



## ÖNSÖZ

Kızılcım (*Pinus brutia* Ten.), ülkemiz ormancılığı açısından önemli bir türümüzdür. Değişik ekolojik çevrelerde yetişebilmesi, hızlı gelişen ve ıslah çalışmalarına en uygun türlerimizden birisi olması nedeniyle, son yıllarda bu türümüz üzerine yapılan genetik çalışmalar yoğunlaşmıştır.

Yapılacak ıslah programlarında kullanılmak üzere temel bilgi birikimi sağlamak için yapılan çalışmalardan biri de, bu türümüzdeki genetik çeşitliliğin seviyesinin belirlenmesi amacıyla yapılan izoenzim analizleridir.

Dalaman Çayı Havzasından örneklenen doğal kızılçam popülasyonlarında genetik çeşitliliğin seviyesinin belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmanın, TARP Projesi kaynaklarından desteklenmesini sağladıkları için T.C. Orman Bakanlığı ve Dünya Bankası yetkililerine, bütün olanaklarını bizlere sunan Ege Ormancılık Araştırma Müdürlüğü yetkililerine teşekkür ederiz.

İleride yapılacak benzer çalışmalara ışık tutacağına inandığımız bu çalışmanın ıslah programlarına yararlı olmasını diliyoruz.

**İZMİR, 2002**

**Dr. Bünyamin DOĞAN**

**Zeynep Gülçin ALTUN**

## İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ .....	I
İÇİNDEKİLER .....	II
ÖZ.....	IV
ABSTRACT.....	IV
<b>1. GİRİŞ .....</b>	<b>1</b>
<b>2. LİTERATÜR ÖZETİ.....</b>	<b>7</b>
<b>3. MATERYAL VE METOD .....</b>	<b>9</b>
3.1. Populasyonların Tanıtımı ve Örneklenmesi.....	9
Tablo 1. Populasyonlara Ait Genel Bilgiler.....	9
Şekil 1. Dalaman Çayı havzasında Örneklenen Kızılcım Populasyonlarının Yerleri .....	10
3.2.Tohumların Hazırlanması .....	11
Tablo 2. Özütleme Tamponu .....	11
3.3.Laboratuar Çalışmaları .....	11
Tablo 3. Çalışılan Enzimler .....	12
Tablo 4. Çalışmada Kullanılan Jel ve Elektrot Tampon Sistemleri.....	13
Elektrot Tampon Çözeltileri .....	13
Tablo 5. Enzim Sistemlerine Uygulanan Akımlar .....	14
3.4.Değerlendirme .....	14
<b>4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....</b>	<b>16</b>
4.1.İzoenzim Bant Yapıları ve Genetik Kontrolleri.....	16
Şekil 2. Kızılcım Endospermelerinde Bant Yapıları.....	17
Tablo 6. Heterozigot Bireylerde Endosperm Açılımları ve 1:1 Uygunluk ( $\chi^2$ ) Testi.....	20
4.2.Populasyonların Genetik Yapıları.....	21
Tablo 7. Populasyonlarda Allel Frekansları ve Değişkenlik (Heterogeneity) Değerleri.....	23
Tablo 8. Sekiz Populasyonda Polimorfik Lokus Oranı (P), Lokus Başına Düşen Ortalama Allel ve Etkili Allel Sayısı (A ve E), Gözlenen ve Beklenen Heterozigotluk Değerleri ( $H_o$ ve $H_e$ ) (%95) .....	24

Tablo 9. Populasyonlarda F-Değerleri.....	25
Tablo 10. Dalaman Çayı havzasında Kızılcım Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı.....	26
4.3. Populasyonlarda Genetik Mesafe .....	27
Tablo 11. Populasyonların Yansız Genetik Mesafe ve Benzerlikleri (Nei 1978) .....	27
Şekil 3. Sekiz Populasyonun Benzerlik Diyagramı .....	28
<b>5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....</b>	<b>30</b>
<b>ÖZET .....</b>	<b>31</b>
<b>SUMMARY .....</b>	<b>32</b>
<b>KAYNAKÇA.....</b>	<b>33</b>

## ÖZ

Bu çalışma, Türkiye’de kızılçam ıslah programlarına bilgi sağlamak amacıyla yapılmıştır. Bu amaçla, Dalaman Çayı havzasındaki doğal kızılçam populasyonları örneklenmiş ve izoenzim analizleri ile genetik yapı incelenmeye çalışılmıştır.

Sekiz populasyondan örneklenen 251 adet aileye ait yedişer adet tohumun besidokuları (endosperm) kullanılarak yapılan analizlerde 13 adet enzim sisteminde çalışılmıştır. Toplam 22 adet lokus değerlendirmeye alınabilmiş bunlardan 20 adedinin polimorfik yapıda olduğu gözlenmiştir. Populasyonlarda genetik çeşitliliğin seviyesinin yüksek olduğu ( $H_T=0.353$ ), genetik çeşitliliğin büyük oranda (%94) populasyon içinden kaynaklandığı bulunmuştur.

Genetik çeşitlilik büyük oranda populasyon içinden kaynaklandığından, seleksiyon çalışmalarının populasyon içindeki plus bireyler üzerinde yoğunlaştırılması uygun olacaktır..

**Anahtar Kelimeler:** *Dalaman Çayı Havzası, Kızılçam, Pinus brutia* Ten., *İzoenzim, Genetik Çeşitlilik.*

## ABSTRACT

This study has been done in order to provide information for the breeding studies of Turkish Red Pine (*Pinus brutia* Ten.) in Turkey. With this purpose, natural Turkish Red Pine populations in Dalaman Watershed were sampled and tried to examine their genetic structure by using isozyme analysis.

251 family were sampled from 8 populations and isozyme analysis were done in 13 enzyme systems by using 7 seeds megagametophytes from each family. Total 22 loci were evaluated and 20 polymorphic loci were monitored. The level of total genetic diversity was found very high ( $H_T=0.353$ ), and mostly originated within population (%94).

Giving the fact that the genetic variation is mostly originated within populations, it would be appropriate to focused on plus individuals basis within zones.

**Key words:** *Dalaman Çayı Watershed, Turkish Red Pine, Pinus brutia* Ten., *Isozyme analysis, genetic diversity.*

## 1. GİRİŞ

Yaklaşık dört bin yıl önce 8 milyar ha olan dünya ormanları, son 150 yıldan beri hızla tahrip edilerek azalmış, 1980 yılı verilerine göre, 3.6 milyar ha düzeyine inmiştir. Buna paralel olarak, odun hammaddesi üretimi de azalmış ve bugünkü talebi karşılayamaz hale gelmiştir. İki binli yılların ilk çeyreğinde, Dünyada büyük ölçüde odun hammaddesi açığı olacağı tahmin edilmektedir (Boydak ve Dirik, 1998).

Bugün ormanlarımızın yıllık cari artımı 32,4 milyon m<sup>3</sup>, yıllık ortalama etası 18,7 milyon m<sup>3</sup>, hektardaki cari artımı ise yaklaşık 1,5 m<sup>3</sup> tür. Ülkemizde odun hammaddesi tüketiminin ise yaklaşık 30 milyon m<sup>3</sup> olduğu tahmin edilmektedir. Buna göre, yıllık odun hammaddesi tüketimi yıllık ortalama etayı fazlası ile aşmış ve neredeyse tüm yıllık cari artımın alınmasına doğru gitmektedir (Anonim, 1995; Boydak ve Dirik, 1998). Ayrıca nüfusumuzun hızla arttığı düşünülürse, ileriki yıllarda önemli oranda bir odun hammaddesi açığının ortaya çıkacağı kesindir. Bu açığın ithalat yolu ile karşılanmasının maliyeti ise üzerinde önemle durulması gereken bir sorun olarak ortaya çıkacaktır.

Odun hammaddesi açığının kapatılması için melez kavak, okaliptus, vb. hızlı gelişen egzotik türlerle endüstriyel plantasyonların tesis edilmesi, bu türlerin biyolojik özellikleri ve ekolojik istekleri göz önüne alındığında, sorunu çözmeye yetmeyecektir (Avcıoğlu, 1982; Avcıoğlu ve Gürses, 1988; Birler, 1995; Boydak ve Dirik, 1998; Gülbaba, 1995; Gülbaba ve ark., 1994; Gürses, 1993; Kahveci ve Tüfekçioğlu, 1998; Mol, 1998; Tunçtaner, 1998). Bu durum, doğal orman ağacı türlerimizde ıslah-genetik çalışmalarına gerekli ağırlığın verilmesini zorunlu kılmaktadır.

Bu yaklaşımla, ıslah edilmiş yerli türlerimiz kullanılarak geniş alanlarda endüstriyel plantasyonlar kurulması ve doğal ormanlardan faydalanmanın mümkün olduğunca en alt düzeye indirilmesi yerinde olacaktır. Bu yaklaşıma iyi bir örnek olarak, Yeni Zelanda'da ki ormancılık uygulamaları verilebilir. Yeni Zelanda'da ıslah edilmiş Radiata çamı ile yapılan 1,3 milyon ha endüstriyel plantasyondan 17 milyon m<sup>3</sup> yıllık üretim yapılmakta ve hektarda 13 m<sup>3</sup>'ün üzerinde cari artım sağlanmaktadır. Dolayısıyla, doğal ormanlardan faydalanma odun hammaddesi üretimini esas alan bir faydalanma şekli olmaktan çıkarılmış ve doğal ormanların tamamı muhafaza amaçlı işletilir hale gelmiştir (Öztürk, 1998). Radiata çamındaki ıslah programları halen devam ettirilmekte ve bu programlarla cari artımın yükseltilmesinin yanı sıra, kaliteli odun hammaddesi sağlamak ve çeşitli zararlılara karşı daha dayanıklı plantasyonlar kurulması amaçlanmaktadır.

