

Anadolu sıgla ağacı (*Liquidambar orientalis* Mill.) beş yaşlı fidanlarında bazı kantitatif karakterlerin çeşitliliği

Murat ALAN (Orcid: 0000-0002-0226-1664)*¹, Ercan VELİOĞLU (Orcid: 0000-0002-8448-8677)²,
Turgay EZEN (Orcid: 0000-0002-3697-3694)³, Sadi ŞIKLAR (Orcid: 0000-0002-2297-9681)⁴,
Hikmet ÖZTÜRK (Orcid: 0000-0002-5272-0929)⁴

¹ Karabük Üniversitesi, Orman Fakültesi, Orman Mühendisliği Bölümü KARABÜK

² Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, İZMİT

³ Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, ANKARA

⁴ Emekli Orman Mühendisi

*Sorumlu yazar/Corresponding author: muratalan@karabuk.edu.tr, Geliş tarihi/Received: 13.02.2018, Kabul tarihi/Accepted: 02.04.2018

Öz

Anadolu sıgla ağacı yayılış alanının tamamında 18 populasyon örneklenmiş, bu populasyonlar moleküler belirteç yöntemi ile değerlendirilerek genetik çeşitliliği en yüksek dokuz adet populasyon (Bozdağ, Çetibeli, Değirmenyani, Günlükbaşı, Günnücek, Kıyra, Köyceğiz, Yatağan, Yılanlı) belirlenmiştir. Belirlenen bu populasyonlardan örneklenen 16-27 arasında değişen ağaçtan tohumlar toplanmıştır. Toplanan tohumlarla yetiştirilen fidanlar kullanılarak tesadüf blokları deneme deseninde, tek ağaç parsel düzenlemesi ile 2009 yılında 25 bloklu bir deneme kurulmuştur. Her blokta toplam 223 aile yer almış; beşinci yaşta boy, göğüs çapı ve tepe tacı ölçülmüştür.

Özelliklerin tamamında populasyonlar ve aileler arası farklılıklar istatistik olarak önemli bulunmuştur. Populasyonlar için farklı gruplara bakıldığında, genel olarak Bozdağ ile Yatağan populasyonları dışındaki populasyonlar bir grupta yer almışlardır. Ayrıca Bozdağ ve Yatağan populasyonları da birbirlerinden istatistik olarak farklılık göstermiştir. Populasyonlar arasında bulunan genetik mesafeler ve bu mesafelere göre oluşturulan benzerlik ağacında da Bozdağ ve Yatağan populasyonlarının farklı olduğu ortaya çıkmıştır.

Aile ortalamaları kalıtım dereceleri ve standart hataları, göğüs çapı, boy ve taç çapı için sırasıyla $0,54 \pm 0,09$; $0,62 \pm 0,09$ ve $0,40 \pm 0,10$ genetik varyasyon katsayıları aynı sırayla % 13,4; % 9,1 ve % 7,1 bulunmuştur. Bulgular gen koruma açısından değerlendirilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Gen koruma, kalıtım derecesi, genetik varyasyon, adaptasyon, genetik mesafe

Diversity of some quantitative characters of Oriental sweet gum (*Liquidambar orientalis* Mill.) for five-year-old seedlings

Abstract

Eighteen populations were sampled from the distribution area of Oriental sweet gum. The populations were evaluated by molecular markers method and chosen nine out of 18 population (Bozdağ, Çetibeli, Değirmenyani, Günlükbaşı, Günnücek, Kıyra, Köyceğiz, Yatağan, Yılanlı) in terms of genetic diversity. Seeds were collected from 16-27 mother trees of these nine populations. Using seedlings grown with collected seeds, a common garden test was established in 2009. Randomized complete block design with the single-tree plot was used for the common garden test. A number of the block was 25 in the common garden test. A total of 223 families were included in each block, and the fifth-year height, breast height diameter, and crown diameter were measured.

Statistically significant differences were found between populations for all the traits. When looking at different groups, Bozdağ and Yatağan population were different from other populations in general. There was also a difference between Bozdağ and Yatağan populations. The genetic distances between the populations and the neighborhood tree which were formed by genetic distances also showed that the most different populations were Bozdağ and Yatağan.

The individual heritabilities and their standard errors were 0.54 ± 0.09 , 0.62 ± 0.09 and 0.40 ± 0.10 for the height, breast height diameter, and crown diameter respectively, the additive genetic variation coefficients were also 13.4%, 9.1%, and 7.1%, respectively. The findings were evaluated in terms of gene conservation.

Keywords: Gene conservation, heritability, genetic variation, adaptation, genetic distance

To cite this article (Atf): ALAN, M., VELİOĞLU, E., EZEN, T., ŞIKLAR, S., ÖZTÜRK, H. (2018). Anadolu Sığlasında (*Liquidambar orientalis* Mill.) bazı kantitatif karakterlerin çeşitliliği: beşinci yaş sonuçları. Ormanlık Araştırma Dergisi, 5 (1), 74-81.
DOI: <https://doi.org/10.17568/ogmoad.394156>

1. Giriş

Türkiye’de, eskiden amberi sail denilen (Acatay, 1963), bugünse Anadolu sığla ağacı, Günlük ağacı ya da Amber ağacı olarak bilinen *Liquidambar orientalis*, Altingiaceae familyasına ait olan ve ülkemizde yayılış gösteren bir türdür (Örtel, 1988; Köse ve Yılmaz, 2014). Anadolu sığla ağaçlarının gövdelerinde yaralanmalar sonucunda patolojik balsam kanalları oluşur. Bu bakımdan, “sıvı” anlamına gelen “Liquidus” ve “güzel kokulu” anlamına gelen Arapça “Amber” kelimeleri birleştirilerek, bu cinse “*Liquidambar*” adı verilmiştir (Kayacık, 1981; Köse ve Yılmaz, 2014).

