

Orman Bakanlıđı Yayın No: 192
DOA Yayın No: 24

ISSN: 1300-7912

**BOLKAR DAĐLARI DOĐAL SEDİR
POPULASYONLARINDA
(*Cedrus libani* A. Rich.) GENETİK ÇEŐİTLİLİK
VE
GEN KORUMA VE YÖNETİM ALANLARININ
BELİRLENMESİ**

ODC : 165.3

Genetic Diversity in Natural Cedar (*Cedrus libani* A. Rich.)
Populations Sampled from the Bolkar Mountains
and
Designation of Gene Management Zones

A. Gani GÜLBABA

Nurten ÖZKURT

Ercan VELİOĐLU

TEKNİK BÜLTEN NO:15

**ORMAN BAKANLIĐI
DOĐU AKDENİZ
ORMANCILIK ARAŐTIRMA ENSTİTÜSÜ**

**EASTERN MEDITERRANEAN
FORESTRY RESEARCH INSTITUTE**

TARSUS

Orman Bakanlıđı Yayın No: 192
DOA Yayın No: 24

ISSN: 1300-7912

**BOLKAR DAĐLARI DOĐAL SEDİR
POPULASYONLARINDA
(*Cedrus libani* A. Rich.) GENETİK ÇEŐİTLİLİK
VE
GEN KORUMA VE YÖNETİM ALANLARININ
BELİRLENMESİ**

ODC : 165.3

Genetic Diversity in Natural Cedar (*Cedrus libani* A. Rich.)
Populations Sampled from the Bolkar Mountains
and
Designation of Gene Management Zones

A. Gani GÜLBABA

Nurten ÖZKURT

Ercan VELİOĐLU

TEKNİK BÜLTEN NO: 15

**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 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 (Cluster) 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.....	18
3.2. Karakterlerin Aile Düzeyi Kalıtım Dereceleri.....	20
3.3. Fidan Karakterleri Arasındaki Genetik ve Fenotipik İlişkiler (Korelasyonlar).....	21
3.4. Populasyonların Farklılaşması.....	24
3.4.1. Kanonik Diskriminant Analizi.....	24
3.4.2. Populasyonlar Arası Biyolojik Uzaklıklar (D^2).....	26
3.4.3. Kümelendirme (Cluster) Analizi.....	27
3.5. Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının (GEKYA) Belirlenmesi.....	28
4. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	29
ÖZET.....	31
SUMMARY.....	34
KAYNAKÇA.....	36
EK TABLO.....	40

TABLO LİSTESİ

Tablo No	Sayfa No
1. Sedir Populasyonlarına Ait Coğrafik Bilgiler ve Büyüklükleri.....	2
2. Kodlanmış Fidan Karakterleri ve Açıklamaları.....	5
3. Karakterler İçin Uygulanan Varyans Analiz Modeli.....	7
4. Varyans Analizi Sonuçları, Varyanslar (K.O.) ve Varyasyon Katsayıları (CV).....	11
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 (parantez içinde) ve Genel Ortalamaları.....	14
7. Genetik (%CV _g) ve Fenotipik (%CV _f) Varyasyon Katsayıları...	19
8. Fidan Karakterlerine Ait Genetik (Diyagonal Üstü) ve Fenotipik (Diyagonal Altı) İlişkiler ve Standart Hataları.....	23
9. Kanonik Diskriminant Analizine Ait Varyans Oranları ve Özdeğerler.....	24
10. Sedir Populasyonları Arasındaki Biyolojik Uzaklıklar (D^2).....	27

ŞEKİL LİSTESİ

Şekil No	Sayfa No
1. Sedir Populasyonlarının Yerleri.....	3
2. Boy Gelişim ve Artım Karakterleri.....	4
3. Tomurcuk Oluşturma ve Patlatma Tarihleri ile Populasyonların Yükseltisi Arasındaki İlişki	17
4. Populasyonların Aile Ortalamalarının Diskriminant Fonksiyonları Bazında Dağılımı.....	25
5. Populasyonların, Populasyon Merkezleri Diskriminant Foksiyonları Bazında Dağılımı.....	26
6. Kümelenendirme Analizi Sonucu Oluşan Dendrogram.....	28

EK TABLOLAR

Ek Tablo No	Sayfa No
1. Karakterlere Ait Serbestlik Dereceleri.....	40
2. Karakterlerin Varyans Bileşenlerine ait Katsayılar.....	40

ÖNSÖZ

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 fidan karakterlerini kullanarak 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 sarfi 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 Öncelikli Araştırma Alanları (ARA-1, ARA-2) Çalışma Grubu Başkan ve üyelerine teşekkür ederiz.

2002- Tarsus

A.Gani GÜLBABA¹

Nurten ÖZKURT¹

Ercan VELİOĞLU²

¹ *Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü-TARSUS*

¹ *Eastern Mediterranean Forestry Research Institute- Tarsus*

² *Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü - ANKARA*

² *Forest Tree Seeds and Tree Breeding Research Institute - ANKARA*

ÖZ

Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması Projesi kapsamında sedir (*Cedrus libani* A. Rich.) hedef türlerden biri olarak seçilmiştir.

Bu çalışma ile Bolkar dağları doğal sedir populasyonlarının genetik yapılarını ortaya koymak ve gen koruma ve yönetim alanlarının (GEKYA) belirlenmesinde öneriler geliştirmek amaçlanmıştır.

Bolkar dağlarından belirlenen yedi populasyona ait 210 aileden fidan yetiştirilerek iki yıl boyunca gözlemler yapılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre, incelenen fidan karakterleri bakımından genetik varyasyonun büyük oranda populasyonlar arasında değil populasyonlar içi aileler arasında olduğu ortaya çıkmıştır. Karakterlerin populasyonlar arası varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranı %0 (BOYART00 ve CAP) ile %6.15 (HPKBOY) arasında değişmektedir.

Aile düzeyindeki kalıtım derecesinin (h^2_f) 0.02 (CAPART01) ile 0.85 (CİMSÜRE) arasında değiştiği, birçok karakterin genetik ve fenotipik olarak ilişkili bulunduğu, populasyon ortalamalarına ait diskriminant fonksiyonlarına ve hesaplanan Biyolojik Uzaklığa (D^2) göre *Payam* ile *Arslanköy* populasyonlarının birbirlerinden farklılaştığı ve önemli oranda biyolojik uzaklık bulunduğu anlaşılmıştır.

Elde edilen bulguların değerlendirilmesi sonucu *Buladan*, *Cocakdere* ve *Asmacık* populasyonlarının GEKYA olarak ayrılması önerilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Sedir, *Cedrus libani*, Genetik çeşitlilik, Korelasyonlar, Gen koruma ve yönetim alanları (GEKYA), 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 this study was to reveal genetic structure of cedar populations from the Bolkar Mountains and to serve as an initial guide in designation of Gene Management Zones (GMZ’s)

Seedlings from 210 parent trees from seven 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% (BOYART00 ve CAP01) ile 6.15 % (HPKBOY) (hypocotyl length). Family means heritabilities for the traits ranged from 0.02 (annual root collar diameter increment in 2001) to 0.85 (date of germination). 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 *Payam* and *Arslanköy* populations.

The overall results suggested that *Buladan*, *Cocakdere* and *Asmacık* populations should be designated as GMZ.

Key Words: Cedar, *Cedrus libani*, Genetic diversity, Correlations, Gene Management Zones (GMZ’s), 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. 1500'den fazla farklı bitki türü ve bunların 300 tanesinin Bolkar dağlarında 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 sedir, yurdumuzda özellikle 1980'li yıllardan sonra büyük oranda ağaçlandırmalarda kullanılmaya başlanılmıştır. Sadece Mersin Orman Bölge Müdürlüğü mntıkasında 1982-2002 yılları arasında 15070 ha alanda karpelli tohum ekimi yapılmıştır (ANONİM 2002). 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.

Bu çalışma ile, Bolkar dağlarından örneklenen 7 adet sedir popülasyonunun fidan karakterlerini kullanarak, (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 Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının (GEKYA) tespitinde önerilerde bulunmak amaçlanmıştır.

2. MATERYAL VE METOT

2.1. Popülasyonların Tanıtımı ve Örnekleme

Bolkar dağlarında belirlenen 7 adet doğal sedir popülasyonlarından toplam 210 aileden serbest döllenmiş tohumlar toplanmıştır (Tablo 1, Şekil 1). Her bir popülasyon içerisindeki tohum toplanan bireyler rasgele seçilmişler ve birbirlerinden en az 100 m uzaklıkta olmaları sağlanmıştır. Bir popülasyon içerisinde örneklenen bireyler arasındaki yükselti farkının 300 m den fazla olmamasına da dikkat edilmiştir.

Tablo 1. Sedir Popülasyonlarına Ait Coğrafik Bilgiler ve Büyüklükleri

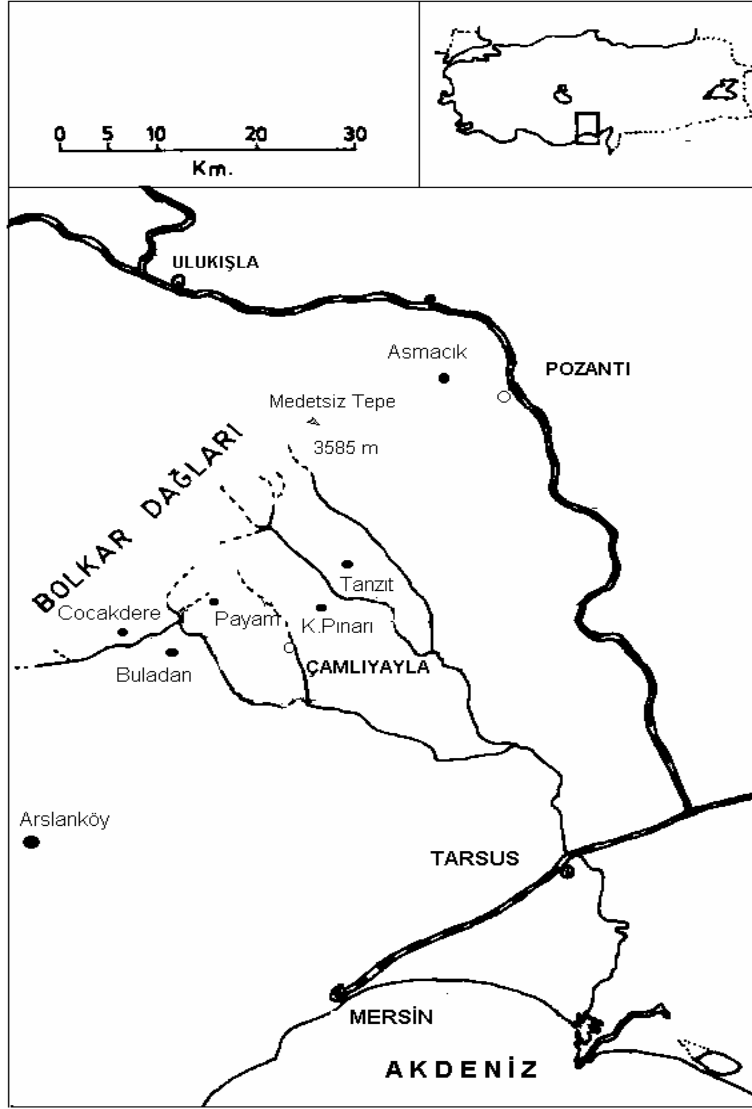
Table 1. Locations and Sizes of Sampled Cedar Populations.

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

2.2. Tohum Ekimi, Deneme Alanı ve Deneme Deseni

Popülasyonlardan elde edilen tohumlar, Tarsus/Karabucak'ta Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Müdürlüğü (DOA)'ne ait Araştırma

Fidanlığında (Enlem (N): 36° 52' 30'', Boylam (E): 34° 52' 47'', Yükselti: 8 m) doğrudan sert plastik tüplere ekilmiştir.



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

Kullanılan tüp, sert plastikten yapılmış 260 cm³ hacminde Karabucak Tipi Tüp olup, içerisine bir ölçek çürütülmüş mısır sapı samanı, bir ölçek

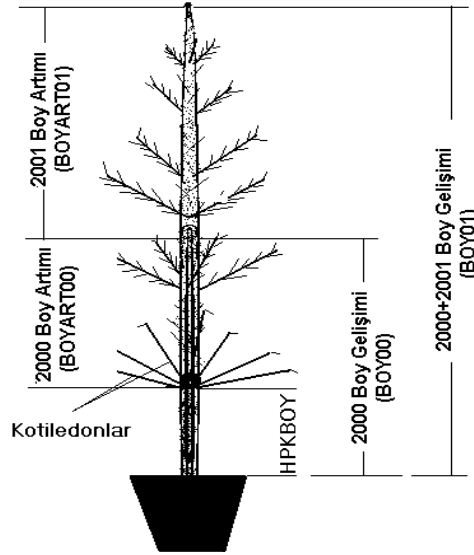
volkanik tf ve bir lek sedir ormanı altından toplanan humus karıřtırılarak (besin saęlamak ve mikoriza ařılamak iin) konulmuřtur.