Islah çalışmalarına konu olan türün genetik çeşitliliğinin yüksek olması büyük bir avantajdır. Çünkü seleksiyonla elde edilecek genetik kazançta seleksiyon entansitesinin artırılması buna bağlıdır. Yüksek genetik varyans ve buna bağlı olarak kalıtım derecesinin yüksekliği, ıslah çalışmalarında beklenen genetik kazancın artırılmasını sağlar. Türün hızlı büyüme özelliğine sahip olması yanı sıra, geniş alanlarda yayılış göstermesi ve değişik ekolojik koşullarda yetişebilmesi ıslah çalışmalarında beklenen başarıyı artıracaktır (Becker, 1984; Falconer and Mackay, 1996; Namkoong, 1979; Namkoong et al., 1966; Namkoong et al., 1988; Ürgenç, 1982).

Yukarıda sıralanan temel ilkeler açısından bakıldığında, asli ağaç türlerimizden kızılçam, ıslah çalışmalarına uygun türlerimizin başında gelmektedir (Acar, 1998; Anonim, 1987; Argımak ve ark., 1993; Asan, 1993 ve 1998; Doğan, 1996; Doğan, 1997a ve 1997b; Erkan, 1998; Giray, 1986; Gülbaba ve Özkurt, 1998; Işık, 1980; Işık, 1986; Işık ve Kara, 1997; Işık ve ark., 1987; Işık, 1998; Işık ve Kaya, 1995; İktüeren, 1982; İktüeren, 1986; İktüeren, 1998; İktüeren ve Cengiz, 1986; Kalay ve ark., 1993; Kantarcı, 1998; Neyişçi, 1987a ve 1987b; Şıklar, 1998; Usta, 1991; Yaltrık ve Boydak, 1993).

Kızılçam, ülkemizde en geniş yayılış gösteren doğal orman ağacı türümüzdür. Ağaçlandırma çalışmalarında oldukça yoğun olarak kullanılmaktadır. Ülkemizde ağaçlandırma çalışmalarının yaklaşık % 40'ı kızılçamlarla yapılmaktadır (Işık ve Kara, 1997). Bunun yanında doğal yayılış alanı dışında kurak mıntika ağaçlandırmalarında da önem kazanmaktadır (Schiller, 1994). Bu ekonomik önemi nedeniyle de gen kaynaklarının korunmasına ve üzerinde ıslah çalışmalarına uygun türümüzdür (Işık ve Kara, 1997). Ayrıca yurdumuzun en hızlı gelişen doğal çam türü olması, çok kurak ve çok sıcak çevre şartlarına uyum sağlaması nedenleriyle de ağaçlandırmalar ve ıslah programları için çok önemli bir gen kaynağımızdır (Gülbaba ve Özkurt, 1998).

Son yıllarda, kızılçamda ıslah çalışmalarında esas olabilecek temel çalışmalardan biri olan populasyonların genetik yapısının incelenmesi üzerine bazı çalışmalar yapılmaktadır. Kızılçamda fenotip ve genotip üzerine yapılan çalışmalarda elde edilen bulgular, çok geniş coğrafi yayılış gösteren kızılçamın oldukça fazla heterojen populasyonlar oluşturduğu, çok büyük genetik çeşitlilik gösterdiği ve ıslah potansiyeli taşıdığını göstermektedir. Bu nedenle, kızılçamda uygulanacak bir ıslah programında başarılı sonuçlar alınabileceği görülmektedir (Acar, 1988 ve 1998; Arbez, 1974; Argımak ve ark., 1993; Doğan, 1996; Doğan, 1997a ve b; Giray, 1986; Gülbaba ve Özkurt, 1998; Işık, 1980; Işık, 1986; Işık ve Kaya, 1995; Işık ve

Kara, 1997; Işık ve ark., 1987; Işık, 1998; İktüeren, 1982; İktüeren, 1986; İktüeren, 1998; İktüeren ve Cengiz, 1986; Kalay ve ark., 1993; Kantarcı, 1998; Şıklar, 1998; Usta, 1991; Ürgenç, 1982; Yaltrık ve Boydak, 1993).

Günümüzde, hızla artan dünya nüfusunun orman ürünlerine olan gereksinimi, mevcut orman varlığından karşılanamaz hale gelmiştir. Bunun temel nedeni, insanların ihtiyaçlarını karşılamak için, orman ve verimli tarım alanlarının geri kazanılamaz derecede tahrip edilmesidir. Doğal kaynaklar sınırlı olduğundan, insan ihtiyaçlarını artan nüfus oranında karşılaması mümkün değildir. Bu nedenle, ihtiyaçların karşılanması için birim alandan alınan ürün miktarında artışın sağlanması zorunlu hale gelmiş ve bu da ıslah-genetik çalışmalarını günümüzün en önemli konularından biri haline getirmiştir. Bitki ıslahının amacı, bitkilerin genetik yapılarını insanların gereksinimlerini karşılayacak biçimde değiştirmek ve iyileştirmektir (Demir ve Turgut, 1999).

Kızılçam, gerek geniş yayılış alanına sahip olması ve farklı ekolojilerde yetişebilmesi yani adaptasyon kabiliyetinin yüksek olması, hızlı büyümesi ve yüksek genetik çeşitliliğe sahip olması açısından, ıslah çalışmalarına en uygun asli ağaç türlerimizden birisidir. Kızılçamda yapılacak ıslah çalışmaları ile kurulacak endüstriyel plantasyonlardan yapılacak odun üretimi, gelecekte ortaya çıkması beklenen odun açığının kapatılmasında yardımcı olacaktır.

Bu nedenle son yıllarda, ülkemizin asli ağaç türlerinden biri olan kızılçamda ıslah-genetik çalışmaları önem kazanmıştır.

Ürgenç (1982), Bouvarel (1966)'den bildirdiğine göre, bir ağaç ıslahı programında başarıya giden yolların dört grupta toplandığı bildirilmektedir. Bunlar;

- 1-Temel araştırmalar,
- 2-Seleksiyon metotları,
- 3-İslah edilmiş materyalin üretimi,
- 4-Üretilen bu materyalin kalite kontrolüdür.

Temel araştırmaların, özellikle doğal populasyonların genetik yapıları, seleksiyon programına yardım eden çiçeklenme ve üreme fizyolojisi, çeşitli özelliklerin analizi ve üretme tekniği üzerine yapılan çalışmalar olduğunu ifade etmektedir.

Orman ağaçlarında ıslah-genetik çalışmaları ise çok uzun zaman alan çalışmalar olup, çok iyi planlanması, ancak çok uzun bir süre sonra farkına varılabilecek olumsuzlukların ortaya çıkma riskini en aza indirecek ve zaman-para kaybını önlemeye yardımcı olacaktır. Bu nedenle, orman



ağaçlarında yapılacak ıslah çalışmalarında temel bilgi birikimine yönelik arařtırmalar büyük önem kazanmaktadır. Bir ıslah çalışmasında genetik tabanın çok iyi tanınması ve ıslah çalışmalarına mümkün olduđunca geniş bir genetik tabanla başlanması, bu tür riskleri azaltacak ve beklenen başarıyı artıracaktır (Namkoong et al., 1980).

Islah çalışmalarında, verilen kararlardaki hata payını azaltmak için türün biyolojik, fizyolojik, ekolojik, genetik, odunun teknolojik özellikleri açısından incelenmesi yerinde olacaktır. Islah çalışmalarında iyi bir bilgi birikimi ile doğru ve güvenilir sonuçlara risksiz, daha kolay ve daha kısa sürede ulaşılabilir. Bu tür çalışmalarda gerekli olan en önemli temel bilgilerden birisi de, türün genetik olarak ıslah çalışmalarına uygun olup olmadığının bilinmesidir. Bu nedenle tür ile ilgili genetik parametrelerin ve tür içi genetik çeşitlilik arařtırmalarının yapılması önem kazanır. Bu çalışmalarda, gen ve gen ürünleri hakkında bilgi sağlayan yöntemlerden biri de izoenzim analizleridir. Enzimler, genler tarafından kodlanan, hücre içi faaliyetlerde katalizör görevi gören ancak faaliyetlere katılmayan ve yapısında herhangi bir deđişiklik olmayan maddelerdir. Enzimlerdeki çeşitliliğin fazlalığı, allellerin çeşitliliğinin fazla olduğunu göstermektedir. Yeterli düzeyde enzim aktivitesi olmadan hücre içinde birçok faaliyet ya başlayamaz yada çok yavaş ilerler. İzoenzimler ise, aynı faaliyeti yapan enzimlerin farklı formlarıdır. Molekül ağırlıkları, boyutlarındaki farklılık ve elektriki cazibe noktaları farklı olduđu için, jel içinde hareket kabiliyetleri farklıdır. Jel içinde en hızlı hareket edenler, molekül büyüklükleri az ve elektriki cazibeleri yüksek olanlardır. İzoenzim analizi ise, bu enzimlerin jel içinde yürütülmesi ve bu jellerin enzim sistemlerine göre boyanması ile renklendirilmesi esasına dayanır. Enzimlerin katalitik fonksiyonlarını tanımlayan genler, canlının fenotipi üzerinde de etkilidir. Elektroforez işlemi sonucu elde edilen bantlar, canlının genotipini yansıtır. Bu enzimler incelenmek suretiyle populasyonun genetik yapısı incelenebilir. Enzimler, çevreden etkilenmeyen, o canlıya özgü bir anlamda parmak izini oluşturan faktörlerdir. Elektroforez işleminden sonra jel üzerinde gözlenen bantlar ile, allelleri kodlayan genlerin sayısı, allelik yapı (heterozigot yada homozigotluk durumu), protein ürünlerindeki dörtlü yapı (Quaternary structure) ve onların hücre içinde bulunduğu bölümlerle ilgili durumları hakkında bilgi sağlanabilir. İzoenzim analizleri ile morfolojiye dayalı çalışmalara göre çok daha hızlı sonuç alınabilir. Bir kaç enzim sistemi dışında, enzimlerin çevre şartlarından etkilenmemeleri genotip üzerinde doğrudan gözlemlere olanak sağlar. Epistatik etki olmadığından genotiplerin doğrudan belirlenebilmesi mümkündür. İzoenzim analizleri ile, genetik çaprazlamalar yapmadan, homozigot ve heterozigot bireyler

belirlenebilmektedir. İzoenzim analizleri, genetik çeşitliliğin belirlenmesi, gen kaynaklarının korunması amacıyla stratejilerin belirlenmesi ve orijinlerin ayırılmasında da kullanılabilir. İzoenzim analizleri, populasyonların genetik çeşitliliği üzerine yapılan çalışmalarda, ıslah-genetik çalışmalarında, ekonomik değeri olan elverişli özelliklerin belirlenmesinde, morfolojiye dayalı çalışmalardan daha fazla kullanışlıdır (Cooke, 1986; Günalp, 1965; Şimşek, 1992; Weeden and Wendel, 1989; Wendel and Weeden, 1989; Yeh, 1989).

