

TOROSLARDA GÜNEY-KUZEY DOĞRULTUSUNDA ÖRNEKLENEN KIZILCAM POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN YAPISI

The Pattern of Genetic Variation in *Pinus brutia* Ten. Populations Sampled
Along a South To North Transect In Taurus Mountains

Fikret IŞIK

Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü, PK 264, 07002 Antalya

Prof. Dr. Zeki KAYA

ODTÜ Biyolojik Bilimler Bölümü. 06531 Ankara

ÖZ

Antalya yöresinde denizden uzaklığı ve rakımı farklı olan dört doğal kızılcam populasyonundan toplam 180 yarım-kardeş aile örneklenmiştir. İki yıl boyunca 15 fidan karakteri üzerinde ölçüm ve gözlemler yapılmıştır. Fidan karakterleri bakımından populasyonlar arasında ve populasyonlar içi aileler arasında yüksek düzeyde genetik çeşitlilik gözlenmiştir. Karakterlere göre varyasyon oranı, populasyon seviyesinde % 0.20 (İkinci yıldaki yaz sürgün sayısı) ile % 57 (Bir yaşındaki boy) arasında, populasyon içi aileler arasında % 0 (İkinci yıldaki yaz sürgün uzunluğu) ile % 75.7 (İkinci yıldaki tomurcuk patlama günü) arasında değişmektedir. Kalıtsallık değerleri, 0.02 (İkinci yıldaki sürgün uzunluğu) ile 0.96 (Tohum ağırlığı) arasında değişmektedir. Kızılcam yapılacak orijin ve tek ağaç seleksiyonu ile yüksek genetik kazanç sağlanabilecektir.

ABSTRACT

Four natural *Pinus brutia* Ten populations sampled along a south to north transect in the Toros mountains, southern Turkey. From each population 45 parent trees (families) were taken randomly regardless of their phenotypes. Half-sib seedlings were raised in the nursery for two years and 18 seed and seedling traits were assessed. The component of the variation due to populations ranged from 0 % (Free growth) to 57 % (Terminal growth) in the second year, while the component due to families varied from 0 % (Free growth) to 75.7 % (seed weight). The estimated heritabilities were generally high and ranged from 0.20 (number of flushing) to 0.96 (seed weight). It is concluded that if selection is practised on the basis of population and family, considerable genetic gain will be obtained.

İ. GİRİŞ

Kızılcam (*Pinus brutia* Ten.) dünyadaki asıl yayılışını, Türkiye'nin Akdeniz, Ege ve Marmara bölgelerinde yapmaktadır (Kayacık, 1954; Arbez, 1974). Türkiye ibrelili orman alanının yaklaşık % 36'sı kızılcam ile kaplıdır (Anonim, 1987), Kızılcam, diğer iğne yapraklı türlerimize göre daha hızlı büyümektedir. Bu türün odunu başta selüloz ve kağıt olmak üzere inşaat ve ambalaj sanayinde kullanılmaktadır.

Türkiye'nin odun hammaddesi açığının artarak 2000'li yılların başında 6-7 milyon m³ olacağı tahmin edilmektedir (Anonim, 1988). Açığın

kapatılmasında genetik' kalitesi yüksek kızılcam tohumları ile kurulacak endüstriyel ağaçlandırmaların büyük rolü olacaktır. Bu amaçla Orman Bakanlığı 1994 yılında başta kızılcam olmak üzere önemli türlerimizde ıslah programları başlatmıştır. Islah programlarının başlangıcında tür ile ilgili genetik parametrelerin ve tür içi genetik çeşitlilik araştırmalarının önemli bir yeri vardır. Genetik çeşitlilik araştırmaları, ister ıslah programından önce yapılsın, ister program devam ederken tamamlansın, programın etkinliğini ve güvenilirliğini arttırmaktadır (Libby, 1973). Islah yöntemleri (stratejileri), ağaç türünün üreme biyolojine ve genetik parametrelerine göre belirlenmektedir. Örneğin bir ağaç türünde hızlı büyüme gibi bir ağaç karakterinin kalıtsallık derecesi düşükse, daha çok çevresel faktörler karakterin fenotipini belirliyorsa, genetik ıslah yöntemleri ile boylanmada beklenen genetik kazanç sağlanamayacaktır. Eğer hızlı büyüme bazı bireylerde özel bir gen kombinasyonu sonucu ortaya çıkıyorsa, diğer bir deyimle eklemeli olmayan (non-additive) genlerin kontrolünde ise bu özellik eşeyssel üreme ile dölden döle aktarılamayacaktır (Namkoong et al, 1966). Genlerin özel bir dizilimi veya etkileşimleri sonucu bazı bireylerde ortaya çıkan bu özellikten faydalanmak için selektif ıslah yöntemleri yerine, bireyler arasında kontrollü çaprazlama gibi ıslah yolları, çelik, hücre ve doku kültürü gibi çoğaltma yöntemleri benimsenecektir. Islah programları ilerledikçe ağaç türü ile ilgili genetik parametrelerin önemi daha da artmaktadır. Genetik kazancın iki bileşeninden biri ilgili karakterin kalıtsallık oranıdır (Shelbourne 1969, Falconer 1989, Becker 1984/ Bir karakterin kalıtsallık oranı, o karakteri kontrol eden eklemeli (additive) genetik varyansın fenotipik varyansa oranıdır (Falconer 1989, Lerner 1958, White 1962J. İncelenen ağaç karakterlerinin kalıtsallık oranı, seleksiyon ile ne kadar genetik kazancın elde edilebileceğini belirleyen önemli bir parametredir. Bir ağaç türünün ikili karakterleri arasında önemli düzeyde genetik korelasyonlar varsa, En İyi Yansız Kestirme gibi (Best Linear Unbiased Prediction) yöntemler kullanılarak seleksiyon indisleri oluşturulmakta, aynı kuşakta birden fazla karakterde ıslah yapılarak en yüksek kazanç sağlanabilmektedir (Hodge and White, 1992). Eğer önemli düzeyde yaş-yaş korelasyonları varsa üstün genotiplerin erken seleksiyonu için kriterler geliştirilmektedir. Genetik çeşitlilik araştırmaları ile çeşitliliğin populasyonlar⁽¹⁾ arası ve populasyon içi aileler⁽²⁾ arası kapsamı ile oransal dağılımı belirlenmektedir. Çeşitliliğin rakım, denizden uzaklık, yağış gibi değişkenlere göre nasıl değişim gösterdiği ortaya konmaktadır (Işık, 1986). Elde edilen bilgilerle ıslah stratejileri oluşturulmakta, populasyonların ve türlerin evriminin anlaşılmasını sağlayan bilgiler elde edilmektedir. Gen koruma alanlarının ayrılması ve korunması için karar verilirken yine genetik çeşitlilik ile ilgili bilgiler gerekmektedir.

Genetik yapı bakımından büyük bir çeşitliliğe sahip olan veya diğerlerinden farklı olan populasyonlar gen kaynağı olarak koruma altına alınmaktadır.

¹¹ Denemede "Populasyon" genetik anlamda kullanılmıştır. Populasyon; belli bir coğrafik yerde eşeyli üreyen, aralarında serbestçe gen alış verişi olan, bir türe ait bireyler topluluğudur (Hartle, 1981). ¹²¹ "Aile". Populasyonda bir ağaca ait açık tozlaşma ürünü yarım-kardeşlerdir.

Orman ağaçları doğal populasyonlarının genetik yapılarının araştırılmasında izoenzim analizleri, moleküler teknikler ve morfolojik karakterler gibi bir çok yöntem kullanılmaktadır. İzoenzim analizleri gibi moleküler yöntemlerle daha kısa sürede ve daha az masrafla sonuç alınabilmektedir (Hartle 1981; Yeh 1985/ Buna karşılık morfolojik karakterler üzerinde yürütülen araştırmalar, ıslah amaçları içm daha doğrudan sonuçlar vermektedirler. Bazen iki yöntem birlikte kullanılabilir. Bir tür için ıslah amaçları (dayanıklılık ıslahı, hacim artımı), ve ıslah stratejileri bu araştırmalardan sağlanan bilgilere göre belirlenmektedir.

Morfolojik karakterler kullanılarak ağaç türü için boy artımı, dal sayısı, dal açılan, gövde formu gibi bir çok karakter arasındaki korelasyonlar ve bu karakterlerin aile düzeyindeki kalıtım oranları tahmin edilmektedir. Böylece ıslah çalışmaları ile ne kadar genetik kazanç sağlanacağı, korelasyonlardan yararlanarak bir kaç karakterde kombine ıslah yapılabileceği ortaya konabilecektir. Eğer ağaç türünde ekonomik önemi olan karakterler bakımından aile ve populasyonlar arasında yeterli düzeyde genetik çeşitlilik yoksa ve ağaç karakterlerinin kalıtsallık değerleri çok küçükse ıslahtan beklenen faydalar gerçekleşmeyecektir (Weir, 1981/

Kızılcam doğal populasyonlarında fidan karakterlerindeki genetik çeşitliliği ilk defa Işık (1986) çalışmıştır. Denemede altı populasyondan örneklenen 60 açık tozlaşma ürünü aile üzerinde araştırma yapılmıştır. Bir çok fidan karakteri bakımından populasyonlar arası ve populasyon içi yüksek düzeyde genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Islah stratejilerinin sağlıklı bir şekilde oluşturulması için populasyonlar arası ve populasyon içi genetik çeşitliliğin dağılımı, topoğrafik değişkenlere göre nasıl değişim gösterdiği ortaya konmalıdır. Kızılcam ıslah stratejisinin oluşturulmasında türün önemli karakterleri ile ilgili kalıtsallık oranları, genetik varyansın aileler ve populasyonlar düzeyindeki oransal dağılımı, karakterler arası genetik korelasyonlarının bilinmesine ihtiyaç vardır. Genetik çeşitlilik araştırmalarının farklı populasyonlar için yinelenmesi gerekmektedir.