3 řubat 2000 tarihinde, her aileden eřit sayıda fidan elde etmek iin her bir tpe er adet tohum ekilmiřtir. Deneme iin  yinelemeli rastlantı blokları deneme deseni kullanılmıřtır. Her blokta bir aileyi beř fidan temsil etmiřtir. imlenmeden itibaren bir ay sonra tp ortalayan, saęlıklı tek fidan bırakılarak tekleme yapılmıřtır.

Tpler 5x4 fidan alan zel kasalar ierisinde ve yerden 60 cm ykseklikteki ranzalar zerine yerleřtirilmiřtir. Fidanlar, tplerin tabanından 140 cm ykseklikte tek katı %50 glge saęlayan materyal ile glgelendirilmiřtir.

2.3. Gzlenen Karakterler

Yetiřtirilen sedir fidanları zerinde lm, gzlem ve tespitler iki byme mevsimi boyunca, fenolojik gzlemler her hafta pazartesi gnleri yapılmıř ve karakter kodları, l birimleri ile birlikte Tablo 2'de verilmiřtir. Boy ve boy artımına ait karakterlerinin lm biimi řekil 2.'de gsterilmiřtir.



řekil 2. Boy Geliřim ve Artım Karakterleri
Figure 2. Height Growth Components

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
CİMSURE	Çimlenme Süresi Duration of Germination	Ekimden Tarihinden İtibaren Gün Sayısı Number of Days From Sowing
KOTSAY	Kotiledon Sayısı Number of Cotyledons	Adet Counts
HPKBOY	Hipokotil boyu Length of Hypocotyl	mm
TTES11	2000 Yılı İlk Tomurcuk Oluşturma Zamanı Date of First Bud Set in 2000	1 Ocak 2000'den İtibarenki Gün Sayısı Days From Jan.1 st 2000
TPAT21	2001 Yılı İlk Tomurcuk Açma Zamanı Date of First Bud Burst in 2001	1 Ocak 2001'den İtibarenki Gün Sayısı Days From Jan.1 st 2001
TTES21	2001 Yılı İlk Tomurcuk Oluşturma Zamanı Date of First Bud Set in 2001	1 Ocak 2001'den İtibarenki Gün Sayısı Days From Jan.1 st 2001
TPAT22	2001 Yılı İkinci Tomurcuk Açma Zamanı Date of Second Bud Burst in 2001	1 Ocak 2001'den İtibarenki Gün Sayısı Days From Jan.1 st 2001
TTES22	2001 Yılı İkinci Tomurcuk Oluşturma Zamanı Date of Second Bud Set in 2001	1 Ocak 2001'den İtibarenki Gün Sayısı Days From Jan.1 st 2001
BOY00	2000 Yılındaki Toplam Boy Total Height in 2000	cm
CAP00	2000 Yılındaki Dip Çap Root Collar Diameter in 2000	mm
BOYART00	Boy00-Hpkboy Height Increment in 2000	cm
BOY01	2000+2001 Yılındaki Toplam Boy Total Height in 2001	cm
BOYART01	2001 Yılı Yıllık Boy Artımı Height Increment in 2001	cm
CAP01	2001 Yılındaki Toplam Dip çap Root Collar Diameter at Age 2	mm
CAPART01	2001 Yılı Yıllık Dip Çap Artımı Annual Root Collar Diameter Increment in 2001	mm
DALSAY01	2001 Yılı Yan Dal Sayısı Number of Lateral Branches in 2001	Adet Counts

2.4. İstatistiksel Deęerlendirmeler

2.4.1. Verilerin Normalleřtirilmesi

İncelenen karakterlere ait verilere varyans analizleri yapılmadan önce SPSS For WINDOWS 9.0 (1998) paket programı kullanılarak normal daęılımda (çan eęrisi řeklinde) olup olmadıkları ve “sıradışı” olanları belirlemek amacıyla frekans daęılımı yapılmıř, bu daęılımın grafikleri çizdirilmiř, standart sapmaları, varyasyon katsayıları ve veri ortalamaları hesaplanmıřtır. Sıradışı veriler genel olarak hatalı ölçme, verinin bilgisayara yüklenmesinde hatalı okuma veya zarar görmüř anormal bir bireyin ölçülmesinden ortaya çıkmaktadırlar. Sıradışı deęerler ortalamayı, varyansı ve dięer istatistik parametreleri önemli ölçüde etkileyerek arařtırmacıyı yanıltır (SOKAL ve ROHLF 1995; IŐIK 1998a). Standart normal daęılımda verilerin %99’unun \bar{x} (veri ortalaması) \pm (2.576 x standart sapma) aralıęında bulunduęu belirtilmektedir (KALIPSIZ 1981). Bu formüle göre hesaplanan en küçük ve en büyük deęerlerin dıřında kalan veriler, sıradışı kabul edilerek, EXCEL bilgisayar programının “süz” seçeneęinde süzülerek temizlenmiřtir. Bu veri temizlięine raęmen daęılım eęrisi normal daęılımdan uzak ise verileri normal daęılıma yaklařtırmak için dönüşüm (transformasyon) yapılmıřtır.

TPAT21, TPAT22 ve TTES22 verilerine doęal logaritmik dönüşüm uygulanarak normal daęılım saęlanmıřtır. Dięer verilere ise dönüşüm uygulanmamıřtır.

2.4.2. Varyans Analizleri

İncelenen karakterler için populasyonlar arası ve populasyonlar içi aileler arası farklılık olup olmadıęını belirlemek ve varyans bileřenlerini hesaplamak için ailelerin parsel ortalamaları kullanılarak varyans analizleri yapılmıřtır. Populasyonlar arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde farklılıklar olması halinde Student Newman-Keuls testi uygulanarak farklılıkların hangi populasyonlar arasında olduęu ve ortalamaların sıralanması yapılmıřtır. Varyans analizleri ve varyans bileřenlerin hesabında, SPSS 9.0 for WINDOWS (1998) paket programının GLM (General Linear Model) seçeneęinin UNIVARIATE ve VARCOMP alt seçeneęi ve MINITAB 13.1 (2000) paket programı kullanılmıřtır. Bu programlarda varyansların hesabında ANOVA modeli ve TYPE III Kareler toplamı (SS) seçeneęi tercih edilmiřtir. Varyans bileřenleri hesaplanırken bütün terimler rastlantısal olarak alınmıřtır.

Verilerin analizinde kullanılan doęrusal model ařaęıda verilmiřtir;

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

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 rasgele 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 Mean Squares
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 Within Populations	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.

$$CV_g = \frac{\sqrt{4\sigma_{F(P)}^2}}{\bar{x}} \times 100$$

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

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.

$$h^2_f = \frac{\sigma^2_{F(P)}}{\sigma_e^2/k1 + \sigma^2_{F(P)}}$$

Formülde $h^2_f = x$ karakterine ait aile düzeyindeki kalıtım derecesi, $\sigma^2_{F(P)=x}$ karakterine ait aile varyansı, σ_e^2 =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.

$$r_{g(xy)} = \frac{COV_{f(xy)}}{\sqrt{\sigma^2_{f(x)} \cdot \sigma^2_{f(y)}}$$

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.

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

Formüldeki $\sigma_{(rA)}$ =Genetik korelasyonun standart hatasını, σ_{h2_x} =x karakterine ait kalıtım derecesinin standart hatasını, σ_{h2_y} =y karakterine ait kalıtım derecesinin standart hatasını, $h_{f(x)}^2$ =x karakterine ait kalıtım derecesini, $h_{f(y)}^2$ =y karakterine ait kalıtım derecesini ifade etmektedir.

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

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

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 Kümelendirme (Clustir) 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 (Kümelerearası 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 Uzaklıları 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. Kümelendirme analizleri SPSS FOR WINDOWS 9.0 (1998) Paket programının “Classify – Hierarchical Cluster” seçeneği

¹ ODTÜ Fen Edebiyat Fakültesi - Ankara

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 sedir populasyonlarından toplanan tohumlardan yetiştirilen fidanlara ait 16 karakterin varyans analizi sonucu KOTSAY, HPKBOY, TTES11, TPAT21, TTES21, BOYART01, CAPART01 ve DALSAY01 karakterlerinde populasyonlar arasında önemli oranda farklılık tespit edilirken, diğer karakterlerde önemli oranda istatistiksel farklılıklar tespit edilememiştir. Populasyon içi aileler arasında ise ikinci yıldaki ikinci tomurcuk oluşumu (TTES22) ve ikinci yıl yıllık dip çap artımı (CAPART01) hariç diğer bütün karakterlerde istatistiksel anlamda önemli fark olduğu tespit edilmiştir (Tablo 4). *Bolkar dağlarından örneklenen sedir populasyonlarında, gözlenen karakterler bakımından populasyonlar arasından çok populasyon içi aileler arasında önemli düzeyde farklılık olduğu belirlenmiştir.*

Populasyonlar düzeyindeki varyansın toplam varyansa oranları (%VC) genellikle düşük bulunmuş olup, %0.0 (BOYART00 ve CAP01) ile %6.15 (HPKBOY) arasında değiştikleri görülmüştür (Tablo 5). Özellikle çap, boy gelişimleri ve tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihlerinin populasyonlar arası varyans oranları çok düşük çıkmıştır. Populasyonlar düzeyinde en yüksek varyans oranı % 6.15 ile HPKBOY’unda ve %4.30 ile KOTSAY’da tespit edilmiştir (Tablo 5). Ancak populasyonlar düzeyindeki bu oranları GÜLBABA ve ÖZKURT (2001) Bolkar dağlarından örneklenen kızılçamların hipokotil boyunda, KAYA ve TEMERİT (1994) ise karaçamların kotiledon sayılarında %0 olarak bulmuşlardır. 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 kızılçam, karaçam ve Kazdağı göknarı ile yapılan çalışmalarda (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001; GÜLBABA 1998; VELİOĞLU ve ark. 1999a; VELİOĞLU ve ark. 1999b) da populasyonlar arasındaki varyans oranları düşük olarak bulunmuştur.

İşlemler arası etkileşim ve aile içinden kaynaklanan varyans hata içerisinde toplandığından varyans bileşenlerinin büyük kısmını hata varyansı

oluşturmaktadır (Tablo 5). Hata varyansının yüksekliğinden de anlaşılacağı gibi aile içinde de azımsanmayacak oranda çeşitlilik bulunmaktadır.

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

Table 4. Results of Analysis of Variance, Variance (MS) and Coefficient of Variation (CV)

Kodlanmış Fidan Karakterleri Coded Seedling Traits	Varyasyon Kaynağı Source of Variation				Varyasyon Katsayısı (%CV) Coefficient of Variation (CV%)
	Bloklar Blocks	Populasyon Populations	Aile(Pop. içi) Family	Hata Error	
KOTSAY	0.0354 ns	1.1673 **	0.3408 ***	0.1632	5.60
HPKBOY	0.1585 ns	1.3476 ***	0.3414 ***	0.0957	16.26
TTES11	382.83 **	319.84 *	130.63 ***	82.08	3.76
TPAT21	0.0347 ***	0.0183 *	0.0071 ***	0.0044	1.78
TTES21	272.4 *	218.15 *	88.73 **	62.53	6.07
TPAT22	0.0458 ns	0.0390 ns	0.0197 *	0.0159	2.63
TTES22	0.0498 *	0.0233 ns	0.0129 ns	0.0115	2.10
BOY00	60.223 ***	9.046 ns	8.044 ***	3.639	20.98
CAP00	1.9437 ***	0.1125 ns	0.0628 ***	0.0392	13.93
BOYORT00	50.479 ***	4.947 ns	6.759 ***	3.451	26.11
BOY01	105.221 ***	18.033 ns	10.646 ***	5.541	14.36
BOYART01	5.319 ns	6.423 *	2.373 *	1.92	17.90
CAP01	2.0453 ***	0.1302 ns	0.1471 ***	0.1022	11.29
CAPART01	0.8842 ***	0.1375 *	0.0634 ns	0.0621	17.81
CİMSÜRE	75.80 ns	317.24 ns	218.91 ***	33.34	15.24
DALSAY01	23.166 *	18.246 *	8.272 ***	5.559	24.85

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 içi aileler arasındaki varyansın toplam varyansa oranları ikinci yıl yıllık dip çap artımı (%0.79) haricindekilerde genellikle yüksek bulunmuştur. Ailelerden kaynaklanan varyans bileşenleri en yüksek CİMSÜRE (64.86), HPKBOY (%45.02), BOY00 (%27.98) ve KOTSAY (%26.32) karakterlerinde belirlenmiştir (Tablo 5). Bulunan bu oranların tamamı populasyonlar arasındaki varyans bileşenlerine göre daha yüksektir. ***Bu sonuca göre, sedir populasyonlarında genetik çeşitliliğin çoğunluğu populasyonlar arasında değil populasyon içi aileler arasındadır denilebilir.*** Benzer sonuçlar kızılçam, karaçam ve Kazdağı göknarı ile yapılan çalışmalarda da tespit edilmiştir (IŞIK 1986; KAYA ve TEMERİT 1994; KAYA ve IŞIK 1997; DOĞAN 1997; GÜLBABA 1998; GÜLBABA ve ÖZKURT 1998; IŞIK 1998a; PANETSOS ve ark. 1998; GÜLBABA ve ÖZKURT 2001; VELİOĞLU ve ark. 1999a; VELİOĞLU ve ark. 1999b).