Hattmer (1991)'e göre izoenzimler;

-Çevre şartlarından etkilenmemeleri,

-Jel gibi gözenekli ortamlara kolayca ve tam nüfuz edebilme özellikleri, jellerin dilimlenmesi ile bir kaç enzim sisteminin bir jelde çalışılabilmesi,

-Bir çok izoenzimin, uzun ömürlü bitkilerde hayat devresi boyunca bulunması,

-Analizlerde çok küçük bir doku örneğinin yetmesi,

-Kodominant olarak kodlanmaları,

-Heterozigot yada homozigot durumunun kolaylıkla belirlenmesi,

-Bir çok izoenzim sistemi bir kaç lokus tarafından kodlanması ve bunların tek jel üzerinde görülebilmesi,

-Türün genetik kontrolü üzerine kolayca bilgi sağlanabilmesi,

-Maliyetin düşük olması, bir çok örneğin tek jelde çalışılabilmesi, gibi avantajlara sahiptir.

Orman ağaçlarının çok uzun zamanda döl vermeleri nedeniyle, ıslah çalışmaları, döl denemeleri ve genetik çeşitlilik çalışmaları çok uzun zaman almaktadır. Bu nedenle çok yıllık bitkilerden olan orman ağaçlarındaki genetik çeşitlilik çalışmalarında izoenzim analizleri daha yoğun olarak kullanılmaktadır (Cheliak and Pitel, 1984; Işık, 1983).

Islah-genetik çalışmalarda dikkat edilmesi gereken bir diğer husus da, çalışmaların ekolojik üniteler bazında planlanmasıdır. Bugün, iyi fenotipik özelliklere sahip bireylerden toplanan tohumlarla yapılan tohum transferi sonucunda, bazı ağaçlandırma çalışmalarında başarısızlıklar görülmektedir. Bu, fenotipin oluşmasında rol oynayan Genotip ve çevre interaksyonunun iyice anlaşılmasından kaynaklanmaktadır. Dünyada, bu interaksyonun daha iyi anlaşılabilmesi için, moleküler seviyede elde edilen sonuçlar ile ebeveynlerin bazı morfolojik özellikleri ve yarım-kardeş döllerde görülen ölçülebilir kalıtsal morfolojik özellikler arasında olası

ilişkilerin belirlenmesine yönelik çalışmalara ağırlık verilmeye başlanmıştır. Hastalıklara dayanıklı bireylerde parmakizi (fingerprint) belirleme çalışmaları ise buna iyi bir örnektir. Bu tür çalışmaların genetik yapının fenotip üzerinde ortaya çıkan etkilerinin belirlenmesine yardımcı olacağı, bu nedenle de sürdürülmesinin faydalı olacağı belirtilmektedir (Aguinagalde et al., 1997; Bergman and Scholz, 1987 (Şimşek, 1992'den); Dickinson et al., 1988; Hamrick and Allard, 1975; Kjaer et al., 1996; Lagercvantz and Ryman, 1990; Lockhart, 1991; Michevich and Johnson, 1976; Neale and Harry, 1994; Panetsos et al., 1997; Podolsky and Holtsford, 1995; Spitze, 1993; Wheeler and Guries, 1982; Yang et al., 1996).

Ancak güvenilir bir ıslah programının hazırlanabilmesi için, oluşturulacak ıslah zonlarının kızılçamın farklı yayılış gösterdiği ekolojik birimlerde nasıl düzenleneceğinin planlanabilmesi için detaylı çalışmaların yapılması uygun olacaktır. Bu nedenle Ege Ormancılık Araştırma Müdürlüğü'nün çalışma alanı içinde, kızılçamın doğal yayılış alanlarındaki genetik yapısının daha iyi anlaşılabilmesi için planlanan çalışmalara Dalaman Çayı Havzasından başlanmıştır.

Araştırma Müdürlüğümüzün çalışma sahasının en güney sınırı olan Dalaman Çayı Havzası, Torosların güney bakısında yer alan ve tipik bir Akdeniz iklimine sahip bir havzadır. Havzada, kızılçam doğal olarak yayılış göstermektedir.

Islah çalışmalarında aranan özelliklerin başında, genetik tabanın geniş olması gelmektedir. Genetik çeşitliliğin yüksek olduğu popülasyonlarla başlanan çalışmalarda amaca uygun ıslah edilmiş materyalin bulunması daha kolay ve risksiz olmaktadır.

Genetik çeşitlilik çalışmaları ilk olarak morfolojik karakterlere dayalı olarak başlatılmışsa da, fenotipik karakterlerin genotipi tamamıyla yansıtamadıkları bilinmektedir. Bunun başlıca nedenleri ise; çevre-genotip etkileşimleri ve bir karakter üzerinde birden fazla genin etkili olmasıdır. Bu nedenle çalışmaların moleküller düzeyde sürdürülmesi gündeme gelmiştir. Bugün genetik çeşitliliğin belirlenmesinde RFLP, RAPD, PCR, AFLP, microsatellite ve izoenzim analizleri gibi yöntemler kullanılmakta, gerek doğrudan genler üzerinde ve gerekse ürünleri hakkında bilgiler elde edilmeye başlanmış, hatta türlerin gen haritaları yapılmaya başlanmıştır.

## 2. LİTERATÜR ÖZETİ

Ülkemizin asli ağaç türlerinden olan kızılçamla ilgili bugüne kadar bir çok çalışma yapılmış olmasına karşın genetik çeşitliliğine yönelik çalışmalara yeni yeni başlanmıştır. Gerçekte Akdeniz bölgesi ve Kafkaslarda yayılış gösteren *Pinus brutia*, *P. halepensis*, *P. pityusa*, *P. elderica* ve *P. stankeviczii* türleri aynı kompleks içinde yer almakta olup, yayılış alanları itibariyle birbirlerinin vikaryantı sayılabilirler. Ayrıca bu türlerin taksonomik problemleri de henüz yeterince çözülebilmemiş değildir. Zira, söz konusu türler çok küçük farklarla birbirinden ayrıldıklarından, bazı araştırmacılar diğer türleri *P. brutia* ve *P. halepensis*'in sinonimi, alt türü ya da varyetesi olarak kabul etmektedirler ( Mirov, 1967). Schiller (1994)'e göre ise, bahsedilen türler arasında izoenzim analizleri ile yapılan genetik çeşitlilik çalışmasında yayılış alanı içinde doğu ve batı grubu olarak iki alt gruba ayrılabilceği, bunun yanında *P. pityusa*, *P. elderica* ve *P. stankeviczii*'nin büyük bir ihtimalle kızılçamın alt türleri olduğu ve *Pinus brutia* subsp. *stankeviczii*'nin de, büyük bir ihtimalle, *P. brutia*-*P. halepensis* kompleksinin atası olabileceği belirtilmektedir.

Marmaris'te, 18-23 Ekim 1993 tarihlerinde düzenlenen "Uluslararası Kızılçam Sempozyumu"nda türe ait değişik içerikte çok sayıda tebliğ sunulmuştur. Esasen ilk geniş kapsamlı çalışma Selik (1963) tarafından gerçekleştirilmiş olup, Yaltırık ve Boydak (1993) türün botanik özellikleri ve genetik çeşitliliği konusunda bugüne değin yapılan çalışmaların geniş bir özetini sunmuşlardır. Yaltırık ve Boydak (1993)'a göre kızılçam üzerinde yapılmış çalışmalarda türün zengin bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu saptanmış ve çeşitli morfolojik varyeteleri tespit edilmiştir. Bunlar *P. brutia* Ten. var. *brutia*, *P. brutia* Ten. var. *agrophioti* Papaj., *P. brutia* Ten. var. *pyramidalis* Selik ve *P. brutia* Ten. var. *densifolia* Yalt. ve Boydak'dır.

Kızılçam doğal popülasyonları arasında görülen morfolojik farklılıkların, rakım ve yetiştirme ortamından kaynaklandığı öne sürülmüştür (Arbez, 1974). İslahına yönelik yapılan araştırmaların çoğunluğu farklı tohum kaynaklarının değişik yörelerdeki gelişmesinin incelenmesi üzerinedir. Genetik çeşitliliğin ve genetik parametrelerin tahminine yönelik kapsamlı çalışmalar ise oldukça yenidir (Işık, 1980; Işık, 1986; Işık ve Kaya, 1995; Kara, 1996; Doğan, 1997a ve 1997b). Işık 1986'ya göre gözlenen 16 fidan karakterinin 15 adedinde aileler arasında önemli genetik farklılıklar gözlenmiş, ailelerden kaynaklanan varyans oranı ise daha yüksek bulunmuştur. Kara, 1996'ya göre, izoenzim analizleri ile kızılçam doğal

populasyonların da yapılan bir alıřmada, Antalya yoresindeki dokuz kızılam populasyonu incelenmiř ve genetik yapıları hakkında bilgiler elde edilmiřtir. Bu alıřmaya gre populasyonlar arasında genetik mesafenin dřk olduėu ve genetik eřitliliėin populasyonlar iinden kaynaklandıėı belirlenmiřtir. Doėan 1997a ve 1997b ye gre de genetik eřitlilik byk oranda populasyonlar iinden kaynaklandıėı ve populasyonlar arasında genetik mesafenin dřk olduėu bulunmuřtur.

