

## Aras Nehri boyunca yayılış gösteren kara kavak popülasyonlarının genetik yapısı

Asiye Uluğ<sup>a,\*</sup>, Funda Özdemir Değirmenci<sup>b</sup>

**Özet:** Kara kavak Türkiye'nin Doğu ve İç Anadolu bölgelerinde yayılış gösteren ve odun üretiminde yoğun bir şekilde kullanılan ekonomik açıdan önemli bir ağaç türüdür. Tüm dünyada ıslah programlarında ham madde üretimi için model organizma olarak kullanılmasının yanı sıra çevresel plastisitesi ve biyoçeşitliliğe sağladığı katkı vasıtasıyla başta Avrupa olmak üzere tüm dünyada doğal popülasyonları ve plantasyonları yoğun bir şekilde kullanılmaktadır. Doğal olarak yayılış gösterdikleri nehir kıyılarında tarla açma ve hidroelektrik santrali kurma gibi insan faaliyetlerinin artmasına paralel olarak türün habitatu günden güne azalmakta ve türün devamlılığı tehdit edilmektedir. Bu çalışmada Aras nehri boyunca yayılış gösteren kara kavak popülasyonlarındaki bireylere 16 mikrosatellit markör ile genetik kimlik verilmiştir. Popülasyonlar içerisinde yüksek oranda beklenen ve gözlenen heterozigotluk bulunmuştur. Aras nehrinin Iğdır-Kars ve Erzurum-Kars arasındaki kısımlarından örneklenen popülasyonların iki genetik gruptan köken aldığı açığa çıkarılmıştır. Bu iki genetik grup arasında yüksek oranda gen akışı sebebiyle düşük oranda genetik farklılaşma olduğu gözlemlenmiştir. Elde edilen genetik veriler Aras nehri boyunca yayılış gösteren kara kavak popülasyonları için *in-situ/ex-situ* koruma programlarının geliştirilmesinin yanı sıra tür ile gerçekleştirilecek ıslah programlarında da kullanılabilir.

**Anahtar kelimeler:** Kara kavak, Aras Nehri, Mikrosatellit, Genetik parmak izi, Gen akışı

## Genetic fingerprinting of black poplar trees in the Aras River

**Abstract:** Black poplar is an economically important tree species that spreads in the Eastern and Central Anatolian regions of Türkiye and is used extensively in wood production. In addition to being used as a model organism for raw material production in breeding programs all over the world, its natural populations and plantations are used extensively, especially in Europe, due to its environmental plasticity and contribution to biodiversity. The habitat of the species is decreasing day by day and the continuity of the species is threatened in parallel with the increase in human activities such as planting fields and establishing hydroelectric power plants on the riverbanks where they naturally spread. In this study, genetic identity was given to individuals in black poplar populations distributed in the Aras River with 16 microsatellite markers. A high level of expected and observed heterozygosity was found in the populations. It turned out that the populations sampled from the sections of the Aras River between Iğdır-Kars and Erzurum-Kars originated from two genetic groups. It has been observed that there is a low rate of genetic differentiation between these two genetic groups due to high gene flow. The genetic data obtained can be used in the development of *in-situ/ex-situ* conservation programs and breeding programs for black poplar populations distributed in the Aras River.

**Keywords:** Black poplar, Aras River, Microsatellite, Genetic fingerprint, Gene flow

### 1. Giriş

Kara kavak (*Populus nigra*) boyu 40 m ye çapı 200 cm' e kadar ulaşan, hızlı gelişen ve yaprak döken bir ağaç türüdür. Aigeiros seksiyonuna ait olan kara kavak Avrupa, Kuzey Afrika, Orta ve Batı Asya'da nehir kıyıları boyunca yayılış göstermektedir (eFloras, 2022). Tür Türkiye' de Doğu ve İç Anadolu bölgeleri başta olmak üzere nehir kıyılarında bireysel ağaçlar ya da popülasyonlar şeklinde yayılmaktadır (Velioğlu vd., 2020). İki evcikli olan bu ağaç türünün polenleri ve tohumları rüzgâr ve su vasıtasıyla çok uzak mesafelere taşınabilir (Tabbener ve Cottrell, 2003). Kara kavak, diğer kavak türleriyle kolayca hibritleşmesi ve vejetatif rejenerasyon kapasitesi sayesinde dünyanın farklı bölgelerinde ıslah programlarında ve biyoenerji ve hammadde üretiminde model ağaç olarak kullanılmaktadır (Vanden Broeck, 2003). Çevresel plastisitesi sayesinde, kimyasal atıkların bulunduğu endüstriyel alanlarda toprağı

