

Orman Bakanlıđı Yayın No: 191
DOA Yayın No: 23

ISSN: 1300-7912

BOLKAR DAĐLARI
DOĐAL SEDİR (*Cedrus libani* A. Rich.)
POPULASYONLARININ İZOENZİM ÇEŞİTLİLİĐİ

ODC : 165.3

Isoenzyme Diversity in Cedar (*Cedrus libani* A. Rich.)
Populations Sampled from the Bolkar Mountains

A. Gani GÜLBABA

Nurten ÖZKURT

TEKNİK BÜLTEN NO: 14

ORMAN BAKANLIĐI
DOĐU AKDENİZ
ORMANCILIK ARAŐTIRMA ENSTİTÜSÜ

EASTERN MEDITERRANEAN
FORESTRY RESEARCH INSTITUTE

TARSUS

Orman Bakanlıđı Yayın No: 191
DOA Yayın No: 23

ISSN: 1300-7912

BOLKAR DAĐLARI
DOĐAL SEDİR (*Cedrus libani* A. Rich.)
POPULASYONLARININ İZOENZİM ÇEŐİTLİLİĐİ

ODC : 165.3

Isoenzyme Diversity in Cedar (*Cedrus libani* A. Rich.)
Populations Sampled from the Bolkar Mountains

A. Gani GÜLBABA

Nurten ÖZKURT

TEKNİK BÜLTEN NO: 14

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

2002

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

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ

ÖZ

ABSTRACT

Sayfa No

1.GİRİŞ.....	1
2. MATERYAL VE YÖNTEM.....	2
2.1. Bitkisel Materyal.....	2
2.2. Elektroforez İşlemi ve Jellerin Yorumlanması.....	4
2.3. Verilerin Değerlendirilmesi.....	6
3. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	8
3.1. İzoenzim Bant Yapıları ve Genetik Kontrolleri.....	8
3.2. Populasyonların Genetik Yapıları.....	15
3.3. Populasyonlar Arası Genetik	
Mesa□ÁΠ ρ¿ □ È € 楢楢¼¼ □ Π□Ꞥ □	23
□ □ h □□ □□ □□	
ı ŷ ŷ ŷ ŷ η η η T ˆ	
뚝 뚝 뚝 뚝 ì 둔 X ˆ 蒜□¶ 만 ㅁ	
ㅁ ㅁ ㅁ □ □ □ 積 機 機 機	
機 機 機 賁 η 蝟 ; 機 ㅁ η	
□ ㅁ ㅁ ㅁ ㅁ ㅁ 機	
.....	
□ □ h □□ □□ □□	
ı ŷ ŷ ŷ ŷ η η η T ˆ 뚝	
뚝 뚝 뚝 뚝 ì 둔 X ˆ 蒜□¶ 만 ㅁ ㅁ	
ㅁ ㅁ ㅁ □ □ □ 積 機 機 機	
機 機 機 賁 η 蝟 ; 機 ㅁ η	
□ ㅁ ㅁ ㅁ ㅁ ㅁ 機	
.....	
h □□ □□ □□ □□	
ŷ ŷ ŷ ŷ η η η T ˆ 뚝	
뚝 뚝 뚝 뚝 ì 둔 X ˆ 蒜□¶ 만 ㅁ ㅁ	
ㅁ ㅁ ㅁ □ □ □ 積 機 機 機 機	
機 機 機 賁 η 蝟 ; 機 ㅁ η □	
ㅁ ㅁ ㅁ ㅁ ㅁ ㅁ 機	
.....	
h □□ □□ □□ □□	
ŷ ŷ ŷ ŷ η η η T ˆ 뚝 뚝	

Tablo No	Sayfa No
1. Örneklenen Sedir Populasyonlarına Ait Coğrafik Bilgiler ve Büyüklükleri.....	2
2. Çalışmada Kullanılan Jel ve Elektrot Tampon Çözeltileri ve Enzim Sistemleri.....	5
3. Heterozigot Bireylerin Megagametofitlerinde Gözlenen Açılım ve Beklenen 1:1 Oranına Uygunluk Testi.....	11
4. Yedi Sedir Populasyonunda 15 Polimorfik Lokustaki Allel Frekansları ve Heterojenlik Değerleri.....	16
5. Sedir Populasyonlarının Bütün Lokuslar İçin Wright'ın F- İstatistiği Değerleri.....	19
6. Sedirin Yedi Doğal Populasyonlarına ait Polimorfik Lokus Oranı (P) ve Lokus Başına Düşen Ortalama Allel Sayıları (A), Etkili Allel Sayıları (A _e), Gözlenen (H _o) ve Beklenen (H _e) Heterozigotluk ve Sabitlenme Katsayısı (F _{is}).....	20
7. Nei (1978)'ye Göre Hesaplanan Sedir Populasyonları Arasındaki Genetik Mesafe Değerleri.....	21

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil No	Sayfa No
1. Sedir Populasyonlarının Yerleri.....	3
2. Megagametofit Bant yapıları ve Bunların Sedire Ait 21 Lokus İçin Verilen Allel Numaraları.....	14
3. NEI (1978)'ye Göre Hesaplanan Genetik Mesafeye ait Dendrogram: Metot = UPGM.....	22

ÖNSÖZ

Bu çalışma “20.1606/1998-2002” numara ve “*Bolkar Dağlarından Örneklenen Sedir (Cedrus libani A. Rich.) Populasyonlarının Genetik Çeşitliliğinin İzoenzim Yöntemi İle Belirlenmesi.*” ismi altında araştırma projesi olarak yürütülmüştür. Teknik Bülten olarak “*Bolkar Dağları Doğal Sedir (Cedrus libani A. Rich.) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği*” 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 sedirler, yerinde korunması (*in-situ*) amacıyla *hedef tür* olarak belirlenmiştir.

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

Bu çalışmada kullanılan 210 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, 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 Prof. Dr. Zeki KAYA, Dr. Bünyamin DOĞAN, A. Sermin ÖZER, Ercan VELİOĞLU ve Antalya’da toplanan Öncelikli Araştırma Alanları (ARA-1, ARA-2) Çalışma Grubu başkan ve üyelerine teşekkür ederiz.

2002- Tarsus

A.Gani GÜLBABA

Nurten ÖZKURT

ÖZ

“Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması Projesi” kapsamında Bolkar dağlarında doğal yayılış gösteren sedir (*Cedrus libani* A. Rich.) hedef türlerden biri olarak seçilmiştir. Bu çalışma ile bu hedef türün genetik yapısını izoenzim yöntemiyle ortaya çıkararak Gen Koruma ve Yönetim Alanları (GEKYA)’nın belirlenmesi için öneriler geliştirmek amaçlanmıştır.

Bolkar dağlarından belirlenen yedi popülasyona ait 210 bireyin megagametofitleri üzerinde yapılan izoenzim analizleri sonucuna göre; sedirlerin hayli yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip oldukları, genetik çeşitliliğin büyük oranda popülasyon içerisinde olduğu (%91.6) tespit edilmiştir. Bolkar dağları sedirlerinde ortalama beklenen heterozigotluk oranı $H_e = 0.175$, polimorfik lokus oranı $P = 71.4$ ve allel sayısı $A = 1.9$ olarak bulunmuştur.

Elde edilen bulguların değerlendirilmesi sonucu, *Buladan*, *Cocakdere* ve *Asmacık* popülasyonlarının GEKYA olarak ayrılması düşünülebilir.

Anahtar Kelimeler: Sedir, *Cedrus libani*, İzoenzim, Genetik çeşitlilik, Gen Koruma ve Yönetim Alanları (GEKYA), Yerinde Koruma, Türkiye

ABSTRACT

Cedar (*Cedrus libani* A. Rich.) 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 the study was to reveal genetic structure of Taurus cedar populations from the Bolkar Mountains and to serve as an initial guide in designation of Gene Management Zones (GMZ’s)

Open-pollinated seeds (megagametophytes) collected from 210 parent trees from seven populations were assayed by starch gel electrophoresis. The results revealed that higher proportion of the genetic variation originated from the differences within populations (91.6%). Mean estimated expected heterozygosity (H_e) was 0.175. Mean percentage of polymorphic locus (P) and mean number of allele per locus (A) were estimated 71.4 and 1.9 respectively.

The overall results suggested that *Buladan*, *Cocakdere* and *Asmacık* populations could be considered as GMZ’s.

Key Words: Cedar, *Cedrus libani*, Isoenzyme, Genetic diversity, Gene Management Zone (GMZ), *In-Situ*, Turkey.

1. GİRİŞ

Doğu Akdeniz bölgesinde Orta Toroslar'da yer alan Bolkar dağları, kırık arazi yapısı, derin vadiler ihtiva etmesi ve yükseltinin çok kısa mesafelerde artması nedeniyle, özellikle bitki tür çeşitliliği açısından çok zengindir. Bolkar dağlarında 1500'den fazla farklı bitki türü bulunduğu ve bunların 300 tanesinin endemik olduğu tespit edilmiştir (GEMİCİ 1992).

Bolkar dağları ekolojik ve floristik yönden zengin olması nedeniyle Dünya Bankasınca desteklenen "Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması (TU-28632)" Projesi kapsamında pilot uygulama alanı olarak belirlenmiştir. Bu proje kapsamında sedir (*Cedrus libani* A. rich.), gen kaynaklarının yerinde korunması amacıyla *Hedef Tür*'lerden biri olarak seçilmiştir. Çünkü sedirin gerek ülkemizde, gerekse Lübnan ve Suriye'de kapsadığı alanlar, binlerce yıldan beri devam eden tahribatlar sonucu büyük çapta daralmıştır (BOYDAK 1986). Nitekim Lübnan'da sadece 344 ha sedir ormanı kalmıştır (FADY 1990). Bu tahribat sedir odununun renk, koku, dayanıklılık ve diğer kıymetli teknolojik özelliklerinden kaynaklanmaktadır (BERKEL 1954 ve ERDİN 1984'e atfen BOYDAK 1986). Tarihsel, kültürel, estetik, biyolojik ve bilimsel açılardan büyük değer taşıyan doğal sedir ormanları, gelecek kuşaklara bırakabileceğimiz en değerli doğal anıtlar ve kültür mirası içindedir. Bu nedenle, seçkin ve özel niteliklere sahip olanlarla birlikte, doğal sedir ormanlarımızın büyük bir bölümünün korunması, ormancılığımızın önemli bir görevidir (BOYDAK 1996; BOYDAK ve ark. 1998).

Yurdumuzda özellikle 1950 yılından sonra hızlanan tarımsal uygulamalar (aşırı otlatma, anız yakma, aşırı gübre ve kimyasal kullanımı vs.), 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). Ayrıca geçmişte yıllarca süren iyi kaliteli, düzgün gövdeli sedir ağaçlarının (yüksek değerlerinden dolayı) kesilmesi muhtemelen genetik erozyona, genetik çeşitliliğin azalmasına ve sonuçta belki de bu türde genetik bozulmaya yol açtı (IŞIK ve YILDIRIM 1990). *C. libani* gen kaynaklarının korunmasının gerekliliği uluslararası düzeyde 1971 yılında USA'da toplanan FAO Gen Kaynakları Uzmanlar Panelinde belirtilmiş ve 1977 yılında aynı grup bu defa in-situ'da korumaya alınması gerekli ilk öncelikli türler arasında sıralanmıştır (IŞIK ve YILDIRIM 1990). Bu nedenlerle önemli bir orman ağacı türümüz olan sedirin gen kaynaklarının daha fazla erozyona uğramadan yerinde korunması gerekmektedir.

Gen kaynaklarının yerinde korunmasının etkili yapılabilmesi için ilgili türlerin genetik (izoenzim) çeşitlilik yapılarının bilinmesi önemlidir (MILLAR

ve MARSHALL 1991). İzoenzim tekniklerinin gelişmesi orman ağaçlarının genetik yapılarının ortaya çıkarılmasında önemli bir adım olmuştur (LUNDKVIST ve RUDIN 1977).