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 Standard 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%	
KOTSAY	0	0	0.01011	4.30	0.06183	26.32	0.163	69.38	0.52\pm0.059
HPKBOY	0.00032	0.16	0.01209	6.15	0.08854	45.02	0.09574	48.67	0.73\pm0.033
TTES11	1.6	1.55	2.419	2.34	17.312	16.74	82.078	79.37	0.37\pm0.077
TPAT21	0.00015	2.76	0.00014	2.44	0.00092	16.37	0.00441	78.43	0.37\pm0.077
TTES21	1.093	1.47	1.596	2.14	9.213	12.38	62.527	84.01	0.30\pm0.086
TPAT22	0.00017	0.95	0.00026	1.49	0.0014	7.91	0.01592	89.65	0.19\pm0.101
TTES22	0.00022	1.81	0.00015	1.18	0.00053	4.28	0.01148	92.73	0.11\pm0.112
BOY00	0.289	5.28	0.01374	0.25	1.531	27.98	3.639	66.49	0.55\pm0.055
CAP00	0.0098	16.94	0.00061	1.06	0.00823	14.24	0.03917	67.76	0.38\pm0.076
BOYART00	0.242	4.99	0	0	1.153	23.79	3.451	71.21	0.49\pm0.062
BOY01	0.511	6.46	0.09179	1.16	1.771	22.38	5.541	70.01	0.48\pm0.064
BOYART01	0.01752	0.82	0.04952	2.31	0.158	7.37	1.92	89.51	0.19\pm0.099
CAP01	0.01007	7.88	0	0	0.01571	12.29	0.102	79.82	0.31\pm0.085
CAPART01	0.00426	6.28	0.00091	1.34	0.00053	0.79	0.06208	91.59	0.02\pm0.120
CİMSÜRE	0.217	0.22	1.267	1.28	64.281	64.86	33.34	33.64	0.85\pm0.019
DALSAY	0.09029	1.35	0.122	1.82	0.941	14.02	5.559	82.82	0.33\pm0.082

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

Bolkar dağları sedir populasyonlarında gözlenen 16 karakterin ortalamaları ve Student Newmann-Keuls çoklu testine göre oluşturdukları gruplar incelendiğinde; 8 karakterde populasyonlar arasında istatistiksel fark görülmediği ve tek grup içerisinde yer aldıkları, diğer 8 karakterde populasyonlar arasında önemli oranda farklılıklar görüldüğü, buna göre yapılan testte en fazla grubun hipokotil boyunda (HPKBOY- 4 grup) olduğu, diğer karakterlerde ise populasyonların iki grupta toplandığı görülmektedir (Tablo 6). Hipokotil boyu yönünden 7 populasyondan *Payam* en düşük hipokotil boyu (2.46) ile ilk grubu tek başına oluşturmuş, diğer grupların ikisinde 2, birinde 4 populasyon yer almıştır.

Çevresel koşulların en az etkilediği karakterlerden olan kotiledon sayısı (KOTSAY) ortalama 8.58 olarak belirlenmiş iken, en az *Buladan* (8.45) ve *Tanzıt* (8.46), en fazla *Asmacık* (8.73) ve *Kozpınarı* (8.71) populasyonlarında belirlenmiştir (Tablo 6). Bolkar dağları kızılçamlarında kotiledon sayısı ortalama 8.6 (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001), karaçamlarında 9.2 (GÜLBABA 1998) olarak bulunmuştur. Antalya yöresi kızılçamlarında bu sayıları, ASLAN ve UĞURLU (1986) 9.3-7.7, IŞIK (1986) 8.1-9.2, KAYA ve IŞIK (1997) 8.1-8.8 olarak tespit etmişlerdir.

Gelişimle ilgili karakterler olan her iki yıla ait toplam boy ve dip çaplarda (BOY00, BOY01, CAP00, CAP01) populasyonlar arasında istatistiksel anlamda bir fark bulunmamıştır. Sedir populasyonlarının ortalama boyu ilk yıl (BOY00) 11.08 cm, ikinci yıl (BOY01) 19.41 cm, dip çapları ise ilk yıl (CAP00) 1.68 mm, ikinci yıl (CAP01) 3.13 mm olmuştur. DEMİRCİ ve BİLİR (2001) 22 sedir orijininde, üçüncü yaş sonunda, ortalama boyu 20.8 cm, ortalama dip çapı 4.1 mm bulmuştur. Boy (BOY00, BOY01) ve fidan dip çapı (CAP00, CAP01) gibi gelişim karakterlerinde en düşük performansı *Payam* populasyonu göstermiştir (Tablo 6). Birinci yıl boy artımı (epikotil boyu) (BOYART00) karakterinde populasyonlar arasında farklılık oluşmaz iken ikinci yıl boy ve çap artışı karakterlerinde populasyonlar arasında iki grup oluşmuş ve en düşük artım *Asmacık* populasyonunda görülmüştür.

Populasyonların ikinci yıl yapılan yan dal sayıları (DALSAY01) birbirlerinden istatistiksel olarak farklılık göstermiştir (Tablo 6). Bolkar dağları doğal sedir populasyonlarının ortalama yan dal sayısı 10.41 olarak tespit edilmiştir. *Asmacık* populasyonu en az yan dal sayısına sahip populasyondur (DALSAY01=9.62). Ortalama en fazla yan dal sayısı *Cocakdere* populasyonunda ve 10.94 olarak belirlenmiştir. ELER ve ark. (1993), iyi kalite sedir fidanlarında yan dal sayısını 10.4-18.5 olarak tespit etmişlerdir. Bolkar dağları sedirleri bu bulgularla uyumaktadır. Yan dal sayıları ile populasyonların yükselteleri arasında ilişki belirlenmemiştir. Oysa KAYA ve

IŞIK (1997) kızılçamlarda yükselti arttıkça yan dal sayısında azalma tespit etmişlerdir.

Tablo 6. Karakterlerin Populasyon Ortalamaları, Standart Hataları (parantez içinde) ve Genel Ortalamaları

Table 6. Population Means, Standard Errors (SE-in parenthesis) and Trial Means for Each Trait

Kodlanmış Fidan Karakterleri Coded Seedling Traits	POPULASYONLAR Populations							GENEL ORT. S.E. Overall Mean
	Buladan	Payam	Tanzit	Koz pınarı	Arslan köy	Co.dere	Asmacık	
KOTSAY	8.45 (0.05) a	8.53 (0.05) a	8.46 (0.05) a	8.71 (0.05) b	8.59 (0.05)ab	8.61 (0.05) ab	8.73 (0.05) b	8.58 (0.02)
HPKBOY	2.81 (0.05) d	2.46 (0.05) a	2.69 (0.05)bc	2.63 (0.05) b	2.85 (0.05) d	2.75 (0.04) cd	2.83 (0.05) d	2.72 (0.02)
TTES11	267.7 (1.12) ab	268.78 (1.16)ab	270.38 (1.07) b	270.46 (1.11) b	266.3 (1.10) a	267.7 (1.06) ab	266 (1.07) a	268.19 (0.42)
TPAT21	4.17 (0.01) b	4.17 (0.01) b	4.18 (0.01) b	4.17 (0.01) b	4.14 (0.01) a	4.16 (0.01) ab	4.16 (0.01) ab	4.16 (0.00)
TPAT21 ¹	65.1 (0.52)	65.18 (0.54)	65.44 (0.5)	65.04 (0.5)	62.83 (0.5)	64.33 (0.5)	63.98 (0.5)	64.55 (0.19)
TTES21	142.14 (0.9) ab	140.41 (0.98)ab	143 (0.91) b	142.6 (0.91) b	140.18 (0.91)ab	140.25 (0.9) ab	138.83 (0.91) a	141.06 (0.35)
TPAT22	5.09 (0.02) a	5.04 (0.02) a	5.06 (0.01) a	5.1 (0.02) a	5.05 (0.02) a	5.05 (0.01) a	5.03 (0.01) a	5.06 (0.01)
TPAT22 ¹	163.45 (2.5)	155.28 (2.62)	158.9 (2.38)	164.81 (2.47)	157.92 (2.45)	157.18 (2.41)	154.22 (2.41)	158.82 (0.94)
TTES22	5.29 (0.01) a	5.26 (0.01) a	5.28 (0.01) a	5.29 (0.01) a	5.26 (0.01) a	5.25 (0.01) a	5.26 (0.01) a	5.27 (0.005)
TTES22 ¹	199.01 (2.52)	193.68 (2.63)	196.7 (2.33)	198.73 (2.43)	194.05 (2.43)	191.31 (2.38)	193.74 (2.38)	195.3 (0.93)
BOY00	11.17 (0.25) a	10.41 (0.26) a	11.03 (0.24) a	11.16 (0.24) a	11.49 (0.24) a	11.41 (0.24) a	10.86 (0.24) a	11.08 (0.10)
CAP00	1.7 (0.02) a	1.6 (0.03) a	1.71 (0.02) a	1.68 (0.02) a	1.66 (0.02) a	1.69 (0.02) a	1.69 (0.02) a	1.68 (0.01)
BOYART00	8.38 (0.23) a	7.95 (0.24) a	8.35 (0.22) a	8.54 (0.23) a	8.58 (0.23) a	8.68 (0.23) a	8.06 (0.22) a	8.37 (0.09)
BOY01	19.4 (0.29) a	18.62 (0.31) a	19.23 (0.28) a	19.62 (0.29) a	20.25 (0.29) a	19.66 (0.28) a	18.89 (0.28) a	19.41 (0.11)
BOYART01	8.12 (0.16) ab	7.9 (0.17) a	8.06 (0.15) b	8.35 (0.15)ab	8.56 (0.16) b	8.29 (0.16) ab	7.76 (0.15) a	8.15 (0.06)
CAP01	3.16 (0.04) a	3.05 (0.04) a	3.11 (0.04) a	3.19 (0.04) a	3.12 (0.04) a	3.15 (0.04) a	3.1 (0.04) a	3.13 (0.02)
CAPART01	1.42 (0.03) ab	1.44 (0.03)ab	1.41 (0.03)ab	1.51 (0.03) b	1.45 (0.03)ab	1.46 (0.03) ab	1.39 (0.03) a	1.44 (0.01)
CIMSURE	67.07 (1.06) a	64.2 (1.11) a	65.54 (1.02) a	68.01 (1.04) a	64.32 (1.04) a	64.07 (1.04) a	62.41 (1.03) a	65.09 (0.41)
DALSAY01	10.7 (0.29) b	9.93 (0.3) ab	10.72 (0.27) b	10.67 (0.27) b	10.26 (0.27)ab	10.94 (0.27) b	9.62 (0.27) a	10.41 (0.11)

*: 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

Sedir tohumlarının ekimden itibaren çıktığı gün sayıları olan çimlenme süreleri (CİMSÜRE), en erken *Asmacık* populasyonunda 62,41' inci gün, en geç *Kozpınarı* populasyonunda 68,01' inci gün ve ortalama 65,09' uncu gün olarak

tespit edilmiş ve populasyonlar arasında istatistiksel olarak bir farklılık tespit edilememiştir (Tablo 6). IŞIK (1986) kızılçalarda 22.4-38.9 gün, DOĞAN (1997) 31.5-38.9 gün olarak tespit etmişlerdir. Bolkar dağları kızılçalarda çimlenme 35'inci günde başlayıp hemen hemen 80-90'ıncı günlerde tamamlanmış, ortalama 60.7 gündür (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001). Bolkar dağları karaçamlarında ise çimlenme süresi ortalama 18.6-21.1 gün olarak tespit edilmiştir (GÜLBABA 1998). Sedirinin, kızılçam ve karaçamlardan daha geç çimlenme özelliğine sahip olduğu görülmektedir. Bu geç çimlenme sedir tohumlarında bulunan çimlenme engeline bağlanmaktadır (ERKULOĞLU 1994; ODABAŞI 1990). Nitekim, doğada sedir tohumlarının döküm zamanı ekim ayından başlayarak kış ortasına kadar devam ettiği (ODABAŞI 1990) ve bu döküm zamanının, doğal soğuk-ıslak ön işlem işlevi görecelik çimlenme engelini giderdiği anlaşılmaktadır. Populasyonların yükselteleri ile ortalama çimlenme süreleri arasında negatif ve yüksek sayılabilecek oranda ilişki tespit edilmiştir ($r = -0.835$). ***Yani, populasyonların yükseltisi arttıkça sedir tohumları daha erken çimlenmektedirler. En yüksek (1500-1650 m) populasyonlar olan Cocakdere, Asmacık, Arslanköy, Payam erken çimlenme süresine (CIMSURE=62.4-64.3), diğer yükseklik kademeleri olan 1320-1400 m populasyonları (Buladan, Kozpınarı ve Tanzıt) daha geç çimlenme süresine (CIMSURE=65.5-68.0) sahiptir (Tablo 6). Yükselti arttıkça vejetasyon süresi kısaldığından bu kısa vejetasyon süresinden azami faydayı sağlayabilmek için sedirlerin çimlenme sürelerini kısaltıcı mekanizmalar geliştirdiği anlaşılmaktadır.*** Bu ilişki, kızılçalarda sedirin aksine, yükselti arttıkça çimlenme süresinin uzadığı şeklinde belirlenmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001; IŞIK 1986; İKTÜEREN 1977).