Ülkemizde kızılcam ve diğer orman ağacı türlerinde tohum transferi, topografya ve iklim verilerine göre yapılmaya çalışılmaktadır. Biyolojik verilere dayanmadan yapılan bu uygulama nedeniyle bazı ağaçlandırmalarda başarısızlık söz konusudur. Özellikle kızılcam doğal yayılışının üst sınırında ve karasal iklime geçiş zonundaki ağaçlandırmalarda (örneğin, İsparta ve Antalya civarındaki bazı ağaçlandırmalar) adaptasyonun iyi olmadığı, büyümenin çok yavaş olduğu gözlenmektedir. Bunun nedenlerinden birinin hatalı tohum transferi olduğu sanılmaktadır. Kızılcam ıslah programında ıslah zonlarının asıl sınırları, genetik çeşitlilik ve orijin denemeleri sonuçlarına göre belirlenmiş olacaktır.

Bu araştırmanın amacı, kızılcam doğal populasyonlarının genetik yapılaşmasını incelemek ve kızılcamın ıslah programları ve gen koruma projeleri için eksikliği duyulan genetik ve biyolojik bilgileri elde etmektir.

2. LİTERATÜR ÖZETİ

Kızılcam ile ilgili yurt dışında yapılan araştırmaların çoğunluğu farklı tohum kaynaklarının değişik ülkelerdeki gelişmesi (orijin denemeleri) üzerinedir. Kızılcam doğal populasyonları arasında görülen morfolojik farklılıkların, rakım ve yetiştirme ortamından kaynaklandığı öne sürülmüştür (Arbez, 1974/ Daha sonra yapılan bazı araştırmalarda çeşitliliğin aynı zamanda genetik kaynaklı olduğu görülmüştür (Işık, 1986). Kızılcamın ibre morfolojisi ve anatomisi üzerinde yapılan bir çalışmada populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arasında yüksek düzeyde genetik çeşitlilik belirlenmiştir (Calamassi et al 1988). Stoma sıraları ve ibre genişliği rakıma göre kesintisiz bir çeşitlilik (clinal variation) göstermektedir. Populasyonları birbirinden ayırt etmek için yalnızca stoma sayısı, stoma sıraları sayısı, ibre genişliği ve hipodermal tabaka sayısı gibi birkaç karakterin yeterli olduğu belirtilmektedir. İtalya'da (Riva Vendramin, 1953) ve Yunanistan'da (Panetsos, 1981) kızılcam ile halepçamı arasında başarılı yapay melezleme çalışmalarının yürütüldüğü bildirilmektedir. Bu iki tür, doğal yayılışlarının iç içe geçtiği ortamlarda doğal melezleme yapmaktadırlar. Kızılcamın kozalak, tohum ve fidan karakterleri üzerine yapılan araştırmalarda bu karakterler bakımından populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasında önemli

genetik çeşitlilik belirlenmiştir (İktüeren, 1977; Aslan ve Uğurlu, 1986; Işık, 1980). Rakım ve enlem ile boylanma, gövde formu, fidan yüzdesi ve bazı tohum karakterleri arasında önemli fenotipik korelasyonlar tahmin edilmiştir. Kızılcamda populasyon içi genetik çeşitliliği de göz önünde tutarak ilk kapsamlı çalışmayı Işık (1986) yapmıştır. Altı populasyondan 60 serbest tozlaşma ürünü aileyi örnekleyerek 16 fidan karakteri üzerinde yürütülen denemede, dokuz karakter bakımından populasyonlar arasında, 15 karakter bakımından ise aileler arasında önemli genetik farklılıklar gözlenmiştir. Fidan karakterlerinin çoğu için ailelerden kaynaklanan varyans oranı daha yüksek bulunmuştur. Terminal büyüme için gözlenen toplam varyansın % 69'u ve çimlenme yüzdesi için % 44'ü aileler arasındaki genetik farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Aynı çalışmada terminal büyüme için 0.72 ve fidan kök boğazı için 0.30 oranında aile düzeyinde kalıtım değerleri tahmin edilmiştir. Arbez'in (1974) bulgularının tersine varyasyonun önemli bir bölümünün genetik kontrol altında olduğu, aile seleksiyonu ile önemli genetik kazanç sağlanabileceği ortaya konmuştur (Işık, 1986).

3. MATERYAL VE YÖNTEM 3.1

Populasyonların Tanıtımı

Antalya yöresinde denizden iç kesimlere doğru dört kızılcam populasyonu seçilmiştir. Populasyonlar ile ilgili coğrafik bilgiler Çizelge T de verilmiştir. Bük ve Pamucak populasyonları, kızılcamın optimum yayılışı olan orta zondan, Düzlerçamı kıyı ile bu zon arasındaki bir kuşaktan, Ağlasun ise yayılışın en üst ve stepe en yakın bölgesinden gelmektedir.

Düzlerçamı populasyonundan fertlerin kaba dallı, geniş tepeli ve gövde formunun genelde düzgün olmadığı gözlenmiştir. Düzlerçamı populasyonunun yaş ortalaması 100'ün üzerindedir. Pamucak populasyonunda tohum ağaçları ve diğer bireylerin gövde formları genelde oldukça düzgün, dalların geniş açılı ve ince, tepe formları daha koniktir. Populasyon güney bakıda yer almaktadır. Ortalama eğim % 25-30 dur. Bük populasyonunda dallanma ve gövde formu karakterleri bu iki populasyon arasında bir geçiş özelliği göstermektedir. Populasyon, Bük (L.Büyükyıldırım) Kızılcam Araştırma Ormanında güney-güney batı bakıda yer almaktadır. Eğim ortalama %35 tir.

Ağlasun populasyonundaki tohum ağaçlarının gövde formu oldukça bozuk, dallanma Düzlerçamına göre daha incedir. Populasyon, Ağlasun-Isparta karayolunun Köroğlu mevkiinde kuzey-kuzeydoğu bakıda yer almaktadır. Eğim ortalama % 80 dir. Populasyonun üst sınırında karaçam ile karışım olmaktadır. Her dört populasyonda bireyler arası fenotipik varyasyonun fazla olduğu gözlenmiştir.

Çizelge 1: Örneklenen dört doğal kızılcam popu las\onuna ait coğrafi bilgiler.

Table 1: Geographic information on the studied four natural *P. brutia* populations

Populasyon Population	Rakım m Altitude m	Akdenizden Uzaklık (km) Distance from the Coast (km)	Enlem Latitude	Boylam Longitude	Yıllık Ort. Yağış Mean Rainfall (mm/year)
Düzlerçamı	250	30	37° 50'	30° 29'	1055
Bük	450	55	36° 59'	30°25'	530
Pamucak	750	90	3r 23'	30° 33'	700
Ağlasun	950	130	36° 23'	30°25'	605

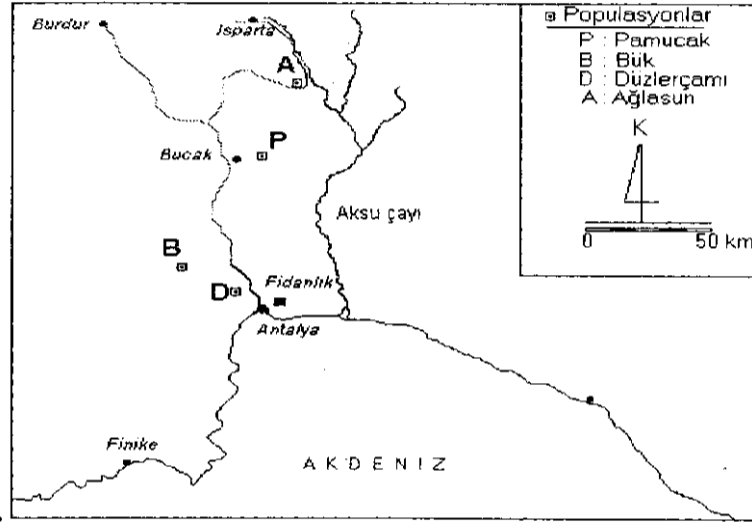
3.2 Populasyonların örneklenmesi

Antalya körfezi iç kesimlerine doğru birbirinden en az 25km uzaklıkta ve farklı rakımlarda dört populasyon seçilmiştir (Şekil 1).

Sistemik örnekleme ile her populasyondan 45 ağaç (bundan sonra aile olarak söz edilecektir) alınmıştır. Populasyonun gen havuzunun yeterli bir şekilde temsil etmek ve aileler arasında akrabalık olasılığını en aza indirmek için seçilen ağaçlar arasında 150 m mesafe bırakılmış, ulaşılan noktadaki ailenin fenotipine bakılmaksızın tohum toplanmıştır. Diğer bir deyimle aile seçilmesinde iyi fenotipli aileler gözetlenmemiş, populasyonu temsil edebilme kaygısı güdülmüştür. Populasyonun alt ve üst sınırları arasındaki kot farkı en fazla 300 m tutulmuştur. Böylece populasyonun tanımındaki "aileler arasında gen alış verişinin serbestçe olması" varsayımı sağlanmaya çalışılmıştır.

Şekil 1. Dört doğal kızılcam populasyonunun bulunduğu yerler ve araştırmanın yürütüldüğü fidanlık.

Figure 1. Geographic locations of *P.hrutia* populations and the nursery where the experiment was laid out.



Her aileden kendileme ürünü tohumları toplama olasılığını azaltmak için, tepe tacının güneş gören 2/3'lük üst kısmından en az 15 kozalak toplanmıştır. Ailelere bir kod numarası verilmiş, deneme sonuna kadar aileler için bu kodlar kullanılmıştır. Örneğin Düzlerçami populasyonundan seçilen ailelere D1, D2, D3,,D45;

Bük populasyonundan seçilen ailelere B1, B2, B3,,B45 numaraları verilmiştir. Laboratuvarda her aile için yaş kozalak ağırlıkları tespit edilmiştir. Kozalaklar plastik kaplar içinde güneşte kurutulularak tohum elde edilmiştir. Her aileye ait 100 adet tohumun ağırlığı ölçülmüştür. Tohumlar, aile numarasıyla etiketlenmiş torbalara konularak, dikim tarihine kadar +4 °C de saklanmıştır.

3.3 Deneme Alanının Tanıtımı

Deneme alanı olarak, Antalya Zeytinköy Orman fidanlığı (rakım 40 m) alınmıştır. Antalya şehir merkezine 10 km mesafede olan fidanlıkta ağaçlandırma için değişik orijinlerden çıplak köklü kızılcam fidanı yetiştirilmektedir. Fidan yastıklarının fiziki olarak şekillendirilmesine kadar, fidanlıklarda fiğ ekimi ile yeşil gübreleme, toprağın bir kaç kez sürülerek hazırlanması gibi normal işlemler yapılmıştır. Deneme alanı olarak uzunluğu 60 m genişliği 120 cm olan standart iki yastık alınmıştır.