Bu çalışma ile Bolkar dağlarından örneklenen yedi adet sedir popülasyonunun (aralarında serbestçe gen alışverişi olabilen bireyler topluluğu), izoenzim tekniklerini kullanarak (i) genetik yapılarını ortaya koymak, (ii) popülasyonlara ait genetik parametreleri tahmin ederek popülasyonlar arası ve popülasyon içi genetik çeşitliliğin boyutlarını tespit etmek ve (iii) nihayet bu sonuçları değerlendirerek bu popülasyonlar arasında belirlenecek Gen Koruma ve Yönetim Alanı (GEKYA)'nın tespitinde önerilerde bulunmak amaçlanmıştır.

2. MATERYAL VE YÖNTEM

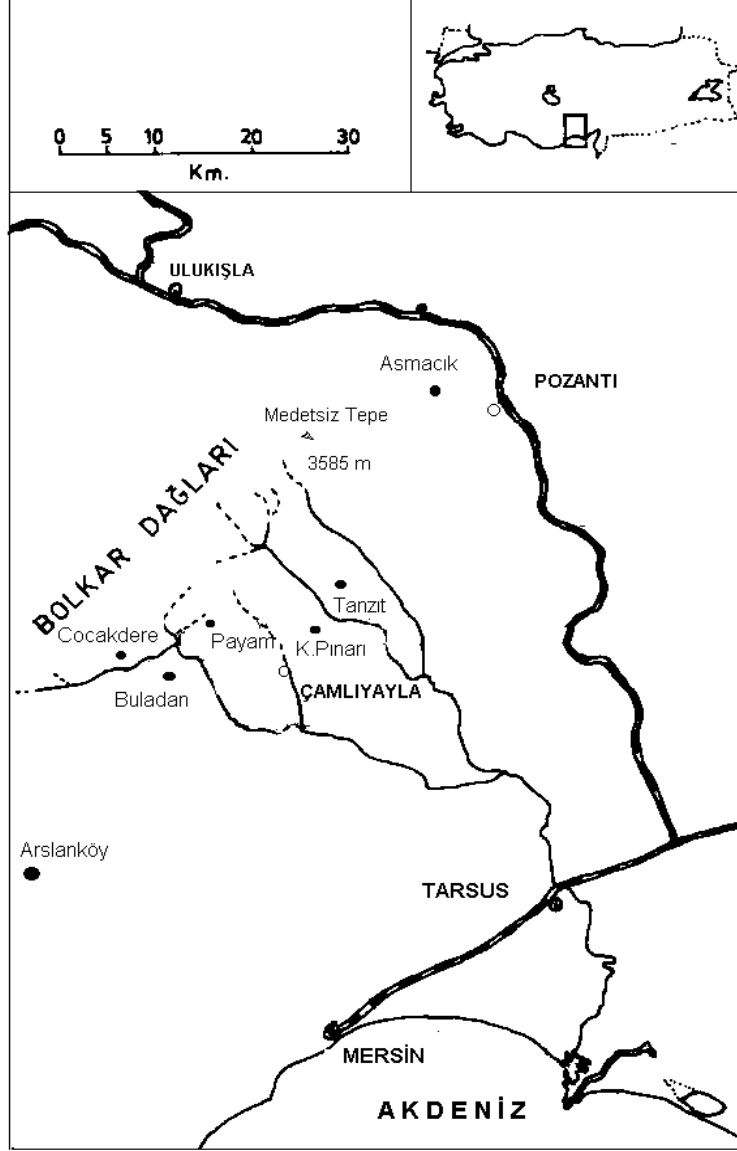
2.1. Bitkisel Materyal

Bolkar dağlarında belirlenen yedi adet doğal sedir popülasyonundan 1999 yılı sonbaharında toplam 210 ana ağaçtan, serbest döllenen tohumlar toplanmıştır (Tablo 1, Şekil 1). Her bir popülasyon içerisindeki tohum toplanan bireyler rastgele örnekleme yöntemi ile seçilmiş ve birbirlerinden en az 100 m uzaklıkta olmalarına dikkat edilmiştir. Bir popülasyon içerisinde örneklenen bireyler arasındaki yükselti farkının 300 m'den fazla olmamasına da dikkat edilmiştir.

Tablo 1. Örneklenen Sedir Popülasyonlarına Ait Coğrafik Bilgiler ve Büyüklükleri

Table 1. Locations and Sizes of Sampled Cedar Populations.

Popülasyon	Enlem(N)	Boylam(E)	Yükselti(m)	Alanı (ha)	Örnek Sayısı
Populations	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Area (ha)	Sample
<i>Buladan</i>	37 ⁰ 10'	34 ⁰ 28'	1320	157.5	30
<i>Payam</i>	37 ⁰ 13'	34 ⁰ 36'	1550	279.0	30
<i>Tanzit</i>	37 ⁰ 17'	34 ⁰ 36'	1400	292.0	30
<i>Kozpınarı</i>	37 ⁰ 08'	34 ⁰ 33'	1350	295.5	30
<i>Arslanköy</i>	37 ⁰ 00'	34 ⁰ 14'	1650	128.5	30
<i>Cocakdere</i>	37 ⁰ 10'	34 ⁰ 16'	1600	216.5	30
<i>Asmacık</i>	37 ⁰ 33'	34 ⁰ 29'	1560	223	30



Şekil 1. Sedir Populasyonlarının Yerleri
Figure 1. Locations of Studied Cedar Populations

Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsünün (DOA) izoenzim laboratuvarında, toplanan ailelerden üç ailenin tohumları çimlendirilememiştir. Dolayısıyla 207 ailenin her birinden yedi adet tohumun megagametofiti izoenzim analizlerine (protein elektroforezi) tabi tutulmuştur. Tohumların

çimlendirilmesi için tohumlar önce %2'lik H₂O₂ (Hidrojen peroksit) içerisinde 48 saat bekletildikten sonra petri kutuları içerisine konulan ıslak filtre kağıtları üzerine yerleştirilmişlerdir. Daha sonra bu kutular sıcaklığı 20 °C'ye ayarlı ve bir günde 12 saat aydınlatılan çimlendirme dolabına (Convicon marka bitki büyütme dolabı) konulmuşlardır. Çimlendirme dolabında çimlenen ve kökçükleri 3–10 mm uzunluğa ulaşan tohumlar kökçüklerinin daha fazla uzamaları için elektroforez işlemine (hazırlanan jellere elektrik akımı verilmesi işlemi) kadar buzdolabında (4°C) muhafaza edilmişlerdir.

2.2. Elektroforez İşlemi ve Jellerin Yorumlanması

Elektroforez işleminde (İzoenzim analizi) çimlenen tohumların megagametofitleri kullanılmıştır. Çünkü ibrelilerin megagametofiti haploid doku olup, 1N kromozom taşımaktadırlar. Yani, sadece alındığı ağacın genlerini taşımakta, babanın genlerini taşımamaktadır. Bu nedenle bunların analizi ile sadece tohumların alındığı ana ağacın gen yapılarını ortaya koymak mümkün olabilmektedir.

Doku özütleri (tissue extracts), çimlenen tohumların megagametofit 2-3 damla 0.2 M fosfat tampon çözeltisi (pH 7.5) (CONKLE ve ark. 1982) içerisinde ezilerek hazırlanmıştır. Bu işlemler, enzim aktivitesini en iyi şekilde muhafaza edebilmek için buz üzerinde yapılmıştır (ADAMS ve ark. 1990).

Özütler, 3.5x1.5 mm boyutlarında kesilen filtre (Whatman chromatography no. 3 mm) kağıtlarına (fitil) emdirilmişler ve daha sonra bu fitiller, önceden hazırlanan %12'lik patates nişastası jeli üzerinde dikey olarak kesilen bölüme her ağaç için yedi adet olmak üzere toplam 35 adet yerleştirilmiştir. Ayrıca her jelin iki ucuna işaretleyici olarak kullanılmak üzere kırmızı gıda boyası emdirilmiş fitil de yerleştirilmiştir. Jel hazırlığı CONKLE ve ark. (1982)'nin tarif ettiği şekilde yapılmıştır.

Jeller, içten içe 21.5 cm uzunluğunda ve 12.5 cm genişliğinde pleksiglasdan yapılmış kalıpların içerisine dökülmüşlerdir. Bu kalıpların kalınlığı ise boyanacak jel sayısına göre, sistem B (Tablo 2) için 0.5 cm, diğer sistemler için 0.8 cm olarak alınmıştır. Hazırlanan jeller soğuduktan sonra üzerleri mutfak filimi ile kaplanarak bir gün oda sıcaklığında bekletilmiştir.

Üzerine doku özütleri ve gıda boyası emdirilmiş fitiller yerleştirilen jeller, daha sonra pleksiglasdan yapılmış ve içerisine CONKLE ve ark. (1982)'na göre hazırlanmış elektrot tampon çözeltisi konulan elektroforez aletinin üzerine yerleştirilmiştir. Jellerin yürütülmesi (doğru akım verilmesi) işlemi buzdolabı (4°C) içerisinde yapılmıştır. Doğru akım verilmeye başlandıktan 15 dakika sonra jel üzerindeki fitiller alınarak elektroforez işlemine, kırmızı gıda boyası sistem A ve B'de 6 cm, sistem C ve D'de 8 cm ilerleyinceye kadar devam edilmiştir. Jellere uygulanan elektrik akımının

amperi (sistem A ve B için 70 mA, C ve D için 55 mA) sabit tutulmuş, voltaj serbest bırakılmıştır. Ancak, akım 320 volta ulaştığı andan itibaren voltaj sabit tutulmuş, amper serbest bırakılmıştır.

Elektroforez işleminden sonra jeller 4 veya 6 parçaya yatay olarak dilimlenmiştir. Daha sonra her jel dilimi sistemine ve enzimlerine göre hazırlanan boyaların bulunduğu kaplar içerisine konularak karanlık, sıcaklığı 37°C ayarlı iklimlendirme dolabı içerisinde enzim bantları belirginleşinceye kadar bekletilmişlerdir. Elektrot tampon çözeltiler ve boyalar CONKLE ve ark. (1982)'nin bildirdiği şekilde hazırlanmıştır. Toplam olarak 13 enzim sistemi analiz edilmiştir (Tablo 2).

İzoenzimlerin genetik kontrolü 207 ana ağaçtan alınan megagametofitlerde gözlemlenen bant şekillerinden çıkarılmıştır. Aynı izoenzim bantları için açılım (segragasyon) gösteren megagametofit verileri harmanlanarak, "Ki Kare" analizi ile 1:1 Mendel açılım oranına uyup uymadığı test edilmiştir (ADAMS ve JOLY 1980). Bu işlemler örnek sayısının en az 28 olduğu durumlarda yapılmıştır (dört veya daha fazla ağaçtan veri olması halinde).

Tablo 2. Çalışmada Kullanılan Jel ve Elektrot Tampon Çözeltileri ve Enzim Sistemleri

Table 2. Gel and Tray Buffers and Enzyme Systems Used in This Study.

Jel / Elektrot Tampon Çözeltisi	Enzimler	Kısaltmalar	Enzim Kod No
Gel/Tray buffers	Enzymes	Abbr.	EC No.
LB ^a (SİSTEM A) Tris citrate (pH 8.3)/ Lithium borate (pH 8.3)	Phosphoglucomutase	PGM	2.7.5. 1
	Phosphoglucose isomerase	PGI	5.3.1. 9
TC ^a (SİSTEM B) Tris-citrate (pH 8.8)/ Sodium borate (pH 8.0)	Menadione reductase	MNR	1.6.99.2
	Glutamate oxaloacetate transaminase	GOT	2.6.1.1
	Catalase	CAT	1.11.1.6
HC ^a (SİSTEM C) Histidine (pH 7.0) / Sodium citrate (7.0)	Glutamate dehydrogenase	GDH	1.4.1.3
	6-Phosphogluconic dehydrogenase	6PGD	1.1.1.44
	Malate dehydrogenase	MDH	1.1.1.37
MC 6.1 ^a (SİSTEM D) Morpholine citrate (pH 6.1)	Shikimate dehydrogenase	SKDH	1.1.1.25
	Isocitrate dehydrogenase	IDH	1.1.1.42
	Acotinase	ACO	4.2.1.3
	Acid phosphatase	ACP	3.1.3.2
	Diaphorase	DIA	1.6.4.3

^a Conkle ve ark. (1982).

