal meşcerelerdeki genetik yapının tohum bahçelerine ve ağaçlandırmalara aktarılabildiği ve ayrıca tohum bahçesi tesisinde

kullanılan plus ağaç sayısının (25-30) genetik çeşitliliği korumada yeterli olduğu belirtilmektedir (Velioğlu vd., 2003).

Kasatura Körfezi Tabiatı Koruma Alanındaki doğal karaçam (*Pinus nigra* Arnold.) meşceresiyle ağaçlandırma alanında bulunan genetik çeşitliliğin miktarı ve doğal populasyondaki polen kirliliğinin belirlenmesi amacıyla yapılan araştırma çalışmasında çalışılan 8 RAPD primeri 74 polimorfik bant üretmiş ve çalışılan populasyonların genetik çeşitlilik parametrelerinin genel olarak birbirine yakın bulunmuştur. Polimorfik lokus oranı ağaçlandırmada % 96, doğal meşcerede % 99 bulunmuştur. Gözlenen ortalama allel sayısının doğal populasyonda 1.98, ağaçlandırmada 1.96 ve etkili allel sayısı her iki populasyonda da 1.62 olduğu tespit edilmiştir (Velioğlu vd., 2005).

Kastamonu-Hanönü ilçesindeki Karadere orijini 9 yaşındaki karaçam tohum bahçesinde; kozalak, tohum ve fidecik özelliklerinin klonal varyasyonu araştırılmıştır. Bu amaçla; bahçeyi oluşturan 30 klonda kozalak sayısı (KoS) ve kozalak boy yüzdeleri (KoBY), rasgele seçilen 9 klonda ise; kozalak ağırlığı (KoA), kozalak boyu (KoB), kozalak eni (KoE), kozalaktaki tohum sayısı (KoTS), 1000 dane ağırlığı (1000 DA), çimlenme hızı (ÇH), çimlenme yüzdesi (ÇY), kotiledon sayısı (KS), hipokotil boyu (HB) ve kökçük boyu (KB) belirlenmiştir. (Çılgin vd., 2007).

Göller Bölgesi Anadolu karaçamında genetik çeşitliliğin araştırıldığı çalışmada yaşama yüzdesi ve tutma başarısı açısından önemli olan fidan boyu, kök boğazı çapı ve kök taze ağırlığı gibi karakterler için orta ve yüksek düzeylerde dar anlamlı kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. İkinci büyüme mevsimi sonundaki fidan boyu ve kök boğazı çapı gelişimi için tahmin edilen birey düzeyindeki kalıtım dereceleri sırasıyla 0.70 ve 0.61 düzeyinde bulunmuştur. Bu karakterler için tahmin edilen aile kalıtım dereceleri ise sırasıyla 0.80 ve 0.76 düzeyinde bulunmuştur. Bu nedenle, fidan karakterleri için aile düzeyinde yapılacak seleksiyon ile bir sonraki kuşakta daha fazla genetik kazanç sağlanabileceği belirtilmektedir (Gülcü ve Üçler, 2008).

On altı *Pinus caribaea* (Morelet) orijininden elde edilen tohumlarla yetiştirilen fideciklerde hipokotil uzunlukları ölçülmüş ve orijinler bu karakter bakımından karşılaştırılmıştır. Buna göre, bu karakter bakımından orijinler arası farklılıklar 0.01 düzeyinde önemli ve aynı zamanda yüksek genetik çeşitlilik belirlenmiştir (Venator, 1974).

Göknarda (*Abies procera* Rehd.) gerçekleştirilen bir araştırma çalışmasında, dört bölgede birbirine benzer özelliklere sahip ailelerden iki yılda toplanan tohumlar üzerinde tohum ağırlığı ve bu tohumlardan gelişen fideciklerde de, kotiledon sayısı belirlenmiştir. Yapılan değerlendirmeler sonucunda kotiledon sayısındaki varyasyonun %25'i ile tohum ağırlığındaki varyasyonun %45'inin yıldan yıla farklılıklar gösterdiği ve aile içinde tohum ağırlığı ile kotiledon sayısı arasında da herhangi bir ilişki bulunmadığı ifade edilmektedir (Sorensen and Franklin, 1977).

Değişik yükseklik basamaklarında (7 zon), *Pinus ponderosa*'ya (Laws.) ait 71 ailede, 3, 5, 7, 8, 12, 20, 25 ve 29'uncu yaşlardaki boy büyümelerinin değerlendirildiği bir çalışmada, populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arası çeşitliliğin bu karakter bakımından yüksek olduğu, erken ve geç yaşlarda alınan sonuç ve farklılıklar arasında ilişki çıkmadığı hatta bazen negatif ilişkilerin olduğu belirtilmektedir (Namkoong and Conkle, 1976). Populasyon içi aileler arasında yüksek düzeyde genetik çeşitlilik gösterdiği, fidan büyüme karakterleri için tahmin edilen yüksek kalıtım dereceleri nedeniyle bu türde yapılacak yapay seleksiyonla önemli düzeyde genetik kazanç elde edilebileceği sonucuna varılmıştır (Işık, 1980).

Bazı fidan büyüme karakterleri ve dona dayanıklılık bakımından karşılaştırılan *Sequoiadendron giganteum* (Lindley) Buchholz. populasyonları arasında önemli düzeyde farklılıklar saptanmıştır (Guinon vd., 1982).

Değişik kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) orijinlerinde kotiledon sayısı varyasyonlarının araştırıldığı bir çalışmada, kotiledon sayısının 4 ile 12 arasında değiştiği, orijinlerin kotiledon sayıları ile fidecik boyu ve hipokotil uzunluğu arasında güçlü ilişkiler ortaya çıkarılmıştır (Yahyaoğlu, 1983).

Melezde (*Larix. L*) gerekleřtirilen bir arařtırma alıřmasında da, 3 deęiřik azot miktarı uygulanarak 5 meřcereden 20 yarım kardeř bireye ait fidanlarda, fidanların azot kullanım ve depolama kabiliyetleri belirlenmiř ve bireyler bu zellikleri bakımından karřılařtırılmıřtır. Fidanlara uygulanan  deęiřik azot konsantrasyonu iin hesaplanan dar anlamda kalıtım derecesi (h^2) sırasıyla, 0.43, 0.49 ve 0.32 olarak bulunmuřtur (Wanyancha and Morgenstern, 1985).

Mavi ladinde (*Picea pungens*) yapılan bir alıřmada, 42 meřcereden 160 aile rneklenmiř ve 2 deneme alanında boy, yaprak rengi ve tomurcuk patlatma zamanları iin aile kalıtım dereceleri ve genetik korelasyonlar hesaplanarak populasyonlar arası ve populasyon ii aileler arası varyasyonlar arařtırılmıřtır. Buna gre, boy bymesi ve yaprak rengi iin tahmin edilen kalıtım derecesi $h^2=0.50$, tomurcuk patlatma zamanı iin ise $h^2=0.80$ dzeyinde bulunmuřtur. Aynı zamanda, bu  karakter arasında nemli pozitif genetik korelasyonlar ortaya ıkarılmıřtır (Bongarten and Hanover, 1986).

Populasyon x evre etkileřiminin arařtırıldıęı 6 yařındaki *Pinus caribaea* (Morelet) var. hondurensis Barrett. and Golfari. (Pch) fidanlarında, gvde dzgnlę ve ap bakımından populasyon x evre etkileřiminin nemli olduęu ve bu etkileřimin boy zerinde nemli etkisinin olmadıęı belirtilmekte ve aynı zamanda varyetenin Avustralya'daki ıřlah stratejisine uygun nemli sonular elde edildięi vurgulanmaktadır (Woolaston vd., 1991).

 deęiřik gknar trnde (*Abies procera* Rehd., *A. magnifica* var. *shastensis* Lemm., *A. magnifica* A. Murr.) genetik eřitlilik, aile genetik varyansı ve genetik kazancın tahmin etmek amacıyla yapılan alıřmada, llebilen bazı karakterlerle fenolojik zellikler zerinde durulmuř ve en byk geliřme oranının kuzeyden gelen kaynaklarda olduęu tespit edilmiřtir (Sorensen vd., 1992).

Sıtka ladininde (*Picea stchensis* Bong.) gerekleřtirilen alıřmada, bir tohum bahesinde 18 klondan alınan serbest tozlařma rn tohumlarda tohum ve imlenme zelliklerine ait kalıtım dereceleri tahmin edilmiř ve geniř anlamda kalıtım derecesi (h^2) tohum zellikleri iin normal (0.36), imlenme zellikleri iin ise yksek (0.74 ile 0.79 arasında) bulunmuřtur. Bu arařtırma sonucunda, dzenli ve yksek imlenme saėlanabilmesi iin tohum zelliklerinin belirlenmesi ve tohumların sınıflandırılması gerektiėi vurgulanmaktadır (Chaisurisri vd., 1992).

Kumsal amına (*Pinus contorta* Dougl.ex Loud.) ait 189 populyasyonda rneklenen 272 aėatan toplanan tohum ve bu tohumlardan yetiřtirilen fidecik ve fidan karakterleri gzlenerek gerekleřtirilen alıřmada, populyasyonlar arası ve ii genetik eřitlilik ile tohum transfer zonlarının belirlenmesi zerinde durulmaktadır (Sorensen, 1992).

Sarıamda yapılan bir arařtırmada, 5-45 mg N/litre oranlarında deėiřen 5 deėiřik muameleyle 36 aileden fidanlar yetiřtirilerek, birok byme zelliėi deėerlendirilmiřtir. Drdnc vejetasyon dnemi sonunda gzlenen karakterler arasında eklemeli genetik korelasyonların hesaplandıėı alıřma sonularına gre, bymenin artıřıyla birlikte en gl korelasyonun, 13-23 ve 23-28 yařları arasında olduėu ifade edilmektedir (Eriksson vd., 1993).

Kavakta (*Populus balsamifera* L.) gerekleřtirilen alıřmada da, orijinler ii klonal varyasyonun istatistiksel olarak nemli olduėu ve boy bymesi iin hesaplanan dar anlamda kalıtım derecesinin (h^2) 0.04 ile 0.019 arasında deėiřtiėi belirtilmektedir (Farmer, 1993).

Avrupa ladininde (*Picea abies* L. Karst.) hibrit orijinler kullanılarak yapılan bir arařtırma alıřmasında, 3-8 yařındaki fidanlara iliřkin bazı fenolojik zelliklerle birlikte boy ve yıllık srgn bymesindeki artıř arasındaki genetik iliřkiler ve bu zellikler arasında yař-yař korelasyonu arařtırılmıřtır. Buna gre, farklı blgelerden gelen populyasyonlar arasında fidanlıkta yapılacak olan seim iřleminin 3-4 yařından nce yapılabileceėi belirtilmektedir (Ekberg vd., 1994).

Sarıçam doğal yayılış alanından örneklenen 7 populasyonun Kuzey ve Doğu Avrupa'dan getirilen 16 populasyonla karşılaştırıldığı bir çalışmada, 11 enzim sistemi kullanılmış ve lokuslar üzerindeki allel sayıları bakımından populasyonlar arasında farklılıklar tespit edilmiştir (Prus-Glowack and Stephan, 1994).

Kasuarina'da (*Casuarina cunninghamiana* Miq.) 13 Avustralya orijininden 130 serbest tozlaşma ürünü aile ile kurulan denemede, dikimden 60 ay sonraki büyüme ve yaşama oranı bakımından orijinler arasında ve içinde önemli düzeyde genetik varyasyon olduğu ve doğru orijinler seçilerek ve bu orijinler içinde seleksiyon yapılarak Kaliforniya'da iyi büyüyen, soğuğa dayanıklı meşcereler kurulabileceği sonucuna varılmıştır (Merwin vd., 1995).

Yunanistan'da 18 yabancı *Pinus radiata* (D. Don.) orijini ile kurulan deneme sonuçlarına göre, toplam boy, göğüs yüksekliğindeki çap, kabuk kalınlığı, gövde düzgünlüğü, taç formu, yıllık sürgün sayısı, yıllık sürgünlerdeki dal sayısı, dal kalınlığı ve dona dayanıklılık bakımından orijinler arasında önemli farklılıklar bulunmuştur. Çalışılan karakterler bakımından populasyonlar içi farklılıklar ise önemsiz çıkmıştır. Bu sonuçlara dayanılarak, orijin düzeyinde hiç çekinmeden seçim yapılabileceği belirtilmektedir (Matziris, 1995).

Tayland'da üç değişik deneme alanında kurulan 2 yaşındaki okaliptus (*Eucalyptus camaldulensis*) döl denemesinde boy, çap ve hacim bakımından aileler ve orijinler karşılaştırılmış ve populasyon içindeki aileler arasında önemli düzeyde ($0.001 > P$) farklılıklar belirlenmiştir (Pinyopusarerk vd., 1996).

Doğu Karadeniz Bölgesi'nde Doğu Ladini populasyonlarının genetik yapılarını izoenzim analizleri ile belirlemek amacıyla yapılan araştırma çalışmasında, populasyonların genetik olarak beklenenden daha yüksek bir varyasyona ve çeşitliliğe sahip oldukları sonucuna varılmıştır (Turna, 1996).

Avrupa ladininde (*Picea abies* L. Karst.) gerçekleştirilen orijin denemesi çalışmasında da, iklim özellikleri ile orijinlerin yetiştirme ortamı özellikleri arasındaki ilişkiler, çoklu regresyon analizi ile ilişkiye getirilmiştir. Çalışma sonuçlarına göre, Amerika, Beyaz Rusya ve Güney Rusya'dan gelen orijinlerin İsveç'te 60° 'in güneyindeki alçak rakımlar için tavsiye edilmektedir. Güney ve orta Finlandiya ile İsveç orijinlerinin ise kuzeydeki yüksek rakımlarda kuzeye doğru transfer edilebileceği bildirilmektedir. Karpat dağlarından gelen orijinlerin ise genel olarak kullanılmaması gerektiğine de dikkat çekilmektedir (Persson and Beuker, 1997).

Boy ve gövde düzgünlüğü ile ilgili genetik ve fenotipik parametrelerin belirlendiği bir araştırma çalışmasında, 1.5, 9.5, 13.5, ve 22.5 yaşlarında 140 tam kardeş *Pinus taeda* L. ailesinde gözlemler yapılmıştır. Araştırma sonucunda, gözlenen 1.5 yaş dışındaki diğer yaşlarda her iki karakter için de dominant varyans eklemeli varyanstan düşük bulunmuştur. Ayrıca, 9.5 yaşında boy için tahmin edilen kalıtım derecesi (h^2) oldukça yüksek (0.14 - 0.73) bulunmuştur (Gwaze vd., 1997).

