

Orman Bakanlıđı Yayın No:143
DOA Yayın No: 18

ISSN: 1300-7912

**BOLKAR DAĐLARI DOĐAL KIZILÇAMLARINDA
(*Pinus brutia* Ten.) GENETİK ÇEŞİTLİLİK
VE
GEN KORUMA VE YÖNETİM ALANLARININ
BELİRLENMESİ**

ODC : 165.3

Genetic Diversity in Natural Turkish Red Pine (*Pinus brutia*
Ten.) Populations Sampled From the Bolkar Mountains
and
Designation of Gene Management Zones

A. Gani GÜLBABA

Nurten ÖZKURT

TEKNİK BÜLTEN NO: 12

**ORMAN BAKANLIĐI
DOĐU AKDENİZ
ORMANCILIK ARAŐTIRMA ENSTİTÜSÜ**

**EASTERN MEDITERRANEAN
FORESTRY RESEARCH INSTITUTE**

TARSUS

Orman Bakanlıđı Yayın No:143
DOA Yayın No: 18

ISSN: 1300-7912

**BOLKAR DAĐLARI DOĐAL KIZILÇAMLARINDA
(*Pinus brutia* Ten.) GENETİK ÇEŞİTLİLİK
VE
GEN KORUMA VE YÖNETİM ALANLARININ
BELİRLENMESİ**

ODC : 165.3

Genetic Diversity in Natural Turkish Red Pine (*Pinus brutia* Ten.)
Populations Sampled From the Bolkar Mountains
and
Designation of Gene Management Zones

A. Gani GÜLBABA

Nurten ÖZKURT

TEKNİK BÜLTEN NO: 12

**ORMAN BAKANLIĐI
DOĐU AKDENİZ
ORMANCILIK ARAŐTIRMA ENSTİTÜSÜ**

**EASTERN MEDITERRANEAN
FORESTRY RESEARCH INSTITUTE**

TARSUS

YAYIN KURULU
Editorial Board

Dr. Ali ÖZKURT
A. Gani GÜLBABA
Sedat TÜFEKÇİ
Nurten ÖZKURT
Ersin YILMAZ

YAYINLAYAN

Doğu Akdeniz
Ormancılık Araştırma Enstitüsü
P.K. 18, 33401
Tarsus/TÜRKİYE

Published by

Eastern Mediterranean
Forestry Research Institute
P.O. Box 18, 33401
Tarsus/TURKEY

Tel : 0 (324) 6487453
Fax : 0 (324) 6487337
E.mail : info@doaresearch.org

2000

Baskı

Yorum Ofset
Tel : 0 (324) 6226741
Fax : 0 (324) 6137471

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ

ÖZ

ABSTRACT

Sayfa No

1. GİRİŞ.....	1
2. MATERYAL VE METOT.....	2
2.1. Populasyonların Tanıtımı ve Örneklenmesi.....	2
2.2. Tohum Ekimi, Deneme Alanı ve Deneme Deseni.....	2
2.3. Gözlenen Karakterler.....	4
2.4. İstatistiksel Değerlendirmeler.....	6
2.4.1. Verilerin Normalleştirilmesi.....	6
2.4.2. Varyans Analizleri.....	6
2.4.3. Genetik ve Fenotipik Varyasyon Katsayıları.....	7
2.4.4. Kalıtım Derecesinin Hesabı.....	8
2.4.5. Genetik ve Fenotipik Korelasyonların Hesabı.....	8
2.4.6. Diskriminant Analizi, Biyolojik Mesafe (D^2 istatistiği) ve Kümelendirme (Klastır) Analizleri.....	9
3. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	10
3.1. Genetik Çeşitliliğin Yapılaşması.....	10
3.1.1. Varyans Analizi ve Varyans Analizi Bileşenleri.....	10
3.1.2. Populasyonların Karakter Ortalamaları ve Student Newmann-Keuls Çoklu Testi.....	13
3.1.3. Genetik ve Fenotipik Varyasyon Katsayıları.....	17
3.2. Karakterlerin Aile Düzeyi Kalıtım Dereceleri.....	19
3.3. Fidan Karakterleri Arasındaki Genetik ve Fenotipik İlişkiler (Korelasyonlar).....	20
3.4. Populasyonların Farklılaşması.....	22
3.4.1. Kanonik Diskriminant Analizi.....	22
3.4.2. Populasyonlar Arası Biyolojik Uzaklıklar (D^2).....	24
3.4.3. Kümelendirme (Klastır) Analizi.....	25
3.5. Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının (GEKYA) Belirlenmesi.....	26
4. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	27
ÖZET.....	30
SUMMARY.....	33
YARARLANILAN KAYNAKLAR.....	35
EK TABLO.....	38

TABLO LİSTESİ

Tablo No	Sayfa No
1. Örneklenen Kızılcım Populasyonlarına Ait Coğrafik Bilgiler	2
2. Kodlanmış Fidan Karakterleri ve Açıklamaları.....	4
3. Karakterler İçin Uygulanan Varyans Analiz Modeli.....	7
4. Varyans Analizi Sonuçları, Varyanslar (K.O.) ve Varyasyon Katsayıları (CV).....	10
5. Karakterlerin Varyans Bileşenleri, Toplam Varyansa Oranları (%VC) ve Aile Kalıtım Derecesi (h^2_f) ve Standart Hataları (s.e.).....	12
6. Karakterlerin Populasyon Ortalamaları, Standart Hataları ve Genel Ortalamaları.....	16
7. Genetik (%CV _g) ve Fenotipik (%CV _f) (parantez içerisinde) Varyasyon Katsayıları.....	17
8. Fidan Karakterlerine ait Genetik (diyagonal üstü) ve Fenotipik (diyagonal altı) İlişkiler* ve Standart Hataları.....	21
9. Kanonik Diskriminant Analizine Ait Varyans Oranları ve Özdeğerler.....	22
10. Kızılcım Populasyonları Arasındaki Biyolojik Uzaklıklar (D^2).....	25

ŞEKİL LİSTESİ

Şekil No	Sayfa No
1. Kızılcım Populasyonlarının Yerlerini Gösteren Harita.....	3
2. Boy Gelişim ve Artım Karakterleri.....	5
3. Populasyonların Aile Ortalamalarının Diskriminant Fonksiyonları Bazında Dağılımı.....	23
4. Populasyonların, Populasyon Merkezleri Diskriminant Fonksiyonları Bazında Dağılımı.....	24
5. Kümelendirme Analizi Sonucu Oluşan Dendrogram.....	26

EK TABLOLAR

Şekil No	Sayfa No
1. Karakterlere Ait Serbestlik Dereceleri.....	38
2. Karakterlerin Varyans Bileşenlerine ait Katsayılar.....	38

ÖNSÖZ

Bu çalışma “20.1604/1998-2000-2001” numara ve “*Bolkar Dağlarında Örneklenen Kızılçam (P.brutia Ten.) populasyonlarının Genetik Çeşitliliğinin Fidan Karakterlerinden Yararlanılarak Belirlenmesi*” ismi altında araştırma projesi olarak yürütülmüştür. Teknik Bülten olarak “*Bolkar Dağları Doğal Kızılçamlarında (Pinus Brutia Ten.) Genetik Çeşitlilik ve Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının Belirlenmesi*” ismi ile yayınlanması uygun görülmüştür.

Küresel Çevre Fonu (Global Environmental Fund - GEF) adına hareket eden Dünya Bankasının maddi katkıları ile yurdumuzda yürütülmüş olan “Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması (TU-28632)” projesi kapsamında Bolkar dağları pilot uygulama alanı seçilmiştir. Bolkar dağlarında bulunan doğal kızılçamlar, yerinde korunması (in-situ) amacıyla *hedef tür* olarak belirlenmiştir.

Bu çalışma ile bu hedef türün genetik yapısını fidan karakterlerini kullanarak ortaya çıkarmak ve bu bilgileri kullanarak Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının (GEKYA) belirlenmesi için öneriler geliştirmek amaçlanmıştır.

Bu çalışmada kullanılan 312 bireye ait tohumları büyük bir emek sarfı ile toplayan *Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsüne*, maddi ve manevi desteklerinden dolayı *T.C Orman Bakanlığına* ve *Dünya Bankasına*, bütün olanaklarını bizlere sunan *Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsüne* ve *personeline* teşekkür ederiz.

Bu Sonuç Raporunun olgunlaşmasına görüş ve öneri bildirerek değerli katkılar yapan Dr. Bünyamin DOĞAN, Dr. Fikret IŞIK, Hikmet ÖZTÜRK, Sadi Şıklar, Prof. Dr. Zeki KAYA ve 2001 yılında Antalya’da toplanan Öncelikli Araştırma Alanları (ARA-1, ARA-2) Çalışma Grubu üyelerine teşekkür ederiz.

A.Gani GÜLBABA
Nurten ÖZKURT

Tarsus 2001

ÖZ

Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması Projesi kapsamında kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) hedef türlerden biri olarak seçilmiştir.

Bu çalışma ile Bolkar dağları doğal kızılçamlarının genetik yapılarını ortaya koymak ve gen koruma ve yönetim alanlarının belirlenmesinde öneriler geliştirmek amaçlanmıştır.

Bolkar dağlarından belirlenen sekiz populusyona ait 312 aileden fidan yetiştirilerek iki yıl boyunca gözlemler yapılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre, incelenen fidan karakterleri bakımından genetik varyasyonun büyük oranda populusyonlar arasında değil populusyonlar içi aileler arasında olduğu ortaya çıkmıştır. Karakterlerin populusyonlar arası varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranı %0.00 (HPKBOY) ile %20.51 (BOY97) arasında değişmektedir. Aile düzeyindeki kalıtım derecesinin (h^2_f) 0.03 (CAPART98) ile 0.74 (KOTSAY) arasında değiştiği, bir çok karakterin genetik ve fenotipik olarak ilişkili bulunduğu, populusyon ortalamalarına ait diskriminant fonksiyonlarına ve hesaplanan Biyolojik Uzaklığa (D^2) göre *Manastır* ve *Karain* populusyonlarının birbirlerinden farklılaştığı ve önemli oranda biyolojik uzaklık bulunduğu anlaşılmıştır.

Elde edilen bulguların değerlendirilmesi sonucu *Manastır*, *Bahçe* ve *Karakoyak* populusyonlarının Gen Koruma ve Yönetim Alanı (GEKYA) olarak ayrılması önerilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Kızılçam, *Pinus brutia*, Genetik çeşitlilik, Kalıtım derecesi, Korelasyonlar, Gen koruma ve yönetim alanları (GEKYA), Yerinde koruma, Türkiye

ABSTRACT

Turkish red pine (*Pinus brutia* Ten.) has been selected as one of target species within the framework of “In-Situ Conservation of Plant Genetic Diversity in Turkey” project. The aim of this study was to reveal genetic structure of Turkish red pine populations from the Bolkar Mountains and to serve as an initial guide in designation of Gene Management Zones (GMZ's)

Seedlings from 312 parent trees from eight populations of Bolkar Mountains were raised in a nursery for two years. Seedling traits were measured and observed for two years. The results revealed that higher proportion of the observed variation originated from the differences within populations. The components of total variation attributable to traits among populations ranged from 0.00% (hypocotyl length) to 20.51% (total height growth in 1997). Family means heritabilities for the traits ranged from 0.03 (annual root collar diameter in 1998) to 0.74 (Number of cotyledons). Genetic and phenotypic correlations of some traits were very high. Canonical discriminant function analysis and calculated biological divergence (Mahalanobis = D^2) showed that the largest distance was detected between *Manastır* and *Karain* populations.

The overall results suggested that *Manastır*, *Bahçe* and *Karakoyak* populations should be designated as GMZ.

Key Words: Turkish red pine, *Pinus brutia*, Genetic diversity, Heritability, Correlations, Gene Management Zones (GMZ's), in-situ, Turkey.

1. GİRİŞ

Doğu Akdeniz Bölgesinde Orta Toros'larda yer alan Bolkar dağları kırık arazi yapısı ve derin vadiler ihtiva etmesi, yükseltinin çok kısa mesafelerde artması, bitki tür çeşitliliğinin çok zengin olmasına neden olmuştur. Bolkar Dağlarında 300'ü endemik olmak üzere ve 1500'den fazla farklı bitki türü tespit edilmiştir (GEMİCİ 1992).

Bolkar dağları ekolojik ve floristik yönden zengin olması nedeniyle Dünya Bankasınca desteklenen "Bitki Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması (TU-28632)" projesi kapsamında pilot uygulama alanı olarak belirlenmiştir. Bu proje kapsamında gen kaynaklarının yerinde korunması amacıyla kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) hedef tür olarak seçilmiştir. Kızılçam, doğal yayılış alanının dışında kurak mntıkların ağaçlandırılmalarında da önemi artmaktadır (SCHILLER, 1994). Yurdumuzda yıllık tüm ağaçlandırma alanlarının %37'sinde kullanılmaktadır (IŞIK ve KARA, 1997; GÜNAY ve TACENUR, 1993). Kızılçamın Yurdumuzun en hızlı gelişen doğal çam türü olması, çok kurak ve çok sıcak çevre şartlarına uyum sağlaması, odunun çok çeşitli alanlarda kullanılabilir olması ve sahip olduğu büyük ağaçlandırma potansiyeli nedeniyle entansif ağaç ıslahı çalışmaları yapılmasını ve gen kaynaklarının korunmasını hak eden tek orman ağacı türümüz olduğu söylenebilir (IŞIK ve KARA, 1997).

Yurdumuzda özellikle 1950 yılından sonra hızlanan tarımsal uygulamalar (aşırı otlatma, anız yakma, aşırı gübre ve kimyasal kullanımı v.s.), endüstrileşme, şehirleşme, karayolu ve baraj inşaatları, doğadan bitki toplanması, ormancılık faaliyetleri, yangınlar ve turizm, orman ağacı popülasyonları ve biyolojik çeşitliliğin azalması ve doğal habitatlarının parçalanması üzerindeki baskıları hızlandırmıştır (KAYA ve ark., 1997). Bu nedenle önemli bir orman ağacı türümüz olan kızılçamın gen kaynaklarının daha fazla erozyona uğramadan yerinde korunması gerekmektedir.

Gen kaynaklarının yerinde korunmasının etkili yapılabilmesi için ilgili türlerin genetik yapılarının bilinmesi önemlidir (MILLAR ve MARSHALL, 1991). Genetik çeşitlilik konusunda yapılan çalışmalar, Gen Koruma ve Yönetim Alanı (GEKYA) seçilecek popülasyonların belirlenmesinde rehber olarak kullanılmaktadır (LEDIG, 1998).

Bu çalışma ile, fidan karakterlerini kullanarak Bolkarlardan örneklenen 8 adet kızılçam popülasyonunun, (i) genetik yapılarını belirlemek, (ii) popülasyonlara ait genetik parametreleri tahmin ederek popülasyonlar arası ve popülasyon içi genetik çeşitliliğin boyutlarını ortaya koymak ve (iii) bu sonuçları değerlendirerek bu popülasyonlar içerisinde belirlenecek GEKYA'ların tespitinde önerilerde bulunmak amaçlanmıştır.

2. MATERYAL VE METOT

2.1. Populasyonların Tanıtımı ve Örneklenmesi

Bolkar dağlarında belirlenen 8 adet doğal kızılçam populasyonlarından toplam 312 aileden, 1996 yılı Sonbaharında serbest döllenen tohumlar toplanmıştır (Şekil 1, Tablo 1). Her bir populasyon içerisindeki tohum toplanan bireyler rastgele seçilmişler ve birbirlerinden en az 100 m uzaklıkta olmaları sağlanmıştır. Bir populasyon içerisinde örneklenen bireyler arasındaki yükselti farkının 300 m den fazla olmamasına da dikkat edilmiştir.

Tablo 1. Örneklenen Kızılçam Populasyonlarına Ait Coğrafi Bilgiler

Table 1. Location of Sampled Turkish Red Pine Populations.

