

SERİ
SERIES
SERIE
SÉRIE

A

CİLT
VOLUME
BÄND
TOME

56

SAYI
NUMBER
HEFT
FASCICULE

1

2006

İSTANBUL ÜNİVERSİTESİ
ORMAN FAKÜLTESİ
D E R G İ S İ

REVIEW OF THE FACULTY OF FORESTRY,
UNIVERSITY OF ISTANBUL
ZEITSCHRIFT DER FORSTLICHEN FAKULTÄT
DER UNIVERSITÄT ISTANBUL
REVUE DE LA FACULTÉ FORESTIÈRE
DE L'UNIVERSITÉ D'ISTANBUL



DOĞAL KIZILÇAMLARDA (*Pinus brutia* Ten.) POPULASYONLARARASI VE İÇİ GENETİK ÇEŞİTLİLİK¹⁾

Ar. Gör. Servet ÇALIŞKAN²⁾

Kısa Özet

Kızılçamın doğal yayılış alanı içerisinde Akdeniz, Ege, Marmara Bölgelerinde belirlenen dört ıslah zonundan, sekiz populasyon seçilmiş, her populasyondan 10'ar aile olmak üzere toplam 80 aile üzerinde bir yıl boyunca belirlenen yedi fidan karakteri üzerinde çalışılmıştır. Deneme için beş yinelemeli raslantı blokları deneme deseni uygulanmıştır. Populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arası farklılıkları saptamak için varyans analizleri yapılmıştır. Student Newman-Keuls testi yardımıyla populasyonlar arası farklılıklar gruplandırılmıştır. Gözlenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyans içindeki payları, birey ve aile kalıtım dereceleri, genetik ve fenotipik varyasyon katsayıları, fenotipik ve genetik korelasyonları tahmin edilmiştir. İncelenen fidan karakterlerine göre varyasyon oranı, populasyon seviyesinde %0 (kotiledon sayısı) ile %29.5 (epikotil boyu) arasında değişirken, aile seviyesinde ise %6 (kök boğazı çapı) ile %22.01 (kotiledon sayısı) arasında değişmektedir. Aile düzeyinde tahmin edilen kalıtım dereceleri, birey düzeyindeki kalıtım derecelerinden yüksektir. Ayrıca genetik korelasyonlar fenotipik korelasyonlara nazaran yüksektir. Büyüme karakterleri olan fidecik boyu, kök boğazı çapı ve epikotil boyu bakımından populasyon seviyesinde yapılacak seleksiyon ile dikkate değer miktarda genetik kazanç sağlanabilir.

Anahtar Kelimeler: Kızılçam, *Pinus brutia* Ten., Genetik çeşitlilik, Genetik korelasyonlar, Döl denemesi.

1. GİRİŞ

İnsanoğlu yaşamak ve neslini sürdürmek için bitkisel ürünlere ihtiyaç duymuştur. Bu ürün yada maddeleri en çok üreten bireyleri, ırkları ve türleri bulup seçmiş ve onları çoğaltmıştır. Nüfusun artmasına bağlı olarak diğer bitkisel üretimlerde olduğu gibi ekonominin isteklerine uygun kalite ve gelişme potansiyeline sahip ormanların yetiştirilmesinin hedeflenmesi, orman ağaçlarının kalıtsal özelliklerinden ve varyasyonlarından faydalanmayı zorunlu hale getirmiştir. Böylece orman ağaçları ıslahı ile ormanın büyüme hızının artırılması, daha yüksek kalitede odun

¹⁾ Bu çalışma, İ.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Orman Mühendisliği Anabilim Dalı, Silvikültür Programında Yüksek Lisans Tezi olarak Prof. Dr. Melih BOYDAK'ın danışmanlığında hazırlanmıştır. Çalışma, Türkiye Millî Ağaç Islahı ve Tohum Üretimi Programı çerçevesinde, Orman Ağaçları ve Tohumları Araştırma Enstitüsü Müdürüğü tarafından sürdürülmekte olan kızılçam döl denemeleri kapsamında gerçekleştirilmiştir. Bu vesile ile başta kurum müdürü Orm.Yük.Müh. Sadi ŞIKLAR'a, müdür yardımcısı Orm. Müh. Dr. Hikmet ÖZTÜRK'e, Orm. Müh. Ercan VELLOĞLU'na, Orm.Yük.Müh. Murat ALAN'a ve diğer enstitü çalışanlarına teşekkür ederim.

²⁾ İ.Ü. Orman Fakültesi Silvikültür Anabilim Dalı

elde edilmesi, biyotik ve abiyotik faktörlere karşı daha dayanıklı bireyler ve populasyonlar yetiştirilmesi amaçlanmıştır (ÜRGENÇ 1982). İslah çalışmalarında ana amaç, doğadaki bu genetik çeşitlilikten yararlanarak, istenen ürün miktarında ve kalitesinde artış sağlanmasıdır (ÖZTÜRK 2000). Genetik çeşitlilik; bir türün gen havuzundaki kalıtsal bilginin çeşitliliği ve zenginliği olarak tanımlanmaktadır (KAYA 1993). Genetik çeşitlilik genetik ıslah programları için başlıca kaynaktır. Yüksek genetik çeşitliliğe sahip olan türler ıslah çalışmalarında en ümit verici türlerdir. Bugün ve gelecekte toplumun orman ürünlerine olan ihtiyacının karşılanmasında genetik çeşitliliği yüksek olan türler büyük potansiyel taşırlar (KAYA 1993). Genetik çeşitliliğin güvence altına alınması amacıyla 1994 yılında ülkemizde başlatılan ulusal ağaç ıslahı programında her ıslah zonunda en az bir gen koruma ormanının bırakılması uygun görülmüştür (KOSKİ/ANTOLA 1993). Gen koruma ormanlarının genetik çeşitliliği güvence altına alan gen koruma alanları olduğu, bu alanların gelecekteki olası ihtiyaçların karşılanmasında önem arz ettiği vurgulanmaktadır (ÜRGENÇ ve ark. 1993).

Seleksiyon çalışmalarında temel kaynak doğal genetik varyasyon olup, tarımcıların aksine ormancılar çağlar boyu oluşmuş, doğal yapısı değiştirilmemiş, çok zengin doğal genetik varyasyon ile çalışma olanağına sahiptirler (IŞIK 1988; PERRY 1978; NAMKOONG ve ark. 1980). Bu nedenle doğadaki varyasyon hakkında bilgi sahibi olmak ıslah programlarının hazırlanmasında büyük önem taşır. Çok geniş alanlarda yayılış gösteren türler bu yayılışlarına paralel olarak çok fazla coğrafik varyasyona ve lokal ırklara sahiptirler (IŞIK 1981; ZOBEL/TALBERT 1984; ALPTEKİN 1986). Ağaç ıslahı çalışmalarında en yaygın olarak kullanılan yöntem, sözkonusu türlerin yayılış alanlarını dikkate alarak yapılan seleksiyon ıslahıdır. Bu yöntem ıslaha konu edilen türlerde genetik varyasyonun dağılışı biçimine (genetik varyasyonun yapısına) bağlı olarak gerçekleştirilir. Yapılacak seleksiyon ile populasyondaki gen frekansları değiştirilerek, gelecek generasyondaki populasyon ortalamasının arzu edilen yönde değişmesi sağlanabilir (ÖZTÜRK 2000). Bugün ağaç ıslahı çalışmalarından yararlanılarak üretimi gerek kalite ve gerekse kantite olarak büyük ölçüde artırma olanakları mevcuttur (ÜRGENÇ/BOYDAK 1981).

Kızılçam, yerli türlerimiz arasında oldukça ekonomik değeri büyük önem taşıyan bir ağaç türüdür. Doğal yayılış alanında farklı yetiştirme ortamlarına uyum sağlamış olması, diğer yerli türlere nazaran daha hızlı büyümesi, genetik çeşitliliğin yüksek olması, bu türü ülkemiz ağaçlandırmalarında ve ağaç ıslahı programlarında ön plana çıkarmıştır. 1994 yılında başlatılan Türkiye ağaç ıslahı programı ile Kızılçam öncelikli türler arasında alınmış ve ıslahına büyük bir hız verilmiştir (KOSKİ/ANTOLA 1993). Kızılçam 4191460,1 hektar alan ile Türkiye'deki toplam orman alanının yaklaşık %20'sini kaplamakta ve bu alanın 2653543,9 hektarı normal koru, 1536120 hektarı bozuk koru niteliğindedir (ANONİM 2001). Kızılçam hızlı gelişen bir tür olup, ağaçlandırma alanlarında birinci bonitette, hektardaki yıllık hacim artımının 10 m³'ün (genel ortalama artımı I. bonitet ağaçlandırma alanlarında 27 yaşında 15,4 m³/ha) üzerinde olduğu bildirilmektedir (USTA 1991). Kızılçam odunu endüstride kullanım yerleri bakımından oldukça geniş bir perspektife sahiptir. Başlıca kullanım yerleri olarak tel direği, maden direği, konstrüktif materyal, yat ve tekne, ambalaj sandığı, yonga levha, kontroplak, selüloz ve kağıt, çit direği, reçine sayılabilir. Kızılçam türünün genel olarak kaliteli gövde geliştirme özelliğinin yetersiz olması bu türün en yüksek odun hasılatına yönelik endüstriyel amaçlı plantasyonlarının kurulmasını ön plana çıkarmaktadır (USTA 1991). Ayrıca Kızılçam'dan elde edilen çok değişik kimyasal maddeler endüstride farklı kullanım yerleri bulmaktadır (BOZKURT/GÖKER 1980; BOZKURT ve ark. 1993; ÇOLAKOĞLU ve ark. 1993).

2. MATERYAL VE METOT

2.1 Populasyonların Tanıtımı ve Örneklenmesi

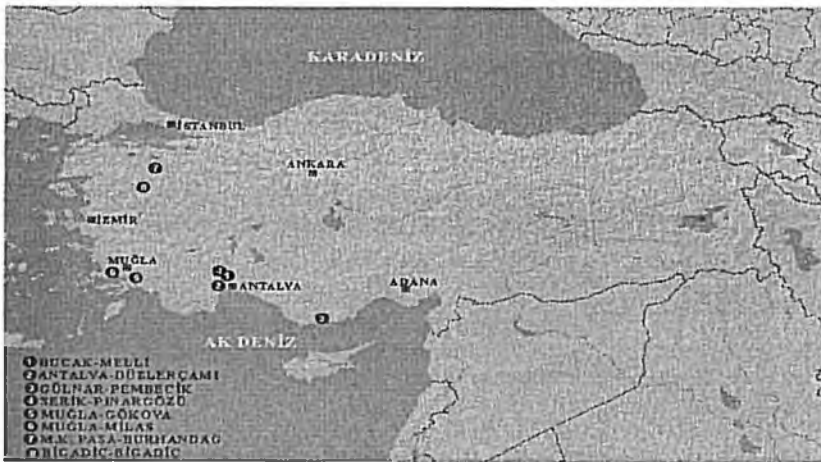
Bu araştırmada Kızılçamın doğal yayılış alanı içerisinde belirlenen üç coğrafik bölgede, dört ıslah zonundan, 8 adet populasyon seçilmiş, her bir populasyondan 10'ar adet aile oluşturmak üzere, toplam 80 bireyden açık tozlaşma ürünü tohum toplanmıştır. Belirlenen plus ağaçlar tohum meşcerelerinde ve gen koruma ormanlarında yer almaktadır. Populasyonlar mümkün olduğunca az müdahale görmüş, normal veya normale yakın kapalıdaki doğal kızılçam ormanlarından seçilmiştir. Bireylerin seçiminde, bireyler arasında en az 70 m mesafenin bulunmasına ve aralarındaki yükselti farkının 300 m den fazla olmamasına özen gösterilmiştir (ANONİM 1989). Örneklenen populasyonlar ile ilgili bazı önemli coğrafik özellikler Tablo 1'de, coğrafi konumları da Şekil 1'de belirtilmiştir.

Tablo 1: İncelenen Populasyonların Coğrafik Özellikleri

Table 1 : Geographic Locations and Sampling Data of the Sampled Turkish Red Pine (*Pinus brutia* Ten.) Populations

Islah Zonu Breeding zone	Populasyonlar Population	Enlem Latitude	Boylam Longitude
Akdeniz (0-400m)	Bücak – Melli	37° 24' 45"	30° 37' 20"
	Antalya – Düzlerçamı	36° 59' 45"	30° 33' 10"
Akdeniz (401-800m)	Gülnar – Pembecik*	36° 14' 30"	33° 15' 20"
	Serik – Pınargözü	37° 16' 00"	30° 59' 40"
Ege (0-400m)	Muğla – Gökova	37° 00' 39"	28° 24' 30"
	Muğla – Milas - Kayadere	37° 04' 16"	27° 44' 50"
Marmara (200-600m)	Mustafa Kemal Paşa – Burhandağ	39° 55' 43"	28° 37' 45"
	Bigadiç-Bigadiç	39° 24' 46"	28° 21' 50"

* Bu populasyondaki 4 ailede çimlenme gerçekleşmediğinden aile sayısı 6'ya düşmüştür.



Şekil 1 : İncelenen populasyonların coğrafik konumları

Figure 1 : Map Showing the Locations of Sampled Turkish Red Pine (*Pinus brutia* Ten.) Populations

nedenle daha önce seçilen örnek fidanlarda yapılan sık aralıklı ölçümler dikkate alınarak boy ölçümlerinin Kasım ayında yapılması benimsenmiştir.

Hipokotil Boyu (Hipl): Hipokotil boyu fideciğin kök boğazı ile kotiledonların başladığı nokta arasında kalan uzunluk olarak alınmış olup, mm duyarlılığında ölçülmüştür (GEZER 1976).

Epikotil Boyu (Epi): Epikotil, fideciğin kotiledonlarının başladığı nokta ile terminal tomurcuğun altına kadar olan kısmı olarak tanımlanabilir (GEZER 1976). Kotiledonların üstündeki plumula bölgesinin aktivasyonu sonucu meydana gelen boy artımını ifade etmektedir. Başka bir ifade ile epikotil boyu, toplam boydan, hipokotil boyunun çıkarılmasıyla elde edilebilir. Bu uzunluk fideciğin ilk büyüme evresinde meydana getirdiği boy artımını vermektedir. Epikotil boyu toplam boydan hipokotil boyu çıkarılarak mm duyarlılığında bulunmuştur.

Kök Boğazı Çapı (Çap): Gövde ile kökün birleştiği noktadaki çap değeri, elektronik kumpasla 0.01 mm duyarlılığında ölçülmüştür (IŞIK 1980).

Kotiledon Sayısı (Kotn): Tekleme yapıldıktan sonra, embriyonun bir parçası olan kotiledonlar sayılmıştır. Kotiledonlar çimlenmeyi takiben fideciğin hayatta kalmasını sağlayan, gerekli asimilasyonu yapmaya yarayan organellerdir (IŞIK 1980). Kotiledonlar ilk vejetasyon dönemi içerisinde fidecik üzerinde kalmaktadır.

Yan Dal Sayısı (Dal): Kızılçam fidanları, gövdeye doğrudan bağlanan yan dallar oluşturmaktadır (IŞIK 1980). Bu yan dallar ilk yaşta her fidanda oluşmayabilir. Ancak büyük çoğunlukla Kızılçam ilk yılda yan dallar oluşturmaktadır. Her bir Kızılçam fidanının yan dal sayıları Kasım ayı itibariyle tespit edilmiştir.

