

## Göller Yöresi Anadolu Karaçamı (*Pinus nigra* Arnold.) Populasyonlarında Genetik Kazanç

\*Süleyman GÜLCÜ<sup>1</sup> Orhan AKKAYA<sup>2</sup> Nebi BİLİR<sup>1</sup>

<sup>1</sup>SDÜ, Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Bölümü, Isparta

<sup>2</sup>Orman Bölge Müdürlüğü, Antalya

\*Sorumlu yazar e-mail: [suleymangulcu@sdu.edu.tr](mailto:suleymangulcu@sdu.edu.tr)

Geliş Tarihi: 06.12.2013

### Özet

Bu çalışmada, Göller Yöresinden seçilen 10 doğal Anadolu Karaçamı (*Pinus nigra* Arnold.) populasyonundan örneklenen toplam 100 aileye ait fidanlarla Isparta-Kayı Köyü ağaçlandırma sahasında kurulan denemenin 9 yıllık sonuçları değerlendirilmiştir. Bu kapsamda fidan boyu ve bazı dallanma karakterleri bakımından, birey ve aile düzeylerindeki kalıtım dereceleri ile farklı seleksiyon yoğunlukları için elde edilebilecek genetik kazanç miktarları tahmin edilmiştir. Verilerin değerlendirilmesinde SAS istatistik paket programı kullanılmıştır.

Elde edilen sonuçlara göre, ölçülen karakterler bakımından gerek populasyonlar arasında gerekse populasyon içi aileler arasında istatistiksel bakımdan önemli düzeyde farklılıklar ortaya çıkmıştır. Ayrıca, dal açısı, dal kalınlığı ve dal sayısı bakımından tahmin edilen birey düzeyindeki kalıtım dereceleri ( $h^2_i > 0.44$ ), aile kalıtım derecelerinden ( $h^2_f > 0.71$ ) daha düşük çıkmıştır. Fidan boyu için ise aksi durum söz konusudur ( $h^2_i = 0.92$ ;  $h^2_f = 0.85$ ). Ölçülen karakterler bakımından tahmin edilen toplam genetik kazanç oranları değişmekle birlikte en yüksek genetik kazanç fidan boyunda (%81.3-%59.25) tahmin edilmiştir.

**Anahtar Kelimeler:** Anadolu Karaçamı, İslah, Populasyon, Kalıtım derecesi

### Genetic Gain in Anatolian Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.) Populations of Lakes District

#### Abstract

The study was carried out on ninth year results of the experiment established with totally 100 families from 10 natural Anatolian black pine (*Pinus nigra* Arnold.) populations in Isparta-Kayı village plantation area. In this context Individual and family heritabilities, and also genetic gain for different selection intensity were estimated for tree height and branch characters by SAS package programme.

Large differences were found among populations and within population for the characters. Beside, while individual heritability ( $h^2_i > 0.44$ ) was lower than family heritability ( $h^2_f > 0.71$ ) for diameter, angle and number of branches, while it was opposite for tree height (0.85&0.92). Ratio of total genetic gain changed for the selection intensity. It was the highest (81.3% and %59.25%) for the tree height.

**Key words:** Anatolian black pine, *Pinus nigra*, Breeding, Population, Heritability

#### Giriş

İnsanoğlunun doğa üzerindeki baskısı nedeniyle bitki türleri, artan orman ürünleri ihtiyacının zamanla karşılanamaması, ıslah çalışmalarını zorunlu hale getirmiştir. Öncelikle zirai bitkilerde başlayan bu ıslah çalışmaları, insan ihtiyaçlarının değişmesi ve çeşitlenmesi neticesinde, insanları zaman içinde orman ağaçlarına da yöneltmiştir. Buna bağlı olarak, ıslah çalışmaları kapsamına alınan bitki türleri arasında orman ağacı türleri son yıllarda önemli bir yer tutmaya başlamıştır. Zira ekonominin değişen taleplerine uygun kalitede ve miktarda orman ürünlerini sağlamak, orman ağaçlarının kalıtsal özelliklerinden ve kendi içlerinde bulunan mevcut varyasyonlarından faydalanmayı zorunlu hale getirmiştir.