Bataklıklar, vadiler, akarsu ve dere kenarları, deniz kıyısı gibi nemli ve taban suyu yüksek yerlerin yanı sıra ender olarak kurak yamaçlarda da yetişebilir. Coğrafi olarak, Muğla ilinde yayılış göstermekle birlikte, Aydın, Denizli, Burdur ve Antalya illerinde de görülmektedir. 0-400 m’ler arası uygun yetişme ortamı olmakla birlikte 1100 m’de yayılış alanları saptanmıştır. Rodos Adası’ndaki yayılış dışında ülkemiz için endemik bir türdür. (Efe, 1987; Alan ve Kaya, 2003; Velioğlu ve ark., 2008; Köse ve Yılmaz, 2014).

Anadolu sığla ağacı doğal yayılış alanı, 1947 yılında 7000 ha iken 2002 yılında 3200 ha’ya düşmüştür. Benzer şekilde, 180 ton olan sığla yağı üretimi de 2013 yılında 1110 kg’a inmiştir (Alan ve Kaya, 2003; Velioğlu ve ark., 2008; OGM, 2015). Diğer yandan sığla yağı üretimi, hiç üretimin olmayabileceği yılları da içeren dalgalı bir seyir izlemektedir. Doğal yayılış alanı ve üretimde görülen düşüşün, tekniğine uygun olmayan yağ üretimi, otlatma, Anadolu sığla ağacının yetişme alanlarının tarım alanlarına dönüştürülmesi gibi nedenlerden kaynaklandığı öne sürülmektedir (Alan ve Kaya, 2003; Velioğlu ve ark., 2008).

Doğal yayılıştaki ve yağ üretiminde görülen düşüşün önüne geçilebilmesi için Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü (OATIAM) bünyesinde daha önceden yapılmış tohum bahçesi ve gen koruma ormanı seçim çalışmalarına (OATIAM, 2016) ek olarak bazı yeni çalışmalar başlatılmıştır. Bu kapsamda Anadolu Sığla ağacı, Avrupa Orman Gen Kaynakları Programında (EUFORGEN) öncelikli türlerden biri olarak belirlenmiş ve bir gen koruma kılavuzu hazırlanmıştır (Alan ve Kaya, 2003; EUFORGEN, 2017). Daha sonraki yıllarda doğal Anadolu sığla ağacının yayılış alanları taranarak 18 adet popülasyon belirlenmiş, bu popülasyonlarda moleküler belirteçler kullanılarak popülasyon genetiği parametreleri tahmin edilmiştir (Velioğlu ve ark., 2008). Moleküler çalışmanın sonucunda popülasyonlar

arasında gen akışının düşük ve popülasyonlar arası farklılaşmanın yüksek olduğu bulunmuş, dokuz popülasyonun *ex situ* olarak korunması önerilmiştir. Bu öneri doğrultusunda 2009 yılında bir ortak bahçe denemesi (common garden test) kurulmuştur.

Gen korumanın, hatalıklar ve iklim dalgalanmalarına (extremes) karşı ağaçlandırma üretimlerinde genetik çeşitliliği sürdürmek, ıslah için gelecekteki öneminden dolayı genleri tutmak (preservation) ve ekosistem sürekliliğini ilerletmek için türü korumak olarak sayılabilen üç yönü bulunmaktadır (Ledig, 1986). Anadolu sığlasında türün alanının daralması ve genetik çeşitliliğinin azalması göz önüne alındığında bu üç amaçtan daha çok sonuncusu geçerli olmaktadır. Türün korunması için genetik çeşitliliğin tür içinde dağılımı ve düzeyi hakkında bilgi gereksinimi bulunmakta, genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi ise genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan tekniklere bağlı olarak önemli ölçüde değişebilmektedir (O’Brien ve ark., 2007). Tekniklerden biri olan moleküler belirteçler (isosyme, monoterpen, AFLP, RFLP, RAPD, SSR), varyasyonun coğrafik modellerinden bağımsız, en iyi olasılıkla çevresel değişikliklerle zayıf bir bağlantı göstermekte, bu nedenle çevre baskısı açısından etkisiz (neutral) olduğu kabul edilmektedir. Bu çerçevede, moleküler belirteçler, genetik kaymanın etkileri ile gen akışının konumsal ve zamansal varyasyonu, eşleşme sisteminin değerlendirilmesi üzerine çalışmalar için oldukça uygundur. Bununla birlikte kantitatif özelliklerin ortak bahçe testleri ile adaptif varyasyonun modellerini tanımlamak, çok daha bilgilendirici olmaktadır. Bu açıklamalar ışığında bir türde genetik varyasyonun modelleri ve düzeyi ile evrimsel nedenleri belirleyebilmek için her iki tekniğe de gereksinim bulunmaktadır (White ve ark., 2007; Eriksson ve ark., 2013). Diğer yandan Eriksson ve ark., (2013), ölçülebilen (metric), yani kantitatif özelliklerin, farklı çevresel koşullara uyumun bir sonucu olarak, farklılığın ortaya konulması ile ilgilenildiğinde oldukça üstün olduğunu belirtmişlerdir.