1994-1995 zengin tohum senesinde Halepçamı (*Pinus halepensis* Mill.) klonal tohum bahçesinden toplanan kozalak ve tohumların bazı özellikleri bakımından klonlar arası farklılıkların araştırıldığı çalışma sonuçlarına göre, Halepçamında kozalak ve tohum özellikleri bakımından klonlar arasında önemli farklılıklar saptanmıştır. Gözlenen karakterlerden kozalak boyu ve genişliği için tahmin edilen geniş anlamda kalıtım dereceleri sırasıyla 0.74 ve 0.73 iken kuru ve taze kozalak ağırlığı için sırasıyla 0.79 ve 0.78 düzeyinde bulunmuştur (Matziris, 1998)

Kızılçamda gelişme, biyomas ve gövde kalitesi bakımından genetik çeşitliliğin araştırılmasına yönelik çalışmada, orta yükseltiden örneklenen populasyonların daha iyi bir gelişme gösterdiği belirtilmektedir. 13. ve 17. yaşlar arasında, dar anlamda kalıtım derecesi (h^2) bakımından boy (0.12) ve gövde düzgünlüğü (0.21) için küçük farklılıklar olduğu belirtilmektedir. 13. yaşta, taze gövde ağırlığı ile büyüme karakterleri arasında yüksek düzeyde pozitif genetik korelasyonların bulunduğu (boy ile; 0.92, çap ile; 0.83), ancak 17. yaşta bu ilişkinin nispeten daha düşük olduğu belirtilmektedir (Işık vd., 1999).

Yaş-yaş korelasyonu ile 31 deneme alanında 2 yaşından 25 kadar gözlenen *Pinus taeda*'ya L. ait 520 ailenin ortalama genetik ve fenotipik korelasyonları ile kalıtım derecelerinin hesaplandığı bir araştırma çalışmasında da, çalışılan karakterler bakımından tahmin edilen kalıtım dereceleri 0,10-0,50 düzeyinde bulunmuştur (Gwaze vd., 2000).

Açık tozlaşma ürünü tam kardeş Duglas Gökarnı (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii* Mirb.) ailelerinin iki yaşındaki gövde formu (kıvrıklık ve çatallanma), dallanma özellikleri (dalların sayısı, açısı ve uzunluğu) ve bu özelliklerin gövde büyümesi, genetik parametrelerin tekrarlanabilirliğinin ve büyüklüğünün çalışıldığı araştırmada, açık tozlaşma ürünü ailelerin daha yaşlı ağaçlarından elde edilen verilerle, farklı yaşlardaki benzer özelliklerin genetik kontrolü karşılaştırılmış ve fidanlık-alan ilişkileri değerlendirilmiştir (Vargas-Hernandez vd., 2003).

Öztürk ve ark. (2006), Akdeniz Bölgesi Orta Yükselti Kuşağı (401-800 m) Islah Zonunda bulunan Kızılçam tohum kaynaklarından toplanan tohumlarla tesis edilmiş deneme alanlarında 4. yaştaki boya ait genetik parametreleri hesaplamışlar ve doğu Akdeniz populasyonlarının, batı Akdeniz populasyonlarından daha iyi gelişme gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Latin Amerika ve Caribbean'ın büyük bir kısmında bulunan ve ekonomik değeri yüksek tropikal bir ağaç olan *Cordia allidora*'nın 8 orijininde (orijinler 3 nemli ve 5 kurak alandan alınmış) 5 ve 23 yaş için boy, gövde formu ve yaşama yüzdesi bakımından genetik varyasyon araştırılmış ve bu özellikler bakımından orijinlerin performanslarını karşılaştırmıştır (Sebbenn vd., 2007).

Kızılçam'ın Antalya havzasındaki yerel dağılışı içinde bazı tohum ve fidan karakterleri bakımından populasyonlar arası ve genetik çeşitlilik derecelerinin araştırıldığı araştırma çalışmasında, hem populasyonlar arasında hem de populasyon $H_t = 0.3268$) tespit edilmiş, genetik çeşitlilik ile iklim faktörleri, genetik mesafe ve coğrafik varyasyon arasındaki ilişkiler önemsiz bulunmuştur. Bu sonuçlar

populasyonlardaki genetik eşitliliğın sadece sıcaklık ve yağış ile değıl aynı zamanda insan mdahalesi gibi diğerk faktrlerden de kaynaklandığı bildirilmektedir (Wang and Gao, 2009).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

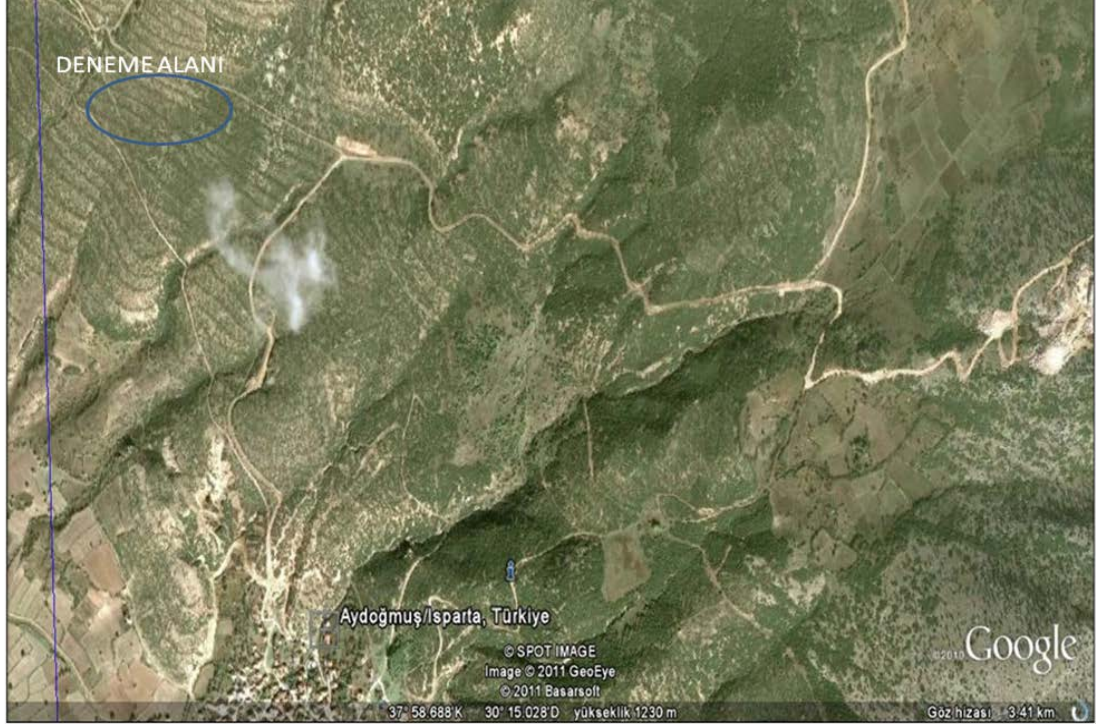
Çalışmada Isparta ili, Keçiborlu ilçesi, Aydoğmuş mevkiinde 2001 yılında tesis edilen ağaçlandırma denemesi materyal olarak kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. Çalışmaya konu olan populasyonlara ait bazı bilgiler

Pop. No	Enlem	Boylam	Rakım	Bakı	İşletme Şefliği	Mevkii
1	37° 25' 52"	31° 03' 12"	1330	KD	Sütçüler M	Sanlı
2	38° 06' 28"	31° 13' 20"	1320	D	Ş. Krağaç M	Örenköy
3	37° 42' 13"	31° 20' 41"	1340	D	Y Bademli	Bademli
4	37° 41' 26"	31° 02' 40"	1510	GD	Pazarköy	Köydüzü
5	37° 43' 25"	30° 57' 10"	1420	B	Kuzukulağı	Yuvalı
6	37° 41' 35"	30° 54' 30"	1210	K	Kuzukulağı	Kurucaova
7	37° 38' 12"	30° 50' 16"	1360	KD	A. Gökdere	İnalanı
8	37° 30' 10"	30° 15' 15"	1450	KB	Çamoluk	Yeşildağ
9	37° 02' 08"	29° 29' 11"	1450	KB	Göhlisar M	Ercekbaşı
10	37° 15' 44"	29° 42' 12"	1530	GB	Tefenni	Gökarık

3.1.1. Çalışma alanının tanıtımı

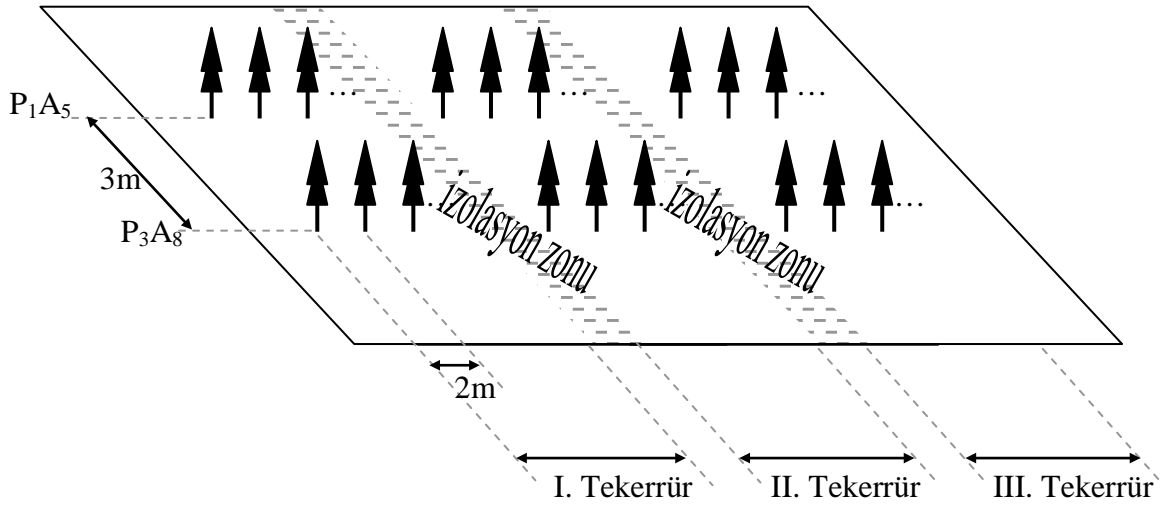
Deneme alanı Isparta il merkezine Kuzeybatı yönde kuş uçuşu yaklaşık 40 km uzaklıktadır. Deneme alanı 37° 58' ve 37° 58' Kuzey Enlemi ile 30° 14' ve 37° 14' Doğu Boylamları arasında yer almaktadır. Isparta iline 52 km ve Aydoğmuş beldesine 1.4 km uzaklıkta bulunan deneme alanının ortalama eğimi % 24, ortalama yükseltisi 1030 m olup, bakışı Güney-Batıdır. Deneme, Toros sediri (*Cedrus libani* A. Rich.) ağaçlandırma sahası içinde kurulmuş, alanda ve yakın çevresinde dağınık durumda çalılışmış Kermes meşesi (*Quercus coccifera* L.) ocakları bulunmaktadır.



Şekil 3.1. Deneme alanının uydudan görünümü (Foto:Google Earth)

3.2. Yöntem

Denemede 2000 yılında kotiledon sayısı, epikotil boyu, hipokotil boyu, fidecik ağırlığı, kökçük boyu ve ağırlığı gibi fidecik özellikleri ile 1+0 ve 2+0 yaşlarında fidan boyu, kök boğazı çapı, gövde ve kök taze ağırlıkları ile tomurcuk sayısı belirlenen 10 popülasyona ait 2+0 yaşlı fidanlar kullanılmıştır. Deneme tesadüf parselleri deneme desenine uygun üç yinelemeli olarak kurulmuş olup, her popülasyon 10 aile ile her aile de her bir yinelemede 10 fidanla (10 popülasyon x 10 aile x 3 yineleme x 10 fidan = 3000 fidan) temsil edilmiştir. Çalışmaya konu olan popülasyonlara ait bazı bilgiler çizelge 3.2.'de verilmiştir.



Şekil 3.2. Deneme deseni (P_1A_5 = Birinci populasyonun beşinci ailesine ait fidanlar, P_3A_8 = Üçüncü populasyonun sekizinci ailesine ait fidanlar).

3.2.1. Ölçülen karakterler

3.2.1.1. Fidan boyu (FB)

Boy, hacmi belirleyen iki önemli karakterden biri olup, ağaç ıslahı çalışmalarında boy artımı üzerinde önemle durulmaktadır. Çalışmada kullanılan populasyonların fidan boyu bakımından performanslarını karşılaştırmak ve populasyon içi ve populasyonlar arası çeşitliliği saptamak amacıyla boy ölçümleri yapılmıştır. Fidanların 9 yaşına kadar geliştirdikleri boy santimetre duyarlılığında özel olarak hazırlanmış latalar yardımıyla ölçülmüştür (Şekil 3.3.).



Şekil 3.3. Fidan boyu ölçümü

3.2.1.2. Dal açısı (DA)

Gövdedeki budakların kalıcı veya düşen budak olma niteliğini, büyük oranda dal ile gövde arasındaki açı belirlemektedir. Üstten bakıldığında gövdeden dar yada geniş açı ile çıkan bütün dalların, aynı kalınlıktaki dik açılı bir dala göre, gövdede elips şeklinde eksantrik ve daha büyük bir budak bıraktığı belirtilmektedir (Raymond ve Cotterill, 1990). Bu durum da, gövdelerde kalite açısından istenmeyen bir özellik olarak tanımlanmaktadır. Kızılçamda dal açısının gövdeden itibaren yedi veya on santimetreden sonra değiştiği, bazen daralırken, bazen de dalın ağırlığı nedeniyle genişlediği yapılan araştırmalarda ortaya konmuştur (Işık, 1998). Bu durum göz önünde bulundurularak dal açısı, dalların gövdeden çıkışlarından itibaren yaklaşık yedinci santimetresinden ölçülmüştür. Fidanların alt dalları genellikle çok geniş, üst boğumdaki dalları ise daha dar açı yaptığından her yıla ait ana dal boğumundaki dal açılarının ölçülmesi yerine ortalama bir değer olarak üçüncü ve dördüncü ana dal boğumundaki en kalın iki dalın açısı ölçülmüştür. Dal açısı ölçümünde elektronik açıölçer kullanılmıştır. Kullanılan açıölçer dalın yatayla yaptığı açığı belirlemektedir.

Bu nedenle, ölçümler 90°'den çıkarılarak dalların gövde ile yaptıkları açı belirlenmiştir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. Dal açısı ölçümü

3.2.1.3. Yaşama yüzdesi (YY)

Her aileye ait ortalama yaşama yüzdesi, ölçümlerin yapıldığı gün itibarı ile yaşayan fidan sayısının denemenin kuruluş aşamasında dikilen fidan sayısına oranlanması ve 100 ile çarpımı sonucunda elde edilmiştir.

3.2.1. 4. Dal kalınlığı (DK) ve Dal sayısı (DS)

Dal sayısı fazla olan fidanlarda fotosentez yapan yüzey alanı daha fazla olmakta ve daha hızlı büyüme beklenmektedir. Işık (1998) tarafından gerçekleştirilen bir araştırmada çapı 2 cm'den büyük olan dalların sayısı tespit edilmiş ve bu karakter bakımından populasyonlar arasında önemli bir farklılığın olmadığı sonucuna ulaşılmıştır. Bu sonuçtan hareketle aynı çalışmada kalın dal sayısının tespiti yerine dal çaplarının doğrudan ölçülmesinin dal kalınlığı farkını ortaya koymak açısından daha etkili olabileceği belirtilmektedir. Bu nedenle, üçüncü ve dördüncü ana

sürgündeki en kalın iki dalın çapı gövde ekseninden 7 cm uzaklıktan dijital kumpas yardımıyla ölçülmüş ve bu iki değerin ortalaması alınarak o bireyin ortalama dal kalınlığı tespit edilmiştir (Şekil 3.5). Ayrıca üçüncü ve dördüncü dal boğumlarında ana gövdeden çıkan dallar sayılmış ve ortalamaları o fidanın bir boğumdaki ortalama dal sayısı olarak kayıtlara geçirilmiştir.