Olgun İğne Yaprak Sayısı (Oiy): Kızılçam fidanları çimlenmeden sonra gövdeye bağlanan, her biri tek ibreden oluşan ilksel yapraklar dışında, olgun bireylere özgü olan ikincil yapraklara sahip olurlar. Olgun iğne yaprak olarak da tanımlanan ikincil yapraklar, iki veya üç ibre bir kın içerisinde yer alacak şekilde kısa sürgünler üzerinde yer almaktadır (IŞIK 1980). Olgun iğne yaprak sayıları Kasım ayı içerisinde sayılarak tespit edilmiştir.

2.4 Verilerin Değerlendirilmesi

Değerlendirilme aşamasında, öncelikle her karaktere ait verilerin normal dağılım gösterip göstermediği ve varyanslarının eşitliği test edilmiştir. Verilerin ortalamaları ve standart sapmaları hesaplanarak %99 güven düzeyinin dışında kalan ekstrem değerler analize sokulmamıştır. Sıra dışı veriler hatalı ölçme, verilerin bilgisayara aktarılırken yanlış okunması veya yazılması nedenleriyle ortaya çıkan ve değerlendirme dışı tutulması gereken verilerdir (SOKAL/ROHLF 1995). Normal dağılımda verilerin %99'nun $\mu \pm 2.576\sigma$ aralığında bulunduğu belirtilmektedir (KALIPSIZ 1981). Bu noktadan hareketle en küçük ve en büyük değerler dışında kalan veriler, sıra dışı kabul edilerek SAS programı yardımıyla ayrılmış ve değerlendirme dışı bırakılmıştır (SAS 1989). Bu ayıklama işlemine rağmen veriler normal dağılım göstermemesi durumunda transformasyon işlemi yapılması önerilmektedir (SOKAL/ROHLF 1995). Hangi transformasyonun yapılması gerektiğinin belirlenmesinde BOX ve arkadaşlarının belirttiği yöntem kullanılmıştır (BOX ve ark. 1978). Boy ve epikotil boyu karakterlerine ait verilerin transformasyonunda karekök dönüşümü kullanılmıştır. Ayrıca sayılarak elde edilen veriler olan kotiledon, yan dal sayısı ve olgun iğne yaprak sayısı için de karekök dönüşümü uygulanmıştır. Hipokotil boyu ve kök boğazı çapı karakterlerine ait veriler normal dağılım gösterdiği ve varyansları eşit olduğundan, transformasyon gerekli görülmemiştir.

Her karakter için populasyonlar arasında ve içinde farklılık olup olmadığını belirlemek için varyans analizleri yapılmış, varyans analizleri sonuçlarına göre istatistiksel olarak önemli düzeyde farklar bulunması halinde, %95 güven düzeyinde Student Newman-Keuls testi yapılarak

populasyon ortalamaları sıralanmış ve populasyonlar gruplandırılmıştır. Varyans analizi modelinde populasyonlar sabit, bloklar, aileler ve etkileşimler rastlantısal olarak alınmıştır. ANOVA programında sabit ve rastlantısal terimler yer aldığı için kullanılan modeli, Model III veya "karma model olarak" adlandırılmaktadır (SOKAL/ROHLF 1995). Populasyonlar sabit olarak alınmış, her populasyonun kendi içerisindeki örneklenmesi rastlantısal olarak yapılmıştır. Bu nedenle aileler terimi rastlantısaldır. Etkileşimdeki terimlerden biri rastlantısal ise etkileşimin kendisi de rastlantısal bir terim olarak alınmaktadır. Hata tüm modellerde rastlantısal bir terim olarak alınmıştır (HICKS 1964; BURTON ve ark. 1992; İŞİK 1998). Varyans analizleri için kullanılan modeller ve her modeldeki varyans bileşenleri eşitlikleri Tablo 2 de verilmiştir.

Tablo 2 : Varyans ve Kovaryans Analizinde Kullanılan Karma Model

Table 2 : Analyses of Variances Model for Seedling Growth Traits for *Pinus brutia* Ten

Varyasyon Kaynağı Source of variation	Serbestlik Derecesi d.f	Beklenen Kareler Ortalaması Expected Mean Squares	Kod
Replikasyon	r-1	$\sigma^2_e + k_9\sigma^2_{RF(P)} + k_{10}\sigma^2_{RP} + k_{11}\sigma^2_R$	1
Populasyon	p-1	$\sigma^2_e + k_6\sigma^2_{RF(P)} + k_7\sigma^2_{F(P)} + k_8\sigma^2_{RP} + Q\sigma^2_P$	2
Rep. x Pop. Etkileşimi	(r-1) (p-1)	$\sigma^2_e + k_4\sigma^2_{RF(P)} + k_5\sigma^2_{RP}$	3
Populasyon İçi Aiteler	p (a-1)	$\sigma^2_e + k_2\sigma^2_{RF(P)} + k_3\sigma^2_{F(P)}$	4
Rep. x Aile Etkileşimi	(r-1) p (a-1)	$\sigma^2_e + k_1\sigma^2_{RF(P)}$	5
Aile İçi	r p a (n-1)	σ^2_e	6
Toplam	(r p a n) - 1		

Deneme alanının tek bir bölgede kurulması koşulunda her 5 yinelemede ölçülen karakterler için kullanılan varyans analizi modeli aşağıda verilmiştir.

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

Y_{ijkm} = m inci fidana ait fenotipik değeri ifade etmektedir. Her fidan i inci yinelemenin, j inci populasyonun, k inci populasyon içindeki ailenin, m inci bireyi şeklinde tanımlanmıştır.

μ = Deneysel populasyonun ölçülen karakterinin genel ortalamasıdır.

R_i = Yineleme nedeniyle meydana gelen etkiyi ifade etmektedir. Arazi denemelerinde replikasyonların çevresel ortamları arasında mümkün olduğunca fark olmamasına özen gösterilir. Buna rağmen kontrol dışı gelişen mikro çevresel farklılık nedeniyle, replikasyonlar arasında da farklılıklar meydana gelebilir. Denemede 5 yinelemeli olarak kurulmuştur (i=1,2,3,4,5).

P_j = Populasyonların genetik farklılığından dolayı ortaya çıkan etkiyi ifade etmektedir. Denemede 8 populasyon incelenmiştir (j=1,2,3,4,5,6,7,8).

$F(P)_{k(j)}$ = j. populasyonu içerisindeki k. ailenin etkisi nedeniyle ortaya çıkan etkiyi belirtmektedir. Deneme bir populasyon hariç diğerlerinde 10 ar adet aile mevcuttur.

RP_{ij} = Yineleme x populasyon etkileşimi nedeniyle ortaya çıkan etkiyi ifade etmektedir.

$RF(P)_{ik(j)}$ = Yineleme x populasyon etkileşimi olabileceği gibi yineleme x aile etkileşimi de söz konusudur. Yineleme x populasyon etkileşiminde belirtilen kontrol dışı faktörler burada da söz konusudur.

$e_{m(ijk)}$ = Deneysel hatayı ifade eder. Aile içinde yarım kardeşler (aile içi bireyler) arasındaki genetik farklılıklar, ölçme hataları, her bireyin mikro çevresinden kaynaklanan farklılıkların oluşturduğu sapmadır.

r = Replikasyon sayısı; p = Populasyon sayısı; a = Populasyon içi aile sayısı; n = Her aile içinde gözlenen yarım kardeş fidan sayısı; Q = replikasyon x populasyon etkileşimine ait katsayı; $k_1, k_2, k_3, k_4, \dots, k_{j1}$ = varyans bileşenlerine ait katsayılar

F istatistiğinin hesaplanması için kodlar arasındaki bölme işlemi: 1.terim için: 1/3; 2. terim için: 2/3+4-5; 3. terim için: 3/5; 4. terim için: 4/5; 5. terim için: 5/6

Tüm faktörlerin birer bağımsız değişken olup, aralarında kovaryansın sıfır olduğu varsayılmıştır.

2.5 Kalıtım Derecelerinin Tahmini

Bir kantitatif özellikte görülen varyansın ne kadarının genotipten ve ne kadarının dış şartlardan ileri geldiğini kalıtım derecesi gösterir. Dar anlamlı kalıtım derecesi, eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranıdır (ZOBEL/TALBERT 1984).

$$h_i^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_u^2} = \frac{k\sigma_{F(P)}^2}{\sigma_u^2}$$

h_i^2 = Dar anlamlı kalıtım derecesi; σ_A^2 = Eklemeli genetik varyans; σ_u^2 = Fenotipik varyans; $\sigma_{F(P)}^2$ = Ailelerden kaynaklanan genetik varyans; k= Yarım kardeşler arasındaki genetik kovaryans katsayısı veya benzerlik oranıdır.

Ayrıca ıslah programlarında bireysel seleksiyon yanında aile düzeyinde seleksiyon da önemli olmaktadır. Aile düzeyinde yapılacak seleksiyonlarda aile kalıtım derecelerinin bilinmesi gerekmektedir. Bu amaçla aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır (SHELBOURNE 1992).

$$h_f^2 = \frac{\sigma_{F(P)}^2}{\sigma_{fm}^2}$$

h_f^2 = Bir karaktere ait aile düzeyindeki kalıtım derecesi; $\sigma_{F(P)}^2$ = Ailelerden kaynaklanan genetik varyans; σ_{fm}^2 = Aile fenotipik varyansı.

Fenotipik varyasyon katsayılarının belirlenmesinde aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır (SUN, 1980).

$$CV_\mu = \frac{\sqrt{\sigma_\mu^2}}{\bar{X}} \times 100$$

CV_μ = Fenotipik varyasyon katsayısı; σ_μ^2 = İlgili karaktere ait fenotipik varyans; \bar{X} = İlgili karaktere ait ortalama.

Gözlenen karakterler farklı birimlerle ölçüldüğünden, genetik varyansların karşılaştırılmasında kullanılmak üzere genetik varyasyon katsayısının bilinmesi gerekir. Genetik varyasyon aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır (SUN 1980).

$$CV_g = \frac{\sqrt{3 * \sigma_{F(P)}^2}}{\bar{X}} \times 100$$

CV_g = Eklemeli genetik varyasyon katsayısı; $\sigma_{F(P)}^2$ = İlgili karaktere ait fenotipik varyans; \bar{X} = İlgili karaktere ait ortalama.

İki karakter arasında fenotipik ilişkileri irdelemek için gerekli olan fenotipik korelasyon katsayıları aşağıda verilen formülle hesaplanmıştır (SOKAL/ROHLF 1995).

$$r_p = \frac{\sum xy}{\sqrt{\sum x^2 \sum y^2}}$$

$\sum xy$ = x ve y karakterlerinin çarpınlar toplamını, paydadaki değerler iki karakterin fenotipik varyanslarını ifade etmektedir.

Karakterler arasındaki genetik korelasyonlar ise aşağıdaki formülle hesaplanmıştır (FALCONER/MACKAY 1996):

$$r_{g(x,y)} = \frac{COV_{g(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{g(x)}^2} \sqrt{\sigma_{g(y)}^2}}$$

$r_{g(x,y)}$ = İki karakter arasındaki genetik korelasyon; $COV_{g(x,y)}$ = x ve y karakterleri arasındaki genetik kovaryans; $\sigma_{g(x)}^2$ ve $\sigma_{g(y)}^2$ = Sırasıyla x ve y karakterlerine ait aile (genetik) varyans.

Genetik korelasyonların standart hatalarının hesabında aşağıdaki formül kullanılmıştır (FALCONER/MACKAY 1996):

$$\sigma_{r_A} = (1 - r_{g(x,y)}^2) \sqrt{\frac{\sigma_{h_x}^2 \sigma_{h_y}^2}{h_x^2 h_y^2}}$$

σ_{r_A} = İki karakter arasındaki genetik korelasyonun standart hatası; $\sigma_{h_x}^2$, $\sigma_{h_y}^2$ = Sırasıyla x ve y karakterlerine ait kalım derecelerinin standart hatalarıdır; h_x^2 , h_y^2 = Sırasıyla x ve y karakterine ait kalıtım dereceleri.

Fenotipik korelasyonların standart hatalarını hesaplanması için aşağıdaki formül kullanılmıştır (FALCONER/MACKAY 1996).

$$s_r = \sqrt{\frac{1 - r^2}{n - 2}}$$

s_r = Fenotipik korelasyon katsayısının standart hatası; r = Fenotipik korelasyon katsayısı; n = Fenotipik korelasyon katsayısının hesabında kullanılan gözlem çifti sayısı.

Dar anlamlı kalıtım derecesinin standart hatasının hesaplanmasında, aile başına fertlerin eşit olmaması durumu dikkate alınarak, Becker tarafından önerilen aşağıdaki formül kullanılmıştır (BECKER 1984):

$$S.E.(h^2) = 3 * \sqrt{\frac{2(n-1)(1-t)^2[1+(k-1)t]^2}{(n-s)(s-1)k^2}} \quad t = \frac{\sigma_{i(\rho)}^2}{\sigma_{i(\rho)}^2 + \sigma_e^2}$$

t=Sınıflar arası korelasyon değeri; k=Bir ailedeki fert sayısı; s= Aile sayısı; n= Populasyondaki toplam fert sayısı ($n_1+n_2+n_3+\dots+n_r$); *Karekök dışındaki 3 katsayısı akrabalar arasındaki yakınlık derecesine göre değişmekte, tam kardeş olma durumunda bu değer 2 olmaktadır.

Aile kalıtım derecesinin standart hatasının belirlenmesi için aşağıdaki eşitlikler kullanılmıştır (ANDERSON/BANCROFT 1952).

$$S.E.(h_{i\bar{m}}^2) = \frac{S.E.(\sigma_{i(\rho)}^2)}{\sigma_{i\bar{m}}^2} \quad \left(\sigma_{i\bar{m}}^2 = \sigma_{i(\rho)}^2 + \frac{\sigma_e^2}{k_1} \right)$$

$SE(h_{i\bar{m}}^2)$ = Aile Kalıtım derecesinin standart hatası; $S.E.(\sigma_{i(\rho)}^2)$ = Aile varyans bileşenin standart hatası; $\sigma_{i\bar{m}}^2$ = Aile Ortalamaları fenotipik varyansı

$$S.E.(\sigma_{i(\rho)}^2) = \sqrt{\text{Var}(\sigma_{i(\rho)}^2)} \quad \text{Var}(\sigma_{i(\rho)}^2) = \frac{2}{k_1^2} \sum \left(\frac{(MS_e)^2}{d.f_e + 2} \right)$$

$\text{Var}(\sigma_{i(\rho)}^2)$ = Belirli bir varyans bileşenin tahmin olunacak varyans değeri; $S.E.(\sigma_{i(\rho)}^2)$ = Söz konusu varyans bileşenin standart hatası; k= Varyans bileşenin varyans modelindeki katsayısı; MS= İlgili varyans bileşenine ait kareler ortalaması; d.f= İlgili kareler ortalamasına ait serbestlik derecesi.