Pop. Num. Pop. ID.	Populasyonlar Population	Enlem (N) Latitude	Boylam (E) Longitude	Yükselti (m) Elev. (m)	Alanı (ha) Area (ha)	Aile Sayısı Sample
1	Karain	37 ⁰ 07' 31"	34 ⁰ 39' 16"	890	213.5	45
2	Bahçe	37 ⁰ 13' 41"	34 ⁰ 37' 84"	870	240.0	30
3	Güzle	37 ⁰ 08' 32"	34 ⁰ 31' 88"	1270	84.5	45
4	Karakoyak	37 ⁰ 06' 87"	34 ⁰ 31' 36"	840	164.5	45
5	Tohum Meş. (K.Ko)	37 ⁰ 06' 45"	34 ⁰ 32' 4"	1130	99.5	35
6	Çiftahan/Ulukışla	37 ⁰ 30' 46"	34 ⁰ 48' 37"	1030	118.0	45
7	Belemedik	37 ⁰ 20' 66"	34 ⁰ 53' 52"	845	97.5	36
8	Manastır	37 ⁰ 12' 35"	34 ⁰ 28' 47"	1440	108.0	31

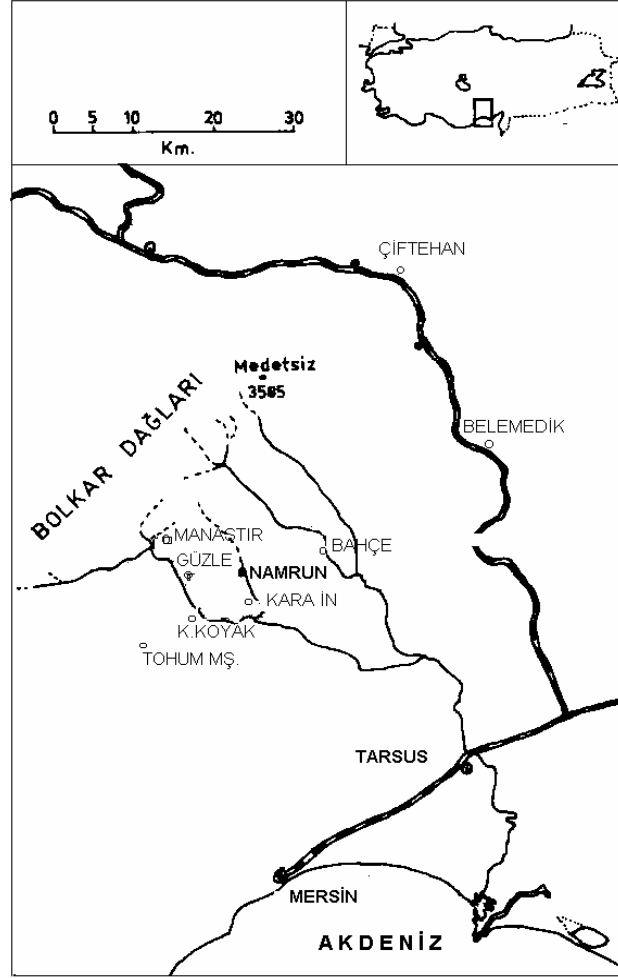
2.2. Tohum Ekimi, Deneme Alanı ve Deneme Deseni

Populasyonlardan elde edilen tohumlar, Tarsus/Karabucak'ta Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Müdürlüğü (DOA)'ne ait Araştırma Fidanlığında (Enlem (N): 36⁰ 52' 30'', Boylam (E): 34⁰ 52' 47'', Yükselti: 8 m) doğrudan sert plastik tüplere ekilmiştir.

Kullanılan tüp, sert plastikten yapılmış 260 cm³ hacminde Karabucak Tipi Tüp olup, içerisine bir ölçek çürütülmüş mısır sapı samanı, bir ölçek volkanik tüf ve bir ölçek kızılçam ormanı altından toplanan humus karıştırılarak (besin sağlamak ve mikoriza aşılama için) konulmuştur.

Her aileden eşit sayıda fidan elde etmek için 6 Mart 1997 tarihinde her bir tüpe üçer adet tohum ekilmiştir. Deneme için üç yinelenmeli rastlantı blokları deneme deseni kullanılmıştır. Her blokta bir aileyi beş fidan temsil etmiştir. Çimlenmeden itibaren bir ay sonra tüpü ortalayan, sağlıklı tek fidan bırakılarak tekleme yapılmıştır.

Tüpler 5x4 fidan alan özel kasalar içerisinde ve yerden 60 cm yükseklikteki ranzalar üzerine yerleştirilmiştir. Fidanlar, tüplerin tabanından 140 cm yükseklikte tek katı %50 gölge sağlayan materyal ile gölgelendirilmiştir.



Şekil 1. Kızılcım Populasyonlarının Yerlerini Gösteren Harita.
Figure 1. Locations of Turkish Red Pine Populations Sampled.

2.3. Gözlenen Karakterler

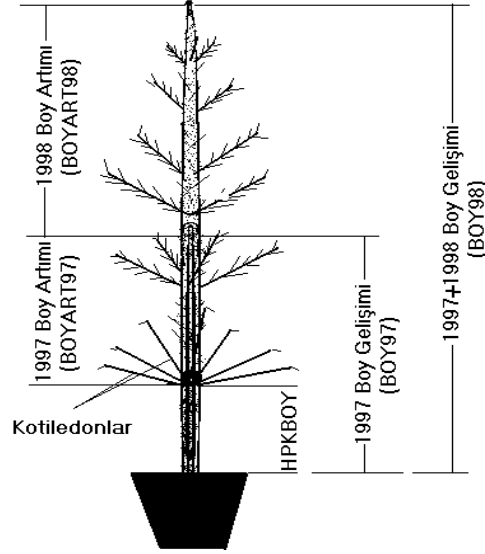
Yetiştirilen kızılcım fidanları üzerinde ölçüm, gözlem ve tespitler iki büyüme mevsimi boyunca, fenolojik gözlemler her hafta pazartesi günleri yapılmış ve karakter kodları, ölçü birimleri ile birlikte Tablo 2’de verilmiştir.

Tablo 2. Kodlanmış Fidan Karakterleri ve Açıklamaları

Table 2. Descriptions of Coded Seedling Traits

Karakter Kodları Code of the Traits	Açıklamaları Definition of Traits	Birimleri Units
CIMSR	Çimlenme süresi . Date of Germination	Ekimden İtibaren Gün Sayısı. Number of Days From Sowing
KOTSAY	Kotiledon Sayısı Number Of Cotyledons	Adet Counts
HPKBOY	Hipokotil Boyu Lenght of Hypocotyl	Cm
DAL97	1997 Yılı Yan Dal Sayısı Number of Lateral Branches in 1997	Adet Counts
DAL98	1998 Yılı Yan Dal Sayısı Number of Lateral Branches in 1998	Adet Counts
TOMTUT-1	1998 Yılı İlk Tomurcuk Oluşturma Zamanı Date of First Bud Set in 1998	1 Ocak 1998'den İtibaren ki Gün sayısı. Number of Days From Jan. 1 st 1998
TOMPAT-1	1998 Yılı İlk Tomurcuk Açma Zamanı Date of First Bud Burst in 1998	1 Ocak 1998'den İtibaren ki Gün Sayısı. Number of Days From Jan. 1 st 1998
TOMTUT-2	1998 Yılı İkinci Tomurcuk Oluşturma Zamanı. Date of Second Bud Set in 1998	1 Ocak 1998'dan itibaren Gün. Number of Days From Jan. 1 st , 1998
BOY97	1997 Yılındaki Toplam Boy. Total Height in 1997	Cm
CAP97	1997 Yılındaki Dip Çap. Root Collar Diameter in 1997	Mm
BOYART97	Hpkboy- Boy97 Height Increment in 1997	Cm
BOY98	1997+1998 Yılındaki Toplam Boy Total Height in 1998	Cm
CAP98	1998 Yılındaki Toplam Dip Çap. Root Collar Diameter at Age 2	Mm
BOYART98	1998 Yılı Yıllık Boy Artımı. Annual Height Increment in 1998	Cm
CAPART98	1998 Yılı Yıllık Dip Çap Artımı. Annual Root Collar Diameter Increment in 1998	Mm

Ailelerin çimlenme süreleri (CIMS), ekim tarihinden itibaren fideciklerin toprak yüzeyinde görüldüğü ilk gün olup, haftada iki defa tespit yapılmış ve çimlenme tamamlanıncaya kadar devam edilmiştir. Fideciklerin hipokotil boyları (HPKBOY), toprak yüzeyinden kotiledonların altına kadar olan kısımdır. Ailelerin tomurcuk bağlama tarihleri (TOMTUT-1, TOMTUT-2), fideciklerin terminal tomurcukları üzerinde kahverengi tomurcuk pullarının, yılın kaçınıcı gününde oluştuğunu gösteren gün sayısıdır. Tomurcuk patlatma tarihleri (TOMPAT-1) ise aynı büyüme yılının (1 Ocak 1998) başlangıcından itibaren tomurcukların patladığı gündür. Birinci ve ikinci yıl toplam boy büyümesi (BOY97, BOY98), aralık ayı içerisinde ve toprak yüzeyinden terminal tomurcuk altına kadar olan kısım ölçülerek tespit edilmiştir. Yıllık boy (BOYART98) ve çap (CAPART98) artımı ise ailelerin iki yıl arasındaki toplam boy ve çaplarının farkları alınarak hesaplanmıştır. 1997 yılı boy artımı (BOYART97) 1997 yılı toplam boyundan hipokotil boyunun çıkarılması ile hesaplanan değerdir (Şekil 2).



Şekil 2. Boy Gelişim ve Artım Karakterleri
Figure 2. Height Growth Components

2.4. İstatistiksel Değerlendirmeler

2.4.1. Verilerin Normalleştirilmesi

İncelenen karakterlere ait verilere varyans analizleri yapılmadan önce SPSS For WINDOWS 9.0 (1998) paket programı kullanılarak normal dağılımda (çan eğrisi şeklinde) olup olmadıkları ve “sıradışı” olanları belirlemek amacıyla frekans dağılımı yapılmış, bu dağılımın grafikleri çizdirilmiş, standart sapmaları, varyasyon katsayıları ve veri ortalamaları hesaplanmıştır. Sıradışı veriler genel olarak hatalı ölçme, verinin bilgisayara yüklenmesinde hatalı okuma veya zarar görmüş anormal bir bireyin ölçülmesinden ortaya çıkmaktadırlar. Sıradışı değerler ortalamayı, varyansı ve diğer istatistik parametreleri önemli ölçüde etkileyerek araştırmacıyı yanıltır (SOKAL ve ROHLF, 1995; IŞIK, 1998a). Standart normal dağılımda verilerin %99’unun \bar{x} (veri ortalaması) \pm (2.576 x standart sapma) aralığında bulunduğu belirtilmektedir (KALIPSIZ, 1981). Bu formüle göre hesaplanan en küçük ve en büyük değerlerin dışında kalan veriler, sıradışı kabul edilerek, EXCEL bilgisayar programının “süz” seçeneğinde süzülerek temizlenmiştir. Bu veri temizliğine rağmen dağılım eğrisi normal dağılımdan uzak ise verileri normal dağılıma yaklaştırmak için dönüşüm (transformasyon) yapılmıştır. KOTSAY ve CAPART verilerine karekök dönüşümü uygulanmış, TOMPAT-1 ve TOMTUT-2 verilerine doğal logaritmik dönüşüm uygulanarak normal dağılım sağlanmıştır. Diğer verilere ise dönüşüm uygulanmamıştır.

2.4.2. Varyans Analizleri

İncelenen karakterler için populasyonlar arası ve populasyonlar içi aileler arası farklılık olup olmadığını belirlemek ve varyans bileşenlerini hesaplamak için ailelerin parsel ortalamaları kullanılarak varyans analizleri yapılmıştır. Populasyonlar arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde farklılıklar olması halinde Student Newman-Keuls testi uygulanarak farklılıkların hangi populasyonlar arasında olduğu ve ortalamaların sıralanması yapılmıştır. Varyans analizleri ve varyans bileşenlerin hesabında, SPSS 9.0 for WINDOWS (1998) paket programının GLM (General Linear Model) seçeneğinin UNIVARIATE ve VARCOMP alt seçeneği ve MINITAB 13.1 (2000) paket programı kullanılmıştır. Bu programlarda varyansların hesabında ANOVA modeli ve TYPE III Kareler toplamı (SS) seçeneği tercih edilmiştir. Varyans bileşenleri hesaplanırken bütün terimler rastlantısal olarak alınmıştır.

Verilerin analizinde kullanılan doğrusal model aşağıda verilmiştir.

$$Z_{ijk} = \mu + B_i + P_j + F(P)_{(k)j} + e_{ijk} \quad (1)$$

Eşitlikte, Z_{ijk} =i. bloktaki j. popülasyonun k. ailesine ait ortalama performans, μ =deneysel ortalama, B_i = i. blok etkisi, P_j = j. popülasyon etkisi, $F(P)_{(k)j}$ = j. popülasyon içerisindeki k. ailenin etkisi, e_{ijk} =deneysel hatadır.

Varyans analizi modelinde popülasyonlar sabit (fixed), bloklar ve aileler tesadüfi (random) olarak alınmıştır (Tablo 3). ANOVA modelinde sabit ve tesadüfi terimler yer aldığı için model, Model II veya Karma Model olarak anılmaktadır (SOKAL ve ROHLF, 1995).

Varyans analiz modeli sabit ve rastgele terimleri ihtiva etmesi, kayıp veriler ve verilerin dengesiz (unbalanced) olması, doğrudan F-testlerinin yapılmasını engellemektedir (KISS ve YEH, 1988). F-testlerinde SATTERTWAITE (1946)'ın Yaklaşık Test İşlemi Metodu uygulanarak her varyasyon kaynağı için yaklaşık hata terimi hesaplanmıştır.

Tablo 3. Karakterler İçin Uygulanan Varyans Analiz Modeli

Table 3. Analysis of variance model and EMS equations

Varyasyon Kaynağı Source of Variation	s.d.* d.f.	Beklenen Kareler Ortalaması Expected Man Suares
Bloklar (B) Replications (B)	r-1	$\sigma_e^2 + k4 \sigma_B^2$
Popülasyonlar (P) Populations	p-1	$\sigma_e^2 + k3 \sigma_{F(P)}^2 + k2 V_P^2$
Aileler (Popülasyon içi) [F(P)] Families Wthin Ppulations	p(f-1)	$\sigma_e^2 + k1 \sigma_{F(P)}^2$
Hata Error	rpf-1	σ_e^2

* s.d.: Serbestlik derecesi (Her bir karaktere ait s.d. değerleri Ek Tablo 1'de verilmiştir.), r: Blok sayısı (3), p: Popülasyon sayısı (8), f: Popülasyon başına ortalama aile sayısı (30-45). σ_e^2 : Hata varyansı, $\sigma_{F(P)}^2$: Ailelere ait varyans (Popülasyon içi), σ_B^2 : Bloklara ait varyans, V_P^2 : Popülasyonlara ait varyans, K1..K4: Varyans bileşenlerine ait katsayı (katsayılar Ek Tablo 2' de verilmiştir.)

2.4.3. Genetik ve Fenotipik Varyasyon Katsayıları

Her bir popülasyona ait genetik (CV_g) ve fenotipik (CV_f) varyasyon katsayıları aşağıdaki formüllerle hesaplanmıştır. Ailelere ait eklemeli genetik varyansa ($3\sigma_{F(P)}^2$) ait katsayı, açık tozlaşma ürünü yarım kardeşlerde 1/4 olarak alınmaktadır. Fakat, aynı popülasyonlarla yapılan izoenzim analizleri sonucu F_{is} değeri yani heterozigot birey noksanlığı 0.295 olarak bulunduğundan (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998) bu katsayının 1/3 olarak alınmasının daha uygun olacağı kanaatine varılmıştır.