Başarılı bir gen koruma stratejisinin, kabul edilebilir bir kantitatif çerçeve gerektirdiği belirtilmekte, kantitatif genetiğin deneysel (empirical) ve kuramsal bulguları yanında, gen frekanslarının bütüncül bir yaklaşımla kullanılması önerilmektedir (Yanchuk, 2001). Diğer yandan popülasyonların genetik yapısının belirlenmesinde moleküler çalışmaları tamamlayacak şekilde, ortak bahçe testleri ile kantitatif özelliklerin de ortaya konulmasının, türün genetik çeşitliliği ve adaptasyonu bakımından gerekli olduğu belirtilmiştir (Eriksson ve ark., 2003; O’Brien ve ark., 2007; White ve ark., 2007). Sığla (*Liquidambar*) cinsinde oldukça fazla moleküler

çalışma olmasına karşın, populasyonların genetik yapısının kantitatif özellikler ile ortaya konulduğu çalışmalara rastlanılmamıştır.

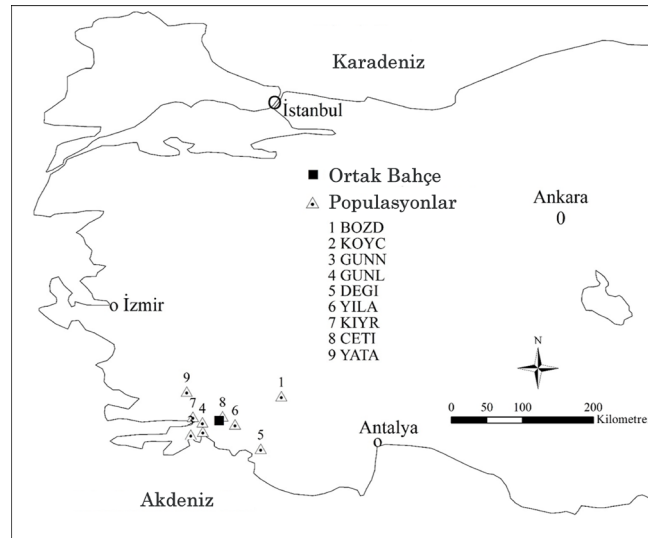
Anadolu sığla ağacında, Veliöğlu ve ark. (2008) tarafından moleküler belirteçler kullanılarak 18 populasyon üzerinde yapılan çalışma, türün gen koruma stratejisi açısından oldukça önemli bilgiler sağlamıştır. Bunun yanında populasyonların genetik yapısını ortaya koyan ve türün adaptasyonuna ilişkin bilgiler verdiği kabul edilen kantitatif çalışmalara ihtiyaç olduğu görülmüştür. Bu çalışma ile Anadolu sığla ağacının 5. yaşa ait bazı kantitatif özellikler kullanılarak populasyonların genetik yapısının ortaya konulması, böylece türün adaptasyon ve gen koruma açısından değerlendirilmesi amaçlanmıştır.

2. Materyal ve Yöntem

Veliöğlu ve ark. (2008) tarafından RAPD belirteçleriyle elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri ile, ITS ve kloroplast rps16 bölgesi dizi analiziyle elde edilen veriler ışığında, yüksek genetik çeşitliliğe sahip olan populasyonlar ve minimum farklılaşma ağacında en çok farklılık gösteren dokuz populasyon *ex situ* koruma için önerilmiştir. Ortak bahçe testinde bulunan, önerilmiş dokuz populasyon ve deneme alanının konumları Şekil 1’de verilmiştir. Ortak bahçe testinde bulunan dokuz populasyonun, 5 ile 1.100 m yükselteleri arasında bulunduğu, populasyonların da 16 ile 27 arasında aile ile temsil edildiği görülmektedir (Tablo 1). Populasyonlar ayrıca dere boyu yayılış gösteren veya meşcere oluşturan olarak da ayrılmıştır. Populasyonlarda tohum toplanan ebeveyn ağaçlar arasında en az 100 m mesafe olmasına, 300 m’den fazla

yükselti farkı olmamasına ve ağaçların yaklaşık aynı yaşta olmasına dikkat edilmiştir. Dere boyu populasyonlarında yükselti farkı gözetilememiş, ağaçlar arasındaki mesafe meşcere kurmuş populasyonlardaki gibi uygulanmıştır. Toplanan tohumlar ayrı torbalarda aile numaraları yazılı etiketler bağlanarak, soğuk hava deposunda ekim yapılınca kadar saklanmıştır.