4. Deneme Deseni

Ailelere ait tohumlar 1 mart 1991 tarihinde fidanlıktaki deneme yastıklarına üç yinelemeli raslantı blokları deneme desenine göre ekilmiştir (Şekil 2).

Şekil 2. Fidanlıkta uygulanan deneme deseni. X: deneme fidanları, O: Yalıtım fidanları, D6, B3, K9 : Aile kodları.

Figure 2. Experimental design laid out in the nursery X:experimental seedlings, O: isolation seedlings, D6, B3, K9: Family codes.

D6	K9	B3	Deneme Yastığı
B3	Dİ	K9	<i>Nurserj? bed</i>
K9	D<5	Dİ	
Dİ		D6	

I. Blok	H. Blok	III. Blok
P2	O X X X X X O -----».	Yalıtım fidanları <i>isolation seedlings</i>
B3	j O X X X X X O ⁺ 1 O X X X X X O .	

Yedi çizgiden oluşan yastıkta ortadaki beş çizgi deneme parselleri, iki kenardaki çizgiler ise deneysel hatayı en aza indirmek için tecrit sıraları olarak alınmıştır. Her aile için başlangıçta eşit sayıda fidecik elde etmek için çizgi üzerinde 5 cm ara ile üçer tohum ekilmiş, çimlenmeden itibaren dördüncü haftada tekleme yapılarak her aile için iki sıra halinde (çizgilere dik şekilde) onar fidecik bırakılmıştır. Bazı aileler için yeterli sayıda tohum elde edilememiştir. Bu nedenle denemede yer alan aile sayısı 180 yerine 177 olarak alınmıştır. İki büyüme mevsimi boyunca 4 popülasyondan x 177 aile x 10 fidan x 3 yineleme = 5310 fidecik üzerinde ölçme ve gözlemler yürütülmüştür.

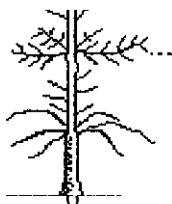
3,5 İncelenen Karakterler

İki büyüme mevsimi boyunca incelenen karakterler Çizelge 2'de, ve bazı fidan karakterleri şematik olarak Şekil 3'de verilmiştir. Kotiledon Sayısı (COT): Çimlenmeden itibaren dördüncü haftada teklemeden sonra her ailenin parseldeki 10 fideciğinde kotiledonlar sayılmıştır. Üç blokta toplam 30 fideciğin kotiledon sayısı ortalaması alınarak ailenin kotiledon sayısı bulunmuştur.

Şekil 3: Yıllık sürgünün bileşenlerine ayrılması.
Figure 3: The components of annual shoot growth.

FINHT91= SHT91+FRHT91
FINHT92= SHT92+FRHT92
FINHT12= FINHT91+FINHT92

K
o
l
l
e
d
o
n
l
t
i
r
C
o
t
i
l
e
d
o
n
s



SCHT9

2

FINHT1

FRHT9 2

2

SCHT9

1

FRHT9

1

FINHT
92

FINHT
91

Tomurcuk Oluşturma Günü (BS91): Fideciklerin ilk büyüme mevsimi sonuna doğru (1991), ağustos ayının ikinci yarısından itibaren haftada bir gün fidanlıkta gözlem yapılarak, ailelerin büyümeyi hangi günde durdurdukları (terminal tomurcuğun görülme günü) belirlenmiştir.

1991'deki İlk Sürgün Uzunluğu (FRHT91): 1991'de büyümenin durmasından sonra, sürgün sayıları belirlenmiştir. Sürgünlerin uzunluğu ölçülerek boylanmadaki katkısı belirlenmiştir. 1992'de Tomurcuk Patlama Günü (BB92): ikinci büyüme mevsimi olan 1992 şubat ayı ortasından itibaren haftada iki gün fidanlıkta gözlemler yapılarak ailelerin vejetasyona başlama günü belirlenmiştir.

Çizelge 2: İncelenen Fidan karakterleri

Table 2 : Description of the traits

Karakter Kodu Trait Codes	Açıklaması Definitions of the traits	Birimi Unit
SW	100 Tohum Ağırlığı 100 seed weight	gram
cw	3 kozalak ağırlığı 3 cone weight	gram
COT	Kotiledon sayısı Number of cotyledons	adet number
FRHT91	1991'deki ilk sürgün uzunluğu Predetermined growth in 1991	cm
SCHT91	1991'deki yaz sürgünü uzunluğu Free growth in 1991	cm
FINHT91	1991'deki toplam büyüme Total height growth in 1991	cm
BS91	01.01.1991'den itibaren tomurcuk oluşturma günü Date of bud set from Jan 1 th, 1991 on	gün sayısı, no.of days
FLU91	1991'de sürgün sayısı Number of flushing	adet number
BB92	01.01.1991'den itibaren tomurcuk patlama günü Date of bud burst from Jan 1th,1991 on	gün sayısı no.of days
FRHT92	1992'deki ilk sürgün uzunluğu Predetermined growth in 1992	cm
SCHT92	1992'deki yaz sürgünü boyu Free growth in 1992	cm
FINHT92	1992'deki toplam büyüme	cm

	Total height growth in 1992	
WW12	1992'deki yaş fidan ağırlığı Total fresh weight of seedlings	gram
BR91	1991'deki yan dal sayısı Number of lateral branches in 1991	adet number
BR92	1992'deki yan dal sayısı Number of lateral branches in 1992	adet number
BR12	Toplam dal sayısı Total no. of lateral branches	adet number
FINHT12	İki yaşındaki toplam fidan boyu Height of 2 year old seedlings	cm

İkinci Yıl Sonundaki Fidan Yaş Ağırlığı (WW12): 1992 yılı vejetasyon dönemi sonunda fidanlar kök boğazından kesilerek aile ve blok numarasına göre etiketlenmiş torbalara konularak laboratuvara taşınmış ve aynı gün yaş ağırlıkları ölçülmüştür.

Birinci Yıl Fidan Boyu (FINHT91): Fidanın ilk vejetasyon mevsimi sonunda yaptığı boy büyümesi. Bu değer ilkbahar sürgünü uzunluğu (FRHT91) ile yaz sürgünü/sürgünleri (SCHT91) uzunluğu toplamına eşittir. İkinci Yıl Fidan Boyu (FINHT12): İki yılda fidanın yaptığı toplam büyüme. FINHT91 ile ikinci yılda fidanın yaptığı büyümenin (FINHT92) toplamına eşittir.

Birinci ve ikinci yıl sürgün sayısı (FLU91, FLU92): Fidanın her iki yılda yaptığı ilkbahar ve yaz sürgünlerinin toplamıdır.

Kozalak Ağırlığı (CW): Kozalakların toplanmasından bir gün sonra her aile için rastgele alınan dokuz kozalığın ağırlığı, ailenin ortalama kozalak ağırlığı olarak alınmıştır.

4. İSTATİSTİK DEĞERLENDİRMELER

Çizelge 2'de verilen her karakter için populasyonların ve ailelerin genetik yönden birbirinden farklı olup olmadığını belirlemek ve varyansın bileşenlerini hesaplamak için ailelerin parsel ortalamaları esas alınarak varyans analizleri yapılmıştır. Varyans analizi için kullanılan model Çizelge 3'te verilmiştir.

Çizelge 3. Varyans analizinde kullanılan model. Populasyonlar sabit, aileler raslantısal etkili olarak değerlendirilmiştir (Karışık model)

Table 3 . Analysis of variance model for the traits. Populations were considered as fixed effect, families were considered as random effects in the mixed model

Varyasyon kaynağı Source of variation	sd df	Beklenen Kareler Ortalaması Expected Mean Squares
Yinelemeler[^] . (Replications)	2 r-1	
Populasyonlar (Populations)	IIIEJEL I	
Aileler (Populasyon içi) (Families within populations)	176 p(a-1)	$(T_e^2 + 2.97 a_{F(P)}^2)$
Hata (Error)	3451 [^] aT	

r=3, p=4, a(p) = 45, sd= serbestlik derecesi, dt= degrees of freedom

Verilerin analizi için SAS istatistik paket programının GLM işlemi, varyans bileşenlerinin hesabında VARCOMP, kovaryansların hesabında GLM'deki MANOVA seçeneği kullanılmıştır. Varyans analizinde populasyonlar sabit (fixed), aileler raslantısal (random) olarak alınmıştır. Populasyon ortalamalarının karşılaştırılmasında Student Newman-Keuls (SNK) testi uygulanmıştır.

Modele göre populasyonlar için F değerinin hesabında hata olarak (bölen) aileler arası varyans alınmıştır. Aileler arası genetik varyansın hesabı aşağıdaki şekilde yapılmıştır :

$$a^2_{F(P)} = \{(a^2_e + 2.97a^2_{F(P)}) - (a^2_e)\} / 2.97$$

$G^2_{F(P)}$ = Aileler arası genetik varyans, a^2_e = Hata varyansı, Populasyonlar arası genetik varyansın (K^2_p) hesaplanması: Populasyonlar arası varyanstan aileler arası varyans ($a_e + 2.97 a^2_{F(P)}$) çıkarılmış, kalan değer 131.7 katsayısına bölünmüştür. Aileler arası varyans, aileler arası genetik varyanstan farklı olarak, deneysel hata varyansını ve katsayıları da kapsamaktadır.

$$K^2_p = [(a^2_e + 2.97 a^2_{F(P)} + 131.7 K^2_p) - (a^2_e + 2.97 a^2_{F(P)})] / 131.7$$

K^2_p = Populasyonlar arası genetik varyans, $a_{F(P)}$ = Aileler arası genetik varyans, a^2_e = Hata varyansı. 2.97 katsayısı yineleme sayısıdır. Eğer her aile için eşit sayıda gözlem olsaydı bu değer 3 olacaktı. 131.7 katsayısı ise beklenen varyansın hesabında aile sayısı ve yineleme sayısına göre elde edilen bir değerdir.