Bu alıřmaların sonularına gre, genetik eřitliliėin yksek olduėu ve kızılamın ıslahında yksek seviyede genetik kazanç saėlanabileceėi belirtilmektedir.

### 3. MATERYAL VE METOD

#### 3.1. Populasyonların Tanıtımı ve Örneklenmesi

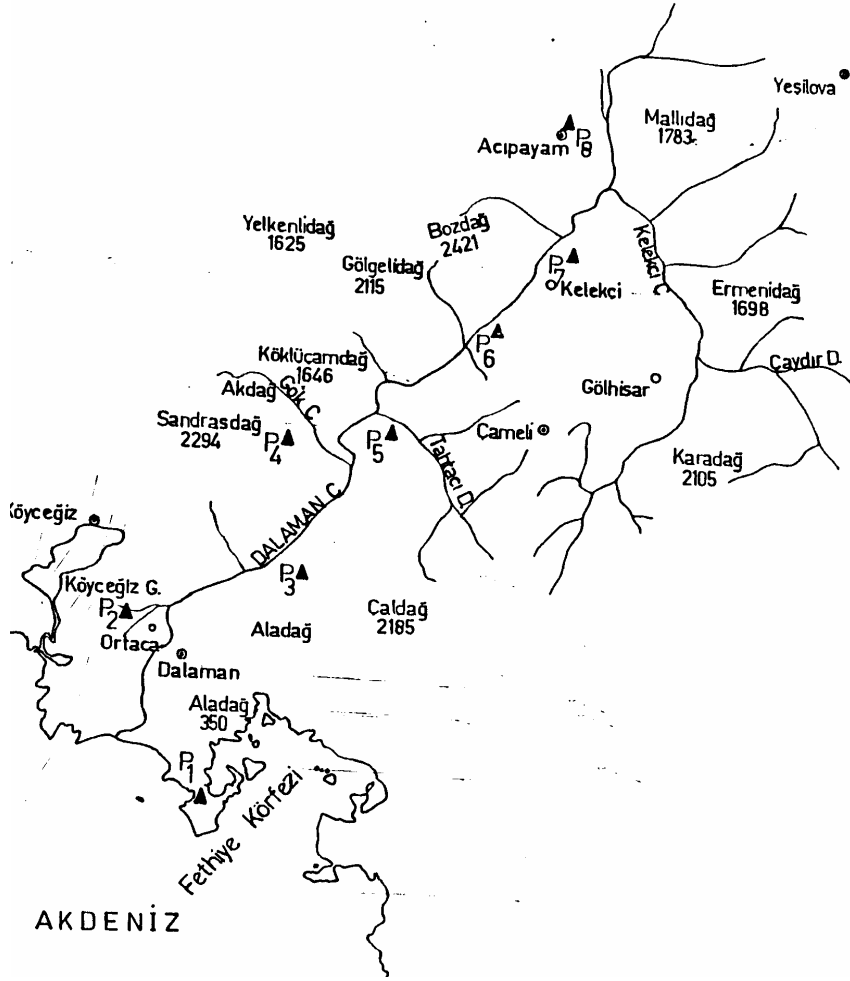
Bu çalışma, Dalaman Çayı havzasında belirlenen sekiz populasyondan tesadüfi olarak örneklenen 251 adet ağacın açık tozlaşma ürünü tohumların endospermleri kullanılarak yapılmıştır. Örneklenen ailelerin akraba olması ihtimalini asgariye indirmek amacıyla aralarında en az 100 metre mesafe olmasına, ayrıca populasyon içi yükselti farkının da 300 metreden daha fazla olmamasına dikkat edilmiştir.

Örneklenen populasyonlara ait genel bilgiler Tablo 1.'de verilmiş ve konumları Şekil 1.'de gösterilmiştir.

**Tablo 1. Populasyonlara Ait Genel Bilgiler**

Table 1. General information about populations

Pop No	Yöre Adı Local Name	Denizden Uzaklık(km) Distance from coast (km)	Boylam Longitude	Enlem Latitude	Ortalama Yükselti (m) Average Altitude (m)
P1	Sarsala-Aşılıtepe- Alayurt	0-1	28 <sup>0</sup> 49'- 50'	36 <sup>0</sup> 39'-40'	108
P2	Ortaca- Muhtarören- Köyceğiz	15-16	28 <sup>0</sup> 44'-45'	36 <sup>0</sup> 52'-53'	81
P3	Gökseki-Bozbel	15-18	28 <sup>0</sup> 58'-59'	36 <sup>0</sup> 53'-55'	525
P4	Dalaman-Otmanlar	27-30	28 <sup>0</sup> 52'-53'	37 <sup>0</sup> 00'-02'	956
P5	Dalaman-Oğlansini	33-36	29 <sup>0</sup> 04'-05'	37 <sup>0</sup> 02'-03'	673
P6	Acıpayam-Gölcük	50-54	29 <sup>0</sup> 11'-13'	37 <sup>0</sup> 09'-10'	909
P7	Acıpayam-Kelekci- Kuzören	64-67	29 <sup>0</sup> 19'-23'	37 <sup>0</sup> 15'-16'	1091
P8	Acıpayam-Çamlık	80-82	29 <sup>0</sup> 19'-20'	37 <sup>0</sup> 25'-26'	1093



**Şekil 1. Dalaman Çayı havzasında Örneklenen Kızılçam Populasyonlarının Yerleri**

Figure 1. Locations of Turkish Red Pine Populations in Dalaman Çayı Watershed

### 3.2.Tohumların Hazırlanması

Her ağaca ait yedi adet tohumun besi dokuları (endosperm) kullanılarak, Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Laboratuvarında izoenzim analizleri yapılmıştır. Tohumlar hiçbir ön işleme tabi tutulmadan, içinde nemlendirilmiş filtre kağıtlarının bulunduğu petri kaplarına konulmuş, 22-24°C sıcaklık aralığında 12 saatlik ışık periyodu kullanılarak çimlendirme dolabına yerleştirilmiştir. Bu şartlar altında tohumlar ortalama 10-12 gün arasında çimlenmeye başlamışlardır.

Her petri kabında ortalama 15 adet çimlenmeye başlamış tohumların kökcükleri 2-4 mm uzunluğa ulaşınca, büyümelerini durdurmak amacıyla +4°C sıcaklıkta, elektroforez işlemine kadar muhafazaya alınmıştır.

Analizlerde, her ağaca ait yedişer adedinin endospermeleri (1N) Tablo 2.'deki Conkle et al. (1982) ve Kara (1996)'ya göre modifiye edilmiş, özütleme tamponu (Extraction buffer) içinde enzimlerin serbest hale geçmesi için iyice ezilmiştir. Özütleme tamponu her kullanım için yeniden hazırlanmıştır. Enzimlerin serbest hale geçişi için yapılan ezme işlemi buz kalıplarının üzerinde yapılmış, böylece enzim aktivitelerinin muhafazası sağlanmıştır (Adams et al., 1990).

**Tablo 2. Özütleme Tamponu**

Table 2. Extraction Buffer

0,2 M Phosphate Buffer pH 7,5	15 ml
Triton X-100	30 µl

### 3.3.Laboratuvar Çalışmaları

Çimlenmiş tohumlardan başlangıç çalışmaları için bir ağaçtan 35 adet tohumun besi doku kısmı (endosperm) jele yüklenmiş ve enzim yapıları belirlenmeye çalışılmıştır. Ön çalışma sonunda belirlenen enzimler Tablo 3.'te verilmiştir.

Enzimler, % 12 oranında hazırlanmış olan nişasta jel ortamında yürütülmüşlerdir. Dökülen jeller bir gün soğuk ortamda bekletilmiştir. Jellerin dökülmesinde, içten içe 21,5 cm genişliğinde ve 12,5 cm uzunluğunda jel dökme çıtalrı kullanılmıştır. Çıtaların yüksekliği ise boyanacak jel sayısına göre, Sistem A ve B için 0,5 cm, Sistem C ve D için 0,8 cm olarak kullanılmış ve böylece kimyasal madde tasarrufu sağlanmıştır.



**Tablo 3. Çalışılan Enzimler**

Table 3. Analyzed Enzymes

<b>SİSTEM</b> System	<b>ENZİMLER</b> Enzymes	<b>KISA.</b> Abbre.	<b>ENZİM KOD NO</b> E.C. No
<b>A</b>	Malate Dehydrogenase	MDH	1.1.1.37
	Phosphoglucose İsomerase	PGI	5.3.1.9
<b>B</b>	Glutamate Oxalacetate	GOT	2.6.1.1
	Menadione Reductase	MNR	1.6.99.2
	Catalase	CAT	1.11.1.6
<b>C</b>	Mannose Phosphate Isomerase	PMI	5.3.1.8
	Phosphoglucomutase	PGM	5.4.2.2
	Acid Phosphatase	ACP	3.1.3.2
	Shikimate Dehydrogenase	SKDH	1.1.1.25
<b>D</b>	Alcohol Dehydrogenase	ADH	1.1.1.1
	Isocitrate Dehydrogenase	IDH	1.1.1.42
	6-Phosphogluconic Dehydrogenase	6PGD	1.1.1.44
	Glutamate Dehydrogenase	GDH	1.4.1.3

Özütlenmiş besi dokular, 10x1,5 mm ebatlarında kesilmiş Whatman No:3 filtre kağıtlarına emdirilmiş ve her jele 5 ağaçtan toplam 35 adet özütlenmiş besi doku örneği yüklenmiştir. Yükleme esnasında enzimlerin jel üzerinde hareketini gözleyebilmek için jelin her iki tarafına, % 50 oranında içine kırmızı gıda boyası karıştırılmış özütleme tamponu filtre kağıtlarına emdirilerek yüklenmiştir. Daha sonra güç kaynaklarından jellere akım verme işlemi, +4 °C soğuk ortamda, enzimlerin yürüyeceği taraf anot (+) olacak şekilde uygulanmıştır. Akım uygulandıktan sonra jel üzerinde kırmızı gıda boya 1 cm kadar ilerledikten sonra akım kesilmiş ve fitiller jellerden alınmıştır.