temizlemek için ağaçlandırması yapılan bu tür birçok böceğe, küçük memeliye ve kuş türüne ev sahipliği yaptığı için biyoçeşitliliğe büyük oranda katkıda bulunmaktadır (Jelic vd., 2015). Ayrıca yüksek su seviyelerine toleransı, toprak stabilizasyonu ve su havzalarını koruması sayesinde özellikle nehir kıyısındaki ormanlık alanların öncü ağacı olarak kabul edilmektedir (Smulders vd., 2008). Antropojenik etkiler nedeniyle türün habitatının bozulması ve yok olması ayrıca egzotik kavak türleriyle doğal olarak hibritleşmesi yüzünden bu tür Avrupa'da ve Türkiye'de en çok tehdit edilen ağaç türlerinden biri olmuştur. Plantasyonlara ekilen hibrit türlerin tohumla veya vejetatif materyaller vasıtasıyla çoğalması bu türün kendi habitatında yayılmasını engellemekte ve türün gen havuzunun günden güne daralmasına yol açmaktadır (EUFORGEN, 2022).

2020 yılı verilerine göre yaklaşık 19 milyon metreküp odun Tarım ve Ormanlık Bakanlığının tahsis ettiği 22,6 milyon hektarlık orman arazisinden üretilmiştir. 22,6 milyon

✉ <sup>a</sup> Kafkas Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Kars, Türkiye

<sup>b</sup> Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Kırşehir, Türkiye

✉ <sup>\*</sup> **Corresponding author** (İletişim yazarı): asya.ulug@kafkas.edu.tr

✓ **Received** (Geliş tarihi): 07.03.2023, **Accepted** (Kabul tarihi): 03.05.2023



**Citation** (Atıf): Uluğ, A., Özdemir Değirmenci, F., 2023. Aras Nehri boyunca yayılış gösteren kara kavak popülasyonlarının genetik yapısı. Turkish Journal of Forestry, 24(2): 80-84. DOI: [10.18182/tjf.1261601](https://doi.org/10.18182/tjf.1261601)

hektarin yaklaşık %25'i *Pinus brutia* ve *Populus tremula* gibi hızlı büyüyen türlerin doğal meşcerelerinden oluşmaktadır. Doğal meşcerelere ek olarak Türkiye'de yaklaşık 145.000 hektar kavak plantasyonunun var olduğu bilinmektedir. Bu plantasyonların yaklaşık yarısını yıllık kavak odun üretiminin %43'ünü sağlayan kara kavak oluşturmaktadır (Birler, 2010). Türkiye'de her ne kadar hızlı büyüyen ağaç türlerin üretimi yılda yaklaşık 9,3 milyon metreküp olarak tahmin edilse de ham ağaç malzeme sıkıntısı olduğu için orman endüstrilerinin taleplerini karşılamak için Türkiye odun ithalatına başlamıştır (Velioğlu vd., 2020). Artan odun talebi ülkemizin sahip olduğu kavak genetik kaynaklarının doğru bir şekilde ıslah programlarında kullanılmasıyla karşılanabilir.

Türün ülkemizdeki genetik çeşitliliğinin açığa çıkarılması için Göksu ve Kızılırmak nehirlerinden örneklenen doğal kara kavak popülasyonları mikrosatellit DNA markörleri kullanılarak çalışılmıştır (Çiftçi vd., 2017; Çiftçi ve Kaya, 2019). Bu çalışmaların sonuçları kara kavak popülasyonlarında antropojenik etki, genetik darboğaz ve egzotik türlerle gerçekleşen hibritleşme olaylarından kaynaklı genetik çeşitlilikte ciddi seviyede bir azalma olduğunu açığa çıkarmıştır. Türün ülke genelinde doğal yayılış gösterdiği diğer habitatlarındaki genetik çeşitliliğinde açığa çıkarılarak türün etkin bir şekilde kullanılması ve korunması için gerekli koruma programların başlatılması gerekmektedir. Bu çalışmanın amacı ülke genelinde kara kavakların en çok yayılış gösterdiği yerlerden biri olan Doğu Anadolu bölgesinde yer alan Aras nehri boyunca örneklenen Iğdır ve Erzurum kara kavak popülasyonlarındaki bireylerin genetik parmak izini 16 nükleer mikrosatellit markörü kullanarak açığa çıkarmaktır. Ayrıca nehir boyunca yayılış gösteren popülasyonların genetik çeşitliliğini açığa çıkararak sürdürülebilir ıslah ve *in-situ/ex-situ* koruma programları için genetik veri üretmekte çalışmanın amaçlarındandır.