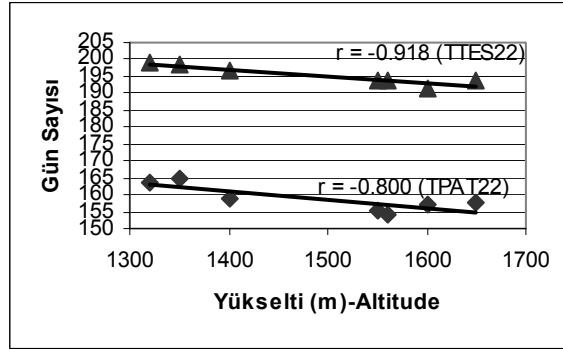
Populasyonların uyum kabiliyeti bakımından önemli olan tomurcuk oluşturma (TTES) ve patlatma tarihleri (TPAT), populasyon düzeyinde farklılaşmaları fazla olmamakla birlikte asıl farklılaşma populasyon içi aileler arasında olmaktadır (Tablo 5). Örneklenen sedir populasyonlarında tohum ekiminin yapıldığı ve birinci vejetasyon dönemi olan 2000 yılında yani birinci yaşta tomurcuk ortalama TTES11=268.19 gün, yani ağustos ayı sonunda oluşmuştur. İlk yıl tomurcuk oluşturmada populasyonlar arasında farklılıklar oluşmuş ve yapılan gruplandırmada esas olarak iki grup oluşmuştur (Tablo 6). İlk yıl tomurcuk oluşturma günü (TTES11) en erken *Asmacık* populasyonunda 266,00., en geç 270,46. günde *Kozpınarı* populasyonunda gözlenmiştir (Tablo 6). ***%8.5 kadar sedir bireyinin birinci yıl ilk tomurcuk oluşumundan ortalama iki hafta sonra tomurcuklarını tekrar patlatarak yaz sürgünü oluşturdukları, birkaç bireyin ise tekrar tomurcuk oluşturma ve patlatma faaliyeti göstererek ikinci defa yaz sürgünü oluşturdukları gözlenmiştir*** (Veriler analize dahil edilmemiştir).

İkinci yıl ilk tomurcuk patlatma tarihinde (TPAT21) populasyonlar arasında farklılıklar olduğundan yapılan gruplandırmada esas olarak iki grup

oluşmuştur. İlk grubu, en erken tomurcuk patlatan (TPAT21=62.83) *Arslanköy* popülasyonu oluşturmuştur. Sedir fidanları ikinci yıl ilk tomurcuklarını patlatmaya 57. (şubat sonu) gün başlamışlar ve 76. (mart ortaları) gün büyük ölçüde ve ortalama 64.55'inci gün tamamlamışlardır. Fidanlar gelişimlerini tamamladıktan sonra tomurcuk bağlama, tekrar 120. günde (nisan sonu) başlamış ve 163. günde (haziran başı) tamamlanmış ve popülasyonlar ortalama 141.06'inci (mayıs sonları) gün tomurcuk bağlamışlardır (TTES21). İkinci yıl ilk tomurcuk oluşturma tarihinde (TTES21) de ilk yıl olduğu gibi *Asmacık* (TTES21=138.83) en erken tomurcuk bağlayan popülasyon olmuştur. İkinci yıl sedirlerde ilk gelişim periyodu (TTES21-TPAT21) 76.5 gün devam etmiştir. Bu ilk gelişim periyodundan sonra, sedir fidanları, ortalama 18 günlük bir dinlenme döneminin arkasından tekrar tomurcuk patlatarak (TPAT22) ilk yaz sürgünü evresini başlatmışlardır. Bu evre popülasyonlar için ortalama 158.82'üncü gün (haziranın ilk haftası) başlamıştır. Bu evre ortalama beş haftadan biraz fazla devam ederek (36.48 gün) fidanlar yeniden tomurcuk bağlamışlardır (TTES22=195.3). Yaz sürgünü dönemlerindeki tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihlerinde popülasyonlar arasında istatistiksel bir farklılık tespit edilmemiştir (Tablo 6). FADY (1990)'de Lübnan'da yaptığı gözlemlerde sedirlerde iki büyüme periyodu, nisan ortalarında başlayıp haziran ortasına kadar devam eden ilk büyüme periyodundan sonra, ikinci periyodun ekim ayında başladığını belirlemiştir. Bolkar dağları karaçamlarında ve kızılçamlarında da yaz sürgünü verme özellikleri belirlenmiştir (GÜLBABA 1998; GÜLBABA ve ÖZKURT 2001).

Gözlem yapılan iki yaşlı sedir bireylerinin %12.5 kadarı ilk yaz sürgünü evresini kapadıktan (TTES22) ortalama 51 gün sonra (eylülün ilk haftası) tekrar tomurcuklarını patlatarak (TPAT23) ikinci defa yaz sürgünü (Üçüncü sürgün) oluşturmaya başladıkları gözlenmiştir. Bu evre ortalama 15-20 gün devam etmiş ve eylülün sonuna doğru tekrar tomurcuk oluşturmışlardır (Veriler analize dahil edilmemiştir). Tarsus/Karabucak'ta bulunan DOA araştırma fidanlığı koşullarında her iki yaşta da sedir fidanlarının esas olarak iki büyüme periyodu fakat, birinci yaşta birkaç birey, ikinci yaşta %12.5 kadar bireyin üçüncü büyüme periyodu gösterdikleri belirlenmiştir. Üçüncü büyüme periyodu gösteren birey sayısındaki ikinci yıl artışa neden olarak, sedirlerin yaş ilerledikçe bulunduğu çevresel koşullara daha çok bireyin uyum sağlayarak, uygun koşullardan daha fazla faydalanabilecek adaptasyon yeteneği geliştirdikleri ileri sürülebilir. Ayrıca, bu durum farklı adaptasyon yeteneğine sahip bireylerin varlığının ve genetik çeşitliliğin de göstergesi sayılabilir. Görüldüğü gibi sedirlerin de kızılçamlar kadar hızlı olmasa da uygun ortam koşullarında tomurcuk patlatma ve oluşturma mekanizmalarını kolayca harekete geçirme özelliğine sahip oldukları ve birleşik sürgün yaptıkları anlaşılmaktadır.

Populasyonların uyum kabiliyeti bakımından önemli olan tomurcuk oluşturma (TTES) ve patlatma tarihleri (TPAT) ile populasyonların yükseltisi arasında ters yönde ve yüksek oranda doğrusal ilişki tespit edilmiştir (TTES11: $r=-0.646$; TPAT21: $r=-0.754$; TTES21: $r=-0.829$; TPAT22: $r=-0.800$ TTES22: $r=-0.918$). Buna göre; populasyonların yükseltisi arttıkça daha erken tarihte tomurcuk oluşturdıkları ve patlattıkları anlaşılmaktadır (Şekil 3).



Şekil 3. Tomurcuk Oluşturma ve Patlatma Tarihleri ile Populasyonların Yükseltisi Arasındaki İlişki

Figure 3. Relationship Between Bud Burst, Bud Set Date and Altitude.

Belirlenen iki yükselti basamağından üst yüksek zon (1500-1650 m) populasyonları (*Cocakdere, Asmacık, Arslanköy, Payam*) ve alt yüksek zon (1300-1400 m) populasyonları (*Buladan, Kozpınarı ve Tanzit*) tomurcuk oluşturma ve patlatma gün sayıları bakımından, her zon kendi içerisinde birbirlerine yakın değerler göstermektedir. Üst yüksek zon populasyonları, alt yüksek zon populasyonlarına göre daha erken tomurcuk oluşturmakta ve daha erken patlatmaktadır (Şekil 3).

Bu ilişki, ATALAY (1987)'in "aynı yamaçtan alınan tohumun 150 m kadar yükseğe, 200 m kadar düşük rakım farkı arasında bir yükseklik farkı arasında oynatılmalı ve/veya transfer edilmeli" önerisine uyulmasının gerekliliğini bir kez daha göstermektedir. Aynı zamanda bu ilişki BOYDAK ve ark. (1990)' nın da belirttiği gibi sedir tohum ekimlerinde lokal tohum kullanımına ve tohum transfer kurallarına uyulmaması durumunda başarının olumsuz yönde etkilenebileceğinin de göstergesidir.

Ağaç ve orman sınırlarına yaklaştıkça, koşullar güçleşmekte ve ancak bu şartlara uyum sağlayabilen bireyler yaşayabilmekte, genetik taban daralmaktadır. Bu nedenle üst yüksek zonlarda yapılacak tohum transferlerinde, TALAY (1987)'in belirttiği yükseklik farkının daha da daraltılması gerektiği, belirtilmiştir (A.Ş. AYHAN¹ ile kişisel görüşme 2002).

¹ Emekli Orman Yük. Müh. Mersin

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).

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 ortalaması olarak en yüksek genetik ve fenotipik çeşitlilik birinci yıl boy artışında (BOYART00: CV_g=25.7; CV_f=18.3), çimlenme süresinde (CIMSURE: CV_g=24.6; CV_f=13.4), birinci yıl toplam boyda (BOY00: CV_g=22.3; CV_f=15.1) ve hipokotil boyunda (HPKBOY: CV_g=21.9; CV_f=12.8) belirlenmiştir. En düşük seviyede genetik ve fenotipik çeşitlilik gösteren karakterler ise TTES11, TPAT21, TTES21, TPAT22, TTES22 ve CAPART01 olmuştur. Uyum kabiliyetleri ile ilgili karakterlerin çeşitlilik katsayıları düşük seviyede olmasına rağmen populasyonların birbirlerine benzemezlikleri en yüksek seviyededir (Tablo 7). Benzer şekilde Bolkar dağları kızılçamlarında ve karaçamlarında da tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihlerinin varyasyon katsayıları düşük oranda bulunmuştur (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001; GÜLBABA 2002).

Genetik ve fenotipik çeşitlilik katsayılarının populasyonlar arasındaki seviyeleri incelendiğinde ilgili karakterler arasında büyük farklılıklar olduğu görülmektedir (Tablo 7). Örneğin kotiledon sayıları (KOTSAY) için genetik varyasyon katsayısı *Payam* populasyonu için en yüksek seviyede (CV_g=7.3) iken, en düşük seviyede *Tanzıt* populasyonunda (CV_g=2.1) tespit edilmiştir. Aralarındaki farkın oranı, yani benzemezlik oranı %71'dir. Fenotipik varyasyon katsayısında en yüksek (CV_f=4.8) *Payam* populasyonunda belirlenirken, en düşük (CV_f=3.8) *Buladan* populasyonunda belirlenmiştir. İki populasyon arasındaki fark %24 seviyesindedir. Populasyonlar arasındaki genetik varyasyon katsayısı benzemezlik oranı %100 (TTES11, TPAT21, TTES21, TPAT22, TTES22, BOYART01 ve CAPART01) ile %26 (CIMSURE) arasında, fenotipik varyasyon katsayısında ise benzemezlik oranı %39 (TTES11) ile %16 (TPAT22) arasında tespit edilmiştir. Populasyonlar ortalama olarak birbirlerine genetik olarak %38, fenotipik olarak %16 oranında benzememektedirler. Populasyonlar arasındaki genetik varyasyon benzemezlik oranı, fenotipik varyasyon benzemezlik oranından bütün karakterler için daha yüksektir (Tablo 7). Aynı durum Bolkar dağları kızılçamları ve karaçamlarında da tespit edilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001; GÜLBABA 2002).

Tablo 7. Genetik (%CV_g) ve Fenotipik¹ (%CV_f) Varyasyon Katsayıları
Table 7. Coefficient of Genetic (%CV_g) and Phenotypic¹ (%CV_f) Variations