Yapılan ön çalışma sırasında Conkle et al. (1982) esas alınmış ve Kara (1996)'da modifiye edilerek kullanılmış boyama sistemlerinden de yararlanılarak, çalışılacak enzimler ile jel-elektrot tampon çözelti ve boyama sistemleri yeniden belirlenmiştir (Tablo 4.).

**Tablo 4. Çalışmada Kullanılan Jel ve Elektrot Tampon Sistemleri**  
**Table 4. Gel ve Tray Buffer Systems Used in This Study**

<b>SİSTEM A</b>	
<b>Jel Tampon Çözeltisi</b>	<b>Elektrot Tampon Çözeltisi</b>
0,02 M Trizma Base	0,2 M Trizma Base
0,02 M Boric asit	0,2 M Boric asit
0,001 M EDTA	0,01 M EDTA
	1 ml/litre Triton X-100
<b>pH 8,4</b>	<b>pH 8,4</b>
<b>SİSTEM B</b>	
<b>Jel Tampon Çözeltisi</b>	<b>Elektrot Tampon Çözeltisi</b>
0,06 M Trizma Base	0,05 M Sodyum Hidroksit
	0,3 M Boric asit
2 M Citric asit ile <b>pH 8'e</b>	<b>pH 8,0</b>
	(4 N NaOH ile ayarlama yapılabilir)
<b>SİSTEM C</b>	
<b>Jel Tampon Çözeltisi</b>	<b>Elektrot Tampon Çözeltisi</b>
0,002 M Citric asit	0,4 M Citric asit
<b>pH 6,1</b>	<b>pH 6,1</b>
(N-3-Aminopropil Morpholin ile ayarlandı)	(N-3-Aminopropil Morpholin ile ayarlandı)
	1 ml/litre Triton x-100
<b>SİSTEM D</b>	
<b>Jel Tampon Çözeltisi</b>	<b>Elektrot Tampon Çözeltisi</b>
0,002 M Citric asit	0,4 M Citric asit
H <sub>2</sub> O	H <sub>2</sub> O
<b>pH 8,3</b>	<b>pH 8,3</b>
(N-3-Aminopropil Morpholine ile ayarlanmıştır)	(N-3-Aminopropil Morpholine ile ayarlanmıştır)
	1 ml/litre Triton x-100

Akım uygulanan jellerdeki kırmızı renkli gıda boyaları, Tablo 5.'te verilen mesafeler kadar ilerledikten sonra jeller elektroforesis işleminden alınmış ve Conkle et al. (1982)'ye göre yatay olarak dilimlenmiştir.

**Tablo 5. Enzim Sistemlerine Uygulanan Akımlar**  
Table 5. Applied Current to the Enzyme Systems

SİSTEM A (8 cm)	70 mA (320 voltu aşmayacak)
SİSTEM B (8cm)	70 mA (320 voltu aşmayacak)
SİSTEM C (6 cm)	65 mA
SİSTEM D (6 cm)	60 mA

Daha sonra jellerin, enzim sistemlerine göre boyama işlemine geçilmiş, ancak dilimleme esnasında en üstte ve en altta kalan dilimler boyama işlemlerinde kullanılmamıştır.

GOT enzim sisteminde *Got-3*'ün bantlarının katot yönünde hareketli olup olmadığının belirlenmesi için jelin katot tarafındaki, endospermlerin yüklendiği orijinden gerideki parça da boyanmıştır.

### 3.4. Değerlendirme

Bantların yorumlanmasında jel üzerinde ilerledikleri mesafeler göz önüne alınarak en ilerideki aktif zona *Lokus-1*, daha geride belirlenen aktif zona ise *Lokus-2* ve bu şekilde devam edilerek lokus numaraları verilmiştir. Lokusların numaralandırılmasında bant yapılarındaki varyasyon dikkate alınmıştır. Lokus numaraları belirlendikten sonra, aktif zonlar içindeki bant yapıları dikkate alınarak en fazla mesafe alan banta *Allel-1*, sonrakine *Allel-2* diyerek bütün bant yapıları numaralandırılmıştır. Bu prensibe göre elde edilen veriler bilgisayar ortamına girilmiş, POPGENE 1.21 (Yeh et al., 1997) ve BIOSYS-1 (Swofford and Selander, 1989) programları kullanılarak

verilerin deęerlendirilmesi ve yorumlaması yapılmıřtır. Yorumlamalarda řu parametreler gz nne alınmıřtır;

- Polimorfik lokuslardaki ortalama allel sayısı,
- Gzlenen ortalama heterozigotluk ( $H_o$ ),
- Hardy-Weinberg (H-W) řartlarında beklenen ortalama heterozigotluk ( $H_e$ ),
- Populasyonlar iin Nei'nin genetik benzerlik ve uzaklık deęerleri,
- Wright'ın F deęerleri.

## 4. BULGULAR VE TARTIŞMA

### 4.1.İzoenzim Bant Yapıları ve Genetik Kontrolleri

Çalışılan 13 enzim sisteminde 22 aktif zon (Lokus) ve 48 allel belirlenmiştir (Şekil 2). Bunlardan 20 adedi çok allelli (polimorfik), 2 adedinde ise tek allelli (monomorfik) yapıda bulunmuştur. Enzim sistemlerinin açılma verilerine ait değerler Tablo 8.'de verilmiştir.

**CAT:** Jelin boyanmasından sonra iki aktif zon belirlenmiş, birinci lokus monomorfik, ikinci lokusta ise iki allel olduğu gözlenmiştir. Ancak ibrelilerde yapılan diğer çalışmalarda bugüne kadar tek CAT lokusu belirlenmiştir (Harry, 1986; Adams et al., 1990; Doğan,1997b; Gülbaba ve ark., 1996; Gülbaba ve Özkurt, 1998).

**GDH:** İki aktif zon belirlenmesine rağmen, yavaş ilerleyen zonu değerlendirmek mümkün olabilmıştır. Kara, 1996 ve Doğan, 1997b'de ise üç allel tespit edilmiştir. Heterozigot bireylerdeki açılma verileri, *Gdh-2*'nin tek lokus kontrolü altında olduğunu göstermiştir (Tablo 8.).

**GOT:** Her zaman aktif olarak boyanan üç zon tespit edilmiştir. 1. lokusta 3 allel, 2. lokusta ise iki allel gözlenmiştir. *Got-1* ve *Got-2*'de alleller tek bant ihtiva ederken, *Got-3*'te ise üç bantlı iki allel gözlenmiştir. *Got-3*'ün bantları aynı zamanda katot yönünde de hareket etmektedir. Benzer sonuç Gülbaba ve Özkurt 1998, Kara 1996 ve Doğan 1997b da bulunmuştur. Scaltsoyiannes et al. (1994) ile Doğan ve ark. (1996) Karaçamda aynı yapıyı bulduklarını bildirmişlerdir. Diğer ibrelilerde de benzer sonuçlar bulunmuştur (Strauss ve Conkle 1986; Adams et al.,1990; Faddy ve Conkle 1992). Açılma verileri, *Got-2*'nin 1. allelinde önemli oranda eksiklik olduğunu göstermektedir (<0,001).

**6PGD:** İki zon aktivitesi belirlenmiş olup, birinci zonda iki tek bantlı iki allel, ikinci lokusta ise dört allel belirlenmiştir. Her biri tek lokus kontrolünde bulunan iki aktif zonlu bu enzim sistemi, bir çok ibrelide de bulunmuştur (Gülbaba ve Özkurt, 1998, Kara, et al., 1997; Millar, 1985; Adams et al. 1990; Gülbaba ve ark., 1996; Doğan ve ark., 1996; Doğan, 1997b). Açılma verileri ise beklenen değerlerden önemli bir sapma olmadığını göstermiştir.



**MNR:** Bu enzim sisteminde iki lokus belirlenmiş ve 1. lokusta 3 allel, 2. lokusta da 2 allel gözlenmiştir. Zaman zaman gözlenen 3. bir lokus ise değerlendirmeye alınmamıştır. Herbiri bir lokus kontrolünde olduğu kabul edilen iki aktif zonlu bu enzim sistemi Gülbaba ve Özkurt 1998 ve Kara 1996 tarafından da tespit edilmiştir. Karaçamda yapılan bir çalışmada ise 3 lokuslu ve oldukça zengin bant yapısı gösterdiği belirlenmiştir (Tolun ve ark. 1997) Açılma verileri, 1. lokusta 2. allelin ve 2. lokusta 1. allelin beklenenden daha az olduğunu göstermektedir.

**PGI:** Bu enzim sisteminde diğer ibrelilere benzer olarak, tek lokus kontrolünde olduğu kabul edilen iki aktif zon belirlenmiştir (Gülbaba ve Özkurt, 1998; King and Dancik, 1983; Strauss and Conkle, 1986; Adams et al., 1990; Gülbaba ve ark., 1996; Doğan ve ark., 1996 ve Doğan, 1997). 1. lokusta üç allel, ikinci lokusta ise iki allel gözlenmiştir. Bu çalışmada ise ikinci aktif zonda Kara 1996'da bulunduğu gibi üçlü bant yapısı gözlenmiştir. Açılma verileri, *Pgi1-1/Pgi1-2* allel kombinasyonunda 1. allel, beklenen 1:1 oranından önemli oranda sapma göstermektedir.