Enzimler, enzimlerin kısaltmalarının büyük harflerle yazılması ile belirtilmiştir (Tablo 2). Bir enzimi kodlayan her bir lokus, enzimlerin kısaltmalarının (baş harfler büyük) italik harflerle yazılması ile belirtilmiştir. Bazı enzimlerde birden çok lokus görülmüştür. Bu durumlarda en hızlı ilerleyen lokus, enzim kısaltmasının önüne 1 rakamı konularak, diğerlerine de sıra ile 2, 3 vb. rakamlar verilerek, belirtilmiştir. Aynı yöntem her lokustaki alleller için de uygulanmıştır (Lokus, genlerin kromozomlar üzerinde bulunduğu yer. Allel, bir genin bir lokusta bulunabilen değişik formu).

Her bir ana ağacın genotipi her bir lokusta bulunan ve örneklenen yedi megagametofitdeki allellerden çıkarılmıştır. Yedi örnekten ana ağacın genotipinin çıkarılmasındaki hata ihtimali $(1/2)^6 = \%2$ den daha azdır (MORRIS ve SPIETH 1978).

2.3. Verilerin Değerlendirilmesi

Populasyonlara ait parametrelerin hesaplanmasında aşağıdaki formüller kullanılmıştır.

$$\text{Allel Frekansı} = f(A_i) = \frac{(2N_{ii} + \sum_{j=1}^m N_{ij})}{2N} \quad (\text{NEI 1987})$$

Bu eşitlikte $f(A_i)$ = i allelinin yoğunluğunu, N = populasyondaki birey sayısını, N_{ii} ve N_{ij} = populasyondaki A_{ii} ve A_{ij} genotiplerinin sayısını, m = allel sayısını temsil etmektedir.

$$\text{Ortalama Heterozigotluk} = \hat{h} = \frac{2n(1 - \sum x_i^2)}{2n - 1} \quad (\text{NEI 1987})$$

Bu formüldeki \hat{h} = populasyonların ortalama beklenen heterozigotluk oranı, n = örneklenen ve genotipi belirlenen birey sayısı, x_i = i lokusundaki ortalama allel yoğunluğudur.

$$\text{Ortalama Allel Sayısı} = n_a = A = \frac{\sum_i n_{ai}}{r} \quad (\text{NEI 1987})$$

Eşitlikteki $n_a = A =$ lokus başına düşen ortalama allel sayını, $n_{a_i} = i$. lokustaki allel sayısını, $r =$ lokus sayısını göstermektedir.

$$\text{Etkili Allel Sayısı} = A_e = 1/\sum x_i^2 \quad (\text{KIMURA ve CROW 1978})$$

Eşitlikteki $x_i = i$ lokusundaki ortalama allel yoğunluğudur.

$$\text{Polimorfik Lokus Oranı} = P = \frac{n_p}{r} \quad (\text{NEI 1987})$$

Formüldeki $n_p =$ polimorfik lokus sayısı, $r =$ lokus sayısıdır.

WRIGHT (1965)'in F-istatistiği kullanılarak kızılçam için üç türlü kendilenme (sabitlenme katsayısı) tahmin edilmiştir. Bunlar sırası ile F_{is} , F_{it} , F_{st} değerleri olup, aşağıdaki formüllerle hesaplanmıştır.

$$F_{is} = \frac{H_S - H_I}{H_S} = 1 - \frac{H_I}{H_S}$$

$$F_{it} = \frac{H_T - H_I}{H_T} = 1 - \frac{H_I}{H_T}$$

$$F_{st} = \frac{H_T - H_S}{H_T} = 1 - \frac{H_S}{H_T}$$

F_{is} eşitliğinde populasyon içi sabitlenme katsayısı (fiksasyon indeksi) (F_{is}) tahmin edilmektedir. Yani, populasyon içerisindeki gerçek heterozigotluk düzeyinin Hardy-Weinberg prensibine göre olması gereken miktardan sapma olup olmadığını göstermektedir. Hardy-Weinberg prensibi: Kendi içinde dölenen sonsuz büyüklükteki populasyonlarda, eşleşmenin rastgele olması, seleksiyon, mutasyon ve göç olmaması durumunda gen ve genotip frekansları kuşaklar boyunca sabit kalacaktır. Yani dengedeki populasyonlarda gen ve genotip frekansları p^2 (AA), $2pq$ (Aa) ve q^2 (aa) şeklinde olacaktır (KING ve STANSFIELD 1990).

F_{it} formülünde populasyonların tamamındaki toplam sabitlenme katsayısı (F_{it}) tahmin edilmektedir. Yani, populasyonların tamamındaki toplam gerçek heterozigotluk düzeyinin Hardy-Weinberg prensibine göre olması gereken miktardan sapma olup olmadığını göstermektedir.

F_{st} eşitliğinde populasyonlar arasındaki allel yoğunluğu farklılığından dolayı meydana gelen sabitleme katsayısındaki azalma tahmin edilmektedir. Aynı zamanda populasyonlar arasındaki farklılığı da belirtmektedir.

Yukarıdaki eşitliklerde kullanılan H_I , H_T , H_S değerleri NEI (1987)'ye göre şu şekilde hesaplanmıştır.

$H_I = \sum H_{oj} / s$, burada $H_{oj} = j$ populasyonunda gözlenen heterozigotluk oranı, $s =$ populasyon sayısıdır.

$H_T = 1 - \sum x_{ia}^2$, burada $x_{ia}^2 =$ bütün populasyonlar göz önüne alındığında i . allelinin ortalama yoğunluğudur (frekans).

$H_S = \sum H_{ej} / s$, burada $H_{ej} = j$ populasyonunda beklenen heterozigotluk orandır.

Populasyonlar arasında bir kuşakta oluşan gen alışverişini gösteren

Gen Akımı = $Nm = 0.25(1-F_{st})/F_{st}$, (NEI 1987) eşitliği ile hesaplanmıştır.

NEI (1978)'ye göre hesaplanan sedir populasyonları arasındaki genetik mesafe değerlerinin hesabında aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır.

$$\text{Genetik Mesafe} = D = - \ln I$$

Burada, $I =$ genetik benzerliktir. Bunun hesaplanmasında aşağıdaki formül kullanılmıştır.

$$I = J_{xy} / (J_x J_y)^{1/2}$$

Buradaki $J_{xy} = \sum x_i y_i$, $J_x = \sum x_i^2 / r$, $J_y = \sum y_i^2 / r$, formülleri kullanılarak hesaplanmıştır. Formüllerdeki x_i ve $y_i = x$ ve y populasyonlarındaki i . allelinin frekansını, r ise lokus sayısını göstermektedir.

Yukarıdaki formüllerin hesaplanmalarında, Biosys-1 (SWOFFORD ve SLEANDER 1989) ve Popgen-1.21 (YEH ve ark. 1997) bilgisayar programları kullanılmıştır.

3. BULGULAR VE TARTIŞMA

3.1. İzoenzim Bant Yapıları ve Genetik Kontrolleri

Her birinin tek lokus tarafından kontrol edildiği kabul edilen yirmibir zon, analiz edilen 13 enzim sisteminde düzenli olarak çözünmüşlerdir (Şekil 2). Analiz edilen 207 ana ağacın megagametofitlerinden gözlemlenen altı adet

lokus tek alleli (monomorf), diğer 15 adet lokus ise 2 – 4 alleli ihtiva etmektedir (polimorf). İzoenzim bant yapıları (Şekil 2) ve bunların kalıtım delilleri (Tablo 3) her bir enzim için ayrı ayrı verilmiştir. Aksi belirtilmedikçe, her zondaki değişkenler beklenen 1:1 oranına göre açılım göstermektedir. Bu durum bu zonların tek lokus kontrolü altında olduğunu işaret etmektedir.

CAT: Bu enzim sistemi için boyanan jellerde kalın bantlı ve tek alleli tek zon gözlenmiştir (Şekil 2). DOĞAN (1997) tarafından da kızılçamlarda bu enzim sisteminde tek lokus tespit edilmiştir. Diğer ibrelilerde de aynı durum tespit edilmiştir (HARY 1986; ADAMS ve ark. 1990; FADY ve CONKLE 1992; GÜLBABA ve ark. 1996).

GOT: GOT enzim sisteminde 3 zon tespit edilmiştir (Şekil 2). Fakat *Got2* zonu soluk ve her zaman net olarak okunamadığından değerlendirmeye alınmamıştır. *Got1* zonunda tek bantlı üç allel, *Got3* zonunda üç bantlı iki allel belirlenmiştir (Şekil 2). *Got3* zonu kısmen ters yönde hareket etmiştir. Aynı durum KARA (1996) ve DOĞAN (1997) tarafından kızılçamda tespit edilmiştir. *Got1-1* ve *Got1-3* allellerinin frekansları düşük bulunmuştur. *Got3-1/Got3-2* heterozigot bireylerine ait açılım verileri tek lokus kontrolünü desteklemesine rağmen, *Got1-1/Got1-2* heterozigot bireylere ait açılım verilerinde 1:1 oranından büyük oranda sapma bulunmaktadır (Tablo 3). Bu iki zon da diğer ibrelilerde olduğu gibi tek lokus kontrolü altındadır (NEALE ve ADAMS 1981; FADY ve CONKLE 1992; SUYAMA ve ark. 1992). PANETSOS ve Ark. (1992) dört sedir türünde yaptıkları çalışmada bu enzim sisteminde tek lokus ve tek allel tespit etmişlerdir. YAHYAOĞLU ve Ark (1997) sedirde bu enzim sisteminde üç zon belirlemişler fakat, bizim çalışmada olduğu gibi birinci ve üçüncü zonu değerlendirebilmişlerdir. Bu bulgular bizim bulgularla aynen örtüşmektedir.

IDH: Bu enzimde iki alleli tek bir zon tespit edilmiştir (Şekil 2). Çalışma yapılan yedi populasyon içerisinde sadece *Asmacık* populasyonunda IDH-2 alleli düşük frekansta tespit edilmiştir (Tablo 4). Sedirde yapılan diğer çalışmalarda da bu enzim sisteminde genellikle monomorfik tek zon bildirilmekle beraber düşük frekansta iki veya üç allelin varlığı da belirtilmektedir (SCALTSOYIANNES, 1999; FADY ve Ark., 2000). İbrelilerde yapılan pek çok çalışmada da bu enzim sisteminde genellikle tek zon, tek allel, bazen de düşük frekansta ikinci veya üçüncü allelinin varlığı bildirilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT, 1998; DOĞAN, 1997; KARA 1996; KOROL ve ark. 1995; PANETSOS ve ark., 1998; PANETSOS ve ark. 1997).

MNR: Bu enzim sisteminde üç zon belirlenmesine rağmen hızlı ilerleyen ve çok yavaş ilerleyen zonların her zaman güvenli olarak tespiti mümkün olamadığından değerlendirilmemiştir. Her iki zonun ortasında yer alan ikinci zon değerlendirilmiş ve bu zonda iki allel tespit edilmiştir. Yavaş ilerleyen zon nul allel olarak tespit edilmiştir (Şekil 2). GÜLBABA ve ÖZKURT (1998), KARA (1996) ve DOĞAN (1997) kızılçamda yaptıkları

çalışmada, VELİOĞLU ve ark. (1999a-b) karaçamda, ÖZER (2000) bu enzimde iki lokus fakat değişik sayıda allel tespit etmişlerdir. *Mnr-1/Mnr-2* heterozigot bireylerin megagametofitlerinde *Mnr-2(N)* allelinde önemli ($P < 0.005$) oranda noksanlık vardır (Tablo 3). Bunun nedeni, *Mnr-2(N)* alleli için tek yönlü seleksiyon etkisi veya allel bağılılığı (linkage) olabilir. Fakat bu büyük bir olasılıkla örnekleme hatasının sonucudur.

PGM: PGM için boyanan jellerde iki zon tespit edilmiştir. Yavaş ilerleyen zon her zaman güvenilir şekilde boyanmadığından değerlendirme dışı bırakılmıştır. Hızlı ilerleyen zonda tek bantlı, iki allel tespit edilmiştir (Şekil 2). Aynı durum GÜLBABA ve ark. (1996) tarafından da Kazdağı göknarında tespit edilmiştir. GÜLBABA ve ÖZKURT (1998) Kızılçamda iki lokus ve her iki lokusta da tek bantlı tek allel tespit etmiştir. Karaçamda ve diğer ibrelilerde de benzer durum tespit edilmiştir (ADAMS ve JOLY 1980; VELİOĞLU ve ark. 1999a-b). *Pgm1-1/Pgm1-2* heterozigot bireylerin megagametofitlerinde *Pgm1-2* allelinde önemli ($P < 0.005$) oranda noksanlık vardır (Tablo 3). Bu zonun da tek lokus kontrolü altında olduğu kabul edilmiştir.