Ormancılık Ana Planı verilerine göre ülkemizin endüstriyel odun hammaddesi açığının 2020 yılında en az 40 milyon metreküp olacağı düşünüldüğünde, bu alanda yürütülecek genetik ıslah çalışmalarının önemi daha açık bir şekilde karşımıza çıkmaktadır. Türkiye'de Kızılçam'dan sonra en geniş doğal yayılışa sahip ve Milli Ağaç Islahı ve Tohum Üretimi Programı'nın öncelikli türlerinden olan Anadolu Karaçamı (*Pinus nigra* Arnold.) (Koski ve Antola, 1993; Öztürk ve Şıklar, 2000) orman ve orman ürünlerine olan ihtiyacın karşılanmasında ilk akla gelen türlerimizden biridir. Bu türün doğal olarak stebe en çok giren tür olması (Saatçioğlu, 1976; Atalay, 1977) küresel ısınma bağlamında tür üzerinde yapılacak çalışmaların hem önemini

ve hem de ivediliğini artırmaktadır. Bu bağlamda tür üzerinde birçok genetik ıslah çalışmaları gerçekleştirilmiş ve birçoğu da devam etmektedir ( Alptekin, 1986; Temerit ve Kaya, 1997; Kaya vd., 1985; Gülcü, 2002; Kaya ve Temerit, 1994 Gürses vd., 1996; Matziris, 1993; Silin ve Goncharenko, 1996; Velioglu vd., 1999; Gülcü ve Üçler, 2008; Üçler ve Gülcü, 1999). Ancak, türün geniş doğal yayılışına bağlı olarak, farklı yörelerden fazla sayıda örnekleme yapılarak önceki çalışmalara paralel çalışmalar yürütülmesi hedef populasyonların belirlenmesi bakımından önem arz etmektedir. O nedenle bu çalışmada, Anadolu Karaçamı'nın yoğun olarak doğal yayılış gösterdiği Göller Yöresi'nden örneklenen 10 populasyon ve her popülasyonda 10 olmak üzere toplam 100 aileye ait çıplak köklü fidanlarla kurulan ağaçlandırma denemesinde bazı morfolojik özellikler bakımından populasyonlar arası ve

populasyon içi genetik çeşitlilik ile kalıtım derecesi ve genetik kazanç tahmin edilerek türün genetik-ıslah çalışmalarına katkı sağlanması amaçlanmıştır.

## Materyal ve Yöntem

### Materyal

Çalışma materyali olarak, Göller yöresinden örneklenen 10 populasyona (Tablo 1) ait tohumlardan üretilen açık tozlaşma ürünü 2+0 yaşlı çıplak köklü fidanlarla Isparta ili, Kayı Köyü Mevkiinde (37° 50' Kuzey enlemi ile 30° 28' Doğu boylamı, ortalama 1310 metre yükselti) 2001 yılında tesis edilen dokuz yaşındaki fidanlar kullanılmıştır.

Deneme tesadüf parselleri deneme desenine uygun üç yinelemeli olarak kurulmuştur. Her populasyon 10 aile, her aile de her bir yinelemede 10 fidanla temsil edilmiştir ve dikimler 3x2 metre aralık mesafede gerçekleştirilmiştir.

Tablo 1. Değerlendirilen populasyonlara ait bazı bilgiler.

Pop. No	Mevkii	Enlem	Boylam	Rakım (m)
1	Örenköy	38° 06' 28"	31° 13' 20"	1320
2	Bademli	37° 42' 13"	31° 20' 41"	1340
3	Köydüzü	37° 41' 26"	31° 02' 40"	1510
4	Eldere	37° 39' 15"	31° 12' 15"	1440
5	Yuvalı	37° 43' 25"	30° 57' 10"	1420
6	Kurcaova	37° 41' 35"	30° 54' 30"	1210
7	İnalanı	37° 38' 12"	30° 50' 16"	1360
8	Yeşildağ	37° 30' 10"	30° 15' 15"	1450
9	Ercekbaşı	37° 02' 08"	29° 29' 11"	1450
10	Gökarık	37° 15' 44"	29° 42' 12"	1530

Araştırma amacına uygun olarak 2009 yılı büyüme dönemi sonunda ekonomik ve dolayısıyla bilimsel değeri olan fidan boyu (FB, cm), dal açısı (DA,°), dal kalınlığı (DK, mm) ve dal sayısı (DS, adet) gibi morfolojik karakterler ölçülmüştür. Dal açısı ölçümleri Işık (1980) tarafından Kızılcıdam'da kullanılan yöntemine uygun olarak, üçüncü ve dördüncü ana dal boğumundaki en kalın iki dalın gövdeden çıkışlarından itibaren yaklaşık yedinci santimetresindeki dal açısı; dal kalınlığı ölçümleri ise üçüncü ve dördüncü ana sürgündeki en kalın iki dalın gövde ekseninden 7 cm uzaklıktaki kalınlığı olarak belirlenmiştir. Dal sayımları da üçüncü ve dördüncü dal boğumlarında ana gövdeden çıkan dallar sayılarak tespit edilmiştir.

### Verilerin Değerlendirilmesi

Verilerin değerlendirilmesinde SAS istatistik paket programı kullanılmıştır (SAS, 1988). Analizlerden önce SAS programının "univariate" seçeneği kullanılıp, ölçülen her bir karakter için elde edilen verilerin dağılım şekli incelenerek "sıra dışı veriler" kontrol edilmiştir (Yıldız ve Bircan, 1994; Işık, 1998). Sayım yoluyla (dal sayısı) elde edilen veriler normal dağılım göstermedikleri için analizlerden önce istatistiksel dönüşüme uğratılmıştır. Sayılarak elde edilen verilere karekök, nitelendirilerek elde edilen verilere ise normal puan dönüşümü uygulanmıştır (Yurtsever, 1974; Kalıpsız, 1994).