**MDH:** Dört aktif zon görülmesine rağmen, sadece bir zon değerlendirmeye alınabilmiştir. Değerlendirmeye alınan tek lokus ise *Mdh-3* olarak isimlendirilmiştir. Bir çok ibreli için benzer sonuçlar bildirilmiştir (Scaltsoyianes et al., 1994; Gülbaba ve Özkurt, 1998; Gülbaba ve ark 1996; Doğan ve ark., 1996; Tolun ve ark., 1997; Millar, 1985 ve Doğan, 1997). Açılma verilerine göre 1. allel beklenen 1:1 oranından önemli oranda sapma göstermektedir.

**PGM:** Üç lokus gözlenmesine rağmen, her zaman görülemeyen birinci lokus değerlendirmeye alınamamıştır. İkinci ve üçüncü lokuslarda ise ikişer allel gözlenmiştir. Benzer sonuçlar diğer ibrelilerde de bulunmuştur (Gülbaba ve Özkurt, 1998; Guries ve Ledig, 1978; Adams ve Joly, 1980; Kara, 1996 ve Doğan, 1997).

**ACP:** Bu enzim sisteminde ise iki lokus gözlenmiş ve her lokusta da iki allel tespit edilmiştir. Bantlar, zaman zaman ikili olarak görülmüşlerdir. Diğer Pinus türlerinde birden dörde kadar değişik sayılarda lokus bildirilmiştir ( Adams and Jolly 1980; Strauss and Conkle, 1986; Szmidt and Muona, 1989; Nikolic and Tucic, 1983; Doğan, 1997b; Gülbaba ve Özkurt, 1998). Açılım verileri, *Acp-1* de 1. allelin beklenenden az olduğunu göstermektedir.

**ADH:** İki aktif zon belirlenmiş olmasına karşın, birinci zonun her zaman net olarak gözlenememesi nedeniyle, sadece ikinci aktif zon değerlendirilebilmiştir. Bu zonda diğer çalışmalara benzer olarak tek bant

veren iki allel belirlenmiştir (Kara, 1996; Doğan 1997b; Gülbaba ve Özkurt, 1998).

**IDH:** İki aktif zon bulunan bu enzim sisteminde, her zaman bant yapısı göstermemesi nedeniyle yavaş olan zon değerlendirmeye alınamamıştır. Genel olarak diğer ibrelilerde tek lokus olarak bildirilmektedir (Guries ve Ledig, 1978; O'Malley et al., 1979; Adams ve Joly, 1980; Yeh ve El-Kassaby, 1980; Gülbaba ve ark. 1996; Doğan ve ark. 1996; Kara, 1996 ve Doğan, 1997 Gülbaba ve Özkurt, 1998). Çok nadirde olsa gözlenebilen bu tek lokusta iki allel tesbit edilmiştir. İbrelilerde nadir olarak polimorfik olduğu bildirilmektedir. Örneğin, white spruce (*Picea glauca*)'da bir lokusta 3 allel bazende anot tarafında ikinci lokus gözlenmiştir (King ve Dancik, 1983). Keza Knobcone pine (*Pinus attenuata* Lemmon) için de buna benzer sonuç bulunmuştur (Strauss and Conkle, 1986).

**PMI:** İki aktif zon tespit edilmiş ve hızlı ilerleyen zonda iki allel bulunurken yavaş ilerleyende üç allel bulunmuş olup, knobcone pine için Strauss ve Conkle 1986 ve Karaçamda Tolun ve ark., 1997 ve Doğan 1997'de yapılan çalışmalar ile benzer sonuçlar göstermektedir.

**SKDH:** Bu çalışmada, monomorfik bulunan bir enzim sistemidir. Bir aktif zonda, genel olarak tek bantlı, bazen ikili bant veren tek allel gözlenmiştir. Diğer ibrelilerde üç lokusun varlığı bildirilmektedir (Millar, 1985). Ancak Strauss ve Conkle (1986)'da bu enzim sistemi çok az ya da hiç polimorfizmin olmadığı enzimlerden olduğu belirtilmektedir.

Lokuslarda allel çiftleri arasında yapılan 1:1 uygunluk testi ( $\chi^2$ ) sonucunda bazı allellerin beklenenden az oranda görülmesinin nedeni, populasyon içi genetik çeşitliliğin oldukça yüksek ve dinamik olması, yani bir yeknesaklığın olmamasından kaynaklanan örnekleme hatası, akrabalar arası döllenmelerin yoğun olarak meydana gelmesi, bağlılık (linkage) veya allel yoğunluklarının populasyon içinde lokal olarak heterojenlik göstermesi olabilir.



**Tablo 6. Heterozigot Bireylerde Endosperm Açılımları ve 1:1 Uygunluk ( $\chi^2$ ) Testi**

Table 6. Segregation of megagametophytes in heterozygous individuals and goodness-of-fit to the expected 1:1 ratio ( $\chi^2$ )

Lokus	Allelik Kombinasyonlar		Gözlenme Sayısı		Sapmalar	
	F	S	F	T	$\chi^2$ (1)	Olasılık(Prob)
<i>Cat2</i>	1	2	27	42	1,7143	0,10<p<0,25
<i>Gdh2</i>	1	2	5	21	2,8810	0,05<p<0,10
<i>Got1</i>	1	2	298	588	0,0544	0,50<p<0,75
<i>Got1</i>	1	3	22	49	0,2551	0,10<p<0,25
<i>Got1</i>	2	3	58	112	0,0714	0,25<p<0,50
<i>Got2</i>	1	2	360	861	11,5453	p<0,01
<i>Got3</i>	1	2	100	210	0,2381	0,10<p<0,25
<i>6pgd1</i>	1	2	496	987	0,0127	0,90<p
<i>6pgd2</i>	1	2	168	336	0,0000	0,99<p
<i>6pgd2</i>	1	3	110	231	0,2619	0,50<p<0,75
<i>6pgd2</i>	1	4	8	21	0,5952	0,25<p<0,50
<i>6pgd2</i>	2	3	235	483	0,1749	0,10<p<0,25
<i>6pgd2</i>	2	4	58	105	0,5762	0,25<p<0,50
<i>6pgd2</i>	3	4	49	105	0,2333	0,50<p<0,75
<i>Mnr1</i>	1	2	149	329	1,4605	0,10<p<0,25
<i>Mnr1</i>	1	3	23	49	0,0918	0,75<p<0,90
<i>Mnr1</i>	2	3	236	385	9,8299	p<0,01
<i>Mnr2</i>	1	2	403	693	9,2128	p<0,01
<i>Pgi1</i>	1	2	200	518	13,4402	p<0,01
<i>Pgi1</i>	1	3	31	56	0,3214	0,05<p<0,10
<i>Pgi1</i>	2	3	120	196	4,9388	p<0,05
<i>Pgi2</i>	1	2	318	721	5,0104	p<0,05
<i>Mdh3</i>	1	2	332	791	10,1953	p<0,01
<i>Pgm1</i>	1	2	156	343	1,4009	0,10<p<0,25
<i>Pgm2</i>	1	2	242	427	3,8044	p<0,05
<i>Acp1</i>	1	2	399	903	6,1047	p<0,01
<i>Acp2</i>	1	2	362	791	2,8375	0,05<p<0,10
<i>Adh2</i>	1	2	52	105	0,0048	0,90<p
<i>Idh2</i>	1	2	27	42	1,7143	0,10<p<0,25
<i>Pmi1</i>	1	2	370	693	1,5938	0,10<p<0,25
<i>Pmi2</i>	1	2	281	602	1,3289	0,10<p<0,25
<i>Pmi2</i>	1	3	58	147	3,2687	0,05<p<0,10
<i>Pmi2</i>	2	3	72	175	2,7457	0,05<p<0,10

F:Hızlı, S : Yavaş ilerleyen alleller  
F:Fast, S : Slow migrate allelles  
T:Toplam, :T :Total

## 4.2. Populasyonların Genetik Yapıları

Çalışmada 22 lokusta 48 adet allel gözlenmiştir. Ancak bu lokuslardan 20 adedi polimorfik olarak bulunmuş ve 46 tane allel gözlenmiştir. Allellerin frekansları ve değişkenlik (Heterogeneity) değerleri, Tablo 7.'de verilmiştir. Polimorfik lokuslarda allel frekansları 0,014 (*Cat2-2*) ile 0,986 (*Cat2-1*) arasında değişmektedir. Bütün lokuslarda baskın allelin frekansı oldukça yüksektir.  $\chi^2$  testi ile değişkenliğin kontrolünde de lokuslarda allel frekanslarında beklenenden sapmalar olduğu görülmüştür.

Tablo 7.'de görüldüğü gibi allel frekansları populasyondan populasyona değişiklik göstermektedir. Allel frekanslarının populasyonlar arasında farklı bulunması ise, yani bir populasyonda yüksek iken diğerinde daha az frekansa sahip olması, bir diğer deyişle populasyonlar arasında değişkenlik göstermesi, doğal seleksiyonun alleller üzerindeki olumsuz etkisi ile veya allel yoğunluklarının populasyonlar içinde mekansal heterojenliği ile açıklanabilir (Spiess, 1977).