Şekil 3.5. Dal kalınlığı ölçümü

3.3. Verilerin Değerlendirilmesi

3.3.1. Varyans analizleri

Verilerin değerlendirilmesi amacıyla yapılan analizlerde SAS istatistik paket programı kullanılmıştır (SAS, 1988). Analizlerden önce SAS programının "univariate" (aykırı gözlemler) seçeneği kullanılıp, gözlenen her bir karakter için dağılım şekli incelenerek "sıra dışı veriler" kontrol edilmiştir. Sıra dışı veriler, hatalı ölçme, verilerin kaydı sırasında yanlış okuma ve yazma, değerlendirme dışında tutulması gereken zarar görmüş fidanların ölçülmesi gibi nedenlerle ortaya

çıkılmaktadır. Bu değerler verilerin normal dağılımdan sapmasına ve genetik parametrelerin hatalı olarak tahmin edilmesine neden olmaktadır (Yıldız ve Bircan, 1991; 1994; Işık, 1998). Bu nedenle, ölçülen ve gözlenen karakterlerin analizleri yapılmadan önce verilerin normallik denetimleri yapılmış ve aşırı değerler uzaklaştırılmıştır.

Sayım yoluyla (dal sayısı) elde edilen veriler normal dağılım göstermedikleri için analizlerden önce istatistiksel dönüşüme uğratılmıştır. Sayılarak elde edilen verilere karekök, nitelendirilerek elde edilen verilere ise normal puan dönüşümü uygulanmıştır. (Yurtseven, 1974; Kalıpsız, 1994). Çalışılan karakterlerin analizinde aşağıda verilen istatistiksel model kullanılmıştır. Modelde, replikasyonlar, populasyonlar, populasyon içindeki aileler replikasyonxpopulasyon ve replikasyonxaile etkileşimlerine yer verilmiştir.

$$Y_{ijkm} = \mu + R_i + P_j + F(P)k(j) + RP_{ij} + RF(P)ik(j) + em(ijk) \quad (1)$$

Eşitlikte;

Y_{ijkm} = i. yineleme, j. populasyon, j. populasyon içindeki k. aileye ait m. fidanın fenotipik değeridir.

μ = Deneysel populasyonun genel ortalaması

R_i = Replikasyon (yineleme) nedeniyle olan sapmadır. Yani, çevresel bir varyanstır.

Genetik çeşitlilik çalışmalarında replikasyonların çevresel ortamları arasında fark olmamasına özen gösterilmektedir. Ancak, deneme alanı tüm koşullar bakımından eşit şartlarda kurulmuş olsa bile, uygulamada araştırmacının kontrolü dışında gelişen mikro çevresel farklılıklar nedeniyle bazen replikasyonlar arasında çok küçük de olsa farklılıklar gözlenebilmektedir (Işık, 1980). Bu nedenle, varyans analizi için uygulanan ANOVA modelinde replikasyonlar da yer almaktadır. Denemede üç yineleme bulunmaktadır ($i = 1, 2, 3$).

$P_j = j$. populasyonun etkisinden kaynaklanan sapmadır. Bu değer populasyonların genetik farklılığından dolayı ortaya çıkan varyansın sonucudur.

Doğal yetiştirme ortamlarında değişik evrimsel güçlerin etkisi altında olan populasyonların, genetik olarak birbirlerinden farklı olduğu kabul edilmiştir. Diğer tüm faktörler aynı olsa dahi, populasyonlar arasında var olduğu düşünülen genetik farklılıklar herhangi bir populasyona ait bir ferdin genel ortalamadan ve öteki populasyonlardaki fertlerden farklı olmasına neden olmaktadır (Işık, 1998). Çalışmada 10 populasyon bulunmaktadır ($j = 1, 2, 3, \dots, 10$).

$F(P)_{k(j)}$ = aileler arasındaki genetik farklılıklar sonucu ortaya çıkan genetik varyansın bir sonucudur. Çalışmada her bir populasyon 10 aile ile temsil edilmiştir ($k = 1, 2, 3, \dots, 10$). j . populasyonu içindeki k . ailenin etkisiyle olan sapmadır.

RP_{ij} = Replikasyonxpopulasyon etkileşimi sonucunda ortaya çıkan sapmadır.

$RF(P)_{ik(j)}$ = Replikasyonxaile etkileşimi nedeniyle olan sapmadır.

$e_{m(ijk)}$ = Deneysel hata. Aile içindeki yarım kardeşler (aile içi bireyler) arasındaki genetik farklılık, her ferdin mikro çevresinden doğan farklılığı ve ölçme-değerlendirme hataları nedeniyle olan sapmadır.

Kullanılan doğrusal modelde, Y_{ijkm} , gözlenen ya da ölçülen her bir fidanın matris yerini göstermektedir. Modelde verilen varyasyon kaynaklarından her biri, gözlenen bir karakterin genel ortalamadan artı veya eksi yönde sapmalar göstermesine neden olmaktadır. Sapmalara neden olan varyasyon kaynaklarının etkisi küçüldükçe, her bir Y değeri, genel ortalamaya (μ) yaklaşmaktadır. Çevresel faktörler tamamen kontrol altına alınabilirse populasyonlar arası ve populasyon içi genetik farklılıklar daha kesin bir değer olarak ortaya çıkarılabilmektedir.

Varyans analizi modelinde populasyonlar sabit, replikasyon, aile ve etkileşimler rastlantısal olarak alınmıştır. Dolayısıyla ANOVA modelinde sabit ve rastlantısal terimler yer almaktadır. Bu nedenle kullanılan model, “Model II” veya “Karma Model”dir (Sokal ve Rohlf, 1995). Populasyonlar, Karaçam için temel ve genetik parametreleri tahmin etmek amacıyla kullanılan bir örnek olarak düşünülmüştür.

Populasyonların yeniden örneklenmeleri mümkündür. Bu nedenle modelde populasyonlar sabit olarak kabul edilmişlerdir. Populasyon içinde tohum toplanan ailelerin örneklenmesi ise, tohum ağacının iyi veya kötü fenotipte olmasına bakılmaksızın tamamen rastlantısal olarak yapılmıştır. Bu nedenle modeldeki aileler terimi rastlantısalıdır. Etkileşimlerden biri rastlantısal ise etkileşimin kendisi de rastlantısal olarak kabul edilmektedir. Hata ise bütün modellerde rastlantısal olarak ele alınmaktadır (Burdon vd., 1992). Varyans analizlerinde kullanılan model ve modeldeki varyans bileşenlerine ait eşitlikler gösterilmiştir (Çizelge 3.2.).

Çizelge 3.2. Çalışılan karakterlerin varyans analizleri için kullanılan karma model ve beklenen kareler ortalamaları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Beklenen Kareler Ortalaması (EMS Bileşenleri)	Kodlar
Replikasyon	r-1	$\sigma_e^2 + k_9 \sigma_{RF(P)}^2 + k_{10} \sigma_{RP}^2 + k_{11} \sigma_R^2$	1
Populasyon	p-1	$\sigma_e^2 + k_6 \sigma_{RF(P)}^2 + k_7 \sigma_{F(P)}^2 + k_8 \sigma_{RP}^2 + Q\sigma_P^2$	2
Replikasyon x pop. etkileşimi	(r-1)(p-1)	$\sigma_e^2 + k_4 \sigma_{RF(P)}^2 + k_5 \sigma_{RP}^2$	3
Populasyon içi aileler	p(a-1)	$\sigma_e^2 + k_2 \sigma_{RF(P)}^2 + k_3 \sigma_{F(P)}^2$	4
Replikasyon x aile etkileşimi	(r-1)p(a-1)	$\sigma_e^2 + k_1 \sigma_{RF(P)}^2$	5
Aile içi	rpa(n-1)	σ_e^2	6
TOPLAM	(rpan)-1		

F istatistiğinin hesaplanması için kodlar arasındaki bölme işlemi şu şekilde yapılmıştır:

1. terim için : 1/5; 2. terim için : 2/(3+(4-5)); 3. terim için : 3/5; 4. terim için : 4/5 ve 5. terim için : 5/6.

r = replikasyon sayısı (3),

p = populasyon sayısı (10),

a = populasyon içi aile sayısı (10),

n = Her aile içinde gözlenen yarım kardeş fidan sayısı (15 ile 30 arasında değişmektedir).

Q = Populasyona ait katsayı,

k₁, k₂, ..., k₁₁ = Varyans bileşenlerine ait katsayılar (Çizelge 3.3).

Çizelge 3.3. Gözlenen karakterlerin analizinde kullanılan ANOVA modeline göre varyans bileşenleri için hesaplanan katsayılar

K	P
k1	5,31
k2	5,30
k3	15,90
k4	4,99
k5	49,97
k6	4,99
k7	14,99
k8	49,96
k9	4,93
k10	49,37
k11	493,76
Q	149,91

σ_R^2 = Replikasyonlar arası farklılıklardan doğan varyans değeridir. Her bir aileye ait fidanlar denemede üç ayrı replikasyon üzerinde bulunmaktadır. Dolayısıyla her üç replikasyon içinde yer alan çevresel farklılıklar kendisini σ_R^2 değeri içinde göstermektedir.

$\sigma_{RF(P)}^2$ = Replikasyon x aile etkileşimi sonucu ortaya çıkan varyans değeridir. Eğer herhangi bir aile, bir karakter bakımından replikasyonlardan birinde diğer ailelere göre daha yüksek bir değer gösterirken, başka bir replikasyonda diğerlerine göre daha düşük bir değer gösteriyorsa replikasyonxaile etkileşiminden söz edilmektedir. Bu şekilde ortaya çıkan farklılıklar $\sigma_{RF(P)}^2$ değeri içinde kendilerini göstermektedir.

σ_{RP}^2 = Replikasyon x populasyon etkileşimi sonucu ortaya çıkan

varyanstır. Başka bir deyişle, herhangi bir populasyonun bir karakter bakımından replikasyonlardan birinde diğer populasyonlara göre daha yüksek, diğerinde daha düşük bir değer göstermesi durumunda replikasyonxpopulasyon etkileşimi söz konusu olmaktadır. Bu etkileşimden kaynaklanan farklılıklar σ_{RP}^2 içinde kendilerini göstermektedir.

σ_P^2 = Populasyonlar arası varyansı göstermektedir. Gözlenen ya da ölçülen bireyler arasındaki farklılıklar σ_e^2 , bu bireylerin yer aldığı aileler arası farklılıklar da $\sigma_{F(P)}^2$ içinde yer aldığından σ_P^2 yalnızca populasyonlar arasındaki genetik farklılıkları yansıtmaktadır.

$\sigma_{F(P)}^2$ = Populasyon içindeki aileler arasındaki varyans değerini göstermektedir. Ölçümler sırasında yapılan hatalardan, mikro çevresel etkilerden ve ölçülen bireylerin genetik farklılıklarından doğan varyans değeri, σ_e^2 değeri içinde yer aldığından, $\sigma_{F(P)}^2$ değeri yalnızca bir populasyon içindeki aileler arasında mevcut olan genetik farklılıkları yansıtmaktadır

3.3.2. Kalıtım derecelerinin ve genetik kazancın tahmini

Bir populasyon içindeki erkek ve dişi bireylerin rastgele birleşmeleri sonucunda kendilerine benzer yeni fertler meydana getirmelerine "kalıtım" denmektedir (Şimşek, 1993). Başka bir ifadeyle kalıtım, ortak ebeveynlere sahip fertlerin birbirlerine benzemeleridir.

Kalıtım derecesi ise, herhangi bir populasyonda ölçülen veya gözlenen bir karakter için hesaplanan fenotipik varyansın, genotipik varyasyondan kaynaklanan oranıdır. Genetik varyansın toplam varyans içindeki payı ve eklemeli genetik varyansın, fenotipik varyansa oranı şeklinde de ifade edilmektedir (Falconer and Maccay, 1996).

Kalıtım derecesi 0 ile 1 arasında değişen bir değer olup, seleksiyonla sağlanabilecek genetik kazanç oranının tahmin edilebilmesine, dolayısıyla da populasyon değerinin

ortaya çıkarılmasına katkıda bulunmaktadır. Kalıtım derecesinin sıfıra eşit olması ($h^2=0$ ise), gözlenen bireyler veya aileler arasında genetik farklılığın olmadığı anlamına gelmektedir. Ebeveynler arasında gözlenen farklılıklar, bireylerin genetik yapılarının farklı olmasından değil, tamamen çevre şartlarının farklı olmasından kaynaklanmaktadır. $h^2=1$ olması durumunda ise, ebeveynlerin genetik özelliklerinin aynen döllere veya yavrulara aktarıldığı, kalıtımın en yüksek düzeyde olduğu anlaşılmaktadır. Fertler arasında gözlenen farklılıklar, yalnızca onların genotiplerindeki farklılıklardan ileri gelmektedir (Şimşek, 1993).

İslah çalışmalarında kalıtım derecesi ile hangi karakterlerin yapay seleksiyon ile ıslah edilebileceği ve yapay seleksiyon sonucu elde edilebilecek genetik kazanç miktarı belirlenebilmektedir. Buna göre de ıslah stratejileri oluşturulmaktadır. Başka bir deyişle, gözlenen karakterin kalıtım derecesi ne kadar yüksek ise, bu karakter yapay seleksiyona o oranda etkili ve erken tepki göstermektedir (Işık, 1980).

Birey düzeyindeki kalıtım derecesinin hesabında aşağıdaki formül kullanılmıştır (Namkoong vd., 1976; Shelbourne, 1969; Burdon vd., 1992; Falconer and Maccay, 1996).

$$h_i^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_u^2} = \frac{k\sigma_{F(P)}^2}{\sigma_u^2} \quad (2)$$

h_i^2 = Birey düzeyindeki kalıtım derecesi

σ_A^2 = Eklemeli genetik varyans

$\sigma_{F(P)}^2$ = Ailelerden kaynaklanan genetik varyans

σ_u^2 = Fenotipik varyans

k = Yarım kardeşler arasındaki genetik kovaryans katsayısı (benzerlik oranı)

Bir ailedeki yarım kardeş bireyler arasındaki benzerlik, teorik olarak aileler arası genetik varyansın 1/4'üne eşit kabul edilmektedir (Shelbourne, 1969; Falconer, 1981; 1989). Bu nedenle bu çalışmada, genetik parametrelerin tahmininde benzerlik oranı $k=1/4$ olarak alınmış ve bir aileye ait bireylerin tam anlamıyla üvey kardeş oldukları kabul edilmiştir. Aynı ailenin bireylerinin gerçek anlamda üvey kardeş olabilmeleri için, her birinin farklı bir babaya sahip olması gerekmektedir. Bu durum, her dişi

çiçeğin farklı bir babadan gelen polenle döllenmesi ile mümkün olabilmektedir (Işık, 1980). Bu çalışmada kullanılan tohum materyali, serbest ya da açık tozlaşma ürünü olup, bu tohumlardan gelişen fideciklerin analarının yanı sıra babalarının da aynı olma olasılıkları bulunmaktadır. Bu nedenle tahmin edilen kalıtım dereceleri olduğundan daha yüksek tahmin edilmiş olabilir. Doğal ormanlarda bazı kardeş bireylerin ebeveynlerinden her ikisinin de ortak olma ihtimali vardır. Aynı zamanda orman ağacı türlerinde kendileme olayı kardeş bireyler arasındaki kovaryansı arttırmaktadır. Bu nedenle bazı çalışmalarda kalıtım derecesi hesaplanırken $k=1/3$ olarak alınmaktadır. (Işık, 1998).