Fidan karakterlerinin aile düzeyindeki kalıtsallık oranının hesabında aşağıdaki formül kullanılmıştır (Kaya ve Temerit 1993):

$$h^2 = a^2_{F(P)} / (a^2_{F(P)} + (a^2_e / r)) \quad (1)$$

Formülde, h^2r = aile düzeyinde karakterlerin kalıtsallık oranını, $G^2_{F(P)}$ = aileler arası eklemeli (additive) genetik varyansı, G^2_e = hata varyansını, $r=2.93$ sabiteyi (yineleme sayısı) göstermektedir.

Genetik korelasyonların hesabında Falconer'in (1989) verdiği formül kullanılmıştır:

$$r_{g(x,y)} = \text{COV}_{f(x,y)} / \sqrt{(a^2_{f(x)} a^2_{f(y)})} \quad (2)$$

$r_{g(x,y)}$ = İki karakter arasındaki genetik korelasyonu, $\text{COV}_{f(x,y)}$ = İki karakter arasındaki kovaryansın aile düzeyindeki genetik bileşeni, $a^2_{f(x)}$ = x karakterine ait aile düzeyindeki genetik varyansı, $a^2_{f(y)}$ = y Karakterine ait aile düzeyindeki genetik varyansı.

Fenotipik ve genetik korelasyonların standart hatalarının hesabında Beckefva (1984 sayfa 123) verdiği formül kullanılmıştır.

5. BULGULAR

5.1 Genetik Çeşitliliğin Yapılaşması

Her fidan karakteri için Çizelge 3' te verilen modele göre ayrı bir varyans analizi yapılmıştır. Bütün karakterlere ait özetlenmiş varyans analizi sonuçları Çizelge 4'te verilmiştir. Çizelge 4'te verilen varyansın genetik ve çevresel bileşenlerinin oransal dağılımı, her karakter için aile düzeyinde

hesaplanan kalıtım dereceleri, karakter gruplarına göre aşağıda alt başlıklar halinde açıklanmıştır.

5.1.1 Tohum ve Kozalak Ağırlıkları

Varyans analizi sonuçlarına göre kozalak ve tohum ağırlığı bakımından populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasında önemli farklılıklar vardır (Çizelge 4). Kozalak ağırlığı için populasyon düzeyinde gözlenen varyans oranı (% 49), aile düzeyinde gözlenen varyans (%41.5) oranından daha fazladır. Kozalak ağırlığının tersine tohum ağırlığında varyansın populasyon içi aileler arasındaki farklılıklardan kaynaklanan oranı (%75.7), populasyonlar arasındaki farklılıklardan kaynaklanan oranından (%19.4) daha fazladır. Tohum ağırlığı için varyansın asıl kaynağı aileler arası farklılıklardır.

Populasyonlar arasında yapılan karşılaştırmada en ağır kozalağa alçak zon populasyonu olan Düzlerçamı populasyonu sahiptir (154.55 g). Pamucak populasyonu 111.78 g ile ikinci sırada yer almaktadır. Bük ve Ağlasun populasyonları bu karakter bakımından farklı değildirler. Bük populasyonunu hesaba katmazsak, denizden uzaklaştıkça ve rakım arttıkça kozalak ağırlığı düşmektedir. Tohum ağırlığı bakımından yalnızca Düzlerçamı populasyonu (1.74 g) diğerlerinden farklılık göstermektedir. Diğer üç populasyon (B=1.51 g, P=1.51 g, A= 1.38 g) arasında tohum ağırlığı bakımından bir farklılık yoktur (Çizelge 5).

5.1.2 Kotiledon Sayısı

Kotiledon sayısı, deneme süresince çevresel faktörlerin etkilemediği bir karakterdir. Varyans analizi sonuçlarına göre bu karakter bakımından hem populasyonlar arasında hem de populasyon içi aileler arasında önemli düzeyde ($p=0.01$) genetik farklılık vardır (Çizelge 4). Varyansın populasyon düzeyindeki oranı % 19.9 olmasına karşılık, aile düzeyinde %40.5 ve aile içinde (hata) % 39 oranındadır. Bu oranlar, kotiledon sayısı bakımından aileden aileye ve yarım kardeşten yarım kardeşe göre önemli farklılıkların olduğunu göstermektedir. En yüksek kotiledon sayısına en düşük rakımlı Düzlerçamı (8.80), en düşük sayıya ise en yüksek rakımlı Ağlasun (8.14) sahiptir. Bu karakter bakımından orta zondan gelen Bük ve Pamucak arasında bir farklılık gözlenmemiştir (Çizelge 5).

5.1.3 Sürgün Özellikleri ve Boylanma

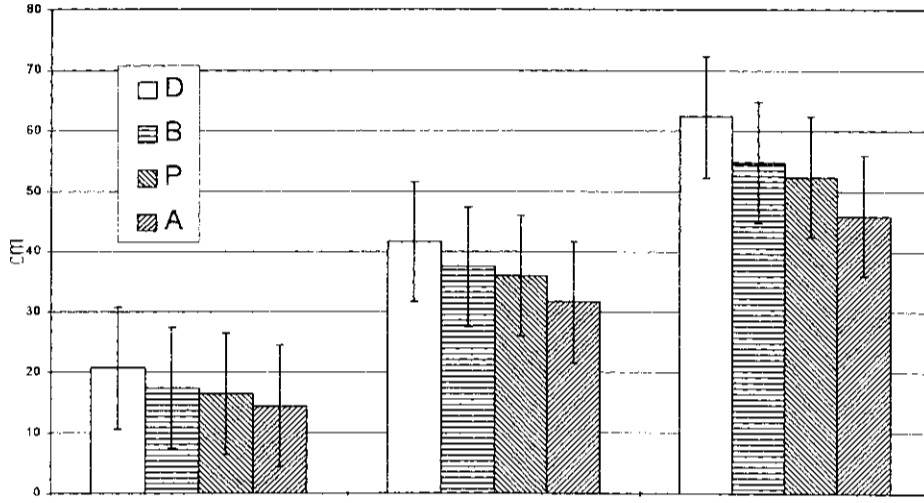
Fideciğin ilk büyüme mevsiminde yaptığı büyüme (FINHT91), ikinci yıldaki boy artımı (FINHT92) ve ikisinin toplamını ifade eden iki yıllık boylanma bakımından (FINHT12) populasyonlar ve aileler birbirinden önemli derecede ($p=0.01$) farklılık göstermektedirler (Çizelge 4). Boylanmada aile farklılıklarından kaynaklanan varyans oranı bir yaşında (FINHT91) %20.4, iki yaşında (FINHT92) %22.2 ve iki yıldaki toplam boylanma için (FINHT12) %22.4 olmasına karşılık, populasyon orijinli varyans oranları sırasıyla %57, %34 ve %44.7 bulunmuştur. İkinci yılda boylanma için aile kaynaklı varyans oranı artmasına karşılık populasyon kaynaklı oran düşmüştür. Sürgün sayısı (FLU92) ve sürgün uzunluklarına ilişkin karakterlerde varyansın önemli bir oranını parsel içi (Aile içi yarım kardeşler arasındaki farklılık ve deneysel hata) varyansı oluşturmaktadır. Parsel içi varyans (Hata) 1991 yılı ilk sürgün uzunluğu için %34.4, sürgün sayısı için %45.1, ikinci yılda ilk sürgün (FRHT92) ve ikinci sürgün uzunluğu (SCHT92) için sırasıyla varyansın %81 ve %97.5'ünü oluşturmaktadır. İncelenen karakterlerden yalnızca FRHT92 ve

SCHT92 bakımından populasyonlar arasında anlamlı farklılık belirlenmemiştir. FLU92 gibi karakterlerde populasyonlar arasındaki farklılıklardan kaynaklanan varyans oranı diğer karakterlere göre daha düşük bulunmuştur.

Büyümeye ilişkin karakterler bakımından denizden iç kesimlere doğru bir azalma gözlenmektedir. 1991 ve 1992 yıllarında en fazla büyümeyi Düzlerçamı populasyonu, en az büyümeyi ise Ağlasun yapmaktadır (Çizelge 5, Şekil 4).

Şekil 4: Dört populasyona ait boy artımları. Çubukların üst kısmındaki dikey çizgiler boy değerlerinin % 95 güven aralığını belirtmektedir.

Figure 4: The height increment of four populations. Vertical lines on the bars indicates the % 95 confidence intervals.



İki populasyonun ortalama fidan boyu sırasıyla 1991 de (FINHT91) 20.71 cm ve 14.4 cm; 1992 de (FINHT92) 41.57 cm

ve 31.54 cm dir. Denizden iç kesimlere doğru gidildikçe ve populasyonun rakımı arttıkça boylanmada bir azalma gözlenmektedir Aynı ortamda büyümelerine rağmen ilk iki yıllık sonuçlara göre, denizden uzak ve yüksek rakımlı populasyonların ortalama fidan boyu diğerlerine göre daha kısadır. 1991 yılında populasyonlar arasında sürgün sayısı (FLU91) bakımından 0.01 olasılık düzeyinde farklılık gözlenmektedir. En fazla sürgünü denize en yakın olan Düzlerçamı populasyonu (1.35), en az sürgünü ise en yüksek rakımlı Ağlasun populasyonu (1.14) yapmaktadır. İkinci yıldaki sürgün sayısı bakımından populasyonlar arasında bir farklılık gözlenmemiştir.

5.1.4 Dal Sayısı ve Fidan Ağırlığı

Yüksek düzeyde genetik çeşitlilik dallanmaya ilişkin karakterlerde de (BR91, BR92, BR12) gözlenmektedir. Bu karakterler için populasyonların ve ailelerin aynı olma olasılığı $p=0.01$ den daha küçüktür. BR91 ve BR92 için tahmin edilen aile kaynaklı varyans oranları sırasıyla %22.8 ve %28.2. Populasyon orijinli varyans oranı ilk yıl %40.8 iken ikinci yılda %3.4⁵e düşmektedir (Çizelge 4). Dal sayısına ilişkin hata varyans oranı aile içindeki varyasyondan dolayı ikinci yılda yüksektir (%42.9). İlk büyüme yılında denizden uzaklaştıkça dal sayısı azalmaktadır. İkinci yılda en fazla dal sayısına Pamucak sahiptir. İlk yıl en fazla dal sayısına sahip olan Düzlerçamı üçüncü sıraya düşmektedir. Ağlasun populasyonu her iki yılda da en az dal sayısına sahiptir (Çizelge 5). Fidan taze ağırlığı (WW12) bakımından populasyon ve aile düzeyinde önemli farklılıklar vardır. Bu karakter bakımından denizden iç kesimlere doğru (En fazla ağırlığa Düzlerçamı, en düşük ağırlığa Ağlasun sahiptir) bir azalma gözlenmektedir.