ACO: Bu enzim sisteminde tek alleli tek zon tespit edilmiştir (Şekil 2). Sedirde bu enzim sistemi ilk defa bildirilmektedir. Kızılçamda yapılan çalışmalarda *Aco* enzim sisteminde tek lokus, iki veya üç allel gözlenmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998; KOROL ve ark. 1995; KARA 1996). Diğer çam türlerinde de aynı durum tespit edilmiştir (STRAUSS ve CONKLE 1986; DOĞAN ve ark. 1997; VELİOĞLU ve ark. 1999a)

MDH: MDH enzim sistemi için boyanan jellerde beş zon aktivitesi tespit edilmesine rağmen en hızlı ilerleyen ilk iki zon olan *Mdh1*, *Mdh2* her zaman boyanmamış ve bu nedenle değerlendirmeye alınmamışlardır. Bu çalışmada kullanılan materyalde *Mdh3* zonunda tek bantlı tek allel, *Mdh4* zonunda yine tek, fakat kalın bir bantlı, tek allel tespit edilmiştir. *Mdh5* zonunda tek bantlı iki allel gözlenmiştir (Şekil 2). Açılım verileri bu zonun tek lokus kontrolü altında olduğunu göstermektedir (Tablo 3). SCALTSOYIANNES (1999) sedirde bu enzim sisteminin yeterli açıklıkta boyanamadığını, PANETSOS ve ark. (1992) ise haploid dokuda üç zon tespit etmişler fakat, iki zonu değerlendirmiş ve her iki zonda da tek bantlı iki allel tespit etmiştir. *Cedrus libani*'de ise bu iki zonda da tek allel tespit etmişlerdir. Kızılçamda yapılan çalışmalarda genel olarak dört zon tespit edilmesi ile beraber iki zon değerlendirilebilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998; KOROL ve ark. 1995; KARA 1996; DOĞAN 1997; PANETSOS ve ark. 1998).

Tablo 3. Heterozigot Bireylerin Megagametofitlerinde Gözlenen Açılım ve Beklenen 1:1 Oranına Uygunluk Testi

Table 3. Observed Allozyme Segregation in Megagametophytes of Heterozygous Parent Trees and Goodness-of-fit to the Expected 1:1 Ratio.

Lokuslar Loci	Allelik ^a Bileşimler Allelic ^a Combination		Gözlenme Sayısı Observed no.		Sapma Deviation	
	F	S	F	Toplam Total	$\chi^2(df=1)$	Olasılık Prob.
<i>Got-1</i>	1	2	100	319	43.69	<0.005
<i>Got-3</i>	1	2	46	98	0.255	0.50-0.75
<i>Mnr</i>	1	2	108	180	6.806	<0.005
<i>Pgm-1</i>	1	2	140	230	10.439	<0.005
<i>Mdh-5</i>	1	2	162	336	0.360	0.50-0.75
<i>Pgi-2</i>	1	2	81	139	3.482	0.10-0.05
	1	3	179	321	4.037	0.05-0.025
	2	3	19	28	2.893	0.10-0.05
	3	4	22	34	2.382	0.10-0.25
<i>6Pgd-2</i>	1	2	398	786	0.103	0.25-0.50
<i>Skdh-2</i>	1	2	244	499	0.200	0.10-0.25
	1	3	31	63	0.000	>0.95
	2	3	58	104	1.163	0.25-0.50
<i>Gdh</i>	1	2	394	640	33.764	<0.005
<i>Acp-1</i>	1	2	22	35	1.829	0.10-0.25
<i>Acp-2</i>	1	2	34	76	0.645	0.25-0.50
<i>Dia-1</i>	1	2	43	77	0.831	0.25-0.50
<i>Dia-2</i>	1	2	45	91	0.000	>0.95

^a Her bir allelik birleşme çiftinde hızlı (F) ve yavaş (S) ilerleyen allelleri kotlamaktadır.

^a Alleles coding faster (F) and slower (S) migrating allozyme bands of each allelic pair.

PGİ: PGİ enzim sisteminde iki zon gözlenmiştir. Hızlı ilerleyen zonda tek bantlı tek allel, yavaş ilerleyen zonda ise tek bantlı dört allel tespit edilmiştir (Şekil 2). Heterozigot bireyler için yapılan açılım ve 1:1 uygunluk testinde *Pgi2* heterozigot birey kombinasyonlarının çoğunluğu bu zonun tek lokus kontrolü altında olduğunu göstermekte fakat, *Pgi2-1/Pgi2-3* heterozigot bireylerin megagametofitlerinde *Pgi2-3* allelinde küçük fakat önemli ($P<0.05$) oranda noksanlık vardır (Tablo 3). Bunun nedeni, *Pgi2-3* alleli için tek yönlü seleksiyon etkisi veya allel bağılılığı (linkage) olabilir. Dört sedir türünde yapılan analizlerde de bu enzim sisteminde iki zon ve hızlı ilerleyen zon monomorfik olarak tespit edilmiştir (PANETSOS ve ark. 1992; SCALTSOYIANNES 1999). PANETSOS ve ark. (1992) yavaş ilerleyen zonda altı allel ve bütün allelleri üç bantlı, SCALTSOYIANNES (1999) ise bu altı

allelin ilk iki allelini tek bantlı diğer dört alleli üç bantlı olarak tespit etmişlerdir. Bizim sistemimizde ise belirlenen dört allel de tek bantlı olarak belirlenmiştir (Şekil 2). *Cedrus libani* ile yapılan çalışmalarda bu enzim sisteminde genellikle dört allel ve beşinci olarak da nadir allel bulunmaktadır (PANETSOS ve ark. 1992; SCALTSOYIANNES 1999). DOĞAN (1997), KARA (1996) ve PANETSOS ve ark. (1998) da kızılçamda bu enzim sisteminde iki lokus, fakat farklı sayıda allel tespit etmişlerdir. Benzer durum diğer ibrelilerde de tespit edilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998; ve PANETSOS ve ark. 1998; GÜLBABA ve ark. 1996; DOĞAN 1997; DOĞAN ve ark. 1997; KARA 1996; VELİOĞLU ve ark. 1999a).

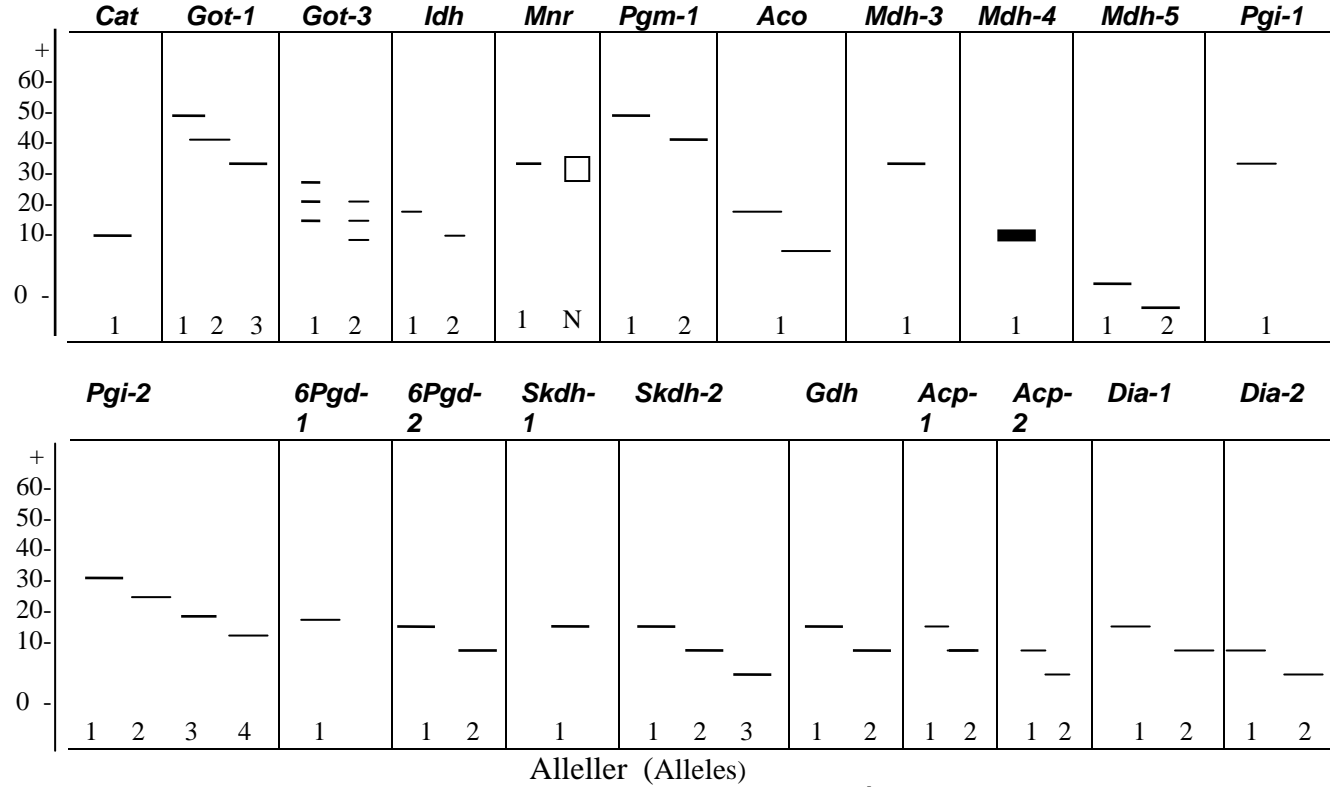
6PGD: 6PGD enzim sisteminde iki zon belirlenmiştir. *6pgd1* lokusu tek bantlı tek allel tespit edilmiştir. *6pgd2* lokusunda tek bantlı iki allel tespit edilmiştir (Şekil 2). Heterozigot bireyler için yapılan açılım analizleri, *6pgd2* zonun tek lokus kontrolü altında olduğunu göstermektedir (Tablo 3). Dört sedir türü ile yapılan çalışmalarda bu enzim sisteminde PANETSOS ve ark. (1992) tek lokus ve üç allel, *Cedrus libani*'de ise tek allel tespit etmiştir. SCALTSOYIANNES (1999) bütün sedir türlerinde iki lokus ve ikinci lokusta altı allel tespit ederken, Türkiye orijinli *C. libani*'de yoğun olarak iki allel, bazı popülasyonlarda ise nadir olarak üç allel tespit etmiştir. FADY ve ark. (2000) ise bu enzim sistemini sedir cinsinde çok allelli tek lokus olarak tespit eder iken Türkiye orijinli *Cedrus libani* popülasyonlarında iki allel, Lübnan orijinlilerde üç allel belirlemiştir. Bu bulgular bizim bulgularla uyum içerisindedir. FADY ve ark. (2000) bu enzim sistemini kullanarak, teşhisi istenilen ağacın *C. libani* mi? Yoksa *C. atlantica* mı? olduğunun doğru bir şekilde teşhis edilebileceğini belirtmektedir. Zira bu enzim sistemi *C. atlantica*'da, *C. brevifolia* ve *C. libani*'de bulunmayan üçüncü allele fikse olmuştur. Diğer pek çok ibrelilerde de bu enzim sisteminde iki lokus tespit edilmiştir (KOROL ve ark. 1995; DOĞAN 1997; PANETSOS ve ark. 1998; KING ve DANCİK 1983; MILLAR 1985; ADAMS ve ark. 1990; SCALTSOYIANNES ve ark. 1994; GÜLBABA ve ÖZKURT 1998; GÜLBABA ve ark. 1996; VELİOĞLU ve ark. 1999 b).