Kullanılan ANOVA modeline göre fenotipik varyansın hesaplanma şekli farklılık göstermektedir. Bu çalışmada kullanılan ANOVA modeline göre birey düzeyinde fenotipik varyansın hesaplanmasında aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır (Işık, 1998).

$$\sigma_u^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \sigma_{RF(P)}^2 + \sigma_e^2 \quad (3)$$

Eşitlikte;

$$\begin{aligned} \sigma_u^2 &= \text{Birey düzeyindeki fenotipik varyans,} \\ \sigma_{F(P)}^2 &= \text{Aileler arası genetik varyans,} \\ \sigma_{RF(P)}^2 &= \text{Replikasyon x aile etkileşiminden kaynaklanan varyans,} \\ \sigma_e^2 &= \text{Aile içi varyans (hata).} \end{aligned}$$

Aileler arası varyans bileşeninin standart hatası ve fenotipik varyans bileşenleri kullanılarak birey düzeyindeki kalıtım derecesinin standart hatası aşağıdaki eşitlikle hesaplanmıştır.

$$\text{S.E. } (h^2_i) = \sqrt{16x \frac{\text{Var}(\sigma_{F(P)}^2)}{(\sigma_u^2)^2}} \quad (4)$$

Fenotipik varyansların karekökü alınarak fenotipik standart sapmalar elde edilmiştir. Bu değerler kendi ortalamalarına bölünüp 100 ile çarpılarak fenotipik varyasyon katsayıları (Cv_{μ}) hesaplanmıştır (Işık, 1998). Bu şekilde, farklı birimlerle ölçülen (cm, m, adet, derece vb.) değişik karakterlerin fenotipik çeşitliliği standart bir şekilde karşılaştırılabilmektedir.

$$\% CV_u = \left(\frac{\sqrt{\sigma_u^2}}{\bar{x}} \right) \times 100 \quad (5)$$

\bar{x} : ilgili karakter için genel ortalama değer.

İslah programlarında genetik kazancı arttırmak ve kendileme katsayısını belirli bir düzeyde tutulabilmek için bireysel seleksiyon ile birlikte aile seleksiyonu üzerinde de önemle durulmaktadır. Bunun için aile düzeyinde kalıtım derecesinin bilinmesi gerekmektedir. Aile düzeyindeki kalıtım derecelerinin hesaplanması için Shelbourne (1992), Falconer and Maccay (1996) tarafından verilen eşitlik kullanılmıştır.

$$h_f^2 = \frac{\sigma_{F(P)}^2}{\sigma_{fm}^2} \quad (6)$$

h_f^2 = Bir karaktere ait aile kalıtım derecesi,

$\sigma^2 F(P)$ = Aileler arası genetik varyans,

$\sigma^2 fm$ = Aile fenotipik varyansı.

Uygulanan ANOVA modeline göre aile fenotipik varyansının hesabında aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır.

$$\sigma_{fm}^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \frac{k_2}{k_3} \sigma_{RF(P)}^2 + \frac{\sigma_e^2}{k_3} \quad (7)$$

k_2 ve k_3 , ANOVA modelinde hesaplanan katsayılarıdır (Çizege 3.3.). Yukarıdaki eşitlikte k_3 katsayısı populasyon içindeki bir aileye ait harmonik ortalama birey sayısıdır. k_2/k_3 değeri ise, replikasyon sayısını vermektedir. Aile içi birey sayısının eşit olmadığı durumlarda bu katsayılar tam sayı olarak elde edilememektedir. Grup ve alt gruplar içindeki birey sayısının eşit olduğu birçok uygulamada k_2/k_3 değeri, $1/r$ (r = replikasyon ya da yineleme sayısı) değerine eşit ya da çok yakındır. Dolayısıyla bazı çalışmalarda k_2/k_3 yerine $1/r$ sayısı kullanılmaktadır.

Açık tozlaşma döl denemelerinde kalıtım derecesi tahmin edilirken, aileler arası farklılıkların, aynı populasyon içindeki erkek ebeveynler arasındaki farklardan değil, dişi bireyler arasındaki genetik farklılıklardan kaynaklandığı varsayımı kabul edilmektedir. Orijin denemelerinde orijinler ya da populasyonlar arasında önemli

farklar varsa, bu farklar kalıtıma da yansımaktadır. Bu nedenle genetik varyanstan, populasyon ya da orijin etkisinin arındırılması gerekmektedir (Falconer, 1981). Kalıtım derecesinin hesaplanmasında kullanılan yukarıdaki eşitliklerde populasyon içi aile varyansı kullanılarak populasyon etkisi giderilmeye çalışılmıştır.

Aile Kalıtım derecesinin standart hatası aşağıdaki eşitlik ile hesaplanmıştır.

$$S.E.(h_{fm}^2) = \frac{SE(\sigma_{F(P)}^2)}{\sigma_{fm}^2} \quad (8)$$

Eşitlikte;

$(\sigma_{F(P)}^2)$ = Aile varyans bileşeninin standart hatasıdır.

σ_{fm}^2 = Aile ortalamaları fenotipik varyansıdır.

Aile fenotipik varyansının karekökü alınarak elde edilen standart sapmalar ilgili karakterin aritmetik ortalamasına bölünüp 100 ile çarpılarak "aile fenotipik varyasyon katsayısı" (CV_{f m}) hesaplanmıştır (Burdon et al., 1992).

$$\% CV_{fm} = \left(\frac{\sqrt{\sigma_{fm}^2}}{\bar{x}} \right) \times 100 \quad (10)$$

Farklı birimlerle ölçülen karakterlerin genetik varyanslarının karşılaştırılması amacıyla "genetik varyasyon katsayısı" (CV_g) hesaplanmıştır. Bu amaçla Işık (1998) tarafından önerilen aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır.

$$\% CV_g = \left(\frac{\sqrt{3\sigma_{F(P)}^2}}{\bar{x}} \right) \times 100 \quad (11)$$

%CV_g: Genetik varyasyon katsayısı,

\bar{x} : İlgili karakter için hesaplanan genel ortalamadır.

Gözlenen her bir karakter için genetik kazancın hesaplanmasında aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır (Falconer, 1989; Shelbourne, 1992; Sing and Chaudhary, 1993).

$$\Delta G = i\sigma_{uh}2i \quad (12)$$

i = Seleksiyon yoğunluğu,

σ_u = Fenotipik varyansın standart sapması.

Kalıtım derecesi eşitlikte yerine konulduğunda aşağıdaki eşitlik elde edilmektedir.

$$\Delta G = i \sigma_u \left(\frac{k \sigma_{F(P)}^2}{\sigma_u^2} \right) = i \frac{k \sigma_{F(P)}^2}{\sigma_u} \quad (13)$$

Yarım kardeş aileler arası teorik genetik kazanç aşağıdaki eşitlik yardımıyla hesaplanmıştır (Shelbourne, 1992).

$$\Delta G_1 = i_1 \frac{\frac{1}{4} \sigma_A^2}{\sigma_{fm}^2} = i_1 \frac{\sigma_{F(P)}^2}{\sigma_{fm}^2} \quad (14)$$

ΔG_1 = Aileler arası teorik genetik kazanç

i_1 = Populasyondan seçilen aile sayısı için verilen seleksiyon yoğunluğudur.

σ_{fm}^2 = Aile ortalamaları fenotipik varyansının standart sapmasıdır.

Uygulanan ANOVA modeline göre aşağıdaki gibi hesaplanmıştır.

$$\sigma_{fm}^2 = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{\frac{3}{4} \sigma_A^2 + \sigma_e^2}{n} = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{\sigma_w^2}{n} \quad (15)$$

σ_{fm}^2 = Aile fenotipik varyansı

n = Aile başına düşen harmonik ortalama fert sayısı,

$$\% \Delta G_1 = \left(\frac{\bar{\mu} + \Delta G_1}{\bar{\mu}} 100 \right) - 100 \quad (17)$$

$\% \Delta G_1$ = Aileler arası teorik genetik kazanç oranı

$\bar{\mu}$ = Bir karakter için denemedeki tüm ailelere ait genel ortalama,

Aile içi yarım kardeşler arası teorik genetik kazanç ile toplam genetik kazanç, aşağıdaki eşitlikler yardımıyla hesaplanmıştır (Falconer, 1981; Shelbourne, 1992).

$$\Delta G_2 = i_2 \frac{\frac{3}{4} \sigma_A^2}{\sigma_w} \quad (18)$$

$$\sigma_w^2 = \frac{n-1}{n} \times \frac{3}{4} \sigma_A^2 + \sigma_e^2 \quad (19)$$

$$\% \Delta G_2 = \left(\frac{\bar{\mu} + \Delta G_2}{\bar{\mu}} 100 \right) - 100 \quad (20)$$

σ_w^2 = Aile içi fenotipik varyans

ΔG_2 = Aile içi teorik genetik kazanç

$\% \Delta G_2$ = Aile içi teorik genetik kazanç oranı

$\bar{\mu}$ = Bir karakter için denemede tüm ailelere ait genel ortalama,

$$\% \Delta G = \left[\left(\frac{(\bar{\mu} + \Delta G_1 + \Delta G_2)}{\bar{\mu}} 100 \right) \right] - 100 \quad (21)$$

$\% \Delta G$ = Toplam genetik kazanç oranı

3.3.3. Genetik ve fenotipik korelasyonlar

İki karakter arasındaki fenotipik ilişkileri incelemek amacıyla Pearson korelasyon katsayılarının hesaplanmasında aşağıdaki eşitlikten yararlanılmıştır (Sokal ve Rohlf, 1995).

$$r_p = \frac{\sum xy}{\sqrt{\sum x^2 \sum y^2}} \quad (22)$$

Formülde;

r_p = Fenotipik korelasyon katsayısını,

$\sum xy$ = x ve y karakterlerinin çarpanlar toplamını,

$\sum x^2, \sum y^2$ = Karakterlerin fenotipik varyanslarını ifade etmektedir.

İki karakter arasındaki benzerlik ya da farklılık çevresel faktörlerden veya genetik özelliklerden kaynaklanmaktadır. Eğer bir gen aynı anda iki karakteri etkiliyorsa

veya bu iki karakteri etkileyen genler aynı kromozom üzerinde birbirine yakın iki lokus üzerinde bulunuyorsa iki karakter arasındaki genetik korelasyon önemli olabilmektedir. Genetik korelasyon araştırmacıya iki karakterin ıslah değerleri arasındaki ilişki hakkında bilgi vermektedir. Böylece araştırmacı bir karakteri ıslah ederken diğer karakterin bundan nasıl etkilendiğini anlayabilmekte ve ıslah stratejini oluştururken bunu göz önünde bulundurmaktadır. Karakterler arasındaki genetik korelasyonlar Falconer (1989) tarafından önerilen aşağıdaki eşitlikle hesaplanmıştır.

$$r_g = \frac{COV_{f(x,y)}}{\sqrt{\sigma^2_{f(x)}}\sqrt{\sigma^2_{f(y)}}} \quad (23)$$

Formülde;

r_g = İki karakter arasındaki genetik korelasyon katsayısı,

$COV_{f(xy)}$ = x ve y karakterleri arasındaki genetik kovaryans,

$\sigma^2_{f(x)}, \sigma^2_{f(y)}$ = x ve y karakterlerine ait aile (genetik) varyansını ifade etmektedir.

Genetik korelasyonların standart hatalarının hesabında aşağıdaki eşitlikten yararlanılmıştır;

$$\sigma_{r_A} = \frac{(1-r^2_g)}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma_{h^2_x} \sigma_{h^2_y}}{h^2_x h^2_y}} \quad (24)$$

Formülde;

σ_{r_A} = İki karakter arasındaki genetik korelasyonun standart hatası,

r^2_g = Genetik korelasyon katsayısı

$\sigma_{h^2_x}, \sigma_{h^2_y}$ = x ve y karakterlerine ait kalıtım derecelerinin standart hataları

h^2_x, h^2_y = x ve y karakterlerine ait kalıtım dereceleridir.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1. Ölçülen Karakterler Bakımından Populasyonların Karşılaştırılması

4.1.1. Fidan boyu

Denemede populasyonlar fidanlar boyu bakımından incelendiğinde replikasyonlar ile populasyonxreplikasyon ve populasyonxaile etkileşimleri arasında önemli bir farklılığın bulunmadığı görülmektedir. Populasyonlar ve populasyon içi aileler ise boy bakımından $P < 0.001$ önem düzeyinde birbirlerinden farklı bulunmuştur (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. Fidan boyuna ait varyans analizi sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Önem Düzeyi (P)
R_i	2	393.0541	0.34	0.7130 ns
P_j	9	3748.2490	3.23	0.0007***
RP_{ij}	18	266.0983	0.23	0.9997 ns
$F(P)_{k(j)}$	90	4581.7926	3.94	<0.001 ***
$RF(P)_{ik(j)}$	180	884.4256	0.76	<0.9897 ns
$e_{m(ijk)}$		1612		2138430.668

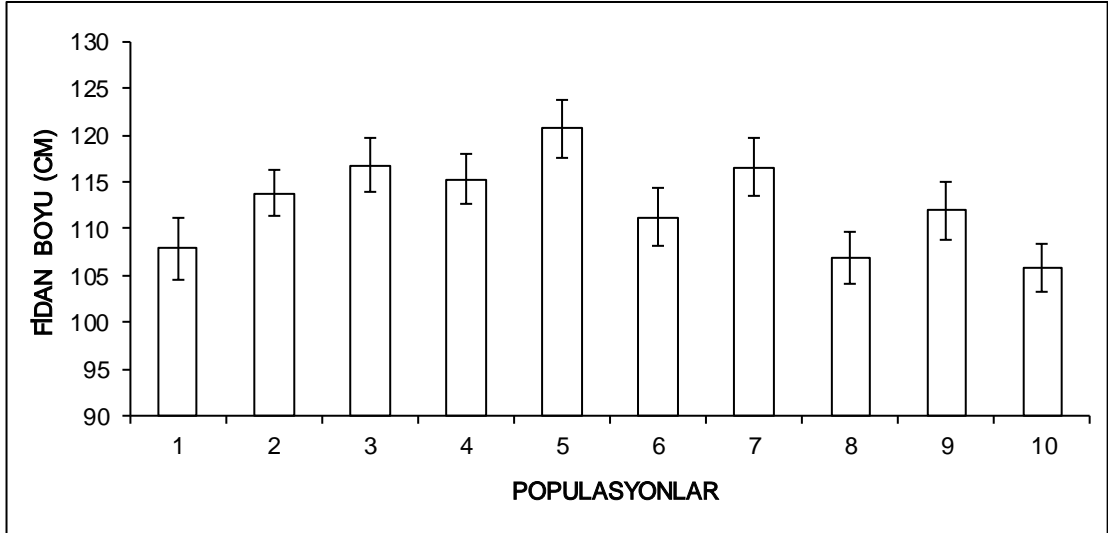
***: 0.001 olasılık düzeyinde farklı, ns: İstatistiksel olarak fark yok

Fidan boyu ortalaması bakımından populasyonlar karşılaştırıldığında en yüksek ortalama (120.69 cm) 5 nolu populasyonda, en düşük (105,84 cm) ise 10 nolu populasyonda gözlenmiştir. Beş, 3, 7, 4 ve 2 nolu populasyonlar genel ortalamanın (112.71 cm) üstünde, 9, 6, 1, 8, 10 nolu populasyonların da genel ortalamanın altında boy geliştirmişlerdir (Çizelge 4.2). En iyi boylanma yapan 5 nolu populasyon ortalamaya göre %7, en az boylananan 10 nolu populasyona göre ise %14 daha fazla boy geliştirmiştir (Şekil 4.1).