Çizelge 4: Varyans analizi sonuçları. Varyans, varyansın bileşenleri ve toplam varyansa göre oranları (VC) ve fidan karakterlerinin aile düzeyindeki kalıtsallık oranları.

Fidan Karakteri Seedling Traits ¹	Varyasyon Kaynağı Source of variation								h ² r	Ortalama Mean
	Bloklar Blocks sd=2	VC %	Populasyon Populations sd=3	VC %	Aile(P içi) Family sd=176	VC %	Hata Error sd=345	VC %		
SW	0.01	0	2 97**	19.4	0.24**	75.7	0.01	4.9	0.96±0.10	1.535
cw	136.68	0	113351.42**	48.4	2287.87**	41.5	175.08	10.1	0.92±0.10	113.2
COT	1.78	2.4	10.75**	19.9	0.61**	40.5	0.15	37.6	0.75±0.10	8.42
FRHT91	266.75	16.8	421.38**	35.4	6.56**	13.4	3.06	34.4	0.53±0.11	15.32
SCHT91	262.34	31.2	102.45**	15.9	2.99ns	5.3	2.26	47.6	0.24±0.12	1.89
FINHT91	6.25	0.2	935.34**	57.1	10.07**	20.4	2.75	22.3	0.73±0.11	17.21
BS91	2277.61	3.6	8286.74**	17.6	481.00**	33.5	152.02	45.5	0.68±0.11	318.2
FLU91	5.59	39.2	1.26**	10.2	0.05*	4.5	0.04	45.1	0.20±0.12	1.25
BB92	0.77	3.8	1.54**	10.2	0.13*	21.8	0.07	64.1	0.46±0.11	72.10
FRHT92	13.45	0	2834.07**	6	420.75**	12.6	308.62	81.4	0.27±0.13	14.24
SCHT92	1578.01	2.5	222.84 ns	0	276.02 ns	0	280.91	97.5	-	5.07
FINHT92	1283.84	14	2350.60**	34	48.41 **	22.2	15.38	30.0	0.68±0.10	19.31
FLU92	11.20	34	0.99**	3.3	0.18**	16.6	0.09	46.1	0.50±0.11	1.96
BR91	6.31	0.3	424.98**	40.8	7 97**	22.8	2.80	36.1	0.65±0.11	8.63
BR92	168.32	25.5	21.16**	3.4	4.66**	28.2	1.60	42.9	0.66±0.11	7.26
BR12	1195.22	0	6133.12**	25.8	94.37**	33.2	27.18	41.0	0.71±0.10	15.91
FINHT12	146.59	6.5	504.23**	44.7	19.61**	22.4	5.82	26.4	0.70±0.10	36.59
WW12	1136.82	5.5	6102.98**	40.3	111.26**	22.9	35.44	31.3	0.68±0.11	29.25

1) Karakter kısaltmalarının açıklanması için Çizelge 2'ye başvurunuz, (ns) anlamlı değil, (*) 0.05, (**) 0.01 olasılık derecesinde anlamlı. 1) See Table 2 for the definition of the traits, (ns) :not significant, (*) significant at 0.05 level, (**) significant at 0.01 level.

Çizelge 5:Populasyonların fidan karakterleri ortalamaları. Aynı harfi bulunduran populasyonlar ilgili fidan karakterleri bakımından farklı değildir.

Table 5: Population means for the seedling traits. Populations having the same letter for the related character are not significantly different.

Fidan karakterleri 1 Seedling traits ²	POPULASYONLAR POPULATIONS			
	Düzlerçamı	Bük	Pamucak	Ağlasun
SW	1.74 a	1.51i b	1.51İ b	1.38 b
cw	154.55 a	88.87; b	111.78 c	97.81! b
COT	8.80 a	8.34; b	8.39 b	8.14; c
FRHT91	17.70 a	15.29; b	14.82 c	13.48 d
SCHT91	3.01 a	2.06i b	1.58 e	0.92i d
FINHT91	20.71 a	17.35 b	16.40; c	14.40J d
BS91	312.12 c	311.48! c	321.07 b	327.96! a
FLÜ91	1.35 a	1.28; b	1.22İ c	1.14İ d
BB92	71.32 d	71.53i c	72.44! b	72.93! a
FRHT92	38.14 a	" 31.26; b	29.8li b	26.79 c
SCHT92	3.43 a	6.13; a	6.13; a	4.71! a
FINHT92	41.57 a	37.39! b	35.94; c	31.54: d
FLU92	1.98 a	2.00; a	2.02 a	1.84İ b
BR91	10.91 a	9.01İ b	7.85; c	6.76; d
BR92	7.23 c	7.40; b	7.71! a	6.76; d
BR12	18.15 a	16.41! b	15.56; b	13.52 c
FINHT12	62.28 a	54.79 b	52.34; c	45.90 d
WW12	38.01 a	29.66 b	27.57 c	21.8İİ. d

1) Karakter kısaltmalarının açıklanması için Çizelge 2'ye başvurumuz.

2) See Table 2 for the definition of the traits.

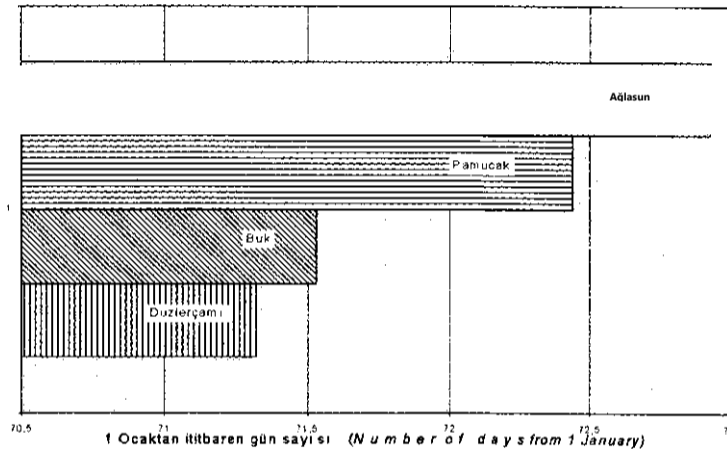
5.1.5 Fenolojik Karakterler

Tomurcuk patlama (BB92) ve bağlama günü (BS91), populasyonların doğal çevrelerine adaptasyonu ile yakından ilgili karakterlerdir. Populasyonların büyüme süresini belirleme bakımından önemli olan bu iki karakter için populasyon ve aile seviyesinde önemli farklılıklar gözlenmiştir (Çizelge 4). Aynı şartlarda yetiştirmelerine rağmen populasyonlar ve aileler birbirlerine göre daha erken veya geç tomurcuk bağlamaktadırlar. Fenolojik karakterler için gözlenen varyansın önemli bir kaynağı aileler arasındaki genetik farklılıklardır. İki karakter için her iki yılda aile kaynaklı varyans oranları BS91'de %33.5 ve BB92'de de %21.8 olarak tahmin edilmiştir (Çizelge 4). Populasyon düzeyindeki varyans oranları sırasıyla %17.6 ve %10.2 gibi düşük bulunmuştur.

Beklenildiği gibi rakım arttıkça ve denizden uzaklaştıkça populasyonların daha geç büyümeye başlamaktadırlar. Düzlerçamı ve Bük arasında tomurcuk oluşturma günü bakımından aralarında anlamlı bir farklılık yoktur ve diğer iki yüksek rakımlı populasyona göre daha erken tomurcuk oluşturmaktadırlar (Şekil 5)..

Şekil 5: Populasyonların vejetasyona başlaması için geçen gün sayısı, yatay eksende yer alan rakamlar, 1 Ocak gününden tomurcukların patlamasına kadar geçen gün sayısını belirtmektedir.

Figure 5: Number of days from the 1 January for bud burst of populations.



Yüksek rakımlı Ağlasun populasyonu diğerlerinden daha geç büyümeye başlamakta, fakat daha geç tomurcuk bağlamaktadır. Pamucak populasyonu bu iki grup arasında bir geçiş özelliği göstermektedir

5.2 Fidan Karakterlerinin Aile Düzeyindeki Kalıtsallık Oranları

Kızılcamda populasyon ve aile seviyesinde genetik çeşitliliğin fazlalığı, fidan karakterleri için tahmin edilen aile düzeyindeki kalıtsallık oranlarının yüksekliği ile de kanıtlanmaktadır. Aile düzeyindeki kalıtsallık oranları 0.2 ile 0.96 arasında değişmektedir (Çizelge 4). İncelenen karakterler arasında en yüksek katılım derecesine kozalak ve tohum ağırlığı sahiptir. Bu iki karakter için tahmin edilen kalıtsallık oranı sırasıyla 0.96 ve 0.92'dir. Kotiledon sayısı için tahmin edilen kalıtsallık oranı yine yüksek bulunmuştur (0.75). Ağaç ıslahında önemli bir karakter olan boylanma için her iki yıldaki boy artımı ve toplam fidan boyu için tahmin edilen kalıtsallık oranları yüksek düzeydedir. Boy artımı ve toplam fidan boyu için tahmin edilen oranlar sırasıyla ilk yıl için 0.73, ikinci yılda 0.68 ve iki yılın toplam büyümesinde 0.70'dir. Dal sayıları için 0.65 ve 0.66, fidan ağırlığı için 0.68 oranları bulunmuştur. Yukarıda belirtilen karakterleri yüksek katılım derecesine sahip karakterler olarak değerlendirmek mümkündür.