## 2. Materyal ve yöntem

Aras nehrinin Iğdır-Kars arasında yer alan kısmından 17, Erzurum-Kars arasında yer alan kısmından ise 16 *P. nigra* ağacı Iğdır ve Erzurum popülasyonlarını temsil edecek şekilde örneklenmiştir. Örneklenen her ağaç arasında aynı genotipin klonunu örneklememek adına en az 500 m mesafe belirlenmiştir. Her bir ağaçtan taze yaprak örnekleri alınarak DNA izolasyonu yapılarak silika jeller içerisinde muhafaza edilmiştir. Yaprak örneklerinden DNA izolasyonu CTAB metodu ile gerçekleştirilmiştir (Doyle ve Doyle, 1990). İzole edilen DNA'ların konsantrasyonu ve kalitesi BIODROP spektrofotometre ile ölçülmüştür. Çalışılan her markör için PCR karışımı ve PCR koşulları Çiftçi ve Kaya (2019)'un çalışması referans alınarak yapılmıştır. Elde edilen PCR ürünleri amplifikasyon başarısını açığa çıkarmak için %3' lük agaroz jelde yarım saat 100V' da yürütülmüştür. PCR ürünlerinin fragment analizi BM Labosis (Ankara) şirketine hizmet alımı karşılığında yaptırılmıştır. Çalışılan mikrosatellit bölgelerinin sahip olduğu aleller Peak Scanner v2.0 (Applied Biosystems) yazılımı ile belirlenmiştir. Kavaklarda tohumla üremenin yanı sıra vejetatif yolla üreme de sıklıkla görüldüğü için örneklenen ağaçların klon olup olmadığını açığa çıkarmak amacıyla GENCLONE 2.0 (Arnaud-Haond vd., 2007) programı kullanılmıştır. Alel verileri GENALEX 6.503 (Peakall ve Smouse, 2012) programına göre düzenlenerek bu program vasıtasıyla genetik çeşitlilik analizi yapılmıştır. STRUCTURE v2.3.4 (Pritchard vd., 2000) ve Minimum Spanning Network (MSN)

(Kamvar vd., 2014) programları da kullanılarak çalışılan kara kavak bireylerinin genetik yapısı ve bireylerin birbirine olan genetik yakınlıkları belirlenmiştir. MSN analizi bireylerin alelik çeşitlilikleri baz alınarak aralarındaki genetik mesafeye göre yapılmıştır.

## 3. Bulgular ve tartışma

Aras nehri boyunca örneklenen 33 kara kavak ağacından yüksek konsantrasyon ve kalitede DNA izole edilmiştir. PCR amplifikasyonu çalışılan her markör bölgesi için başarılı bir şekilde gerçekleştirilmiştir. Tüm lokuslar %100 oranında polimorfik bulunmuştur. Çalışılan tüm bireyler için 16 mikrosatellit bölgesi kullanılarak genetik parmak izi çıkarılmıştır. Bireylerin multilokus genotip yapıları Ek Çizelge' de verilmiştir. Vejetatif olarak üreyen kavak türlerinde klonal çoğalma çok sık rastlanılan bir durum olmasına karşın bu çalışmada örneklenen ağaçlardan herhangi birinin klonu iki kez örneklenmemiştir. Bu da örneklemenin doğru bir şekilde yapıldığını göstermektedir.

PMGC93 lokusu en düşük alel sayısına (2) sahipken PMGC2163, PMGC14 ve PMGC28 lokusları en yüksek alel sayısına (7) sahiptir. Iğdır popülasyonundaki üçüncü birey yedi lokusta (WPMS20, WPMS04, WPMS07, WPMS18, PMGC14, PMGC21) özgün alel taşıdığı için popülasyon içerisinde en fazla farklılaşma gösteren birey olarak bulunmuştur. Erzurum popülasyonunda yer alan 20. birey yedi (WPMS04, WPMS07, WPMS15, WPMS18, WPMS03, PMGC14, PMGC21), 21 ve 22 numaralı bireyler ise altı lokusta (21. Birey: WPMS04, WPMS12, WPMS14, WPMS16, PMGC21, PMGC27; 22. Birey: WPMS04, WPMS09, WPMS03, PMGC14, PMGC21, PMGC28) özgün alel taşıdıkları için popülasyonun farklılaşmasına büyük oranda katkı sağlamışlardır (Ek Çizelge 1). Bireylerin çalışılan lokuslardaki benzerlik olasılıkları (PI), WPMS05, WPMS15, WPMS16 ve PMGC93 lokusları için kritik değer olarak kabul edilen 0.20 den yüksektir (Peakall ve Smouse, 2012) (Çizelge 1). Bu lokusların dışında kalan 12 mikrosatellit lokusunun kara kavak popülasyonlarındaki genetik çeşitliliği açığa çıkarmadaki etkinliği yüksek bulunmuştur.