Çizelge 4.2. Fidan boyuna ait Duncan testi sonuçları

Bs	Fb (cm)		Pop No
1	120.692	a	5
2	116.837	ab	3
3	116.556	ab	7
4	115.309	abc	4
5	113.767	abcd	2
6	112.019	bcd	9
7	111.238	bcd	6
8	107.915	cd	1
9	106.904	cd	8
10	105.849	d	10
\bar{X}	112.710		

Bs: Büyüklük sırası



Şekil 4.1. Populasyonların fidan boyu ortalamaları

4.1.2. Dallanma karakterleri

Dal kalınlığı bakımından replikasyonlar ile populasyonxreplikasyon ve replikasyonxaile etkileşimleri arasındaki fark istatistiksel olarak önemsiz bulunmuştur. Populasyonlar arasında $0,05 < P$ önem düzeyinde, populasyon içi aileler arasında ise $0,001 < P$ önem düzeyinde farklılık tespit edilmiştir (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. Dal kalınlığına ait varyans analizi sonuçları

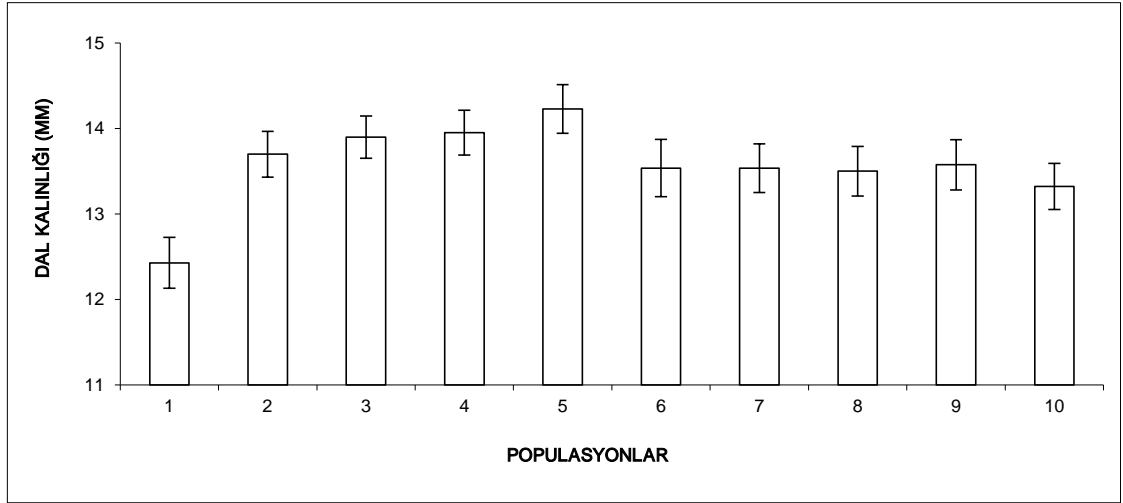
Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Önem Düzeyi (P)
R_i	2	19.409157	1.70	0.1828 ns
P_j	9	30.550158	2.68	0.0044*
RP_{ij}	18	3.475914	0.30	0.9978 ns
$F(P)_{k(j)}$	90	42.599070	3.73	<.0001***
$RF(P)_{ik(j)}$	180	9.239617	0.81	0.9637 ns
$e_{m(ijk)}$	1612	20880.88613		

*: 0.05 olasılık düzeyinde farklı

En kalın dallı populasyon 14.23 mm ile 5 nolu populasyon olurken, en ince dallı populasyon 12.43 mm ile 1 nolu populasyon olmuştur (Çizelge 4.4). Dal kalınlığı bakımından 5, 4, 3, 2 ve 9 nolu populasyonların genel ortalamasının üzerinde, 6, 7, 8, 10 ve 1 nolu populasyonların ise genel ortalama altında kaldıkları ortaya çıkmıştır (Şekil 4.2).

Çizelge 4.4. Dal kalınlığına ait Duncan testi sonuçları

Dal Kalınlığı (mm)	Pop No
14.230 a	5
13.951 ab	4
13.900 ab	3
13.701 ab	2
13.581 ab	9
13.539 ab	6
13.535 ab	7
13.500 ab	8
13.326 b	10
12.43 c	1
$\bar{X} = 13.570$	

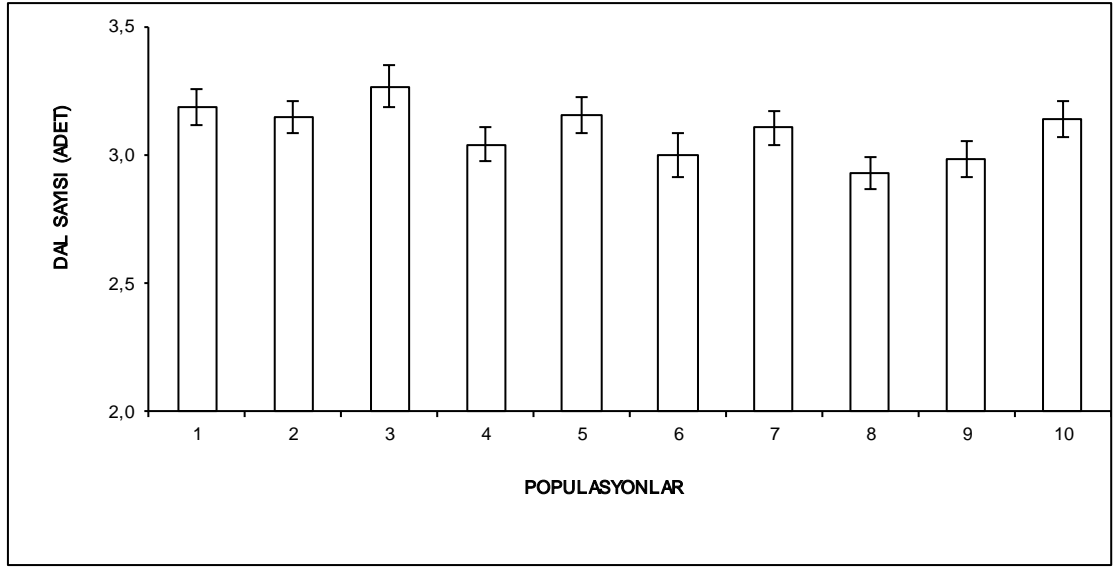


Şekil 4.2. Populasyonların dal kalınlığı ortalamaları

Populasyonlar dal sayısı bakımından incelendiğinde, 0.05 önem düzeyinde birbirlerinden farklı oldukları görülmektedir. Buna karşılık bu karakter bakımından replikasyonlar ile replikasyonxpopulasyon ve replikasyonxaile etkileşimleri için gözlenen farklılıklar istatistiksel olarak önemsiz çıkmıştır. Populasyon içi aileler arasında ise 0.001 önem düzeyinde farklılıklar bulunmaktadır (Çizelge 4.5.). Bir boğumdaki dal sayısı bakımından populasyonlar kıyaslandığında çoğunluğunun ortalama 3 dala sahip oldukları görülmektedir (Şekil 4.3).

Çizelge 4.5. Dal sayısına ait varyans analizi sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Önem Düzeyi (P)
R_i	2	0.13952944	2.28	0.1025 ns
P_j	9	0.14768359	2.42	0.0102*
RP_{ij}	18	0.07336939	1.20	0.2523 ns
$F(P)_{k(j)}$	90	0.17864453	2.92	<.0001***
$RF(P)_{ik(j)}$	180	0.04836514	0.79	0.9770 ns
$e_{m(ijk)}$	1612	107.6060914		



Şekil 4.3. Populasyonların dal sayısı ortalamaları

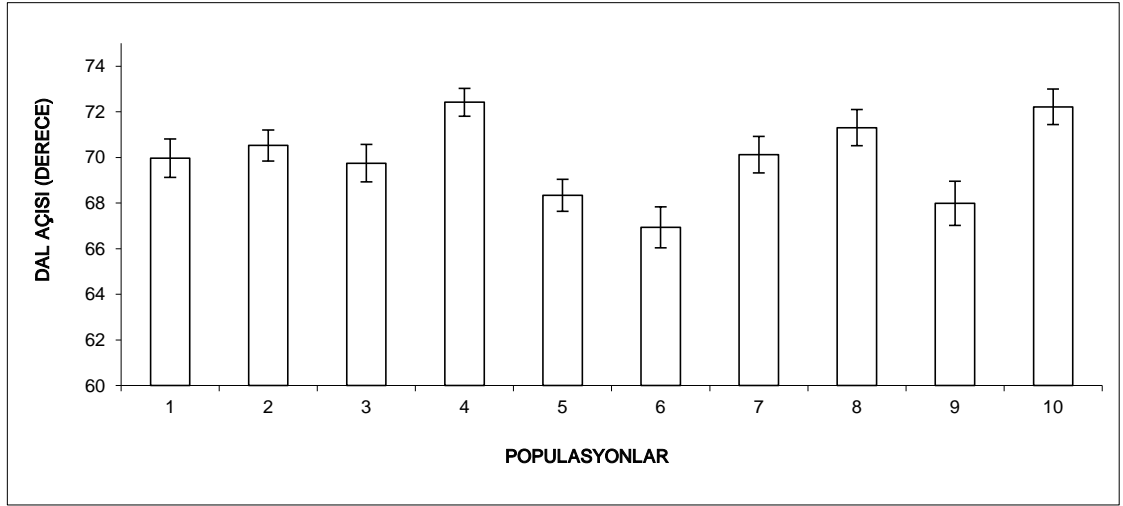
Dal açısı bakımından replikasyonlar ile populasyonxreplikasyon ve replikasyonxaile etkileşimleri arasındaki farklılık önemsiz bulunmuştur. Populasyonlar ve populasyon içi aileler arasında ise 0.001 önem düzeyinde farklılıklar bulunmaktadır (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. Dal açısına ait varyans analizi sonuçları

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Önem Düzeyi (P)
R_i	2	12.10630	0.14	0.8681 ns
P_j	9	492.83024	5.76	<.0001***
RP_{ij}	18	65.02584	0.76	0.7491 ns
$F(P)_{k(j)}$	90	334.33632	3.91	<.0001***
$RF(P)_{ik(j)}$	180	88.91207	1.04	0.3558 ns
$E_{m(ijk)}$	1612	164206.3587		

***: 0.001 olasılık düzeyinde farklı, *: 0.05 olasılık düzeyinde farklı, ns: İstatistiksel olarak fark yok

Populasyon ortalamaları karşılaştırıldığında ortalama dal açısının 69.96° olduğu saptanmıştır. Populasyonlarda en geniş dal açısı 72.44° ile 4 nolu populasyonda gözlenmiştir. En dar ortalama dal açısı ise 66.95° ile 6 nolu populasyonda ölçülmüştür (Şekil 4.4).



Şekil 4.4. Populasyonların dal açısı ortalamaları

4.1.3 Yaşama yüzdesi

Deneme alanına dikilen toplam 3000 fidandan ancak 1613'ü denemenin kurulduğu 2001 yılından bugüne kadar yaşamlarını sağlıklı bir şekilde sürdürebilmiştir. Dolayısıyla herhangi bir populasyon ya da aile ayırımına gidilmeden genel yaşama yüzdesi ortalaması %53.7'dir. Populasyonlar düzeyinde incelendiğinde ise en düşük yaşama yüzdesi (%43.3) 1 ve 6 nolu populasyonlarda gözlenirken, en yüksek yaşama yüzdesi (%64.3) 2 nolu populasyonda gözlenmiştir (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. Populasyonların ortalama yaşama yüzdeleri

Populasyon No	Yaşama Yüzdesi (%)
1	43.3
2	64.3
3	59.3
4	60.3
5	52.0
6	43.3
7	47.3
8	55.6
9	52.3
10	59.6

4.2. Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Dereceleri ve Genetik Kazanç

Genetik parametrelerin hesabında Bölüm 3.3'deki ANOVA modeli kullanılmıştır. Varyanslar, modeldeki EMS eşitlikleri kullanılarak bileşenlerine ayrılmıştır. Her bir bileşenin toplam varyans içindeki payı ve varyans bileşenleri kullanılarak hesaplanan genetik ve fenotipik parametreler (Çizelge 4.8)'de verilmiştir. Genetik ve fenotipik parametrelerin ölçme biriminin nitelik ve niceliğinden bağımsız olmadıkları bilinmektedir. Farklı birimlere sahip karakterlerin genetik çeşitlilik bakımından karşılaştırılabilmesi için genetik varyasyon katsayıları hesaplanmıştır. Aynı şekilde birey ve aile düzeyindeki fenotipik varyanslardan yararlanılarak birey ve aile fenotipik varyasyon katsayıları hesaplanmıştır. Çalışılan karakterler için üçüncü bölümde verilen 2 nolu eşitlikten faydalanılarak birey düzeyindeki, 6 nolu eşitlikten faydalanılarak da aile düzeyindeki kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Varyans bileşenlerinin hesaplanmasında dönüşüm uygulanmış karakterlerin aritmetik ortalamaları, sonuçların verildiği tablolarda ise dönüşüm yapılmadan önceki hali ile verilmiştir. Varyasyon katsayıları ve diğer parametrelerin hesaplanmasında dönüştürülmüş değerler kullanılmıştır. Ayrıca, kalıtım derecelerine ait değerler tablolarda standart hataları birlikte verilmiştir.