Orta derece kalıtsallık oranına sahip karakterler olarak çevreye uyumlu ilgili bir karakter olan tomurcuk patlama günü (0.46), 1991 ilk sürgün uzunluğu (0.53) . İlk yıl ikinci sürgün uzunluğu (0.24) ve sürgün sayısı (0.20)

orta dereceye göre daha düşük bir orana sahiptir. Genel olarak sürgün sayısı, sürgün uzunlukları ve tomurcuk patlama günü ile ilgili karakterlerin kalıtsallık oranlarının, diğer karakterlere göre düşük olduğu söylenebilir. İncelenen karakterler arasında 1992 ilk sürgün uzunluğu (0.27) ve yaz sürgünü uzunluğu ile ilgili kalıtsallık oranları çok düşük bulunmuştur. Bu iki karakterin şekillenmesinde daha çok çevresel faktörler etkili olmaktadır. Bu çalışmada tahmin edilen kalıtsallık oranları *Işık'ın* (1986) ulaştığı sonuçlarla uyumaktadır. Kızılcamda *Işık'ın* (1980) fidan boyu için tahmin ettiği değer $h^2 f = 0.74$ 'tür. Bu yüksek oranlar, bu türün ıslah amaçlarına uygun, umut verici bir tür olduğunu göstermektedir. Kalıtım derecelerinin standart hataları genelde yüksek bulunmuştur (± 0.1 civarında).

5.3 Korelasyon Analizi Sonuçları

Aile düzeyinde hesaplanan genetik korelasyonlar Çizelge 6'da verilmiştir. Tablonun fazla büyük olması nedeniyle fenotipik korelasyonlara yer verilmemiştir. Genel olarak fenotipik korelasyonlar ile genetik korelasyonlar arasında bir paralellik gözlenmektedir. İki karakter arasındaki fenotipik korelasyon pozitif ve orta derecede ise, genetik korelasyon da pozitif yönde ve ona yakın olmaktadır. Bu nedenle bu bölümde önemli karakterler arasındaki genetik korelasyonlar üzerinde durulacaktır.

Kozalak ve tohum ağırlığı ile fidan boyu arasındaki genetik korelasyonlar pozitif yönde, orta derecededir. Bir yaşındaki fidan boyu ile kozalak ve tohum ağırlığı arasındaki genetik korelasyonlar sırasıyla 0.19 ve 0.42 iken, iki yaşındaki toplam boy ile olan ikili ilişkiler daha yüksektir (0.39, 0.50).

Kotiledon sayısı ile bir yaşındaki fidan boyu ve iki yaşındaki toplam fidan boyu arasındaki genetik korelasyonlar biraz daha düşük bulunmuştur (0.31 ve 0.40). Genel olarak kotiledon sayısı ile büyümeye ilişkin karakterler arasındaki genetik korelasyonlar yüksek değildir. İlişkilerin güçlü olmamasına rağmen pozitif yönde olmaları, ağır kozalak ve tohum seçilmesi ile ilk iki yılda daha uzun boylu fidan elde edilecektir.

Tomurcuk oluşturma günü ve tomurcuk patlama günü gibi fenolojik karakterler ile büyümeye ilişkin karakterler arasındaki genetik korelasyonlar eksi yönde ve genelde düşüktür. En yüksek genetik korelasyon bir yaşındaki fidan boyu ile tomurcuk patlama günü arasında tahmin edilmiştir (-0.48). Ağacın çevreye uyumunu

Çizelge 6. Fidan karakterleri arasındaki genetik korelasyonlar. (Hesaplama da kullanılan aile sayısı 177)

Table 6 : Estimated genetic correlations between seedling traits. In estimation 177 open families were involved.

	SW	CW	COT	FRHT91	SCHT91	FLU91	BS91	FINHT91	BB92	FLU92	BR91	BR92	FINHT92
SW	-												
CW	0.65±0.06	-											
COT	0.53±0.05	0.37±0.08											
FRHT91	0.52±0.11	0.44±0.12	0.27±0.11										
SCHT91	0.34±0.19	0.31±0.20	0.40±0.18										
FLU91	0.21±0.1	0.17±0.19	0.25±0.19	0.66±0.34	0.96±0.04								
BS91	-0.23±0.07	-0.14±0.10	-0.40±0.10	-0.11±0.13	-0.02±0.19	-0.01±0.20							
FINHT91	0.42±0.08	0.19±0.08	0.31±0.09	0.99±0.04	0.99±0.17	0.76±0.18	0.07±0.11						
BB92	-0.26±0.12	-0.13±0.13	-0.34±0.12	-0.09±0.15	-0.21±0.24	-0.10±0.25	0.88±0.06	0.13±0.12					

FLU92	0.20+11	0.22+11	-0.18+14	0.32±.14	1.00±.25	0.95+25	0.031.13	0.54+10	-0.27±.15				
BR91	0.42±.10	0.42±.10	0.37±.09	0.34±.12	0.991.20	0.89+22	-0.31+10	0.551.08	-0.44+12	0.63+10			
BR92	0.231.09	0.27±.09	0.22±.10	0.43±.11	0.88+19	0.77+20	-0.01+11	0.57±.08	-0.26+13	0.90+05	0.70±.07		
FINHT92	0.43+08	0.30±.09	0.401.09	0.821.07	1.01±.18	0.80+18	-0.22+10	0.57+08	-0.48+12	0.75+07	0.69+07	0.79+05	
BR12	0.30+08	0.381.09	0.331.09	0.41+11	1.01+19	0.91+20	-0.20+10	0.58+07	-0.39+12	0.81+07	0.941.02	0.901.03	0.09+11
FINHT12	0.50+08	0.39+09	0.38+09	0.901.05	1.03±.18	0.811.18	-0.13+10	0.741.04	-0.37±.12	0.71+08	0.70+06	0.74+06	0.981.03

Kodlu karakterlerin tanımı için Çizelge 2'ye bakınız. *Please see table 2 for the definition of tahts.*

sağlayan erken tomurcuk oluşturma ve geç tomurcuk patlatma zamanı, fidanın daha az boylanma yapmasına neden olmaktadır

Dal sayısı ve iki yaşındaki toplam boy arasındaki genetik korelasyonlar beklenildiği gibi artı yönde ve yüksek bulunmuştur (sırasıyla 0.70, 0.74). Dal sayısının fazlalığı, genetik olarak daha fazla boylanma potansiyeline sahip aileler için ilk iki yıl içm bir kriter olabilecektir.

Sürgün sayıları, sürgün uzunlukları, ve boylanma, arasındaki genetik korelasyonlar, 0.70 ile 1.0 arasında, çoğunlukla 0.90'nm üzerindedir. Boylu fidanlar, aynı zamanda sürgün sayısının fazlalığına bağlı olarak, daha çok dal boğumuna ve dolayısıyla daha çok dala sahiptirler. Sürgün ve dal sayıları ile fidan boyu arasındaki yüksek genetik korelasyonlar beklenen sonuçlardır.

6. TARTIŞMA

Kızılcam fidan karakterleri üzerinde yapılan bu çalışmada bir çok karakter bakımından populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasındaki yüksek düzeyde genetik çeşitlilik olduğu gözlenmiştir. Populasyon içi aileler arasındaki genetik çeşitliliğin yüksekliği, aile düzeyindeki kalıtım oranlarının yüksekliği ile de kanıtlanmaktadır. Genetik çeşitliliğin önemli bir oranı populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arası farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Genel olarak, boylanma ve fenolojik karakterler bakımından denizden iç kesimlere doğru gidildikçe populasyon düzeyindeki farklılıklar artmakta, kesintisiz bir varyasyon olduğu gözlenmektedir. Birbirinden uzak olan populasyonlar, aynı zamanda birçok karakter bakımından genetik olarak da en farklı populasyonlardır. Kızılcamda populasyonlar arası genetik çeşitlilik beklenildiği gibi fazla bulunmuştur. Bir çok karakter için tahmin edilen yüksek kalıtım dereceleri, gözlenen çeşitliliğin önemli bir bölümünün genlerin eklemeli (additive) etkisiyle ortaya çıktığını göstermektedir. Bu sonuçlar kızılcamda selektif ıslah yöntemleri ile önemli genetik kazanç elde edilebileceğini göstermektedir. Populasyonlar ve aile düzeyinde genetik çeşitlilik konusunda elde edilen bulgular daha önce bu konuda yapılan araştırma sonuçları ile paralellik göstermektedir (Işık, 1986). İncelenen karakter bakımından coğrafik olarak yakın olan populasyonların aynı zamanda diğer uzak populasyonlara göre benzer olmaları beklenen bir sonuçtur. Birçok türde genetik çeşitliliğin fazlalığı, türün büyüklüğü, tohum ve polen yayılımı, dölllenme özellikleriyle açıklanmaktadır (Zobel ve Talbert 1984). Türkiye'de marjinal karaçam populasyonları üzerinde yapılan bir çalışmada populasyonlar arası genetik farklılık önemsiz bulunmasına karşılık, asıl varyasyonun populasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklandığı gözlenmiştir (Kaya ve Temerit 1993). Kızılcamda ise hem populasyonlar hem de populasyon içi aileler arası genetik çeşitlilik yüksek bulunmuştur.

Denizden yükseklik ve uzaklık arttıkça boylanma daha az olmaktadır. En iyi büyümeyi alçak zon populasyonu Düzlerçamı, en az büyümeyi de yüksek zon populasyonu Ağlasun yapmıştır. Bu durum İktüeren (1977) ve Işık'ın (1980) ulaştıkları sonuçlarla uyusmaktadır. Denemenin yürütüldüğü fidanlığın alçak zonda olması, Düzlerçamı populasyonu için bir avantaj olabilir. Işık (1986); kızılcamın fidan karakterleri üzerinde yaptığı kapsamlı çalışmada, populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik kaynağının yetiştirme koşullarının getirdiği seleksiyon basıncı ile açıklamaktadır. Rakım ve denizden uzaklık arttıkça sıcaklık ve büyüme süresi azalmaktadır. Erken ve geç donlar yüksek zonlarda, kuraklık ise alçak zonlarda uyum sağlamayan genotipleri elimine etmektedir. Bunların yerini büyüme süresi kısa, donlara veya alçak zonda kuraklığa dayanıklı genotipler almaktadır (Işık, 1986). Populasyonlar aynı yetiştirme ortamında büyümelerine rağmen vejetasyon süreleri bakımından farklı bulunmuşlardır. Yüksek zondan gelen Ağlasun

populasyonu Antalya şartlarında büyüme için yeterli sıcaklığı uzun süre bulduğu için diğerlerine göre daha geç tomurcuk oluşturmaktadır. Pamucak ise bu özellik bakımından Ağlasunu takip etmektedir. Düzlerçamı ve Bük populasyonları diğer iki populasyona göre yazları daha kurak ve sıcak bir çevreden gelmektedirler. Bu iki populasyonun daha erken tomurcuk oluşturmalarını doğal yetiştirme ortamlarındaki uzun yaz kuraklığı ile açıklamak olasıdır. Bu durum populasyonların buldukları doğal yetiştirme ortamlarında biyolojik uyum yeteneklerine sahip olduklarını ve çevreye uyumu sağlayan genetiksel bir yapıya kavuşmuş olduklarını göstermektedir. Bu nedenle orijin-döl denemeleri ile her yetiştirme ortamı için en uygun populasyonlar belirlenene kadar ağaçlandırmalarda lokal populasyonların tohumu kullanılmalıdır.