Verilerin değerlendirilmesinde aşağıda verilen varyans analizi modeli kullanılmıştır.

$$Y_{ijkm} = \mu + R_i + P_j + F(P)_{k(j)} + RP_{ij} + RF(P)_{ik(j)} + e_{m(ijk)}$$

Eşitlikte;

$Y_{ijkm}$ ,  $i$ . tekrar,  $j$ . populasyon içindeki  $k$ . aileye ait  $m$ . fidanın değerini;

$\mu$ , genel ortalamayı;

$R_i$ ,  $i$ . tekrarın etkisini ( $i=1, 2, 3$ );

$P_j$ ,  $j$ . populasyonun etkisini ( $j=1, \dots, 10$ );

$F(P)_{k(j)}$ ,  $k$ . aile ile ( $k=1, \dots, 10$ ) ile  $j$ . populasyonun etkileşimini;

$RF(P)_{ik(j)}$ ,  $i$ . tekrar ile  $k$ . ailenin etkileşimini;

$e_{ijkm}$  ise hataya karşılık gelmektedir.

Birey düzeyindeki kalıtım derecesi ( $h^2_i$ ) aşağıdaki formül yardımıyla tahmin edilmiştir (Namkoong ve Conkle, 1976; Shelbourne, 1969; Burdon, ve ark., 1992; Falconer ve Maccay, 1996).

$$h^2_i = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_u} = \frac{k\sigma^2_{F(P)}}{\sigma^2_u}$$

Eşitlikte,

$\sigma^2_A$ , eklemeli genetik varyansı;

$\sigma^2_{F(P)}$ , aileler arası farklılıklardan kaynaklanan genetik varyansı;

$\sigma^2_u$ , fenotipik varyansı;

$k$ , yarım kardeşler arasındaki genetik kovaryans katsayısını göstermektedir.

Bir ailedeki yarım kardeş bireyler arasındaki benzerlik, teorik olarak aileler arası genetik varyansın 1/4'üne eşit kabul edilmektedir (Shelbourne, 1969; Falconer, 1981; 1989).

Aileler arası varyans bileşeninin standart hatası ve fenotipik varyans bileşenleri kullanılarak birey düzeyindeki kalıtım derecesinin standart hatası (S.E. ( $h^2_i$ )) aşağıdaki eşitlik yardımıyla tahmin edilmiştir.

$$S.E. (h^2_i) = \sqrt{16x \frac{Var(\sigma^2_{F(P)})}{(\sigma^2_u)^2}}$$

Aile düzeyindeki kalıtım derecelerinin ( $h^2_f$ ) tahmininde aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır (Shelbourne, 1992; Falconer ve Maccay, 1996):

$$h^2_f = \frac{\sigma^2_{F(P)}}{\sigma^2_f} = \frac{\sigma^2_{F(P)}}{\sigma^2_{F(P)} + \frac{k_2}{k_3} \sigma^2_{RF(P)} + \frac{\sigma^2_e}{k_3}}$$

$\sigma^2_{F(P)}$ , aileler arası genetik varyansı;

$\sigma^2_f$ , ailesel fenotipik varyansı;

$\sigma^2_e$  hatayı;

$k_2$  ve  $k_3$ , ANOVA modelinde hesaplanan katsayıları temsil etmektedir.

Aile kalıtım derecesinin standart hatası ( $SE(h^2_f)$ ), aile varyans bileşeninin standart hatası ( $SE(\sigma^2_{F(P)})$ ) ve aile ortalamaları fenotipik varyansı ( $\sigma^2_f$ ) yardımıyla hesaplanmıştır.

$$SE(h^2_f) = \frac{SE(\sigma_{F(P)})}{\sigma^2_f}$$

Gözlenen her bir karakter için genetik kazancın ( $\Delta G$ ) hesaplanması, Seleksiyon yoğunluğu ( $i$ ), fenotipik varyansın standart sapması ( $\sigma_u$ ) ve Birey düzeyindeki kalıtım derecesinin ( $h^2_i$ ) yardımıyla aşağıdaki eşitlikle tahmin edilmiştir (Falconer, 1989; Shelbourne, 1992; Sing ve Chaudhary, 1993):

$$\Delta G = i\sigma_u h^2_i$$

Yarım kardeş aileler arası teorik genetik kazanç ( $\Delta G_1$ ), eklemeli genetik varyans ( $\sigma^2_A$ ), populasyondan seçilen aile sayısı için verilen seleksiyon yoğunluğu ( $i_1$ ) ve aile ortalamaları fenotipik varyansının standart sapması ( $\sigma_{\bar{f}m}$ ) yardımıyla aşağıdaki eşitlikle tahmin edilmiştir (Shelbourne, 1992):

$$\Delta G_1 = i_1 \frac{1}{4} \frac{\sigma^2_A}{\sigma_{\bar{f}m}} = i_1 \frac{\sigma^2_{F(P)}}{\sigma_{\bar{f}m}}$$