Hazırlanmış tohumlar, Muğla Gökova Fidanlığında ENSO Tipi olarak adlandırılan 259 cm³ hacminde, 45 adet plastik tüp içeren fidan tepsilerine 2008 yılı şubat başında ekilmiştir. Tüp materyali olarak %75 Finlandiya turbası, % 25 kabuk kompostu karışımı kullanılmıştır. Ekim yapılan her bir tepsiye aile numaraları yazılmış, ayrıca aile numaralarını belirten etiketler konulmuştur. Fidan yetiştirme ortamının besi maddesi içermemesi nedeniyle, fidanlara sulama suyu ile birlikte gelişim evrelerine göre değişen dozlarda NPK (Azot, Fosfor, Potasyum) içeren gübre verilmiştir. Ekimlerde, tohumun boş olması ya da çimlenmemesi olasılığına karşı her bir göze yaklaşık 2-3 adet tohum ekilmiştir. Birden fazla tohumun çimlendiği gözlerde her bir gözde bir fidan kalacak şekilde seyreltme yapılmıştır. Yetiştirilen fidanlar 2009 yılı mart sonunda, Muğla İli, 37° 0’ 18” kuzey enlemi ve 28° 30’ 14” doğu boylamında bir ortak bahçe testine dikilmişlerdir. Ortak bahçe testi yaklaşık 9 hektar alanı kaplamış, fidanlar “tesadüf blokları deneme deseni” kullanılarak 4x3 m aralık-mesafede dikilmiştir. Bloklarda, tek ağaç parsel düzenlemesi kullanılmış, bir bloktaki aile sayısı ise 223 olmuştur. Birinci yılın sonunda % 10 kuruma olmuş, öncelikle aynı aileden, olmaması durumunda ise başka aileden dolgu fidanları ile tamamlama yapılmıştır.



Şekil 1. Populasyonlar ve deneme alanı
Figure 1. Locations of populations and common garden test

Tablo 1. Populasyonların özellikleri
Table 1. Information of populations

Population orijini	Kodu	Aile sayısı	Fidan sayısı	Populasyon tipi	Yükselti (m)	K Enlem, D Boylam
Acıpayam-Bozdağ	Bozd	16	349	Meşcere	1100	37° 18' 58" 29° 17' 31"
Köyceğiz- Köycegiz	Koyc	26	574	Meşcere	10	36° 57' 30" 28° 42' 09"
Marmaris-Günnücek	Gunn	24	499	Meşcere	5	36° 51' 30" 28° 17' 38"
Fethiye-Günlükbasi	Gunl	27	601	Meşcere	5	36° 40' 12" 29° 07' 37"
Marmaris-Değirmenyani	Deği	25	578	Meşcere	5	36° 49' 21" 28° 08' 19"
Muğla-Yılanlı	Yıla	25	548	Dere boyu	250	37° 02' 27" 28° 10' 21"
Muğla-Kıyra	Kıyr	25	556	Dere boyu	50	37° 03' 42" 28° 32' 47"
Marmaris-Çetibeli	Ceti	26	582	Dere boyu	30	36° 58' 57" 28° 17' 38"
Muğla-Yatağan	Yata	26	492	Dere boyu	250	37° 22' 29" 28° 05' 27"
Toplam		223	4.779			

Deneme fidanlarında 2013 yılı vejetasyon mevsimi sonunda, boy (cm), göğüs çapı (mm) ve taç çapı (cm) olarak ölçülmüştür. Taç çapı için birbirine dik olarak (sıra-sütun) iki yönlü ölçüm yapılmış, iki ölçümün ortalaması değerlendirilmeye alınmıştır.

Verilerin değerlendirilmesinde aşağıdaki istatistik karma (mixed) model kullanılmıştır.

$$Y_{ijkl} = \mu + B_i + P_j + f_{k(j)} + e_{ijkl}$$

Y_{ijkl} : i . blokta, j . popülasyonda, k . ailenin gözlem değerini, B_i : i . bloğun sabit etkisini ($i=1,..25$), P_j : j . populasyonun sabit etkisini ($j=1,..9$), $f_{k(j)}$: j . populasyondaki k . ailenin rastlantısal etkisini ($k=1,..27$), e_{ijkl} : deneysel hatayı göstermektedir.

Aile ortalamaları kalıtım dereceleri ve genetik varyasyon katsayıları ise aşağıdaki eşitlikler ile tahmin edilmiştir.

$$h_f^2 = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + (\sigma_e^2/n)} \quad C_v_g = \frac{\sqrt{4\sigma_f^2}}{\bar{X}}$$

Eşitliklerde;

h_f^2 : aile ortalamaları kalıtım derecesini, σ_f^2 : aile varyansını, σ_e^2 : hata varyansını, n : ailelerdeki birey sayısının harmonik ortalamasını (22,085), C_v_g : eklemeli genetik varyasyon katsayısını, \bar{X} : ilgili özellikteki aritmetik ortalamayı göstermektedir.

Aile ortalamaları kalıtım derecesinin standart hataları Dieters ve ark. (1995) tarafından önerilen Dickerson Yöntemi ile tahmin edilmiştir.

Üç özellik (boy, göğüs çapı ve taç çapı) kullanılarak, populasyonlar arası uzaklık, euclid yöntemi ile tahmin edilmiş ve genetik benzerlik ağacı oluşturulmuştur. Analizlerde SAS 9.0 kullanılmıştır (SAS Institute Inc., 2002).