Kızılcamda bazı karakterler bakımından populasyon içi genetik çeşitlilik oranı, populasyonlar arası genetik çeşitlilik oranına göre daha yüksek bulunmuştur. Populasyon içi genetik çeşitliliğin yüksekliği, kalıtsallık derecelerinin büyüklüğü ile de desteklenmektedir. Kızılcamın döllenme şekli (dışa döllenme), hava hareketleri ile polenin uzaklara taşınması, populasyonlar arasında gen alışverişine ve populasyonların gen havuzunun değişmesine ve genetik yöden birbirine benzemesine yol açmaktadır. Bazı karakterler için populasyon içi çeşitliliğin, populasyonlar arası çeşitliliğe göre daha büyük olması bu yoğun gen alışverişisiyle ve populasyonun doğal seleksiyona karşı bir güvence mekanizması olarak açıklamak mümkündür. Yine de kızılcamda populasyonlar arası genetik farklılaşma karaçama göre daha belirgindir. Populasyon içi genetik çeşitliliğin fazla olması, populasyonun buldukları çevreye uyum sağlayabilmesi açısından önem taşımaktadır. Çünkü populasyonda farklı genotipik yapıya sahip birey sayısı arttıkça populasyonun farklı selektif güçlere uyum sağlaması (Değişen çevresel şartlara uygun genotipleri bulundurma olasılığı) daha kolaydır. Populasyon içi genetik çeşitlilik bazı karakterler için yüksek olmasına rağmen karaçama göre daha düşüktür.

İslah çalışmalarının başarısı ekonomik önem taşıyan karakterlerin kalıtsallık oranlarının yüksek olmasına bağlıdır. Fidan karakterlerinin çoğunluğu için kalıtsallık oranları yüksek bulunmuştur. Kızılcamda populasyon ve aile düzeyindeki genetik çeşitliliğin fazlalığı ve aile düzeyindeki kalıtım derecelerinin yüksekliği, selektif ıslah yöntemleri ile önemli genetik kazanç sağlanabileceğini göstermektedir. Bu nedenle ıslah ve üretim populasyonlarının oluşturulmasında öncelikle bir zondaki en iyi populasyonlar seçilmeli, daha sonra populasyon içinde en iyi genotipe sahip aileler belirlenmelidir. Böylece hem populasyonlar arası hem de populasyon içi genetik varyasyondan faydalanılmış olunacaktır. Kalıtsallık oranlarının hesabında, fidanların serbest tozlaşma sonucu oluşmuş yarım-kardeş olmaları varsayımı kabul edilmiştir. Fakat açık tozlaşma polen kaynağı kontrol altında olmadığı için bazı fidanların tam kardeş olma olasılıkları söz konusudur. Bu nedenle tahmin edilen kalıtsallık oranları beklenenden daha büyük olabilir. Kalıtsallık oranı; yaş, çevre faktörleri ve çalışılan birey sayısına bağlı olarak değişiklik göstermektedir. Selektif ıslah için daha güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için aynı karakterlerin ileri yaşlardaki kalıtsallık oranları izlenmelidir.

Blok ve hata varyansı, deneme parselleri arasındaki ışık, büyüme alanı, sulama farklılıklarından ve parseller içindeki yarım-kardeş fidanlar arasındaki gözlenemeyen mikro çevresel farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Parsellerdeki yarım kardeş fidanlar arasındaki (Polen Kaynağı Farklılığı) genetik farklılıklar da parsel içi varyansı arttırmaktadır. Bu nedenle hata varyansının nedeni yalnızca çevresel varyans değil, aynı zamanda aile içi genetik farklılıklardır.

Aynı karakterler arasındaki genetik korelasyonlar, fenotipik korelasyonlara göre daha yüksek bulunmuş olmasına rağmen genelde bu iki parametre arasında güçlü bir ilişki bulunmaktadır. Bu durumda yalnızca fenotipik ilişkiden yararlanarak bir çok karakterde seleksiyon yapılabilir. Özellikle ilk yıl yaz sürgünü uzunluğu ile diğer büyümeye ilişkin karakterler arasındaki genetik korelasyonlar % 90'nın üzerindedir. Genetik korelasyonların fenotipik korelasyonlara göre daha yüksek oluşu, iki karakter arasındaki çevresel şartların olumsuz etkisinin varlığı ile açıklanabilir. Çevresel faktörler iki karakter arasında negatif bir ilişki yaratarak fenotipik korelasyonların genetik korelasyonlara göre daha düşük çıkmalarına neden olmaktadır. Eğer incelenen ikili karakterler arasındaki önemli genetik korelasyonlar ileri yaşlarda da devam ederse, oluşturulacak seleksiyon eşitlikleri ile birden fazla karakterde aynı kuşakta ıslah yapmak mümkün olacaktır.

Bu denemeye paralel olarak genetik korelasyonların ve kalıtsallık oranlarının ileri yaşlarda da gözlenmesi için aynı populasyonlar bir proje dahilinde arazide iki farklı çevreye nakledilmiş olup, ölçme ve gözlemlere devam edilmektedir.

SONUÇ VE ÖNERİLER

1) Kızılcamda populasyon ve aile düzeyinde önemli genetik farklılıklar vardır. Farklılığın önemli bir oranı genlerin eklemeli (Additive) etkisinden kaynaklanmaktadır. Bu türde yapılacak selektif ıslah programları ile önemli genetik kazanç elde edilebilecektir. Genetik kazancın enyüksek olması için öncelikle her ıslah zonunda iyi populasyonlar belirlenmeli ve bu populasyonlardan üstün aileler seçilmelidir. Fidan karakterleri üzerinde yapılan bu çalışmada populasyonlar arasında önemli genetik farklılıklar da gözönüne alınarak populasyon düzeyinde ve populasyon içi aile düzeyinde seleksiyon yapılarak kızılcam içim 'ıslah populasyonları' oluşturulabilir.

2) Kızılcamda doğal populasyonların genetik yapılarının daha iyi anlaşılması ve güvenilir genetik parametrelerin elde edilmesi için farklı bölgelerden populasyonlar da dahil edilerek uzun süreli gözlem ve denemelere devam edilmelidir.

3) Kızılcam doğal yayılışının üst sınırında ve iç kesimlerde yapılacak ağaçlandırmalarda eğer yakın çevrede doğal bir populasyon varsa tohum kaynağı olarak o populasyon kullanılmalıdır. Aksi takdirde bu türü kullanmaktan kaçınılmalı veya bu tür ağaçlandırmalar için araştırma sonuçlarına dayalı bir "ıslah populasyonu" geliştirilmelidir. Bu çalışma sonuçlarına göre orta zondaki populasyonlardan, belli sınırlar dahilinde daha güvenilir bir şekilde alt ve üst zonlara tohum transferi yapılabilir.

4) Kızılcam doğal yayılış alanlarında değerli genotiplerin yok olmasını önlemek ve ileri ıslah amaçları için kızılcam ıslah programı ile birlikte kızılcam gen kaynaklarını koruma programı de oluşturulmalıdır. Gen koruma programlarında ağırlık, orta zon populasyonları ile yok olma tehlikesi altındaki 0-300 m zonundaki populasyonlara verilmelidir.

ÖZET

Doğal orman ağacı populasyonlarında genetik çeşitlilik araştırmaları, türlerin ıslah stratejileri ve genetik çeşitliliğin korunması programları için temel genetik ve biyolojik bilgiler sağlamaktadırlar. Kızılcam, ülkemiz ormancılığındaki önemi nedeniyle ıslah çalışmaları için öncelikle ele alınan bir türdür. Diğer türlerde olduğu gibi kızılcam türü için de genetik çeşitlilik konusunda yeterli sayıda araştırma yapılmamıştır. Bu eksikliğin giderilmesi için Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü ve ODTÜ Biyoloji Bölümü bu araştırmayı yürütmüştür. Bu amaçla Antalya yöresinde denizden iç kesimlere doğru dört kızılcam populasyonu örneklenmiştir. Her populasyondan sistematik örnekleme ile fenotiplerine bakılmaksızın 45⁵şer tohum ağacından (aile) tohum toplanmıştır. Yeterli sayıda fidan elde edilen 4 populasyona ait toplam 177 aileye serbest tozlaşma ürünü 5310 (177 aile x 10 fidan x 3 blok =5310 fidan) fidan üzerinde deneme yürütülmüştür. Elde edilen serbest tozlaşma ürünü tohumlar Antalya yakınındaki 40 m rakımlı Zeytinköy Orman Fidanlığında üç yinelemeli raslantı blokları deneme desenine göre ekilmiştir. İki büyüme mevsimi boyunca başta boy, dallanma özellikleri, tomurcuk oluşturma günü, tomurcuk patlama günü, kotiledon sayısı gibi 15 fidan karakteri incelenmiştir. Veriler S AS istatistik paket programı kullanılarak değerlendirilmiştir.

Analiz sonuçlarına göre fidan karakterleri bakımından populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasında yüksek düzeyde genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Populasyonlar düzeyindeki genetik çeşitlilik oranları %0 (iki yaşında yaz sürgünü uzunluğu) ile %57 (bir yaşında boy), aile düzeyinde ise %0 (iki yaşında yaz sürgünü uzunluğu) ile %75.7 (tohum ağırlığı) arasında değişmektedir. Populasyonlar arasında denizden iç kesimlere doğru ve rakım arttıkça kesintisiz bir geçiş olduğu gözlenmektedir. Bir çok karakter için birbirinden en farklı olan populasyonlar aynı zamanda en uzak olan populasyonlardır. İki yılda en fazla büyümeyi, alçak yükseltiden gelen Düzlerçamı, en az büyümeyi yüksek rakımlı Ağlasun yapmaktadır. Yüksek rakımlı ve denizden en uzak Ağlasun populasyonu diğer populasyonlara göre baharda daha geç vejetasyona başlamaktadır.