Populasyon ve ailelere ait tohumların çimlenmelerin ortalama sürelerinin (MGT) hesaplanmasında aşağıda belirtilen formülden yararlanılmıştır (BONNET-ASSIMBERT/VILLAR 1986).

$$MGT = \frac{\sum (ti * ni)}{N}$$

MGT = Çimlenmenin ortalama süresi (gün). ti = Test başlangıcından itibaren i 'inci güne kadar geçen gün sayısı. ni = i 'inci günde çimlenen tohum sayısı. N = Toplam çimlenen tohum sayısı.

ÇIKMA (%) : Ekimden sonraki çıkımların tamamen sona erdiği günde, oluşan fidelik sayısının toplam ekilen tohum sayısına oranı olarak kabul edilmiştir.

G₅₀ = Tohumun çimlenmesinden sonra tohum kapçığının topraktan kurtulduğu gün saptanmıştır. Ekilen tohum sayısının yarısının çıkmasına karşılık gelen değer ailelerin G₅₀ değeri olarak alınmıştır. Aile ortalamalarından hareket ederek populasyonların G₅₀ si hesaplanmıştır. Aileler arasında ekilen tohum sayısının yarısına ulaşamayan ailelerde, son tohumun yukarıda

belirtilen ölçüde göre çıktığı günlük ulaşılan değer söz konusu ailelerin G_{50} değeri olarak kabul edilmiştir.

3. BULGULAR

3.1 Populasyonların ve Ailelerin Fidecik Karakterleri ile İlgili Bulgular

Denemeye alınan doğal Kızılcım populasyonlarının ve populasyonlara ait ailelerin fidecik ve fidan karakterleri ile ilgili varyans analizi sonuçları Tablo 3'te, istatistiksel düzeyde önemlilik gösteren karakterler itibari ile populasyonlar arasındaki guruplama ve farklılıkları gösterme Student Newman-Keuls testi sonuçları da Tablo 4'de açıklanmıştır. Uygulanan analiz ve testler sonucunda sözkonusu karakterlerle ilgili elde edilen bulgular aşağıda açıklanmıştır.

Fidan Boyu: Fidan boyu bakımından yapılan varyans analizinde populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde ($P<0.0001$) anlamlı farklılıklar ortaya çıkmıştır. Replikasyonlar arasında $P<0.0001$ düzeyinde anlamlı farklar olup, ReplikasyonxPopulasyon etkileşimi $P<0.05$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. ReplikasyonxAile etkileşimi istatistiksel olarak anlamlı bir fark oluşturmamıştır (Tablo 3). İncelenen sekiz populasyonun fidan boyu bakımından Student Newman-Keuls testine göre gruplandırılması sonucu populasyonlar altı ayrı gruba ayrılmıştır. Zonlar birbirinden belirgin olarak ayrılmış, ancak Akdeniz orta zona ait Gülnar–Pembecik ile Ege alçak zonuna ait Muğla–Gökova orijinleri aynı grup oluşturmuştur. Diğer yandan Marmara populasyonları da farklı gruplar oluşturmuşlardır (Tablo 4). Boy ölçümleri 1694 Kızılcım fidanında gerçekleştirilmiştir. Fidan boyu ortalamalarına göre Bucak–Melli populasyonu 11,581 cm±2,21 ile ilk sırayı, Bigadiç–Bigadiç populasyonu 8,066 cm±1,33 ile son sırayı almaktadır (Tablo 3). Ölçülen minimum ve maksimum fidan boyu değerleri ise 2,4cm (Serik–Pınargözü)–19,5cm (Antalya–Düzlerçamı) arasındadır.

Hipokotil Boyu: Varyans analizi sonuçlarına göre populasyon içi ailelerde hipokotil boyu bakımından önemli düzeyde ($P<0.0001$) farklılıklar bulunmuştur. ReplikasyonxPopulasyon etkileşimi $P<0.05$ düzeyinde anlamlı iken ReplikasyonxAile etkileşimi $P<0.01$ düzeyinde anlamlıdır. Replikasyonlar ve populasyonlar arasında istatistiksel olarak anlamlı bir fark bulunmamıştır (Tablo 3). Hipokotil boyu ölçümleri 2047 Kızılcım fideciği üzerinde yapılmıştır. Populasyonların hipokotil boyu ortalamaları incelendiğinde Muğla–Milas populasyonu 2,397cm±0,42 ile ilk sırayı alırken, 2,054cm±0,51 ile Serik–Pınargözü son sırayı almaktadır (Tablo 4). Ölçülen minimum ve maksimum hipokotil boyu değerleri ise 1,00 cm (Serik–Pınargözü) ile 4,10 cm (Muğla–Milas) arasındadır.

Epikotil Boyu ile İlgili Bulgular: Varyans analizinde, epikotil boyu bakımından populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arasında $P<0.0001$ düzeyinde önemli istatistiksel farklılıklar saptanmıştır. Replikasyonlar arasında $P<0.001$ düzeyinde, ReplikasyonxPopulasyon etkileşimi arasında $P<0.01$ düzeyinde istatistiksel farklılıklar tespit edilmiştir. ReplikasyonxAile etkileşimi istatistiksel olarak önemsiz düzeyde kalmaktadır (Tablo3). Tablo 4 incelendiğinde populasyonların beş farklı gruba ayrıldığı, zonların belirgin olarak farklılaştığı ancak Akdeniz orta zona ait Serik–Pınargözünün aynı bir grubun içinde de yer aldığı görülmektedir. Diğer yandan fidan boyunda olduğu gibi Marmara populasyonları farklı gruplar oluşturduğu belirtilebilir. Epikotil boyuna ait ölçümler 1695 Kızılcım fideciğinde yapılmıştır. Antalya–Düzlerçamı epikotil boyu bakımından 9,292cm±2,33 ile ilk sırayı, 5,723cm±1,32 ile Bigadiç–Bigadiç son sırayı almıştır (Tablo 4). Ölçülen minimum ve maksimum epikotil boyu değerleri ise 0,90 cm (Serik–Pınargözü)–16,8 cm (Antalya–Düzlerçamı) arasındadır.

Kök Boğazı Çapı: Kök boğazı çapı bakımından yapılan varyans analizinde populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak önemli düzeyde ($P<0.0001$) farklılıklar

tespit edilmiştir. ReplikasyonxPopulasyon etkileşimi önemsiz düzeyde kalmasına rağmen ReplikasyonxAile etkileşimi arasında istatistiksel olarak 0.01 olasılık düzeyinde farklılıklar olduğu saptanmıştır. Replikasyonlar arasında farklılıklar ise 0.0001 olasılık düzeyinde anlamlıdır (Tablo 3). Kök boğazı çapına ait test sonucunda Antalya-Düzlerçamı, Muğla-Milas, Bucak-Melli, Serik-Pınargözü birinci grubu, Gülnar-Pembeçik, Muğla-Gökova, Mustafa Kemal Paşa-Burhandağ ikinci grubu, Bigadiç-Bigadiç ise üçüncü grubu oluşturmaktadır. Ancak Bucak-Melli, Serik-Pınargözü, Gülnar-Pembeçik kendi aralarında farklı bir grup oluşturmaktadır (Tablo 4). 1697 Kızılcım fidanında kök boğazı çapı ölçümleri yapılmıştır. Kök boğazı çapına göre ortalamalar sıralandığında ilk sırayı 2,507mm±0,41 ile Muğla-Milas, son sırayı ise 2,069mm ±0,35 ile Bigadiç-Bigadiç'in aldığı görülmektedir (Tablo 4). Ölçülen minimum ve maksimum kök boğazı çapı değerleri ise 0,72mm (Muğla-Gökova)-4,40mm (Antalya-Düzlerçamı) arasındadır.

Tablo 3 : İncelenen Kızılcım Fidecik Ve Fidan Karakterlerine Göre Varyans Analizi Sonuçları

Table 3 : Results of Analyses of Variance for Seedling Traits in *Pinus brutia* Ten. (Ns, *, **, ***, **** : Nonsignificant and significant at the 5%, 1%, 0.1%, 0.01% percent levels respectively. TH: Total height LHY: Length of hypocotyls LEP: Length of epicotyl (Length of crown) RCD: Root collar diameter NC: Number of cotyledons NLB: Number of lateral branches SL: Secondary leaves).

Varyasyon Kaynağı Source of variation	d.f	F Değerleri F Values						
		Boy TH	Hipl LHY	Epil LEP	Çap RCD	Kotn NC	Dal NLB	Oiy SL
R _i	4	22,31****	1,43 ns	205,10****	17,94****	1,43 ns	1,79 ns	0,24 ns
P _j	7	17,34****	1,81 ns	38,59****	6,34****	1,23 ns	0,88 ns	1,78 ns
RP _{ij}	28	1,72*	1,40*	0,18**	0,80 ns	0,74 ns	1,04 ns	1,36 ns
F(P) _{k(j)}	63	3,16****	3,80****	2,64****	2,22****	4,30****	3,21****	1,66**
RF(P) _{k(j)}	218	1,07 ns	1,46****	1,06 ns	1,29**	1,01 ns	0,89 ns	1,11 ns
e _{m(ijk)}	632							

ns: Önemli farklılık yoktur, *: 0.05 olasılık düzeyinde anlamlı, **: 0.01 olasılık düzeyinde anlamlı, *** : 0.001 olasılık düzeyinde anlamlı, **** : 0,0001 olasılık düzeyinde anlamlı.

Kotiledon Sayısı: Kotiledon sayısı bakımından populasyon içi aileler arasında önemli düzeyde (P<0.001) istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar ortaya çıkmıştır. Replikasyonlar, Populasyonlar, ReplikasyonxPopulasyon, ReplikasyonxAile etkileşimleri arasında istatistiksel olarak farklılıklar önemsiz düzeyde çıkmıştır (Tablo 3). Kotiledon sayılarının tespiti 2046 Kızılcım fideciği üzerinden yapılmıştır. Kotiledon sayısına ait ortalamalar karşılaştırıldığında Bucak-Melli 8,532±0,92 ile en yüksek ortalamaya sahip iken 8,126±0,908 ile Muğla-Milas son sırayı almıştır (Tablo 4). Ölçülen minimum ve maksimum kotiledon sayısı değerleri ise 5 (Mustafa Kemal Paşa-Burhandağ) ile 11 (Diğer populasyonların hepsinde) arasındadır.

Yan Dal Sayısı: Yapılan varyans analizi sonuçlarına göre yan dal sayısı bakımından populasyonlar içi aileler arasında önemli düzeyde ($P<0.0001$) istatistiksel farklar ortaya çıkmıştır. Ancak Replikasyonlar, Populasyonlar, ReplikasyonxPopulasyon, ReplikasyonxAile etkileşimlerinde ise, istatistiksel anlamda önemli fark bulunamamıştır (Tablo 3). Yan dal sayısına ait ölçümler 1688 Kızılçam fidanı üzerinde yürütülmüştür. Yan dal sayısına ait ortalamalara bakıldığında en yüksek ortalamayı $6,579\pm 2,21$ ile Serik-Pınargözü verirken, Muğla-Gökova $5,220\pm 1,50$ ile son sırayı almıştır (Tablo 4). Ölçülen minimum ve maksimum yan dal sayısı değerleri ise 1 (Bucak-Melli ve Muğla Gökova)-13 (Serik-Pınargözü) arasındadır.

Olgun İğne Yaprak Sayısı: Replikasyonlar, Populasyonlar, ReplikasyonxPopulasyon, ReplikasyonxAile etkileşimleri arasında istatistiksel olarak farklılıklar önemsiz düzeyde çıkmıştır. Olgun iğne yaprak sayısı bakımından populasyon içi aileler arasında önemli düzeyde ($P<0.01$) istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar ortaya çıkmıştır (Tablo 3). 1414 Kızılçam fidanı üzerinde olgun iğne yaprak sayımı yapılmıştır. Olgun iğne yaprak sayılarına ait ortalamalar ele alındığında, Bucak-Melli $7,402\pm 4,07$ ile ilk sırayı, Bigadiç-Bigadiç ise $4,623\pm 2,69$ ile son sırayı almıştır (Tablo 4). Ölçülen minimum ve maksimum olgun iğne yaprak sayısı ise 1 (Bütün populasyonlarda)-28 (Serik-Pınargözü) arasındadır.

Tablo 4 : Populasyon Ortalamaları, Standart Hatalar (SE), Karakter Ortalamaları ve Student Newman-Keuls Testi Sonuçları.

Table 4 : Population Means, Standart Errors (SE), Trial Means and Student Newman-Keuls Test Results for Each Trait. (TH: Total height LHY: Length of hypocotyls LEP: Length of epicotyl (Length of crown) RCD: Root collar diameter NC: Number of cotyledons NLB: Number of lateral branches SL: Secondary leaves)

		İncelenen Karakterler Seedling Traits						
		BOY TH	HIPL LHY	EPİL LEP	ÇAP RCD	KOTN NC	DAL NLB	OİY SL
Populasyonlar Populations	1	$11,58\pm 2,21$ a	$2,36\pm 0,49$	$9,21\pm 2,17$ a	$2,50\pm 0,44$ ab	$8,53\pm 0,92$	$5,71\pm 1,78$	$7,40\pm 4,07$
	2	$11,55\pm 2,37$ a	$2,25\pm 0,44$	$9,29\pm 2,33$ a	$2,48\pm 0,46$ a	$8,23\pm 0,84$	$5,89\pm 1,83$	$6,35\pm 4,15$
	3	$10,89\pm 2,14$ d	$2,35\pm 0,53$	$8,50\pm 2,06$ c	$2,47\pm 0,43$ bc	$8,42\pm 0,87$	$6,54\pm 1,84$	$5,51\pm 3,44$
	4	$9,99\pm 2,05$ d	$2,05\pm 0,51$	$7,93\pm 1,95$ bc	$2,43\pm 0,46$ ab	$8,19\pm 0,96$	$6,58\pm 2,21$	$6,07\pm 3,69$
	5	$10,37\pm 1,93$ b	$2,25\pm 0,42$	$8,13\pm 1,81$ b	$2,43\pm 0,46$ c	$8,13\pm 0,90$	$5,22\pm 1,50$	$6,82\pm 3,65$
	6	$10,52\pm 1,8$ b	$2,40\pm 0,42$	$8,10\pm 1,70$ b	$2,51\pm 0,41$ a	$8,16\pm 0,89$	$5,67\pm 1,80$	$7,16\pm 3,49$
	7	$8,75\pm 1,72$ e	$2,30\pm 0,41$	$6,42\pm 1,74$ d	$2,19\pm 0,38$ c	$8,33\pm 0,89$	$5,61\pm 1,45$	$5,07\pm 2,79$
	8	$8,07\pm 1,33$ f	$2,38\pm 0,42$	$5,72\pm 1,32$ e	$2,07\pm 0,35$ d	$8,42\pm 0,83$	$5,30\pm 1,36$	$4,62\pm 2,69$
Ort.	$10,22\pm 2,33$	$2,30\pm 0,46$	$7,91\pm 2,29$	$2,37\pm 0,45$	$8,31\pm 0,90$	$5,74\pm 1,76$	$6,26\pm 3,70$	

İlgili karakter bakımından aynı harfi taşıyan populasyonlar farklı değildir.