3. Bulgular

Yapılan varyans analizinde tüm özelliklerde populasyonlar, bloklar ve aileler arası farklılıklar $Pr < 0,0001$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Tablo 2).

Tukey testi kullanılarak, yapılan karşılaştırma sonucunda populasyonlar için oluşan farklı gruplar Tablo 3'te görülmektedir. Yatağan ve Bozdağ populasyonları her üç özellikte de yavaş gelişme göstermiş, farklı gruplarda yer almışlardır. Diğer yedi populasyon ise üç özellik için de daha iyi gelişme göstermiş ve yedi populasyonun bulunduğu gruplar birbirinden çok net olarak ayrılmamış, içi-çe girmişlerdir.

Özellikler için bulunan varyans bileşenleri, eklemeli genetik varyasyon katsayıları ve aile ortalamaları kalıtım dereceleri Tablo 4'te verilmiştir. Buna göre en düşük kalıtım derecesi taç çapında görülürken, en yüksek kalıtım derecesi boyda görülmüştür. Eklemeli genetik varyasyon katsayısı

Tablo 2. Göğüs çapı, boy ve taç çapı için varyans analizi
Table 2. Analysis of variance for breast height diameter, height and crown diameter

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Özelliklerin kareler ortalaması		
		Göğüs çapı	Boy	Taç çapı
Blok	24	2.052,94***	97.134,00***	55.775,00***
Populasyon	8	2.959,71***	131.820,00***	63.493,00***
Aile (Populasyon)	207	83,48***	4.168,50***	1.816,61***
Hata	4.533	38,33	1.597,41	1.097,39

***, farklılığın P<0,0001 düzeyinde önemli olduğunu göstermektedir

ise en yüksek göğüs çapında, en düşük ise taç çapında tahmin edilmiştir.

Üç özellik kullanılarak, populasyonlar arası uzaklık tahmin edilmiştir (Tablo 5). Buna göre, en uzak populasyonlar Yılanlı ve Bozdağ (5,315), en yakın populasyonlar da Köyceğiz ve Çetibeli (0,191) olmuştur. Bozdağ, diğer populasyonlar ile uzaklık açısından en yüksek değerleri alırken, Yatağan da onu izlemiştir.

Uzaklık değerleri kullanılarak genetik benzerlik ağacı oluşturulmuştur (Şekil 2). Benzerlik ağacında iki ana grup oluşmuştur. Birinci grupta Yatağan ve Bozdağ, ikinci grupta ise kalan yedi populasyon yer almışlardır. Yedi populasyonun yer aldığı ikinci grupta da iki grup oluşmuş, birinci grupta Kıyra ve Günnücek, ikinci grupta ise kalan beş populasyon yer almıştır. Bu beş populasyon içinde de en yakın olan populasyonlar Köyceğiz ve Çetibeli olmuştur.

Tablo 3. Göğüs çapı, boy ve taç çapı için Tukey çoklu karşılaştırma testleri
Table 3. Tukey multiple comparison tests for breast height diameter, height and crown diameter

Populasyonlar	Göğüs çapı (mm)	Boy (cm)	Taç çapı (cm)
Koyc	23,55 a ¹	245,90 abc	163,58 ab
Ceti	23,18 ab	246,08 abc	165,20 ab
Yıla	22,94 ab	250,58 a	171,52 a
Degi	22,75 ab	248,62 ab	163,63 ab
Gunl	22,05 abc	243,85 abc	161,50 b
Kiyr	21,39 bc	235,52 c	160,15 b
Gunn	20,39 c	237,34 bc	159,87 b
Yata	18,02 d	215,79 d	150,74 c
Bozd	15,73 e	198,38 e	128,40 d
Ortalama±sh ²	21,45±0,01	237,86±0,71	159,75±0,56

¹Harfler 0,05 düzeyinde farklı grupları göstermektedir. sh²: standart hata

Tablo 4.Varyans bileşenleri, ±standart hataları, aile ortalamaları kalıtım dereceleri, eklemeli genetik varyasyon katsayıları