$F_{IS}$  değeri her bir populasyon içinde,  $F_{IT}$  ise populasyonların tümünde Hardy-Weinberg dengesinde beklenen heterozigotluk düzeyinden olan sapmanın derecesini vermektedir. Bütün populasyonlar için hesaplanan  $F_{IS}$  değeri ortalama 0,047 bulunmuştur. Ortalama  $F_{IS}$  değerinin sıfıra çok yakın değere sahip olması nedeniyle populasyonların dengede olduğu söylenebilir. Ancak orta yükseltilerden örneklenen populasyonlarda  $F_{IS}$  değerinin pozitif olması, bu populasyonlarda beklenen heterozigotlukta eksiklik olduğu, alçak ve yüksek rakımlardan örneklenen populasyonlarda bu değer negatif veya sıfıra yakın olduğu için populasyonların dengede olduğu söylenebilir (Tablo 9).

Populasyonların genetik yapılarını incelemek için  $H_e$ ,  $H_o$  ve Wright'ın  $F$  Değerleri kullanılmıştır (Tablo 8). Ortalama beklenen heterozigotluk oranı,  $H_e=0,319$  (0,045), ortalama gözlenen heterozigotluk değeri  $H_o=0,309$  (0,051) olarak hesaplanmıştır. Tüm populasyonlarda da  $H_e>H_o$  olarak bulunmuştur. Hamrick et al. (1981) açık tohumlularda ortalama heterozigotluk oranını 0,270 olarak bildirmişlerdir. Tüm ibreliler için ise bu değer ortalama 0,151 olarak bildirilmiştir (Hamrick et al., 1992).

$F_{IS}$  en yüksek değerini Bozbel (0,109), en düşük değerini ise Gölcük (-0,056) populasyonunda almaktadır. *Cat-2*, *Got-3*, *Mnr-1*, *Pgi-1*, *Pgm-2*, *Pgm-3*, *Adh-2* ve *Idh-1* lokuslarında heterozigot bireylerde eksiklik görülmektedir. Bu sonuçlar  $F_{IT}$  (0,115) değeri incelendiğinde de görülmektedir ki bu değer  $F_{IS}$  değerinden daha büyüktür. Populasyonlar arası farklılığa lokusların katkılarını belirten ya da populasyonlar arasındaki gen

farklılaşmasının derecesini gösteren  $F_{ST}$  değeri ise, en düşük  $Pgi-1$  ( $=0,011$ ) lokusunda, en yüksek  $Adh-2$  ( $=0,113$ ) bulunmuştur (Tablo 9.).

Populasyonlarda beklenen heterozigotluk oranının ( $H_e$ ) yüksek olması, dışarıdan döllenene (dış döllek) bitkilerde görülür (Brown, 1979). Dışarıdan dölenen bitkilerden olan kızılçamın Dalaman Çayı Havzasındaki doğal populasyonları da yüksek genetik çeşitliliğe sahiptir.  $F_{IS}$  değeri, Alayurt, Köyceğiz, Gölcük ve Kuzören populasyonlarında negatif olarak bulunmuştur. Bu populasyonlarda Bozbel, Otmanlar ve Oğlansini populasyonların da ise  $F_{IS}$  değeri pozitif olarak bulunmuştur. Bunun nedeni, mekansal heterojenlik (Wahlund etkisi), benzer genotipler arasında eşleşme, akrabalar arası eşleşme, seleksiyonun homozigotların lehine olması veya bu kadar yüksek genetik çeşitliliğin populasyon içinde homojen olmamasından kaynaklanan örnekleme hatasından kaynaklanıyor olabilir (El-Kassaby et al., 1987; Fady and Conkle, 1993).

Yirmi polimorfik lokusta elde edilen sonuçlara göre,  $H_T=0,353$  ( $0,0407$ ) olarak hesaplanmıştır.  $G_{ST}$  ve  $F_{ST}$  değerlerine göre populasyonlar arasındaki farklılaşma % 6,2–6,0 oranındadır. Toplam genetik çeşitliliğin % 94'ü populasyon içi genetik çeşitlilikten kaynaklanmaktadır. Dolayısı ile genetik çeşitlilik populasyon içinde oldukça yüksektir. Genetik çeşitliliğin % 93,8'sinin populasyon içinden kaynaklandığı düşünülecek olursa farklılıkları birey düzeyinde düşünmek gerekecektir. Kızılçam ile yapılan diğer çalışmalarda bu değere çok yakın sonuçlara ulaşılmıştır (Işık, 1986; Işık ve Kaya, 1995; Kara, 1996; Doğan, 1997a ve b). Kızılçamın Antalya yöresindeki 9 populasyon için yapılan izoenzim çeşitliliğinin araştırılması çalışmasında da  $H_e=0,219$  ve  $H_o=0,265$ ,  $F_{IS}=0,147$  ve  $F_{IT}=0,211$ , toplam genetik çeşitliliğin % 94,7'si populasyonlar içinden kaynaklandığı bulunmuştur (Kara et al., 1997). Doğan (1997b) de bu değerler, sırasıyla, 0,229, 0,285, 0,147, 0,209 ve % 97,2 seviyesinde bulunmuştur. Gülbaba ve Özkurt (1998) aynı değerleri, 0,216, 0,149, 0,295, 0,313 ve % 97,6 olarak vermişlerdir.

Genetik çeşitlilik, *Pinus contorta*'da % 96, *P. rigida*'da ise % 97 oranında populasyon içinden kaynaklanmaktadır (Nikolic and Tucic, 1983). Populasyonlar arası genetik farklılığın az olması, bu türün geniş alanlarda yayılış göstermesi ve rüzgarla tozlaşma sonucu polen hareketini engelleyecek önemli bir fiziki engelin olmamasıdır. Populasyon içi genetik çeşitliliğin yüksek olması ise, döllenme mekanizmalarının yoğun olarak etkili polen mesafesi olan bir ağaç boyu içinde geliştiğini göstermektedir. Bunun sonucunda da populasyon içinde genetik homojenite olmamakta ve beklenen değerlerden sapmalar görülmektedir.

