

Toros göknarı'nda (*Abies cilicica* Carr.) bazı fidecik ve fidan karakterleri bakımından genetik varyasyonlar

Süleyman Gülcü^{a,*}, Samet Dirlik^a

Özet: Bu çalışmada, Toros Göknarı'nın doğal yayılış alanlarından örneklenen altı populasyon ve her populasyonda 25 olmak üzere toplam 150 aileye ait fidecik ve 1+0 yaşlı fidan karakterleri bakımından genetik varyasyonlar çalışılmıştır. Deneme Eğirdir Orman Fidanlığı'nda kurulmuştur. Bu kapsamda ölçülen karakterler bakımından, birey ve aile düzeyindeki kalıtım dereceleri ile bazı genetik parametreler ve karakterler arası genetik fenotipik korelasyonlar tahmin edilmiştir. Verilerin değerlendirilmesinde SAS istatistik paket programı kullanılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, bir yaşlı fidan özellikleri için epikotil boyu dışında diğer karakterler bakımından hem populasyonlar arası hem de populasyon içi aileler arası önemli farklılıklar ortaya çıkmıştır. Ayrıca çalışılan fidecik ve fidan özellikleri bakımından orta ve yüksek düzeyde birey ve aile kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Sonuç olarak, bu türde yürütülecek ıslah çalışmalarında populasyon içi aile seçiminin populasyon seçiminden daha önemli olduğu söylenebilir. Tüm fidecik ve fidan özellikleri bakımından diğer populasyonlara kıyasla daha iyi performans göstermesi nedeniyle, yeni ve daha güvenilir araştırma sonuçları elde edilinceye kadar Bucak populasyonunun Eğirdir Orman Fidanlığında yürütülen fidan üretim çalışmalarında tohum kaynağı olarak önerilebilir.

Anahtar kelimeler: Toros göknarı, Fidecik ve fidan özellikleri, Genetik çeşitlilik, Kalıtım derecesi

Genetic variations in some juvenile seedling and one-year-old seedling characteristics of Taurus Fir (*Abies cilicica* Carr.)

Abstract: In this study, genetic variations in 6 populations from the natural distribution of Taurus fir totally 150 families (25 of each population) in terms of some juvenile seedling and one-year-old seedlings were examined. The trial was established in Eğirdir Forest Nursery. In this context, genetic and phenotypic correlations, individual and family heritabilities for each character were estimated. The obtained data were evaluated in SAS statistics package programme. According to the results, significant differences were determined both between families within population and among the populations in terms of one year old seedling properties except for epicotyl length. In addition, high and medium level individual and family heritabilities for juvenile seedling and one year old seedling characteristics were estimated. As a result, family selection within the population is more important than selection of population for breeding strategies of the species. Besides, as it showed better performance in terms of all juvenile and one year old seedling properties, Bucak population might be used as a seed source in seedling production in Eğirdir Forest Nursery until new and more reliable research results have been acquired.

Keywords: Taurus fir, Juvenile seedling and seedling characteristics, Genetic variation, Heritability

1. Giriş

Hızlı nüfus artışıyla birlikte dünya ormanlarının hızla tahrip edildiği ve yok olduğu herkes tarafından bilinmekte ve kabul edilmektedir. Dünya Tarım ve Ormancılık Örgütü (FAO) verilerine göre her yıl yaklaşık 12 milyon ha orman alanı yok olmaktadır. Bir yandan ormanların tahrip edilmesi ve orman alanlarında yaşanan azalma, diğer yandan hızlı nüfus artışı ve buna bağlı olarak artan odun hammaddesi ihtiyacının karşılanabilmesi için birim alandan elde edilecek ürünün artırılması zorunlu hale gelmiştir (Yahyaoglu ve Ölmez, 2005).

Ekonominin isteklerine uygun kalite ve gelişme potansiyeline sahip ormanların yetiştirilmesi için, orman ağaçlarının kalıtsal özelliklerinden ve varyasyonlardan faydalanmak zorunlu hale gelmiştir. Doğal kaynaklarımıza yönelik baskının azalması ve giderek artan odun açığının

kapatılması amacıyla yapılan endüstriyel plantasyonlar için, ıslah edilmiş genetik materyal kullanılması son derece önem taşımaktadır. 'Ormancılık Ana Planı' verilerine göre ülkemiz endüstriyel odun hammaddesi açığının 2020 yılında en az 40 milyon metreküp (Bırlar, 1995), olacağı dikkate alındığında, genetik ıslah çalışmalarının önemi belirgin olarak ortaya çıkmaktadır.