Ölçülen her bir karakter bakımından hesaplanan toplam varyansın, dal açısı için %1.04'ü popülasyonlar arası genetik farklılıklar nedeniyle ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.10). Popülasyonlar arası genetik farklılıkların fidan boyu, dal kalınlığı ve dal sayısı için hesaplanan toplam varyans içindeki oranı ise %0 düzeyindedir. Popülasyon içi aileler arası genetik farklılıktan kaynaklanan varyans oranları oldukça yüksek çıkmıştır. Örneğin popülasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan doğan varyans oranı en düşük (%10.67) dal sayısında, en yüksek ise (%15.89) fidan boyunda hesaplanmıştır (Çizelge 4.8). Popülasyonlar arası genetik farklılıktan kaynaklanan varyans oranlarının, aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranlarından düşük oluşu, ıslah programında aile düzeyinde uygulanacak seleksiyonun daha etkili olabileceğini göstermektedir. Bunun yanı sıra replikasyonxaile ve replikasyonxpopülasyon etkileşiminden kaynaklanan varyans oranları çalışılan tüm karakterler için %0 düzeyinde bulunmuştur. Çalışılan karakterler bakımından tahmin edilen birey düzeyindeki kalıtım derecesi 0.43 (dal

sayısı) ile 0,64 (fidan boyu) arasında deęişirken, aile kalıtım derecesi 0.66 (dal sayısı) ile 0.75 (fidan boyu) arasında deęişmektedir (Çizelge 4.8).

r.

Farklı birimlerle (metre, milimetre, adet, derece, vb.) ölçülen karakterleri genetik ve fenotipik çeşitlilik bakımından kıyaslamak amacıyla genetik varyasyon katsayısı (CVg) ile birey (CVu) ve aile (CVfm) düzeyindeki fenotipik varyasyon katsayıları hesaplanmıştır. En yüksek genetik çeşitlilik (CVg=%22.33) fidan boyu karakterinde gözlemlenmiştir. Bunu sırasıyla, dal kalınlığı (17.39), dal açısı (9.83) ve dal sayısının (4,73) izlemiştir (Çizelge 4.8).

Üçüncü bölümde verilen 13 ve 16 nolu eşitlikler kullanılarak aileler arası ve aile içi genetik kazanç oranları tahmin edilmiştir. Populasyonlarda deęişik seleksiyon yoğunlukları bakımından tahmin edilen genetik kazanç oranları Çizelge 4.11’de verilmiştir. Buna göre ölçülen karakterler için $S_1=1/100$ ve $S_2=1/25$ seleksiyon oranları bakımından tahmin edilen aileler arası, aile içi toplam genetik kazanç oranları %10.42 (dal sayısı), %54.94 (fidan boyu) arasında deęişmektedir.

Çizelge 4.8. Gözlenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranları ve bazı genetik parametreler

Gözlenen Karakterler	FB	DA	DK	DS
σ^2_R	0	0	0,02088	0,00011
(%)	(0.0)	(0.0)	(0.16)	(0.16)
σ^2_P	0	1,06734	0	0
(%)	(0.0)	(1.04)	(0.0)	(0.0)
σ^2_{RP}	0	0	0	0
(%)	(0.0)	(0.0)	(0.0)	(0.0)
$\sigma^2_{F(P)}$	211.1519	15.76561	1.85455	0.007134
(%)	(15.89)	(15.40)	(14.35)	(10.67)
$\sigma^2_{RF(P)}$	0	0	0	0
(%)	(0.0)	(0.0)	(0.0)	(0.0)
σ^2_e	1117.4	85.51433	11.0468	0.05964
(%)	(84.11)	(83.55)	(85.49)	(89.17)
V_T	1328,55	102,35	12,92	0,07
σ^2_u	1328.55	101.28	12.90	0.07
σ^2_{fm}	281.42	21.14	2.55	0.01
CV_u (%)	32.34	14.39	26.47	8.35
CV_{fm} (%)	14.88	6.57	11.77	3.37
CV_g (%)	22.33	9.83	17.39	4.73
$h^2_i \pm S.E$	0.64 ± 0.12	0.62 ± 0.13	0.57 ± 0.11	0.43 ± 0.09
$h^2_f \pm S.E$	0.75 ± 0.14	0.75 ± 0.15	0.73 ± 0.14	0.66 ± 0.14
\bar{x}	112.71	69.96	13.57	3.09
N	1613	1613	1613	1613

σ^2_R = Replikasyonlar arası farklılıklardan doğan varyans, σ^2_P = Populasyonlar arası genetik varyans, σ^2_{RP} = Replikasyon x Populasyon etkileşimi, $\sigma^2_{F(P)}$ = Aileler arası genetik varyans, $\sigma^2_{RF(P)}$ = Aile x Replikasyon etkileşimi, σ^2_e = Hata varyansı, V_T = toplam varyans, σ^2_u = Birey düzeyindeki fenotipik varyans, σ^2_{fm} = Aile fenotipik varyansı, CV_u =Fenotipik varyasyon katsayısı, CV_{fm} = Aile ortalamaları fenotipik varyasyon katsayısı, CV_g =Genetik varyasyon katsayısı, $h^2_i \pm S.E$ =Birey düzeyindeki kalıtım derecesi ve standart hatası, $h^2_f \pm S.E$ = Aile kalıtım derecesi ve standart hatası,

\bar{x} = İlgili karaktere ait aritmetik ortalama, n = gözlem sayısı.

Varyans bileşenlerinin hesabında dal sayısına ait değerlerde karekök dönüşümü ile elde edilen değerler kullanılmıştır.

Çizelge 4.9. Gözlenen karakterlerde S1=1/100 (i1=2.508) ve S2=1/25 (i2=1.965) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç

Parametre	Aileler Arası (ΔG_1)		Aile İçi (ΔG_2)		Toplam (Δ_T)	
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
FB	31.57	28.01	30.36	26.94	61.93	54.94
DA	8.60	12.29	8.23	11.77	16.83	24.06
DK	2.91	21.47	2.74	20.18	5.65	41.65
DS	0,17	5,54	0,15	4,87	0,32	10.42

S1, S2: seleksiyon oranı; i1, i2: seleksiyon yoğunluğu

Çizelge 4.10. Gözlenen karakterlerde S1=5/100 (i1=2.018) ve S2=1/25 (i2=1.965) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç

Parametre	Aileler Arası (ΔG_1)		Aile İçi (ΔG_2)		Toplam (Δ_T)	
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
FB	25.40	22.54	30.36	26.94	55.76	49.47
DA	6.92	9.89	8.23	11.77	15.15	21.66
DK	2.34	17.28	2.74	20.18	5.08	37.46
DS	0.14	4.46	0.15	4.87	0.29	9.33

S1, S2: seleksiyon oranı; i1, i2: seleksiyon yoğunluğu

Çizelge 4.11. Gözlenen karakterlerde S1=10/100 (i1=1.730) ve S2=1/25 (i2=1.965) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç

Parametre	Aileler Arası (ΔG_1)		Aile İçi (ΔG_2)		Toplam (Δ_T)	
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
FB	21.78	19.32	52.14	46.26	30.36	26.94
DA	5.93	8.48	14.16	20.24	8.23	11.77
DK	2.01	14.81	4.75	34.99	2.74	20.18
DS	0.12	3.82	0.27	8.70	0.15	4.87

S1, S2: seleksiyon oranı; i1, i2: seleksiyon yoğunluğu

Çizelge 4.12. Gözlenen karakterlerde S1=15/100 (i1=1.536) ve S2=1/25 (i2=1.965) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç

Parametre	Aileler Arası (ΔG_1)		Aile İçi (ΔG_2)		Toplam (Δ_T)	
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
FB	19.33	17.15	30.36	26.94	49.69	44.09
DA	5.27	7.53	8.23	11.77	13.50	19.29
DK	1.78	13.15	2.74	20.18	4.52	33.33
DS	0,11	3.39	0.15	4.87	0.26	8.27

S1, S2: seleksiyon oranı; i1, i2: seleksiyon yoğunluğu

Çizelge 4.13. Gözlenen karakterlerde S1=20/100 (i1=1.386) ve S2=1/25 (i2=1.965) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç

Parametre	Aileler Arası (ΔG_1)		Aile İçi (ΔG_2)		Toplam (Δ_T)	
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
fb	17.45	15.48	30,36	26.94	47.81	42.41
da	4.75	6.79	8.23	11.77	12.98	18.56
dk	1.61	11.87	2.74	20.18	4.35	32.04
ds	0.09	3.06	0.15	4.87	0.25	7.94

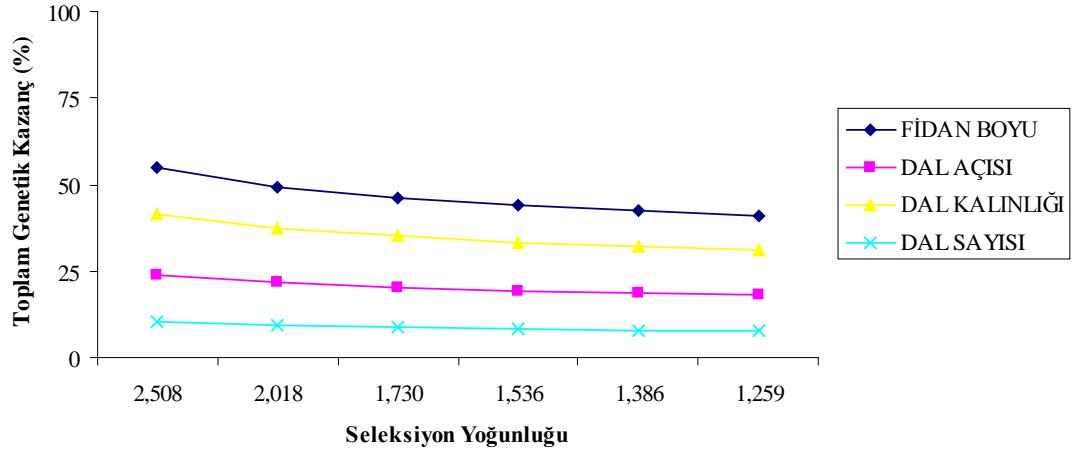
S1, S2: seleksiyon oranı; i1, i2: seleksiyon yoğunluğu

Çizelge 4.14. Gözlenen karakterlerde S1=25/100 (i1=1.259) ve S2=1/25 (i2=1.965) seleksiyon oranları için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç

Parametre	Aileler Arası (ΔG_1)		Aile İçi (ΔG_2)		Toplam (Δ_T)	
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
fb	15.85	14.06	30.36	26.94	46.21	41.00
da	4.32	6.17	8.23	11.77	12.55	17.94
dk	1.46	10.78	2.74	20.18	4.20	30.96
ds	0.09	2.78	0.15	4.87	0.24	7.66

S1, S2: seleksiyon oranı; i1, i2: seleksiyon yoğunluğu

Farklı seleksiyon yoğunluklarında tahmin edilen genetik kazanç oranları Şekil 4.5'te görsel olarak verilmiştir. Şekilden de anlaşılacağı üzere seleksiyon yoğunluğu azaldıkça tahmin edilen toplam genetik kazanç oranı da azalmaktadır. Genel olarak değerlendirildiğinde çalışmaya konu olan populasyonların ıslah populasyonu olarak kullanılması durumunda ölçülen karakterler bakımından tatmin edici düzeyde genetik kazanç elde edilebileceği söylenebilir.



Şekil 4.5. Çalışılan karakterler için değişik seleksiyon yoğunluklarına göre tahmin edilen toplam genetik kazanç oranları

4.3. Genetik ve Fenotipik Korelasyonlar

Çalışılan karakterler arasındaki ilişkileri anlamak amacıyla fenotipik ve genetik korelasyonlar tahmin edilmiştir. Fidan boyu ile gözlenen diğer karakterler arasındaki ilişkiler incelendiğinde, dal açısı ile negatif yönde önemsiz, dal kalınlığı ile ise 0,05 önem düzeyinde anlamlı pozitif bir ilişki ortaya çıkmıştır. Dal açısı ile dal sayısı arasındaki ilişki de önemsiz düzeydedir. Fidan boyu ile en yüksek genetik korelasyonu ($r_g=0.81$) dal kalınlığı en düşük genetik korelasyonu ($r_g=-0.28$) ise dal açısı göstermiştir. Çalışılan karakterler içinde en düşük genetik korelasyon ($r_g=-0.04$) dal kalınlığı ile dal sayısı arasında tahmin edilmiştir (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.15. Gözlenen karakterler arasında genetik korelasyonlar ve standart hataları (diyagonalların sol alt kısmı) ile fenotipik (diyagonalların sağ üst kısmı) korelasyonlar

	FB	DA	DK	DS
FB	-	-0.30291 ns	0.72889*	0.34583 ns
DA	-0.28 ±0.18	-	-0.09078 ns	0.08938 ns
DK	0.81 ±0.07	-0.32 ±0.18	-	-0.04532 ns
DS	0.72 ±0.10	-0.14 ±0.21	-0.62 ±0.13	-

*: 0,05 önem düzeyinde anlamlı

5. SONUÇ

Çalışmaya konu olan populasyonlarda hem populasyonlar arasında, hem de populasyon içi aileler arasında fidan boyu, dal açısı, dal kalınlığı ve dal sayısı bakımından önemli düzeyde farklılıklar gözlenmiştir. Herhangi bir populasyon ya da aile ayırımı gözetilmeksizin yaşama yüzdesi incelendiğinde 2001 deneme alanına dikilen toplam 3000 fidanın %53.7'sinin hayatiyetlerini sağlıklı bir şekilde devam ettirdikleri görülmüştür. Bu karakter bakımından populasyon düzeyinde bir karşılaştırma yapıldığında ise en yüksek yaşama yüzdesi (%64.3) 2 nolu populasyonda (Örenköy), en düşük yaşama yüzdesi de (%43.3) 1 (Tota) ve 6 (Kurucaova) nolu populasyonlarda ortaya çıkmıştır.

Öte yandan en yüksek genetik çeşitlilik fidan boyunda (%22.33), en düşük genetik çeşitlilik ise dal sayısında (%4.73) gözlenmiştir. Gözlenen karakterler bakımından hesaplanan yüksek genetik çeşitlilik örneklenen populasyonların farklı yükseklik kademelerinden ve değişik bakılardan seçilmiş olmasından kaynaklanabilir. Çünkü populasyonlar arasındaki mesafe arttıkça, gen akışının azaldığı belirtilmektedir (Parker vd., 1997).

Çalışılan karakterler için hesaplanan varyansın önemli bir bölümünün (%84.11-%89.17) aile içi yarım kardeşler arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı ortaya çıkmıştır. Populasyonlar arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranı en yüksek fidan boyunda (%1.04) gözlenmiştir. Populasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranı ise fidan boyunda %15.89, dal açısında %15.40, dal kalınlığında %14.35, dal sayısında %10.67 düzeylerinde bulunmuştur. Ölçülen tüm karakterler bakımından aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranları populasyon kaynaklı varyans oranlarından daha yüksek bulunmuştur. Bu sonuç, çalışılan karakterlerin daha ziyade populasyon içi aile düzeyinde genetik kontrol altında olduğunu göstermektedir. Gerek karaçamda gerekse diğer orman ağacı türlerinde benzer sonuçların elde edildiği araştırmalar bulunmaktadır (Kaya ve Işık, 1997; Öztürk vd., 2004; Gülcü ve Üçler, 2008).

Kalıtım derecesi, mevcut genetik kaynaktan bir sonraki kuşakta elde edilebilecek genetik kazanç oranını belirleyen önemli parametrelerden biridir (Namkoong, 1989).