WPMS09, WPMS15 ve PMGC2163 lokusları tüm bireylerde heterozigot yapı göstermiştir ve gözlenen heterozigotluk oranı  $H_o = 1$  olarak hesaplanmıştır. Çalışılan tüm lokuslarda gözlenen heterozigotluk oranı genel olarak yüksek bulunmuştur (Çizelge 1). Lokuslar için beklenen heterozigotluk ( $H_e$ ) değeri en düşük olarak PMGC93 lokusu için 0,43 ve en yüksek PMGC28 lokusu için 0,73 olarak hesaplanmıştır. Söğütgiller familyasına mensup olan tüm ağaçlarda diploid olma ve rüzgarla tozlaşma gibi etmenler sayesinde yüksek oranda heterozigotluk gözlenmektedir (Cortan vd., 2016; Değirmenci vd., 2019). Kara kavaklarla yapılan benzer çalışmalarda da heterozigotluk çok yüksek bulunmuştur (DeWoody vd., 2015; Lewandowski ve Litkowiec, 2017). Populasyonlardaki kendileşme oranını gösteren  $F_{IS}$  değeri tüm lokuslar için negatif olarak hesaplanmıştır (Çizelge 2). Negatif  $F_{IS}$  değeri populasyonlar içindeki heterozigotluğun homozigotluktan daha fazla olduğunu ve kendileşme oranının düşük olduğunu göstermektedir. Kavak türlerinde kendileşme sıkça rastlanan bir problem olmasına karşın bu çalışmada düşük oranda hesaplanmasının sebebi popülasyonlar arasında herhangi bir genetik izolasyonun olmaması sayesinde uzun mesafe dahi olsa gen akışının yüksek seviyede gerçekleşmesi olabilir

(Jelic vd., 2015). Yüksek oranda heterozigotluk genellikle rastgele eşleşmelerin olduğu küçük popülasyonlarda görülür ve doğal seleksiyon homozigot bireylere kıyasla daha yüksek hayatta kalma gücü olan heterozigot bireylerin devamlılığına katkı sağlar (Allendorf ve Luikart, 2007). Heterozigot bireylerin homozigot bireylerden daha fazla sayıda olması ve çiftleşmelerin rastgele olması çalışılan popülasyonlar içerisinde alel çeşitliliğini yükseltmek kendileşme oranının düşmesine ve daha farklı genotipte bireylerin açığa çıkmasına olanak sağlamış olabilir (Garza ve Williamson, 2001). Benzer çalışmalarda popülasyonlarda kendileşmenin görülme sebebi genetik sürüklenme ve darboğaza maruziyet sonucu genetik çeşitliliğe katkı sağlayan ama gen frekansı düşük olan alellerin kaybolmasıyla sürekli olarak yüksek frekansta bulunan aynı alelleri taşıyan bireylerin çiftleşmesi olabilir (Çiftçi ve Kaya, 2019; Değirmenci vd., 2022).

İğdır ve Erzurum popülasyonları için  $H_o/H_e$  değerleri sırasıyla 0,87/0,60 ve 0,88/0,61 olarak hesaplanmıştır. Bu değerler popülasyonlar içerisinde yüksek oranda genetik çeşitliliğin olduğunu göstermektedir. (Çizelge 2). Türkiye’de çalışılan Göksu ve Kızılırmak nehirlerindeki kara kavak popülasyonlarındaki genetik çeşitlilik Aras nehriyle karşılaştırıldığında daha az bulunmuştur (Çiftçi ve Kaya, 2019). Bunun sebebi bu bölgelerde insan faaliyetlerinin daha fazla olması ve türün habitatının yüksek oranda yok edilmesiyle açıklanabilir. Aras nehri ve havzası tarım faaliyetleri ve enerji santrali kurmak amacıyla daha az tahrip edildiği için bu nehir boyunca yayılış gösteren kara kavak popülasyonundaki genetik çeşitlilik yüksek seviyede korunmuştur.

İğdır ve Erzurum popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma değeri ( $F_{ST}$ ) 0,03 ve göç eden birey sayısı 7,57 olarak hesaplanmıştır. 0,05’ten düşük olan  $F_{ST}$  değeri bu popülasyonlar arasında önemli ölçüde gen akışının olduğunu ve genetik farklılaşmanın azaldığını göstermektedir (Allendorf ve Luikart, 2007; Smulders vd., 2008). Popülasyonlar arası genetik farklılaşma gen akışının yoğun olması sebebiyle azaldığı heterozigotluk değerleri ve alel sayıları İğdır ve Erzurum popülasyonları için çok yakın bulunmuştur (Çizelge 2). Ülkemizde Göksu ve Kızılırmak

nehirlerinde yayılış gösteren kara kavak popülasyonları ile yapılan genetik çeşitlilik çalışmalarında  $F_{ST}$  değeri her iki nehir içinde 0,03 olarak bulunmuştur. İki nehir arasındaki genetik farklılaşma da yine düşük seviyede bulunmuştur ( $F_{ST} = 0,06$ ). Benzer şekilde Smulders vd. (2008) Avrupa’da on nehirden örneklenen kara kavak popülasyonlarındaki  $F_{ST}$  değerini 0,08 olarak bildirmiştir. Bu değerler coğrafik olarak birbirine uzak olan kara kavak popülasyonları arasında insan aracılı, rüzgâr ya da su vasıtasıyla genetik materyal aktarımının çok yüksek seviyede olduğunu göstermiştir. Genetik çeşitliliğin devam ettirilebilmesi ve genetik farklılaşmanın artması için Aras Nehri’ndeki popülasyonların farklı gen kaynaklarından beslenmesi gerekmektedir. Hep aynı gen havuzundan eşleşme olduğu müddetçe genetik farklılaşmadaki azalmadan dolayı türün gen havuzu daralacaktır. Gen havuzunun genişletilmesi de farklı bölgelerde yayılış gösteren farklı genotipteki kavak ağaçlarının nehir boyunca plantasyonu ile sağlanabilir.