Ağaç ıslahı çalışmalarında, genetik özelliklerin bilinmesi son derece önemlidir. Bilindiği gibi orman ağaçlarının genetik yapıları, doğal koşullar altında yaşayabilmeleri için gerekli olan her türlü bilgiyi içerecek şekilde gelişmiştir. Ancak ağaçlar bazen doğal veya yapay çevresel değişimlerden etkilenmekte ve bunun sonucunda da bu ağaçların oluşturduğu meşcerelerin, genetik yapılarında değişiklikler meydana gelmektedir. Ormancılıkta gen kaynaklarının korunmasından; tüm biyolojik, ormancılık ve teknik önlemleri harekete geçirerek, orman ağaçlarının

✉ ^a Süleyman Demirel Üniversitesi, Orman Fakültesi, Orman Mühendisliği Bölümü, Isparta

@ ^{*} **Corresponding author** (İletişim yazarı): suleymanguclu@sdu.edu.tr

✓ **Received** (Geliş tarihi): 11.09.2015, **Accepted** (Kabul tarihi): 10.02.2016



Citation (Atf): Gülcü, S., Dirlik, S., 2016. Toros Göknarı'nda (*Abies cilicica* Carr.) bazı fidecik ve fidan karakterleri bakımından genetik varyasyonlar. Turkish Journal of Forestry, 17(1): 1-6.

DOI: [10.18182/tjf.20606](https://doi.org/10.18182/tjf.20606)

genetik çeşitliliğinin gelecek kuşaklara aktarılması anlaşılmalıdır. Genetik çeşitlilik, tür içi ve türler arası olabileceği gibi çeşitli türlerin oluşturduğu populasyonlar içi ve populasyonlar arasındaki varyasyonlarda olabilir (Işık, 1998).

İslah çalışmaları için başlıca kaynak genetik çeşitliliğidir (Dirik, 1994). İslah çalışmaları kapsamında genetik çeşitlilik, şekillendirilebilecek bir hammadde olarak tanımlanmaktadır. Tür içi genetik çeşitliliğin yüksek olması, o türün yetişme ortamı koşullarına uyumu açısından bir güvence olarak görülmektedir (Cossalter, 1989). Böylece genetikçilerin kendi amaçlarına uygun populasyonları ve genotipleri seçme şansı da artmaktadır. Genetik çeşitlilik, aynı zamanda ıslah çalışmaları için şekillenecek bir hammaddedir. Bu nedenle, genetik çeşitlilik ile ilgili araştırmalar, orman ağaçları ıslahı programlarında öncelikli çalışma konuları arasındadır (Işık, 1998).

Genetik çeşitliliğin nedeni, coğrafi değişkenlerle ilişkisi, tür içindeki dağılımı, ıslah stratejilerinin oluşturulması ve genetik çeşitliliğin korunması açılarından önem taşımaktadır. Bugüne kadar ülkemizde genetik çeşitliliğin belirlenmesi ile ilgili çalışmalar yapılmıştır. Ancak, yapılan çalışmalar daha çok çam (*Pinus* sp.) türlerinde yoğunlaşmış olup, diğer asli ağaç türlerimiz genellikle ihmal edilmiş ve yapılan çalışmalar yetersiz kalmıştır. Ülkemizin asli orman ağacı türlerinden olan göknarlar da ihmal edilen ağaç türlerindedir. Kazdağı göknarı dışında diğer göknar türlerinde yeterli ve kapsamlı çalışmalar yapılmamıştır (Şevik, 2010). Açıklanan nedenlerle bu çalışmada Toros göknarı'nın doğal yayılış alanlarından örneklenen populasyonlarda bazı fidecik ve fidan karakterleri bakımından genetik çeşitliliğin ortaya konması ve bazı genetik parametrelerin hesaplanması amaçlanmıştır.

2. Materyal ve yöntem

Çalışma materyali olarak türün doğal yayılış alanlarından örneklenen 6 populasyon ve her populasyonda 25 olmak üzere toplam 150 aileden toplanan tohumlardan yetiştirilen fidecik ve 1+0 yaşlı tüplü fidanlar kullanılmıştır. Kozalak toplanan populasyonlara ait bazı özellikler Çizelge 1'de verilmiştir.