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

$$CV_f = \frac{\sqrt{\sigma_{F(P)}^2 + \sigma_e^2/k1}}{\bar{x}} \times 100 \quad (3)$$

2.4.4. Kalıtım Derecesinin Hesabı

Bir karakterin dar anlamda (birey düzeyinde) kalıtım derecesi (h^2_i), eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranıdır. Aile düzeyindeki kalıtım derecesi (h^2_f) ise genetik varyansın fenotipik varyansa oranıdır (FALCONER ve MACKAY, 1996). Aile düzeyindeki kalıtım derecesinin hesaplanmasında NAMKONG ve Ark, (1966) ve SHELBOURNE (1992) tarafından önerilen aşağıdaki formül kullanılmıştır.

$$h_f^2 = \frac{\sigma^2_{F(P)}}{\sigma_e^2/k1 + \sigma^2_{F(P)}} \quad (4)$$

Formülde $h^2_f = x$ karakterine ait aile düzeyindeki kalıtım derecesi, $\sigma^2_{F(P)=x}$ karakterine ait aile varyansı, σ^2_e =hata varyansı, k_1 = Anova modelinde verilen katsayıdır (Ek Tablo 2).

2.4.5. Genetik ve Fenotipik Korelasyonların Hesabı

Genetik ve fenotipik ilişkilerin (korelasyonlar) hesabında GLM (General Linear Model) yöntemini kullanan SPQG32 (YE ve YEH, 1996) paket programının BQGP (Basic Quantitative Genetic Program 1.1) seçeneği kullanılarak hesaplanmıştır.

Genetik korelasyonların ve standart hatalarının hesabında FALCONER ve MACKAY (1996)'ın önerdiği formüller kullanılmıştır.

$$r_{g(xy)} = \frac{COV_{f(xy)}}{\sqrt{\sigma_{f(x)}^2 \cdot \sigma_{f(y)}^2}} \quad (5)$$

Burada, $r_{g(xy)}=x$ ve y karakterleri arasındaki genetik korelasyonu, $COV_{f(x,y)} = x$ ve y karakterlerinin arasındaki genetik kovaryansı, $\sigma^2_{f(x)}= x$ karakterinin genetik varyansını, $\sigma^2_{f(y)} = y$ karakterinin genetik varyansını ifade etmektedir.

$$\sigma_{(rA)} = (1 - r_{g(xy)}^2) \sqrt{\frac{\sigma_{h_x}^2 \sigma_{h_y}^2}{h_{f(x)}^2 h_{f(y)}^2}} \quad (6)$$

Formüldeki $\sigma_{(r_A)}$ =Genetik korelasyonun standart hatasını, $\sigma_{h^2_x}$ =x karakterine ait kalıtım derecesinin standart hatasını, $\sigma_{h^2_y}$ =y karakterine ait kalıtım derecesinin standart hatasını, $h^2_{(x)}$ =x karakterine ait kalıtım derecesini, $h^2_{(y)}$ =y karakterine ait kalıtım derecesini ifade etmektedir.

Fenotipik korelasyonlar ise aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır (SOKAL ve ROHLF, 1995).

$$r_{p(xy)} = \frac{\sum XY}{\sqrt{\sum X^2 \sum Y^2}} \quad (7)$$

Burada, $r_{p(xy)}$ =x ve y karakterleri arasındaki fenotipik ilişkiyi, $\sum xy$ =x ve y karakterleri arasındaki populasyon içi aileler arası ortak kovaryansı, $\sum x^2$ =x karakteri için hesaplanan aileler arası varyansı, $\sum y^2$ =y karakteri için hesaplanan aileler arası varyansı göstermektedir

2.4.6. Diskriminant Analizi, Biyolojik Mesafe (D^2 istatistiği) ve Kümelenendirme (Klastır) Analizleri

Bireylerden oluşan iki veya daha çok kümenin (populasyon) karşılaştırılması, değişkenlerin (karakterler) katkılarının incelenmesi ve bir bireyin hangi kümeye gireceğinin kestirilmesi için (KALIPSIZ, 1981) “Kanonik Diskriminant Fonksiyon (Kümelerarası ayırma analizi)” analizleri, SPSS for WINDOWS 9.0 (1998) Paket programının “Classify – Discriminant” seçeneği kullanılarak yapılmıştır.

Mahalanobis (D^2) “Genelleştirilmiş mesafe fonksiyonu” analizleri RAO (1952)’ de açıklandığı şekilde populasyonlar arasındaki Genetik Uzaklıkları hesaplamak için yapılmıştır (RAO (1952)’ya atfen JAYASANKAR ve ark., 1999). Buradaki genetik uzaklık (mesafe) tabiri yerine Biyolojik Uzaklık (mesafe) tabirinin kullanılmasının daha uygun olacağı, bu uzaklığın sadece genetik parametreleri kapsamadığı dolayısıyla biyolojik mesafe tabirinin daha anlamlı olacağı kanaatine ulaşılmıştır (Prof Dr. Z. KAYA¹ ile kişisel yazışma, 1999). D^2 ‘nin hesaplanmasında STATISTICA FOR WINDOWS 4.3 B (1993) programı kullanılmıştır. Kümelenendirme analizleri SPSS FOR WINDOWS 9.0 (1998) Paket programının “Classify – Hierarchical Cluster” seçeneği kullanılarak yapılmıştır. Kümelenendirme analizleri yapılırken verilere “Z dönüşümü” uygulanmıştır.

3. BULGULAR VE TARTIŞMA

3.1. Genetik Çeşitliliğin Yapılaşması

3.1.1. Varyans Analizi ve Varyans Analizi Bileşenleri

Bolkar dağlarındaki kızılçam populasyonlarından toplanan tohumlardan yetiştirilen fidanlara ait 15 karakterin varyans analizi sonucu sadece üç karakterde (HPKBOY, CAPART98, BOYART98) populasyonlar arasında önemli oranda istatistiksel farklılıklar olmadığı, diğerlerinde ise önemli oranda farklılık olduğu tespit edilmiştir. Populasyon içi aileler arasında ise sadece ikinci yıl çap artımında (CAPART98) istatistiksel anlamda farklılıklar belirlenmemiştir (Tablo 4). *Bolkar dağlarında örneklenen kızılçam populasyonlarında populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arasında gözlenen karakterler bakımından önemli düzeyde farklılık olduğu belirlenmiştir.*

Tablo 4. Varyans Analizi Sonuçları, Varyanslar (K.O.) ve Varyasyon Katsayıları (CV)

Table 4. Results of Aalysis of Vriance, Vriance (MS) and Cefficient of Vriation (CV)

Kodlanmış Fidan Karakterleri Coded Seedling Traits	Varyasyon Kaynağı Source of Variation				Varyasyon Katsayısı (%CV) Coefficient of Variation (CV%)
	Blokler Blocks	Populasyon Populations	Aile(Pop. içi) Family	Hata Error	
CIMSR	676.19***	128.63**	43.68***	11.82	8.15
KOTSAY	0.0052 ns	0.082***	0.018***	0.0047	3.34
HPKBOY	0.741***	0.00 ns	0.256***	0.0775	15.19
DAL97	32.580***	10.655**	3.134***	0.922	20.31
DAL98	10.338*	15.542*	5.984***	2.868	19.94
TOMTUT-1	16928.5***	2012.8**	660.3***	285.4	13.82
TOMPAT-1	0.2898***	0.0591*	0.0262***	0.0185	3.09
TOMTUT-2	0.1474**	0.1255**	0.0363***	0.0232	3.29
BOY97	35.457***	35.579***	1.741***	0.6647	11.47
CAP97	1.849***	0.698***	0.0541***	0.0358	14.78
BOYART97	46.678***	32.062***	1.821***	0.7761	15.69
BOY98	90.517***	32.519***	4.174***	2.679	9.41
CAP98	2.703***	0.4585***	0.0760**	0.0591	8.79
BOYART98	45.337***	3.118 ns	2.213***	1.508	13.68
CAPART98	0.1302***	0.0109 ns	0.0084 ns	0.0082	7.44

ns: Önemli farklılık yoktur. *: 0.05 olasılık derecesinde anlamlı, **: 0.01 olasılık derecesinde anlamlı, *** : 0.001 olasılık derecesinde anlamlı. Karakter kodlarının açıklaması için Tablo 2.'ye bakınız. ns: not significant, *: significant at 0.05 level, **: significant at 0.01 level, ***: significant at 0.001 level. See Table 2 for the definitions of the traits.

Populasyonlar düzeyindeki varyansın toplam varyansa oranı (%VC) bütün karakterler için genellikle düşük olup, %0.0 (HPKBOY) ile %20.52 (BOY97) arasında değişmektedir (Tablo 5). Populasyonlar düzeyinde en yüksek varyans oranı %20.52 ile birinci yıl toplam boy büyümesinde (BOY97) ve %14.97 ile birinci yıl boy artımında (BOYART97) gözlenmiştir. Diğer karakterlerde ise daha düşük oranlarda tespit edilmiştir. Özellikle uyum kabiliyeti bakımından önemli olan tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihlerinin populasyonlar arası farklılıklardan kaynaklanan varyans oranı çok düşüktür (Tablo 5). Bu bulgular kızılçam fidanları ile yapılan diğer çalışmalara (IŞIK, 1986; KAYA ve IŞIK, 1997; DOĞAN, 1997; IŞIK, 1998a) oranla daha düşük bulunmuştur. Bolkar dağlarında örneklenen populasyonların tamamının yüksek zon (>800 m) içerisinde yer alması, coğrafik olarak da birbirlerinden fazla uzak olmamaları ve devamlılık göstermeleri populasyonlar arasında gen akımının ($N_m=10.3$) yüksek olması sonucunu doğurmuş olabilir (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998). Ancak aynı populasyonlara ait tohumlar üzerinde yapılan izoenzim analizleri sonucuna göre de populasyonlar arasındaki farklılıklar düşük ($F_{st}= \%2.4$) bulunmuştur (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998).

KAYA ve TEMERİT (1994) karaçamda bu çalışma ile ortak karakterler olan; kotiledon sayıları, birinci ve ikinci yıl boy büyümesi, ikinci yıl dip çapı ile tomurcuk patlatma ve oluşturma sürelerinde populasyon düzeyindeki varyans bileşenlerinin oranını düşük bulmuştur. Yine karaçam ve kazdağı göknarı ile yapılan çalışmalarda (GÜLBABA, 1998; VELİOĞLU ve ark., 1999a; VELİOĞLU ve ark., 1999b) da populasyonlar arasındaki varyans oranları düşük olarak bulunmuştur. Genel olarak kızılçam fidan karakterleri ile yapılan çalışmalarda (IŞIK, 1986; KAYA ve IŞIK, 1997; DOĞAN, 1997; IŞIK, 1998a) populasyonlar arasındaki farklılıklar diğer türlerimize göre daha yüksek bulunmuştur.

Populasyonlar içi aileler arasında yıllık çap artımı (CAPART98) hariç diğer bütün karakterlerde önemli oranda istatistiksel farklılıklar vardır (Tablo 4). Populasyon içi aileler arasındaki varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranı %0.92 ile 45.92 arasında değişmektedir. Ailelerden kaynaklanan varyans bileşenleri en yüksek KOTSAY (45.92), CIMSR (42.65) ve HPKBOY (43.15) karakterlerinde belirlenmiştir. En düşük varyans bileşeni ise %0.92 ile CAPART98 karakterinde hesaplanmıştır (Tablo 5).

Çalışılan bütün karakterlerde populasyon içi aileler arası varyans bileşenleri populasyonlar arası varyans bileşenlerine göre daha yüksek bulunmuştur (Tablo 5). Bu sonuca göre, kızılçam populasyonlarında genetik çeşitliliğin çoğunluğu, populasyonlar arasında değil populasyon içi aileler arasındadır. Bu bulgular daha önce bu türde yapılan çalışmalarla uyum içerisindedir (IŞIK, 1986; KAYA ve IŞIK, 1997; DOĞAN, 1997; GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998; IŞIK, 1998a; PANETSOS ve ark. 1998).

Tablo 5. Karakterlerin Varyans Bileşenleri, Toplam Varyansa Oranları (%VC) ve Aile Kalıtım Derecesi (h^2_f) ve Standart Hataları (s.e.)

Table 5. Variance Components, Variance Components as a Percentages of Total Variance (VC%), and Family Heritabilities (h^2_f) and Their Standart Errors (s.e.)

Kodlanmış Fidan Karakterleri Coded Seedling Traits	Varyasyon Kaynağı Source of Variation								Aile Kalıtım derecesi (h^2_f) ve \pm s.e Family herit. (h^2_f) and \pm s.e
	Bloklar Blocks	Toplam Varyansa Oranı (%VC) VC%	Populasyon Populations	Toplam Varyansa Oranı (%VC) VC%	Aile (Pop. içi) Family	Toplam Varyansa Oranı (%VC) VC%	Hata Error	Toplam Varyansa Oranı (%VC) VC%	
CIMSR	2.26	8.72	0.79	3.05	11.06	42.65	11.82	45.58	0.73 \pm 0.027
KOTSAY	0.00	0.00	0.0006	6.12	0.0045	45.92	0.0047	47.96	0.74 \pm 0.026
HPKBOY	0.0022	1.57	0.00	0.00	0.0605	43.15	0.0775	55.28	0.70 \pm 0.030
DAL97	0.103	5.62	0.065	3.55	0.742	40.50	0.922	50.33	0.71 \pm 0.029
DAL98	0.0258	0.63	0.0891	2.19	1.083	26.64	2.868	70.54	0.52 \pm 0.048
TOMTUT-1	53.95	11.31	11.75	2.46	125.95	26.41	285.35	59.82	0.57 \pm 0.043
TOMPAT-1	0.0012	5.15	0.0004	1.72	0.0032	13.73	0.0185	79.40	0.30 \pm 0.074
TOMTUT-2	0.0005	1.66	0.0011	3.65	0.0053	17.61	0.0232	77.08	0.37 \pm 0.067
BOY97	0.1131	7.88	0.2944	20.52	0.3622	25.26	0.6647	46.34	0.62 \pm 0.038
CAP97	0.0058	10.88	0.0056	10.51	0.0061	11.44	0.0358	67.17	0.34 \pm 0.065
BOYART97	0.1507	10.00	0.2256	14.97	0.3539	23.50	0.7761	51.53	0.57 \pm 0.042
BOY98	0.2852	7.68	0.2463	6.64	0.5028	13.54	2.6787	72.14	0.36 \pm 0.063
CAP98	0.0086	11.20	0.0034	4.43	0.0057	7.42	0.0591	76.95	0.22 \pm 0.077
BOYART98	0.143	7.54	0.0079	0.42	0.2378	12.54	1.508	79.50	0.32 \pm 0.067
CAPART98	0.0004	4.60	0.00002	0.23	0.00008	0.92	0.0082	94.25	0.03 \pm 0.096

3.1.2. Populasyonların Karakter Ortalamaları ve Student Newmann-Keuls Çoklu Testi

Bolkar dağları kızılçam populasyonlarında gözlenen karakterlerin ortalamaları ve Student Newmann-Keuls çoklu testine göre oluşturdukları gruplar incelendiğinde; Populasyonlar arasında en fazla grubun, gelişimle ilgili karakterler olan BOY97 (6 grup), BOY98 (3 grup), BOYART97 (4 grup), CAP97 (4 grup) CAP98 (3 grup)'de tespit edilmiştir. Birinci yıl toplam boy gelişimi (BOY97) yönünden 8 populasyondan 6 adedinin birbirinden istatistiksel anlamda önemli oranda farklılık göstermesi ve ikinci yıl farklılaşan populasyon sayısının üç gruba düşmesi *ana etkisinin (maternal effect) populasyon seviyesinde en fazla boy üzerinde etkili olduğu ve bu etkinin ikinci yıl azaldığı görülmektedir*. Genel olarak gelişim ile ilgili karakterlerin populasyonlar seviyesinde gruplaşmalarının ikinci yılda birinci yıla göre daha az seviyede olması, populasyonlar arasındaki farklılıkların yıl ilerledikçe azalma eğiliminde olduğunun göstergesi sayılmaktadır. Bu ise *populasyonlar arası farklılaşmada ana etkisinin ilk yıllar daha yüksek olduğunu göstermektedir* (Tablo 5, Tablo 6). Boy (BOY97, BOY98) ve fidan dip çapı (CAP97, CAP98) gibi gelişim karakterlerinde en düşük performansı, yükseltisi en fazla olan *Manastır* populasyonu göstermiştir. Fakat ikinci yılki çap (CAPART98) ve boy artımlarına (BOYART98) bakıldığında diğer populasyonlar kadar veya daha fazla artışı bu populasyon göstermiş ve ileriki yıllarda diğer populasyonları yakalama ihtimalini güçlendirmiştir (Tablo 6). *Gelişim karakterleri ile populasyonların yükselteleri arasında ters yönde kuvvetli bir ilişki olduğu fakat, bu ilişkinin ikinci yıl azaldığı görülmüştür* (BOY 97: $r = -0.74$, BOY98: $r = -0.57$, CAP97: $r = -0.70$, CAP98: $r = -0.36$). Bu ilişkiye göre yükselti arttıkça populasyonların boy ve çaplarının azalacağı fakat ikinci yıldan itibaren bu azalmanın bir dengeye kavuşacağı söylenebilir. Fakat bu eğilimin devam edip etmediği uzun yıllar sürecek arazi denemeleri ile de kanıtlanması gerekir.