3.2 Gözlenen Fidan Karakterlerine Ait Fenotipik ve Genetik İlişkiler ile Genetik Çeşitlilik ve Kalıtım Dereceleri Tahmini ile İlgili Bulgular

Gözlenen Fidan Karakterlerine Ait Fenotipik ve Genetik İlişkiler: İncelenen fidan karakterleri arasındaki fenotipik ve genetik korelasyonlar aşağıda tablo 5'de verilmiştir. Karakterler arasındaki fenotipik korelasyonlar $P < 0,0001$ önemlilik düzeyine tahmin edilmiştir. Fidan boyu ile kök boğazı çapı arasında $r=0,57$ düzeyinde pozitif genetik korelasyon bulunmuştur. Epikotil boyu, fidan boyu ve hipokotil boyu karakterlerinin bir türevi olduğu için, bu karakter fidan boyu ile yüksek genetik ($r=0,96$) ve fenotipik ($r=0,98$) korelasyon sergilemiştir.

Epikotil boyu ile yan dal sayısı ve olgun iğne yaprak sayısı arasında fenotipik ve genetik korelasyonlar düşük ve pozitif yöndedir. Epikotil boyu ile kotiledon sayısı arasındaki fenotipik korelasyonun ($r=0,1$) zayıf tespit edilmesine karşın, genetik korelasyonun ($r=0,31$) fenotipik korelasyona nazaran nispeten yüksek olduğu görülmüştür. Hipokotil boyu ile diğer gözlenen karakterler arasında oldukça düşük fenotipik korelasyonlar tahmin edilmiş, ancak genetik korelasyonlar içerisinde kotiledon sayısı ve olgun iğne yaprak sayısı ile sırasıyla $r=0,52$, $r=0,51$ düzeylerinde pozitif korelasyonlar bulunmuştur. Hipokotil uzunluğu ile epikotil, yan dal sayısı, olgun iğne yaprak sayısı arasında fenotipik korelasyonlar istatistiksel olarak anlamsızdır. Kök boğazı çapı ile kotiledon sayısı arasında fenotipik olarak düşük bir korelasyon tahmin edilirken ($r=0,14$), genetik korelasyon fenotipik korelasyona nazara oldukça yüksek çıkmıştır ($r=0,59$). Diğer yandan fenotipik olarak kök boğazı çapı ile yan dal sayısı arasında $r=0,28$ düzeyinde zayıf bir korelasyon hesaplanmasına rağmen, genetik korelasyon açısından $r=0,01$ düzeyinde negatif bir ilişki tespit edilmiştir.

Genetik Çeşitlilik ve Kalıtım Derecelerinin Tahmini: Gözlenen fidicik ve fidan karakterlerinin her biri için populasyonlar ve aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyansları ve varyans oranları ve diğer bazı genetik parametreler tablo 6'da verilmiş ve gerekli açıklamalar aşağıda belirtilmiştir.

Epikotil boyu için populasyonlar arası genetik varyans (%29,5), aile kaynaklı genetik varyansa (%6,62) göre oldukça yüksek bulunmuştur. Bu durumla ilişkili olarak fidicik boyu için hesaplanan populasyon ve aile kaynaklı genetik varyanslar sırasıyla %27,73, %8,60 düzeyindedir. Diğer yandan kök boğazı çapı için gözlenen varyansın dağılımında populasyonlardan kaynaklanan varyans oranı (%10,93) ailelerden kaynaklanan varyans (%5,99) oranından fazla olduğu tespit edilmiştir. Kotiledon sayısı için populasyon kaynaklı varyans gözlenmezken, aile düzeyindeki varyans oranı %22,01'e ulaşmış durumdadır. Diğer taraftan, hipokotil boyu, yan dal sayısı, olgun iğne yaprak sayısı gibi karakterlere ait populasyon kaynaklı varyans oranları sırasıyla %5,81, %3,70, %6,65 olup, aile kaynaklı varyans oranları bu değerlere göre nispeten daha yüksek çıkmıştır. Kotiledon sayısı, hipokotil boyu, yan dal sayısı, olgun iğne yaprak sayısı için gözlenen varyans oranlarının dağılımı, fidicik boyu, hipokotil boyu, kök boğazı çapı için gözlenen varyans oranlarının dağılımından farklıdır. Fidicik boyu, hipokotil boyu, kök boğazı çapı için populasyon düzeyindeki varyans oranları, aile düzeyindeki varyans oranlarından yüksek olduğu görülmüş, diğer yandan bu dağılımın tersi kotiledon sayısı, hipokotil boyu, yan dal sayısı ve olgun iğne yaprak sayısı için gözlemlenmiştir. Yani bu karakterlerde aile kaynaklı genetik varyans, populasyon kaynaklı genetik varyanstan yüksek çıkmıştır. Farklı birimlerde ölçülen karakterlerin genetik çeşitliliğini karşılaştırmak amacıyla genetik varyasyon katsayıları hesaplanmıştır. Genetik olarak en büyük çeşitlilik hipokotil boyu ($CV=\%15,41$) karakteri göstermiştir. Olgun iğne yaprak sayısı, hipokotil boyundan sonra en fazla genetik çeşitliliğe ($CV=\%14,23$) sahip karakterdir. Fidicik boyu, epikotil boyu, kök boğazı çapı karakterlerine ait genetik çeşit oranları sırasıyla %5,34, %5,99, %8,13 olup nispeten daha düşüktür. Kotiledon sayısının incelenen karakterler içerisinde en düşük genetik çeşitliliğe sahip karakter olduğu tespit edilmiştir.

Fidecik ve fidan karakterlerinin birey düzeyindeki kalıtım dereceleri 0,22 (olgun iğne yaprak sayısı) ile 0,66 (kotiledon sayısı) arasında değişmektedir. Aile düzeyindeki kalıtım dereceleri daha yüksek olup 0,58 (olgun iğne yaprak sayısı) ile 0,86 (kotiledon sayısı) arasındadır. Fidan boyu, epikotil boyu, kök boğazı karakterlerine ait birey düzeyinde kalıtım değerleri sırasıyla 0,45, 0,36, 0,23 olup, aile düzeyinde tahmin edilen 0,77, 0,72, 0,59 değerlerden daha düşük bulunmuştur. Tablo 6'ya bakıldığında hipokotil uzunluğu, kotiledon sayısı, yan dal sayısı, olgun iğne yaprak sayısı karakterlerine ait çeşitliliğin populasyon içi aileler arasında, fidan boyu, kök boğazı çapı, epikotil boyu karakterlerine ait çeşitliliğin populasyonlar arasında daha fazla olduğu görülmektedir. Diğer yandan gözlenen fidan karakterlerine ait aile düzeyindeki kalıtım değerlerinin birey düzeyindeki kalıtım değerlerinden yüksek olduğu görülmektedir.

Tablo 5 : Gözlenen Karakterler Arasındaki Fenotipik Korelasyonlar, Standart Hataları, Olasılık Düzeyleri, Gözlenen Birey Sayıları (Diagonalın Üstü); Genetik Korelasyonlar ve Standart Hataları (Diagonalın Altı).

Table 5 : Genetic (below diagonal) and Phenotypic (above diagonal) Correlations between Traits, Standard Errors, Probability Levels and Number of the Observations (TH: Total height LHY: Length of hypocotyls LEP: Length of epicotyl (Length of crown) RCD: Root collar diameter NC: Number of cotyledons NLB: Number of lateral branches SL: Secondary leaves)

	ÇAP RCD	BOY TH	HİPL LHY	EPİL LEP	KOTN NC	DAL NLB	OİY SL
ÇAP RCD	1	0,288± 0,21 <.0001 1690	0,014± 0,024 <.0001 1694	0,279± 0,021 <.0001 1690	0,022± 0,024 <.0001 1692	0,081± 0,023 <.0001 1685	0,109± 0,025 <.0001 1409
BOY TH	0,325± 0,11	1	0,044± 0,024 <.0001 1689	0,958± 0,005 <.0001 1690	0,019± 0,024 <.0001 1687	0,080± 0,023 <.0001 1684	0,168± 0,024 <.0001 1408
HİPL LHY	0,109± 0,14	0,221± 0,12	1	0,00017± 0,024 0,5896 1689	0,047± 0,022 <.0001 2042	0,0021± 0,024 0,0601 1685	0,00203± 0,027 0,0902 1408
EPİL LEP	0,281± 0,12	0,922± 0,11	0,044± 0,10	1	0,00922± 0,024 <.0001 1687	0,080± 0,023 <.0001 1684	0,166± 0,024 <.0001 1408
KOTN NC	0,348± 0,10	0,185± 0,09	0,270± 0,08	0,096 ± 0,09	1	0,013± 0,024 <.0001 1682	0,00194± 0,027 0,1024 1409
DAL NLB	-0,0001± 0,17	0,109± 0,15	-0,0036± 0,14	0,137± 0,16	0,068± 0,14	1	-0,00063± 0,027 0,3437 1405
OİY SL	0,348± 0,10	0,260± 0,11	0,260± 0,10	0,168± 0,11	0,040± 0,10	0,0004± 0,11	1

Tablo 6 : Gözlenen Karakterlere Ait Varyans Bileşenleri Gözlenen Karakterlere Ait Varyans Bileşenlerinin Toplam Varyans İçindeki Payları ve Bazı Genetik Parametreler.

Table 6 : Variance Components, Variance Components as a Percentages of Total Variance, Some Genetic Parameters and Their Standart Errors (S.E.). (TH: Total height LHY: Length of hypocotyls LEP: Length of epicotyl (Length of crown) RCD: Root collar diameter NC: Number of cotyledons NLB: Number of lateral branches SL: Secondary leaves)

Karakter	Kotn NC	Hipl LHY	Boy TH	Epil LEP	Çap RCD	Dal NLB	Oy SL
$\sigma^2 R$ (%)	0 (0,0)	0,00069 (0,31)	0,01242 (14,16)	0,01578 (13,88)	0,02241 (10,83)	0,00159 (1,20)	0,00929 (1,64)
$\sigma^2 P$ (%)	0 (0,0)	0,01291 (5,81)	0,02432 (27,73)	0,03355 (29,50)	0,0226 (10,93)	0,00492 (3,70)	0,03763 (6,65)
$\sigma^2 RP$ (%)	0 (0,0)	0,00228 (1,03)	0,00106 (1,21)	0,00138 (1,22)	0,00140 (0,68)	0 (0,0)	0 (0,0)
$\sigma^2 F(P)$ (%)	0,00540 (22,01)	0,04189 (18,84)	0,00754 (8,60)	0,00753 (6,62)	0,01238 (5,99)	0,01723 (12,93)	0,03855 (6,82)
$\sigma^2 RF(P)$ (%)	0,00004 (0,17)	0,01074 (4,83)	0,00188 (2,15)	0,00264 (2,33)	0,01199 (5,80)	0 (0,0)	0,01335 (2,36)
$\sigma^2 e$ (%)	0,0191 (77,82)	0,15378 (69,18)	0,04048 (46,15)	0,05283 (46,46)	0,13606 (65,78)	0,10947 (82,17)	0,46674 (82,53)
V_T	0,0245	0,2223	0,0877	0,1137	0,2068	0,1332	0,5656
σ^2_A	0,02	0,13	0,02	0,02	0,04	0,05	0,12
σ^2_u	0,02	0,21	0,05	0,06	0,16	0,13	0,52
σ^2_{fm}	0,0063	0,0497	0,0097	0,0104	0,0209	0,0221	0,0665
$CV_u(\%)$	4,91	19,92	7,93	9,76	16,88	15,21	30,17
$CV_{fm}(\%)$	2,75	9,69	3,5	4,07	6,09	6,28	10,79
$CV_g(\%)$	4,42	15,41	5,34	5,99	8,13	9,59	14,23
$h^2 \pm S.E$	0,66	0,61	0,45	0,36	0,23	0,41	0,22
$h^2_T \pm S.E$	0,86	0,84	0,77	0,72	0,59	0,78	0,58
X	2,88	2,3	2,82	2,51	2,37	2,37	2,39
n	2044	2045	1690	1690	1695	1685	1409

$\sigma^2 R$ = Replikasyonlar arası farklılıklarda doğan varyans; $\sigma^2 P$ = Populasyonlar arası genetik varyans; $\sigma^2 RP$ = Replikasyon * Populasyon etkileşimi; $\sigma^2 F(P)$ = Populasyonlar içi Aileler arası genetik varyans; $\sigma^2 e$ = Hata varyansı; V_T = Toplam varyans; σ^2_A = Eklemeli (additive) genetik varyans; σ^2_u = Birey düzeyindeki fenotipik varyans; σ^2_{fm} = Aile fenotipik varyansı; $CV_u(\%)$ = Fenotipik varyasyon katsayısı; $CV_{fm}(\%)$ = Aile ortalamaları fenotipik varyasyon katsayısı; $CV_g(\%)$ = Genetik varyasyon katsayısı; X = Gözlenen karaktere ait; N = Gözlem sayısı

Populasyonlara ait tohumlar ekim işlemlerini takiben çimlenmeleri gözlenmiş, bu değerlere göre Mgt, Çıkma (%) ve G_{50} değerleri hesaplanmıştır (Tablo 7). Bu sonuçlara göre Gülnar-Pembecik hariç, MGT değerleri, kuzeyden gelen populasyonlarda daha yüksek bulunmuştur. Diğer yandan çıkma yüzdeleri incelendiğinde güney orijinleri kuzeyden gelen orijinlere göre daha yüksek değerlere ulaşmıştır.

Tablo 7 : Populasyonların Mgt, Çıkma (%) ve G₅₀ Değerleri

Table 7 : Mean Germination Time (MGT), Emergence Percentage and Germination Speed (G₅₀) Values of Populations.