Aileler arası teorik genetik kazanç oranı (%  $\Delta G_1$ ) ise bir karakter için denemede tüm ailelere ait genel ortalaması ( $\bar{\mu}$ ) yardımıyla tahmin edilmiştir.

$$\% \Delta G_1 = \left( \frac{\bar{\mu} + \Delta G_1}{\bar{\mu}} 100 \right) - 100$$

$$\% \Delta G = \left[ \left( \frac{(\bar{\mu} + \Delta G_1 + \Delta G_2)}{\bar{\mu}} \right) 100 \right] - 100$$

Aile içi yarım kardeşler arası teorik genetik kazanç ( $\Delta G_2$ ) ile oranı ( $\% \Delta G_2$ ) aşağıdaki eşitlikler yardımıyla tahmin edilmiştir (Falconer, 1981; Shelbourne, 1992).

$$\Delta G_2 = i_2 \frac{\frac{3}{4} \sigma_A^2}{\sigma_w}$$

$$\% \Delta G_2 = \left( \frac{\bar{\mu} + \Delta G_2}{\bar{\mu}} 100 \right) - 100$$

Eşitlikte,  
 $\sigma_A^2$ , eklemeli genetik varyansı;  
 $\sigma_w^2$ , aile içi fenotipik varyansı;  
 $\bar{\mu}$  ise genel ortalamayı göstermektedir.

Toplam genetik kazanç oranı ( $\% \Delta G$ ) ise aşağıdaki eşitlik yardımıyla tahmin edilmiştir.

### Bulgular

Çalışılan tüm karakterler bakımından hem populasyonlar hem de populasyon içi aileler arasında  $P < 0.001$  önem düzeyinde farklılıklar ortaya çıkmıştır. Buna karşın replikasyonlar, replikasyon x populasyon ve replikasyon x aile etkileşimleri arasındaki farklılıklar ise istatistiksel olarak önemsiz düzeydedir (Tablo 2).

Denemeye alınan populasyonlarda ortalama fidan boyu, 125.705 cm (2 nolu populasyon) ile 166.687 cm (6 nolu populasyon) arasında değişmektedir. En çok boylanma yapan 6 nolu populasyon, genel ortalamaya göre %11,66, en az boylanana 2 nolu populasyona göre ise %24.59 daha fazla boy geliştirmiştir (Tablo 3). Bunun yanı sıra, ortalama dal açısı  $71.6^\circ$ , ortalama dal kalınlığı 17 mm, ortalama dal sayısı ise 3.5 olarak ortaya çıkmıştır (Tablo 3).

Tablo 2. Varyans analizi sonuçları

Varyans Kaynağı	FB	DA	DK	DS
$R_i$	NS	NS	NS	NS
$P_j$	p<0.01*	p<0.01*	p<0.01*	p<0.01*
$RP_{ij}$	NS	NS	NS	NS
$F(P)_{k(j)}$	p<0.01*	p<0.01*	p<0.01*	p<0.01*
$RF(P)_{ik(j)}$	NS	NS	NS	NS

\*; farklılıklar istatistiksel bakımdan %99 önem düzeyinde anlamlı, <sup>NS</sup>; farklılıklar istatistiksel bakımdan anlamlı değil.

Tablo 3. Populasyonlara ait ortalama değerler ve Duncan testi sonuçları

Populasyon	FB	DA	DK	DS
1	149.0 dc	70.7 c	17.1 abc	3.3 d
2	<b>125.7 e</b>	70.5 c	14.9 d	3.4 cd
3	143.7 d	73.2 a	17.0 abc	3.5 bcd
4	148.3 dc	71.1 bc	16.6 c	3.4 bcd
5	163.1 ab	70.9 bc	17.8 ab	3.6 bc
6	<b>166.7 a</b>	72.7 ab	<b>17.8 a</b>	3.9 a
7	152.2 bcd	71.4 abc	17.3 abc	3.6 bc
8	143.1 d	71.8 abc	16.7 bc	3.6 bc
9	158.0 abc	71.1 bc	17.3 abc	3.7 ab
10	143.0 d	73.0 a	17.0 abc	3.4 cd
<b>Genel</b>	<b>149.3</b>	<b>71.5</b>	<b>17.0</b>	<b>3.5</b>