Yapay seleksiyon uygulanan bireylerin fenotipik deęeri ile ıslah deęeri arasındaki yakınlık derecesini göstermektedir. Kalıtım derecesi yüksek bulunan karakterler, yapay seleksiyona daha etkili ve daha kısa sürede cevap verebilmektedirler (Işık, 1980). Genetik çeşitlilikte olduğu gibi kalıtım derecesinin tür içindeki yapısı ıslah çalışmaları açısından son derece önemli görülmektedir. Herhangi bir karakterin ıslah edilip edilmeyeceğine karar verirken populasyon içi genetik çeşitlilik ve tahmin edilen kalıtım derecesi göz önüne alınmaktadır. Bu nedenle, genetik çeşitlilikle birlikte kalıtım derecelerinin de belirli güven aralıklarında tahmin edilmesi ıslah çalışmalarının önemli bir bölümünü oluşturmaktadır (Burdon vd., 1992).

Bu çalışmada gözlenen bütün karakterler için birey ve aile düzeyinde kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Tahmin edilen aile kalıtım dereceleri birey düzeyindeki kalıtım derecelerinden daha yüksek bulunmuştur. Birey düzeyinde kalıtım dereceleri 0,43 (dal sayısı) ile 0.64 (fidan boyu); aile kalıtım dereceleri ise 0,66 (dal sayısında) ile 0,75 (fidan boyu ve dal açısı) arasında değişmektedir. Daha önce Anadolu Karaçam'ında yapılan bazı araştırmalarda da aile kalıtım derecelerinin birey düzeyindeki kalıtım derecelerine kıyasla daha yüksek tahmin edildiği belirtilmektedir (Temerit ve Kaya, 1994; 1997; Gülcü, 2002). Fakat bazı çalışmalarda da kalıtım derecesinin, aynı karakterler için bir türden başka bir türe, aynı türün değişik populasyonlarına, aynı karakterin farklı gelişim devrelerine ve hatta aynı populasyonun denendiği değişik deneme alanlarına göre farklılık gösterdiği bildirilmektedir (Işık, 1980).

Ölçülen karakterlerle ilgili olarak tahmin edilen toplam genetik kazanç oranları dal sayısı haricinde yüksek ($S_1=1/100$ ve $S_2=1/25$ için %28.01 ile %54.94) çıkmıştır. Örneğin çalışmaya konu olan populasyonlarda bulunan 100 aileden en iyi 5 ailenin seçilmesi durumunda fidan boyu için %28.01 oranında genetik kazanç sağlanabilecektir. Aileler arası seleksiyona ek olarak aile içi seleksiyonunda uygulanması durumunda elde edilebilecek toplam genetik kazanç oranı %54,94 düzeyine kadar çıkabilecektir. Seleksiyon yoğunluğu arttıkça, genetik kazanç oranının da arttığı gözlenmektedir. Ancak bir sonraki generasyona döl verecek aile sayısı ise azalmaktadır. Örneğin denemede yer alan ailelerden en iyi %50, %40,

%30, %20, %10 ve %2' sinin seçilmesi durumunda, bir sonraki generasyona döl verecek aile sayısı sırasıyla 25, 20, 15, 10, 5 ve 1'e düşmektedir. Aile sayısının azalması, seleksiyonla oluşturulacak yeni generasyonda genetik kazancı artırırken, ıslah popülasyonunun genetik tabanının daralmasına neden olmaktadır (Işık, 1980; Shelbourne, 1992; Singh ve Chaudhary, 1993). Bu sebeple aile seleksiyonu ile birlikte aile içi seleksiyonuna da önem verilmelidir.

Gözlenen karakterler arasındaki genetik ve fenotipik korelasyonların genel olarak düşük ve negatif yönde olduğu görülmüştür. Bazı karakterler arasında hesaplanan genetik korelasyonlar, fenotipik korelasyonlardan düşük bulunmuştur. Genetik korelasyonların, fenotipik korelasyonlara göre daha düşük çıkması, çevresel koşulların olumlu etkilerinin iki karakter arasında negatif bir ilişki yaratması ile açıklanmaktadır (Işık ve Kaya, 1995). Yani aynı gen tarafından kontrol altında tutulan iki karakter arasındaki düşük genetik korelasyon çevresel etkiler nedeniyle o karakterler bakımından bireyin fenotipine aynı düzeyde yansıtılmamaktadır. Eğer incelenen iki karakter arasındaki önemli genetik korelasyonlar ilerleyen yaşlarda devam ederse, gelecekte aynı kuşakta birden fazla karakterde ıslah yapmak mümkün olabilmektedir. Bu nedenle çalışmaya konu olan popülasyonlarda gözlenen karakterler arasındaki ilişkilerin ileriki yaşlarda yeniden değerlendirmesi uygun olacaktır.

Bu sonuçlardan hareketle aşağıdaki önerilerde bulunulabilir:

1. Karaçamda çalışılan tüm karakterler bakımından popülasyonlar ve popülasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde farklılıklar gözlemlenmiştir.
2. Ölçülen karakterler bakımından gözlenen varyansın önemli bir kısmı aile içi yarım kardeşler ve aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanırken, popülasyonlar arası farklılıklardan kaynaklanan genetik varyansın toplam varyans içindeki payı çok düşük ya da hiç yoktur. Bu durum popülasyon içi aileler arası ve aynı zamanda aile içi genetik çeşitliliğin yüksek olduğu anlamına da gelmektedir ki bu, elde edilecek genetik kazancı artırmak bakımından önemli bir potansiyeldir. Karaçamda yapılacak ıslah çalışmalarında bu potansiyel göz ardı edilmemelidir. Bu sonuçtan

hareketle, çalışılan karakterler bakımından uygulanacak seleksiyon çalışmalarında popülasyondan ziyade popülasyon içi aile seleksiyonuna ve aile içi seleksiyona öncelik verilmelidir.

3. En yüksek aile kalıtım derecesi (0.75) ekonomik önemi fazla olan fidan boyu ile dal açısında tahmin edilmiştir. Tüm karakterler için tahmin edilen aile kalıtım dereeleri birey düzeyindeki kalıtım derecelerinden yüksek çıkmıştır. Bu durum Karaçam'da aile düzeyinde yapılacak seleksiyonla daha fazla genetik kazanç elde edilebileceğini göstermektedir.

4. Çalışılan karakterler bakımından değişik seleksiyon yoğunlukları için tahmin edilen genetik kazanç oranları oldukça yüksek çıkmıştır. Özellikle aile seleksiyonu ile birlikte aile içi seleksiyona da önem verilmesi ve kombine seleksiyon yapılması durumunda elde edilebilecek genetik kazanç oranı %50 ve üzerine çıkabilebilmektedir. Bu nedenle karaçamda kendilemenin de belirli bir düzeyde tutulabilmesi ve optimum genetik kazançta ulaşılabilmesi açısından, uygulanacak ıslah programlarında yapılacak seleksiyonun popülasyon içi aileler arasında ve aile içi yarım kardeşler arasında kombine olarak uygulanması daha isabetli olacaktır.

5. Ölçülen karakterler bakımından popülasyon ortalamaları karşılaştırıldığında hem fidan boyu hem de dal açısı bakımından 2, 4 ve 7 nolu popülasyonların ilk beş içinde yer aldıkları görülmektedir. O halde yeni ve kapsamlı çalışmalar sonuçlandırılıncaya kadar deneme alanı ve çevresi ile benzer özelliklere sahip yetiştirme ortamları için bu popülasyonlar tohum kaynağı olarak kullanılabilir.

6. KAYNAKLAR

- Aguinagalde, I., Bueno. M. A., 1994. Morphometric and Electrophoretic Analysis of Two Populations of European Black Pine (*Pinus nigra* Arn.), *Silvae Genetica*. 43, 4, 195-199.
- Aguinagalde, I., Llorente, F., Benito, C., 1997. Relationships Among Five Populations of European Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.) Using Morphometric and Isozyme Markers, *Silvae Genetica*, 46, 1, 1-5.
- Anonim. 1988. Ormancılık Ana Planı 1990-2009. O.G.M. Yayın No:3, 176s. Ankara.
- Atalay, İ., 1977. Türkiye’de Çam Türlerinde Tohum Transfer Rejyonlaması. AGM. Yayınları No: 1, 46s. Ankara.
- Alptekin, C. Ü., 1986a. Anadolu Karaçamının (*Pinus nigra* ssp. *pallasiana* Lamb. Holmboe) Coğrafik Varyasyonları. İÜ Orman Fakültesi Silvikültür Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 170s. İstanbul.
- Alptekin, C. Ü., 1986-b. Anadolu Karaçamının (*Pinus nigra* ssp. *pallasiana* Lamb. Holmboe) Coğrafik Varyasyonları, İÜ Orman Fakültesi Dergisi, A. (36), 2: 132-154. İstanbul.
- Birler, A.S., 1995. Ormanlarımızın Korunması İçin Endüstriyel Plantasyonların Önemi. TEMA. Yayınları No:8, 28s.
- Bongarten, B.C., Hanover, J.W., 1986. Genetic Parameters of Blu spruce (*Picea punnogens*) at Two Locations in Michigan, *Silvae Genetica*, 35
- Bonnet-Masimbert, M., Bıkay-Bıkay, V., 1978. Variability, Intraspecific des Izoymes de la Glutamate Oxaloacetate Transaminase Chez *Pinus nigra* Arnold. *Silvae Genetica*, 27, 71-79.
- Burdon R.D., Bannister M.H., Low C.B., 1992. Genetic Survey Of *Pinus Radiata*. 2:Population Comparisons For Growth Rate, Disease Resistance And Morphology. *New Zealand Journal of Forestry Science*, 22(2/3):138-159.
- Chaisurisri, K., Edwards, D. G. W., El-Kassaby, Y. A., 1992. Genetic Control of Seed Size and Germination in Sitka Spruce, *Silvae Genetica*, 41, 6, 348-355.
- Çılgin, Ş., Ayan, S., Sivacıoğlu, A., 2007. Hanönü (Kastamonu)-Günlüburun Karaçam (*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) Tohum Bahçesinde Bazı Klonların Kozalak ve Tohum Özellikleri. *Kastamonu Üniversitesi, Orman Fakültesi Dergisi, Kastamonu*.
- Demir, İ., Turgut İ., 1999. Genel Bitki Islahı. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları No: 496, 451s. Bornova/İzmir.
- Doğan, B., Özer, A. S., Gülbaba, A. G., Velioğlu, E., Doerksen, A. H., Adams, W. T., 1997. Kazdağları’ndan Örneklenen Karaçam (*Pinus nigra* Arnold.) Populasyonlarında Kalıtım ve Allellerin Bağlılığı. *Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi, Sayı:1, 40-58s. İzmir*.

- Ekberg, I., Eriksson, G., Namkoong, G., Nilsson, C., Norell, L., 1994. Genetic correlations for Growth Rhythm and Growth Capacity at Ages 3-8 Years in Provenance Hybrids of *Picea abies*. Scand. J. For. Res., 9:25-33.
- Eriksson, G., Jonsson, A., Dormling, I., Norell, L., Stener, L-G., 1993. Retrospective Early Tests of *Pinus sylvestris* L. Seedlings Grown Under Five Nutrient Regimes, Forest Science, Vol. 39, No. 1, 95-117.
- Falconer, D.S., 1981. Introduction to Quantitative Genetics, 2 nd Edition, Longman Inc. Group U.K. Limited, 340p.
- Falconer, D.S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics, Longman Scientific Technical, Longman Group U.K. Limited, 438p.
- Falconer, D.S., Maccay, T. F. C., 1996. Introduction to Quantitative Genetics, 2 nd Edition, Longman Inc. Group U.K. Limited, 4. Edition, 464p.
- Farmer JR. R. E., 1993. Latitudinal Variation in Height and Phenology of Balsam Poplar, *Silvae Genetica*, 42, 2-3, 148-153.
- Fineschi, S., 1984. Determination of the Origin of an Isolated Group of Trees of *Pinus nigra* through Enzyme Gene Markers. *Silvae Genetica*, 33, 4-5, 169-172.
- Hartle, D.L., 1981. Primer of Population Genetics. Sinauer Ass., Inc., Publishers, Sunderland, Massachusetts, 191p.
- Genç, M., 2004. Silvikültürün Temel Prensipleri. SDÜ. Orman Fakültesi Yayın No:44, SDÜ Yayın No:44 SDÜ Basımevi, 228-229s. Isparta.
- Guinon, M., Larsen, J. B., Spethmann, W., 1982, Frost Resistance and Early Growth of *Sequoiadendron giganteum* Seedlings of Different Origins. *Silvae Genetica*, 31(5-6):173-178.
- Gülcü, S., 2002. Göller Yöresi Anadolu Karaçamında (*Pinus nigra* Arnold.subsp. *pallasiana* (Lamb) holmboe) Populasyonlar arası ve populasyon içi genetik çeşitlilik. Doktora Tezi 1s. Trabzon.
- Gülcü, S., Ücler, A., Ö., 2008. Genetic Variation of Anatolian Black Pine (*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) İn The Lakes District of Turkey, *Silvae Genetica*, pp.57-1, 1-5
- Gürses, M. K., Gemici, Y., Özkurt, N., Gülbaba, A. G., Özkurt, A., Tüfekçi, S., 1996. Investigation on Plant Biodiversity among Black Pine (*Pinus nigra* Arn. var. *pallasiana* Schneid.) Populations on the Bolkar Mountains. International Symposium on In-Situ Conservation of Plant Genetic Diversity, Belek, Antalya.
- Gwaze, D. P., Woolliams, J. A., Kanowski, P. J., 1997. Genetic Parameters for Height and Stem Straightness in *Pinus taeda* Linnaeus in Zimbabwe. *Forest Genetics*, 4 (3): 159-169.