Kozalaklar, 2012 yılı Eylül – Ekim aylarında elle toplanmıştır. Kozalak toplanacak ailelerin seçiminde, aileler arasında en az 150 metre yatay mesafe bulunmasına, her bir populasyonda en alt ve en üst rakımda bulunan aileler arasındaki rakım farkının da 300 metreyi aşmamasına özen gösterilmiştir. Her ağaçtan 20'şer kozalak toplanmıştır. Toplanan kozalaklardan tohumlar Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Fakültesi laboratuvarında çıkarılmıştır. Tohumlar Eğirdir Orman Fidanlığı'nda açık alan koşulları altında 13x30 cm boyutlarındaki tüplere her tüpte üçer

tohum olacak şekilde 2013 yılı Şubat ayında ekim gerçekleştirilmiştir. Tüp dolgu materyali olarak %30 Anadolu karaçamı [*Pinus nigra* Arnold. subsp *pallasiana* (Lamb) Holmboe] humusu, %70 orman toprağı karışımı kullanılmıştır. Deneme tesadüf parselleri deneme desenine uygun üç yinelemeli olarak kurulmuş olup aileler yinelemeler içindeki yerleri rastlantı kurallarına göre belirlenmiştir. Her aile her bir yinelemede beş fidanla temsil edilmiştir. Tohumlar ekimden önce herhangi bir ön işleme tabi tutulmamıştır. Kapatma materyali olarak mil (%25) + humus (%75) karışım kullanılmıştır.

Çimlenmenin tamamlanmasında 50-55 gün sonra fideciklerde kotiledon sayısı (KS), kök boğazı çapı (KBC1), hipokotil boyu (HB), kotiledon boyu (KB), 1+0 yaşlı fidanlarda ise epikotil boyu (EB), fidan boyu (FB), kök boğazı çapı (KBC2) ölçümleri yapılmıştır. Boy ölçümleri cetvelle 0.1 cm; kök boğazı çapı ölçümleri ise elektronik kumpası yardımıyla 0.01 mm hassasiyetle yapılmıştır.

Verilerin değerlendirilmesi amacıyla yapılan analizlerde SAS istatistik paket programı (Proc Glm ve Proc Mixed) kullanılmıştır (SAS, 1988). Sayım yoluyla elde edilen kotiledon sayısına ait veriler normal dağılım göstermedikleri için analizlerden önce karekök, dönüşümü uygulanmıştır (Yurtsever, 1974; Kalıpsız, 1994).

Varyans analizleri için aşağıda verilen istatistiksel model (1) kullanılmıştır.

$$Y_{ijkm} = \mu + R_i + P_j + F(P)_{k(j)} + RP_{ij} + RF(P)_{ik(j)} + e_{m(ijk)} \quad (1)$$

Eşitlikte; Y_{ijkm} , i. tekrar, j. populasyon içindeki k. aileye ait m. fidanın değerini, μ : Genel ortalamayı, R_i , i. tekrarın etkisini (i=1, 2, 3); P_j , j. populasyonun etkisini (j=1,...,6); $F(P)_{k(j)}$, j. Populasyon içindeki k. ailenin etkisi, RP_{ij} ; i.tekrar ile j. populasyon etkileşimini, $RF(P)_{ik(j)}$: i. tekrar ile k. ailenin etkileşimini, $e_{m(ijk)}$: hataya karşılık gelmektedir.

Birey düzeyinde kalıtım derecesi hesabında aşağıdaki formül (2) kullanılmıştır (Shelbourne, 1969; Namkoong vd., 1976; Burdon, vd., 1992; Falconer ve Maccay, 1996).

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

Eşitlikte; σ_A^2 : Eklemeli genetik varyans, $\sigma_{F(P)}^2$: Ailelerden kaynaklanan genetik varyans, σ_u^2 : Fenotipik varyans, k: Yarım kardeşler arasındaki genetik kovaryans katsayısı göstermektedir. Bir ailenin yarım kardeş bireyleri arasındaki benzerlik, teorik olarak aileler arası genetik varyansın 1/4'üne eşit kabul edilmektedir (Shelbourne, 1969; Falconer, 1989).