Kızılçamda tohumların ekimden itibaren çıktığı gün sayıları olan çimlenme sürelerini (CIMS), IŞIK (1986) 22.4-38.9 gün, DOĞAN (1997) 31.5-38.9 gün olarak tespit etmişlerdir. Bolkar dağları kızılçamlarında ise populasyon ortalamalarının diğer yörelere göre daha yüksek olduğu görülmektedir (Tablo 6). Bolkar dağları kızılçamlarında çimlenme 35'inci günde başlayıp hemen hemen 80-90'inci günlerde tamamlanmıştır. Fakat bazı populasyon ve ailelerde münferit olarak yıl sonuna kadar çimlenmeler görülmüştür. Örneklenen bütün populasyonlar kızılçam için yüksek zon (800 m ve üstü) sayılmasına ve tohumlarının yavaş çimlenmesine rağmen, populasyonların yükselteleri ile çimlenme süreleri arasında pozitif ve yüksek oranda ilişki tespit edilmiştir ($r=0.83$). *Yani, populasyonların yükseltisi arttıkça daha geç çimlenmektedirler. En yüksek (1440 m) populasyon olan Manastır*

populasyonu en geç çimlenme süresine (CIMS_R=62.6) sahiptir (Tablo 6). Yüksek zon populasyonlarının tohumlarının yavaş çimlendikleri IŞIK (1986) ve İKTÜEREN (1977) tarafından da bildirilmiştir.

Kızılçalarda yüksek zon populasyonlarında çimlenmenin yavaş ve geniş bir zaman dilimine yayılması, bu zonda sıkça değişen çevresel koşullara uyum sağlamak için çeşitli seviyelerde geliştirdikleri tohum çimlenme engeline bağlanmaktadır (IŞIK, 1986). Kızılçalarda Haziran-Ağustos aylarında dökülen tohumlar alçak zon populasyonlarında kuraklık nedeniyle çimlenememektedirler. Fakat, yüksek zon populasyonlarında zaman zaman yağın yaz yağmurunun oluşturduğu uygun çimlenme ortamı nedeniyle bir kısım tohumlar hemen çimlenebilmektedir. Bununla beraber yüksek zonlarda rutubetin düzensizliği çimlenen bu tohumların oluşturduğu fideciklerin çoğunun ölmesine dolayısıyla bu da erken çimlenenlerin aleyhine gelişen doğal ayıklanmaya neden olmaktadır. Bununla beraber bazı yerlerdeki uygun mikro çevre koşulları veya bazı yıllar yağışların düzenli olması, erken çimlenenlerin de yaşamasına olanak sağlayarak kesikli doğal ayıklanmaya (disruptive selection) sebep olmakta ve bu durum yüksek zon populasyonlarında ailelerin çimlenme sürelerinde genetik çeşitliliği (genetik polimorfizm) yükseltmektedir (IŞIK, 1986).

Çevresel koşulların en az etkilediği karakterlerden olan kotiledon sayısı (KOTSAY) bakımından populasyonlar arasında önemli farklılıklar olup yapılan sınıflandırmada iki sınıf oluşmuştur. Kotiledon sayısı en yüksek *Belemedik* populasyonunda (KOTSAY=8.9), en düşük marjinal populasyon olan *Manastır* (KOTSAY=8.4) populasyonunda olup populasyonların genel ortalamaları 8.6 olarak belirlenmiştir (Tablo 6). Antalya yöresi kızılçalarda bu sayıları, ASLAN ve UĞURLU (1986) 9.3-7.7, IŞIK (1986) 8.1-9.2, KAYA ve IŞIK (1997) 8.1-8.8, DOĞAN (1997) Dalaman Çayı havzasında yaptığı çalışmada kotiledon sayısını 8.0-8.3 aralarında bulmuşlardır. Yunanistan orijinli kızılçalarda kotiledon sayıları (7.5-8.1) daha düşük bulunmuştur (THANOS ve DASKALAKOU, 1993).

Hipokotil boyu bakımından Bolkar dağları kızılçam populasyonları arasında belirgin bir farklılık bulunmamaktadır (Tablo 6).

Populasyonların yan dal sayıları birbirlerinden istatistiksel olarak farklı olmakla birlikte birinci yıl toplam yan dal sayısı (DAL97) bakımından coğrafik olarak da birbirlerine yakın olan *Belemedik* ve *Ulukışla/Çiftehan* populasyonları aynı grup içerisinde diğer altı populasyon ise farklı fakat, aynı grup içerisinde yer almışlardır. Birinci yıl yan dal sayısı (DAL97) yükseltisi en fazla populasyon olan *Manastır*'da en düşük (DAL97=6.2) olarak tespit edilmiştir. İkinci yıl toplam dal sayısında (DAL98) populasyonlar arasında istatistiksel anlamda fark bulunmamış ve ortalama 10.1 bulunmuştur (Tablo 6). Her iki yıl yan dal sayıları ile populasyonların denizden olan yükselteleri arasında ilişki

belirlenememiştir. Oysa KAYA ve IŞIK (1997) denizden uzaklaştıkça ve yükselti arttıkça yan dal sayısında azalma tespit etmişlerdir.

Populasyonların uyum kabiliyeti bakımından önemli olan tomurcuk oluşturma (TOMTUT) ve patlatma tarihleri (TOMPAT), populasyon düzeyinde farklılaşmakla birlikte asıl farklılaşma populasyon içi aileler arasında olmaktadır (Tablo 5). *Örneklenen kızılçam populasyonlarında tohum ekiminin yapıldığı ve birinci vejetasyon dönemi olan 1997 yılında yani birinci yaşta tek bir birey hariç hiçbir birey tomurcuk oluşturmamış, hatta bazı bireyler ikinci yılın sonuna doğru tomurcuk oluşturmuşlardır. Az sayıda birey ise ikinci yılı da tomurcuk oluşturmadan geçirmişlerdir. Bu durum, kızılçam fideliklerinin uygun çevresel koşullardan mümkün olduğu kadar uzun süre faydalanma yeteneğinde olduğunun göstergesi sayılabilir.* Kızılçamlarda birinci yıl tomurcuk oluşturmayan bireylerin veya ailelerin varlığı daha önce de bildirilmiştir (IŞIK ve KAYA, 1993; DOĞAN, 1997). İkinci yıl tomurcuk oluşturma (TOMTUT-1) ve patlatma tarihlerinde (TOMPAT-1) büyük bir iç içelik gözlenmiştir. Bir kısım bireyler tomurcuk oluşturmuş, bir kısım ise henüz oluşturmamış, bir kısım ilk defa oluşturur iken bir kısmı da oluşturdukları tomurcukları patlatmışlardır. Bu durum TOMTUT-1 ile TOMPAT-1 tarihlerinin populasyon ortalamalarına da yansımış ve sanki tomurcuk oluşturmadan tomurcuk patlatmışlar gibi bir durum ortaya çıkmıştır (Tablo 6).

Tarsus/Karabucak'ta bulunan DOA araştırma fidanlığı koşullarında ilk tomurcuk oluşturma ikinci yılın vejetasyon dönemi başlangıcı olan şubat ayı başlarında başlayıp kasım ayında tamamlanmış, ortalama olarak mayıs ayı içerisinde tomurcuk oluşmuştur. Birinci yılı tomurcuksuz geçiren kızılçam fidanları ikinci yıl çoğunluğu iki tomurcuk oluşturma (TOMTUT-1, 2) ve bir tomurcuk patlatma (TOMPAT-1) yaparken ailelerin %3 kadarı da ikinci defa tomurcuk patlatmışlardır. *İkinci yıl tomurcuk oluşturan bireylerin bir kısmının bir hafta sonra tomurcuklarını tekrar patlatmaya başladıkları gözlenmiştir. Bu da kızılçamların tomurcuk oluşturma ve patlatma mekanizmalarını çok çabuk harekete geçirebilme yeteneğinde olduklarını göstermektedir. Bu yetenek kızılçamlara yetişme ortamlarındaki düzensiz yağış ve sıcaklık dalgalanmalarına karşı çabuk tepki vermeleri ve doğal koşullara uyum sağlamaları, aynı zamanda uygun koşulları yakalayarak fırsatları değerlendirme olanağını vermektedir. Kızılçamın hızlı büyümesinin altında yatan neden de bu fırsatçılığdır. Yani fırsatları (uygun koşulları) iyi değerlendirebilmesidir.*

Tablo 6. Karakterlerin Populasyon Ortalamaları, Standart Hataları ve Genel Ortalamaları

Table 6. Population Means, Standart Errors (SE) and Trial Means for Each Trait

Kodlanmış Fidan Karakterleri Coded Seedling Traits	POPULASYONLAR Populations									GENEL ORT S.E.
	Karain	Bahçe	Güzle	Karakoyak	Tohum Meş.	Çiftehan	Belemedik	Manastır		
CİMSR	59.3±0.42 a	60.0±0.58 ab	61.5±0.42 bc	60.1±0.48 ab	60.5±0.51 ab	61.2±0.42 abc	60.9±0.44 abc	62.6±0.45 c	60.7±0.17	
KOTSAY	2.9±0.01 ab	2.9±0.01 b	2.9±0.01 ab	2.9±0.08 ab	2.9±0.01 ab	2.9±0.01 ab	3.0±0.01 b	2.9±0.01 a	2.9±0.00	
Kotsay ¹	8.45±0.04	8.66±0.06	8.62±0.05	8.58±0.05	8.51±0.06	8.62±0.05	8.93±0.06	8.44±0.06	8.60±0.02	
HPKBOY	2.5±0.04 a	2.4±0.04 a	2.4±0.03 a	2.5±0.03 a	2.5±0.03 a	2.5±0.04 a	2.5±0.03 a	2.4±0.04 a	2.4±0.01	
DAL97	6.5±0.12 a	6.3±0.14 a	6.3±0.11 a	6.6±0.11 a	6.5±0.14 a	7.0±0.11 b	7.0±0.12 b	6.2±0.13 a	6.6±0.04	
DAL98	9.6±0.17 a	10.1±0.19 a	10.0±0.17 a	9.8±0.17 a	10.3±0.22 ab	10.4±0.18 ab	10.8±0.22 b	9.8±0.20 a	10.1±0.07	
TOMTUT-1	153.6±1.88 bc	145.5±2.42 a	154.5±1.86 bc	156.0±1.76 bc	159.2±1.89 c	158.7±1.84 c	156.6±1.86 bc	151.1±2.39 b	154.8±0.70	
TOMPAT-1	4.9±0.02 ab	4.8±0.01 a	4.9±0.02 b	4.9±0.01 ab	4.9±0.02 ab	4.9±0.02 ab	4.9±0.02 b	4.9±0.02 ab	4.9±0.01	
Tompat-1 ¹	134.22±2.13	127.33±1.86	137.35±2.20	130.35±1.64	135.03±2.43	135.74±2.30	138.80±2.56	131.38±2.60	133.92±0.79	
TOMTUT-2	5.2±0.02 ab	5.2±0.02 a	5.3±0.02 c	5.2±0.02 a	5.3±0.02 c	5.3±0.02 bc	5.2±0.02 bc	5.2±0.02 a	5.2±0.01	
Tomtut-2 ¹	188.02±3.31	183.25±3.50	200.13±2.85	184.89±2.96	197.75±3.19	196.62±3.10	194.92±3.38	181.97±3.76	191.33±1.16	
BOY97	10.9±0.09 f	10.3±0.12 d	10.1±0.09 cd	10.7±0.09 e	10.2±0.10 d	9.6±0.09 b	9.9±0.09 c	9.2±0.12 a	10.1±0.04	
CAP97	1.6±0.02 d	1.6±0.02 d	1.5±0.02 c	1.6±0.02 d	1.5±0.02 bc	1.5±0.02 ab	1.4±0.02 bc	1.4±0.02 a	1.5±0.01	
BOYART97	8.4±0.10 d	7.8±0.12 c	7.6±0.09 bc	8.2±0.10 d	7.7±0.11 bc	7.1±0.09 a	7.5±0.01 b	6.8±0.12 a	7.7±0.04	
BOY98	21.0±0.18 c	19.9±0.20 ab	20.0±0.16 ab	20.5±0.16 b	20.3±0.17 b	19.5±0.11 a	19.9±0.15 ab	19.4±0.22 a	20.1±0.06	
CAP98	3.1±0.02 c	3.1±0.03 c	3.1±0.02 bc	3.1±0.03 c	3.1±0.03 bc	3.0±0.02 a	3.0±0.03 ab	3.0±0.03 ab	3.1±0.01	
BOYART98	10.1±0.12 a	9.6±0.12 a	9.9±0.12 a	9.8±0.11 a	10.1±0.13 a	9.9±0.11 a	10.0±0.12 a	10.1±0.16 a	9.9±0.04	
CAPART98	1.2±0.01 a	1.2±0.01 a	1.3±0.01 a	1.2±0.01 a	1.3±0.01 a	1.2±0.01 a	1.2±0.01 a	1.3±0.01 a	1.3±0.00	
Capart98 ¹	1.54±0.02	1.53±0.03	1.57±0.02	1.55±0.02	1.57±0.02	1.54±0.02	1.54±0.02	1.61±0.03	1.55±0.00	

*: Aynı harfi bulunduran populasyonlar ilgili karakter bakımından farklı değildir.

*:Populations having the same letter for the related character are not significantly different.

¹: Dönüşüm yapılmamış gerçek ortalamalar,

¹:Untransformed population means

3.1.3. Genetik ve Fenotipik Varyasyon Katsayıları

Populasyonların ve farklı birimlerle belirtilen karakterlerin genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyelerini belirlemek ve karşılaştırmak için genetik (%CV_g) ve fenotipik (%CV_f) varyasyon katsayıları hesaplanmıştır (Tablo 7).