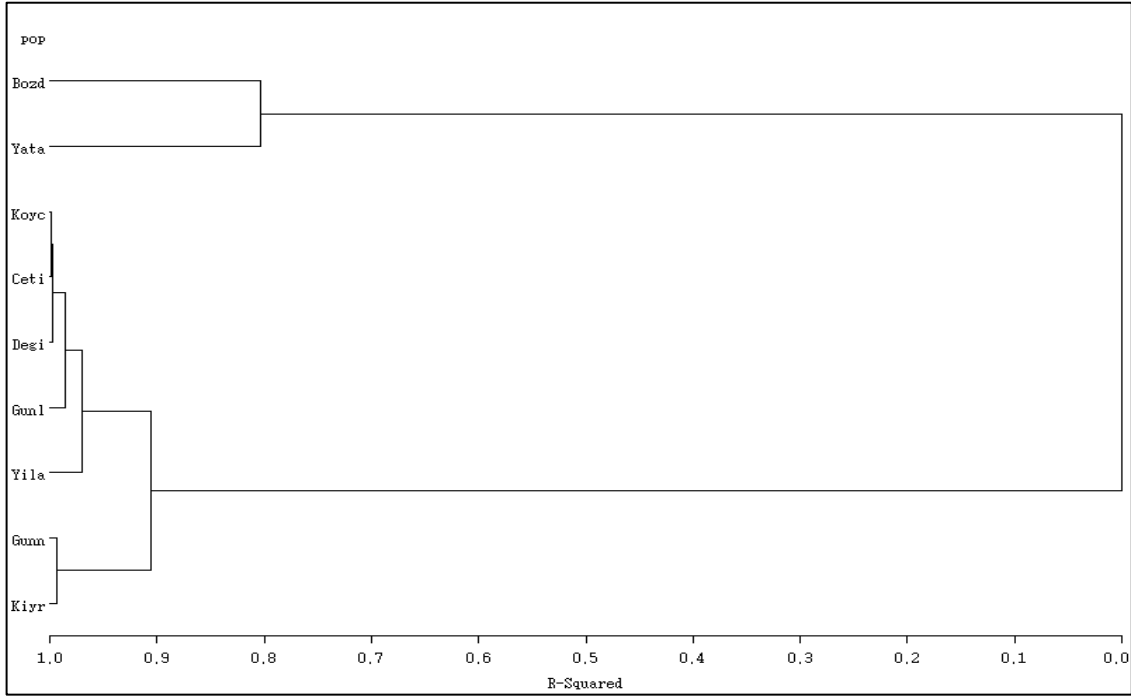
Table 4.Variance components, ±standard errors, family mean heritabilities, additive genetic coefficient of variations

Varyasyon kaynağı	Özellikler		
	Göğüs çapı	Boy	Taç çapı
Aile (Populasyon)	2,07±0,37	116,42±18,61	32,57±8,19
Hata	38,33±0,80	1.597,41±33,54	1.097,39±23,05
h_f^2	0,54±0,09	0,62±0,09	0,40±0,10
Cv_g (%)	13,47	9,09	7,32

h_f^2 : aile ortalamaları kalıtım derecesi, Cv_g (%): eklemeli genetik varyasyon katsayısı

Tablo 5. Boy, göğüs çapı ve taç çapı kullanılarak tahmin edilen poulasyonlar arası uzaklıklar
Table 5. Estimated distances between populations using height, breast height diameter and crown diameter

Populasyonlar	Bozd	Koyc	Gunn	Gunl	Deği	Yıla	Kiyr	Ceti
Bozd	0							
Koyc	4,902	0						
Gunn	3,802	1,319	0					
Gunl	4,405	0,611	0,726	0				
Deği	4,843	0,344	1,156	0,448	0			
Yıla	5,315	0,717	1,537	0,955	0,623	0		
Kiyr	3,938	1,048	0,389	0,542	0,976	1,387	0	
Ceti	4,858	0,191	1,198	0,501	0,238	0,601	0,955	0
Yata	2,211	2,898	1,701	2,368	2,816	3,200	1,860	2,815



Şekil 2. Populasyonlar arası benzerlik ağacı
Figure 2. Neighborhood tree between populations

4. Tartışma ve Sonuç

Populasyonlar arasında önemli düzeyde farklılıklar bulunmuştur. Velioğlu ve ark. (2008) çalışmalarında, toplam 18 populasyon için populasyonlar arası farklılaşmanın yüksek ($G_{ST}=0,54$) olduğunu, yine farklılaşmaya ait bir parametre olan populasyonlar arası gen akışını gösteren N_m (number of migrants) değerinin 0,42 olduğunu, oysa bu değer 1,00'den küçük olması durumunda, genetik kayma (genetic drift) yüzünden pou-

lasyonlar arasında farklılaşmanın gözleneceğini, 0,50'nin altına inmesinin ise kritik sonuçlara neden olacağını belirtmişlerdir. Bu açıklamalar Anadolu sığla ağacında populasyonlar arasında türleşmeye varabilecek farklılaşmaya işaret etmektedir. Diğer yandan Velioğlu ve ark. (2008) tarafından ortaya konulan bulgular ile bu çalışmada dokuz populasyon için yapılan varyans analizinde populasyonlar arasında bulunan farklılıklar uyumlu gözükmektedir. Ancak, populasyonlara ilişkin çoklu karşılaştırma test sonuçlarına bakıldığında Bozdağ ve

Yatağan populasyonlarının ayrı ayrı gruplarda yer aldığı, diğer yedi populasyonun ise çok net ayrılmayıp iç içe geçtiği ortaya çıkmıştır. Dolayısıyla çalışmadaki dokuz populasyon düşünüldüğünde, populasyonlar arası farklılaşmanın, daha çok Bozdağ ve Yatağan populasyonundan kaynaklandığı düşünülmektedir. Diğer yandan yapılan bir başka çalışmada da yedi populasyonun bulunduğu bölge, Anadolu sığla ağacının gen merkezi olarak nitelendirilmiştir (Özdilek ve ark., 2012). Ayrıca bu çalışmada tahmin edilen genetik mesafeler ve benzerlik ağacı Bozdağ ve Yatağan populasyonlarının farklılaştığını göstermektedir. En yüksek genetik uzaklıkların Bozdağ ile diğer populasyonlar arasında olduğu, Bozdağ'dan düşük olmakla birlikte Yatağan populasyonunun da diğer populasyonlarla genetik mesafesinin oldukça yüksek olduğu anlaşılmaktadır. Dolayısıyla dokuz populasyona ait kantitatif özelliklerden ortaya çıkan bulguların da Bozdağ ve Yatağan dışındaki diğer yedi populasyonun yer aldığı bölgenin Anadolu sığla ağacının gen merkezi olması yönündeki görüşü desteklediği düşünülmektedir.