Çizelge 1. Çalışmaya konu olan populasyonların genel özellikleri

Populasyon no	Populasyon	Enlem (Kuzey)	Boylam (Doğu)	Rakım(m)	Bakı
1	Akseki	37°05'47"	31°47'50"	1300	Kuzey
2	Bucak	41°37'84"	29°43'88"	1200	Kuzey
3	Andırın	37°34'48"	36°23'58"	1375	Güneydoğu
4	Yahyalı	38°07'22"	35°13'59"	1670	Kuzey-Kuzeydoğu
5	Yenişarbademli	37°44'33"	31°21'02"	1480	Güney
6	Tarsus	37°07'22"	34°29'09"	1370	Kuzeydoğu

Aileler arası varyans bileşeninin standart hatası ve fenotipik varyans bileşenleri kullanılarak birey düzeyindeki kalıtım derecesinin standart hatası aşağıdaki eşitlikle (3) hesaplanmıştır.

$$S.E. (h^2_i) = \sqrt{16x \frac{Var(\sigma_{F(P)}^2)}{(\sigma_u^2)^2}} \quad (3)$$

Aile düzeyindeki kalıtım derecelerinin hesaplanması için Shelbourne (1992) tarafından verilen aşağıdaki eşitlik (4) kullanılmıştır.

$$h_f^2 = \frac{\sigma_{F(P)}^2}{\sigma_{fm}^2} \quad (4)$$

Bu formülde:

h_f^2 : Bir karaktere ait aile kalıtım derecesi,
 $\sigma_{F(P)}^2$: Aileler arası genetik varyans,
 σ_{fm}^2 : Aile fenotipik varyansı ifade etmektedir.

İki karakter arasındaki fenotipik ilişkileri incelemek amacıyla Pearson korelasyon katsayılarının hesaplanmasında aşağıdaki eşitlikten (5) yararlanılmıştır (Sokal ve Rohlf, 1995).

$$r_p = \frac{\sum xy}{\sqrt{\sum x^2 \sum y^2}} \quad (5)$$

Bu formülde:

r_p : Fenotipik korelasyon katsayısını,
 $\sum xy$: x ve y karakterlerinin çarpanlar toplamını,
 $\sum x^2$ ve $\sum y^2$: Karakterlerin kareler toplamını ifade etmektedir.

Karakterler arasındaki genetik korelasyonlar Falconer (1989) tarafından önerilen aşağıdaki eşitlikle (6) hesaplanmıştır.

$$r_g = \frac{COV_{f(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{f(x)}^2} \sqrt{\sigma_{f(y)}^2}} \quad (6)$$

Bu formülde:

r_g : İki karakter arasındaki genetik korelasyon katsayısı,
 $COV_{f(x,y)}$: x ve y karakterleri arasındaki kovaryans,
 $\sigma_{f(y)}^2$: x ve y karakterlerine ait aile varyansını ifade etmektedir.

3. Bulgular

Kotiledon sayısı dışındaki tüm karakterlerin populasyon arasında istatistiksel olarak $p < 0.001$ önem düzeyinde farklılıklar bulunmuştur. Tüm fidecik karakterlerine ait karakterlerde populasyon içi aileler arasında $p < 0.001$ önem düzeyinde anlamlı farklılıklar ortaya çıkmıştır. Epikotil boyu dışındaki tüm fidan karakterleri için hem populasyonlar hem de populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 2).

Yapılan Duncan testi sonuçlarına göre Burdur/Bucak (2 nolu populasyon) populasyonun fidecik özellikleri bakımından diğer populasyonlara göre ilk sırada yer almaktadır. Burdur/Bucak populasyonu fidecik özelliklerinde olduğu gibi fidan özellikleri bakımından da en iyi performansı göstermiştir (Çizelge 3).

Kotiledon sayısı, hipokotil boyu, kotiledon boyu, epikotil boyu, fidecik kök boğazı çapı için aile düzeyindeki varyans oranları, populasyon düzeyindeki varyans oranlarından yüksektir. Fidan boyu ve fidan kök boğazı çapı için ise populasyonlardan kaynaklanan varyans oranı daha yüksek bulunmuştur. Bazı karakterler için hesaplanan populasyonlar arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranlarının, aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranlarından yüksek oluşu, ıslah programlarında hem populasyon hem de aile düzeyinde uygulanacak seleksiyonun etkili olabileceğini göstermektedir (Çizelge 4).