### Kalıtım Dereceleri ve Genetik Kazanç

Çalışılan karakterler bakımından tahmin edilen varyans bileşenleri ve bunların toplam varyans içindeki oranları ile birey ve aile düzeyindeki kalıtım dereceleri Tablo 4'te

verilmiştir. Buna göre, toplam varyansın, fidan boyu için %0.81'i, dal kalınlığı için %0.15'i ve dal sayısı için %1.58'i populasyonlar arası genetik farklılıklardan kaynaklanmıştır. Bu değer dal açısı için %0

düzeyindedir. Aileler arası genetik farklılıktan kaynaklanan varyans oranları ise oldukça yüksek çıkmıştır. Örneğin, bu oran en yüksek fidan boyunda ve %22.74 bulunmuştur (Tablo 4). Aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranlarının, populasyonlar arası genetik farklılıktan kaynaklanan varyans oranlarından yüksek oluşu, ıslah programında aile düzeyinde uygulanacak seleksiyonun daha faydalı olunabileceğinin

bir göstergesi olarak düşünülebilir. Dal özellikleri için, birey düzeyinde tahmin edilen kalıtım derecesi, aile kalıtım derecesinden daha düşük bulunurken, fidan boyu için bunun tersi ortaya çıkmıştır (Tablo 4).

Populasyonlarda değişik seleksiyon yoğunlukları bakımından tahmin edilen genetik kazanç oranları Tablo 5'te verilmiştir.

Tablo 4. Çalışılan karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranları ile kalıtım dereceleri.

Genetik Parametreler \\Karakterler	FB	DA	DK	DS
$\sigma^2_R$ (%)	0 (0)	0.040 (0.07)	0 (0.08)	0.0001094 (0.15)
$\sigma^2_P$ (%)	25.1284 (0.81)	0 (0)	0.02814 (0.15)	0.0012 (1.58)
$\sigma^2_{RP}$ (%)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
$\sigma^2_{F(P)}$ (%)	701.81 (22.74)	6.92 (12.49)	3.369 (17.82)	0.00826 (11.16)
$\sigma^2_{RF(P)}$ (%)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
$\sigma^2_e$ (%)	2359.3 (76.45)	48.4 (87.44)	15.5 (82.03)	0.06 (87.11)
$V_T$	3086.23	55.40	18.90	0.07
$\sigma^2_u$	3061.11	55.36	18.87	0.07
$\sigma^2_{fm}$	822.25	9.39	4.16	0.01
$h^2_i \pm S.E$	$0.92 \pm 0.20$	$0.50 \pm 0.12$	$0.71 \pm 0.16$	$0.45 \pm 0.12$
$h^2_f \pm S.E$	$0.85 \pm 0.19$	$0.74 \pm 0.17$	$0.81 \pm 0.19$	$0.72 \pm 0.19$

$\sigma^2_R$ , replikasyonlar arası farklılıklardan doğan varyansı;  $\sigma^2_P$ , populasyonlar arası genetik varyansı;  $\sigma^2_{RP}$ , replikasyon x populasyon etkileşimini;  $\sigma^2_{F(P)}$ , aileler arası genetik varyansı;  $\sigma^2_{RF(P)}$ , aile x replikasyon etkileşimini;  $\sigma^2_e$ , hata varyansını;  $V_T$ , toplam varyansı;  $\sigma^2_u$ , birey düzeyindeki fenotipik varyansı;  $\sigma^2_{fm}$ , aile fenotipik varyansı;  $h^2_i \pm S.E$ , birey düzeyindeki kalıtım derecesi ve standart hatasını;  $h^2_f \pm S.E$ , aile kalıtım derecesi ve standart hatasını göstermektedir.

Seleksiyon yoğunluğuna bağlı olarak, tahmin edilen toplam genetik kazanç oranları Şekil 1'de görselleştirilmiştir. Genel olarak, çalışmaya konu olan populasyonların ıslah populasyonu olarak kullanılması durumunda gözlenen karakterler bakımından yeteri düzeyde genetik kazanç elde edilebileceğini söylemek mümkündür.

Ancak, özellikle dal kalınlığına ilişkin genetik kazanç değerleri biyokütle üretimine yönelik işletme ormanlarında kazanç olarak göz önüne alınsa da, odun kalitesi bağlamında bu genetik kazanç değerlerinin kaliteyi olumsuz etkileyeceği hususu göz önüne alınmalıdır. Aynı şekilde odun kalitesi açısından düşünüldüğünde dal açısının 90° veya buna en yakın açıda olması kalite açısından istenen bir durum olup, sonuçlar yorumlanırken bu hususun göz önünde bulundurulması daha doğru bir yaklaşımdır olacaktır.