Popülasyonlardaki bireylerin genetik yapısına STRUCTURE programı ile bakıldığında ağaçların iki gen havuzundan köken aldıkları gözlemlenmektedir. İğdır popülasyonundaki bireyler birinci gen havuzundan orijin alırken, Erzurum popülasyonundaki bireyler ikinci gen havuzundan orijin almaktadır. 1. ve 14. bireyler İğdır popülasyonunda yer alsın da genetik olarak Erzurum popülasyonunun özelliklerini baskın olarak taşımaktadır. Benzer şekilde 19. birey Erzurum popülasyonunda yer almasına rağmen İğdır popülasyonundaki bireylerle aynı alelleri taşımaktadır. Bu iki ağaç insan aracılı veya rüzgâr ya da su aracılı materyal transferi ile bulundukları popülasyonlardan diğer popülasyona gen akışını sağlamış olabilir. Her ne kadar çoğu birey baskın olarak bir gen havuzunun özelliklerini taşısa da 2,3, 8,10 ve 20. bireyler her iki gen havuzunun da özelliklerini baskın bir şekilde göstermektedir (Şekil 1). Kavak türlerinde yaygın olarak görülen kısa ya da uzun mesafe gen akışı Aras Nehri boyunca iki popülasyonda da her iki gen havuzunun da özelliklerini gösteren bireyler oluşmasına yol açmıştır (Rathmacher vd., 2010). Bu bireyler de türün ve popülasyonların genetik çeşitliliğine katkı sağlamaktadır.

Çizelge 1. Mikrosatellit lokusları için genetik çeşitlilik parametreleri

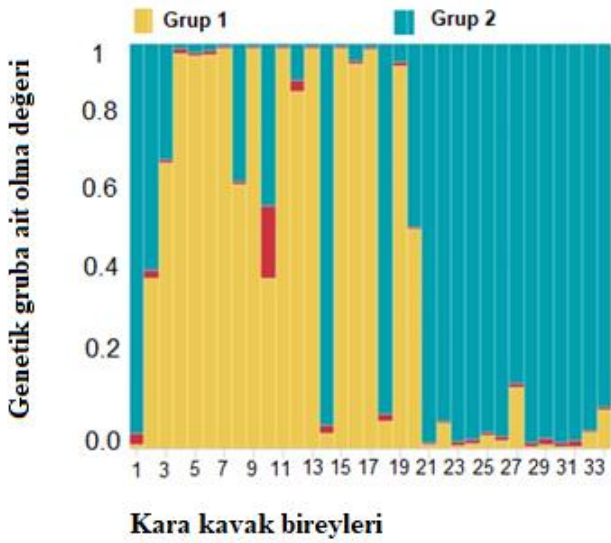
	WPM S20	WPM S04	WPM S05	WPM S07	WPM S09	WPM S12	WPM S14	WPM S15	WPM S16	WPM S18	WPM S03	PMG C14	PMG C21	PMG C27	PMG C28	PMG C93
N	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33
Na	5	4	4	5	5	4	5	3	3	4	6	7	7	5	7	2
Ne	3,37	2,32	1,82	2,80	2,71	2,67	3,08	2,12	2,06	2,99	2,47	3,57	3,32	2,70	3,72	1,77
PI	0,14	0,18	0,22	0,14	0,15	0,12	0,10	0,25	0,26	0,10	0,12	0,08	0,09	0,11	0,08	0,28
Ho	0,91	0,61	0,64	0,94	1,00	0,97	0,94	1,00	0,91	0,91	0,82	0,97	1,00	0,88	0,88	0,64
He	0,70	0,57	0,45	0,64	0,63	0,63	0,68	0,53	0,51	0,67	0,60	0,72	0,70	0,63	0,73	0,43
F	-0,29	-0,07	-0,41	-0,46	-0,59	-0,55	-0,39	-0,89	-0,77	-0,37	-0,38	-0,35	-0,43	-0,40	-0,20	-0,47

N: Örneklenen birey sayısı, Na: Ortalama alel sayısı, Ne: Etkin alel sayısı, PI: Benzerlik olasılığı, Ho: Gözlenen heterozigotluk, He: Beklenen heterozigotluk, F: Kendileşme katsayısı