Zon Zone	Populasyonlar Population	MGT	ÇIKMA (%)	G ₅₀
Akdeniz (0-400m)	Bucak-Melli	33,1	83,9	33,4
	Antalya-Düzlerçamı	32	86,4	32
Akdeniz (401-800m)	Gülнар-Pembecilik	39,2	72,9	20,6
	Serik-Pınargözü	30,8	51,3	36,2
Ege (0-400m)	Muğla-Gökova	35,6	53,9	41
	Muğla-Milas	35,7	71,6	37,8
Marmara (200-600m)	Mustafa Kemal Paşa- Burhandağ	37,7	77,4	38,6
	Bigadiç-Bigadiç	39,0	79,1	38,8

4. TARTIŞMA VE SONUÇ

4.1 Populasyonların ve Ailelerin Fidecik Karakterleri Bakımından Karşılaştırılması

Fidan Boyu: Çalışmada elde edilen sonuçlara göre fidan boyu bakımından, ele alınan populasyonlar ve populasyonlar içi aileler arasında, istatistiksel açıdan anlamlı farklar vardır (Tablo 3). Antalya Toroslarda ikisi alçak, ikisi orta ve ikisi yüksek kuşaktan olmak üzere toplam 6 Kızılcım populasyonu ile kurulan denemede, fidan boyu bakımından hem populasyonlar arası hem de populasyon içi aileler arasında anlamlı farklar tespit edilmiştir (IŞIK 1980). Bu sonuçlar aynı araştırmanın 8. yaşında da gözlemlenmiştir (IŞIK 1986). Diğer yandan bu araştırmanın, 12-18 yaş arasındaki 6 yıllık sonuçları, ağaç boyu bakımından populasyonlar ve populasyon içi aileler arasında istatistiksel anlamda farklar olduğunu yönündedir (IŞIK 1998). Aynı araştırmanın 13 ve 17 yaşlarında, ağaç boyu bakımından istatistiksel farklılıkların populasyon ve populasyon içi aileler arasında olduğu bildirilmiştir (IŞIK ve ark. 1999). Antalyada 4 populasyon ile kurulmuş başka bir çalışmada, 2 yaşındaki Kızılcım fidanlarında fidan karakterleri çalışmaları benzer sonuçları ortaya koymuştur (IŞIK/KAYA 1995; KAYA/IŞIK 1997). Ayrıca Dalaman havzası Kızılcımlarında yapılan araştırmanın 2 yıllık sonuçlarında fidan boyu bakımından istatistiksel farklılıkların populasyon ve populasyon içi aileler arasında olduğu bildirilmiştir (DOĞAN 1997). Türkiye'den 47, Kıbrıs'tan 3 orjinin yer aldığı, toplam 50 deneme alanında yürütülen Kızılcım orijin denemelerinin 10 yıllık sonuçlarına göre orijinler boy bakımından 26 deneme alanının 12 sinde istatistiksel anlamda birbirinden farklı bulunmuştur (IŞIK ve ark. 2002). Yunanistanda 5 yaşındaki Karaçam tohum bahçesindeki 52 klon üzerinde yapılan çalışmada klonlar arasında boy bakımından önemli farklar olduğu tespit edilmiştir (MATZIRIS 1989). Ancak Kazdağı doğal Karaçamlarında 2 yıllık araştırma sonuçlarında, incelenen 7 populasyonun istatistiksel olarak fark göstermediği, farklılıkların populasyon içi aileler arasında olduğu belirtilmektedir (VELİOĞLU ve ark. 1999). Diğer taraftan Bolkar dağları Sedirlerinde 2 yaşındaki fidanlarda yapılan araştırmanın sonuçlarına göre, boy bakımından yalnız populasyonlar içi aileler arasında istatistiksel farklılıklar bulunmuştur (GÜLBABA ve ark. 2002). Araştırmamızda Akdeniz alçak ve orta zon populasyonlarında boyların daha uzun, Marmara populasyonlarında ise daha kısa olduğu yönündedir (Tablo: 4). Kızılcımlarda, fidanların birinci yıl boyları üzerine tohum ağırlığının veya iriliğinin de etkili olabileceği bilinmektedir. DİRİK, bir populasyon içerisindeki farklı Kızılcım genotiplerinin tohumlarını üç farklı irilik sınıfına ayırmış ve bu sınıflardan yetiştirilen 1-0 yaşlı fidanların boyları üzerine bu sınıfların etkisini incelemiştir (DİRİK 1991). Yazar, Kızılcımda tohum iriliği arttıkça 1 yaşındaki fidan boyunun arttığını ve sınıflar arasında istatistiksel açıdan anlamlı farklılıklar olduğunu belirtmiştir. İri olan tohumlardan yetiştirilen

fidanların daha boylu olmaları, bu tohumların daha kuvvetli bir embiryo ve zengin besin maddesi içeren endosperme sahip olmalarına bağlamaktadır (ÜRGENÇ 1998). Antalya bölgesindeki 4 farklı yükselti kuşağında bulunan Kızılçam populasyonları ile yapılan döl denemesinin 2 yıllık sonuçlarında, ebeveyn ağaçların tohum ağırlıklarındaki değişimlerin, ilk yıl fidan boyu üzerine, genetik anlamda %42, ikinci yıl toplam boy üzerine %50 oranında belirleyici olduğunun tespit etmişlerdir. Fenotipik anlamda ise bu etki, 1 inci yıl fidan boyu ile ilgili olarak %34, 2.yıl toplam fidan boyu ile ilgili olarak ta %38' lik bir oran ile belirlenmiştir (KAYA/IŞIK 1997). Bu sonuçlara dayanarak, fidan boyu üzerine özellikle ilk yıl anneye ait (maternal) etkinin kuvvetli olabileceği, bu yüzden seçimlerin daha sonraki yıllarda daha güvenilir bir şekilde yapılabileceğini belirtilmiştir. Çünkü ilk yıl ve sonraki yıllardaki maternal etkinin (tohum iriliği gibi) ileriki yıllarda kaybolduğu bilinmektedir (SMİTH ve ark. 1993). Bolkar dağları doğal Kızılçamlarında yürütülen bir araştırmada 8 populasyon iki yıl boyunca fidan karakterleri bakımından incelenmiş, populasyonların 6'sı ilk yıl fidecik boyu bakımından farklı olmasına rağmen, ikinci yıl maternal etkinin de zayıflamasıyla farklılaşmanın 3 gruba indiği saptanmıştır (GÜLBABA/ÖZKURT 2001). Tohumların çok sınırlı sayıda olması ve zararlılara karşı koruyucu ilaç ile işlem görmüş olması nedeniyle tohum ağırlıklarının saptanmaması dolayısı ile araştırmada tohum ağırlığı ve iriliğinin populasyonların birinci yıl fidan boyları üzerine etkileri saptanamamıştır. Bu konuda dolaylı bir yorum, fidanlıkta tespit edilen çimlenme ortalama süresi (MGT) ile fidan boyları karşılaştırılarak yapılabilir (Tablo 7). Bilindiği üzere çimlenme hızı, tohumun gücünün ve kalitesinin bir göstergesidir (BEWLWEY/BLACK 1994; TİLKİ/ÇALIKOĞLU 1998). Bir tohum partisinin çimlenme hızı arttıkça, tohum partisinden oluşan fidanların boylanması ve sağlık durumları da artabilmektedir. Populasyonların ortalama MGT değerleri (Tablo 7) ile bir yaşındaki ortalama boy değerleri karşılaştırıldığında, en kısa boy değerlerine sahip olan Mustafa Kemal Paşa-Burhandag ve Bigadiç-Bigadiç populasyonlarının aynı zamanda en yüksek MGT değerlerine de sahip oldukları görülebilir. Buna paralel olarak, Gülnar-Pembecik populasyonu hariç, Akdeniz alçak ve orta zon populasyonlarının daha yüksek boy değerlerine ve genel olarak daha düşük MGT değerlerine sahip oldukları görülmektedir. Ancak istatistiksel anlamda kuvvetli bir ilişki bulunamamıştır ($r=-0,57$). Sadece söz konusu olan MGT değeri düştükçe fidan boyunun arttığıdır. Kızılçamda tohumun 1000 dane ağırlığının alçak rakımdan yüksek rakımlara ve güneyden kuzeye doğru gidildikçe azaldığı belirtilmektedir (ŞEFİK 1964). KAYA ve IŞIK'da Kızılçamlarda tohum ağırlığının, denizden yükseldikçe azaldığını belirlemişlerdir (KAYA/IŞIK 1997). Diğer yandan Türkiye'deki yayılış alanları kapsamında, 23 adet Kızılçam ve 7 adet Fıstıkçamı orijini ile yapılan orijin denemelerinin ilk aşamasındaki tespitler, Kızılçamda kuzeye doğru gidildikçe ağaç boylarının kısaldığı, tohumların bin dane ağırlığının yükseltiye göre kesiksiz bir varyasyon gösterdiği ve yükselti arttıkça azaldığı yönündedir (İKTÜEREN 1997). IŞIK'ın araştırmasında ise tohum ağırlığı kızılçam populasyonları arasında rasgele bir varyasyon göstermiştir (IŞIK 1980). ŞEFİK, KAYA & IŞIK ve İKTÜEREN'in bulguları dikkate alınarak, araştırmada, Akdeniz alçak ve orta zon populasyonlarının daha uzun, Ege populasyonlarının orta değerde, Marmara populasyonlarının ise daha kısa fidan boylarına sahip oluşlarında kızılçamlarda tohum ağırlığının güneyden kuzeye doğru azalışının ve buna paralel olarak çimlenme hızlarındaki düşüşünün de, bir dereceye kadar etkili olmuş olabileceği çıkarımı yapılabilir (ŞEFİK 1964; KAYA/IŞIK 1997; İKTÜEREN 1997). Belirtilen nedenlerle, Kızılçamda veya diğer ağaç türlerinde kurulacak döl denemelerinde, özellikle ilk yıllardaki maternal etkenler (tohum ağırlığı, iriliği v.b) yapılacak yorumlarda özenle dikkate alınmalıdır.

Hipokotil Boyu: Yapılan istatistiksel analizler sonucunda çalışılan populasyonlar arasında farklılıklar tespit edilmemesine rağmen, populasyon içi aileler arasında önemli düzeyde farklılıklar saptanmıştır (Tablo 3). Hipokotil boyu, fidan boyunu oluşturan parametrelerden biri olduğundan, fidan boyu ile önemli düzeyde ilişkisi olduğu söylenebilir. Antalya'nın Toroslar kesiminde 6 Kızılçam populasyonu üzerinde yapılan bir araştırmada, hipokotil boyu bakımından populasyonlar ve populasyonlar içi aileler arasında istatistiksel anlamda farklılıklar belirlenmiş,

hipokotil boyunun öncelikle endosperm dokusuna ve dolayısıyla tohumun büyüklüğüne, ayrıca kalıtsal özelliklerine bağlı olarak değiştiği belirtilmiştir (IŞIK 1980). GÜLBABA ve ÖZKURT tarafından Bolkar Dağları Kızılcamlarında iki yıl süreyle fidan karakterlerinin çalışıldığı araştırmada, hipokotil boyu bakımından yalnızca popülasyon içi aileler arasında, istatistiksel anlamda farklılıkların olduğu belirtilmektedir (GÜLBABA/ÖZKURT 2001). Ancak aynı bölgede Toros Sediri üzerinde yapılan çalışmada hem popülasyonlar hem de popülasyonlar içi aileler arasında istatistiksel açıdan farklar tespit edilmiştir (GÜLBABA/ÖZKURT 2002). Diğer yandan, Göller Yöresi Anadolu Karaçamı popülasyonlarında yapılan araştırmada, hipokotil boyu bakımından popülasyonlar ve popülasyon içi aileler arasında istatistiksel anlamda önemli farklılıkların ortaya çıktığı belirtilmektedir (GÜLCÜ 2002).

Epikotil Boyu: Epikotil boyunun elde edilmesinde, fidan boyu ve hipokotil boyu kullanılmıştır. Bu nedenle epikotil boyu türetilmiş bir karakterdir. Yapılan varyans analizi sonuçlarına göre popülasyonlar ve popülasyon içi aileler arasında istatistiksel açıdan önemli düzeyde anlamlı farklar bulunmuştur (Tablo 6). Bolkar dağları Kızılcamlarında hipokotil boyu bakımından popülasyonlar ve popülasyon içi aileler arasında farklılıklar tespit edilmiştir (GÜLBABA/ÖZKURT 2001). Aynı bölgede Sedir popülasyonları incelenmiş, popülasyonlar ve popülasyon içi aileler arasında farklar, Kızılcamlarda olduğu gibi bulunmuştur. Ancak Kazdağında Karaçamın 7 popülasyonu üzerinde 2 yıl boyunca sürdürülen fidan karakterleri çalışmalarında, hem popülasyonlar hem de popülasyon içi aileler arasında istatistiksel anlamda farkların olmadığı, bu durumun denemede kullanılan yenilemelerin yetersiz olması sonucu meydana geldiği belirtilmektedir (VELİOĞLU ve ark. 1999).

Kök Boğazı Çapı: Yapılan varyans analizi sonucunda, kök boğazı çapı bakımından popülasyonlar ve popülasyon içi aileler arasında istatistiksel açıdan önemli düzeyde farklılıklar olduğu belirlenmiştir (Tablo 3). Antalya Toroslarda 6 popülasyonla kurulan araştırmadaki bir yıllık sonuçlar kök boğazı çapı bakımından popülasyonlar ve popülasyon içi aileler arasında istatistiksel farklılıkların olduğu yönündedir (IŞIK 1980). Aynı çalışmanın 12-18 yaşlar arasındaki 6 yıllık sonuçlarında önceki yapılan araştırmayla uyumlu olduğu belirtilmektedir (IŞIK 1998). Bu bu çalışmanın 13 ve 17 yaşlarında yapılan analizlerde de kök boğazı çapı bakımından popülasyonlar ve popülasyonlar içi aileler arasında istatistiksel farklılıkların olduğu ifade edilmektedir (IŞIK ve ark. 1999). GÜLBABA ve ÖZKURT tarafından Bolkar Kızılcamlarında yapılan fidan karakterleri araştırmasında, bu araştırmanın bulgularına paralel olarak hem popülasyonlar hem de popülasyon içi aileler arasında önemli düzeyde istatistiksel farklılıklar bulunmuştur (GÜLBABA 2002). Kızılcamın 10 yıllık orijin denemelerinin sonuçlarına göre deneme alanı içi karşılaştırmalarda orijinler arasında çap bakımından önemli farklar gözlemlenmiştir (IŞIK ve ark. 2002). Araştırmada bir Ege popülasyonu olan Muğla-Milas hariç, en iyi çap gelişimi yapan popülasyonlar Akdeniz alçak zon popülasyonları olup, bunları Akdeniz orta zon popülasyonları takip etmektedir (Tablo 4). Antalya Toroslarda 6 popülasyonla kurulan araştırmanın 1 yıllık sonuçlarına göre en kalın kök boğazı çapının alçak zondan gelen popülasyonun oluşturduğu kaydedilmiştir (IŞIK 1980). Bu araştırmanın 12-18 yaşları arasındaki sonuçlarında her popülasyon en fazla çap artımını kendi orijin yükseltisine yakın deneme alanında yaptığı görülmüş, alçak zondaki deneme alanında en fazla çap ve hacim artımını alçak zon orijini yapmıştır. Ancak alçak zon orijinleri deneme alanlarının rakımları arttıkça bu başarıyı gösterememişler ve yerlerini orta zon popülasyonlarına bırakmışlardır (IŞIK 1998). Aynı araştırmanın 13 ve 17 yaşlarında yapılan analizlerinde kök boğazı çapı bakımından orta zon popülasyonlarının daha kalın kök boğazı çapına sahip olduklarını belirtmektedirler (IŞIK ve ark. 1999). Bu bulgular kısmen araştırma sonuçlarıyla paralellik göstermektedir. Orta kuşak popülasyonlarında görülen bu durum "liberal büyüme stratejisi" ile açıklanmaktadır. Bu stratejiye göre orta kuşak yer alan popülasyonlar, alçak ve yüksek zonda bulunan popülasyonların karşılaştığı kuraklık, ekstremler sıcaklıklar, erken ve geç donlar gibi doğal seleksiyon güçlerinden daha az etkilenmekte, nispeten optimal sayılabilecek bölgede daha hızlı büyüyen bireyler, ışık,

nem, toprak besin maddesi bakımından komşu bireylerle daha etkin ve çetin rekabet yapabilmekte, sonuçta rekabeti kazanan bireyler, genlerini bir sonraki kuşağa daha fazla oranda aktarabilmektedir. (IŞIK *ve ark.* 1987). Diğer yandan orta zonda bulunan populasyonlar hem alçak hemde yüksek zon populasyonlar arasında daha etkin gen alışverişi yapabilmekte, alçak ve yüksek zon populasyonlarındaki genetik farklılıkların (allel frekanslarının farklılığı) artması ölçüsünde, genotiplerin populasyon düzeyinde 'melez gücü' (heterosis) gösterme olasılıkları artmaktadır (FALCONER/MACKAY 1996; IŞIK 1998). Bu çalışmada, deneme alanı türün doğal yayılışının, yöredeki kuzey sınırında bulunmasına rağmen, Muğla-Milas populasyonu hariç, güneyden kuzeye doğru orijinlerde çap düşüşü gözlenmiş, deneme alanına en yakın populasyonların (Mustafa Kemal Paşa-Burhandag ve Bigadiç-Bigadiç) çapları ve boyları da en düşük düzeyde kalmıştır. Kazdağı Karaçam populasyonlarının genetik çeşitliliğinin saptanması amacıyla yürütülen çalışmanın 2 yıllık sonuçlarında, kök boğazı çapı bakımından populasyonlar ve populasyon içi aileler arasında istatistiksel anlamda fark gözlenmemiştir (VELİOĞLU *ve ark.* 1999). Bolkar dağları Sedirlerinin yedi populasyonunu kapsayan bir çalışmada ise yalnızca populasyon içi aileler arasında istatistiksel açıdan farklar olduğu belirtilmektedir (GÜLBABA *ve ark.* 2002).