Tablo 7. Genetik (%CV_g) ve Fenotipik (%CV_f) (Parantez İçerisinde) Varyasyon Katsayıları

Table 7. Coefficient of Genetic (%CV_g) and Phenotypic(%CV_f) (in Pranthesis) Variations

Kodlanmış Fidan Karakterleri Coded Seedling Traits	POPULASYONLAR –Populations								Karak. Ort. Mean Of Traits	Benze mezlilik Oranı % Dissimi Larity
	Karain	Bahçe	Güzle	K.Koy.	T.Meş.	Ç.Han	Belem.	Manas		
ÇİMSR	8.42 (6.09)	12.05 (7.63)	9.45 (6.28)	10.05 (7.01)	11.43 (7.28)	9.16 (6.10)	8.15 (5.74)	6.96 (4.93)	9.49 (6.41)	32 (35)
KOTSAY	3.23 (2.27)	4.60 (2.89)	3.60 (2.53)	4.14 (2.65)	3.81 (2.65)	4.17 (2.73)	4.29 (2.84)	4.29 (2.88)	4.00 (2.66)	30 (21)
HPKBOY	17.53 (12.61)	18.72 (12.39)	18.03 (11.96)	16.50 (12.25)	15.19 (10.65)	19.70 (13.29)	17.56 (11.98)	12.52 (10.14)	17.82 (12.12)	36 (27)
DAL97	25.50 (16.80)	30.87 (18.99)	20.87 (15.32)	21.58 (15.05)	22.52 (16.19)	20.12 (14.38)	18.75 (13.66)	22.45 (15.07)	22.60 (15.60)	39 (28)
DAL98	13.74 (13.20)	17.87 (13.30)	20.68 (15.16)	19.90 (14.91)	20.64 (15.86)	13.21 (12.90)	8.84 (12.95)	24.37 (16.08)	17.84 (14.29)	64 (20)
TOMTUT-1	14.52 (10.49)	17.39 (12.15)	14.76 (10.45)	7.72 (7.69)	8.18 (7.89)	15.58 (10.55)	9.54 (8.28)	10.04 (9.21)	12.56 (9.61)	53 (36)
TOMPAT-1	2.94 (2.34)	0.00 (1.61)	2.77 (2.38)	0.00 (1.65)	2.60 (2.31)	2.12 (2.27)	0.18 (2.31)	1.92 (2.18)	2.00 (2.32)	100 (32)
TOMTUT-2	3.07 (2.65)	1.63 (2.14)	2.87 (2.22)	2.00 (2.25)	1.47 (1.99)	1.40 (2.13)	3.10 (2.50)	3.03 (2.48)	2.42 (2.30)	55 (25)
BOY97	8.92 (6.84)	12.24 (8.54)	10.03 (7.40)	9.06 (6.85)	10.67 (7.57)	12.33 (8.52)	9.45 (7.04)	9.73 (8.09)	10.32 (7.55)	28 (20)
CAP97	4.62 (7.34)	12.52 (9.96)	10.74 (9.06)	9.73 (9.10)	9.16 (9.25)	9.51 (8.92)	9.77 (9.27)	0.00 (8.45)	9.02 (8.86)	100 (26)
BOYART97	11.14 (9.00)	16.29 (11.37)	13.33 (10.22)	12.41 (9.80)	13.92 (10.15)	15.47 (11.28)	12.54 (9.82)	13.76 (11.32)	13.38 (10.27)	32 (21)
BOY98	7.50 (6.40)	4.74 (6.00)	5.79 (5.90)	4.21 (5.30)	7.65 (6.08)	5.91 (5.82)	4.10 (4.85)	7.76 (6.85)	6.11 (5.90)	47 (29)
CAP98	0.00 (4.60)	8.36 (6.46)	4.08 (5.25)	2.26 (5.21)	2.67 (4.83)	3.48 (5.09)	4.34 (5.14)	6.00 (5.28)	4.22 (5.21)	100 (29)
BOYART98	10.57 (9.22)	6.01 (8.76)	11.85 (10.04)	6.85 (7.94)	9.27 (8.58)	7.09 (8.10)	0.00 (7.10)	10.63 (9.96)	8.53 (8.70)	100 (29)
CAPART98	0.00 (4.48)	0.00 (4.69)	4.74 (4.76)	0.00 (4.53)	0.00 (4.08)	3.09 (4.26)	0.00 (4.41)	5.74 (5.22)	1.18 (4.25)	29 (22)
Pop. ORT. Pop Mean	8.78 (7.62)	10.89 (8.38)	10.24 (7.93)	8.42 (7.48)	9.27 (7.69)	9.49 (7.76)	7.37 (7.19)	9.28 (7.88)		32 (14)

*: **Koyu rakamlar varyasyon katsayısının en yüksek olduğu populasyonu göstermektedir.**

*: Populations having the highest coefficient of variation are shown in bold

Genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyeleri, ilgili karakter için populasyonlar arasında önemli oranda farklılıklar göstermektedir. Aynı şekilde gözlenen karakterler arasında aynı populasyon içinde de önemli oranda farklılıklar bulunmaktadır. Populasyonların geneli olarak en yüksek genetik ve fenotipik çeşitlilik birinci yıl dal sayısı (DAL97: $CV_g=22.60$; $CV_f=15.60$), ikinci yıl dal sayısı (DAL98: $CV_g=17.84$; $CV_f=14.29$) ve hipokotil boyunda (HPKBOY: $CV_g=17.82$; $CV_f=12.12$) belirlenmiştir. En düşük seviyede genetik ve fenotipik çeşitlilik gösteren karakterler ise CAPART98, TOMPAT-1, TOMTUT-2 ve KOTSAY olmuştur (Tablo 7). Benzer şekilde IŞIK (1986) ve IŞIK (1998a) kızılçamlarda kotiledon sayılarının varyasyon katsayılarını (CV) çalışılan karakterler arasında en düşük seviyede bulmuşlardır.

Genetik ve fenotipik varyasyon katsayılarının populasyonlar arasındaki seviyeleri incelendiğinde ilgili karakterler arasında büyük farklılıklar olduğu görülmektedir (Tablo 7). Örneğin Çimlenme süreleri (CIMSAR) için genetik varyasyon katsayısı *Bahçe* (2) populasyonu için en yüksek seviyede ($CV_g=12.05$) iken, en düşük seviyede *Manastır* populasyonunda ($CV_g=6.96$) tespit edilmiştir. Aralarındaki farkın oranı, yani benzemezlik oranı %42'dir. Aynı şekilde fenotipik varyasyon katsayısında da en yüksek ($CV_f=7.63$) *Bahçe* populasyonunda, en düşük ($CV_f=4.93$) ise yine *Manastır* populasyonunda belirlenmiştir. İki populasyon arasındaki fark %35 seviyesindedir. Populasyonlar arasındaki genetik varyasyon katsayısı benzemezlik oranı %100 (CAP97, CAP98, BOYART98, CAPART98, TOMPAT-1) ile %28 (BOY97) arasında, fenotipik varyasyon katsayısında ise benzemezlik oranı %36 (TOMTUT-1) ile %20 (DAL98) arasında tespit edilmiştir. Populasyonlar arasındaki genetik varyasyon benzemezlik oranı, fenotipik varyasyon benzemezlik oranından bütün karakterler için daha yüksektir (Tablo 7).

Karakterlerin genetik ve fenotipik varyasyon katsayılarına populasyonlar itibarıyla bakıldığında, *Bahçe* populasyonu gözlenen 15 karakter içerisinde yedi adet karakterde en yüksek genetik ve fenotipik varyasyona, üç karakterde de populasyonlar arasında en düşük genetik varyasyona sahip tek populasyondur. *Bahçe* populasyonunu üç adet karakterde en yüksek genetik ve fenotipik varyasyona sahip, yükseltisi en fazla populasyon olan *Manastır* (8) takip etmektedir. Bu populasyon aynı zamanda üç karakterde de en düşük genetik varyasyon katsayısına sahiptir. *Karain* populasyonu beş karakterde populasyonlar arasında en düşük genetik varyasyon gösteren tek populasyon olmuştur. *Populasyonların ortalamaları incelendiğinde Bahçe*, $CV_g=10.89$, $CV_f=8.38$ ile en yüksek genetik ve fenotipik varyasyon katsayısına sahip populasyondur. Yani genetik ve fenotipik olarak en fazla çeşitliliğe sahip populasyondur. En düşük genetik ($CV_g=7.37$) ve fenotipik ($CV_f=7.19$) çeşitlilik *Belemedik* populasyonunda belirlenmiştir (Tablo 7). Bu iki populasyon, aynı populasyonlarla yapılan izoenzim analizleri sonucu, en önemli genetik çeşitlilik parametrelerinden birisi sayılan beklenen heterozigotluk oranı (H_e) bakımından da en yüksek ve en düşük populasyonlar olarak bulunmuştur (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998). Bulunan bu çeşitlilik katsayılarının yeterli seviyede olduğunu belirtmek gerekmektedir. Zira, IŞIK ve KARA (1997), kızılçamda yaptıkları

çalışmada, 6. yaşta, populasyon ortalamaları için fenotipik varyasyon katsayılarını 27.7 ile 30.0 arasında, IŞIK (1998b) deneme alanlarının ortak analizinde boy için genetik varyasyon katsayısını (CVg) 4.37, çap için 8.01 olarak bulmuştur. IŞIK ve ark. (1999), Antalya-Düzlerçamı deneme alanından kesilen ağaçlar üzerinde yaptığı çalışmada boy için genetik varyasyon katsayısını 7.1, çap için 7.9 olarak hesaplamışlardır. Yine IŞIK (1998b), CORNELIUS (1994)'a atfen çeşitli ağaç türleri için genetik varyasyon katsayısının hacim hariç boy ve çap için %15'in altında olduğunu bildirmiştir.

3.2. Karakterlerin Aile Düzeyi Kalıtım Dereceleri

Bolkar dağları doğal kızılçam populasyonlarında karakterlerin aile düzeyinde hesaplanan kalıtım dereceleri 0.03 (CAPART98) ile 0.74 (KOTSAY) arasında bulunmuştur (Tablo 5). *En yüksek kalıtım derecesi 0.74 ile kotiledon sayısında hesaplanmıştır.* Bunu çimlenme süresi (CIMSUR=0.73) ve birinci yıl dal sayısı (DAL97=0.71) takip etmiştir. Çevresel etkilerin az olduğu hipokotil boyunda (HPKBOY=0.70) da kalıtım derecesi yüksek bulunmuştur. Birinci yıl toplam boy gelişimi ve birinci yıl boy artımı yani epikotil boyunda da kalıtım derecesi yüksek bulunmuştur (BOY97=0.62, BOYART97=0.57). İkinci yıl boy gelişiminde kalıtım derecesi, birinci yıldan düşük ve orta seviyede bulunmuştur (BOY98=0.36, BOYART98=0.32). Çap gelişimi kalıtım dereceleri orta seviyede 0.34 ve 0.22 olarak hesaplanmıştır. Boylanmaya ait karakterlerin kalıtım dereceleri, çap gelişimine ait karakterlerin kalıtım derecelerinden daha yüksek bulunmuştur. Fenolojik gözlemlere ait tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihlerinin kalıtım dereceleri (TOMTUT-1=0.57, TOMPAT-1=0.30, TOMTUT-2=0.37) orta seviyelerde tespit edilmiştir (Tablo 5). Kızılçam fidanları ile yapılan diğer çalışmalarda aile düzeyi kalıtım derecelerini IŞIK ve KAYA (1993) 0.20-0.96, DOĞAN (1997) 0.39-0.84 arasında bulmuşlardır. KAYA VE TEMERİT (1994), karaçamda yaptıkları çalışmada kalıtım derecelerini 0.28-0.98 arasında bulmuşlardır. Yine Bolkar dağlarına ait karaçamlarda yapılan çalışmada kalıtım derecesi 0.04-0.69 arasında bulunmuştur (GÜLBABA, 1998). Bolkar dağları kızılçamları için bu çalışmada belirlenen aile düzeyi kalıtım dereceleri diğer çalışmalarla uyum içerisindedir. Ancak unutulmamalıdır ki; bir karaktere ait verilen kalıtım derecesi belirli çevresel şartlar altındaki belirli populasyona özgüdür (FALCONER ve MACKAY, 1996). Bu nedenle kalıtım dereceleri sadece belirtilen populasyonların bulunduğu ortam için geçerlidir.

3.3. Fidan Karakterleri Arasındaki Genetik ve Fenotipik İlişkiler (Korelasyonlar)

Yapılan korelasyon analizleri sonucu; fidan karakterlerine ait genetik ilişkilerin fenotipik ilişkilere göre daha yüksek, aynı şekilde standart hatalarının da yüksek ve ilişkilerin genelde aynı doğrultuda oldukları tespit edilmiştir (Tablo 8). Benzer sonuçları kızılçamda IŞIK ve KAYA (1995), Kazdağı göknarında VELİOĞLU ve ark. (1998b), Bolkar dağları doğal karaçamlarında GÜLBABA (1988) bulmuştur. Genetik ilişkilerin fenotipik ilişkilerden daha yüksek çıkması, çevresel koşulların olumsuz etkilerinin iki karakter arasında negatif bir ilişki yaratması ile açıklanabilir (IŞIK ve KAYA, 1995).

Tohumların çimlenme süreleri (CMSUR) ile hipokotil boyu (HPKBOY) arasında pozitif, ilk yıl dip çapı (CAP97) ve epikotil boyu (BOYART97) arasında negatif ve kuvvetli genetik ilişki tespit edilmiştir. Doğal olarak geç çimlenen tohumların, aynı dönem içerisinde erken çimlenen ve daha önce büyümeye başlayan fidanlardan daha ince çap ve daha az boy büyümesi yapması beklenir.

Kotiledon sayısı (KOTSAY) ile ilk yıl toplam boy gelişimi (BOY97), dip çap (CAP97 ve ikinci yıl dip çapı (CAP98) arasında pozitif ve kuvvetli genetik ilişki bulunmuştur. Fakat bu ilişkinin ikinci yıl azaldığı görülmektedir (Tablo 8). Aynı ilişki kızılçamlarda IŞIK (1986), IŞIK ve KAYA (1995) ve DOĞAN (1997), karaçamlarda KAYA ve TEMERİT (1994), GÜLBABA (1998) tarafından da tespit edilmiştir. Kotiledonlar tohumların çimlendikten sonra fideciklerin toprağa yerleşmesi ve ilk gelişimlerini yapabilmesi için ihtiyaç duydukları besinlerin oluşmasını sağlayan fotosentez (özümleme) işlemleri için gerekli yegane yeşil organlardır (IŞIK, 1986). Bu nedenle, kotiledon sayısı fazla olan fideciklerin ilk yıl daha fazla boy ve çap yaptıkları, bu etkinin ikinci yıl toplam çap gelişim üzerinde de devam ettiği belirlenmiştir.