Çizelge 2. İğdır ve Erzurum kara kavak popülasyonları için genetik çeşitlilik parametreleri

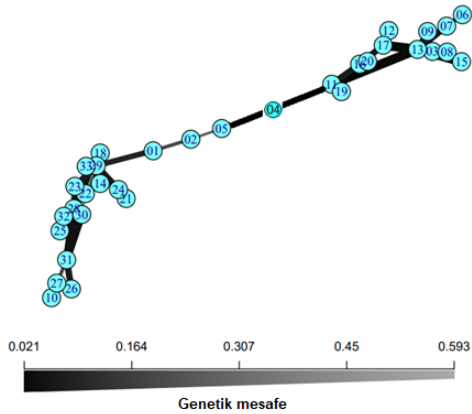
Populations	N	Na	Ne	Ho	He	F	$F_{ST}$	Nm
İğdır	17	4,22	2,67	0,87	0,60	-0,41		
Erzurum	18	4,48	2,69	0,88	0,62	-0,43	0,03	7,57
Ortalama	17,5	4,35	2,68	0,87	0,61	-0,42		

N: Örneklenen birey sayısı, Na: Ortalama alel sayısı, Ne: Etkin alel sayısı, Ho: Gözlenen heterozigotluk, He: Beklenen heterozigotluk, F: Kendileşme katsayısı,  $F_{ST}$ : Genetik farklılaşma, Nm: Göç eden birey sayısı



Şekil 1. Aras nehri boyunca örneklenen 33 kara kavak ağacının genetik yapı analizi

■ Aras  
1-17 Iğdır popülasyonu  
18-33 Erzurum popülasyonu



Şekil 2. Minimum Spanning Network genetik mesafe analiz sonuçları

Iğdır ve Erzurum popülasyonu olarak adlandırdığımız popülasyonların bireylerine bakıldığında genel olarak Iğdır-Kars arasından örneklenen bireylerin (1-17 arasındaki bireyler) genetik olarak birbirlerine daha yakın oldukları gözlenmektedir. Bu bireyler arasındaki genetik mesafe daha az hesaplanmıştır (Şekil 2). Aynı şekilde Erzurum- Kars arasından örneklenen bireyler (18-33) arası genetik mesafe daha az bulunmuştur ve bu bireyler bir küme oluşturmuştur. Bunun sebebi coğrafik olarak birbirine daha yakın olan popülasyonlar arasında yüksek oranda gen akışı olduğu için bireyler genetik olarak birbirine daha yakındır. Iğdır popülasyonundaki 10 ve 14 numaralı ağaçlar Erzurum popülasyonundaki ağaçlara genetik olarak daha yakın bulunduğu için onlarla gruplanmıştır. Benzer şekilde Erzurum popülasyonundaki 19 ve 20 numaralı ağaçlar da Iğdır popülasyonundaki ağaçlara genetik olarak benzer

oldukları için Iğdır popülasyonu içerisinde gruplanmıştır. Aynı sonuçlar genetik yapı analizinde de elde edilmiştir (Şekil 1). Coğrafik olarak birbirlerine uzak olan popülasyonlardaki belirli bireylerin genetik olarak birbirlerine daha yakın bulunmasının sebebi popülasyonlar arasında rüzgâr veya su vasıtasıyla tohum ya da vejetatif materyal transferi olabilir. Kavak popülasyonlarında uzak mesafelere bu şekilde gen akışı sıklıkla görülmektedir (Imbert ve Lefevre, 2003; Dewoody vd., 2015). Ayrıca insan aracılı vejetatif materyal transferi de bu iki bölge arasındaki gen akışına yol açmış olabilir.

#### 4. Sonuç

Aras nehri boyunca örneklenen kara kavak ağaçlarının genetik parmak izleri ve popülasyon içindeki genetik çeşitlilik polimorfik mikrosatellit DNA markörleriyle başarılı bir şekilde açığa çıkarılmıştır. Bu çalışmanın sonucunda elde edilen bulguların kara kavak ile yapılacak ıslah ve koruma programları için yararlı olması beklenmektedir. Ayrıca çalışmanın yapıldığı bölge dikkate alındığında, yüksek oranda genetik çeşitlilik içeren Aras popülasyonunun ülkemizde kâğıt üretimi ve çeşitli alanlarda kullanılan kavak plantasyonları için soğuğa dirençli yeni varyetelerin geliştirilmesinde değerlendirilebileceği öngörülmektedir.

#### Açıklama

Bu çalışmanın deney aşamaları Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Biyolojik Bilimler Bölümünde, Prof. Dr. Zeki Kaya'nın yöneticiliğindeki Bitki Genetiği ve Doku Kültürü laboratuvarında yapılmıştır. Desteklerinden ötürü Prof. Dr. Zeki Kaya'ya teşekkür ederiz.