- Gwaze, D. P., Bridgwater, F. E., Byram, T. D., Woolliams, J. A., Williams, C. G., 2000. Predicting Age-Age Genetic Correlations in Tree-Breeding Programs. A Case Study of *Pinus taeda* L., *Theor. Appl. Genet.* 100: 199-206.
- Işık K., 1980. Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlar Arası ve Populasyonlar İçi Genetik Çeşitliliğin Araştırılması. I: Tohum ve Fidan Karakterleri. ODTÜ Biyolojik Bilimler Bölümü, Doçentlik Tezi, 149s. Ankara.
- Işık, F., Kaya, Z., 1995. Toroslarda Güney-Kuzey Doğrultusunda Örneklenen Kızılçam Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı. *Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, Sayı:1, 79s.
- Işık, F., 1996. Kızılçamda Populasyon Genetiği ve Biyolojik Kaynakların İşletilmesi. *Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, Dergi Serisi, Sayı: 2, 11-32s. Antalya.
- Işık, F., 1998. Kızılçam'da (*Pinus brutia* Ten.) Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Derecesi ve Genetik Kazancın Belirlenmesi. *Batı Akdeniz O.A.E. Yayınları*, Teknik Bülten, No:7, 211s. Antalya.
- Işık, F., Işık, K., Lee, S. J., 1999. Genetic Variation in *Pinus brutia* Ten. In Turkey: I. Growth, Biomass and Stem Quality Traits, *Forest Genetics*, 6(2): 89-99.
- Kalıpsız A., 1994. İstatistik yöntemler, İ.Ü. Yayın No:2837/294, 558s. İstanbul.
- Kaya, Z., Ching, K. K., Stafford, S. G., 1985. A Statistical Analysis of Karyotypes of European Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.) from Different Sources. *Silvae Genetica*, 34, 4/5, 148-156.
- Kaya, Z., Temerit A., 1994. Genetic Structure of Marginally Located *Pinu nigra* var. *Pallasiana* Population in Cetral Turkey. *Silvae Genetica*, 43, 5/6, 272-277
- Kaya, Z., Işık, F., 1997. The Pattern Of Genetic Variation İn Shoot Growth Of *Pinus brutia* Ten. Populations Sampled From The Toros Mountains İn Turkey, *Silvae Genetica*, 46 (2/3):73-81.
- Koski, V., Antola, J., 1993. National Tree Breeding and Seed Production Programme for Turkey 1994-2003. The Research Directorate Of Forest Tree Seeds and Tree Breeding Press, 53p. Ankara.
- Matziris, D. I., 1984. Genetic Variation in Morphological and Anatomical Needle Characteristics in the Black Pine of Peloponnesos. *Silvae Genetica*, 33, 4-5, 164-169.
- Matziris, D., 1984. Genetic Variation in the Phenology of Flowering in Black Pine. *Silvae Genetica*, 43, 5/6, 321-328.
- Matziris, D. I., 1989. Variation in Growth and Branching Characters in Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.) of Peloponnesos. *Silvae Genetica*, 38, 3-4, 77-81.
- Matziris, D., 1993. Variation in Cone Production in a Clonal Seed Orchard of Black Pine. *Silvae Genetica*, 42, 2-3, 136-141.
- Matziris, D., 1995. Provenance Variation of *Pinus radiata* Grown in Greece *Silvae Genetica*, 44, 2-3, 88-96.

- Matziris, D., 1998. Genetic Variation in Cone and Seed Characteristics in a Clonal Seed Orchard of Aleppo Pine Grown in Greece. *Silvae Genetica*, 47, 1, 37-41.
- Merwin, M. L., Martin, J. A., Westfall, R. D., 1995. Provenance and Progeny Variation in Growth and Frost Tolerance of *Casuarina cunninghamiana* in California. USA, *Forest Ecology and Management* 79 , 161-167.
- Namkoong, G., Conkle, M. T., 1976. Time Trends in Genetic Control of Hight Growth in Panderosa Pine, *Forest Sci.*, 22: 2-12.
- Namkoong,G., Kang H.C., Brouards J.S., 1988. Tree Breeding:Principals and Strategies. Monographs on Theoretical and Applied Genetics, ed: Frankel R., Grossman M., Linskens H.F., Maliga P., Springer Verlag, 225p. New York.
- Namkoong, G., 1989. System of Gene Management. In:Breeding Torpical: Population structure and Genetic Improvement Strategies in Clonal and Seedling Forestry. Proc.IUFRO Conference, Pattaya, Tailant
- Öztürk, H., Şıklar, S., 2000. Türkiye Milli Ağaç Islahı ve Tohum Üretimi Programı (Özellikleri ve Gerçekleştirilen Çalışmalar). Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü Dergisi, Orman Bakanlığı Yayın No: 116, Müdürlük yayın No: 13, Sayı: 1, 1-41s. Ankara.
- Öztürk. H., Şıklar, S., Alan, M., Ezen, T., Gülbaba, G., Sabuncu, R., Korkmaz, B., Tulukçu, M., Derilgen. S., I., Keskin, S., Çalışkan, B., 2004, Akdeniz Bölgesi Alçak Islah Zonunda (0-400 m) Kızılçam (*pinus brutia* Ten.) Döl Denemeleri (4. Yaş Sonuçları), Çevre ve Orman Bakanlığı, Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Yayın no:230/24, Ankara.
- Öztürk, H., Şıklar S., Alan, M., Ezen, T., Gülbaba, A.G., Sabuncu, R., Korkmaz, B., Tulukçu, M., Derilgen, S., I., Keskin, S., Çalışkan, B., 2006. Akdeniz Bölgesi Orta Yükselti Kuşağı (401-800 m) Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Islah Zonunda Döl Denemeleri (4. yaş Sonuçları). Çevre ve Orman Bakanlığı, Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Yayın no: 296/28. Ankara.
- Parker, K.C., Hamrick, J.L., Palmer, A.J., Stacy, E.A., 1997. Allozyme Diversity In *Pinus virginiana* (Pinaceae): Intraspecific and Interspecific Comparisons. *Am. J. Bot.* 84: pp. 1372-1382
- Persson, B., Beuker, B. E., 1997. Distinguishing Between The Effects of Changes in Temperature and Light Climate Using Provenance Trials with *Pinus sylvestris* in Sweden, *Can. J. For. Res.*, 27:572-579.
- Pinyopusarerk, K., Doran, J. C., Williams, E. R., 1996. Wasuwanich, P., Variation in Growth of *Eucalyptus camaldulensis* in Thailand, *Forest Ecology and Management* 87, 63-73.
- Prus-Glowacki, W., Stephan, B. R., 1994. Genetic Variation of *Pinus sylvestris* from Spain in Relation to Other European Populations. *Silvae Genetica*, 43, 1, 714.

- Raymond C.A., Cotterill P.P., 1990. Methods of Assessing Crown Form of *Pinus radiata*. *Silvae Genetica*, 39 (2): 67-71,
- Saatçiođlu F., 1971. Orman Ađacı tohumları. İÜ. Orman Fakóltesi Yayın No:173 İstanbul.
- Saatçiođlu, F., 1976. Silvikólturnun Biyolojik Esasları ve Prensipleri (Silvikólturnun I). İÜ.Orman Fakóltesi Yayınları No. 2187-222s. İstanbul.
- SAS Inst. Inc. (1988). SAS/STAT User's Guide, Release 6.03, edition, Cary, NC, 1028pp.
- Scaltsoyiannes, A., Rohr, R., Panetsos, K. P., 1994. Allozyme Frequency Distributions in Five European Populations of Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.): I Estimation of Genetic Variation Within and Among Populations, II) Contribution of Izozyme Analysis to the Taxonomic Status of the Species. *Silvae Genetica*, 43, 1, 20-30.
- Sebbenn, M. A., D.H., Boshier, M.L.M., Freitas, A.C.S. Zanatto, A.S. Sato, L.C. Etori and E. Moraes 2007. Results of International Provenance Trial of *Cordia allidora* in Sao Paulo, Brazil at Five an 23 Years of age, *Silvae Genetica* 56: 110-117
- Shelbourne, C. J. A., 1969. Tree Breeding Methods. New Zealand Forest Research Institute, Technical Paper No: 55, ODC: 165. 3/7. New Zealand.
- Shell bourne, C.J. A., 1992. Genetic Gains from different Kinds Of Breeding Population and Seed or Plant Production, Paper Peresented at the IUFRO Symposium " Intensive Forestry: The Rule Of Eucalyptus", Held in Durban, , İn September, 1991:49-65. South Africa.
- Sing N.B., Chaudhary, V.K., 1993. Variability, Heritability and Genetic Gain in Cone and Nut Characters of Chilgoza Pine (*Pinus gerardina* Wall.). *Silvae Genetica*, 42, 2-3, 61-63.
- Silin, A. E., Goncharenko, G. G., 1996. Allozyme Variation in Natural Populations of Eurasian Pines: IV. Population Structure and Genetic Variation in Geographically Related and Isolated Populations of *Pinus nigra* Arnold on the Crimean Peninsula, *Silvae Genetica*, 45, 2-3, 67-75.
- Sokal R.R., Rohlf F.J., 1995. Biometry, Third Edition, W. H. Freeman and Company, 887p. New York.
- Sorensen, F. C., Franklin, J. F., 1977. Influence of Year of Cone Collection on Seed Weight and Cotyledon Number in *Abies procera*, *Silvae Genetica*, 26, 1, 41-43.
- Sorensen, F.C., 1992. Genetic Variation and Seed Transfer Guidelines for Lodgepole Pine in Central Oregon. Research Paper, PNW-RP No:453, 30 p.
- Şimşek, Y., 1993. Orman Ađaçları İslahına Giriş. Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Muhtelif Yayınlar Serisi No: 65, 312s. Ankara.

- Temerit, A., Kaya, Z., 1997. İç Toroslar Bölgesinde Örneklenen Doğal Karaçam (*Pinus nigra* var. *pallasiana*) Populasyonlarının Genetik Strüktürleri. Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten No: 265, 31s. Ankara.
- Turna, İ., 1996. Doğu Ladini (*Picea orientalis* L. Link.) Populasyonlarında Genetik Yapının İzoenzim Analizleri İle Belirlenmesi. Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Orman Mühendisliği Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 120s. Trabzon.
- Ürgenç. S., 1982. Orman Ağaçları Islahı, İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınları, No: 2836/293, 414s. İstanbul.
- Üçler, A. Ö., Gülcü, S., 1999. A Study on the Variations of Cone and Seed Morphology of Some Natural Anatolian Black Pine (*Pinus nigra* Arnold. *subsp. pallasiana* Lamb. Holmboe) Populations in Isparta Lake District, 1st International Symposium on Protection of Natural Environment & Ehrami Karaçam (*Pinus nigra* Arnold. *ssp. pallasiana* (Lamb.) Holmboe var. *pyramidata* (Acat.) Yaltrık), 23-25th September, 332-340s. Kütahya.
- Yahyaoğlu, Z., 1983. Birkaç *Pinus brutia* Ten. Orijininde Kotyledon Sayısı Varyasyonu. Karadeniz Üniversitesi Dergisi, Cilt: 6, Sayı: 2, 407-415s. Trabzon
- Yaltrık F., 1988. Dendroloji I Ders Kitabı. İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınları, İ.Ü. YayınNo:3443, O.F. Yayın No: 386, Taş Matbaası, İstanbul.
- Yaltrık, F., 1993. Dendroloji Ders Kitabı I Gymnospermae. İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınlar, İÜ Yayın No:3443, Orman Fakültesi Yayın No:386, I. Baskı, İstanbul
- Yaltrık, F., Efe A., 1994. Dendroloji, Gymnospermae-Angiospermae, II. Baskı. ISBN: 975-404-594-1, İ.Ü. Yayın No: 42. Fakülte Yayın No:465, İstanbul
- Yeşilkaya. Y., 1998. Göller bölgesinde 36 Yerli Karaçam Orijinin Fenolojik olarak karşılaştırılması, Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No:8 23s. Antalya
- Yıldız N., Bircan H., 1991. Araştırma ve Deneme Metodları, Atatürk Üniversitesi Yayınları No: 697, Ziraat Fakültesi No: 305, Ders Kitapları Serisi No: 57, 277s. Erzurum.
- Yıldız N., Bircan H., 1994. Uygulamalı İstatistik (IV. Baskı). Atatürk Üniversitesi Yayınları No: 704, Ziraat Fakültesi No: 308, Ders Kitapları Serisi No: 60, 218s. Erzurum.
- Yurtseven, N., 1974. İstatistik Metodları (III), Debnemelerin İstatistik Prensiplerine Uygun Tertiplenmesi, Yürütülmesi ve Değerlendirilmesi. Toprak ve Su Genel Müdürlüğü, Toprak ve Gübre Araştırma Enstitüsü, Teknik Yayınlar Serisi No: 30, 142s. Ankara.
- Vargas-Hernandez, J.J., Adams, W.T., Joyce, D.G., 2003. Quantitative Genetic Structure of Stem Form and Branching Traits in Douglas-fir Seedlings and implication for Early Selection. *Silvae Genetica* 52: 36-44

- Vidavikoviç, M., 1991. Conifers Morphology and Variation, Graficki Zavod Hrvastke
- Veliođlu, E., Çengel, B., Kaya, Z, 1999-a. Kaz Dađlarındaki Dođal Karaçam (*Pinus nigra* Arnold. susp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe.) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliđin Yapılanması. Orman Ađaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten No: 1, 30s. Ankara,
- Veliođlu, E., Çengel, B., Kaya, Z, 1999-b. Kaz Dađlarındaki Dođal Karaçam (*Pinus nigra* Arnold. susp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe.) Populasyonlarında İzoenzim Çeşitliliđi. Orman Ađaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten No: 4, 35s. Ankara.
- Veliođlu, E., İçgen, Y., Çengel, B., Öztürk, H., Kaya, Z., 2003. Moleküler Belirteçler Yardımıyla Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Tohum Meşcerelerinde, Tohum Bahçelerinde ve Ađaçlandırmalarında Bulunan Genetik Çeşitliliđin Karşılaştırılması. Orman Bakanlığı Orman Ađaçları Islah Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten No:10, Yayın No: 189/22, Ankara.
- Veliođlu, E., Çengel, B., İçgen, Y., Kandemir, G., Kaya Z., 2005. Kırklareli-Kasatura Körfezi Tabiatı Koruma Alanında Bulunan Karaçam (*Pinus nigra* Arnold) Populasyonlarının Genetik Yapısının Moleküler Belirteçler Yardımıyla Belirlenmesi. Teknik Bülten No:15, Çevre ve Orman Bakanlığı Orman Ađaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Yayın no:265-27s. Ankara.
- Venator, C. R., 1974. Hypocotyl Length in *Pinus caribaea* Seedlings: A Quantitative Genetic Variation Parameter. *Silvae Genetica*, 23, 4, 130-132.
- Wang, B., M., Gao, F., Q., 2009. Genetic Variation in Chinese Pine (*Pinus tabulaeformis*). a Woody Species Endemic to China, , Numbers 1-2, 154-164.
- Wanyancha, J. M., Morgenstern, E. K., 1985. Genetic Vriation in Nitrogen Concentration, Accumulation and Utilization Efficiency in *Larix laricina* Families, For. Tree Improv. Conf. (West Virginia Univ., Morgantawn, W. Va., 18-20 July 1984),189-202.
- Wilcox, M. D., Miller, J. T., 1975. *Pinus nigra* Provenance Variation and Selection in New Zealand, *Silvae Genetica*, 24, 5/6, 132-140.
- Woolaston, R. R., Kanowski, P. J., Nikles, D. G., 1991. Genotype-Environment Interactions in *Pinus caribaea* var. *hondurensis* in Queensland, I. Population x Site Interactions. *Silvae Genetica*, 40, pp.224-228. Australia.
- Zobel, B., Talbert J., 1984. Applied Forest Tree Improvement. John Wiley Sons, Inc. 505p

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı: Mehmet AKÇAKAYA

Doğum yeri ve Yılı: Kahramanmaraş 1980

Medeni Hali: Bekar

Yabancı Dili: İngilizce

Eğitim durumu (Kurum Ve Yıl):

Lise : Gazi Mağosa Namık Kemal Lisesi/KKTC 2001

Lisans: Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Fakültesi Orman Mühendisliği
Bölümü 2006

Yüksek Lisans: Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Orman
Mühendisliği Anabilim Dalı (Devam Ediyor)

Çalıştığı Kurumlar: Süleyman Demirel Üniversitesi (2008), Orman Genel Müdürlüğü
(2009-Halen devam ediyor)