Fenolojik gözlemlere ait karakterler olan tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihleri ile diğer incelenen karakterler arasında fenolojik hiçbir ilişki tespit edilememesine rağmen bazı gelişim karakterleri ile genetik ilişki belirlenmiştir. Bu ilişki, ilk tomurcuk oluşturma tarihi (TOMTUT-1) ile ikinci yıl toplam çap (CAP98) ve ikinci yıl çap gelişimi (CAPART98) arasında negatif yöndedir. Aynı şekilde aynı yıl içerisinde ikinci defa tomurcuk oluşturma tarihi (TOMTUT-2) ile de birinci yıl çap (CAP97) ve ikinci yıl toplam çap (CAP98) arasında genetik olarak negatif, kuvvetli ilişki tespit edilmiştir. Yani geç tomurcuk oluşturan fidanların çapları da düşük olmaktadır. Bu ilişkilerin negatif olmasının nedeni; kızılçamlar ilk yılki kış dönemini tomurcuk oluşturmada geçirdikleri, ikinci vejetasyon döneminde ilk defa tomurcuk oluşturmaları (TOMTUT-1) ve bu ilk tomurcuk oluşturma tarihi ile tomurcukların tekrar patlatılması (TOMPAT-1) ve tekrar tomurcuk oluşturmaları (TOMTUT-2)

Tablo 8. Fidan Karakterlerine ait Genetik (Diyagonal Üstü) ve Fenotipik (Diyagonal Altı) İlişkiler* ve Standart Hataları

Table 8. Genetic (Above Diagonal) and Phenotypic (Below Diagonal) Correlations* Between Traits and Standart Errors

	CIMSR	KOT SAY	HPK BOY	DAL97	DAL98	TOMTUT1	TOMPAT1	TOMTUT2	BOY97	CAP97	BOY ART97	BOY98	CAP98	BOY ART98	CAP ART98
CMSUR	1.000	-	0.578 ±0.07	-	-	-	-	-	-	-0.887 ±0.31	0.611 ±0.09	-	-	-	-
KOTSAY	-	1.000	-	-	-	-	-	-	0.500 ±0.09	0.845 ±0.30	-	-	0.552 ±0.57	-	-
HPKBOY	-	-	1.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
DAL97	-	-	-	1.000	0.648 ±0.08	-	-	-	-	0.506 ±0.21	-	-	-	-	-
DAL98	-	-	-	0.518 ±0.03	1.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TOMTUT1	-	-	-	-	-	1.000	0.630 ±0.17	0.748 ±0.15	-	-	-	-	-0.590 ±0.53	-	-0.506 ±0.44
TOMPAT1	-	-	-	-	-	-	1.000	0.722 ±0.15	-	-	-	-	-	0.613 ±0.17	-
TOMTUT2	-	-	-	-	-	-	-	1.000	-	-0.543 ±0.29	-	-	-0.994 ±0.86	-	-
BOY97	-	-	-	-	-	-	-	-	1.000	0.909 ±0.20	0.934 ±0.02	0.748 ±0.10	-	-	-0.638 ±0.40
CAP97	-	-	-	-	-	-	-	-	0.598 ±0.03	1.000	0.907 ±0.20	-	0.622 ±0.55	-0.751 ±0.50	-0.504 ±0.52
BOYART97	-	-	-	-	-	-	-	-	0.911 ±0.01	0.591 ±0.03	1.000	0.678 ±0.11	-	-	-0.644 ±0.41
BOY98	-	-	-	-	-	-	-	-	0.642 ±0.02	-	0.610 ±0.03	1.000	-	0.523 ±0.18	-
CAP98	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.518 ±0.03	-	-	1.000	-0.557 ±0.95	-
BOYART98	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.825 ±0.01	-	1.000	-
CAPART98	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.645 ±0.02	-	1.000

*:Korelasyon katsayısı 0.500 ve üzeri olanlar verilmiştir.

arasında genetik olarak pozitif yönde ve yüksek oranda ilişkinin olmasıdır. Yani ilk defa tomurcuk oluşturmayı geç yapan fidanların tomurcuklarını patlatmaları ve tekrar tomurcuk bağlamaları da geç olmaktadır. Bu da dolayısıyla fidanların gelişmelerini yavaşlatmaktadır. Bu karakterlerle ilgili negatif ilişki KAYA VE TEMERİT (1994), GÜLBABA (1998) ve VELİOĞLU ve ark., (1999a) tarafından karaçamlarda da belirlenmiştir.

Gelişim ile ilgili karakterler olan boy ve çaplar arasında genetik ve fenotipik olarak yüksek oranda pozitif ve negatif ilişkiler belirlenmiştir (Tablo 8).

3.4. Populasyonların Farklılaşması

3.4.1. Kanonik Diskriminant Analizi

Populasyonların ve populasyon içerisindeki ailelerin iki boyutlu uzayda dağılımlarının karşılaştırılması, karakter kombinasyonlarının populasyonların farklılaşmalarına olan katkılarının incelenmesi amacıyla yapılan Kanonik Diskriminant Analizi sonucu; birinci kanonik diskriminant fonksiyonu, varyansın %73.92'sini oluştururken ikinci fonksiyon %18.79'ünü teşkil etmektedir. Varyansın geriye kalan %7.29'unu ise 3. ve 4. fonksiyon oluşturmaktadır. Özdeğer (Eigenvalue) değerlerine göre ilk iki fonksiyon, orijinal değişkenleri (karakterler) çok iyi açıklayabilmektedir (Tablo 9).

Tablo 9. Kanonik Diskriminant Analize Ait Varyans Oranları ve Özdeğerler

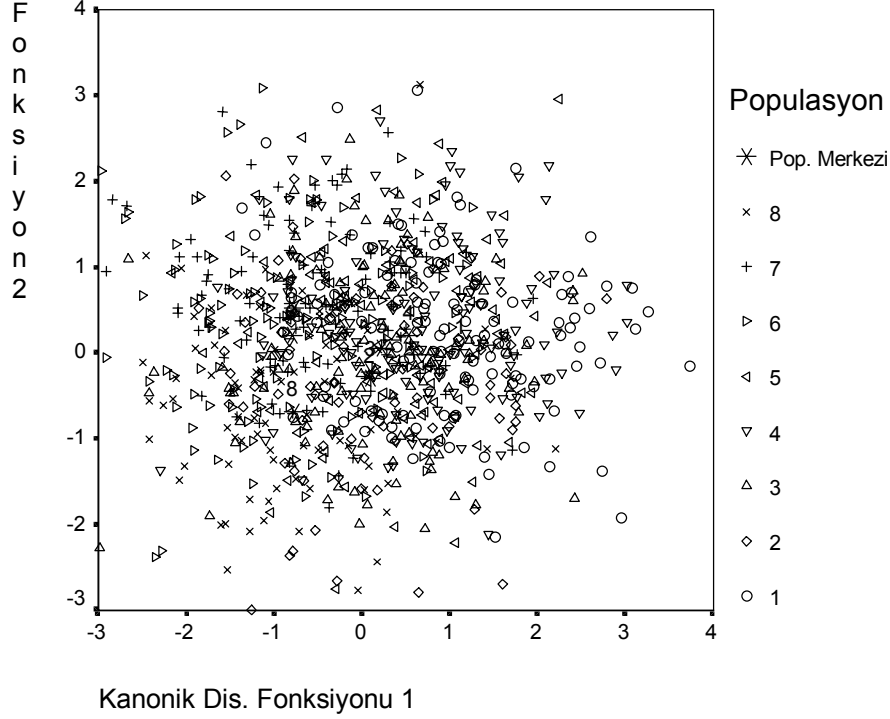
Table 9. Percentage of Variances and Eigenvalue of Canonical Discriminant Functions

Fonksiyonlar Functions	Özdeğer Eigenvalue	Varyans Oranı (%) (%)Perc. of Variance	Toplam Varyans (%) (%)Cum. Varyans
1	0.4301	73.92	73.92
2	0.1094	18.79	92.71
3	0.0309	5.31	98.02
4	0.01151	1.98	100

Birinci kanonik diskriminant fonksiyonuna en büyük katkıyı boy gelişimi ile ilgili üç karakter pozitif yönde yapmaktadır. Bunlar 0.687 ile BOY97, 0.615 ile BOYART97 ve 0.446 ile BOY98' dir. İkinci fonksiyona ise dal sayıları (DAL97=0.612, DAL98=0.411), kotiledon sayısı (0.513) ve ilk tomurcuk oluşturma gün sayısı (TOMTUT-1=0.523) pozitif yönde ve yüksek oranda katkı sağlamıştır (Tablo verilmemiştir).

Populasyonların aile ortalamalarının fonksiyon bazında dağılımlarında ayrışma gözlenmemiştir (Şekil 3). Fakat Populasyonların, populasyon

ortalamalarına ait diskriminant fonksiyonlarının grafikleştirilmesi sonucu farklılaşmalar bariz olarak görülmektedir (Şekil 4).

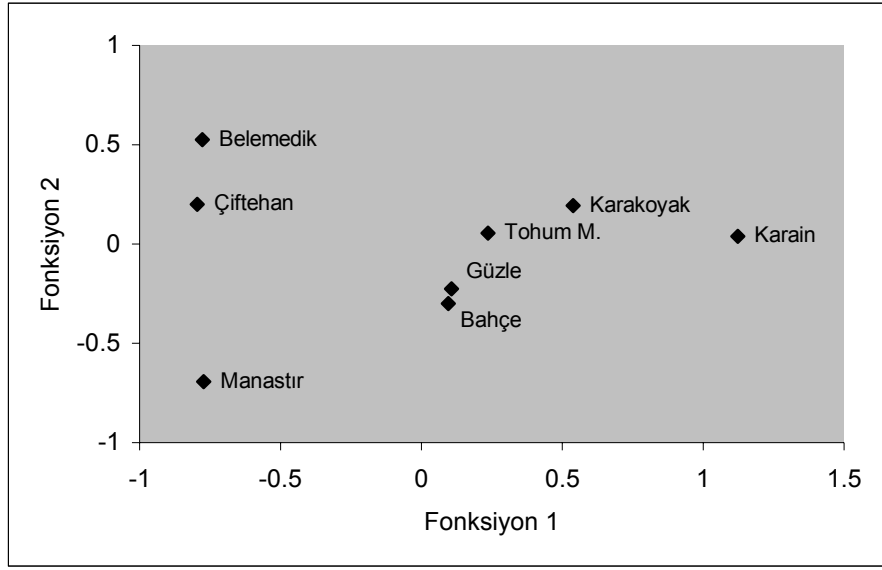


Şekil 3. Populasyonların Aile Ortalamalarının Diskriminant Fonksiyonları Bazında Dağılımı

Figure 3. The Distribution of Populations Based on Discriminant Functions at Family Means

Populasyon ortalamalarının farklılaşmasının nedeni incelenen karakterlere uygulanan varyans analizi sonucu, populasyonlar arasında önemli oranda farklılıklar bulunması (Tablo 4), gelişim karakterleri olan BOY97, BOYART97, BOY98, CAP97, CAP98 ve KOTSAY'ın populasyonlar arası varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranının nispeten yüksek olması ve populasyonlar içi aileler arası varyans bileşenlerine yakın olmasıdır (Tablo 5). Zaten diskriminant fonksiyonlarına da en büyük katkıyı bu karakterler yapmıştır. Bu sonuca göre, grafiğin sol en alt köşesinde bulunan *Manastır populasyonu en farklılaşmış populasyon olarak gözükmektedir*. Bu populyona en uzak, ikinci farklılaşmış populasyon ise *Karain* populasyonudur. *Belemedik ve Çiftehane* populasyonları grafiğin en üst köşesinde fakat *Manastır* istikametinde farklılaşmış olarak bulunmaktadırlar. Diğer dört populasyon ise grafiğin merkezi kısmına yerleşmişlerdir (Şekil 4). *Manastır populasyonunun diğerlerine göre en*

çok farklılaşmasının nedeni, gözlenen 15 karakter içerisinde 8 adedinde düşük performans göstermesidir (Tablo 6). Bu populasyon, denizden yüksekliği en fazla olan (Tablo 1) ve ekstrem şartlara sahip, dolayısıyla doğal seleksiyon basıncına daha fazla maruz kalan populasyondur. IŞIK (1998a), Antalya yöresi kızılçam populasyonlarında yaptığı benzer çalışmasında da populasyonları birbirlerinden farklılaşmış olarak bulmuştur.



Şekil 4. Populasyonların, Populasyon Merkezleri Diskriminant Foksiyonları Bazında Dağılımı

Figure 4. The Distribution of Populations Based on Discriminant Functions at Population Centroids

3.4.2. Populasyonlar Arası Biyolojik Uzaklıklar (D^2)

Populasyonlar için hesaplanan biyolojik uzaklıklara (Mahalanobis= D^2 genelleştirilmiş mesafe fonksiyonu) göre; *populasyonlar arasındaki en büyük biyolojik uzaklık ($D^2=2.36$) Manastır populasyonu ile Karain populasyonu arasındadır.* En az biyolojik uzaklık ($D^2=0.17$) Belemelik ile Çiftehan arasındadır. *Manastır populasyonunun diğer populasyonlara olan uzaklıklarının tamamı istatistiksel olarak önemli bulunmuştur (Tablo 10).* *Manastır populasyonu bu verilere göre diğer bütün populasyonlardan farklılaşmaktadır.* *Manastır populasyonuna biyolojik uzaklık olarak en yakın populasyon, Çiftehan populasyonudur ($D^2=0.59$).* Dolayısıyla bu populasyon da diğerlerinden

uzaklaşmıştır. Bu iki popülasyonun diğer popülasyonlardan farklılaşması aynı popülasyonlarla yapılan izoenzim analiz sonuçları (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998) ile de benzerdir. Bolkar dağları kızılçamlarında biyolojik uzaklık (D^2) 2.36 ile 0.17 arasında bulunmuştur (Tablo 10). Oysa yapılan diğer çalışmalarda Kaz dağları karaçamlarında bu mesafeler 440.72-11.96 arasında (VELİOĞLU ve ark., 1999a) yine bu yöreye ait Kazdağı göknarında 0.76-1.18 arasında (VELİOĞLU ve ark., 1999b), Bolkar dağları karaçamlarında 29.97-1051.25 olarak bulunmuştur (GÜLBABA, 1998).

Tablo 10. Kızılçam Popülasyonları Arasındaki Biyolojik Uzaklıklar (D^2)
Table 10. Biological Divergence (D^2) Between Turkish Red Pine Populations

Pop. Numarası	1	2	3	4	5	6	7	8
Pop.ID.Nr								
(1)Karain	0.00	0.94***	0.58***	0.23 ns	0.62***	1.76***	1.15***	2.36***
(2)Bahçe		0.00	0.63**	0.83***	0.95***	1.62***	1.23***	1.69***
(3)Güzle			0.00	0.49**	0.39ns	1.04***	0.75***	1.05***
(4)Karakoyak				0.00	0.32ns	1.44***	0.89***	2.25***
(5)Tohum Meş.(K.Ko)					0.00	0.82***	0.42ns	1.33***
(6)Çiftehan/Ulukışla						0.00	0.17ns	0.59**
(7)Belemedik							0.00	0.90***
(8)Manastır								0.00

ns: önemli değil, **: 0.01 olasılık düzeyinde önemli, ***: 0.001 olasılık düzeyinde önemli
ns: not significant, **: significant at P<0.01 level, ***: significant at P<0.001 level

Bu verilere göre Bolkar dağları kızılçamlarında bulunan popülasyonlar arasındaki biyolojik uzaklığın boyutu fazla değildir. Biyolojik uzaklığın boyutlarının az olmasının nedeni, çalışılan popülasyonlar arasındaki coğrafik mesafenin fazla olmamasından (Şekil 1) kesiksiz yayılış göstermesine ve bu nedenle gen akımının fazla olmasından (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998) ileri geldiğine bağlanabilir. Aynı popülasyonlarla yapılan izoenzim analizleri sonucunda da popülasyonlar arasındaki genetik mesafeler çok az (0.001-0.01) ve popülasyonlar arası genetik farklılaşma $F_{st}=\%2.38$ olarak bulunmuştur (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998). Bu iki çalışmanın bulguları benzer yöndedir.

Biyolojik uzaklık (Tablo 10) ve diskriminant fonksiyonlarına göre oluşturulan grafik (Şekil 4) sonuçları da birbirini desteklemektedir.

3.4.3. Kümelenendirme (Klastır) Analizi

Yapılan kümelenendirme (Klastır) analizi sonucu oluşan dendrogram incelendiğinde sekiz kızılçam popülasyonu, kökten önce iki kümeye ayrılmıştır

ideal olarak, mümkün olduğu kadar çok gen çeşitliliğini yakalayabilmek için seçilecek populasyonların kendi içerisinde yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip, fakat aynı zamanda diğer populasyonların her birinden genetik olarak farklılaşmış olmaları arzu edilir (GÜLBABA ve ark., 1996).

Yukarıdaki özelliklere uygun populasyonları belirleyebilmek için yapılan bu çalışma ile Bolkarlardan örneklenen sekiz kızılçam populasyonuna ait genetik çeşitlilik parametreleri elde edilmiştir. Bu parametreler GEKYA için seçimi önerilecek populasyonların belirlenmesinde “Sonuç ve Öneriler” bölümünde rehber olarak kullanılmıştır.

4. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bolkar dağları doğal kızılçam populasyonlarında fidan karakterleri kullanılarak yapılan bu çalışma sonucunda, genetik çeşitliliğin, populasyonlar arasında ziyade daha çok populasyon içi aileler arasında olduğu tespit edilmiştir. Özellikle uyum kabiliyeti bakımından önemli olan tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihlerinin populasyonlar arası farklılıklardan kaynaklanan varyans oranı çok düşüktür. Bu durum gen koruma stratejisi açısından önemlidir. Çünkü; hangi populasyon gen koruma amaçlı seçilirse seçilsin ileride oluşacak çevresel değişikliklere uyum sağlayabilecektir.

Örneklenen kızılçam populasyonlarının genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyelerinin yüksek olmadığı, biyolojik mesafenin az olduğu, buna rağmen yapılan kanonik diskrimant ve kümeleme analizlerinde populasyonlar arasında ayrışmalar ve kümelenmeler olduğu ve özellikle ekstrem populasyonların diğerlerinden ayrılmış olduğu tespit edilmiştir.

Aynı populasyon ve ailelere ait tohumlarla yapılan izoenzim çalışmaları sonucu ile fidan karakterleri sonuçları, hemen hemen bütün parametreler bakımından benzer yöndedir (örneğin, beklenen heterozigotluk oranı ile genetik ve fenotipik varyasyon katsayıları arasındaki paralellik, genetik varyasyonun populasyonlar arasında az oluşu, Nei’ye göre hesaplanan genetik mesafe ile biyolojik uzaklık arasındaki benzerlik, genetik mesafeye göre oluşturulan dendrogram ve kümeleme analiz sonucu oluşturulan dendrogram, vd). Fakat, izoenzim sonuçlarının çevreye uyumluluk bakımından nötr genleri işaretlediği de unutulmamalıdır.

Bolkar dağları doğal kızılçam populasyonlarının genetik çeşitliliğin dağılımı ve farklılaşmasına bakıldığında, genetik çeşitliliğin büyük oranda populasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklandığı görülmektedir. Bu sonuca göre; bir veya iki populasyonun gen koruma amacıyla seçilmesi genetik çeşitliliğin büyük oranda korunacağını göstermektedir. Ancak, üç populasyonda Gen Koruma ve Yönetim Alanı (GEKYA) seçilmesi güvenlik açısından yerinde olacaktır (GÜLBABA ve ÖZKURT,1998).

GEKYA'ların belirlenmesinde ideal olarak, mümkün olduğu kadar yüksek gen çeşitliliğini yakalayabilmek için, seçilecek populasyonların kendi içerisinde yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip, fakat aynı zamanda diğer populasyonların her birinden genetik olarak farklılaşmış olmaları arzu edilir. Buna göre, yapılan diskriminant fonksiyon analizi sonucu populasyonların ayrışmasına, populasyonların birbirlerinden olan biyolojik uzaklıklarına, yapılan kümeleme analizi sonucu ayrı bir küme oluşturmalarına ve ekstrem habitata sahip olmaları dikkate alınır, birinci GEKYA'nın *Ulukışla/Çiftehane* veya *Manastır* populasyonlarından seçilmesi gerekmektedir. Fidan karakterleri ile yapılan analizlerde bu iki populasyonun birbirlerine üstünlükleri görülmektedir. Ancak, genetik bilgiler hangi yöntemle üretilmiş olursa olsun, eğer elde değişik karakterlere ait veri bulunuyorsa, bütün bilgilerin koruma için birlikte değerlendirilmesinde fayda vardır (MILLAR ve WESTFALL, 1992). Aynı populasyonlarla yapılan izoenzim analizleri sonucunda *Manastır* populasyonunun *Çiftehane* populasyonuna göre bazı üstünlükleri olduğu ve GEKYA'nın bu populasyon içerisinde seçilmesi gerektiği daha önce bildirilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998). Bundan başka en yüksek (ekstrem) populasyon (1440 m) olması nedeniyle birinci GEKYA olarak *Manastır* populasyonunun seçilmesi uygun olacaktır.

İkinci GEKYA'nın kümeleme analizi sonucu oluşturulan dendrograma göre kalan altı populasyon içerisinde tek başına ayrı bir küme oluşturması (Şekil 6), birinci GEKYA olarak önerilen *Manastır* populasyonundan biyolojik uzaklık ($D^2=1.69$) olarak hayli uzak olması (Tablo 7), sekiz populasyon içerisinde en yüksek genetik ($CV_g=10.89$) ve fenotipik ($CV_f=8.38$) çeşitlilik katsayısına sahip olması, merkezi populasyon olması (Şekil 1), ayrıca GÜLBABA ve ÖZKURT (1998)'a göre de en yüksek beklenen heterozigotluk oranına ($H_e=0.233$) sahip olması nedenleriyle *Bahçe* populasyonu içerisinde seçilmesi yerinde olacaktır.

Sonucu ve üçüncü GEKYA'nın geriye kalan beş populasyon içerisinde seçilmesi gerekmektedir. Bu beş populasyon içerisinde *Belemedik* populasyonunun en düşük genetik ($CV_g=7.37$) ve fenotipik ($CV_f=7.19$) çeşitlilik katsayısına sahip olması, biyolojik uzaklık olarak daha önce GEKYA için önerilen *Manastır* populasyonuna yakın olması ($D^2=0.90$) ve GÜLBABA ve ÖZKURT (1998)'a göre de en düşük genetik çeşitliliğe ($H_e=0.197$) sahip olması nedeniyle, üçüncü GEKYA'nın burada seçilmesi genetik yönden bir kazanç sağlamayacaktır. *Tohum meşçeresi*'nin konumu itibarıyla koruma ve yönetim problemi çıkma ihtimali yüksek olduğundan GEKYA olarak ayrılması düşünülmemelidir (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998). *Güzle* populasyonu Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü tarafından Gen Koruma Ormanı olarak ayrıldığından (ANONİM, 1998), tekrar GEKYA olarak ayrılmasının pratik faydası olmayacaktır. Bu durumda üçüncü GEKYA'nın *Karain* ve *Karakoyak* populasyonlarından birisi içerisinde seçilmesi gerekmektedir. Her iki populasyon, incelenen parametreler bakımından hemen

hemen aynı özelliklere sahip gözükmetedir. Yalnızca genetik ve fenotipik varyasyon katsayılarında *Karakoyak* popülasyonu bir miktar üstün gözükmetedir. Bu durumda eldeki bütün verileri kullanmak gerekmektedir. Aynı popülasyonların izoenzim analiz sonuçlarına baktığımızda en önemli genetik çeşitlilik parametrelerinden olan beklenen heterozigotluk oranı *Karakoyak* popülasyonunda daha yüksek ($H_e=0.228$, $H_e=0.219$), aynı zamanda F_{is} (Fiksasyon indeksi) değeri *Karakoyak*'ta daha düşük ($F_{is}=0.249$, $F_{is}=0.300$) ve örneklenen sekiz popülasyon içerisinde en yüksek lokus başına düşen allel sayısına ($A=1.9$), en yüksek polimorfik lokus oranına ($P=0.249$) sahip olması ve en önemlisi tespit edilen polimorfik lokuslardaki 33 allelden 32' sini bünyesinde barındırması (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998) nedeniyle üçüncü GEKYA olarak *Karakoyak* popülasyonunun seçilmesi yerinde olacaktır.

GEKYA'ların tam yerini belirlerken, meşcerenin sağlığı, koruma ve yönetim kolaylığı ve diğer bitki ve hayvan kompozisyonlarının durumu da göz önüne alınmalıdır.

YARARLANILAN KAYNAKLAR

- ANONİM 1998:** 1997 Yılı Çalışma Raporu, 1998 Yılı Çalışma Programı. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Ankara, s.111.
- ASLAN, S. ve UĞURLU, S., 1986:** Kızılçam (*Pinus brutia*), Halepçamı (*Pinus halepensis*) ve Elderika Çamı (*Pinus elderica*) Orijinlerinin Tohum, Fidecik ve Fidan Özellikleri. Ormançılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten No:165, Ankara
- CORNELIUS, J., 1994:** Heritabilities and Additive Genetic Coefficient of Variation in Forest Trees. Canadian Journal of Forest Research, 24:372-379
- DOĞAN, B., 1997:** Dalaman Çayı Havzası Doğal Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı. Ege Ormançılık Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No: 9, İzmir, s:31
- FALCONER, D. S. and MACKAY, T. F. C., 1996:** Introduction to Quantative Genetics. Logman Group Ltd. 4. Edition, p:464
- GEMİCİ, Y., 1992:** Bolkar Dağlarının (Orta Toroslar) Flora ve Vejetasyonu. E. Ü. Araştırma Fonu Projesi No. 1988/011. İzmir (basılmamış).
- GÜLBABA, A. G., VELİOĞLU, E., ÖZER, A. S., DOĞAN, B., DOERKSEN, A. H., ADAMS, W. T., 1996:** Kazdağı Gökarnı (*Abies equitrojani* Aschers. Et sint) Populasyonlarının Genetik Yapıları ve Gen Kaynaklarının Yerinde Korunması. Doğu Akdeniz Ormançılık Araştırma Enstitüsü DOA Dergisi, No 2. Tarsus, :23-48.
- GÜLBABA, A.G., 1998:** Bolkar Dağları Doğal Karaçamlarında (*Pinus nigra* Subsp. *pallasiana*) Genetik Çeşitlilik ve Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının Belirlenmesi. DOA Dergisi, Sayı:4, Doğu Akdeniz Ormançılık Araştırma Enstitüsü, TARSUS s: 99-130
- GÜLBABA, A.G. ve ÖZKURT, N., 1998:** Bolkar Dağları Doğal Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği. Teknik Bülten No: 5, Doğu Akdeniz Ormançılık Araştırma Enstitüsü, Tarsus. s:27
- GÜNAY, T. ve TACENUR, İ. A., 1993:** Türkiye’de Mevcut Kızılçam (*Pinus brutia* TEN) Fidanlarının Genel Özellikleri ve Üretilen Fidanların Fizyomorfolojik Kaliteleri. Uluslararası Kızılçam Sempozyum Bildiriler Kitabı, Marmaris. S:356-367
- İŞİK, K., 1986:** Altitudinal Variation in *Pinus brutia* Ten.: Seed and Seedling Characteristics. *Silvae Genetica* 35:58-66
- İŞİK, F. ve KAYA, Z., 1993:** Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında Denizden Uzaklık ve Yüksekliğe Göre Değişen Genetik Çeşitlilik. Uluslararası Kızılçam Sempozyum Bildiriler Kitabı, Marmaris. s:243:253
- İŞİK, F., ve KAYA, Z., 1995:** Toroslarda Güney –Kuzey Doğrultusunda Örneklenen Kızılçam Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı. Batı Akdeniz Ormançılık Araştırma Enstitüsü Dergisi Sayı 1, Antalya.s:20-54.

- IŞIK, K. ve KARA, N., 1997:** Altitudinal Variation in *Pinus brutia* TEN. and its Implication in Genetic Conservation and Seed Transfers in Southern Turkey. *Silvae Genetica* 46:113-120 .
- IŞIK, F., 1998a:** Differentiation of *Pinus brutia* Populations Revealed by Principal Component Analysis. In The Proceedings of International Symposium on In situ Conservation of Plant Genetic Diversity (ed. N.Zencirci, Z.Kaya, Y.Anikster, and W.T. Adams) Published By: Central Research Institute for Field Crops- Ankara/Turkey s:257-264
- IŞIK, F., 1998b:** Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Derecesi ve Genetik Kazancın Belirlenmesi. Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No:7, Antalya, :211
- IŞIK, F., IŞIK, K., and LEE, J.S., 1999:** Genetic Variation in *Pinus brutia* Ten. in Turkey: I. Growth, Biomass and Stem Quality Traits. *Forest Genetics* 6 (2):89-99.
- İKTÜEREN, Ş., 1977:** Türkiye Dağılışı İçinde Kızılçam ve Fıstıkçamı Orijin denemeleri. 1:Tohum ve Fidanlık TUBİTAK Bilim Kongresi Tebliği. s:11-19
- JAYASANKAR, S., BABU, L.C., SUDHAKARA, K., DHANESH KUMAR, P., 1999:** Evaluation of Provenances for Seedling Attributes in Teak (*Tectona grandis* LINN.F.), *Silvae Genetica*, 48, (3-4): 115-122
- KALIPSIZ, A. 1981:** İstatistik Yöntemler. İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınları, O.F.Yayın No:294, İ.Ü. Yayın No:2837, İstanbul
- KAYA, Z., KÜN, E., GÜNER, A., 1997:** National Plan For In-Situ Conservation of Plant Genetic Diversity in Turkey. Milli Eğitim Basımevi, İstanbul. .
- KAYA, Z. ve TEMERİT, A. 1994:** Genetic Structure of Marginally Located *Pinus nigra var pallasiana* Populations in Central Turkey. *Silvae Genetica* 43, (5/6), s:172-275.
- KAYA, Z. ve IŞIK, F., 1997:** The Pattern of Genetic Variation in Shoot Growth of *Pinus brutia* TEN. Populations Sampled From The Toros Mountains in Turkey. *Silvae Genetica* 46, (2/3), :73-81.
- KISS, G., and YEH, F.C., 1988:** Heritability estimates for height for young interior spruce in British Columbia. *Canadian journal of Forest Research*. 18:158-162.
- LEDIG, F. T., 1998:** Genetic Diversity in Tree Species: With Special Reference to Conservation in Turkey and The Eastern Mediterranean. In The Proceedings of International Symposium on In situ Conservation of Plant Genetic Diversity (ed. N. Zencirci, Z. Kaya, Y. Anikster, and W. T. Adams) Published By: Central Research Institute for Field Crops- Ankara/Turkey, :231-247
- MILLAR, C. I. and MARSHALL, K. A., 1991:** Allozyme variation of Port-Orford-cedar (*Chamaecyparis lawsoniana*): implications for genetic conservation. *Forest Sci.* 37: 1060-1075

- MILLAR, C. I. and WESTFALL, R. D., 1992:** Allozyme Markers in Forest Genetic Conservation. *New Forest* 6:347-371
- MINITAB 13.1., 2000:** Minitab Statistical Software, release 13.1., Minitab Inc.
- NAMKONG , G., SYNDER, E. B., STONECYPHER, R. W., 1966:** Heritability and Gain Concepts For Evaluating Breeding Systems Such as Seedling Seed Orchards. *Silvae Genetica*, 15 (3): 61-100
- PANETSOS, K. P., ARAVANOPOULOS, F. A. and SCALTSOYIANNES, A., 1998:** Genetic Variation of *Pinus brutia* From Islands of Northeastern Aegean Sea. *Silvae Genetica* 47:115-1120
- RAO, C.R., 1952:** Advanced Statistical Methods in Biometric Research. John Wiley and Sons, Inc., Newyork.
- SATTERWAITE, F.E., 1946:** An approximate distribution of estimates of variance components. *Biom. Bull.* 2:110-114.
- SCHILLER, G., 1994:** Diversity Among *P. brutia subsp. brutia* and Related Taxa- A Review. *İ.Ü. Orman Fakültesi Dergisi Seri. A, Cilt. 44, Sayı. 1, İstanbul. s:133-134,*
- SHELBOURNE, C. A., 1992:** Genetic Gains From Different Kinds of Breeding Population and Seed or Plant Production Populations. *South African Forestry Journal*, No. 160, Pretoria, S.A.
- SOKAL, R. R. and ROHLF, F. J., 1995:** Biometry. Third Edition, W. H. Freeman and Company, Newyork : 887
- SPSS FOR WINDOWS, 1998:** SPSS for Windows, Release 9.0, Standart Version, Spss Inc.
- STATISTICA FOR WINDOWS, 1993:** Statistica for Windows, Release 4.3, B StatSoft inc.
- THANOS, C.A., and DASKALAKOU, E.N., 1993:** Seed characteristics of *Pinus brutia* from various locations of Samos island. *Uluslararası Kızılçam Sempozyum Bildiriler Kitabı, Marmaris.s:295-302*
- VELİOĞLU, V., ÇENGEL, B., KAYA, Z., 1999a:** Kazdağları'ndaki Doğal Karaçam (*Pinus nigra* Arnold subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) Populasyonlarda Genetik Çeşitliliğin Yapılanması. *Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No: 1, Ankara.s:30*
- VELİOĞLU, E., ÇİÇEK, F.F., ÇENGEL, B., KAYA, Z., 1999b:** Kazdağları'ndaki Kazdağı Göknaarı (*Abies equi-trojani* Aschers. Et. Sint.) Populasyonlarda Genetik Çeşitliliğin Yapılanması. *Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No: 3, Ankara.s:31*
- YE, Z. and YEH, F., 1996:** SPQG32 – Statistical Package for Quantative Genetic, University of Alberta, Canada.