#### Kaynaklar

- Allendorf, F.W., Luikart, G., 2007. Conservation and the genetics of populations. Blackwell Publishing, Malden, Oxford.
- Arnaud-Haond, S., Duarte, C.M., Alberto, F., Serrao, E.A., 2007. Standardizing methods to address clonality in population studies. *Molecular Ecology*, 16: 5115–5139.
- Birler, A.S., 2010. Türkiye'de Kavak Yetiştirme (Fidanlık Ağaçlandırma Koruma Hasılat Ekonomi Odun Özellikleri). Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Müdürlüğü Yayınları, İzmit.
- Çortan, D., Schroeder, H., Šijačić-Nikolić, M., Wehenkel, C., Fladung, M., 2016. Genetic structure of remnant black poplar (*Populus nigra* L.) populations along biggest rivers in Serbia assessed by SSR markers. *Silvae Genetica*, 65(1):12–19. <https://doi.org/10.1515/sg-2016-0002>.
- Çiftçi, A., Karatay, H., Küçükosmanoğlu, F., Karahan, A., Kaya, Z., 2017. Genetic differentiation between clone collections and natural populations of European black poplar (*Populus nigra* L.) in Turkey. *Tree Genetics and Genomes*, 13(69): 1-12.
- Çiftçi, A., Kaya, Z., 2019. Genetic diversity and structure of *Populus nigra* populations in two highly fragmented river ecosystems from Turkey. *Tree Genetics and Genomes*, 15(4): 66.
- Değirmenci, F.O., Acar, P., Kaya, Z., 2019. Consequences of habitat fragmentation on genetic diversity and structure of *Salix alba* L. populations in two major river systems of Turkey. *Tree Genetics & Genomes*, 15(4):59.
- Değirmenci, F.Ö., Uluğ, A., Acar, P., Kaya, Z., 2022. Genetic diversity and population structure of *Salix alba* across river systems in Turkey and their importance in conservation management. *Plant Ecology & Diversity*, 14(3): 283-291.

- DeWoody, J., Trewin, H., Taylor, G., 2015. Genetic and morphological differentiation in *Populus nigra* L: Isolation by colonization or isolation by adaptation. *Molecular Ecology*, 24(11): 2641-2655.
- Doyle, J.J., Doyle, J.L., 1990. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- Efloras, 2022. *Populus nigra*. [http:// www.efloras.org](http://www.efloras.org), Accessed: 03.03.2023.
- EUFORGEN, 2022. *Populus nigra*. [https://www.euforgen.org/species/ populus-nigra/](https://www.euforgen.org/species/populus-nigra/), Accessed: 20.02.2023.
- Garza, J., Williamson, E., 2001. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Molecular Ecology*, 10: 305-318.
- Imbert, E., Lefevre, F., 2003. Dispersal and gene flow of *Populus nigra* (Salicaceae) along a dynamic river system. *Journal of Ecology*, 91: 447-456.
- Jelic, M., Patenkovic, A., Skoric, M., Misic, D., Kurbalija Novicic, Z., Bordacs, S., Varhidi, F., Vasic, I., Benke, A., Frank, G., Siler, B., 2015. Indigenous Forest of European black poplar along the Danube River: Genetic structure and reliable detection of introgression. *Tree Genetics & Genomes*, 11: 1-14.
- Kamvar, Z.N., Tabima, J.F., Grünwald, N.J., 2014. PopPr: An R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ*, 2: e281, <https://doi.org/10.7717/peerj.281>.
- Lewandowski, A., Litkowiec, M., 2017. Genetic structure of the old black poplar population along the bank of the Vistula River in Poland. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*, 86(1): 3524 <https://doi.org/10.5586/asbp.3524>
- Peakall, R., Smouse, P.E., 2012. GenALEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28(19): 2537-2539.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- Rathmacher, G., Niggemann, M., Kohnen, M., Ziegenhagen, B., Bialozyt, R., 2010. Short distance gene flow in *Populus nigra* L. accounts for small scale spatial genetic structures: Implications for in situ conservation measures. *Conservation Genetics*, 11: 1327-1338.
- Smulders, M.J.M., Cottrell, J.E., Lefevre, F., Van Der Schoot, J., Arens, P. et al., 2008. Structure of the genetic diversity in black poplar (*Populus nigra* L.) populations across European river systems: Consequences for conservation and restoration. *Forest Ecology and Management*, 255(5):1388- 1399.
- Tabbener, H.E., Cottrell, J.E., 2003. The use of PCR based DNA markers to study the paternity of poplar seedlings. *Forest Ecology and Management*, 179: 363- 376.
- Vanden Broeck, A., 2003. Genetic conservation and use for European black poplar (*Populus nigra*). International Plant Genetic Resources Institute, EUFORGEN Technical Guidelines, Rome.
- Veliöğlu, E., Bostanci, Y.S., Akgül, S., 2020. Poplars and willows in Turkey. Poplar and fast-growing Forest Trees Research Institute, Country progress report of the National Poplar Commission Time period: 2016-2019, Kocaeli.