SKDH: Bu enzim sisteminde iki zon aktivitesi ve birinci zonda (*Skdh1*) tek bantlı tek allel (monomorfik), ikinci zonda (*Skdh2*) ise tek bantlı üç allel gözlenmiştir (Şekil 2). Açılım verileri bu iki zonun da ayrı ayrı tek lokus kontrolü altında olduğunu göstermektedir (Tablo 3). FADY ve ark. (2000) ise bu enzim sistemini sedir cinsinde çok allelli tek lokus olarak tespit eder iken Türkiye orijinli sedir popülasyonlarında üç allel, Lübnan orijinlilerde dört allel belirlemişlerdir. Bu bulgular bizim bulgularla uyum içerisindedir. FADY ve ark. (2000) bu enzim sistemini kullanarak, sedirin Türkiye orijini ile Lübnan orijininin doğru bir şekilde ayırt edilebileceğini belirtmektedir. Kazdağları karaçamlarında da bu enzimde benzer durum belirlenmiştir (VELİOĞLU ve ark. 1999 b).

GDH: Bu enzimde iki alleli tek bir zon tespit edilmiştir (Şekil 2). *Gdh-1/Gdh-2* heterozigot bireylerin megagametofitlerinde *Gdh-2* allelinde önemli ($P < 0.005$) oranda noksanlık vardır (Tablo 3). Bu zonun da tek lokus kontrolü altında olduğu kabul edilmiştir.

ACP: ACP enzim sisteminde iki zon aktivitesi ve her iki zonda da tek bantlı iki allel gözlenmiştir (polimorfik) (Şekil 2). Bu enzim sistemi sedirde daha önce bildirilmemiştir. Heterozigot bireyler için yapılan açılım ve 1:1 uygunluk testinde her iki zonunda ayrı ayrı tek lokus kontrolü altında olduğunu göstermektedir (Tablo 3). Kızılçamda ve karaçamda yapılan çalışmalarda da benzer durumlar tespit edilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998; VELİOĞLU ve ark. 1999 b; KOROL ve ark. 1995; KARA 1996; DOĞAN 1997).

DİA: DİA için boyanan jellerde iki zon tespit edilmiş, her iki zonda da iki allel belirlenmiştir (Şekil 2). Açılım verilerinin her iki zon için de 1:1 oranına uyması ($p > 0.05$), her iki zonunda tek lokus tarafından kontrol edildiğini göstermektedir (Tablo 3). PANETSOS ve ark. (1992) bu enzim sistemini sedir türlerinde monomorfik tek zon olarak tespit etmişlerdir. Fakat, SCALTSOYIANNES (1999) bu enzimde iki lokus belirlemiş ancak ikinci lokusu değerlendirememiştir. SCALTSOYIANNES (1999) birinci zonda (*Dial*) sedir türlerinde dört allel ve ikinci alleli bütün türlerde yoğun olarak tespit etmiştir. Türkiye orijinli *C. libani*'de iki allel belirlemiş ve birinci alleli yoğun ikinci alleli düşük frekansta belirlemiştir. Bu durum bizim bu lokusta (*Dial*) belirlediğimiz durumla uyum içerisindedir (Tablo4).



Şekil 2. Megagametofit Bant Yapıları ve Bunların Sedire Ait 21 Lokus İçin Verilen Allel Numaraları (Dikey çizgi üzerindeki numaralar allellerin orijinden itibaren ilerlemelerini cm olarak göstermektedir.)
Figure 2. Megagametophyte Banding Patterns and Their Allelic Designations for 21 Allozyme Loci of Cedar (Numbers on vertical axis refer to migration distances (cm) from the origin).

3.2. Populasyonların Genetik Yapıları

Yedi populasyona ait 15 polimorfik lokusta toplam 34 allel gözlenmesine rağmen, hiç bir populasyonda 32'den (*Asmacık*) (*Buladan ve Tanzıt* en az, 28 allel) fazla allel bulunmamıştır (Tablo 4). Yapılan analizlerde bir populasyonda tespit edilemeyen bir allelin, diğer populasyonlarda da düşük frekansta ($p < 0.05$) veya hiç bulunmadığı tespit edilmiştir (*Got1-3, Got3-1, Idh-2, Pgm1-2, Pgi2-4 vs.*) (Tablo 4). Buradan hareketle, bu alleller üzerindeki seleksiyon baskısının bütün populasyonlarda aynı yönde etkili olduğu ileri sürülebilir. Bütün populasyonlarda tespit edilen, fakat bazı populasyonlarda düşük frekansta bulunan bir allel, diğer populasyonlarda nispeten yüksek frekansta bulunmaktadır (*Got1-1, Pgi2-2, Skdh2-3, Dia2-2*) (Tablo 4). Bu duruma farklı seleksiyon etkisi potansiyel bir neden olabilir (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998; GÜLBABA ve ark. 1996). Sadece *Asmacık* populasyonda iki lokusta eşsiz allel (unique allele) tespit edilmiştir (*Idh-2, Aco-2*, Tablo 4).

Yedi populasyon arasındaki genetik farklılık çok fazla değildir. Bunun delili ise, 15 polimorfik lokustan sadece altı tanesinin (*Got1, 6Pgd2, Acp1, Acp2, Dia1, Dia2*) allel frekansları arasında önemli oranda ($p < 0.05$) farklılık bulunmasıdır (Tablo 4).

Sedirde çalışılan 13 enzim sisteminde tespit edilen 21 lokusun altı adedi (*Cat, Mdh3, Mdh4, Pgi1, 6Pgd1, Skdh1*) bütün populasyonlarda monomorfik olarak bulunmuştur. Bazı lokuslardaki alleller (*Got3-2, Idh-1, Pgm1-1, Aco-1, Acp1-1, Dia1-1*) ise bazı populasyonlarda monomorfik olarak bulunmuştur (Tablo 4). Diğer lokusların tamamı bütün populasyonlarda polimorfik olarak bulunmuştur.

Bütün populasyonlarda, *Payam* hariç, F_{is} (sabitlenme katsayısı) değeri pozitifdir (heterozigot birey noksanlığı). Fakat düşük değerdedir. F_{is} değeri 15 polimorfik lokusun 10 tanesinde (*Got1, Got2, Idh, Mnr, Pgm1, Aco, 6Pgd2, Gdh, Acp1, Dia1*) negatif (Heterozigot birey fazlalığı) fakat düşük, diğer beş lokusta ise pozitif (Heterozigot birey noksanlığı) ve yüksek değerlerde bulunmuştur. F_{is} en yüksek *Dia2* lokusunda (0.760) tespit edilmiştir (Tablo 5). F_{is} değeri en düşük -0.042 ile *Payam*'da, en yüksek ise 0.118 ile *Cocakdere* populasyonunda bulunmuştur (Tablo 6). Bütün populasyonlar için ortalama F_{is} değeri ise 0.039 olarak hesaplanmıştır (Tablo 5, Tablo 6). Yani, bu populasyonlarda heterozigot bireylerin olması gereken miktardan %3.9 oranında noksanlık vardır. *Cocakdere* ve *Asmacık* populasyonları hariç diğer populasyonlarda F_{is} değeri sıfıra çok yakın değerlerdir. Yani bu populasyonlardaki gözlenen ve beklenen heterozigotluk oranları hemen hemen bir birlerine eşittir (Tablo 5). Yani bu populasyonlar Hardy-Weinberg dengesine olduğu söylenebilir.

Tablo 4. Yedi Sedir Populasyonunda 15 Polimorfik Lokustaki Allel Frekansları ve Heterojenlik Değerleri

Table 4. Allele Frequencies and Heterogeneity at 15 Variable Loci in Seven Populations of Cedar

Lokus/ Allel Locus/ Allele	Populasyonlar ^a Populations ^a							Heterojenlik Değeri Heterogeneity			
	Buladan Asmacık	Payam	Tanzit	Kozpınarı	Arslanköy	Cocakdere	χ^2 Prob.	df			
<i>Got-1</i>	1	0.034	0.154	0.067	0.033	0.083	0.250	0.183	29.73	12	0.003
	2	0.966	0.827	0.933	0.967	0.917	0.733	0.817			
	3	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000			
<i>Got-3</i>	1	0.086	0.020	0.017	0.000	0.017	0.067	0.050	9.87	6	0.130
	2	0.914	0.980	0.983	1.000	0.983	0.933	0.950			
<i>Idh</i>	1	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.983	5.85	6	0.440
	2	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017			
<i>Mnr</i>	1	0.920	0.979	0.923	0.950	0.967	0.850	0.950	10.15	6	0.118
	2	0.080	0.021	0.077	0.050	0.033	0.150	0.050			
<i>Pgm-1</i>	1	0.886	0.909	0.920	0.917	1.000	0.900	0.850	9.26	6	0.160
	2	0.114	0.091	0.080	0.083	0.000	0.100	0.150			
<i>Aco</i>	1	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.983	5.85	6	0.440
	2	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017			
<i>Mdh-5</i>	1	0.172	0.240	0.133	0.283	0.250	0.310	0.138	10.31	6	0.112
	2	0.828	0.760	0.867	0.717	0.750	0.690	0.862			
<i>Pgi-2</i>	1	0.553	0.614	0.476	0.643	0.479	0.684	0.500	14.62	18	0.688
	2	0.158	0.068	0.119	0.047	0.125	0.053	0.136			
	3	0.289	0.273	0.405	0.286	0.375	0.263	0.341			
	4	0.000	0.045	0.000	0.024	0.021	0.000	0.023			

Tablo 4. Devam

Table 4. Continued

Lokus/ Allel Locus/ Allele		Populasyonlar Populations						Heterojenlik Değeri Heterogenety			
		Buladan	Payam	Tanzit	Kozpınarı	Arslanköy	Cocakdere	Asmacık	χ^2 Prob.	df	
<i>6Pgd-2</i>	1	0.293	0.538	0.417	0.633	0.433	0.550	0.367	19.73	6	0.003
	2	0.707	0.462	0.583	0.367	0.567	0.450	0.633			
<i>Skdh-2</i>	1	0.240	0.333	0.173	0.350	0.300	0.383	0.233	14.19	12	0.289
	2	0.660	0.500	0.692	0.600	0.633	0.517	0.650			
	3	0.100	0.167	0.135	0.050	0.067	0.100	0.117			
<i>Gdh</i>	1	0.735	0.778	0.618	0.717	0.711	0.586	0.621	6.20	6	0.400
	2	0.265	0.222	0.382	0.283	0.289	0.414	0.379			
<i>Acp-1</i>	1	1.000	1.000	1.000	0.933	0.983	1.000	1.000	17.21	6	0.009
	2	0.000	0.000	0.000	0.067	0.017	0.000	0.000			
<i>Acp-2</i>	1	0.034	0.000	0.033	0.017	0.017	0.183	0.167	33.42	6	0.000
	2	0.966	1.000	0.967	0.983	0.983	0.817	0.833			
<i>Dia-1</i>	1	1.000	1.000	1.000	1.000	0.948	0.917	0.950	14.22	6	0.027
	2	0.000	0.000	0.000	0.000	0.052	0.083	0.050			
<i>Dia-2</i>	1	0.896	0.977	0.320	0.103	0.121	0.450	0.283	152.7	6	0.000
	2	0.104	0.023	0.680	0.897	0.879	0.550	0.717			

^a: Populasyon örnek büyüklükleri Tablo 1' de verilmiştir.

^a: Population sample sizes are given in Table 1.

Cocakdere ve Asmacık populasyonlarında F_{is} değeri sırası ile 0.118 ve 0.117 dir. Bu rakamlar düşük değerlerdir. Zira Bolkar dağları doğal kızılçam populasyonlarında F_{is} değeri ortalama 0.295 (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998) Karaçam populasyonlarında ortalama -0.218 dir (VELİOĞLU ve ark. 1999 a).

Heterozigot eksikliği pek çok nedene bağlı olabilir. Örneğin allel frekanslarının populasyon içerisindeki mekansal heterojenliği (örneğin Wahlund etkisi), geçmiş kuşaklarda akrabalar arası eşleşmeler ve tesadüfi örnekleme hatası olabilir (SPIESS 1977).