Fidan boyu ile fidan kök boğazı çapı ve hipokotil boyu arasında anlamlı ve pozitif yüksek fenotipik korelasyonlar tahmin edilmiştir. Bunun yanı sıra fidan kök boğazı çapı ile hipokotil boyu ve fidecik kök boğazı çapı arasında da anlamlı ve pozitif fenotipik korelasyonlar hesaplanmıştır. Kotiledon sayısı ve epikotil boyu dışındaki diğer karakterler ile fidan boyu arasındaki genetik korelasyonlar yüksek ve pozitif çıkmıştır. Kotiledon sayısı dışındaki diğer karakterler ile fidecik kök boğazı çapı arasındaki genetik korelasyonlar da yüksek ve pozitif bulunmuştur (Çizelge 5).

Çizelge 2. Varyans analizi sonuçları

V K	SD	Fidecik özellikleri				Fidan özellikleri		
		KS	KBC1	HB	KB	EB	FB	KBC2
R_i	2	0.2488 ns	0.0183 ns	93.4044 ns	8.9519 ns	0.9658 ns	2.3382 ns	0.0077 ns
P_i	5	2.6837 ns	0.7668***	820.7076***	270.5009***	0.7005 ns	11.8810***	0.8844***
RP_{ij}	10	0.4315 ns	0.0543 ns	30.3294 ns	13.8042 ns	0.3427 ns	0.4986 ns	0.0189 ns
$F(P)_{k(i)}$	81	1.4776***	0.1025***	117.4795***	98.9209***	0.3156 ns	1.5926***	0.0985***
$RF(P)_{ik(i)}$	162	0.7890 ns	0.0611 ns	26.5088 ns	21.7954 ns	0.2234 ns	0.5120 ns	0.0450 ns
$e_{m(ik)}$	769	642.4694	41.6362	23396.0535	19761.2614	258.8008	553.9961	34.7064

***: 0.001 olasılık düzeyinde farklı, ns: İstatistiksel olarak fark yok VK: Varyans Kaynağı, SD: Serbestlik Derecesi, KO: Kareler Ortalaması

Çizelge 3. Duncan testi sonuçları

Fidecik özellikleri					Fidan özellikleri				
KBC1		HB		KB	FB		KBC2		
P	\bar{X} (mm)	P	\bar{X} (mm)	P	\bar{X} (mm)	P	\bar{X} (cm)	P	\bar{X} (mm)
2	1.54a	2	31.44a	2	31.21a	2	3.88a	2	2.00a
3	1.46b	6	28.59b	1	29.61b	6	3.49b	5	1.87b
6	1.45b	3	27.12c	6	28.56bc	3	3.40b	6	1.86b
1	1.37c	4	26.12c	3	28.47cc	5	3.33b	3	1.84bc
5	1.36c	5	24.85d	4	27.51cd	4	3.12c	1	1.80cd
4	1.35c	1	24.70d	5	27.27d	1	3.07c	4	1.76d
GO	1.43		27.36		28.68		3.39		1.85

\bar{X} : Genel Ortalama, P: Populasyon no, GO: Genel Ortalama

Çizelge 4. Çalışılan karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa oranları (%) ve bazı parametreler

	σ^2_R	σ^2_P	σ^2_{RP}	$\sigma^2_{F(P)}$	$\sigma^2_{RF(P)}$	σ^2_e	V_T	σ^2_u	σ^2_{fm}	CV_u (%)	CV_{fm} (%)	CV_g (%)	$h^2 \pm S.E$	$h^2 \pm S.E$	\bar{X}
KS	0.00	0.01	0.00	0.06	0.00	0.82	0.89	0.88	0.02	12.34	1.81	5.42	0.26±0.16	0.45±0.09	7.60
	% 0.00	% 1.03	% 0.00	% 6.37	% 0.00	% 92.60									
KBC1	0.00	1.24	0.00	6.43	0.00	24.88	32.56	31.32	8.56	19.51	10.20	15.32	0.82±0.17	0.75±0.16	28.68
	% 0.00	% 3.81	% 0.00	% 19.76	% 0.00	% 76.43									
HB	0.17	5.14	0.00	7.71	0.00	29.73	42.74	37.44	10.25	22.36	11.70	17.58	0.82±0.17	0.75±0.16	27.36
	% 0.39	% 12.02	% 0.00	% 18.04	% 0.00	% 69.55									
KB	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.32	0.32	0.32	0.03	81.97	25.43	15.47	0.05±0.06	0.12±0.14	0.69
	% 0.23	% 0.64	% 0.19	% 1.17	% 0.00	% 97.76									
EB	0.01	0.07	0.00	0.08	0.00	0.68	0.84	0.77	0.14	25.81	11.09	14.73	0.43±0.12	0.59±0.16	3.39
	% 0.72	% 8.44	% 0.00	% 9.86	% 0.00	% 80.98									
FB	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.06	0.06	0.01	17.06	6.56	7.33	0.25±0.10	0.42±0.17	1.43
	% 0.00	% 7.34	% 0.00	% 5.70	% 2.37	% 84.59									
KBC2	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.04	0.06	0.05	0.01	12.04	5.04	6.52	0.39±0.11	0.56±0.16	1.85
	% 0.00	% 9.91	% 0.00	% 8.80	% 0.00	% 81.29									