Kodlanmış Fidan Karakterleri Coded Seedling Traits	POPULASYONLAR –Populations							Karak. Ort. Mean Of Traits	Benze mezlilik Oranı % % dissimilarity
	Buladan	Payam	Tanzit	K.pınarı	Ar.köy	Coc.dere	Asmacık		
KOTSAY	4.3 (3.8)	7.3* (4.8)*	2.1 (5.0)	6.8 (4.2)	6.7 (4.1)	6.3 (3.9)	5.4 (3.9)	5.8 (4.0)	71 (24)
HPKBOY	19.4 (11.5)	26.5 (15.6)	24.7 (13.7)	18.1 (11.2)	23.3 (13.7)	18.6 (11.3)	22.6 (12.9)	21.9 (12.8)	32 (28)
TTES11	5.4 (3.2)	2.5 (2.6)	0.0 (2.0)	2.5 (2.2)	3.9 (2.8)	1.5 (2.3)	3.2 (2.8)	3.1 (2.5)	100 (39)
TPAT21	1.4 (1.1)	1.9 (1.3)	1.5 (1.3)	1.3 (1.1)	1.8 (1.3)	1.6 (1.3)	0.4 (1.0)	1.5 (1.2)	77 (26)
TTES21	7.5 (4.8)	0 (4.6)	5.4 (4.2)	5.0 (4.1)	4.1 (3.3)	2.8 (3.6)	2.6 (3.7)	4.3 (4.0)	100 (31)
TPAT22	2.1 (1.9)	1.9 (1.9)	1.7 (1.6)	1.7 (1.8)	2.5 (1.8)	0.0 (1.7)	0.0 (1.6)	1.5 (1.7)	100 (16)
TTES22	1.6 (1.5)	0.0 (1.5)	1.0 (1.4)	0.0 (1.3)	1.9 (1.5)	0.0 (1.1)	0.8 (1.3)	0.9 (1.3)	100 (27)
BOY00	24.8 (15.2)	18.2 (15.6)	24.1 (14.5)	24.9 (16.2)	25.7 (16.5)	13.2 (12.6)	21.4 (14.8)	22.3 (15.1)	49 (23)
CAP00	9.7 (8.6)	14.2 (9.9)	13.5 (9.0)	11.1 (9.1)	6.1 (8.2)	4.1 (7.7)	13.4 (9.2)	10.1 (8.8)	71 (22)
BOYART00	27.7 (17.8)	19.2 (18.8)	27.1 (17.2)	31.6 (20.6)	29.7 (20.3)	10.8 (14.4)	25.2 (18.8)	25.7 (18.3)	66 (30)
BOY01	15.3 (10.6)	13.0 (10.8)	14.2 (9.2)	17.6 (10.8)	13.3 (9.7)	14.3 (10.1)	3.9 (7.8)	13.7 (9.9)	78 (29)
BOYART01	11.9 (10.9)	16.1 (14.1)	14.8 (12.0)	16.2 (12.0)	24.8 (14.7)	0.0 (11.0)	0.0 (11.7)	9.8 (11.2)	100 (26)
CAP01	13.4 (9.0)	0.0 (7.5)	9.5 (7.4)	8.9 (7.2)	0.0 (6.6)	4.5 (6.4)	9.3 (7.0)	8.0 (7.2)	100 (29)
CAPART01	14.4 (12.1)	0.0 (13.1)	10.2 (11.8)	0.0 (9.4)	0.0 (10.8)	0.0 (9.5)	14.5 (11.6)	3.2 (10.4)	100 (29)
CIMSURE	20.3 (11.6)	24.6 (13.4)	26.5 (14.0)	20.9 (11.2)	25.5 (14.0)	27.3 (14.6)	27.2 (14.6)	24.6 (13.4)	26 (23)
DALSAY01	19.3 (16.2)	21.3 (18.5)	9.9 (13.7)	18.6 (14.8)	26.1 (18.5)	18.9 (17.4)	12.2 (14.7)	18.6 (16.3)	53 (26)
Pop.ORT. Pop.Mean	12.4 (8.7)	10.4 (9.6)	11.6 (8.6)	11.6 (8.6)	12.2 (9.2)	7.7 (8.1)	10.1 (8.6)	11.0 (8.6)	38 (16)

¹: Parantez içerisinde- In pranthesis

*: koyu rakamlar varyasyon katsayısının en yüksek olduğu populasyonu göstermektedir. *:populations having the highest coefficient of variation are shown in bold

Karakterlerin genetik ve fenotipik varyasyon katsayılarına populasyonlar itibariyle bakıldığında, *Arslanköy* populasyonu gözlenen 16 karakter içerisinde beş adet karakterde en yüksek genetik ve dört karakterde en yüksek fenotipik varyasyona sahip tek populasyondur. *Arslanköy* populasyonunu dört karakterde en yüksek genetik varyasyona sahip *Payam* takip etmektedir. Bu populasyon aynı zamanda yedi karakterde en yüksek fenotipik varyasyon katsayısına sahiptir. *Cocakdere* populasyonu ise yedi karakterde populasyonlar arasında en düşük genetik varyasyon gösteren tek populasyon olmuştur. *Populasyonların ortalamaları incelendiğinde Buladan*

ve Arslanköy en yüksek genetik varyasyon katsayısına ($CV_g=12.4$, $CV_g=12.2$) sahip populasyonlardır. Payam ve Arslanköy en yüksek fenotipik varyasyon katsayısına sahip populasyonlardır ($CV_f=9.6$, $CV_f=9.2$). Yani bu populasyonlar genetik ve fenotipik olarak en fazla çeşitliliğe sahiptir. En düşük genetik ($CV_g=7.7$) ve fenotipik ($CV_f=8.1$) çeşitlilik Cocakdere populasyonunda belirlenmiştir (Tablo 7). Bulunan bu çeşitlilik katsayılarının yeterli seviyede ve diğer ağaç türlerinde bulunan değerler arasında 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 (CV_g) 4.37, çap için 8.01 olarak bulmuştur. IŞIK ve ark. (1999), Antalya-Düzlerçamı deneme alanında kızılçamlar üzerinde yaptıkları çalışmada boy için genetik varyasyon katsayısını 7.1, çap için 7.9 olarak hesaplamışlardır. GÜLBABA (2002), Bolkar dağları karaçamlarında genetik varyasyon katsayısını karakter ortalamaları olarak, 23.0 ile 2.4 arasında, populasyon ortalamasını ise en yüksek 14.4 bulmuştur. Bolkar dağları kızılçamlarında genetik varyasyon katsayısı, karakter ortalaması olarak 22.6-1.2 arasında belirlenmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001). 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 sedir populasyonlarında karakterlerin aile düzeyinde hesaplanan kalıtım dereceleri 0.02 (CAPART01) ile 0.85 (CIMSURE) arasında bulunmuştur (Tablo 5). **En yüksek kalıtım derecesi 0.85 ile çimlenme süresinde hesaplanmıştır.** Bunu hipokotil boyu (HPKBOY=0.73), birinci yıl toplam boy gelişimi (BOY00=0.55) ve birinci yıl boy artımı yani epikotil boyu (BOYART00=0.49) takip etmiştir. İkinci yıl boy gelişiminde kalıtım derecesi, birinci yıldan düşük ve orta seviyede bulunmuştur (BOY01=0.48, BOYART01=0.19). Çap gelişimi kalıtım dereceleri orta seviyede 0.38 (CAP00) ve 0.21 (CAP01) olarak hesaplanmıştır. **Boylanmaya ait karakterlerin kalıtım dereceleri, çap gelişimine ait karakterlerin kalıtım derecelerinden daha yüksek bulunmuştur (Tablo 5). İkinci yıl çap ve boy gelişimlerinin kalıtım dereceleri birinci yıldan daha düşüktür. Bu da birinci yıl bu gelişimler üzerine ana etkisinin daha yüksek olduğu ve yıl ilerledikçe bu etkinin azaldığını göstermektedir.**

Fenolojik gözlemlere ait tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihlerinin kalıtım dereceleri (TTES11=0.37, TPAT21=0.37, TTES21=0.30, TPAT22=0.19, TTES22=0.11) orta seviyelerde tespit edilmiştir (Tablo 5). **Yaz sürgünü oluşumu ile ilgili karakterler olan ikinci defa tomurcuk patlatma**

(TPAT22) ve oluřturma (TTES22) tarihlerinin kalıtım dereceleri, ikinci yıl ilk baharda tomurcuk oluřturma ve patlatma tarihlerinin kalıtım derecelerinden daha dūřüktür. Bu durum, yaz sürgünü oluřturma mekanizmalarının daha ziyade çevresel kořulların uygun olması durumunda harekete geçirildiđinin göstergesi sayılabilir. Kızılçamlarla yapılan çalıřmalarda aile düzeyi kalıtım derecelerini IŐIK ve KAYA (1993) 0.20-0.96, DOĐAN (1997) 0.39-0.84 GÜLBABA ve ÖZKURT (2001) 0.03-0.73 arasında bulmuřlardır. KAYA ve TEMERİT (1994), karaçamda yaptıkları çalıřmada kalıtım derecelerini 0.28-0.98 arasında bulmuřlardır. Bolkar dađlarına ait karaçamlarda yapılan çalıřmada kalıtım derecesi 0.04-0.69 arasında bulunmuřtur (GÜLBABA, 1998). Bolkar dađları sedirleri için bu çalıřmada belirlenen aile düzeyi kalıtım dereceleri diđer türlerle yapılan çalıřmalarla uyum içerisindedir. Ancak unutulmamalıdır ki; bir karaktere ait verilen kalıtım derecesi belirli çevresel şartlar altındaki belirli popülasyona özgüdür (FALCONER ve MACKAY, 1996). Bu nedenle kalıtım dereceleri sadece belirtilen popülasyonların bulunduđu ortam için geçerlidir.

3. 3. Fidan Karakterleri Arasındaki Genetik ve Fenotipik İliřkiler (Korelasyonlar)

Yapılan korelasyon analizleri sonucu; fidan karakterlerine ait genetik iliřkilerin fenotipik iliřkilere göre daha yüksek, aynı řekilde standart hatalarının da yüksek ve iliřkilerin genelde aynı dođrultuda oldukları tespit edilmiřtir (Tablo 8). Benzer sonuçları kızılçamda IŐIK ve KAYA (1995), GÜLBABA ve ÖZKURT (2001), Kazdađı göknarında VELİOĐLU ve ark. (1999b), Bolkar dađları dođal karaçamlarında GÜLBABA (1998) bulmuřtur. Genetik iliřkilerin fenotipik iliřkilerden daha yüksek çıkması, çevresel kořulların olumsuz etkilerinin iki karakter arasında negatif bir iliřki yaratması ile açıklanabilir (IŐIK ve KAYA, 1995).

Tohumların çimlenme süreleri (CİMSÜRE) ile tomurcuk oluřturma ve patlatma tarihleri (TTES11, TPAT21 vb) arasında pozitif, gelişim karakterleri (CAP00, CAP01, BOY00, BOY01 vb) ile negatif ve çeřitli seviyelerde genetik ve fenotipik iliřki tespit edilmiřtir. Dođal olarak geç çimlenen tohumların, aynı dönem içerisinde erken çimlenen ve daha önce büyümeye bařlayan fidanlardan daha ince çap ve daha az boy büyümesi yapması beklenir. Erken çimlenerek erken büyümeye bařlayan fidanların erken tomurcuk oluřturacakları ve erken tomurcuk patlatacakları anlařılmaktadır. Aynı yöndeki iliřkiler Bolkar dađları kızılçamlarında da tespit edilmiřtir (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001).

Kotiledon sayısı (KOTSAY) ile ilk yıl toplam boy gelişimi (BOY00), dip çap (CAP00 ve ikinci yıl boy (BOY01) arasında pozitif yönde, fakat zayıf genetik iliřki bulunmuřtur. Hatta, ikinci yıl çap artımında (CAPART01) kuvvetli ve negatif iliřki belirlenmiřtir (Tablo 8). Aynı iliřkiler, kızılçamlarda

IŞIK (1986), IŞIK ve KAYA (1995) ve DOĞAN (1997), GÜLBABA ve ÖZKURT (2001), karaçamlarda KAYA ve TEMERİT (1994), GÜLBABA (1998) tarafından pozitif yönde ve daha kuvvetli olarak tespit edilmiştir.

Fenolojik gözlemlere ait karakterler olan tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihleri ile diğer incelenen karakterler arasındaki fenotipik ilişkiler zayıf olarak tespit edilmesine rağmen bazı gelişim karakterleri ile kuvvetli genetik ilişkiler belirlenmiştir. Bu ilişki, ilk tomurcuk oluşturma tarihi (TTES11) ile ilk yıl toplam boy (BOY00) ve boy artışında (BOYART00) pozitif, ikinci yıl çap artımı (CAPART01) ve boy artımı (BOYART01) arasında negatif yöndedir. Aynı şekilde ikinci yıl ilk baharda ilk tomurcuk patlatma tarihi (TPAT21) ile her iki yıl büyüme karakterleri (BOYART01 hariç), özellikle çap gelişim karakterleri ile pozitif ve kuvvetli ilişki bulunmaktadır. İkinci yıl ilk tomurcuk oluşturma tarihi (TTES21) ile ikinci yıl toplam boy (BOY01), boy artışı (BOYART01) ve çap artışı (ÇAPART01) arasında genetik olarak negatif, kuvvetli ilişki tespit edilmiştir. Yani geç tomurcuk oluşturan fidanların çapları ve boyları düşük olmaktadır. Sedirlerde geç tomurcuk patlatıp erken tomurcuk oluşturan, vejetasyon süresi kısa bireylerin boyları daha uzun, çapları daha kalın olmaktadır. Hesaplanan vejetasyon süreleri (TPAT21-TTES21; TPAT22-TTES22) ile çap ve boy arasında negatif ilişki bulunmuştur (analizler verilmemiştir). ***Buna göre çap ve boy gelişiminin vejetasyon süresinin uzunluğu ile doğru orantılı olmadığı anlaşılmaktadır. İkinci yıl ilkbaharda tomurcuklarını geç patlatıp, erken kapatan bireylerin fizyolojik olarak boy ve çap gelişimine daha hazırlıklı oldukları ve vejetasyon başlar başlamaz bütün enerjilerini boy ve çap gelişimine harcıyıp daha uzun ve kalın çaplı oldukları anlaşılmaktadır.*** Bu karakterlerle ilgili negatif ilişki, KAYA ve TEMERİT (1994), GÜLBABA (1998), VELİOĞLU ve ark., (1999a) tarafından karaçamlarda ve GÜLBABA ve ÖZKURT (2001) kızılçamalarda belirlemişlerdir.

Sedirlerin ikinci vejetasyon döneminde ilk tomurcuk oluşturma tarihi (TTES21) ile tomurcukların tekrar patlatılması (TPAT22) ve tekrar tomurcuk oluşturmaları (TTES22) arasında genetik olarak pozitif yönde ve tam ilişki belirlenmiştir. Yani ***ilk defa tomurcuk oluşturmaya geç yapan fidanların tomurcuklarını tekrar patlatmaları ve oluşturmaları da geç olmaktadır.*** Gelişim ile ilgili karakterler olan boy ve çaplar arasında genetik ve fenotipik olarak pozitif ve yüksek oranda ilişkiler belirlenmiştir (Tablo 8).