Kotiledon Sayısı: Elde edilen bulgulara göre kotiledon sayısı bakımından yalnızca populasyon içi aileler arasında istatistiksel açıdan anlamlı farklar tespit edilmiş, populasyonlar arasında farklılıklar gözlenmemiştir (Tablo 3). Buna karşılık Antalya bölgesinde yapılmış araştırma sonuçlarına göre, kotiledon sayısı bakımından hem populasyonlar arası ve hemde populasyon içi aileler arasında anlamlı farkların olduğu bildirilmektedir (IŞIK 1980; IŞIK 1986; IŞIK/KAYA 1993; IŞIK/KAYA 1995; KAYA/IŞIK 1997). Bolkar dağları Kızılçam ve Sedir populasyonlarında yürütülmüş başka bir araştırmanın sonuçlarına göre de kotiledon sayısı bakımında her iki türde populasyon arası ve populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak anlamlı farkların olduğu ifade edilmektedir (GÜLBABA/ÖZKURT 2001; GÜLBABA *ve ark.* 2002). Dalaman havzası Kızılçamlarında 2 yılı kapsayan araştırmalarda da benzer sonuçlar saptanmıştır (DOĞAN 1997). Diğer yandan Kazdağı karaçamlarında yapılan çalışmada, kotiledon sayısı bakımından populasyonlar arası ve populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak anlamlı farklar görülmemiş, bu durumun yenilemelerden birinin iptal edilmesi sonucu, örnek sayısının azalmasına bağlı olarak meydana geldiği ifade edilmiştir (VELİOĞLU *ve ark.* 1999). Göller yöresi karaçamlarında 23 populasyon ile yürütülmüş bir çalışmada ise yalnızca populasyon içi aileler arasında anlamlı farkların olduğu belirtilmektedir (GÜLCÜ 2002).

Yan Dal Sayısı: Yapılan varyans analizi sonuçlarında yan dal sayısı bakımından yalnızca populasyon içi aileler arasında istatistiksel açıdan anlamlı farklar vardır (Tablo 3). Buna karşılık Antalya bölgesinde Kızılçamlarda değişik yıllarda, değişik deneme alanlarında kurulan araştırmalardan elde edilen bulgulara göre hem populasyonlar arası hemde populasyon içi aileler arasında istatistiksel açıdan anlamlı farklılıklar olduğu belirtilmiştir (IŞIK 1980; IŞIK/KAYA 1993; IŞIK/KAYA 1995; KAYA/IŞIK 1997). Yunanistan'da 5 yaşındaki Karaçam tohum bahçesinde 52 klonla yapılan çalışmada, yan dal sayısı bakımından istatistiksel anlamda önemli farkların olduğunu belirlenmiştir (MATZIRIS 1989). Bolkar dağlarında 7 adet doğal Sedir populasyonunu kapsayan çalışmada, populasyonlar ve populasyon içi aileler arasında istatistiksel farklılıkların olduğu ifade edilmiştir (GÜLBABA *ve ark.* 2002).

Olgun İğne Yaprak Sayısı: Olgun iğne yaprak sayısı için yapılan varyans analizinde populasyonlar arasında istatistiksel anlamda fark gözlenmezken, populasyon içi aileler arasında anlamlı farklar saptanmıştır (Tablo 3). Antalya Toroslarda 6 populasyon içeren çalışmada, Kızılçam fidanları olgun iğne yapraklarının bir kın içerisinde ikili veya üçlü olma durumuna göre ayrılmış ve oranlanmıştır. İkincil ibresi ve üçlü ibresi olan fidanların yüzdesi bakımından populasyonlar arasında istatistiksel farklılık görülmemiş, sadece ikincil ibresi olan fidanların yüzdesinde, populasyon içi aileler arasında istatistiksel açıdan farklar olduğu belirlenmiştir (IŞIK 1980).

4.2 Gözlenen Fidecik ve Fidan Karakterlerine Ait Fenotipik ve Genetik İlişkiler ile Genetik Çeşitlilik ve Kalıtım Dereceleri Tahminine Ait Tartışma

Gözlenen Fidecik ve Fidan Karakterlerine Ait Fenotipik ve Genetik İlişkiler: Fidecik fidan karakterlerini içeren korelasyon analizleri sonuçları, genetik korelasyonların fenotipik korelasyonlara göre daha yüksek olduğu ve bu korelasyonların paralellik arz ettiği yönündedir (Tablo 4). Gözlenen karakterlerden, tohumun çimlenmesinden sonra fideciğin toprağa tutunması ve ilk gelişimlerini yapabilmesi için gereksinim duyduğu besin maddelerinin fotosentez yolu ile oluşumunu sağlayan kotiledonlar, fidecik boyu üzerinde olumlu etkiye sahiptir. Kotiledon sayısı ile fidecik boyu arasında orta derecede pozitif genetik korelasyon ($r=0,43$) bulunmuştur (Tablo 4). Bu sonucun kotiledon sayısı ile doğru orantılı olarak artan fotosentez yüzeyinin büyüme ve gelişmeyi olumlu yönde etkilemesi ile oluştuğunu belirtilebilir. Toros dağlarının Antalya bölgesinde alçak zondan ve yüksek zondan örneklenen ikişer Kızılcım populasyonu üzerinde, 2 yıllık araştırma sonuçlarına göre, kotiledon sayısı ile birinci ve ikinci yıldaki boy gelişmesi arasındaki genetik korelasyonların sırasıyla 0.31 ile 0.40 olduğu belirlenmiştir (KAYA/IŞIK 1997). Bolkar dağlarındaki doğal Kızılcım populasyonlarında fidan karakteristیکlerini kapsayan bir çalışmanın iki yıllık sonuçlarına göre de, kotiledon sayısı ile fidecik boyu arasında pozitif yönde ve kuvvetli genetik korelasyonun olduğu saptanmıştır (GÜLBABA/ÖZKURT 2001). Benzer bulgulara Antalya yöresi Kızılcımlarında yapılmış 3 ayrı çalışmada IŞIK ve KAYA, IŞIK ve Dalaman havzası kızılcımlarında yapılmış olan bir çalışmada DOĞAN da ulaşılmıştır (IŞIK/KAYA 1993; IŞIK/KAYA 1995; IŞIK 1998; DOĞAN 1997). Bunlara karşılık Bolkar dağları sedirlerinde yapılmış çalışmada kotiledon sayısı ve boy arasındaki genetik korelasyonun zayıf olduğu belirlenmiştir (GÜLBABA ve ark. 2002). Kızılcım orijinlerinde kotiledon sayısının varyasyonu konusunda yapılan bir çalışmada, incelenen 25 orijinde kotiledon sayısının 4 ile 12 arasında değiştiği, kotiledon sayısının boy ile fenotipik korelasyonun $r=0.74$, hipokotil uzunluğu ile fenotipik korelasyonun oldukça yüksek ($r=0.94$) olduğu saptanmıştır. Ayrıca 1000 dane ağırlığı ile kotiledon sayısı arasında da $r=0,94$ düzeyinde fenotipik korelasyon belirlenmiştir (YAHAOĞLU 1983). Ancak çalışmada kullanılan 25 kızılcım orijininin coğrafik yerleri hakkında bilgi vermemiş olması nedeniyle bulguların yorumlanması güçlükler yaratmaktadır.

Çalışmamızda kök boğazı çapı ile boy arasındaki fenotipik korelasyon $r=0,54$ düzeyinde tahmin edilmiştir (Tablo 4). Antalya Toroslardaki Kızılcımlarda yapılan bir çalışmada, boy ve çap arasındaki genetik ve fenotipik korelasyonların yaş ile beraber azaldığı tespit edilmiştir. Bu çalışmada boy ile çap arasında korelasyonlar 13. yaş için 0.89 olarak tahmin edilmiş, ancak bu ilişki 17.yaşta 0.40'a kadar düşmüştür. Bulgulara göre çatallanma ile boy büyümesi aynı gen grupları tarafından kontrol edildiği, ancak bunların etkilerinin belirtilen karakterler üzerinde zıt yönlere olduğu ifade edilmektedir (IŞIK ve ark 1999). Bu çalışmada yan dal sayısı ile boy arasındaki genetik korelasyon bir yaşındaki fidanlar için $r=0,33$ düzeyinde tahmin edilmiştir (Tablo 4). Antalya yöresi Kızılcımlarında yapılan çalışmada, yan dal sayısı ile fidan boyu arasındaki genetik korelasyon ilk yıl için $r=0,55$ ikinci yıl için $r=0,79$ olarak bulunmuştur. İlk yıldaki yan dal sayısının ikinci yıldaki toplam boya etkisinin ise genetik anlamda $r=0,69$ düzeyinde olduğu tahmin edilmiştir (IŞIK/KAYA 1995). Çalışmamızda yan dal sayısı ile çap arasında $r=0,01$ düzeyinde ancak negatif yönlü bir genetik ilişki saptanmıştır (Tablo 4). GÜLBABA ve ÖZKURT'un Bolkar dağları Kızılcımlarındaki iki yıl süren araştırmasında, yan dal sayısının çap üzerindeki genetik etkisinin $r=0,51$ düzeyinde olduğunu belirtmektedir (GÜLBABA/ÖZKURT 1998). Antalya Toroslardaki 6 populasyonun incelendiği bir çalışmada 1 yıllık bulgulara dayanarak bu ilişki düzeyinin $r=0,28$ olarak tahmin edilmiştir (IŞIK 1980). Yapılan bu iki çalışmadaki yan dal sayısı ile çap arasındaki genetik ilişki pozitif olup çalışmamızdaki ilişkiden farklı yöndedir. Olgun bireylere özgü olan ve ikincil ibre olarak da tanımlanan olgun iğne yapraklar, kotiledonlarda olduğu gibi fotosentez yüzeyini arttırarak, asimilasyon miktarını çoğaltmaktadır. Asimilasyonun artmasıyla fideciğin boyu, kök boğazı çapı, epikotil boyu artmaktadır. Araştırmamızda olgun iğne yaprak sayısı ile fideciğin boyu, kök boğazı çapı, epikotil

boyuna ait fenotipik korelasyonlar sırasıyla $r=0,41$, $r=0,33$, $r=0,41$ düzeyinde tahmin edilmiştir (Tablo 5). DİRİK, bir yaşındaki kızılçamlarda yapmış olduğu çalışmada, olgun iğne yaprak sayısı ile boy arasındaki fenotipik korelasyon $r=0,34$ düzeyinde bulunmuştur. Yazar özellikle olgun iğne yaprak sayısı ve yaprak kitlesinin, kolay kullanılabilen iyi bir gelişme göstergesi olabileceğini belirtmektedir (DİRİK 1991). IŞIK ve KAYA genetik korelasyonların fenotipik korelasyonlara göre daha yüksek çıkmasını, çevresel koşulların olumsuz etkilerinin iki karakter arasında negatif bir ilişki yaratması ile meydana geldiğini belirtmekte, eğer incelenen ikili karakterler arasındaki önemli genetik korelasyonlar ileri yaşlarda devam ederse, ileride birden fazla karakterde, aynı kuşakta ıslah yapmanın mümkün olabileceğini vurgulamaktadırlar (IŞIK/KAYA 1995). Bu bağlamda çalışmamızda yan dal sayısı ile kök boğazı çapı ve hipokotil boyu arasında negatif ancak çok düşük seviyede genetik korelasyonlar tespit edilmiştir. Bu korelasyonlar dışında diğer karakterler arasında pozitif genetik korelasyonlar saptanmıştır. Genelde tahmin edilen korelasyonlar orta derecededir. İleride bu karakterlere ait genetik korelasyonların değişimi incelenerek, ilişkilerin durumuna göre birden fazla karakterde aynı kuşakta ıslah yapmak mümkün olabilecektir.

Genetik Çeşitlilik ve Kalıtım Dereceleri Tahmini: Bazı karakterler için gözlenen populasyonlar düzeyindeki varyans oranı, aileler düzeyindeki varyans oranından daha yüksek çıkmıştır (Tablo 6). Populasyon düzeyinde gözlenen varyans oranları incelendiğinde, epikotil boyu (%29.50), fidecik boyu (%27.73), kök boğazı çapı (%10.93) ilk üç sırayı almaktadır (Tablo 6). Diğer karakterler için gözlenen populasyon düzeyindeki varyans oranları oldukça düşük seyretmekte, %0.0 ile %6.65 arasında değişmektedir (Tablo 6). Kotiledon sayısı, hipokotil boyu, yan dal sayısı, olgun iğne yaprak sayısı gibi karakterlerde aile düzeyindeki varyans oranları, populasyon düzeyindeki varyans oranlarından çok daha yüksek çıkmıştır (Tablo 6). IŞIK kotiledon sayısı, hipokotil boyu, yan dal sayısı, olgun iğne yaprak sayısı, fidan çapı gibi karakterlere ait aile düzeyindeki varyansın, populasyon düzeyindeki varyans oranından daha yüksek olduğunu, fidan boyunda ise populasyon düzeyindeki varyans oranının daha yüksek olduğunu belirtmektedir (IŞIK 1980). Bu noktada yazarın çapta tespit ettiği durum çalışmamızdaki sonuçtan farklıdır. Aynı araştırmanın 12-18 yaşlar arasındaki 6 yıllık bulguları, çap için gözlenen populasyon ve aile düzeyindeki varyansların bir birlerine yakın olduğu, boyda ise populasyon düzeyindeki varyansın aile düzeyindeki varyansın iki katı olduğu yönündedir (IŞIK 1998). Diğer yandan aynı araştırmanın 13 ve 17 yaşlarında yapılan ölçümlerin analizine dayanarak, yaşla beraber çap ve boy ait populasyon düzeyindeki varyans oranlarının arttığını, bununla beraber aile düzeyindeki varyans oranlarının azaldığını belirtmektedir (IŞIK *ve ark.* 1999). Dalaman Çayı havzasında yapılan bir çalışmada 8 adet populasyonda 2 yıl boyunca fidan karakteri çalışılmış, karakterlere ait gözlenen varyans oranlarının ortalama %90 düzeyinde aile içi varyanstan kaynaklandığı belirlenmiştir (DOĞAN 1997). Çalışılan karakterlerin bazılarında populasyon kaynaklı genetik varyans oranının, bazılarında ise aile düzeyindeki genetik varyans oranının yüksek olması, uygulama açısından önemlidir. Fidecik boyu, epikotil boyu, kök boğazı çapı gibi karakterler populasyon düzeyinde güçlü genetik kontrol altındayken, kotiledon sayısı, hipokotil boyu, olgun iğne yaprak sayısı, yan dal sayısı aile düzeyinde güçlü genetik kontrol altında olduğu belirtilebilir. Bu bilgi ise ıslah çalışmalarında seçilen karakterin hangi düzeyde ıslah edilmesi gerektiğinin bir göstergesi olarak kabul edilebilir. Kızılçamda GÜLBABA ve ÖZKURT tarafından Bolkar Dağları Kızılçamlarındaki çalışmada, incelenen karakterlere ait aile düzeyindeki varyans oranları, populasyon düzeyindeki varyans oranlarından daha yüksek çıkmıştır (GÜLBABA/ÖZKURT 2001). Yazarların aynı yörede Sedir populasyonlarını incelemek üzere yaptıkları fidan karakterleri çalışmasında, aile düzeyinde gözlenen varyans oranının, populasyon düzeyindeki varyans oranından çok daha yüksek olduğu saptanmıştır (GÜLBABA/ÖZKURT 2002). Diğer yandan, Toros dağlarındaki Kızılçamların izoenzimler ile çalışıldığı bir çalışmada, gözlenen varyansın büyük bir kısmının populasyon içinde olduğu belirtilmektedir (KARA *ve ark.* 1997). Karaçaman genetik yapısını ortaya koymak için