σ^2_R = Replikasyonlar arası farklılıklardan doğan varyans, σ^2_P = Populasyonlar arası genetik varyans, σ^2_{RP} = Replikasyon x Populasyon etkileşimi, $\sigma^2_{F(P)}$ = Aileler arası genetik varyans, $\sigma^2_{RF(P)}$ = Aile x Replikasyon etkileşimi, σ^2_e = Hata varyansı, V_T = Toplam varyans, σ^2_u = Birey düzeyindeki fenotipik varyans, σ^2_{fm} = Aile fenotipik varyansı, CV_u = Birey düzeyindeki fenotipik varyasyon katsayısı, CV_{fm} = Aile ortalamaları fenotipik varyasyon katsayısı, CV_g = Genetik varyasyon katsayısı, $h^2 \pm S.E$ = Birey düzeyindeki kalıtım derecesi ve standart hatası, $h^2 \pm S.E$ = Aile kalıtım derecesi ve standart hatası, \bar{X} = İlgili karaktere ait aritmetik ortalama, n = Gözlem sayısı. Kotiledon sayısı için varyans bileşenleri hesaplanırken karekök dönüşümü ile elde edilen değerler kullanılmıştır.

Çizelge 5. Araştırılan karakterler arasında genetik korelasyonlar ve standart hatalar (diyagonalın sol alt kısmı) ile fenotipik (diyagonalın sağ üst kısmı) korelasyonlar

	KBC2	KS	HB	KB	EB	FB	KBC1
KBC2	-	0.42ns	0.79*	0.69ns	0.61ns	0.94***	0.83*
KS	-0.09 ±0.09	-	0.64ns	-0.10ns	0.36ns	0.65ns	0.53ns
HB	0.44 ±0.10	0.06 ±0.06	-	0.68ns	0.16ns	0.91*	0.93*
KB	0.58 ±0.04	0.41 ±0.10	0.52 ±0.12	-	0.06ns	0.61ns	0.75*
EB	0.96 ±0.19	0.03 ±0.16	-0.10 ±0.18	0.64 ±0.19	-	0.50ns	0.16ns
FB	0.79 ±0.09	0.05 ±0.10	0.94 ±0.14	0.71 ±0.06	-0.01 ±0.18	-	0.91*
KBC1	0.87 ±0.17	0.08 ±0.16	0.60 ±0.13	0.67 ±0.18	0.46 ±0.19	0.89 ±0.18	-

*: 0.05 olasılık düzeyinde farklı

4. Tartışma ve sonuç

Fidecik özelliklerine ait varyans analizi sonuçlarına göre, hem populasyon arası, hem de populasyon içi aileler arasında kotiledon boyu, kök boğazı çapı, hipokotil boyu bakımından istatistiksel olarak önemli düzeyde farklılıklar gözlenmiştir. Kotiledon sayısı bakımından populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak anlamlı farklılık tespit edilmiş ancak populasyonlar arasında fark çıkmamıştır. Bu durum kotiledon sayısının daha çok aile düzeyinde genetik kontrol altında olabileceğini göstermektedir.