Tablo 8. Fidan Karakterlerine ait Genetik (diyagonal üstü) ve Fenotipik (diyagonal altı) ilişkiler ve Standart Hataları

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

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
(1)Kotsay		-0.832 ±0.13	0.016 ±0.20	0.311 ±0.20	-0.121 ±0.38	-0.063 ±0.33	-0.415 ±0.39	0.149 ±0.16	0.257 ±0.18	0.209 ±0.17	0.130 ±0.19	-0.082 ±0.37	-0.014 ±0.26	-0.674 ±1.28	-0.169 ±0.12	-0.179 ±0.24
(2)Hpkyoy	-0.009 ±0.05		0.325 ±0.16	0.248 ±0.15	0.260 ±0.35	0.583 ±0.38	0.540 ±0.38	0.470 ±0.12	0.129 ±0.15	0.202 ±0.14	0.492 ±0.14	0.342 ±0.37	0.119 ±0.21	0.324 ±0.73	0.277 ±0.01	0.001 ±0.19
(3)Ttes11	0.029 ±0.05	0.081 ±0.05		0.459 ±0.21	0.079 ±0.49	0.145 ±0.42	0.056 ±0.43	0.492 ±0.16	0.370 ±0.21	0.481 ±0.17	0.270 ±0.21	-0.511 ±0.51	0.212 ±0.30	-0.396 ±1.11	0.621 ±0.14	0.550 ±0.25
(4)Tpat21	-0.058 ±0.05	0.111 ±0.05	0.242 ±0.04		-0.343 ±0.50	-0.423 ±0.45	0.196 ±0.42	0.510 ±0.19	0.417 ±0.22	0.501 ±0.19	0.313 ±0.22	-0.017 ±0.45	0.518 ±0.323	0.973 ±1.73	0.113 ±0.137	0.444 ±0.28
(5)Ttes21	-0.116 ±0.05	-0.038 ±0.05	-0.084 ±0.05	-0.020 ±0.05		1.000 ±0.59	1.000 ±0.88	-0.381 ±0.41	0.074 ±0.47	-0.511 ±0.47	-0.619 ±0.63	-0.975 ±1.62	0.463 ±0.68	-1.000 ±2.31	0.232 ±0.30	-0.358 ±0.65
(6)Tpat22	-0.131 ±0.05	-0.011 ±0.05	0.003 ±0.05	-0.004 ±0.05	0.484 ±0.04		0.489 ±0.59	-0.162 ±0.35	-0.636 ±0.49	-0.341 ±0.40	-0.038 ±0.40	0.261 ±0.78	-0.154 ±0.54	0.706 ±1.73	0.324 ±0.26	0.044 ±0.50
(7)Ttes22	-0.082 ±0.05	0.038 ±0.046	-0.031 ±0.05	0.059 ±0.05	0.226 ±0.04	0.425 ±0.04		-0.118 ±0.04	0.207 ±0.50	-0.285 ±0.40	-0.219 ±0.40	-0.589 ±0.78	0.321 ±0.65	0.329 ±1.54	0.299 ±0.28	0.045 ±0.53
(8)Boy00	0.073 ±0.05	0.262 ±0.05	0.048 ±0.04	0.237 ±0.04	-0.171 ±0.04	-0.021 ±0.05	-0.088 ±0.05		0.741 ±0.10	0.961 ±0.01	0.968 ±0.05	0.365 ±0.42	0.692 ±0.15	0.194 ±0.59	-0.094 ±0.12	0.616 ±0.16
(9)Cap00	0.117 ±0.05	0.105 ±0.05	0.295 ±0.04	0.082 ±0.05	-0.126 ±0.05	-0.034 ±0.05	-0.124 ±0.05	0.661 ±0.03		0.779 ±0.10	0.647 ±0.14	0.123 ±0.43	0.953 ±0.165	0.397 ±0.95	-0.451 ±0.13	0.829 ±0.20
(10)Boyart00	0.077 ±0.05	0.072 ±0.05	0.483 ±0.04	0.223 ±0.04	-0.163 ±0.04	-0.020 ±0.05	-0.102 ±0.05	0.976 ±0.00	0.670 ±0.03		0.921 ±0.06	0.309 ±0.43	0.732 ±0.15	0.133 ±0.63	-0.204 ±0.12	0.694 ±0.16
(11)Boy01	0.062 ±0.05	0.169 ±0.05	0.299 ±0.04	0.075 ±0.05	0.047 ±0.05	0.022 ±0.05	-0.193 ±0.04	0.809 ±0.02	0.557 ±0.03	0.803 ±0.02		0.568 ±0.31	0.621 ±0.17	0.263 ±0.61	-0.250 ±0.13	0.358 ±0.228
(12)Boyart01	0.026 ±0.05	-0.052 ±0.05	-0.099 ±0.05	-0.206 ±0.04	0.321 ±0.04	0.069 ±0.05	-0.211 ±0.04	0.063 ±0.05	0.096 ±0.05	0.073 ±0.05	0.566 ±0.03		0.136 ±0.58	0.554 ±1.17	-0.526 ±0.38	-0.380 ±0.75
(13)Cap01	0.100 ±0.05	0.040 ±0.05	0.300 ±0.04	0.069 ±0.05	-0.041 ±0.05	-0.021 ±0.05	-0.138 ±0.05	0.656 ±0.03	0.633 ±0.03	0.672 ±0.03	0.725 ±0.02	0.353 ±0.04		0.641 ±0.54	-0.434 ±0.19	0.696 ±0.21
(14)Capart01	0.032 ±0.05	-0.034 ±0.05	0.162 ±0.04	0.030 ±0.05	0.075 ±0.05	0.022 ±0.05	-0.079 ±0.05	0.317 ±0.04	0.029 ±0.05	0.330 ±0.04	0.489 ±0.04	0.407 ±0.04	0.758 ±0.02		-0.208 ±0.53	0.067 ±0.92
(15)Cimsure	-0.071 ±0.05	0.154 ±0.05	0.184 ±0.05	0.003 ±0.05	0.058 ±0.05	0.113 ±0.05	0.085 ±0.05	-0.125 ±0.05	-0.226 ±0.05	-0.166 ±0.05	-0.139 ±0.05	-0.078 ±0.05	-0.178 ±0.05	-0.046 ±0.05		-0.232 ±0.16
(16)Dalsay01	0.062 ±0.05	0.036 ±0.05	0.294 ±0.04	0.099 ±0.05	0.072 ±0.05	-0.008 ±0.05	-0.158 ±0.04	0.553 ±0.03	0.464 ±0.04	0.563 ±0.03	0.646 ±0.03	0.352 ±0.04	0.631 ±0.03		0.431 ±0.04	-0.159 ±0.05

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 %53.9'unu oluştururken ikinci fonksiyon %25.9'unu teşkil etmektedir. Varyansın geriye kalan %20.2'si ise 3. ve 4. fonksiyon oluşturmaktadır. Özdeğer (Eigenvalue) değerlerine göre ilk iki fonksiyon, orijinal değişkenlerin (karakterleri) toplam %79.8' ini açıklayabilmektedir (Tablo 9).

Tablo 9. Kanonik Diskriminant Analizine Ait Varyans Oranları ve Özdeğerler

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

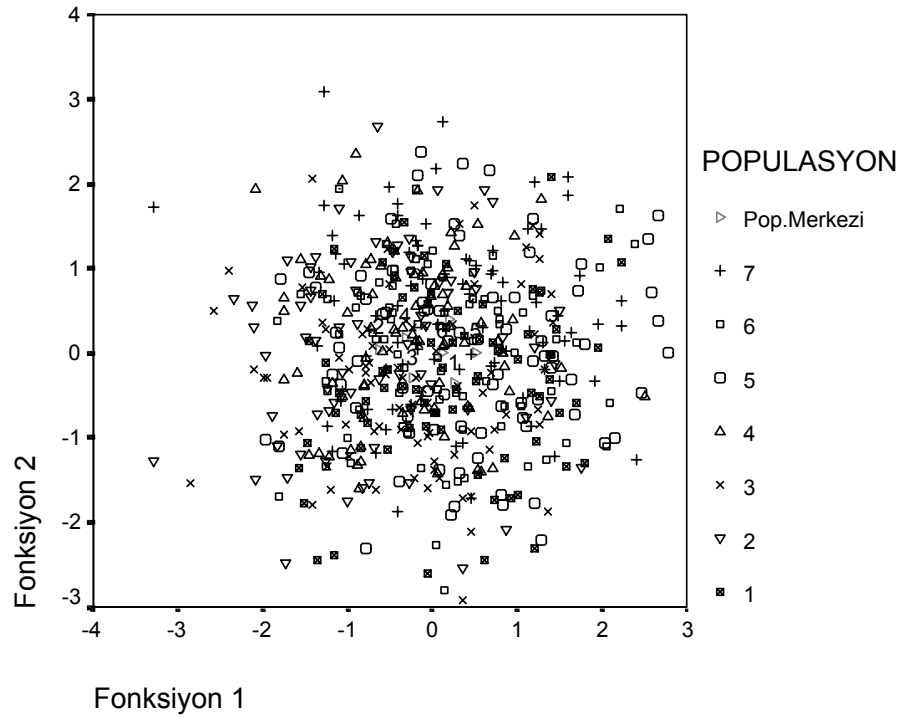
Fonksiyonlar Functions	Özdeğer Eigenvalue	Varyans Oranı (%) (%)Perc. of Variance	Toplam Varyans (%) (%)Cum. Varyans
1	0.128	53.9	53.9
2	0.062	25.9	79.8
3	0.037	15.4	95.2
4	0.011	4.8	100

Birinci kanonik diskriminant fonksiyonuna en büyük katkıyı hipokotil boyu (HPKBOY=0.798) ve ikinci yıl boy artımı (BOYART01=0.301) pozitif yönde, ilk yıl tomurcuk teşekkülü (TTES11=-0.452) negatif yönde yapmaktadır. İkinci fonksiyona ise kotiledon sayıları (KOTSAY=0.857), ilk yıl tomurcuk teşekkülü (TTES11=-0.388) ve ikinci yıl boy karakterleri (BOY01=-0.258, BOYART=-0.229) yüksek oranda katkı sağlamışlardır (Tablo verilmemiştir).

Populasyonların aile ortalamalarının fonksiyon bazında dağılımlarında ayrışma gözlenmemiştir (Şekil 4). Fakat populasyonların, populasyon ortalamalarına ait ilk iki diskriminant (ayırma) fonksiyonlarının grafikleştirilmesi sonucu farklılaşmalar bariz olarak görülmektedir (Şekil 5).

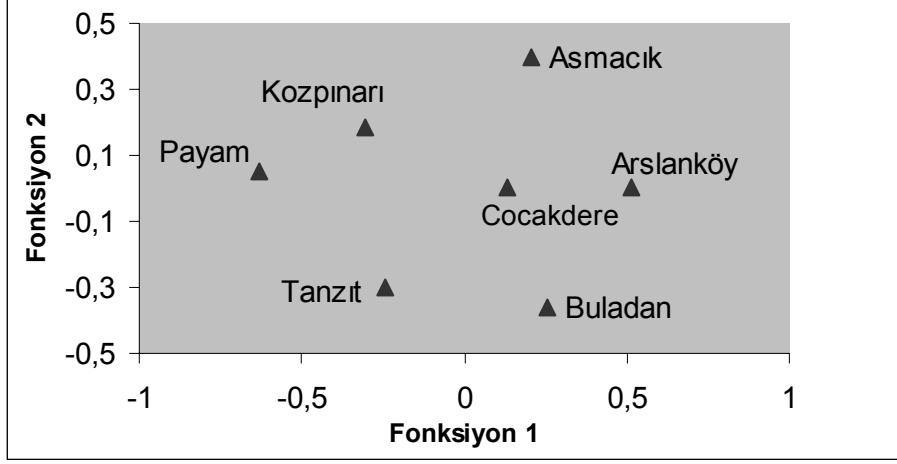
Populasyon ortalamalarının diskriminant analizi birinci fonksiyon katsayıları *Buladan*, *Arslanköy*, *Cocakdere* ve *Asmacık* populasyonlarında pozitif, geriye kalan üç populasyonun ise negatiftir. İkinci fonksiyon katsayıları ise *Buladan* (0.515) ve *Tanzıt* (0.258)'ta negatif, diğerlerinde pozitifdir. *Arslanköy* ve *Buladan* en yüksek pozitif, *Payam* (-0.532) ve *Kozpınarı* (-0.306) en yüksek negatif, birinci fonksiyon katsayılarına sahiptirler. *Payam* populasyonu birinci fonksiyon katsayıları bakımından pozitif yönde, *Buladan*

ise negatif yönde en farklılaşmış populasyon olarak gözükmemektedir (Şekil 5). İkinci fonksiyon katsayıları negatif yönde *Buladan* (-0.359) ve *Tanzit* (-0.301) en yüksek, pozitif yönde ise *Asmacık* (0.395) ve *Kozpınarı* (0.185) pozitif yönde en yüksek populasyonlardır. **Kanonik diskriminant fonksiyon katsayılarına göre bütün populasyonlar birbirlerinden az çok farklılaşmış olmakla birlikte *Buladan*, *Payam*, *Asmacık* ve *Arslanköy* en farklılaşmış populasyonlar olarak gözükmemektedir (Şekil 5).**



Şekil 4. Populasyonların Aile Ortalamalarının Diskriminant Fonksiyonları Bazında Dağılımı

Figure 4. The Distribution of Populations Based on Discriminant Functions at Family Means



Şekil 5. Populasyonların, Populasyon Merkezleri Diskriminant Foksiyonları Bazında Dağılımı

Figure 5. 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; **biyolojik uzaklık 1.934-0.339 arasında, en büyük biyolojik uzaklık ise ($D^2=1.934$) Payam ile Arslanköy populasyonu arasında belirlenmiştir** (Tablo 10). En az biyolojik uzaklık ($D^2=0.339$) Tanzit ile Cocakdere arasındadır. Payam ve Arslanköy populasyonlarının diğer populasyonlara olan uzaklıklarının tamamı istatistiksel olarak önemli bulunmuştur (Tablo 10). Payam ve Arslanköy populasyonu bu verilere göre diğer bütün populasyonlardan en uzak populasyonlardır. Aynı populasyonlarda yapılan izoenzim analizi sonucu bu iki populasyon arasındaki genetik mesafeler yüksek bulunmuştur (GÜLBABA ve ÖZKURT 2002). Payam populasyonuna biyolojik uzaklık olarak en yakın populasyon, Kozpınarı populasyonu ($D^2=1.001$) Arslanköy'e en yakın populasyon ise Cocakdere'dir. Diğer türlerle yapılan çalışmalarda; Bolkar dağları kızılçamlarında biyolojik uzaklık (D^2) 2.36 ile 0.17 (GÜLBABA ve ÖZKURT 2001), karaçamlarında 29.97-1051.25 olarak bulunmuştur (GÜLBABA 1998). Kazdağları 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) bulunmuştur.