## Ekler

### Ek Çizelge 1. Kara kavak ağaçlarının multilokus genotip yapıları

İğdir popülasyonu																
	WPMS03	WPMS04	WPMS05	WPMS07	WPMS09	WPMS12	WPMS14	WPMS15	WPMS16	WPMS18	WPMS20	PMGC14	PMGC21	PMGC27	PMGC28	PMGC93
1	269/281	274/274	228/278	226/230	246/246	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	192/212	351/357
2	263/269	274/274	278/284	230/232	246/246	164/174	210/243	204/210	150/150	225/234	220/234	195/201	228/240	190/194	192/212	351/351
3	251/269	247/247	278/284	226/262	246/260	164/174	210/243	204/210	144/150	231/234	234/234	195/219	228/240	190/194	202/212	351/351
4	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	164/174	231/243	204/210	144/150	231/234	234/234	198/204	224/228	190/194	202/212	351/357
5	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	164/174	231/243	204/210	144/150	231/234	216/234	195/201	224/228	190/194	202/212	351/357
6	251/251	247/274	278/284	230/230	246/260	166/174	231/243	204/210	144/150	225/231	223/236	198/204	224/228	190/204	202/212	351/351
7	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	166/174	231/243	204/210	144/150	231/234	234/236	198/204	224/228	190/204	202/212	351/351
8	251/269	247/247	278/284	226/262	260/274	166/174	210/243	204/210	144/150	231/231	220/234	195/201	228/240	190/194	192/202	351/351
9	263/269	247/247	278/284	230/262	246/260	166/174	231/243	204/210	144/150	231/234	234/234	201/219	224/228	190/204	184/184	351/351
10	263/281	274/274	278/284	230/230	246/274	164/174	231/243	204/210	144/144	225/234	234/234	192/201	228/240	190/190	192/212	351/357
11	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	166/174	231/243	204/210	144/150	231/234	234/234	201/219	224/228	190/204	202/212	351/357
12	263/281	247/247	278/284	230/262	246/260	166/174	243/243	204/210	144/144	231/234	220/234	195/201	224/228	190/204	192/212	351/351
13	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	166/174	231/243	204/210	144/150	231/234	234/234	201/219	224/228	190/204	202/212	351/351
14	269/281	249/274	278/278	226/230	246/274	166/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	192/212	351/351
15	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	166/174	231/243	204/210	144/150	231/234	216/234	201/219	224/228	190/204	202/212	351/351
16	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	164/174	231/243	204/210	144/150	231/234	220/234	201/219	224/228	190/204	202/212	351/357
17	263/269	247/274	278/284	230/262	246/260	166/174	231/243	204/210	144/150	231/234	220/234	201/219	224/228	190/204	202/212	351/351
Erzurum popülasyonu																
18	269/281	247/249	278/278	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/190	202/212	351/357
19	263/269	247/249	278/284	226/262	246/260	166/174	210/231	204/210	144/150	231/234	216/234	201/219	224/228	194/204	212/212	351/357
20	263/269	247/249	278/278	230/240	246/252	164/174	231/231	210/216	144/150	234/234	216/234	201/207	228/260	202/204	202/212	351/357
21	269/281	264/274	278/284	226/230	246/274	160/174	210/246	204/210	130/144	225/231	220/234	195/195	240/248	190/200	184/184	351/357
22	269/281	247/274	278/280	226/230	246/256	164/174	210/231	204/210	144/150	228/231	220/228	195/219	224/266	190/190	210/212	351/357
23	269/281	247/274	278/284	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	180/192	351/357
24	269/281	247/274	278/278	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	184/184	351/357
25	269/281	247/274	278/278	226/230	246/274	164/174	231/243	204/210	144/150	225/234	220/234	201/219	224/240	190/194	192/212	351/357
26	269/281	274/274	278/278	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	194/204	192/202	351/357
27	263/281	274/274	278/278	226/230	246/274	164/174	210/231	204/210	144/150	231/234	216/234	201/219	224/240	190/194	192/212	351/351
28	269/281	247/274	278/278	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	192/212	351/357
29	269/281	247/274	278/278	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	192/212	351/357
30	269/281	274/274	278/278	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	192/212	351/357
31	269/281	274/274	278/278	226/230	246/274	164/174	210/243	204/210	144/150	225/231	220/234	195/201	224/240	190/194	192/212	351/357
32	263/263	247/247	278/284	226/230	246/274	164/164	210/231	210/216	144/150	228/231	220/234	195/207	224/268	190/190	192/200	351/357
33	272/272	247/247	278/278	226/230	246/274	164/174	210/260	204/210	144/150	225/225	228/234	195/201	224/268	190/204	180/192	351/357