Varyans analizinde aileler arası (populasyon içi) farklılık da oldukça yüksek bulunmuştur. Bu durum Anadolu sığla ağacında aileler arası genetik çeşitliliğin de yüksek olduğunu göstermektedir. Aileler arası genetik çeşitliliğin bir göstergesi olan aile ortalamaları kalıtım dereceleri, orman ağaçlarında görülen aile ortalamaları kalıtım dereceleri ile uyumlu, boy için yüksek olmakla birlikte göğüs çapı ve taç çapı için ise ortalama bir düzey göstermiştir (Ekberg ve ark., 1985). Diğer yandan, bu çalışmada bulunan aile ortalamaları kalıtım derecelerinin tek bir deneme alanından tahmin edildiği ve bu nedenle de olduğundan biraz daha yüksek tahmin edilmiş olabileceği dikkate alınmalıdır (White ve ark., 2007). Bilindiği gibi tek deneme alanında kalıtım derecelerinin tahmininde, genotip çevre etkileşimi de yer alabilmektedir.

Bu çalışmada aile ortalamaları kalıtım dereceleri dikkate alındığında, en yüksek genetik çeşitlilik boyda, en düşük genetik çeşitlilik ise taç çapında görülmüştür. Bu durumda Anadolu sığla ağacı ile ilgili yapılacak genetik ıslah ve populasyonları iyileştirmeye yönelik ağaçlandırma çalışmaları için boy dikkate alınarak seçim yapılabileceği anlaşılmaktadır. Diğer yandan Anadolu sığla ağacında, sığla yağı üretimine başlamak için göğüs çapının 20 cm olmasının beklenmesi gerektiği belirtilmiştir (Topçuoğlu, 1968). Bu çalışmada ortalama göğüs çapının henüz 2,1 cm olması nedeniyle henüz yağ üretimi ile ilgilenilmemektedir. Ancak, gelecekte ortak bahçe testinde yağ üretimine yönelik çalışmalar da yapılarak kalıtım dereceleri tahmin

edilebilir, yağ üretiminde genetik katkının miktarı ortaya konulabilir.

Eklemeli genetik varyasyon katsayısı, en yüksek değere göğüs çapında ulaşmaktadır. En düşük değere ise tepe tacı çapında ulaşmaktadır. Bu çalışmada tahmin edilen değerler Cornelius (1994) tarafından orman ağaçları için derlenen genetik varyasyon katsayısı değerleri (% 15'ten düşük) ile uyumlu bulunmuştur. Eklemeli genetik varyasyon katsayısı bir özellik için uzun dönem evrim yeteneğinin iyi bir göstergesi olabilmekte, çalışılan populasyonun değişen çevre koşullarına uyum potansiyeli olduğuna işaret etmektedir (Houle 1992; Eriksson ve ark., 2003). Diğer yandan yüksek eklemeli genetik varyasyon katsayısına sahip populasyonları, oluşturulacak gen kaynakları ağının içine almanın daha olumlu olabileceği öne sürülmektedir (Eriksson ve ark., 2003). Bu açıdan bakıldığında, uyum açısından göğüs çapının daha uygun özellikler taşıdığı ortaya çıkmaktadır. Diğer bir ifade ile göğüs çapı adaptasyon açısından en esnek (plastic) özellik diye düşünülebilir.

Sonuç olarak, moleküler belirteçlerle 18 populasyon için ortaya çıkan populasyonlar arası yüksek farklılık ve populasyonlar arası gen akışının düşük olması bulguları, bu çalışmanın bulguları ile desteklenmiştir. Populasyonlar arası farklılıklar ayrıntılı incelendiğinde ise Bozdağ ve Yatağan populasyonlarının hem birbirinden hem de diğer yedi populasyondan farklı olduğu anlaşılmıştır. Bunun yanında diğer yedi populasyonun (Çetibeli, Değirmenyani, Günlükbaşı, Günnücek, Kıyra, Köyceğiz, Yılanlı) birbirlerine benzediği ortaya çıkmıştır. Yedi populasyon içinde birbirine en yakın populasyonun Köyceğiz ve Çetibeli, en uzak populasyonun ise Günnücek ve Yılanlı olduğu görülmüştür. Bu kapsamda Yatağan, Bozdağ ve diğer yedi populasyondan yönetim açısından uygun olan bir ya da iki populasyon in situ gen koruma açısından değerlendirilebilir.

Bu çalışmada tahmin edilen aile ortalamaları kalıtım derecelerinin genel olarak orman ağaçlarında görülen kalıtım dereceleri ile uyumlu olduğu, en yüksek genetik çeşitliliğin görüldüğü boy özelliğinin, yapılabilecek genetik ıslah çalışmalarında kullanılabilmesi, göğüs çapının ise üç özellik arasında, fenotipik esneklik açısından en yüksek değere ulaştığı, adaptasyon açısından değerlendirilebileceği anlaşılmıştır.