Tahmin edilen genetik varyasyon katsayıları incelendiğinde %5.42 (kotiledon sayısı) ile %17.58 (hipokotil boyu) arasında değiştiği görülmektedir. Fenotipik varyasyon katsayısı ise tüm karakterler bakımından genetik varyasyon katsayısından daha yüksek tahmin edilmiştir. Işık (1998), deneme alanlarının ortak analizinde boy için genetik varyasyon katsayısını 4.37, çap için 8.01 olarak bulmuştur. Işık vd. (1999) ise Antalya-Düzlerçamı deneme alanından yaptıkları çalışmada boy için genetik varyasyon katsayısını 7.1 çap için 7.9 olarak hesaplamışlardır. Dolayısıyla bu çalışmada tahmin edilen genetik ve fenotipik varyasyon katsayıları literatürde farklı türler için tahmin edilen değerlere benzer çıkmıştır. Bu durum, çalışılan populasyonların genetik çeşitlilik düzeylerinin kabul edilebilir seviyede olduklarını göstermektedir.

Bu çalışmada gözlenen karakterler için hesaplanan varyansın büyük bölümünün (%69.55-%97.76) aile içi yarım kardeşler arası farklılıklardan kaynaklandığı tespit edilmiştir. Bazı karakterler için gözlenen populasyonlar düzeyindeki varyans oranı, aileler düzeyindeki varyans oranından daha yüksek çıkmıştır. Çalışılan karakterlerin genetik varyans oranının, populasyon düzeyinde mi, yoksa aile düzeyinde mi daha yüksek olduğunun tespiti ıslah stratejisinin belirlenmesi açısından önemlidir. Bu çalışmada fidan kök boğazı çapı ve fidan boyu gibi karakterler populasyon düzeyinde güçlü genetik kontrol altındayken, kotiledon sayısı, hipokotil boyu, kotiledon boyu, epikotil boyu ve fidecik kök boğazı çapının aile düzeyinde güçlü genetik kontrol altında olduğu tespit edilmiştir. Dolayısıyla Toros göknarı'nda yapılacak ıslah çalışmalarında bu sonuçların etkili olabileceği düşünülmektedir.

Tahmin edilen en yüksek birey ve aile düzeyinde kalıtım dereceleri fidecik kök boğazı çapı ve hipokotil boyunda ortaya çıkmıştır. Fidecik kök boğazı çapı dışındaki karakterler için tahmin edilen aile kalıtım dereceleri, birey düzeyindeki kalıtım derecelerinden daha yüksek çıkmıştır. Aile kalıtım derecelerinin birey düzeyindeki kalıtım derecelerine kıyasla daha yüksek olması aile seleksiyonu ile gelecek kuşaklarda daha fazla genetik kazanç sağlanabileceğini göstermektedir. Bu konu ile ilgili özellikle Kızılçamda ve diğer bazı ağaç türlerinde yapılmış bilimsel araştırmalarda da bu görüşü destekleyen sonuçlara ulaşılmıştır (Işık, 1998; Öztürk vd. 2004; Gülcü ve Üçler, 2008; Gülcü ve Çelik, 2009; Özbedel, 2014).

Bu çalışma sonuçlarına göre, çalışılan bütün fidecik ve fidan karakterleri bakımından diğer populasyonlara kıyasla üstünlük sağlaması nedeniyle 2 nolu populasyonun, in-situ koruma amaçlı Gen Koruma ve Yönetim alanı olarak (GEKYA) ayrılması önerilebilir. Ayrıca, bu konuda yeni araştırmalar sonuçlandırılıncaya kadar 2, 6 ve 3 nolu populasyonların, diğer populasyonlara kıyasla çalışılan

fidecik ve fidan karakterleri bakımından daha iyi performans göstermiş olmaları nedeniyle Eğirdir Orman Fidanlığı'nda ve benzer yetişme ortamı özelliklerine sahip diğer fidanlıklarda tohum kaynağı olarak kullanılması uygun olacaktır.

Teşekkür

Bu çalışma, Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürlüğü, Orman Mühendisliği Anabilim Dalı'nda tamamlanan "Toros Göknarı'nda (*Abies cilicica* Carr.) Bazı Fidecik ve Fidan Karakterleri Bakımından Genetik Çeşitlilik" konulu yüksek lisans tez çalışmasının bir özetidir. Çalışmada gerek verilerin toplanması, değerlendirilmesi ve gerekse teknik ve bilimsel katkılarından dolayı Prof.Dr. Nebi BİLİR, Prof.Dr. Zafer ÖLMEZ ve Dr. Sultan ÇELİK UYSAL'a teşekkür ederiz.