### Tartışma ve Sonuç

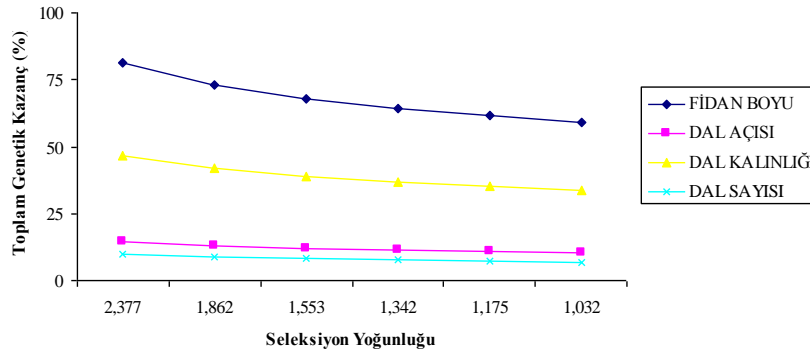
Gerek populasyonlar arası, gerekse populasyon içi aileler arasında ölçülen karakterler bakımından önemli düzeyde farklılıklar ortaya çıkmıştır.

Her bir karakter için hesaplanan toplam varyansın önemli bir kısmı aile içi yarım kardeşler arasındaki farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Bunun yanı sıra populasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranı da oldukça yüksektir. Örneğin; fidan boyunda toplam varyansın %22.74'ü, dal kalınlığında %17.82'si, dal açısında %12.49'u, dal sayısında %11.16'sı aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Populasyonlar arası farklılıklardan kaynaklanan varyans oranı ise daha düşük düzeydedir. Bu durum hemen tüm karakterler için geçerlidir.

Tablo 5. Değişik seleksiyon oranlarına göre ölçülen karakterler için tahmin edilen aileler arası, aile içi ve toplam genetik kazanç

	Aileler Arası ( $\Delta G_1$ )		Aile İçi ( $\Delta G_2$ )		Toplam ( $\Delta_T$ )	
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
	<b><math>S_1=1/70</math> (<math>i_1=2.377</math>) ve <math>S_2=1/25</math> (<math>i_2=1.965</math>)</b>					
FB	58.18	38.97	63.19	42.33	121.37	81.30
DA	5.37	7.49	5.00	6.98	10.37	14.47
DK	3.93	23.15	4.01	23.62	7.93	46.77
DS	0.18	5.17	0.17	4.71	0.35	9.88
	<b><math>S_1=5/70</math> (<math>i_1=1.862</math>) ve <math>S_2=1/25</math> (<math>i_2=1.965</math>)</b>					
FB	45.57	30.53	63.19	42.33	108.76	72.86
DA	4.20	5.87	5.00	6.98	9.21	12.85
DK	3.08	18.13	4.01	23.62	7.08	41.75
DS	0.14	4.05	0.17	4.71	0.31	8.76
	<b><math>S_1=10/70</math> (<math>i_1=1.553</math>) ve <math>S_2=1/25</math> (<math>i_2=1.965</math>)</b>					
FB	38.01	25.46	63.19	42.33	101.20	67.79
DA	3.51	4.89	5.00	6.98	8.51	11.88
DK	2.57	15.12	4.01	23.62	6.57	38.74
DS	0.12	3.38	0.17	4.71	0.29	8.09
	<b><math>S_1=15/70</math> (<math>i_1=1.342</math>) ve <math>S_2=1/25</math> (<math>i_2=1.965</math>)</b>					
FB	32.84	22.00	63.19	42.33	96.04	64.34
DA	3.03	4.23	5.00	6.98	8.03	11.21
DK	2.22	13.07	4.01	23.62	6.22	36.69
DS	0.10	2.92	0.17	4.71	0.27	7.63
	<b><math>S_1=20/70</math> (<math>i_1=1.175</math>) ve <math>S_2=1/25</math> (<math>i_2=1.965</math>)</b>					
FB	28.76	19.26	63.19	42.33	91.95	61.60
DA	2.65	3.70	5.00	6.98	7.66	10.69
DK	1.94	11.44	4.01	23.62	5.95	35.06
DS	0.09	2.56	0.17	4.71	0.26	7.27
	<b><math>S_1=25/70</math> (<math>i_1=1.032</math>) ve <math>S_2=1/25</math> (<math>i_2=1.965</math>)</b>					
FB	25.26	16.92	63.19	42.33	88.45	59.25
DA	2.33	3.25	5.00	6.98	7.33	10.23
DK	1.70	10.05	4.01	23.62	5.71	33.67
DS	0.08	2.25	0.17	4.71	0.25	6.96

$S_1, S_2$ : seleksiyon oranı;  $i_1, i_2$ : seleksiyon yoğunluğu



Şekil 1. Denemeye alınan karakterler için farklı seleksiyon yoğunluklarına göre tahmin edilen toplam genetik kazanç oranları.

Bu da bize ölçülen karakterlerin daha ziyade populasyon içi aile düzeyinde genetik kontrol altında tutulduğunu göstermektedir.