ÖZET

Bolkar dağları Dünya Bankasınca desteklenen “Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması (TU-28632)” projesi kapsamında pilot uygulama alanı olarak belirlenmiştir. Bu proje kapsamında gen kaynaklarının yerinde korunması amacıyla kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) hedef tür olarak seçilmiştir.

Bu çalışma ile, fidan karakterlerini kullanarak Bolkarlardan örneklenen kızılçam populasyonlarının (i) genetik yapılarını belirlemek, (ii) populasyonlara ait genetik parametreleri tahmin ederek populasyonlar arası ve populasyon içi genetik çeşitliliğin boyutlarını ortaya koymak ve (iii) bu sonuçları değerlendirerek bu populasyonlar içerisinde belirlenecek GEKYA'ların tespitinde önerilerde bulunmak amaçlanmıştır.

Bolkar dağlarında belirlenen sekiz populasyona ait 312 aileden toplanan tohumlarla fidan yetiştirilerek iki yıl boyunca gözlemler yapılmıştır. Bu populasyonlara ait onbeş karakter analiz edilmiştir. Fidanlık deneme düzeni üç bloklu, sıra parselli tesadüf blokları deneme desenidir. Populasyonlar arası ve populasyonlar içi aileler arası farklılıkları hesaplamak için varyans analizleri yapılmıştır. Populasyonların ve farklı birimlerle belirtilen karakterlerin genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyelerini belirlemek ve karşılaştırmak için genetik (%CV_g) ve fenotipik (%CV_f) varyasyon katsayıları hesaplanmıştır.

Yapılan varyans analizi sonucuna göre; Bolkar dağlarında örneklenen kızılçam populasyonlarında, populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arasında gözlenen karakterlerin çoğunluğunda önemli düzeyde farklılıklar belirlenmiştir. Çalışılan bütün karakterlerde, populasyon içi aileler arası varyans bileşenleri populasyonlar arası varyans bileşenlerine göre daha yüksek bulunmuştur. Bu sonuca göre, kızılçam populasyonlarında genetik çeşitliliğin çoğunluğu, populasyonlar arasında değil populasyon içi aileler arasındadır.

Populasyonlar, kızılçam için yüksek zon (800 m ve üstü) sayılmasına ve tohumlarının yavaş çimlenmesine rağmen populasyonların yükselteleri ile çimlenme süreleri arasında pozitif ve yüksek oranda ilişki tespit edilmiştir ($r=0.83$). Yani populasyonların yükseltisi arttıkça daha geç çimlenmektedirler. En yüksek (1440 m) populasyon olan *Manastır* populasyonu, en geç çimlenme süresine (CIMS_R=62.6) sahiptir.

Kızılçam populasyonlarında tohum ekiminin yapıldığı ve birinci vejetasyon dönemi olan 1997 yılında yani birinci yaşta tek bir birey hariç hiçbir birey tomurcuk oluşturmamış, hatta bazı bireyler ikinci yılın sonuna doğru tomurcuk oluşturmuşlardır. Tomurcuk oluşturan bireylerin bir kısmının bir hafta sonra tomurcuklarını tekrar patlatmaya başladıkları gözlenmiştir. Bu da kızılçamların, tomurcuk oluşturma ve patlatma mekanizmalarını yani uyum yeteneklerini çok çabuk harekete geçirebilme kabiliyetinde olduklarını göstermektedir. Bu yetenek kızılçamlara, yetişme ortamlarındaki düzensiz yağış

ve sıcaklık dalgalanmalarına karşı çabuk tepki vermeleri ve doğal koşullara uyum sağlamaları, aynı zamanda uygun koşulları yakalayarak fırsatları değerlendirme olanağını vermektedir. Kızılçamın hızlı büyümesinin nedeni de bu fırsatçılığıdır. Yani fırsatları (uygun koşulları) iyi değerlendirebilmeleridir.

Genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyeleri, ilgili karakter için populasyonlar arasında önemli oranda farklılıklar göstermektedir. Aynı şekilde gözlenen karakterler arasında aynı populasyon içinde de önemli oranda farklılıklar bulunmaktadır. Populasyonların ortalamaları incelendiğinde *Bahçe*, $CV_g=10.89$, $CV_f=8.38$ ile en yüksek genetik ve fenotipik varyasyon katsayısına sahip populasyondur. Yani genetik ve fenotipik olarak en fazla çeşitliliğe sahip populasyondur. En düşük genetik ($CV_g=7.37$) ve fenotipik ($CV_f=7.19$) çeşitlilik *Belemedik* populasyonunda belirlenmiştir. Bulunan bu çeşitlilik katsayılarının yeterli seviyede olduğunu belirtmek gerekmektedir.

Bolkar dağları doğal kızılçam populasyonlarında karakterlerin aile düzeyinde hesaplanan kalıtım dereceleri 0.03 (CAPART98) ile 0.74 (KOTSAY) arasında bulunmuştur.

Yapılan korelasyon analizleri sonucu; fidan karakterlerine ait genetik ilişkilerin fenotipik ilişkilere göre daha yüksek, aynı şekilde standart hatalarının da yüksek olduğu tespit edilmiştir. Kotiledon sayısı (KOTSAY) ile ilk yıl toplam boy gelişimi (BOY97), dip çap (CAP97 ve ikinci yıl dip çapı (CAP98) arasında pozitif ve kuvvetli genetik ilişki bulunmuştur. Kotiledonlar tohumların çimlendikten sonra fideciklerin toprağa yerleşmesi ve ilk gelişimlerini yapabilmeleri için ihtiyaç duydukları besinlerin oluşmasını sağlayan fotosentez (özümleme) işlemleri için gerekli yegane yeşil organlardır. Bu nedenle kotiledon sayısı fazla olan fideciklerin ilk yıl daha fazla boy ve çap yaptıkları, bu etkinin ikinci yıl toplam çap gelişim üzerinde de devam ettiği belirlenmiştir.

Kanonik diskriminant analizi sonucu ve hesaplanan biyolojik uzaklıklara (Mahalanobis= D^2 genelleştirilmiş mesafe fonksiyonu) göre; *Manastır* populasyonu en farklılaşmış populasyon olarak gözükmektedir. Bu populasyona en uzak, ikinci farklılaşmış populasyon ise *Karain* populasyonudur. *Manastır* populasyonunun diğerlerine göre en çok farklılaşmasının nedeni, gözlenen 15 karakter içerisinden 8 adedinde düşük performans göstermesidir. *Manastır* populasyonunun diğer populasyonlara olan uzaklıklarının tamamı istatistiksel olarak önemli bulunmuştur.

Kızılçam populasyonları ile yapılan kümelendirme (Klastır) analizi sonucu oluşan dendrogram incelendiğinde sekiz kızılçam populasyonu, kökten önce iki kümeye ayrılmıştır. İlk kümeyi *Manastır* ve *Çiftehan* populasyonları oluşturmuşken diğer kümeyi kalan altı populasyon oluşturmuştur.

Sonuç olarak; örneklenen kızılçam populasyonlarının genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyelerinin yüksek olmadığı, biyolojik mesafenin az olduğu, buna rağmen yapılan kanonik diskriminant ve kümeleme analizlerinde

populasyonlar arasında ayrışmalar ve kümelenmeler olduğu ve özellikle ekstrem populasyonların diğerlerinden ayrılmış olduğu tespit edilmiştir.

Bolkar dağları doğal kızılçam populasyonlarında genetik çeşitliliğin, büyük oranda populasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklandığı görülmektedir. Bu sonuca göre; bir veya iki populasyonun gen koruma amacıyla seçilmesi genetik çeşitliliğin büyük oranda korunacağını göstermektedir. Ancak, üç populasyonda Gen Koruma ve Yönetim Alanı (GEKYA) seçilmesi güvenlik açısından yerinde olacaktır. GEKYA'ların belirlenmesinde ideal olarak, mümkün olduğu kadar yüksek gen çeşitliliğini yakalayabilmek için, seçilecek populasyonların kendi içerisinde yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip, fakat aynı zamanda diğer populasyonların her birinden genetik olarak farklılaşmış olmaları arzu edilir.

Buna göre, birinci GEKYA'nın *Ulukışla/Çiftehan* veya *Manastır* populasyonlarından seçilmesi gerekmektedir. Aynı populasyonlarla yapılan izoenzim analizleri sonucunda *Manastır* populasyonunun *Çiftehan* populasyonuna göre bazı üstünlükleri olduğu ve GEKYA'nın bu populasyon içerisinde seçilmesi gerektiği GÜLBABA ve ÖZKURT (1998) tarafından da bildirilmiştir. Bundan başka, en yüksek (1440 m) populasyon olması nedeniyle birinci GEKYA olarak *Manastır* populasyonunun seçilmesi uygun olacaktır.

İkinci GEKYA'nın sekiz populasyon içerisinde en yüksek genetik ($CV_g=10.89$) ve fenotipik ($CV_f=8.38$) çeşitlilik katsayısına sahip olması, merkezi ve en büyük alana sahip populasyon olması nedenleriyle *Bahçe* populasyonu içerisinde seçilmesi yerinde olacaktır.

Geriye kalan beş populasyona ait sonuçlar incelendiğinde üçüncü GEKYA olarak *Karakoyak* populasyonunun seçilmesi yerinde olacaktır.

SUMMARY

Turkish red pine (*Pinus brutia* Ten.) has been selected as one of target species within the framework of “In-Situ Conservation of Plant Genetic Diversity in Turkey” project. The aim of this study was to reveal (i) genetic structure of Turkish red pine populations from the Bolkar Mountains (ii) to estimate variation within and among populations and (iii) to serve as an initial guide in designation of Gene Management Zones (GMZ's).

Seedlings from 312 parent trees from eight populations of Bolkar Mountains were raised in a nursery for two years and fifteen seedling traits were observed. Nursery experimental design was five-seedlings-row plot, randomised complete block design with three replications. Analysis of variance was conducted to detect differences between and within populations. Coefficients of genetic and phenotypic variations were calculated to compare the level of genetic and phenotypic variances of different traits and populations.

The analysis of variance results showed that there were statistically significant differences among populations and families within populations in most traits. Variance components attributable to the families within populations were higher than among populations. The results revealed that higher proportion of the observed variation originated from the differences within populations.

Although all populations were from higher elevations (Above 800 m (a.s.l.) and had late germination properties, there were significant correlations between altitude and germination period, the higher the population the longer the germination duration. Population *Manastır* from the highest elevation, had the longest germination duration.

Almost none of the seedlings set the buds at the end of the first growth period (in 1997). Furthermore, some seedlings did not set buds in second year either. Some of the seedlings had second flushing within a week during the second year growth season. The results suggest that Turkish red pine has an ability to flush as soon as conditions are favorable. This opportunistic growth strategy enables Turkish red pine to adapt irregular rain and temperature fluctuations in their growing environment.

Populations varied considerably for all characters. Population *Bahçe* was the most variable with mean of coefficients of genetic and phenotypic variation ($\%CV_g=10.89$, $\%CV_f=8.38$) whereas population *Belemedik* was the least variable population with mean of coefficients of genetic and phenotypic variation ($\%CV_g=7.37$, $\%CV_f=7.19$ respectively).

Family means heritabilities for traits ranged from 0.03 (annual root collar diameter in 1998) to 0.74 (Number of cotyledons).

Genetic correlations were higher than phenotypic correlations. Genetic correlations between number of cotyledons and total height in 1997, root collar diameter in 1997, root collar diameter in 1998 were very high and positive.

Seedlings with higher number of cotyledons have taller height and thicker root collar diameter. This is expected since seedlings are mainly depend on cotyledons for their photosynthetic assimilates at an their early stage of growth.

Canonical discriminant function and biological divergence (Mahalanobis distance, D^2) analysis showed that the largest divergence was detected between *Manastır* and *Karain* populations. Population *Manastır* differed from other populations due to lower performance for 8 traits out of 15 traits. The biological distance between *Manastır* and all other populations was highly significant.

Cluster analysis showed that eight populations were separated first into two groups from roots. While two extreme populations, *Manastır* and *Çiftehan* formed the first group, other six populations formed the second group.

Over all results indicated that Turkish red pine populations sampled from the Bolkar Mountains did not have high genetic and phenotypic coefficients of variation and had a narrow biological distance (D^2). However, canonical discriminant function and cluster analysis demonstrated that there was differentiation between populations and clustering. Particularly two extreme populations (*Manastır* and *Çiftehan*) differentiated strongly from the remaining populations.

The results revealed that higher proportion of the observed variation was originated from the differences within populations. Thus, only one or two population selected for GMZ's would capture most of the genetic diversity. For security reasons, it would be prudent to locate gene management zones (GMZ's) in at least three populations of *P. brutia*. Ideally, these populations should individually possess high levels of genetic variation, but also should be genetically different from each other, in order to capture as much total gene diversity as possible.

We recommend that one GMZ should be located in *Manastır* because this population is genetically distinct from other populations. In addition, *Manastır* is originated from the highest altitude among all populations. Population *Bahçe* was the most variable population among the eight populations, has the largest area, and is centrally located. Thus, it may be a good candidate for second GMZ. Over all results suggested that *Karakoyak* could be considered as a third GMZ.

Ek Tablo 1. Karakterlere Ait Serbestlik Dereceleri

App. Table 1. Degrees of Freedom

KARAKTER	BLOK	POPULASYON	AİLE	HATA	TOPLAM
CIMSR	2	7	304	585	898
KOTSAY	2	7	303	605	917
HPKBOY	2	7	304	607	920
DAL97	2	7	303	615	927
DAL98	2	7	302	580	891
TOMTUT-1	2	7	304	615	928
TOMPAT-1	2	7	296	441	746
TOMTUT-2	2	7	298	460	767
BOY97	2	7	304	613	926
CAP97	2	7	304	620	933
BOYART97	2	7	304	607	920
BOY98	2	7	304	614	927
CAP98	2	7	304	610	923
BOYART98	2	7	304	611	924
CAPART98	2	7	304	616	926

Ek Tablo 2. Karakterlerin Varyans Bileşenlerine ait Katsayılar

App. Table 2. Coefficient of Variance Components for Each Trait

KARAKTER	k1	k2	k3	k4
CIMSUR	2.88	110	2.80	290
KOTSAY	2.95	110	2.92	300
HPKBOY	2.95	110	2.92	300
DAL97	2.98	120	2.98	310
DAL98	2.88	110	2.81	290
TOMTUT-1	2.98	120	2.97	310
TOMPAT-1	2.45	81.80	2.16	220
TOMTUT-2	2.50	84.52	2.22	230
BOY97	2.97	110	2.96	310
CAP97	2.99	120	2.99	310
BOYART97	2.95	110	2.93	300
BOY98	2.97	120	2.96	310
CAP98	2.96	110	2.94	310
BOYART98	2.96	110	2.95	310
CAPART98	2.98	120	2.97	310