15 polimorfik lokus için hesaplanan Wright'ın F – istatistiğine göre populasyonlar arasındaki genetik farklılaşma ($F_{st} = 0.084$) %8.4 olarak bulunmuştur (Tablo 5). Bu oran ibreliler için verilen ortalama değere yakındır ($F_{st} = (G_{st}) = 0.073$, HAMRICK ve ark. 1992). Sedirde, 14 tohum meşçeresinde RAPD Markörleri ile yapılan genetik analizlerde populasyonlar arasındaki farklılaşma % 55 gibi çok yüksek bulunmuştur (KAYIHAN 2000). Bolkar dağları doğal kızılçamlarında bu oran ortalama 0.024 (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998), karaçamlarda ortalama 0.06' dır (VELİOĞLU ve ark. 1999 a).

Buna göre, Bolkar dağlarından örneklenen sedirlerde genetik çeşitlilik yüksek oranda (%91.6) populasyon içi aileler arasında bulunmaktadır. Çalışılan populasyonlar arasındaki genetik farklılık, Bolkar dağları kızılçamlarından hayli yüksektir. Bunun nedeni kızılçamlar Bolkar dağlarında kesiksiz bir yayılım göstermekte ve bunun sonucu olarak ta aralarındaki gen alışverişi yüksek olmakta, bu da populasyonlar arasındaki farklılaşmayı azaltmaktadır. Bolkar dağlarındaki sedirler ise kızılçamlarla kıyaslandığında kesikli bir yayılım göstermekte ve örneklenen populasyonlar bir birlerinden coğrafik mesafe olarak da daha uzaktır. Bunun sonucu olarak da aralarında gen alışverişi yoğun şekilde olamamakta ve populasyonlar arasındaki farklılık artmaktadır. Nitekim, hesaplanan *Gen Akımı* değeri de kızılçamlardan ($Nm=10.27$) (GÜLBABA ve ÖZKURT 1998) hayli düşük bulunmuştur ($Nm=2.71$, Tablo 5). Populasyonlar arasındaki gen alışverişinin sedirlerde düşük olması ve populasyonlar arasındaki farklılığın daha büyük olmasının diğer bir nedeni de sedir tohumunun yayılma özelliğidir. Sedir tohumları, kozalakların dağılması ile yere yoğunlukla karpelleri ile birlikte düşmekte, uçarak uzaklara yayılma olanağı azalmaktadır. Dolayısıyla tohumlar ancak ana ağaç çevresinde yayılabilmekte, fazla uzaklara gidememektedir.

Bolkar dağları doğal sedir populasyonları için hesaplanan genetik çeşitlilik parametrelerinden olan lokus başına düşen ortalama allel sayısı (A) 1.9, etkili allel sayısı ise (A_e) 1.3 bulunmuştur (Tablo 6). İbreliler için bu değerler sırasıyla 1.8 ve 1.2 olarak verilmiştir (HAMRICK ve ark. 1992). SCALTSOYIANNES (1999) ortalama allel sayısını *C. libani*'de 1.5-2.5 arasında ortalama 2.03, *C. brevifolia*'da 2.5, *C. deodara*'da ortalama 1.54, *C. atlantica*'da 1.83 olarak belirlemiştir. Bu verilere göre Bolkar dağları doğal

sedir populasyonlarının ortalama allel sayıları daha önce bildirilenlerle uyum içerisindedir.

Tablo 5. Sedir Populasyonlarının Bütün Lokuslar İçin Wright'ın F- İstatistiği Değerleri

Table 5. The Estimate of Wright's F- Statistics for All Loci of Cedar Populations.

Lokuslar Loci	Örnek Sayısı Sample Size	F _{is}	F _{it}	F _{st}	Gen Akımı Gene Flow Nm
<i>Cat</i>	410	****	****	0.0000	****
<i>Got-1</i>	410	-0.1542	-0.0854	0.0596	3.9434
<i>Got-2</i>	408	-0.0636	-0.0380	0.0241	10.1137
<i>Idh</i>	410	-0.0169	-0.0024	0.0143	17.2083
<i>Mnr</i>	390	-0.0985	-0.0705	0.0255	9.5476
<i>Pgm-1</i>	378	-0.1217	-0.0968	0.0222	11.0322
<i>Aco</i>	410	-0.0169	-0.0024	0.0143	17.2083
<i>Mdh-3</i>	408	****	****	0.0000	****
<i>Mdh-4</i>	408	****	****	0.0000	****
<i>Mdh-5</i>	400	0.2721	0.2903	0.0251	9.7136
<i>Pgi-1</i>	410	****	****	0.0000	****
<i>Pgi-2</i>	296	0.1074	0.1240	0.0185	13.2415
<i>6pgd-1</i>	410	****	****	0.0000	****
<i>6pgd-2</i>	410	-0.1640	-0.1081	0.0480	4.9627
<i>Skdh-1</i>	400	****	****	0.0000	****
<i>Skdh-2</i>	390	0.0576	0.0765	0.0200	12.2401
<i>Gdh</i>	304	-0.4070	-0.3782	0.0205	11.9602
<i>Acp-1</i>	388	-0.0601	-0.0120	0.0453	5.2686
<i>Acp-2</i>	408	0.5232	0.5629	0.0833	2.7504
<i>Dia-1</i>	378	-0.0701	-0.0272	0.0401	5.9819
<i>Dia-2</i>	378	0.7600	0.8639	0.4329	0.3275
Ortalama (Mean)	391	0.0390	0.1187	0.0844	2.7115

Sedir populasyonları için hesaplanan diğer bir genetik çeşitlilik parametresi olan polimorfik lokus oranı (P) ortalama 71.4, en yüksek *Asmacık* populasyonunda (66.7) ve en düşük *Payam* populasyonunda (47.6) bulunmuştur (Tablo 6). Polimorfik lokus oranını ibreliler için HAMRICK ve ark. (1992) 53.4 olarak bildirmişlerdir. SCALTSOYIANNES (1999) sedir türlerinde yaptığı çalışmada, polimorfik lokus oranını sayısını *C. libani*'de 100.0-33.3 arasında ortalama 73.3, *C. brevifolia*'da 83.3, *C. deodara*'da ortalama 50.0, *C. atlantica*'da 33.3-66 arasında ortalama 50.0 olarak belirlemiştir. KAYIHAN (2000) 14 sedir tohum meşceresinde, RAPD Markörleri ile yaptığı genetik analizlerde polimorfizm oranı %42.52-30.00 bulmuştur. Bu verilere göre Bolkar dağları doğal sedir populasyonlarının polimorfik lokus oranları ibreliler için belirtilenlerin üstünde sedir türleri için verilen değerlerin arasındadır. Bu

verilere dayanarak Bolkar dağları sedir popülasyonlarının yeterli polimorfizme sahip olduğunu söyleyebiliriz.

En önemli genetik çeşitlilik parametrelerinden olan beklenen heterozigotluk oranı (H_e) Bolkar dağları sedirleri için ortalama $H_e=0.175$, en yüksek *Cocakdere* popülasyonunda ($H_e=0.211$) ve en düşük *Payam* ve *Kozpınarı* popülasyonunda ($H_e=0.143$) bulunmuştur (Tablo 6). Ortalama beklenen heterozigotluk oranı tüm ibreliler için ($H_e = 0.151$, HAMRICK ve ark. 1992) bildirilen değerlerden daha yüksektir. Sedirde yapılan diğer çalışmalarda ise bu değeri PANETSOS ve ark. (1992) *C. atlantica* için $H_e=0.147$, *C. brevifolia* için $H_e=0.342$, *C. deodara* için $H_e=0.000$, *C. libani* için $H_e=0.142$ olarak, SCALTSOYIANNES (1999) *C. libani*'de $H_e=0.232$, *C. brevifolia*'da $H_e=0.316$, *C. deodara*'da $H_e=0.136$ ve *C. atlantica*'da $H_e=0.183$ olarak bulmuşlardır. Bu rakamlara göre Bolkar dağlarından örneklenen sedirler, beklenen heterozigotluk oranı yönünden daha önceki çalışmalara ait değerler arasında ve yeterli oranda genetik çeşitliliğe sahip bulunmaktadır.

Tablo 6. Sedirin^a Yedi Doğal Popülasyonlarına Ait Polimorfik Lokus Oranı (P) ve Lokus Başına Düşen Ortalama Allel Sayıları (A), Etkili Allel Sayıları (A_e), Gözlenen (H_o) ve Beklenen (H_e) Heterozigotluk ve Sabitleme Katsayısı (F_{is})

Table 6. Estimated Percentage of Polymorphic Loci (P) and Mean Number of Alleles Per Locus (A), Mean Number of Effective Alleles Per Locus, Observed (H_o) and Expected (H_e) Heterozygosities, and Fixation Index (F_{is}) for Seven Natural Populations of Cedar^a

Populas-yonlar Population	Ort. Örnek Sayısı Mean sample size per locus ^b	P	A ^b	A_e	H_o^b	H_e^b	F_{is}^c
<i>Buladan</i>	26.5(.8)	52.4	1.6(.1)	1.2(.4)	0.140(.04)	0.146(.04)	0.041
<i>Payam</i>	24.3(.5)	47.6	1.7(.2)	1.3(.5)	0.149(.05)	0.143(.05)	-0.042
<i>Tanzit</i>	27.5(.8)	52.4	1.6(.1)	1.3(.4)	0.144(.05)	0.156(.05)	0.077
<i>Kozpınarı</i>	29.0(.5)	57.1	1.7(.2)	1.2(.4)	0.140(.05)	0.143(.05)	0.020
<i>Arslanköy</i>	29.0(.6)	57.1	1.7(.2)	1.3(.4)	0.143(.05)	0.147(.05)	0.027
<i>Cocakdere</i>	29.4(.5)	57.1	1.7(.2)	1.4(.4)	0.186(.05)	0.211(.05)	0.118
<i>Asmacık</i>	29.5(.4)	66.7	1.8(.2)	1.3(.4)	0.166(.04)	0.188(.05)	0.117
Ortalama Mean		71.4	1.9(.8)	1.3(.4)	0.154(.21)	0.175(.21)	0.039

^a 21 lokus temel alındı (Based on 21 allozyme loci). ^b Standart hatalar parantez içinde (Standard errors in parentheses). ^c Ağırlıksız ortalama poli. Lok. Üzerine (Unweighted mean over polymorphic loci).

3.3. Populasyonlar Arası Genetik Mesafe

NEI (1978)'ye göre yapılan hesaplamalarda populasyon çiftleri arasındaki *genetik mesafe* ortalama 0.019 olup, 0.0007 ile 0.045 arasında değişmektedir (Tablo 7). FADY ve ark. (2000) Türkiye ve Lübnan orijinli sedirler arasındaki genetik mesafeyi 0.20, dört sedir türü arasındaki mesafeyi ise en fazla 0.28 belirlemiştir. YAHYAOĞLU ve ark. (1997) *GOT* enzim sisteminde sekiz sedir orijinleri arasındaki ortalama genetik mesafeyi 0.101 olarak tespit etmiştir. SCALTOYIANNES (1999) dört Türkiye orijinli sedirler arasındaki genetik mesafeyi 0.004-0.081 arasında bulmuştur. KAYIHAN (2000) 14 sedir tohum meşçeresinde RAPD Markörleri ile yaptığı genetik analizlerde populasyonlar arasındaki genetik mesafeyi 0.1135-0.3239 bulunmuştur. GÜLBABA ve ÖZKURT (1998) Bolkar dağları kızılçamlarında genetik mesafeyi 0.001-0.010, KARA (1996) Antalya yöresi kızılçamlarında yaptığı çalışmada populasyonlar arasındaki mesafeyi 0.005-0.045, DOĞAN (1997) Kazdağları kızılçamlarında bu mesafeyi 0.001-0.036, PANETSOS ve ark. (1998) ise Ege adaları kızılçamlarında 0.000-0.016 olarak, bildirmişlerdir. Bolkar dağları karaçamlarında ise genetik mesafe 0.007-0.032 (VELİOĞLU ve ark. 1999 a), yine aynı yöreye ait Toros göknarında 0.000-0.004 olarak bildirilmiştir (ÖZER 2000). Bu büyüklüklere göre Bolkar dağlarından örneklenen sedir populasyonları arasındaki genetik mesafenin aynı yöreye ait kızılçam, karaçam ve göknar populasyonlarına göre daha fazla olduğunu söyleyebiliriz. En büyük genetik mesafe *Payam* ve *Buladan* ile *Kozpınarı*, *Arslanköy* populasyonları arasındadır (Tablo 7).