Kaynaklar

Acatay, A. 1963. Sığla Ağacı (*Liquidambar orientalis* Mill.)'nın Türkiye'de Yayılışı, Yeni Tesbit Edilen Varyetesi ve Sığla Ağaçlarına Musallat

- Olan Böcekler. *İ. Ü. Orman Fakültesi Dergisi*, Seri A, Cilt 8, Sayı (2) :
- Alan, M., Kaya, Z. 2003. EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for oriental sweet gum (*Liquidambar orientalis*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.6p.
- Cornelius, J. 1994. Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in trees. *Canadian Journal of Forest Research* 24: 372-379.
- Dieters, M. J., White, T. L., Littell, R. C., Hodge, G. R. 1995. Application of approximate variances of components and their ratios in genetic test. *Theoretical and Applied Genetics* 91: 15-24.
- Efe, A. 1987. *Liquidambar orientalis* Mill. (Sığla Ağacı)'ın Morfolojik ve Palinolojik Özellikleri Üzerine Araştırmalar. *İ. Ü. Orman Fakültesi Dergisi* Seri A. Cilt: 37, Sayı (2): 273-286.
- Ekberg, I., Eriksson, G., Weng, Y. 1985. Between- and within-population variation in growth rhythm and plant height in four *Picea abies* populations. *Studia Forestalia Suecica* 167, 14 pp. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala.
- Eriksson, G., Black-samuelsson, S., Jensen, M., Myking, T., Rusanen, M., Skrøppa, T., Vakkari, P., Westergaard, L. 2003. Genetic variability in two tree species, *Acer platanoides* L. and *Betula pendula* Roth, with contrasting life-history traits. *Scandinavian Journal of Forest Research* 18 (4): 320-331.
- Eriksson, G., Ekberg, I. Clapham, D. 2013. Genetics Applied to Forestry: An Introduction. Department of Plant Biology and Forest Genetics, SLU, Box 7080, 750 07 Uppsala, Sweden, pp. 206.
- EUFORGEN, 2017. European Forest Genetic Resources Programme. <http://www.euforgen.org/species/> (Ziyaret tarihi: 29.12.2017).
- Houle D (1992). Comparing evolvability and variability of quantitative traits. *Genetics* 130: 195-204.
- Kayacık, H. 1981. Orman ve Park Ağaçlarının Özel Sistematiği, II. Cilt, Angiospermae (Kapalı Tohumlular), Dördüncü bası, 221s., İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınları No. 2766/287, İstanbul
- Köse, N., Yılmaz, R. 2014. *Liquidambar* L. (Sığla ağaçları). Türkiye'nin Doğal-Egzotik Ağaç ve Çalıları 2. Editör: Akkemik, Ü. Ankara, Orman ve Su İşleri Bakanlığı, Orman Genel Müdürlüğü:138-140.
- Ledig, F.T. 1986. Conservation strategies for forest gene resources. *Forest Ecology and Management* 14: 77-90.
- OATIAM. 2016. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Islah Tesisleri. <https://ortohum.ogm.gov.tr/> (Ziyaret tarihi: 30.12.2016).
- O'Brien, E. K., Mazanec, R. A., Krauss, S. L. 2007. Provenance variation of ecologically important traits of forest trees: implications for restoration. *Journal of Applied Ecology* 44: 583–593.
- OGM (2015). Orman Genel Müdürlüğü. <http://www.ogm.gov.tr/SitePages/OGM/OGMDefault.aspx> (Ziyaret tarihi: 31.12.2015).
- Örtel, E. 1988. Sığla ormanlarımızın durumu. *Ormanlık Araştırma Enstitüsü Dergisi* Cilt 17, sayı 194: 16-19.
- Özdilek, A., Çengel, B., Kandemir, G., Tayanç, Y., Velioglu, E., Kaya, Z. 2012. Molecular phylogeny of relict-endemic *Liquidambar orientalis* Mill. based on sequence diversity of chloroplast-encoded matK gene. *Plant Systematics and Evolution* 298:337-349.
- SAS Institute Inc. (2002) SAS/STAT Users' Guide. SAS Institute, Cary, NC, USA, pp.5121.
- Topçuoğlu, A. 1968. Sığla ormanlarının ıslahı, bakımı, sığla yağı istihali ve kıymetlendirilmesi. Orman Genel Müdürlüğü, Teknik Haberler Bülteni, Yıl:7, Sayı:28: 3-23.
- Velioglu, E., Kandemir, G., İcgen, Y., Çengel, B., Alan, M., Kaya, Z. 2008. Türkiye'deki sığla (*Liquidambar orientalis* Mill.) populasyonlarının genetik yapısının moleküler belirteçlerle belirlenmesi ve koruma stratejileri geliştirilmesi. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü Teknik Bülten No: 20. 43 s., Ankara.
- Yanchuk, A. D. 2001. A quantitative framework for breeding and conservation of forest tree genetic resources in British Columbia. *Canadian Journal of Forest Research* 31: 566–576.
- White, T. L., Adams, W. T., Neale, D. B. 2007. Forest Genetics. CABI Publishing, Cambridge, MA, USA, pp. 682.