Fidan boyu dışında ölçülen diğer karakterler için tahmin edilen aile kalıtım dereceleri, birey düzeyindeki kalıtım

derecelerinden daha yüksek bulunmuştur. Birey düzeyinde kalıtım dereceleri 0.45 ile 0.92; aile kalıtım dereceleri ise 0.72 ile 0.85 arasında değişmektedir. Ancak, çalışmanın dar bir alanda gerçekleştirildiği ve buna bağlı olarak çevre şartlarının homojenliği

göz ardı edilmemelidir. Anadolu Karaçam'ında yapılan bazı araştırmalarda da aile kalıtım derecelerinin, birey düzeyindeki kalıtım derecelerine kıyasla daha yüksek tahmin edildiği belirtilmektedir (Kaya ve Temerit, 1994; Temerit ve Kaya, 1997; Gülcü, 2002). Fakat bazı çalışmalarda da kalıtım derecesinin, aynı karakterler için bir türden başka bir türe, aynı türün değişik populasyonlarına, aynı karakterin farklı gelişim devrelerine ve hatta aynı populasyonun denendiği değişik deneme alanlarına göre farklılık gösterebileceği belirtilmektedir (Işık, 1980).

Tahmin edilen toplam genetik kazanç oranları dal sayısı dışında diğer karakterler için oldukça yüksektir. Örneğin denemeye alınan ailelerden en iyi 5 ailenin seçilmesi durumunda fidan boyu için %38.97 oranında genetik kazanç sağlanabilmektedir. Bununla birlikte aile içinde de seleksiyon uygulanacak olursa toplamda %81.30 düzeyine genetik kazanç elde edilebilecektir. Ancak, çalışma dokuz yıllık sonuçları kapsamakta olup, kalıtım derecesi ile genetik kazanç ve diğer parametrelerin yıllara ve populasyonlara ve hatta populasyon içi ailelere göre değişim gösterdiği bilinmektedir. Bununla birlikte farklı seleksiyon oranlarına göre genetik kazanç oranı da çok farklılık gösterebilmektedir. Diğer yandan seleksiyon yoğunluğu arttıkça, genetik kazanç oranının da arttığı gözlenmektedir. Ancak bir sonraki generasyona döl verecek aile sayısı azalmaktadır. Örneğin denemede yer alan ailelerden en iyi %50, %40, %30, %20, %10 ve %2' sinin seçilmesi durumunda, bir sonraki generasyona döl verecek aile sayısı sırasıyla 25, 20, 15, 10, 5 ve 1'e düşmektedir. Aile sayısının azalması, seleksiyonla oluşturulacak yeni generasyonda genetik kazancı artırırken, ıslah populasyonunun genetik tabanının daralmasına neden olmaktadır (Işık, 1980; Shelbourne, 1992; Singh and Chaudhary, 1993). Bu nedenle aile seleksiyonu ile birlikte aile içi seleksiyonuna da önem verilmelidir.

#### Teşekkür

Bu çalışma, Doç. Dr. Süleyman Gülcü danışmanlığında tamamlanan "Anadolu Karaçamı [*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe] Kayı

Ağaçlandırma Denemesinde Genetik Çeşitlilik" konulu yüksek lisans tez çalışmasının bir bölümünü içermektedir. Çalışma verilerinin toplanması sırasında emeği geçenlere teşekkür ederiz.

#### Kaynaklar

Atalay İ. 1977. Türkiye'de Çam Türlerinde Tohum Transfer Rejijyonlaması. AGM. Yayınları No: 1, Ankara.

Alptekin CÜ., 1986. Anadolu karaçamının (*Pinus nigra* ssp. *pallasiana* Lamb. Holmboe) coğrafik varyasyonları. İÜ Orman Fakültesi Silvikültür Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 170s. İstanbul.

Burdon RD., Bannister MH., Low CB., 1992. Genetic survey of *Pinus Radiata*. 2:Population comparisons for growth rate, disease resistance and morphology. New Zealand Journal of Forestry Science, 22, 138-159.

Falconer DS., 1981. Introduction to Quantitative Genetics. 2<sup>nd</sup> Edition, Longman Inc. Group U.K. Limited.

Falconer DS. 1989. Introduction to Quantitative Genetics, Longman Scientific Technical, Longman Group U.K. Limited.

Falconer DS., Maccay, TFC. 1996. Introduction to Quantitative Genetics, 2<sup>nd</sup> Edition, Longman Inc. Group U.K. Limited.

Gülcü S., 2002. Göller yöresi Anadolu karaçamında (*Pinus nigra* Arnold.subsp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe) populasyonlar arası ve populasyon içi genetik çeşitlilik. KTÜ. FBE. Doktora Tezi, 154s. Trabzon.

Gülcü S., Ücler A., Ö., 2008. Genetic variation of Anatolian black pine (*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) in the Lakes district of Turkey. Silvae Genetica, 57, 1-5.