Kaynaklar

- Birler, A.S., 1995. Ormanlarımızın korunması için endüstriyel plantasyonların önemi. Tema Yayınları No:8, İstanbul.
- Burdon, R.D., Bannister, M.H., Low, C.B., 1992. Genetic survey of *Pinus radiata*. 3: Variance structures and narrow-sense heritabilities for growth variables and morphological traits in seedlings. New Zealand Journal of Forestry Science, 22(2/3):160-186.
- Cossalter, C., 1989 Genetic Conservation. A Cornerstone of Breeding. Strategien: Breeding Tropical Trees, Population Structure and Gene Improvement Strategies in clonal and Seedling Forestry. Proc. IUFRO Conference, Pattaya, Tailand, November 1988, Oxford Forestry Institute, Oxford, U.K., pp.28-38.
- Dirik, H., 1994. Genetik Çeşitlilik ve Orman Gen Kaynaklarının Korunması, İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi, 44(3-4):113-121.
- Falconer, D. S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics, Longman Scientific Technical, Longman Group U.K. Limited, New York.
- Falconer DS., Maccay, TFC. 1996. Introduction to Quantitative Genetics, 2nd Edition, Longman Inc. Group U.K. Limited, New York.
- Gülcü, S., Üçler, 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):1-5.
- Gülcü, S., Çelik, S., 2009. Bazı Tohum Meşcereleri Ve Bahçeleri Tohumlarıyla Kurulan Kızılçam (*Pinus Brutia* Ten.) Ağaçlandırmasında Genetik Çeşitliliğin Yapılanması, Yüksek Lisans Tezi, Süleyman Demirel Üniversitesi. Fen Bilimleri Enstitüsü, Isparta.
- Işık, F., 1998. Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) genetik çeşitlilik, kalıtım derecesi ve genetik kazancın belirlenmesi. Batı Akdeniz Ormanlık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Yayın No:7, Antalya.
- Işık, F., Işık, 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.
- Kalipsız A. 1994. İstatistik Yöntemler. İstanbul Üniversitesi. Yayın No: 3835/427, İstanbul.

- Namkoong G., Conkle MT. 1976. Time trends in genetic control of height growth in Panderosa pine. *Forest Sci.*, 22: 2-12.
- Özbedel, N. 2014. Uludağ Göknarı'nda (*Abies bornmülleriana* Mattf.) Bazı Fidan Karakteri Bakımından Genetik Çeşitlilik. Yüksek Lisan Tezi, Süleyman Demirel Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Isparta.
- Öztürk, H., Şıklar S., Alan, M., Ezen, T., Gülbaba, A.G., Sabuncu, R., Korkmaz, B., Tulukçu, M., Derilgen, S., I., Keskin, S., Çalışkan, B., 2004, Akdeniz Bölgesi Alçak İslah Zonunda (0-400 m) Kızılcıam (*Pinus brutia* Ten.) Döl Denemeleri (4. yaş Sonuçları), Çevre ve Orman Bakanlığı, Orman Ağaçları ve Tohumları İslah Araştırma Müdürlüğü, Yayın No: 230/24, Ankara.
- SAS Inst. Inc., 1988. SAS/STAT User's Guide, Release 6.03, edition, Cary, NC.
- Shelbourne, C. J. A., 1969. Tree Breeding Methods. New Zealand Forest Research Institute, Technical Paper No: 55, New Zealand.
- Shelbourne, C. J. A., 1992, Genetic Gains from Different Kinds of Breeding Population and Seed or Plant Production Population, Paper Presented at the IUFRO Symposium "Intensive Forestry: The Rule of Eucalyptus", Held in Durban, September 1991, South Africa, pp.49-65.
- Sokal, R. R., Rohlf, F. J., 1995. Biometry, Third Edition, W. H. Freeman and Company, New York.
- Şevik, H. 2010. Uludağ Göknarı (*Abies nordmanniana* subsp. bornmulleriana Mattf.) Populasyonlarında Genetik çeşitliliğin yapılanması. Doktora Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- Yahyaoglu, Z., Ölmez, Z., 2005. Tohum Teknolojisi ve Fidanlık Tekniği, Kafkas Üniversitesi, Yayın No:1, Artvin.
- Yurtsever N. 1974. İstatistik Metodları (III), Denemelerin İstatistik Prensiplerine Uygun Tertiplenmesi, Yürütülmesi ve Değerlendirilmesi. Toprak ve Su Genel Müdürlüğü, Toprak ve Gübre Araştırma Enstitüsü, Yayın No: 30, Ankara.