Tablo 10. Sedir Populasyonları Arasındaki Biyolojik Uzaklıklar (D²)
Table 10. Biological Divergence (D²) Between Cedar Populations

Pop. Numarası	1	2	3	4	5	6	7
Pop.ID.Nr							
1-Buladan	0.000	1.225***	0.431 ns	0.667*	0.885**	0.598 ns	0.673*
2-Payam		0.000	1.189***	1.001***	1.934***	1.387***	1.653***
3-Tanzit			0.000	0.418 ns	1.053***	0.339 ns	0.555 ns
4-Kozpınarı				0.000	0.906*	0.775**	1.021***
5-Arslanköy					0.000	0.627*	0.824**
6-Cocakdere						0.000	0.475 ns
7-Asmacık							0.000

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 sedirlerinde bulunan populasyonlar arasındaki biyolojik uzaklığın boyutu fazla değildir. Aynı populasyonlarla yapılan izoenzim analizleri sonucunda da populasyonlar arasındaki genetik mesafeler az (0.0007-0.045) ve populasyonlar arası genetik farklılaşma $F_{st}=\%8.4$ olarak bulunmuştur (GÜLBABA ve ÖZKURT 2002). Bu iki çalışmanın bulguları benzer yöndedir.

3.4.3. Kümelendirme (Cluster) Analizi

Yapılan kümelendirme (Cluster) analizi sonucu oluşan dendrogram incelendiğinde yedi sedir populasyonu, kökten önce iki kümeye ayrılmıştır (Şekil 6). İlk kümeyi *Cocakdere* populasyonu tek başına oluşturmuşken, diğer kümeyi kalan altı populasyon oluşturmuştur. Aynı populasyonlarla yapılan izoenzim analizleri sonucu oluşturulan genetik mesafe dendrogramında da kökten ayrılan iki kümeden ikinci kümeyi oluşturan beş populasyon içerisinde *Cocakdere* populasyonu yalnız başına ayrı bir küme oluşturmuştur (GÜLBABA ve ÖZKURT 2002). İkinci küme de kendi içerisinde iki alt kümeye ayrılmakta ve ilk alt kümeyi *Buladan*, *Arslanköy*, *Payam* populasyonları, ikinci alt kümeyi ise *Tanzit*, *Kozpınarı*, *Asmacık* populasyonları oluşturmaktadır (Şekil 6).

Şekil 6. Kümelenendirme Analizi Sonucu Oluşan Dendrogram.
Figure 6. Dendrogram Based on Cluster Analysis.

3.5. Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının (GEKYA) Belirlenmesi

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).

Genetik çeşitlilik çalışmaları korumaya alınacak populasyonların seçiminde yol göstericidir (LEDIG 1998). Zira, GEKYA' ların belirlenmesinde 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 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 fidan karakterleri kullanılarak yapılan bu çalışma sonucunda, genetik çeşitliliğin, populasyonlar arasından ziyade daha çok populasyon içi aileler arasında olduğu tespit edilmiştir. Populasyonlardan kaynaklanan varyans oranları ailelerden kaynaklanan varyans oranlarına göre çok düşüktür. Bu durum gen koruma stratejisi açısından önemlidir. Çünkü; hangi populasyon gen koruma amaçlı seçilirse seçilsin ileride oluşacak çevresel değişikliklere uyum sağlayabilecek aileler bulunabilecektir.

Örneklenen sedir populasyonlarının genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyelerinin yeterli seviyede olduğu, biyolojik mesafenin az olduğu, yapılan kanonik diskriminant ve kümeleme analizlerinde populasyonlar arasında ayrışmalar ve kümelenmeler olduğu tespit edilmiştir.

Bolkar dağları doğal sedir 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 2002).

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 ayrışması, populasyonların genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyeleri, populasyonların birbirlerinden olan biyolojik uzaklıkları dikkate alınır, *Arslanköy* öncelikle GEKYA olarak seçilmeyi hak eden populasyondur. Çünkü, genetik ve fenotipik varyasyon katsayısı en yüksek populasyonlardan birisi (Tablo 7), diğer altı populasyona olan biyolojik uzaklığı istatistiksel olarak önemli (Tablo 10), yapılan diskriminant analizine göre diğer populasyonlardan farklılaşmış (Şekil 5) ve boy gelişim performansı en iyi populasyondur (Tablo 6). Ancak *Arslanköy*, tohum meşçeresi (ANON. 1998) olarak halihazırda koruma altında olduğundan, tekrar GEKYA olarak ayrılmasını önermenin pratik faydası olmayacaktır. *Arslanköy* yerine birinci GEKYA'nın, bu populasyona biyolojik uzaklık olarak en yakın populasyon olan *Cocakdere* içerisinde seçilmesi daha uygun olacaktır. *Cocakdere* populasyonu aynı zamanda yapılan kümelendirme analizi sonucu tek başına diğer populasyonlardan ayrı bir küme oluşturmuş, merkezi ve sedir için optimum sayılabilecek habitata sahiptir. Ayrıca yapılan izoenzim analizleri sonucu

yüksek genetik çeşitlilik parametrelerine sahip olması nedeniyle de GEKYA olarak seçilmesi önerilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 2002).

İkinci GEKYA'nın, kümelendirme analizi dendrogramına göre *Tanzıt* ve *Kozpınarı* ile bir küme oluşturan *Asmacık* popülasyonu içerisinde ayrılması uygun olacaktır. Zira *Asmacık*, diğer popülasyonlardan biyolojik uzaklık olarak yeterli sayılabilecek mesafeye (Tablo 10), yeterli genetik varyasyon katsayısına sahip (Tablo 7), yapılan diskriminant analizi sonucu oluşturulan popülasyon ortalamalarına ait fonksiyon katsayılarının iki boyutlu uzaydaki dağılımına göre diğer popülasyonlardan yeteri kadar ayrıştığı görülmektedir (Şekil 5). Ayrıca yapılan izoenzim analizi sonucuna göre 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 ($A=1.8$), en önemlisi tespit edilen polimorfik lokuslardaki 34 allelden 32'sini bünyesinde barındıran tek popülasyondur (GÜLBABA ve ÖZKURT 2002). Bu popülasyon içerisinde hedef türlerden Toros göknarı ve Anadolu karaçanı da karışık olarak bulunmakta ve karaçamların GEKYA olarak seçilmesi önerilmektedir (GÜLBABA 1998; VELİOĞLU ve ark. 1999a). *Asmacık* popülasyonunun bir diğer özelliği de belirlenen yedi popülasyon içerisinde en izole ve İç Anadolu'ya en fazla sokulan popülasyon olmasıdır (Şekil 1).

Üçüncü GEKYA'nın ayrı bir küme oluşturan *Buladan* ve *Payam* popülasyonlarından birisinin içerisinde seçilmesi uygun olacaktır. *Payam* popülasyonunun diğer altı popülasyonla olan biyolojik uzaklık mesafesi istatistiksel olarak önemli ve diskriminant analizi sonucu diğer popülasyonlardan hayli ayrılmıştır. Fakat, bu ayrışma ve uzaklaşmanın, incelenen 16 karakterden yedi adedinde en düşük performans göstermesi (Tablo 6) ve GÜLBABA ve ÖZKURT (2002)'ın yaptığı izoenzim analizleri sonucuna göre de beklenen heterozigotluk (0.143) ve polimorfik lokus (47.6) oranı en düşük popülasyon olmasından ileri geldiği tahmin edilmektedir. Bu nedenle üçüncü GEKYA'nın bu popülasyon içerisinde seçilmesi genetik bir fayda sağlayamayacaktır. Diğer popülasyonlardan bu iki popülasyon içerisinde beklenen heterozigotluk oranı ($H_e=0.146$) ve polimorfik lokus oranı ($P=52.4$) bakımından üstünlük gösteren *Buladan* popülasyonu içerisinde seçilmesi, seçilecek popülasyonların kendi içerisinde yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip, fakat aynı zamanda diğer popülasyonların her birinden genetik olarak farklılaşmış olmaları nedeniyle yerinde olacaktır.

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

ÖZET

Bolkar dağları, Dünya Bankası'na desteklenen "Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması (TU-28632)" projesi kapsamında pilot uygulama alanı olarak belirlenmiştir. Bu proje kapsamında gen kaynaklarının yerinde korunması amacıyla sedir (*Cedrus libani A. Rich.*) hedef tür olarak seçilmiştir.

Bu çalışma ile, fidan karakterlerini kullanarak Bolkar dağlarından örneklenen sedir 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 yedi populasyona ait 210 aileden toplanan tohumlarla fidan yetiştirilerek iki yıl boyunca gözlemler yapılmıştır. Bu populasyonlara ait onaltı 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 sedir 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, sedir populasyonlarında genetik çeşitliliğin çoğunluğu, populasyonlar arasında değil populasyon içi aileler arasındadır.

Populasyonların yükselteleri ile tohumların çimlenme süreleri arasında negatif ve yüksek oranda ilişki tespit edilmiştir ($r=-0.835$). Yani populasyonların yükseltisi arttıkça tohumlar daha erken çimlenmektedirler.

Populasyonların uyum kabiliyeti bakımından önemli olan tomurcuk oluşturma (TTES) ve patlatma tarihleri (TPAT) ile populasyonların yükseltisi arasında ters yönde ve yüksek oranda doğrusal ilişki tespit edilmiştir (TTES11: $r=-0.646$; TPAT21: $r=-0.754$; TTES21: $r=-0.829$; TPAT22: $r=-0.800$; TTES22: $r=-0.918$). Buna göre; populasyonların yükseltisi arttıkça daha erken tarihte tomurcuk oluşturdıkları ve patlattıkları anlaşılmaktadır. Bu bulgular, sedir tohum ekimlerinde lokal tohum kullanımına ve tohum transfer kurallarına uyulmasının gerekliliğinin göstergesidir.

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 *Buladan* ve *Arslanköy* en yüksek genetik varyasyon katsayısına ($CV_g=12.4$, $CV_g=12.2$) sahip populasyonlardır. *Payam* ve *Arslanköy* en yüksek fenotipik varyasyon katsayısına sahip populasyonlardır ($CV_f=9.6$, $CV_f=9.2$). Yani bu populasyonlar genetik ve fenotipik olarak en fazla çeşitliliğe sahiptir. En düşük genetik ($CV_g=7.7$) ve fenotipik ($CV_f=8.1$) çeşitlilik *Cocakdere* populasyonunda belirlenmiştir. Bulunan bu çeşitlilik katsayılarının yeterli seviyede olduğunu ve diğer ağaç türlerinde bulunan değerler arasında olduğunu belirtmek gerekmektedir.

Bolkar dağları doğal sedir populasyonlarında karakterlerin aile düzeyinde hesaplanan kalıtım dereceleri 0.02 (CAPART01) ile 0.85 (CİMSÜRE) 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. Tohumların çimlenme süreleri (CİMSÜRE) ile tomurcuk oluşturma ve patlatma tarihleri (TTES11, TPAT21 vb) arasında pozitif, gelişim karakterleri (CAP00, CAP01, BOY00, BOY01 vb) ile negatif ve çeşitli seviyelerde genetik ve fenotipik 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. İkinci yıl ilk tomurcuk oluşturma tarihi (TTES21) ile ikinci yıl toplam boy (BOY01), boy artışı (BOYART01) ve çap artışı (ÇAPART01) arasında genetik olarak negatif, kuvvetli ilişki tespit edilmiştir. Yani geç tomurcuk oluşturan fidanların çapları ve boyları düşük olmaktadır. Sedirlerde geç tomurcuk patlatıp erken tomurcuk oluşturan, vejetasyon süresi kısa bireylerin boyları daha uzun, çapları daha kalın olmaktadır. Hesaplanan vejetasyon süreleri (TPAT21-TTES21; TPAT22-TTES22) ile çap ve boy arasında negatif ilişki bulunmuştur. Buna göre çap ve boy gelişiminin vejetasyon süresinin uzunluğu ile doğru orantılı olmadığı anlaşılmaktadır.