Gürses MK., Gemici Y., Özkurt N., Gülbaba AG., Özkurt A., Tüfekçi S., 1996. Bolkar dağları Karaçam (*Pinus nigra* Arn. var. *pallasiana* Schneid) populasyonlarında biyolojik çeşitlilik üzerine araştırmalar, DOA Dergisi, 2, 49-69.

Işık K., 1980. Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) populasyonlar arası ve populasyonlar içi genetik çeşitliliğin araştırılması. I: Tohum ve fidan karakterleri. ODTÜ Biyolojik Bilimler Bölümü, Doçentlik Tezi, 149s. Ankara.

Işık F. 1998. Kızılçam'da (*Pinus brutia* Ten.) Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Derecesi ve Genetik Kazancın Belirlenmesi. Batı Akdeniz O.A.E. Yayınları, Teknik Bülten, No:7, Antalya.

Kalpınsız A. 1994. İstatistik Yöntemler. İÜ Yayın No: 3835/427, İstanbul.

Kaya Z., Ching KK., Stafford SG., 1985. A statistical analysis of karyotypes of European

black pine (*Pinus nigra* Arnold.) from different sources. *Silvae Genetica*, 34, 148-156.

Kaya Z., Temerit A., 1994. Genetic structure of marginally located *Pinus nigra* var. *pallasiana* population in Central Turkey. *Silvae Genetica*, 43, 272-277.

Koski V., Antola J., 1993. National Tree Breeding and Seed Production Programme for Turkey 1994-2003. The Research Directorate Of Forest Tree Seeds and Tree Breeding Press, Ankara.

Matziris D. 1993. Variation in cone production in a clonal seed orchard of Black pine. *Silvae Genetica*, 42, 136-141.

Namkoong G., Conkle MT. 1976. Time trends in genetic control of height growth in Panderosa pine. *Forest Sci.*, 22, 2-12.

Öztürk H., Şıklar S., 2000. Türkiye Milli Ağaç Islahı ve Tohum Üretimi Programı (Özellikleri ve Gerçekleştirilen Çalışmalar). Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü Dergisi, 13, 1-41.

Saatçioğlu F. 1976. Silvikültürün Biyolojik Esasları ve Prensipleri (Silvikültür I). İ.Ü.Orman Fakültesi Yayınları No. 2187, İstanbul.

SAS Inst. Inc. (1988). SAS/STAT User's Guide, Release 6.03, edition, Cary, NC.

Shelbourne CJA. 1969. Tree Breeding Methods. New Zealand Forest Research Institute, Technical Paper No: 55, New Zealand.

Shellbourne CJA., 1992. Genetic Gains from different Kinds of Breeding Population and Seed or Plant Production, Paper Presented at the IUFRO Symposium 'Intensive Forestry: The Rule Of Eucalyptus', Durban, September, 1991, 49-65. South Africa.

Sing NB., Chaudhary VK., 1993. Variability, heritability and genetic gain in cone and nut characters of Chilgoza pine (*Pinus gerardiana* Wall.) *Silvae Genetica*, 42, 61-63.

Silin AE., Goncharenko GG., 1996. Allozyme variation in natural populations of Eurasian pines: IV. Population structure and genetic variation in geographically related and isolated populations of *Pinus nigra* Arnold on the Crimean Peninsula. *Silvae Genetica*, 45, 67-75.

Temerit A., Kaya Z., 1997. İç Toroslar Bölgesinde Örneklenen Doğal Karaçam (*Pinus nigra* var. *pallasiana*) Populasyonlarının Genetik Strüktürleri. Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten No: 265, Ankara.

Üçler AÖ., Gülcü S., 1999. A Study on the Variations of Cone and Seed Morphology of Some Natural Anatolian Black Pine (*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* Lamb. Holmboe)

Populations in Isparta Lake District. 1<sup>st</sup> International Symposium on Protection of Natural Environment & Ebrami Karaçam (*Pinus nigra* Arnold. ssp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe var. *pyramidata* (Acat.) Yalçırık), 23-25<sup>th</sup> September, 332-340, Kütahya.

Velioğlu E., Çengel B., Kaya Z., 1999. Kaz Dağlarındaki Doğal Karaçam (*Pinus nigra* Arnold. susp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe.) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapılanması. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten No: 1, Ankara.

Yıldız N., Bircan H. 1994. Uygulamalı İstatistik (IV. Baskı). Atatürk Üniversitesi Yayınları No: 704/308, Erzurum.

Yurtsever N. 1974. İstatistik Metodları (III), Denemelerin İstatistik Prensiplerine Uygun Tertiplenmesi, Yürütülmesi ve Değerlendirilmesi. Toprak ve Su Genel Müdürlüğü, Toprak ve Gübre Araştırma Enstitüsü, Teknik Yayınlar Serisi No: 30, Ankara.