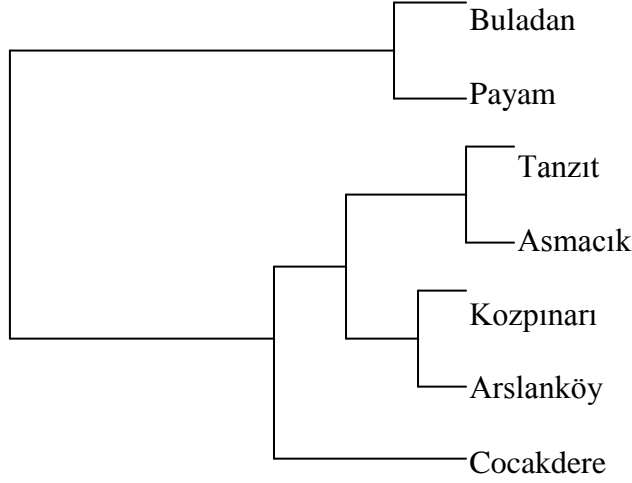
Tablo 7. Nei (1978)'ye Göre Hesaplanan Sedir Populasyonları Arasındaki Genetik Mesafe Değerleri

Table 7. Nei's (1978) Unbiased Genetic Distances Between Cedar Populations.

Populasyonlar Populations	1	2	3	4	5	6	7
1 <i>Buladan</i>	-						
2 <i>Payam</i>	0.0052	-					
3 <i>Tanzit</i>	0.0197	0.0293	-				
4 <i>Kozpınarı</i>	0.0431	0.0445	0.0084	-			
5 <i>Arslanköy</i>	0.0358	0.0436	0.0031	0.0028	-		
6 <i>Cocakdere</i>	0.0220	0.0202	0.0098	0.0121	0.0129	-	
7 <i>Asmacık</i>	0.0234	0.0331	0.0007	0.0104	0.0043	0.0071	-

Populasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin azımsanamıyacak seviyede oluşu, genetik mesafenin az olmaması ile de desteklenmektedir.

Genetik mesafeyi grafik olarak göstermek için yapılan dendrogramda yedi sedir populasyonu kökten önce iki gruba ayrılmıştır (Şekil 3). Birinci grubu coğrafik olarak birbirine yakın ve genetik olarak diğer populasyonlardan uzak olan *Buladan* ve *Payam* populasyonları oluşturmuştur. Diğer grubu ise kalan beş populasyon meydana getirmiştir. Daha sonra beş populasyon da kendi arasında ikiye ayrılmıştır. İlk grubu tek başına *Cocakdere* populasyonu oluşturur iken geriye kalan dört populasyonun gruplanması ise *Tanzıt*, *Asmacık*, *Kozpınarı* ve *Arslanköy* şeklinde olmuştur (Şekil 3).



Şekil 3. NEI (1978)'ye Göre Hesaplanan Genetik Mesafeye Ait Dendrogram: Metot = UPGM

Figure 3. Dendrogram Based Nei's (1978) Genetic Distance: Method =UPGMA

3.4. Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının (GEKYA) Belirlenmesi

Genetik çeşitlilik çalışmaları korumaya alınacak populasyonların seçiminde yol göstericidir (LEDIG 1998). Zira, 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 (GÜLBABA ve ark. 1996).

Yukarıdaki özelliklere uygun populasyonları belirleyebilmek için yapılan bu çalışma ile Bolkar dağlarından örneklenen yedi sedir 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 sedir populasyonlarında genetik çeşitlilik büyük oranda populasyonlar arasında değil populasyon içi aileler arasındadır. Fakat populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik de Bolkar dağları diğer ağaç türlerinden (kızılçam, karaçam, göknar) daha fazladır. Bunun pratik anlamı; BOYDAK ve ark. (1990)’nın da belirttiği gibi sedir tohum ekimlerinde lokal tohum kullanımına ve tohum transfer kurallarına uyulmaması durumunda başarının olumsuz yönde etkilenebileceğidir.

Bolkar dağları sedir populasyonları için hesaplanan genetik çeşitlilik seviyesi yeterlidir. Populasyonların ortalama değerleri olan lokustaki allel sayısı (A), etkili allel sayısı (A_e), polimorfik lokus oranları (P) ve beklenen heterozigotluk oranları (H_e), tüm ibreliler için bildirilen ortalama değerlerden daha yüksektir.

Bu nedenle sedir bünyesinde çok miktarda genetik çeşitliliğe sahip olduğu görülmektedir. Bu türün genetik ıslahı ve ağaçlandırmalarda kullanılarak yayılışının artırılması yangın ve zararlılar tarafından yok edilme riskini de azaltacaktır.

Bolkar dağlarındaki sedir populasyonlarından en az üç populasyonun Gen Koruma ve Yönetim Alanı (GEKYA) olarak seçilmesi güvenlik açısından yerinde olacaktır. Genetik mesafeye göre yapılan gruplandırmada genetik olarak ayrı bir grup oluşturan ve diğer populasyonlardan genetik olarak en fazla mesafeye sahip *Buladan* ve *Payam* populasyonlarından birisinin, birinci GEKYA olarak seçilmesi uygun olacaktır. Birinci GEKYA’nın bu iki populasyon içerisinden beklenen heterozigotluk oranı ($H_e=0.146$) ve polimorfik lokus oranı (P=52.4) bakımından üstünlük gösteren *Buladan* populasyonu içerisinden seçilmesi, seçilecek populasyonların kendi içerisinde yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip fakat, aynı zamanda diğer populasyonların her birinden genetik olarak farklılaşmış olmaları nedeniyle yerinde olacaktır.

Genetik mesafeye göre oluşturulan dendrogramda kökten ayrılarak ikinci grubu oluşturan beş populasyon içerisinden *Cocakdere* populasyonunun diğer dört populasyondan ayrılarak tek başına ayrı bir grup oluşturması (Şekil 3), F_{is} oranının yüksek olmasına rağmen, populasyonlar içerisinde en yüksek beklenen heterozigotluk oranına ($H_e=0.211$), yüksek polimorfik lokus oranına (P=57.1), En yüksek etkili allel ($A_e=1.4$) ve lokus başına düşen ortalama allel

sayısının yüksek ($A=1.7$) olması (Tablo 6) nedeniyle ikinci GEKYA'nın bu populasyon içerisinde seçilmesi uygun olacaktır.

Üçüncü GEKYA'nın geriye kalan ve dendrogramda kökten ikiye ayrılan ikinci grubun ikinci yan grubunu oluşturan *Tanzıt*, *Asmacık*, *Kozpınarı*, *Arslanköy* populasyonları içerisinde seçilmesi gerekmektedir (Şekil 4). Bu dört populasyon içerisinde *Arslanköy* ve *Asmacık* diğer iki populasyona göre genetik çeşitlilik parametreleri bakımından üstünlükleri vardır (Tablo 6). Bu iki populasyon içerisinde *Arslanköy* populasyonu sedir tohum meşçeresi (ANONİM 1998) olduğundan zaten *in-situ* koruma altında olduğu söylenebilir. Bu nedenle üçüncü GEKYA'nın bu populasyon içerisinde ayrılmasının pratik bir faydası olmayacaktır. Üçüncü GEKYA'nın *Asmacık* populasyonu içerisinde ayrılması daha uygun olacaktır. Zira *Asmacık*, yüksek beklenen heterozigotluk oranına ($H_e=0.188$), en yüksek polimorfik lokus oranına ($P=66.7$), etkili allel sayısı yüksek ($A_e=1.3$) ve lokus başına düşen ortalama allel sayısı en yüksek ($A=1.8$) populasyondur (Tablo 6). Ayrıca, en önemlisi tespit edilen polimorfik lokuslardaki 34 allelden 32 sini bünyesinde barındıran tek populasyondur. Bu populasyon içerisinde hedef türlerden Toros göknarı ve karaçam da karışık olarak bulunmakta ve karaçamların GEKYA olarak seçilmesi önerilmiştir (GÜLBABA 1998; VELİOĞLU ve ark. 1999a). *Asmacık* populasyonunun bir diğer özelliği de belirlenen yedi populasyon içerisinde en izole ve İç Anadolu'ya en fazla sokulan populasyon olmasıdır (Şekil 1).

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

ÖZET

Sedir (*Cedrus libani* A. Rich.), “Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması Projesi” kapsamında hedef türlerden biri olarak seçilmiştir. Bolkar dağlarında, yedi popülasyona ait 210 bireyden toplanan serbest döllenen tohumların megagametofitleri, bu türün genetik yapılarını jel elektroforezinde ortaya koymak, popülasyonlar arası ve içi genetik çeşitliliğin boyutlarını belirlemek ve bu sonuçları değerlendirerek Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının (GEKYA) tespitinde önerilerde bulunmak amacıyla, analiz edilmiştir.

13 enzim sisteminde 21 lokus belirlenmiştir. 21 lokustan 15 adedi polimorfiktir. Popülasyonlar sadece altı lokustaki allel frekansları ile birbirlerinden önemli derecede ($p < 0.05$) farklılaşmaktadırlar. Popülasyonlara ait beklenen heterozigotluk oranları (H_e) 0.143 (*Payam, Kozpınarı*) ile 0.211 (*Cocakdere*) arasında değişmektedir. Sabitlenme Katsayısı (F_{is}) ise -0.042 ile 0.118 arasındadır. Bu popülasyonlarda ortalama polimorfik lokus oranı (P) 71.4, ortalama lokus başına düşen allel sayısı (A) 1.9 bulunmuştur. Bütün popülasyonlar için tahmin edilen genetik çeşitlilik parametreleri (Örneğin $H_e=0.175$) genel olarak ibrelili türler (örneğin $H_e=0.151$) için bildirilen değerlerden daha yüksektir. Ortalama F_{st} değeri 0.084 bulunmuştur. Elde edilen sonuçlara göre Bolkar dağları kızılçamları hayli yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip oldukları, genetik çeşitliliğin büyük oranda popülasyon içerisinde olduğu (%91.6) tespit edilmiştir. NEI (1978)’e göre hesaplanan popülasyonlar arasındaki genetik mesafe ortalama 0.019 olup, 0.0007 ile 0.045 arasında değişmektedir.

GEKYA’ların emniyet amacıyla en az üç popülasyonda seçilmesi önerilmiştir. Bu GEKYA’larda mümkün olduğu kadar çok genetik çeşitliliği yakalayabilmek için, seçilen popülasyonlar yüksek oranda genetik varyasyona sahip olmalı ve aynı zamanda genetik olarak birbirlerinden farklılaşmalıdırlar. Bütün sonuçların değerlendirilmesi ile *Buladan*, *Cocakdere* ve *Asmacık* popülasyonlarının GEKYA olarak ayrılması düşünülebilir.

SUMMARY

Taurus cedar (*Cedrus libani* A. Rich.) has been selected as one of the target species within the framework of “*In Situ* Conservation of Plant Genetic Diversity in Turkey” project. Open pollinated seeds (megagametophytes) collected from 210 parent trees from seven populations were assayed by starch gel electrophoresis to describe its population structure, to reveal within and between population variations, and to make recommendations on designations of Gene Management Zones (GMZ's).

Twenty one loci coding allozymes in 13 enzyme systems are described. Sixteen of 21 loci are polymorphic. The populations only differ significantly ($p < 0.005$) in allele frequencies at six loci. Expected heterozygosity levels (H_e) in populations varied from 0.143 in *Payam*, *Kozpınarı* to 0.211 in *Cocakdere* and fixation index (F_{is}) ranged from -0.042 to 0.118. Mean percentage of polymorphic locus (P) and mean number of alleles per locus (A) were estimated 71.4 and 1.9 respectively. Mean estimates of genetic diversity parameters over all populations (e.g., $H_e = 0.211$) are higher than the averages reported for conifers in general ($H_e = 0.151$). Mean F_{st} was found 0.084. The results revealed that cedar sampled from The Bolkar Mountains possesses considerable genetic diversity and higher proportion of genetic diversity (91.6%) originated from the differences within populations. Mean genetic distance coefficient was 0.019. And, ranged from 0.0007 to 0.045 among the possible population pairs.

It is recommended, for security purposes, that in situ reserves (GMZ) should be located in at least three populations. To capture as much genetic diversity as possible in these GMZ's, the selected populations should have high levels of genetic variation, but also be genetically differentiated from each other. The overall results suggested that *Buladan*, *Cocakdere* and *Asmacık* populations could be considered as GMZ's.