Kanonik diskriminant analizi sonucu belirlenen fonksiyon katsayılarına göre; bütün populasyonlar birbirlerinden az çok farklılaşmış olmakla birlikte *Buladan*, *Payam*, *Asmacık* ve *Arslanköy* en farklılaşmış populasyonlar olarak gözükmektedir. Populasyonlar için hesaplanan biyolojik uzaklıklara (Mahalanobis= D^2 genelleştirilmiş mesafe fonksiyonu) göre; biyolojik uzaklık 1.934-0.339 arasında, en büyük biyolojik uzaklık ise ($D^2=1.934$) *Payam* ile *Arslanköy* populasyonu arasında belirlenmiştir. En az biyolojik uzaklık ($D^2=0.339$) *Tanzit* ile *Cocakdere* arasındadır. *Payam* ve *Arslanköy* populasyonlarının diğer populasyonlara olan uzaklıklarının tamamı istatistiksel olarak önemli bulunmuştur.

Yapılan kümelendirme (Cluster) analizi sonucu oluşan dendrogram incelendiğinde yedi sedir populasyonu, kökten önce iki kümeye ayrılmıştır. İlk

kümeyi *Cocakdere* popülasyonu tek başına oluşturmuşken diğer kümeyi kalan altı popülasyon oluşturmuştur.

Sonuç olarak; örneklenen sedir popülasyonlarının genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyelerinin yeterli seviyede olduğu, biyolojik mesafenin az olduğu, yapılan kanonik diskriminant ve kümeleme analizlerinde popülasyonlar arasında ayrışmalar ve kümelenmeler olduğu tespit edilmiştir.

Bolkar dağları doğal sedir popülasyonlarında genetik çeşitliliğin, büyük oranda popülasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklandığı görülmektedir. Bu sonuca göre; bir veya iki popülasyonun gen koruma amacıyla seçilmesi genetik çeşitliliğin büyük oranda korunacağını göstermektedir. Ancak, üç popülasyonda 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 popülasyonların kendi içerisinde yüksek oranda genetik çeşitliliğe sahip, fakat aynı zamanda diğer popülasyonların her birinden genetik olarak farklılaşmış olmaları arzu edilir.

Buna göre, birinci GEKYA'nın yapılan diskriminant fonksiyon analizi sonucu popülasyonların ayrışması, popülasyonların genetik ve fenotipik çeşitlilik seviyeleri, popülasyonların birbirlerinden olan biyolojik uzaklıkları dikkate alınır, *Arslanköy* öncelikle GEKYA olarak seçilmeyi hak eden popülasyondur. Ancak *Arslanköy*, tohum meşçeresi olarak halihazırda koruma altında olduğundan, tekrar GEKYA olarak ayrılmasını önermenin pratik faydası olmayacaktır. Birinci GEKYA'nın, *Arslanköy* popülasyona biyolojik uzaklık olarak en yakın popülasyon olan *Cocakdere* içerisinde seçilmesi daha uygun olacaktır. *Cocakdere* popülasyonu aynı zamanda yapılan kümelendirme analizi sonucu tek başına diğer popülasyonlardan ayrı bir küme oluşturmuş, merkezi ve sedir için optimum sayılabilecek habitata sahiptir. Ayrıca yapılan izoenzim analizleri sonucu yüksek genetik çeşitlilik parametrelerine sahip olması nedeniyle de GEKYA olarak seçilmesi önerilmiştir (GÜLBABA ve ÖZKURT 2002).

İkinci GEKYA'nın, kümelendirme analizi dendrogramına göre *Tanzıt* ve *Kozpınarı* ile bir küme oluşturan *Asmacık* popülasyonu içerisinde ayrılması uygun olacaktır. Zira *Asmacık*, diğer popülasyonlardan biyolojik uzaklık olarak yeterli sayılabilecek mesafeye, yeterli genetik varyasyon katsayısına sahip, yapılan diskriminant analizi sonucu oluşturulan popülasyon ortalamalarına ait fonksiyon katsayılarının iki boyutlu uzaydaki dağılımına göre diğer popülasyonlardan yeteri kadar ayrıştığı görülmektedir.

Geriye kalan iki popülasyona ait sonuçlar incelendiğinde, üçüncü GEKYA olarak *Buladan* popülasyonunun seçilmesi yerinde olacaktır.

SUMMARY

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 this study was to reveal (i) genetic structure of cedar 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 210 parent trees from seven populations of Bolkar Mountains were raised in a nursery for two years and sixteen seedling traits were observed. Nursery experimental design was five-seedlings-row plot, randomized 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.

There were significant negative correlations between altitude and germination period, the higher the population the shorter the germination duration.

Populations varied considerably for all characters. Populations *Buladan* and *Arslanköy* were the most variable with mean of coefficients of genetic variation ($\%CV_g=12.4$, $\%CV_g=12.2$ respectively) whereas population *Cocakdere* was the least variable population with mean of coefficients of genetic and phenotypic variation ($\%CV_g=7.37$, $\%CV_t=7.19$ respectively). Those figures showed that cedar populations had considerable coefficients of genetic and phenotypic variation.

Family means heritabilities for traits ranged from 0.02 (Annual root collar diameter increment in 2001) to 0.85 (Duration of germination).

Genetic correlations were higher than phenotypic correlations. Genetic correlations between duration of germination and date of bud set and bud burst were different level and positive, negative for growth traits (CAP00, CAP01, BOY00, BOY01 etc.) There were negative and high genetic correlations between second year first bud set date and second year total height growth, height increment in 2001, annual root collar diameter increment in 2001.

Canonical discriminant function analysis showed that *Buladan*, *Payam*, *Asmacık* and *Arslanköy* populations were the most discriminated. Biological divergence (Mahalanobis distance, D^2) analysis showed that the largest divergence was detected between *Payam* and *Arslanköy* populations. The

biological distance between *Payam*, *Arslanköy* and all other populations was highly significant.

Cluster analysis showed that seven populations were separated first into two groups from roots. While *Cocakdere* population formed the first group, other six populations formed the second group.

Over all results indicated that cedar populations sampled from the Bolkar Mountains had high enough 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.

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 cedar. 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 *Cocakdere* because this population has optimal habitat for cedar, and is centrally located. *Asmacık* is genetically distinct from other populations, and was more variable population among the seven populations. Thus, it may be a good candidate for second GMZ. Over all results suggested that *Buladan* could be considered as a third GMZ.

KAYNAKÇA

- ANONİM 1998:** 1997 Yılı Çalışma Raporu, 1998 Yılı Çalışma Programı. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Ankara, s.111.
- ANONİM 2002:** Mersin Orman Bölge Müdürlüğü Resmi Kayıtları. Mersin
- ASLAN, S. ve UĞURLU, S., 1986:** Kızılçam (*Pinus brutia*), Halepçamı (*Pinus halepensis*) ve Elderika Çamı (*Pinus elderica*) Orijinlerinin Tohum, Fidecik ve Fidan Özellikleri. Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten No:165, Ankara
- ATALAY, İ., 1987:** Sedir (*Cedrus libani* A. Rich.) Ormanların Yayılış Gösterdiği Alanların ve Yakın Çevresinin Genel Ekolojik Özellikleri ile Sedir Tohum Transfer Rejyonlaması. Orman Genel Müdürlüğü Yayını, Genel No: 663, Seri no:61, Ankara s:167
- 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, Sayı 22 Ankara, s:399-404
- CORNELIUS, J., 1994:** Heritabilities and Additive Genetic Coefficient of Variation in Forest Trees. Canadian Journal of Forest Research, 24:372-379
- DEMİRCİ, A. ve BİLİR, N., 2001:** Yaşı 3-0 Olan Toros Sediri (*Cedrus libani* A. Rich) Fidanlarında Orijinler Arası Farklılıklar. Turk J Agric For, TUBİTAK, Sayı 25, Ankara, s:217-223.
- DOĞAN, B., 1997:** Dalaman Çayı Havzası Doğal Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı. Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No: 9, İzmir, s:31
- ELER, Ü., KESKİN, S., ÖRTEL, E., 1993:** Toros Sediri (*Cedrus libani* A. Rich.) Fidanlarında Kalite Sınıflarının Belirlenmesi. Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayını, Teknik Bülten No: 242, Ankara. s: 81-105.

- 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
- ERKULOĞLU, S., 1994:** Sedirin Tohum Özellikleri. Sedir El Kitabı, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayını Muhtelif Yayınları Serisi:66, Ankara. s: 81-93
- 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
- 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 Göknaarı (*Abies equitrojani* Aschers. Et sint) Populasyonlarının Genetik Yapıları ve Gen Kaynaklarının Yerinde Korunması. Doğu Akdeniz Ormancılık 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 Ormancılık 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 Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Tarsus. s:27
- GÜLBABA, A.G., ve ÖZKURT, N., 2001:** Bolkar Dağları Doğal Kızılçamlarında (*Pinus brutia* Ten.) Genetik Çeşitlilik ve Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının Belirlenmesi. Teknik Bülten No: 12, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Tarsus. s:38
- GÜLBABA, A.G. 2002:** Bolkar Dağları Doğal Karaçam (*Pinus nigra* Subsp. *pallasiana*) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapılanması. Orman Bakanlığı, Türkiye Dağları 1.Ulus Sempozyumu Bildirileri (25-27 Haziran Ilgaz dağı) Kastamonu. S:518-525.
- GÜLBABA, A.G., ve ÖZKURT, N., 2002:** Bolkar Dağları Doğal Sedir (*Cedrus libani* A. Rich.) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği. Teknik Bülten No:14, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Tarsus
- İŞİK, K., 1986:** Altitudinal Variation in *Pinus brutia* Ten.: Seed and Seedling Characteristics. *Silvae Genetica* 35:58-66
- İŞİK, K. ve YILDIRIM, T., 1990:** Strategies For Conservation of Forest Gene Resources and Some Recommendations on *Cedrus libani* A. Rich. Uluslararası Sedir Sempozyumu Bildiriler Kitabı, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Muhtelif Yayınlar Serisi No:59, Ankara s:342-352

- 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 Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi Sayı 1, Antalya.s:20-54.
- İŞİK, 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 .
- İŞİK, 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
- İŞİK, 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
- İŞİK, F., İŞİK, 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 İŞİK, 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 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

ODABAŞI, T., 1990: Lübnan Sediri (*Cedrus libani* A. Rich) Kozalağı ve Tohumunun Özellikleri. Uluslararası Sedir Sempozyumu Bildiriler Kitabı, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Muht. Yayınlar Serisi No:59, Ankara s:379-388

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.

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.

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 İslah Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No: 1, Ankara.s:30

VELİOĞLU, E., ÇİÇEK, F.F., ÇENGEL, B., KAYA, Z., 1999b: Kazdağları'ndaki Kazdağı Gökarnı (*Abies eque-trojani* Aschers. Et. Sint.) Populasyonlarda Genetik Çeşitliliğin Yapılanması. Orman Ağaçları ve Tohumları İslah 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.

Ek Tablo 1. Karakterlere ait Serbestlik Dereceleri

App. Table 1. Degrees of Freedom

KARAKTER	BLOK	POPULASYON	AİLE	HATA	TOPLAM
KOTSAY	2	6	200	386	594
HPKBOY	2	6	201	391	600
TTES11	2	6	201	374	583
TPAT21	2	6	201	388	597
TTES21	2	6	201	382	591
TPAT22	2	6	200	351	559
TTES22	2	6	200	340	548
BOY00	2	6	201	389	598
CAP00	2	6	201	387	596
BOYART00	2	6	201	387	596
BOY01	2	6	200	388	596
BOYART01	2	6	201	386	595
CAP01	2	6	200	384	592
CAPART01	2	6	201	384	593
CİMSÜRE	2	6	200	389	597
DALSAY	2	6	200	388	596

Ek Tablo 2. Karakterlerin Varyans Bileşenlerine ait Katsayılar

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

KARAKTER	k1	k2	k3	k4
KOTSAY	2.872	82.338	2.783	194
HPKBOY	2.887	83.098	2.794	196.5
TTES11	2.804	79.231	2.665	188
TPAT21	2.873	82.508	2.775	195
TTES21	2.844	81.644	2.746	192
TPAT22	2.700	73.874	2.497	176.5
TTES22	2.647	72.054	2.435	171
BOY00	2.878	82.910	2.788	195.5
CAP00	2.868	82.369	2.77	194.5
BOYART00	2.868	82.526	2.776	194.5
BOY01	2.882	82.396	2.782	195
BOYART01	2.863	82.119	2.762	194
CAP01	2.863	81.819	2.764	193
CAPART01	2.853	81.385	2.737	193
CİMSÜRE	2.887	82.524	2.79	195.5
DALSAY	2.882	82.535	2.788	195