Kazdağında yapılan bir diğer araştırmada 7 populasyon, 16 izoenzim sistemi kullanılmış, 29 lokus tespit edilmiş, ancak lokus başına düşen ortalama allel sayısı ve polimorfizm populasyonlarda fark göstermemiş, gözlenen genetik varyasyonun %94'ünün populasyon içinde olduğu belirtilmiştir (ÇENGEL ve ark. 2000). Diğer bir izoenzim çalışmasında Bolkar dağlarında örneklenen 4 Karaçam populasyonunda 14 enzim sistemiyle çalışılmış, toplam genetik varyasyon ancak %7'sinin populasyonlar arasında olduğu bildirilmiştir (TOLUN ve ark. 2000). Karakterlerin her biri için genetik varyasyon katsayısı (CV_p) hesaplanmıştır (Tablo 6). Genetik varyasyon katsayısı ile farklı karakterlerin genetik çeşitlilik düzeylerinin karşılaştırılması amaçlanmıştır. Kızılçam fideciklerine ait karakterler için gözlenen genetik çeşitlilik düzeyi %4.42 (kotiledon sayısı) ile %15.41 (hipokotil boyu) arasında değişmektedir (Tablo 6). Fidecik boyu, epikotil boyu ve kök boğazı çapı için sırasıyla %5.34, %5.99, %8.13 genetik varyasyon katsayıları elde edilmiş olup, bu üç karakter arasında en fazla genetik çeşitlilik kök boğazı çapında görülmüştür (Tablo 6). Antalyada 6 populasyon üzerinde 16 yıl sürdürülen bir araştırmalarda da çapta gözlenen genetik çeşitliliğin boya göre iki misli olduğu belirtilmektedir (IŞIK 1998). Diğer yandan araştırmamızda gözlenen karakterlerde fenotipik varyasyon katsayıları, genetik varyasyon katsayılarından yüksek çıkmıştır. Bolkar dağlarında 2 yaşındaki Kızılçamlarda yapılan araştırmanın sonuçları, incelenen bütün karakterler için genetik varyasyon katsayılarının fenotipik varyasyon katsayılarından yüksek olduğunu yündedir (GÜLBABA ve ark. 2002). Ege Adaları'ndaki Kızılçamlarda örneklenen 4 ada birer populasyon olarak kabul edilerek, izoenzimlerle üzerinde analizler yapılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre, çalışılan allelerin çoğunun populasyonlarda ortak olduğu, ancak populasyonlara özgü bazı ender allelerin bulunduğu belirtilmektedir. Ayrıca populasyonların genetik çeşitlilik ve heterozigoti miktarlarının yüksek olduğu, saptanan genetik çeşitliliğinde % 97,9 gibi çok büyük bir kısmının populasyon içinde bulunduğu ifade edilmektedir (PANETSOS ve ark. 1998).

İncelenen karakterlere ait kalıtım dereceleri, birey düzeyinde ve aile düzeyinde olmak üzere tahmin edilmiştir (Tablo 6). Aile kalıtım dereceleri, birey kalıtım derecelerinden daha yüksek bulunmuştur (Tablo 6). Ancak her iki kalıtım derecesi arasında paralellik göze çarpmaktadır. Fidan karakteri için tahmin edilen aile kalıtım derecesi oldukça yüksek olup bu oranlar 0.58 ile 0.86 arasında değişmektedir (Tablo 6). Kotiledon sayısına ait aile kalıtım derecesi 0,86 ile ilk sırayı almıştır. Bolkar dağları Kızılçamlarında yapılmış araştırmanın 2 yıllık sonuçlarında, kotiledon sayısına ait aile kalıtım derecesi 0,74 bulunmuş, yapılan sıralamada ilk sırayı aldığı belirtilmiştir (GÜLBABA/ÖZKURT 2001). Antalyadaki 4 populasyonda 2 yıl boyunca yürütülen çalışmalarda, kotiledon sayısı için aile kalıtım derecesini 0,75 olarak tahmin etmiştir (IŞIK/KAYA, 1995). Çalışmamızda fidecik boyu için aile kalıtım derecesi 0.77 tahmin edilirken, epikotil boyu için aile kalıtım derecesi 0.72 olarak tahmin edilmiştir. Antalya'da IŞIK ve KAYA tarafından aynı populasyonlar üzerinde yapılmış iki araştırmada da aile kalıtım dereceleri sırasıyla 0,70 ve 0,73 olduğu belirtilmektedir (IŞIK/KAYA 1993; IŞIK/KAYA 1995). Boy için bulunan bu değerler, çalışmamızdaki aile kalıtım derecelerine oldukça yakındır. Ancak tahmin edilen kalıtım dereceleri yalnız incelenen populasyonlar için geçerli olup, kızılçamın tüm yayılış alanı içindeki diğer populasyonlar için ancak fikir verebilecek düzeydedir. Yunanistan'da 5 yaşındaki bir karaçam tohum bahçesinde seçilen 52 klon üzerinde yapılan çalışmada boy ve yan dal sayısı bakımından klonlar arasında önemli istatistiksel farklar tespit edilmiş, aynı populasyona ait daha önceki bir çalışmaya dayanarak da büyüme ve dallanmanın, iğne yaprak morfolojisi ve anatomisine ait özellikler bakımından, genetik olarak daha az kontrol edildiği saptanmıştır (MATZIRIS 1983; MATZIRIS 1989). Diğer yandan bir aileye ait yarım kardeş bireyler arasındaki genetik kovaryans (benzerlik oranı), teorik olarak aileler arası genetik varyasyonun 1/4'ü olarak kabul edilmektedir (BECKER 1992; FALCONER/MACKAY 1996; IŞIK 1998). Araştırmamızda bir aileye ait fidecik ya da fidanların üvey kardeş oldukları kabul edilmiştir. Başka bir ifadeyle, bir ağaçtan toplanan tohumların her birinin polen kaynağının farklı olduğu, ana ve baba ağaçlar arasında bir akrabalık ilişkisinin olmadığı varsayılmıştır. Bununla birlikte

populasyondaki bireylerden (aile) toplanan açık tozlaşma ürünü tohumlardan oluşan fidanların bir kısmının babalarının da aynı olması, dolayısıyla tam kardeş olmaları olasıdır. Bu durum göz önüne alınarak, kalıtım derecelerinin olduğundan yüksek tahmin edilmesini önlemek amacıyla, benzerlik oranı (k) 1/4 yerine 1/3 alınmıştır. Nitekim GÜLBABA ve ÖZKUR da Bolkar dağlarındaki yapmış oldukları izoenzim analizleri sonucu, heterozigot birey noksanlığını 0.295 olarak bulmuşlar ve bu katsayının 1/3 olarak alınmasını önermişlerdir (GÜLBABA/ÖZKURT 1998). Belirtilen nedenlerle Kızılçam için verilen kalıtım derecelerinin, diğer çalışma sonuçları ile kıyaslanmasında, bu durum dikkate alınmalıdır. Kalıtım derecesi bireylerin fenotipik değeri ile ıslah değerleri arasındaki benzerliği ifade etmesi yanında, yapılacak seleksiyona gösterecekleri tepkiyi de ifade eder. Genetik çeşitlilikte olduğu gibi, kalıtım derecesinin tür içindeki durumu, ıslah çalışmaları açısından bir karakterin ıslah edilip edilmeyeceğine karar vermede genetik çeşitlilikle birlikte göz önüne alınmaktadır. Varyans oranlarının verildiği tablo 6 incelendiğinde de görüleceği gibi, ifade edilen bazı karakterler için aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranının düşük olması, bu karakterlere ait kalıtım derecelerinin düşük çıkması anlamına gelmemektedir. Nitekim kalıtım dereceleri aileler arası genetik farklılıklar kadar, fenotipik varyansın büyüklüğü ile de ilişkilidir (IŞIK 1998). Birey ve aile düzeyinde gözlenen kalıtım dereceleri, kızılçamda geliştirilecek ıslah stratejileri hakkında önemli ipuçları vermektedir. Aile düzeyindeki kalıtım derecelerinin bireysel kalıtım derecelerinden oldukça yüksek seyretmesi, yüksek genetik kazanç sağlayabilmek için populasyon içi aile seleksiyonun, birey bazında yapılacak seleksiyondan daha önemli olduğu sonucuna varılabilir. Araştırmamızda Marmara (200-600m) zonundan gelen Mustafa Kemal Paşa-Burhandağ ve Bigadiç-Bigadiç populasyonlarının fidecik boyu, epikotil boyu, kök boğazı çapı karakterleri bakımından yapılan varyans analizlerinde, populasyonları arasında önemli istatistiksel farklarda bulunmuşlardır. Ayrıca, yapılan Student Newman-Keuls testi sonuçlarındaki gruplamalarda Mustafa Kemal Paşa-Burhandağ ve Bigadiç-Bigadiç populasyonlarının hem zon bazı da diğer zonlardan, hem de aynı zondan gelmelerine rağmen birbirlerinden farklı olduğu ortaya çıkmıştır. Kızılçamda yürütülen orijin denemelerinin 10 yıllık sonuçlarında elde edilen genotip-çevre etkileşimi bulguları Koski ve Antola'nın (1993) önerdiğinin aksine, Marmara Bölgesinin tek ıslah zonu yerine iki ayrı ıslah zonuna ayrılması gerektiğine işaret etmektedir (KOSKİ/ANTOLA 1993; IŞIK ve ark. 2002). Diğer yandan kızılçam için Marmara Bölgesinin Kuzeyi ile Güneyi gerek sıcaklık gerekse erken ve geç donlar açısından oldukça önemli farklılıklar göstermektedir. Bu nedenlerle gerek orijin denemelerinde, gerekse araştırmamızdaki fidanların ileri yaşlarında yapılacak analizlerin aynı sonucu vermesi ve başlıca araştırmalarla da desteklenmesi halinde, Türkiye Ağaç Islahı ve Tohum Üretimi Programında önerilen ıslah zonlarında ((KOSKİ/ANTOLA 1993)), Marmara Bölgesinin tek ıslah zonu olması yerine, bölgenin iklimsel öğeleri dikkate alınarak iki ıslah zonuna ayrılması düşünülebilir. Araştırmamızda fidecik boyu, epikotil boyu, kök boğazı çapı karakterlerinde en iyi gelişmeyi Akdeniz alçak zon populasyonları yaparken, Akdeniz orta zon populasyonları ikinci sırayı almaktadır. Antalyada yapılan bir çalışmada, farklı yükseklik kuşağından toplanan tohumlarla fidan karakteristikleri çalıtılmış, populasyon ve populasyon içi varyasyon incelenmiştir. 6 yıllık araştırma sonuçlarına göre 4 deneme alanında, Akdeniz orta zonun (400-800 m) yüksek ve alçak göre daha iyi performans sağladığı saptanmıştır. Büyüme ve izoenzim analizlerinin sonuçlarına göre, kızılçamın orta yükselti populasyonlarının in-situ koruma için daha yüksek genetik çeşitlilik gösterdiği, ağaçlandırmalarda daha alçaktaki ve yüksekteki populasyonlara göre çok daha geniş yükselti zonlarına hizmet edebileceğini belirtmektedirler. Bu nedenle de bölgedeki orman ağacı ıslahı ve seleksiyon çalışmalarında orta kuşak populasyonlarına öncelik verilmesini önermişlerdir (IŞIK/KARA 1997). Ancak araştırmamızın sonuçlarının bir yıllık verilere dayalı olması net bir yorumun yapılmasını engellemektedir. Bu nedenle araştırmamızın daha ileriki yıllardaki verilerine dayanarak daha net ve güvenilir sonuçlara ulaşılabilmesi mümkündür.

GENETIC DIVERSITY AMONG AND WITHIN THE POPULATIONS OF NATURAL TURKISH RED PINE (*Pinus brutia* Ten.)

Ar. Gör. Servet ÇALIŞKAN

Abstract

Eight natural *Pinus brutia* Ten. Populations were sampled in three regions over four breeding zones. From each population ten parent trees (families) were sampled. Half-sib seedlings were produced on a randomized block design in the nursery in İstanbul for one year and seven traits of seedling were observed. Analysis of variance was used to detect the differences between and within the populations. Student Newman-Keuls (SNK) test was used for clustering the populations. The component of the variation, narrow sense and family heritabilities, coefficients of genetic and phenotypic variances, phenotypic and genetic correlations were estimated.

Keywords: Turkish Red Pine, *Pinus brutia*, Genetic variation, Heritability, Genetic correlations, Progeny trials

SUMMARY

Eight natural *Pinus brutia* Ten. populations were sampled in three regions over four breeding zones. The open pollinated seeds were sown on a randomized block design with five replications in the nursery of Forest Service in İstanbul. Over one year, seven traits of seedling were observed.

The analysis of variance results showed that there were significant differences among the populations and among families within populations, for total height, root collar diameter and terminal growth. Hypocotyl length, number of lateral branches, number of cotyledons and number of secondary leaves showed significant differences among the families within populations.

The component of the variation due to populations ranged 0% (number of cotyledons) to 29.5 % (terminal growth) while the component due to families varied from 6 % (root collar diameter) to 22.01 % (number of cotyledons). Family heritabilities were higher than narrow sense heritabilities. Estimated family heritabilities ranged from 0.58 (number of secondary leaves) to 0.86 (number of cotyledons). Family heritabilities for total height, root collar diameter and terminal growth were 0.77, 0.72, 0.59 respectively. Genetic correlations were higher than phenotypic correlations. Genetic correlations between total height and root collar diameter was 0.57 while correlation between root collar diameter and terminal growth was 0.59. Both heritabilities and genetic correlations were strong for most traits. This could be attributed to maternal effects in early ages. It is concluded that if selection is practised on the basis of population for growth traits (total height, root collar diameter, terminal growth) considerable amount of genetic gain could be obtained.