Aileler arası genetik çeşitliliğin büyüklüğü, karakterlerin aile düzeyinde kalıtsallık (h^2_f) oranlarının yüksekliği ile de kanıtlanmaktadır (iki yaşındaki boy için $h^2_f = 0.68$, Kozalak ağırlığı $h^2_f = 0.96$, Tomurcuk oluşturma günü $h^2_f = 0.68$). Kalıtsallık oranlarının yüksekliği populasyon içi aile seçimine de önem verilmesi gerektiğini belirtmektedir.

Bir çok fidan karakteri arasında negatif ve pozitif yönde önemli düzeyde genetik korelasyonlar belirlenmiştir. Örneğin iki yaşındaki toplam fidan boyu ile ilk yıla ait boylanma arasındaki genetik korelasyon 0.74, ilk yıla ait boylanma ile iki yaşındaki toplam fidan boyu arasındaki genetik korelasyon 0.90 bulunmuştur. Beklenildiği gibi korelasyonlar, büyümeye ilişkin karakterler arasında artı yönde, fenolojik karakterler ile büyümeye ilişkin karakterler arasında eksi yöndedir. Ancak fenolojik karakterler ile büyümeye ilişkin karakterler arasındaki genetik korelasyonlar yüksek değildir. Genetik korelasyonlar ileri yaşlarda da gözlenebildiği takdirde aynı kuşakta birden fazla ağaç karakterinde ıslah yapmak ve genetik kazancı daha da arttırmak mümkün olacaktır.

Kızılcamda yapılacak selektif ıslah çalışmaları ile önemli genetik kazanç sağlanabilecektir. ıslah çalışmalarında seleksiyona verilen öneme paralel olarak genetik kazanç artacaktır. ıslah populasyonlarının oluşturulmasında en iyi populasyonlar öncelikle seçilmeli, daha sonra seçilen üstün populasyonlardan genetik olarak üstün aileler seçilmelidir. Kızılcamda genetik erozyonu önlemek ve gelecekte ıslah çalışmalarını güvence altına almak için, kızılcam ıslah programı ile birlikte gen kaynaklarını populasyon

ve aile düzeyinde korumaya yönelik gen kaynaklarını koruma programı başlatılmalıdır. Gen koruma programlarında öncelik, aşağı zon ve orta zon popülasyonlara verilmelidir.

SUMMARY

Pinus brutia is economically one of the most important species in Turkish forestry. The breeding work on *P. brutia* was initiated in 1972 with plus tree selection and establishment of clonal seed orchards. Today there are 46 seed orchards most of which consist of 30-40 clones. In 1994, a new breeding strategy was proposed for this species. Information from genetic variation studies on forest tree natural populations will make the breeding programs more reliable and increase their effectiveness. Such information is also crucial for constructing sound gene conservation programs. There is lack of information about the genetic make up of the natural *P. brutia* populations. The aim of this study was to provide such information and make contribution to *P. brutia* breeding work and gene conservation programs.

The study was carried out jointly by S.W Anatolia Forest Research Institute, Antalya and Middle East Technical University, Biological Sciences Department, Ankara. Four natural populations were sampled from a south to north transect in Antalya region, southern coast of Turkey. From each population, 45 open pollinated parent trees were sampled systematically regardless of their phenotypes. Half-sib seedlings were raised in Zeytinköy Forest Nursery (altitude 40 m) at Antalya. Complete randomised blocks design was laid out with three replications. 15 seedling traits such as seedling terminal growth, bud burst, bud set, branching traits, cone weight, seed weight were assessed in two growing seasons. The statistical analyses were carried out using SAS statistical package.

The results showed that there are considerable genetic differences both among and within populations in most of the traits. The ranges of the variation varied between 0 % (Free growth in second year,) to 57 % (Predetermined growth in 1991) in populations level. In family level the range varied between 0 % (Free growth in second year) and 75.7 % (seed weight). In the second growing season, genetic variation within populations was found to be greater than that among populations. The variation among populations in most of the traits seemed to be clinal. The greater differences were found between the most distant populations. The lower elevation populations had taller seedlings than the middle and high altitude populations. The more distant populations had shorter growing periods in comparison with the lower elevation populations. The significant variation within population was also supported by family heritability values. Family heritability values were estimated to be high for most of the traits (terminal growth $h^2_f=0.68$, no. of cotyledons $h^2_f=0.73$).

Estimated genetic and phenotypic correlations between characteristics showed similar patterns. For example, genetic and phenotypic correlations between terminal growth and bud burst were negative and closer numerically (gen. corr.= -0.48, Phen cor = -0.31). Genetic correlations between growth and phenological traits were weak. Genetic correlations between biomass and growth traits were strong and positive, but genetic correlations between phenological and growth traits were negative. Strong genetic correlations indicate that improvement can be achieved out for some traits at one breeding cycle and a selection index can be constructed,

Pinus brutia natural populations seemed to have some adaptational patterns at their natural habitats. For the reforestation purposes, the seed of local stands should be used until provenance trials to be completed. High

genetic variation between and within populations and significant family heriability values indicate that, *P. brutia* is a promising species for recurrent selection and improvement. To maximize the genetic gain, at first besî populations should be determined, and best families should be selected from the best populations. To conserve *P. brutia* valuable genotypes, along with breeding work, *Pinus brutia* gene conservation programs should be initiated. Priority should be given to center and lower elevation populations.

KAYNAKÇA

- ANONİM, 1988. Ormancılık Ana Planı, Orman Genel Müdürlüğü, APK Daire Başkanlığı yayın no: 3. Ankara. ANONİM, 1987. Turkey's Forest Resources. Forest Research Institute, Ankara miscellaneous publ. series no: 50. ARBEZ, M. 1974. Distribution, Ecology and Variation of *Pinus brutia* in Turkey. Forest Genetic Resources Information 3, FAO 21-23, Rome.
- ASLAN, S. and UĞURLU, S. 1986. Kızılçam, Halepçanı, ve *P. elderica* Tür ve Orijinlerinin Tohum, Fidecik ve Fidan Özelliklerinin Araştırılması. Ormancılık Araşt. Enst. Yayınları Teknik Bülten serisi No: 165,
- BECKER, W. A. 1984. Manual of Quantitative Genetics. Fourth edition, Academic Enterprises, Pullman, Washington. CALAMASSI, R., PUGLUSSI, S.R., VENDRAMIN, G. G. 1988. Genetic Variation in Morphological and Anatomical Needle Characteristics in *Pinus brutia* Ten. *Silvae Genetica*, 37:5-6, 199-206.
- FALCONER, D.S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics. Third edition. Longman, London, U.K. FALUSI, M. 1982. Geographic Variation and Seed Germination in *Pinus brutia*. *Annali Academia Italiana di Scienze Forestali*. 31, 157-158.
- HARTLE, D.L. 1981. A primer of Population Genetics. Sinauer Associates, Inc. Publishers.
- HODGE, G.R. and WHITE, T.L. 1992. Genetic Parameter Estimates for Growth Traits at Different Ages in Slash Pine and Some Implications for Breeding. *Silvae Genetica* 41,4-5.
- IŞIK, K. 1986. Altitudinal Variation in *Pinus brutia* Ten.: Seed and Seedling Characteristics. *Silvae Genetica* 35 2-3, 57-58 pp. IŞIK, K. 1980. Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlararası ve Populasyonlar İçi Genetik Çeşitliliğin Araştırılması. I. Tohum ve Fidan Karakterleri. Doçentlik Tezi, ODTÜ. İKTÜEREN, Ş. 1977. Türkiye Dağılışı İçinde Kızılçam ve Fıstıkçanı Orijin Denemeleri. I: Tohum ve fidanlık. TÜBİTAK VI Bilim Kongresi Tebliği.
- KAYA, Z and TEMERİT, A. 1993. Magnitude and Pattern of Genetic Variation in European Black Pine (*Pinus nigra* var. *pallasiana*) Populations in Turkey. *Doğa: Tr. J. of Agr. and For.* 17 : 267-279.
- KAYACIK, H. 1954. Türkiye Çamları ve Bunların Coğrafi Yayılışları Üzerine Araştırmalar. İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi. 4 (2) A: 44-64
- LERNER, I.M. 1958. The Genetic Basis of Selection. J.Wiley Sons. Inc NewYork.
- LIBBY, W.L.1973. Domestication Strategies for Forest Trees. Canadian Journal of Forest Research. Volume number 2, 265-276.
- NAMKOONG, G., SNYDER, E.B. and STONECYPHER, R.W. 1966. Heritability and Gain Concepts for Evaluating Breeding Systems Such as Seedling Seed Orchards. *Silvae Genetica*, 15: 76- 84.

- PANETSOS, C.P. 1981. Monography of *P. halepensis* and *P. brutia*
Ann. For (Zagreb), 9 (2)-39-77. RIVA, L. and VENDRAMIN, G.
1983. Preliminary Studies on the
Artificial Hybrid *P.brutia* x *P.halepensis*. Italia Forestale Montana
38: 5 234-248.
- SAS USERS GUIDE, 1992. Statistics, SAS Intitute Incorp. Cary, North
Carolina Í l i p .
- SHELBOURNE, C.J.A. 1969. Tree Breeding Methods. Forest Research
Institute Technical Paper 55, New Zealand Forest Service.
Wellington, New Zealand. 41 p.
- SNEDECOR, G.W. and COCHRAN, W.G. 1980. Statistical Methods. The
Iowa State University Press. Seventh Edition. USA.

WEIR, R.J. 1981. Developing a Tree Improvement Program. Tree Improvement Short Course. N.Carolina State Univ. USA. WRITE, J.W. 1962. Genetics of Forest Tree Improvement. FAO Forestry and Forest Products Studies No: 16, Rome. YEH, C.F. 1985. Recent Advances in the Application of Biochemical Methods to Tree Improvement. New Way in Forest Genetics. Canadian Tree improvement Association Proceedings, Twentieth Meeting, Part 2, Quebec City, Canada. ZOBEL, B. and TALBERT, J 1984. Applied Forest Tree improvement. North Carolina State Univ. John Whiley - Sons. New York.