KAYNAKÇA

- ADAMS, W. T., NEALE, D. B., DOERKSEN, A. H., and SMITH, D. B., 1990:** Inheritance and Linkage of Isozyme Variants From Seed and Vegetative Bud Tissues in Coastal Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii* (Mirb.) Franco). *Silvae Genet.* 39, s. 153-167.
- ADAMS, W. T., AND JOLY, R. J., 1980:** Genetics of Allozyme Variants in Loblolly Pine., *J. Hered.* 71: s. 33-40.
- ANONİM 1998:** 1997 Yılı Çalışma Raporu, 1998 Yılı Çalışma Programı. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Ankara, s.111.
- BERKEL, A., 1954:** Lübnan Sedirinin Teknik Vasıfları. Orman Umum Müdürlüğü yayınları No: 93/18
- BOYDAK, M., 1986:** Lübnan (Toros) Sedirinin (*Cedrus libani* A. Rich.) Yayılışı, Ekolojik ve Silvikültürel Nitelikleri, Doğal ve Yapay Gençleştirme Sorunları. Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi, Temmuz, No.64, Cilt 32, Ankara s: 5-56
- BOYDAK, M., BOZATLI, A., AYHAN, Ş., 1990:** Mersin Yöresinde Çıplak Karstik Alanların Sedir Ekimleriyle Ağaçlandırılması, Uluslararası Sedir Sempozyumu Bildiriler Kitabı, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Muhtelif Yayınlar Serisi No:59, Ankara s:203-214
- BOYDAK, M., 1996:** Toros Sediri'nin (*Cedrus libani* A. Rich.) Ekolojisi Silvikültürü ve Doğal Ormanlarının Korunması. Orman Bakanlığı Yayın Dairesi Başkanlığı, Or. Bakanlığı Yay. No: 12, Ankara s:78
- BOYDAK, M., IŞIK, F., DOĞAN, B., 1998:** The Effect of Prescribed Fire on The Natural Regeneration Success of Lebanon Cedar (*Cedrus libani* A. Rich.) at Antalya-Kaş Locality. *Tr. J. Of Agriculture and forestry*, TUBİTAK, ssayı 22 Ankara, s:399-404
- CONKLE, M. T., SCHILLER, G., and GRUNVALD, C., 1988:** Electrophoretic Analysis of Diversity and Phlogeny of *Pinus brutia* and Closely Related Taxa. *Systematic Botany*, 13: 411-424 p.
- CONKLE, M. T., HODGSKISS, P. D., NUNNALLY, L. B., and HUNTER, S. C., 1982:** Starch Gel Electrophoresis of Conifer Seeds: a Laboratory Manual. U.S. For. Serv. Gen. Tech. Rep. PSW - 64, Pac. Southwest For. Range Exp. Stn., Berkeley, CA:
- DOĞAN, B., 1997:** Kazdağı Yöresi Doğal Kızılcım (*Pinus brutia* TEN.) Populasyonlarında İzoenzim Çeşitliliği. *Teknik Bülten* No. 10, Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü yayını, İzmir, s. 43.
- DOĞAN, B., ÖZER, A. S., GÜLBABA, A. G., VELİOĞLU, E., DOERKSEN, A. H., ADAMS, W. T., 1997:** Kazdağları'ndan Örneklenen Karaçam (*Pinus nigra* Arnold) Populasyonlarında Kalıtım ve Allellerin Bağlılığı. *Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü Araştırma Dergisi* 1997/1, İzmir s. 40-58
- ERDİN, N., 1984:** Toros Sediri (*Cedrus libani* A. Rich.) Odununun Anatomik Yapısı ve Özgül Ağırlığı Üzerine Araştırmalar. İ.Ü. Orman Fakültesi Yayın No: 3245/369

- FADY, A., 1990:** Ecology, Genetic Variability and Conservation of the Lebanese Cedar. Uluslararası Sedir Sempozyumu Bildiriler Kitabı, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Muhtelif Yayınlar Serisi No:59, Ankara s: 143-165
- FADY, B. and CONKLE, M. T., 1992:** Segregation and Linkage of Allozymes in Seed Tissues of the Greek fir *Abies borisii regis* Matt. *Silvae Genet.* 41: 273-277 p.
- FADY, B., BARITEAU, M., FALLOUR, D., GİROUD, E., LEFEVRE, F., 2000:** Isozyme Gene Markers and Taxonomy of Mediterranean *Cedrus* Species. In The Proceedings of the First Conference of the European Union Joint Research Project FAIR CE 95-0097 (Adaptation and Selection of Mediterranean Pinus and Cedrus for Sustainable Afforestation of Marginal Lands) Mytilene 21-26 p.
- GEMİCİ, Y., 1992:** Bolkar Dağlarının (Orta Toroslar) Flora ve Vegetasyonu. 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 Göknarı (*Abies equitrojani* Aschers. Et sint) Populasyonlarının Genetik Yapıları ve Gen Kaynaklarının Yerinde Korunması. Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü DOA Dergisi, No 2. Tarsus, s.23-48.
- GÜLBABA, A.G., 1998:** Bolkar Dağları Doğal Karaçamlarında (*Pinus nigra* Subsp *pallasiana*) genetik Çeşitlilik ve Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının Belirlenmesi. Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü DOA Dergisi, No 4, Tarsus s:99-130
- GÜLBABA, A. G., ÖZKURT, N., 1998:** Bolkar Dağları Doğal Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği. Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No: 5, Tarsus, s: 27
- HAMRICK, J. L., GODT, M. J. W. and SHERMAN-BROYLES, S. L., 1992:** Factors Influencing Levels of Genetic Diversity in Woody Plant Species. *New Forests* 6: 95-124.
- HARRY, D. E., 1986:** Inheritance and Linkage of Isozyme Variants in Incense-Cedar. *J. Hered.* 77: 261-266.
- IŞIK, K. ve YILDIRIM, T., 1990:** Strategies For Conservation of Forest Gene Resources and Some Recommendations on *Cedrus libani*,. Uluslararası Sedir Sempozyumu Bildiriler Kitabı, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Muhtelif Yayınlar Serisi No:59, Ankara s:342-352
- KARA, N., 1996:** Kızılçamın (*Pinus brutia* TEN) Doğal Populasyonlarında İzoenzim Çeşitliliğinin Araştırılması. Yük. Lisans Tezi, Akdeniz Ü. Fen Bilimleri Ens. Antalya s.77.
- KAYA, Z., KÜN, E., GÜNER, A., 1997:** National Plan For In-Situ Conservation of Plant Genetic Diversity in Turkey. Milli Eğitim Basımevi, İstanbul. .
- KAYIHAN, G.C., 2000:** *Cedrus libani* A. Rich Populasyonlarında Genetik Yapılanmanın RAPD Markörleri Tarafından Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, ODTÜ Biyoloji Bölümü, Ankara s:84
- KIMURA, M. and CROW, J. M., 1978:** Effect of Overall Phenotypic Selection on Genetic Change at Individual Loci. *Proc. Natnl. Acad. sci., Washington.* 75, p.6168-6171.

- KING, J. N. and DANCİK, B. P., 1983:** Inheritance and Linkage of Isozymes in White Spruce (*Picea glauca*). Can. J. Genet. Cytol. 25: 430 – 435 p.
- KING, R. C., and STANSFIELD, W. D., 1990:** A Dictionary of Genetics. Forth Edition, Oxford University Press, Oxford. 193 p.
- KOROL, L., MADMONY, A., RIOV, Y., SCHILLER, G., 1995:** *Pinus halepensis* x *Pinus brutia* subsp. *brutia* Hybrids? Identification Using Morphological and Biochemical Traits. Silvae Genetica 44, 186-190 p.
- 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 p
- LUNDKVIST, K. and RUDIN, D., 1977:** Genetic Variation in Eleven Populations of *Picea abies* as Determined by Isozyme Analysis. Hereditas 85: 67- 74 p.
- MILLAR, C. I., 1985:** Inheritance of Allozyme Variants in Bishop pine (*Pinus muricata* D. Don). Biochem. Genet. 23: 933-946 p.
- 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 p.
- MORRIS, R. W. and SPIETH, P. T., 1978:** Sampling Strategies for Using Female Gametophytes to Estimate Heterozygosity in Conifers. Theor. Appl. Genet. 51, 217-222 p.
- NEALE, D. B. and ADAMS, W. T., 1981:** Inheritance of Isozyme Variants in Seed Tissues of Balsam fir (*Abies balsam*). Can. J. Bot. 59: 1285-1291 p.
- NEI, M., 1978:** Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals. Genetics 89, 583-590 p.
- NEI, M., 1987:** Molecular Evolutionary Genetics. Columbia Uni. Press., Newyork.
- Rothe, G.M., 1990:** Forest Genetic Resources. Informations No. 18, Food and Agriculture Organisation of the United Nations. 1-15 p
- ÖZER, A. S., 2000:** Toros Göknarı (*Abies cilicica* Carr.) Populasyonlarının Genetik Yapıları ve Gen Kaynaklarının Yerinde Korunması. İç Anadolu Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları Teknik Bülten No:277, Ankara s:31
- PANETSOS, K.P., CHRISTOU, A., SCALTSOYIANNES, A., 1992:** Fierst Analysis on Allozyme Variation in Cedar Species (*Cedrus* sp.). Silvae Genetica 41, 339-342 p.
- PANETSOS, K. P., SCALTSOYIANNES, A., ARAVANOPOULOS, F. A., DOUNAVI, K., DEMETRAKOPOULOS, A., 1997:** Identification of *Pinus brutia* TEN., *P. halepensis* MILL. and Their Putative Hybrids. Silvae Genetica 46, 253-257 p.
- 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 p.
- SCALTSOYIANNES, A., 1999:** Allozyme Differentiation and Phylogeny of Cedar Species. Silvae Genetica 48, 61-68 p.

SCALTSOYIANNES, A., ROHR, R., PANETSOS, K. P., TSAKTSIRA, M., 1994: Allozyme Frequency Distribution in Five European Populations of Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.). I) Estimation of Genetic Variation Within and Among Populations. II) Contribution of Isozyme Analysis to the Taxonomic Status of the Species. *Silvae Genetica* 43, 20-30 p.

SPIESS, E. B., 1977: Genes in Populations. John Wiley & Sons, Inc., New York.

STRAUSS, S. H. and CONKLE, M. T., 1986: Segregation, Linkage, and Diversity of Allozymes in Knobbone Pine. *Theor. Appl. Genet.* 72: 483-493 p.

SUYAMA, Y., TSUMARA, Y. and OHBA, K., 1992: Inheritance of Isozyme Variants and Allozyme Diversity of *Abies mariesii* in Three Isolated Natural Forests. *J. Jap. For. Soc.* 7: 65 – 73 p.

SWOFFORD, D. L. and SLEANDER, R. B., 1989: BIOSYS-1: a Computer Program For The Analysis of Allelic Variation in Population Genetics and Biochemical Systematics. *Illionis Natural History Survey.* s.53

VELİOĞLU, E., TOLUN, A. A., ÇENGEL, B., KAYA, Z., 1999a: Bolkar Dağlarındaki Doğal Karaçam (*Pinus nigra* Arnold subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği. *Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No:2.* Ankara, s. 35

VELİOĞLU, E., ÇENGEL, B., KAYA, Z., 1999b: Kazdağları'ndaki Doğal Karaçam (*Pinus nigra* Arnold subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) Populasyonlarda İzoenzim Çeşitliliği. *Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No:4.* Ankara, s. 35

WRIGHT, S., 1965: The Interpretation of Population Structure by F-statistics With Special Regard to Systems of Mating. *Evolution* 19, p. 395-420

YAHYAĞLU, Z., TURNA, İ., ÇAKMAK, F., 1997: Genetik Analysis of Isozyme Variation in Lebanon Cedar (*Cedrus libani* A. Rich.). IX. World Forestry Congress, Volume 2. Antalya 230 p.

YEH, F. C., RONGCAI, Y. and BOYLE, T., 1997: POPGENE Microsoft Window-Based Software for Population Genetics Analysis, A Quick User's Guide, University of Alberta, Edmonton – Canada.