KAYNAKLAR

- ALPTEKİN, Ü.C., 1986: Anadolu Karaçamı (*Pinus nigra* Arnold. subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) nın Coğrafik Varyasyonları, İstanbul.
- ANDERSON, R.L.; BANCROFT, T.A., 1952: Statistical Theory in Research, McGraw-Hill Book Co., New York.
- ANONİM, 1989: Orman Ağacları-Orijin Deneme Kuralları, TS 6587, UDK 630.581.
- ANONİM, 2001: VIII Beş Yıllık Kalkınma Planı, Ormançılık Özel İhtisas Komisyonu Raporu, Devlet Planlama Teşkilatı, Yayın No: DPT-2531-ÖİK: 547, Ankara.
- ASLAN, S.; UĞURLU, S., 1986: Kızılcım (*Pinus brutia* Ten.), Halepçımı (*Pinus halepensis* Mill.) ve Elderika Çımı (*Pinus elderica* Medwed.) Orijinlerinin Tohum, Fidecik ve Fidan Özellikleri, Ormançılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten Seri No:165, Ankara.
- BECKER, W. A., 1992: Manual of Quantitative Genetics (Fifth Edition). Academic Enterprises, Pullman, Washington.
- BEWLEY, J.D.; BLACK, M., 1994: Seed Physiology of Woody Plants. Academic Press, ISBN:0-12-425050-5, Florida.
- BONNET-MASSIMBERT, M.; VILLAR, M., 1986: La Maitrise de la reproduction sexuee: amelioration genetique des arbres forestiers. Rev. For. For. Fan. 36:48-58.
- BOX, G.E.P.; HUNTER, W.G.; HUNTER, J.S., 1978: Statistics For Experimenters, John Wiley & Sons, USA.
- BOZKURT, Y.; GÖKER, Y., 1980: Orman Ürünlerinden Faydalanma, İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınları, No: 297, İstanbul.
- BOZKURT, Y.; GÖKER, Y.; ERDİN, N.; AS, N., 1993: Datça Kızılcımında Anatomik ve Teknolojik Özellikler, Uluslararası Kızılcım Sempozyumu bildirileri, s. 628-636.
- BURTON, R. D.; BANNISTER, M. H.; MADGWICK, H. A. I; LOW, C.B., 1992: Genetic Survey of *Pinus radiata*, 1. Introduction, Description of Experiment and Basic Metodology, New Zealand Journal of Forestry Science, 22 (2/3): 119-137.
- ÇENGEL, B.; VELİOĞLU, E.; TOLUN, A.A.; KAYA, Z., 2000: Pattern and Magnitude of Genetic Diversity in *Pinus nigra* Arnold subspecies *pallasiana* populations from Kazdağı: Implications for in Situ conservation, Silvae Genetica, 49, 6, p. 249-256.
- ÇOLAKOĞLU, G.; KALAYCIOĞLU, H.; ÖRS, Y., 1993: Kızılcım Kabuklarının Yonga Levha ve Kontrolak Üretiminde Değerlendirilmesi, Uluslararası Kızılcım Sempozyumu Bildirileri s.700-711.
- DİRİK, H., 1991: Kızılcım (*Pinus brutia* Ten.)'da Bazı önemli Fidan Karakteristikleri ile Dikim Başarısı Arasındaki İlişkiler, Doktora Tezi, İ.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü.
- DOĞAN, B., 1997: Kazdağları Yöresi Doğal Kızılcım (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında İzoenzim Çeşitliliği. Ege Ormançılık Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Yayınları, Teknik Bülten, No:10, İzmir.
- ERIKSSON, G.; NAMKOONG, G.; ROBERDS, J.H., 1995: Dynamic Conservation of Forest Tree Gnc Resources, Forest Genetic Resources. No:23, p:2-8.

- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C., 1996: Introduction to Quantitative Genetics, Longman Group Ltd, England.
- GEZER, A., 1976: Doğu Ladini (*Picea orientalis* (L.) Carr.) Fideciklerinin Morfo-Genetik Özellikleri Üzerine Araştırmalar, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten Seri No: 92, Ankara.
- GÜLBABA, A. G.; ÖZKURT, N., 2001: Bolkar Dağları Doğal Kızılçamlarında (*Pinus brutia* Ten.) Genetik Çeşitlilik ve Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının Belirlenmesi, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten Serisi, No:12, Tarsus.
- GÜLBABA, A.G.; ÖZKURT, N., 2002: Bolkar Dağları Doğal Sedir (*Cedrus libani* A. Rich) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, ISSN: 1300-7912, Tarsus.
- GÜLBABA, A.G.; ÖZKURT, N.; VELİOĞLU, E., 2002: Bolkar Dağları Doğal Sedirlerinde (*Cedrus libani*) Genetik Çeşitlilik ve Gen Koruma ve Yönetim Alanlarının Belirlenmesi, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, ISSN: 1300-7912, Tarsus.
- GÜLBABA, G.; ÖZKURT, N., 1998: Bolkar Dağları Doğal Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayını OCD: 165.3, Teknik Bülten No:5 Tarsus.
- GÜLCÜ, S., 2002: Göller Yöresi Anadolu Karaçamı'nda (*Pinus nigra* Arnold sub. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe). Populasyonlar Arası ve Populasyon içi Genetik Çeşitlilik.
- HAINES, R., 1994: Biotechnology in Forest Tree Improvement (With Special Reference to Developing Countries), FAO Forestry Paper No.118, XXVII, Rome.
- HICKS, C. R., 1964: Fundamental Concepts in the Design of Experiments, Holt, Rinehart and Winston, Inc., New York.
- İŞİK, F., 1998: Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten) Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Derecesi ve Genetik Kazancın Belirlenmesi. Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten No: 7, Antalya.
- İŞİK, F.; İŞİK, K.; LEE, S.J., 1999: Genetic variation in *Pinus brutia* Ten. in Turkey: I. Growth, biomass and stem quality traits. Forest Genetics, 6 (2): 89-99.
- İŞİK, F.; KAYA, Z., 1993: Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında Denizden Uzaklık ve Yüksekliğe Göre Değişen Genetik Çeşitlilik, Uluslararası Kızılçam Sempozyumu bildiri, s. 243-253.
- İŞİK, F., KAYA, Z. 1995: The Pattern of Genetic Variation in *Pinus brutia* Ten Population Sampled Along the South to North Transect in the Toros Mountains, South West Anatolia Forest Research Institute, Technical bulletin no:2, Antalya.
- İŞİK, F.; KESKİN, S.; CENGİZ, Y.; GENÇ, A.; DOĞAN, B.; TOSUN, S.; ÖZPAY, Z.; UĞURLU, S.; ÖRTEL, E.; DAĞDAŞ, S.; KARATAY, H.; YOLDAĞ, İ., 2002: Kızılçam Orijin Denemelerinin 10 Yıllık Sonuçları (Orijin-Çevre Etkileşimi Ve Tohum Transferi Üzerine Etkisi), Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten No:14, Antalya.
- İŞİK, K., 1980: Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlar Arası ve Populasyon İçi Genetik Çeşitliliğin Araştırılması, I: Tohum ve Fidan Karakterleri, Doçentlik Tezi, ODTÜ Biyolojik Bilimler Bölümü, IX, Ankara.

- IŞIK, K., 1981: Bitkilerin Evcilleştirilmeleri ve Evcilleştirme Açısından Egzotik Türler, Türkiye Hızlı Gelişen Türlerle Endüstriyel Ağaçlandırmalar Sempozyumu 21- 26 Eylül 1981, Keşken, İzmit, OGM Yayını ,s: 249-254, Ankara.
- IŞIK, K., 1986: Altitudinal Variation in *Pinus brutia* Ten.: Seed and Seedling Characteristics, *Silvae Genetica*, 35 (2-3): 58-66.
- IŞIK, K., 1988: Orman Ağacı Türlerimizde Lokal Irkların Önemi ve Genetik Kirlenme Sorunları, *Orman Mühendisliği Dergisi*, 25(11): 25-30.
- IŞIK, K.; KARA, N., 1997: Altitudinal Variation in *Pinus brutia* Ten. and Its Implication for Genetic Conservation and Seed Transfer in Southern Turkey, *Silvae Genetica*, 46 (2-3): 113-119.
- IŞIK, K.; TOPAK, M.; KESKİN, A.C., 1987: Kızılçam'da (*Pinus brutia* Ten.) Orijin Denemeleri: Altı Farklı Populasyonun Beş Ayrı Deneme Alanında İlk Altı Yıldaki Büyük Özellikleri, *Orman Ağaçları ve Tohumları İslah Enstitüsü, Yayın No:3*, Ankara.
- İKTÜEREN, Ş., 1997: Türkiye Dağılışı İçinde Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) ve Fıstık Çamı (*Pinus pinea*) Orijin Denemeleri, I: Tohum ve Fidanlık, TÜBİTAK, IV. Bilim Kongresi, Tarım ve Orman Araştırma Grubu Tebliğleri, s.11-19.
- KALIPSIZ, A., 1981: İstatistik Yöntemler, İ.Ü. Yayın No: 2837, Orman Fakültesi Yayın No: 294, İstanbul.
- KARA, N.; KOROL, L.; IŞIK, K.; SCHILLER, G., 1997: Genetic Diversity in *Pinus brutia* Ten. Altitudinal Variation. *Silvae Genetica*, 46 (2-3): 155-161.
- KAYA, Z., 1993: Orman Gen Kaynaklarının Korunması İdaresi ve Kullanımı, 1. Ormanlık Şurası, Cilt:1, Seri No: 13, Yayın no:006, 1-5 Ekim s. 488-504.
- KAYA, Z.; IŞIK, F., 1997: The Pattern of Genetic Variation in Shoot Growth of *Pinus brutia* Ten. Populations Sampled From the Toros Mountains in Turkey, *Silvae Genetica*, 46 (2-3): 73-81.
- KOSKI, V.; ANTOLA, J., 1993: Turkish National Tree Breeding and Seed Production Program for Turkey (1994-2003), Cooprepared with ENSO Forest Development Inc and Forest Tree Seeds and Tree Breeding Institute, Ankara.
- MATZIRIS, D. I., 1983: Genetik Variation In Morphological and Anatomical Needle Characateristics In The Black Pine of Peloponnesos, *Silvae Genetica*, 33, 4-5, s. 164-169.
- MATZIRIS, D. I., 1989: Variation in Growth and Branching Characters in Black-Pine (*Pinus nigra* Arnold) of Peloponnesos. *Silvae Genetica*, 38, 3-4, s.77-81.
- NAMKOONG, G; BARNES R.D.; BURLEY J., 1980: A Philosophy of Breeding Strategy for Tropical Forest Trees. Commonwealth Forestry Institute, Tropical Forestry Papers No: 16, Oxford University Press, England.
- ÖZTÜRK, H., 2000: Orman Ağaçları Genetik İslahında Döl Denemeleri, *Orman Ağaçları ve Tohumları İslah Araştırma Müdürlüğü Dergisi*, 1: 95-137.
- PANETSOS, K. P.; ARAVANOPOULOS, F. A; SCALTSOYIANNES, A., 1998: Genetik Variation of *Pinus brutia* From Islands of the Northeastern Aegean Sea, *Silvae Genetica*, 47, 2-3, p.115-120.
- PERRY, D.A., 1978: Variation Between and Within Species. IUFRO, Proc. Ecology of Even aged Forest plantation, pp: 71-98.

- SAS INSTITTUE INC., 1989: SAS/STAT User's Guide: Release Version 6.03 Edition, Cary, NC, USA..
- SHELBOURNE, C.J.A., 1992: Genetic Gain From Different Kinds of Breeding Population and Seed or Plant Production Population, Paper presented at the IUFRO symposium "Intensive Forestry: The Role of Eucalyptus", held in Durban, South Africa, in September, 1991: 49-65b.
- SMITH, C.K.; WHITE, T.L.; HODGE, G.R., 1993: Genetic Variation in Second-year Slash Pine Shoot Traits and Their Relationship to 5-year and 15-year Volume in the Field, *Silvae Genetica*, 42: 266-275.
- SOKAL, R. R; ROHLF, F. J., 1995: Biometry. Third Edition. W.H. Freeman and Company, New York.
- SUN, O., 1980: İstatistiksel Değerlendirme Yöntemleri ve Uygulamaları, Ormançılık Araştırma Enstitüsü Müftelif Yayınlar Serisi No:37, Ankara.
- ŞEFİK, Y., 1964: Kızılçam (*Pinus brutia* ten.) Kozalak ve Tohumu Üzerinde Araştırmalar, İ.Ü. Orman Fakültesi Dergisi, Seri:A, Cilt:14, Sayı:2, s.35-67.
- TİLKİ, F.; ÇALIKOĞLU, M., 1998: Tohum Gücü ve Orman Ağacı Türlerinde Test Edilmesi, İ.Ü Orman Fakültesi Dergisi Seri: B, Cilt: 48, Sayı: 1-4, s. 67-80.
- TOLUN, A.A.; VELİOĞLU, E.; ÇENGEL, B.; KAYA, Z., 2000: Genetik Structure of Black pine (*Pinus nigra* Arnold sub. species pallasiana) Populations Sampled From the Bolkar Mountains, *Silvae Genetica*, 49-3, p. 113-119.
- USTA, H. Z., 1991: Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Ağaçlandırmalarında Hasılat Araştırmaları. Ormançılık Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No:219, Ankara.
- ÜRGENÇ, S., 1982: Orman Ağaçları Islahı, İ.Ü Orman Fakültesi Yayınları 2836/293, İstanbul.
- ÜRGENÇ, S., 1998: Ağaçlandırma Tekniği, Yenilenmiş ve Genişletilmiş II. Baskı, İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınları No:141, İstanbul.
- ÜRGENÇ, S.; BOYDAK, M., 1981: Silvikültürel Açından Ormanlarda Üretimin Artırılması Olanakları, Türkiye II. Tarım Kongresi, 19-22 Ekim, s. 387-404, Ankara
- ÜRGENÇ, S.; BOYDAK, M.; DİRİK, H., 1993: Türkiye Ormançılığında Ağaçlandırmaların Yeri Amaçları ve Ağaçlandırma Yatırımlarının Planlanması İlkeleri, "I. Ormançılık Şurası" (1-5 Kasım 1993, Ankara), Orman Bakanlığı Yayını, s. 646-653.
- VELİOĞLU, E.; ÇENGEL, B.; KAYA, Z., 1999: Kaz Dağlarındaki Doğal Karaçam (*Pinus nigra* Arnold. Sub. *Pallasiana* (Lamb.) Holmboe.) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapılandırılması, Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Müdürlüğü, Teknik Bülten No:1, Ankara.
- YAHYAOĞLU, Z. 1983: Birkaç *Pinus brutia* Ten. Orijininde Kotiledon Sayısı Varyasyonu. K.T.Ü. Orman Fakültesi Dergisi, Cilt: 6, Sayı: 2, s. 407-415.
- ZOBEL, B. and TALBERT, J. 1984: Applied Forest Tree Improvement, John Wiley&Sons, ISBN 0-471-09682-2, New York.