**Tablo 7. Populasyonlarda Allel Frekansları ve Değişkenlik (Heterogeneity) Değerleri**

Table 7. Allele frequencies of populations and Heterogeneity

Enzim	Lokus/Allel	POPULASYONLAR (Populations)								Değişkenlik																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																							
		P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	$\chi^2$	Df	Olasılık(Prob)																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
CAT	Allel 1	0,985	0,986	1,000	0,983	1,000	0,944	1,000	0,906	0,517	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,015	0,014	0,000	0,017	0,000	0,056	0,000	0,094				GDH	Allel 1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,042	0,000	0,000	0,560	7	0,90<p	Allel 2	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,958	1,000	1,000	GOT	Allel 1	0,364	0,375	0,375	0,200	0,500	0,194	0,242	0,500	0,468	14	0,90<p	Allel 2	0,636	0,478	0,597	0,767	0,500	0,694	0,712	0,500	Allel 3	0,000	0,167	0,028	0,033	0,000	0,111	0,045	0,000	Allel 1	0,318	0,319	0,181	0,267	0,403	0,194	0,258	0,375	0,315	7	0,90<p	Allel 2	0,682	0,681	0,819	0,733	0,597	0,806	0,742	0,625	Allel 1	0,061	0,042	0,042	0,117	0,177	0,194	0,227	0,219	0,410	7	0,90<p	Allel 2	0,939	0,958	0,958	0,883	0,823	0,806	0,773	0,781	6PGD	Allel 1	0,394	0,542	0,611	0,667	0,581	0,528	0,288	0,688	0,521	7	0,90<p	Allel 2	0,606	0,458	0,389	0,333	0,419	0,472	0,712	0,313	Allel 1	0,227	0,208	0,069	0,167	0,097	0,236	0,212	0,125	0,554	21	0,90<p	Allel 2	0,500	0,361	0,250	0,283	0,290	0,542	0,682	0,375	Allel 3	0,273	0,236	0,389	0,450	0,581	0,194	0,106	0,500	Allel 4	0,000	0,194	0,292	0,100	0,032	0,028	0,000	0,000	MNR	Allel 1	0,242	0,125	0,236	0,200	0,145	0,125	0,318	0,031	0,433	14	0,90<p	Allel 2	0,591	0,764	0,500	0,550	0,758	0,708	0,652	0,594	Allel 3	0,167	0,111	0,264	0,250	0,097	0,167	0,030	0,375	Allel 1	0,727	0,847	0,792	0,650	0,742	0,806	0,803	0,781	0,246	7	0,90<p	Allel 2	0,273	0,153	0,208	0,350	0,258	0,194	0,197	0,219	PGI	Allel 1	0,258	0,278	0,250	0,167	0,435	0,139	0,258	0,063	0,555	14	0,90<p	Allel 2	0,636	0,681	0,694	0,733	0,468	0,708	0,727	0,813	Allel 3	0,106	0,042	0,056	0,100	0,097	0,153	0,015	0,125	Allel 1	0,455	0,208	0,236	0,233	0,194	0,458	0,409	0,156	0,550	7	0,90<p	Allel 2	0,545	0,792	0,764	0,767	0,806	0,542	0,591	0,844	MDH	Allel 1	0,333	0,181	0,069	0,300	0,226	0,347	0,485	0,250	0,653	7	0,90<p	Allel 2	0,667	0,819	0,931	0,700	0,774	0,653	0,515	0,750	PGM	Allel 1	0,424	0,958	0,889	0,667	0,758	0,486	0,621	0,875	1,257	7	0,90<p	Allel 2	0,576	0,042	0,111	0,333	0,242	0,514	0,379	0,125	Allel 1	0,242	0,167	0,292	0,183	0,177	0,347	0,409	0,188	0,308	7	0,90<p	Allel 2	0,758	0,833	0,708	0,817	0,823	0,653	0,591	0,813	ACP	Allel 1	0,424	0,375	0,347	0,383	0,274	0,333	0,212	0,219	0,222	7	0,90<p	Allel 2	0,576	0,625	0,653	0,617	0,726	0,667	0,788	0,781	Allel 1	0,727	0,542	0,792	0,617	0,887	0,694	0,606	0,938	0,691	7	0,90<p	Allel 2	0,273	0,458	0,208	0,383	0,113	0,306	0,394	0,062	ADH	Allel 1	0,030	0,097	0,139	0,067	0,000	0,042	0,257	0,000	0,686	7	0,90<p	Allel 2	0,970	0,903	0,861	0,933	1,000	0,958	0,773	1,000	IDH	Allel 1	0,970	1,000	1,000	0,883	1,000	1,000	1,000	1,000	0,984	7	0,90<p	Allel 2	0,030	0,000	0,000	0,117	0,000	0,000	0,000	0,000	PMI	Allel 1	0,500	0,778	0,764	0,783	0,661	0,639	0,606	0,844	0,445	7	0,90<p	Allel 2	0,500	0,222	0,236	0,217	0,339	0,361	0,394	0,156	Allel 1	0,384	0,222	0,264	0,200	0,306	0,264	0,288	0,344	0,273	14	0,90<p	Allel 2	0,606	0,667	0,597	0,733	0,645	0,389	0,470	0,656	Allel 3	0,000	0,111	0,139	0,067	0,048	0,347	0,242	0,000					
GDH	Allel 1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,042	0,000	0,000	0,560	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,958	1,000	1,000				GOT	Allel 1	0,364	0,375	0,375	0,200	0,500	0,194	0,242	0,500	0,468	14	0,90<p	Allel 2	0,636	0,478	0,597	0,767	0,500	0,694	0,712	0,500		Allel 3	0,000	0,167	0,028	0,033	0,000	0,111	0,045	0,000				Allel 1	0,318	0,319	0,181	0,267	0,403	0,194	0,258	0,375	0,315	7	0,90<p	Allel 2	0,682	0,681	0,819	0,733	0,597	0,806	0,742	0,625	Allel 1	0,061	0,042	0,042	0,117	0,177	0,194	0,227	0,219	0,410	7	0,90<p	Allel 2	0,939	0,958	0,958	0,883	0,823	0,806	0,773	0,781	6PGD	Allel 1	0,394	0,542	0,611	0,667	0,581	0,528	0,288	0,688	0,521	7	0,90<p	Allel 2	0,606	0,458	0,389	0,333		0,419	0,472	0,712	0,313	Allel 1	0,227	0,208	0,069	0,167				0,097	0,236	0,212	0,125	0,554	21	0,90<p	Allel 2	0,500	0,361	0,250	0,283	0,290	0,542	0,682	0,375	Allel 3	0,273				0,236	0,389	0,450	0,581	0,194	0,106	0,500	Allel 4	0,000	0,194	0,292	0,100	0,032	0,028	0,000	0,000	MNR	Allel 1	0,242	0,125	0,236	0,200	0,145	0,125	0,318	0,031	0,433		14	0,90<p	Allel 2	0,591	0,764	0,500	0,550	0,758	0,708				0,652	0,594	Allel 3	0,167	0,111	0,264	0,250	0,097	0,167	0,030	0,375	Allel 1	0,727	0,847	0,792	0,650	0,742	0,806	0,803	0,781	0,246	7	0,90<p	Allel 2	0,273	0,153	0,208	0,350	0,258	0,194	0,197	0,219	PGI	Allel 1	0,258	0,278	0,250	0,167	0,435		0,139	0,258	0,063	0,555	14	0,90<p	Allel 2	0,636	0,681				0,694	0,733	0,468	0,708	0,727	0,813	Allel 3	0,106	0,042	0,056	0,100	0,097	0,153	0,015	0,125	Allel 1	0,455	0,208	0,236	0,233	0,194	0,458	0,409	0,156	0,550	7	0,90<p	Allel 2	0,545	0,792	0,764	0,767	0,806	0,542	0,591	0,844	MDH	Allel 1	0,333	0,181	0,069	0,300	0,226	0,347	0,485	0,250	0,653	7	0,90<p	Allel 2	0,667	0,819	0,931	0,700	0,774	0,653	0,515	0,750	PGM	Allel 1	0,424		0,958	0,889	0,667	0,758	0,486	0,621	0,875	1,257	7				0,90<p	Allel 2	0,576	0,042	0,111	0,333	0,242	0,514	0,379	0,125	Allel 1	0,242	0,167	0,292	0,183	0,177	0,347	0,409	0,188	0,308	7	0,90<p	Allel 2	0,758	0,833	0,708	0,817	0,823	0,653	0,591		0,813	ACP	Allel 1	0,424	0,375	0,347	0,383	0,274	0,333				0,212	0,219	0,222	7	0,90<p	Allel 2	0,576	0,625	0,653	0,617	0,726	0,667	0,788	0,781	Allel 1	0,727	0,542	0,792	0,617	0,887	0,694	0,606	0,938	0,691	7	0,90<p	Allel 2	0,273	0,458	0,208	0,383	0,113	0,306	0,394	0,062	ADH	Allel 1	0,030	0,097	0,139	0,067	0,000	0,042	0,257	0,000	0,686	7	0,90<p	Allel 2	0,970	0,903	0,861	0,933	1,000	0,958	0,773	1,000	IDH	Allel 1	0,970	1,000	1,000	0,883	1,000	1,000	1,000	1,000	0,984	7	0,90<p	Allel 2	0,030	0,000	0,000		0,117	0,000	0,000	0,000	0,000	PMI	Allel 1	0,500	0,778				0,764	0,783	0,661	0,639	0,606	0,844	0,445	7	0,90<p	Allel 2	0,500	0,222	0,236	0,217	0,339	0,361	0,394	0,156	Allel 1	0,384	0,222	0,264	0,200	0,306	0,264	0,288	0,344	0,273	14	0,90<p	Allel 2	0,606	0,667	0,597	0,733	0,645	0,389	0,470	0,656	Allel 3	0,000	0,111	0,139	0,067
GOT	Allel 1	0,364	0,375	0,375	0,200	0,500	0,194	0,242	0,500	0,468	14	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,636	0,478	0,597	0,767	0,500	0,694	0,712	0,500																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 3	0,000	0,167	0,028	0,033	0,000	0,111	0,045	0,000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 1	0,318	0,319	0,181	0,267	0,403	0,194	0,258	0,375					0,315	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																	
	Allel 2	0,682	0,681	0,819	0,733	0,597	0,806	0,742	0,625																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 1	0,061	0,042	0,042	0,117	0,177	0,194	0,227	0,219				0,410	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																		
Allel 2	0,939	0,958	0,958	0,883	0,823	0,806	0,773	0,781																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																									
6PGD	Allel 1	0,394	0,542	0,611	0,667	0,581	0,528	0,288	0,688	0,521	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,606	0,458	0,389	0,333	0,419	0,472	0,712	0,313																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 1	0,227	0,208	0,069	0,167	0,097	0,236	0,212	0,125				0,554	21	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																		
	Allel 2	0,500	0,361	0,250	0,283	0,290	0,542	0,682	0,375																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 3	0,273	0,236	0,389	0,450	0,581	0,194	0,106	0,500																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 4	0,000	0,194	0,292	0,100	0,032	0,028	0,000	0,000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
MNR	Allel 1	0,242	0,125	0,236	0,200	0,145	0,125	0,318	0,031	0,433	14	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,591	0,764	0,500	0,550	0,758	0,708	0,652	0,594																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 3	0,167	0,111	0,264	0,250	0,097	0,167	0,030	0,375																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 1	0,727	0,847	0,792	0,650	0,742	0,806	0,803	0,781				0,246	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																		
	Allel 2	0,273	0,153	0,208	0,350	0,258	0,194	0,197	0,219																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	PGI	Allel 1	0,258	0,278	0,250	0,167	0,435	0,139	0,258				0,063	0,555	14	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																	
Allel 2		0,636	0,681	0,694	0,733	0,468	0,708	0,727	0,813																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
Allel 3		0,106	0,042	0,056	0,100	0,097	0,153	0,015	0,125																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
Allel 1		0,455	0,208	0,236	0,233	0,194	0,458	0,409	0,156	0,550	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
Allel 2		0,545	0,792	0,764	0,767	0,806	0,542	0,591	0,844																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
MDH		Allel 1	0,333	0,181	0,069	0,300	0,226	0,347	0,485	0,250	0,653	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
	Allel 2	0,667	0,819	0,931	0,700	0,774	0,653	0,515	0,750																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
PGM	Allel 1	0,424	0,958	0,889	0,667	0,758	0,486	0,621	0,875	1,257	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,576	0,042	0,111	0,333	0,242	0,514	0,379	0,125																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 1	0,242	0,167	0,292	0,183	0,177	0,347	0,409	0,188				0,308	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																		
	Allel 2	0,758	0,833	0,708	0,817	0,823	0,653	0,591	0,813																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
ACP	Allel 1	0,424	0,375	0,347	0,383	0,274	0,333	0,212	0,219	0,222	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,576	0,625	0,653	0,617	0,726	0,667	0,788	0,781																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 1	0,727	0,542	0,792	0,617	0,887	0,694	0,606	0,938				0,691	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																		
	Allel 2	0,273	0,458	0,208	0,383	0,113	0,306	0,394	0,062																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
ADH	Allel 1	0,030	0,097	0,139	0,067	0,000	0,042	0,257	0,000	0,686	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,970	0,903	0,861	0,933	1,000	0,958	0,773	1,000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
IDH	Allel 1	0,970	1,000	1,000	0,883	1,000	1,000	1,000	1,000	0,984	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,030	0,000	0,000	0,117	0,000	0,000	0,000	0,000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
PMI	Allel 1	0,500	0,778	0,764	0,783	0,661	0,639	0,606	0,844	0,445	7	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	Allel 2	0,500	0,222	0,236	0,217	0,339	0,361	0,394	0,156																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
	Allel 1	0,384	0,222	0,264	0,200	0,306	0,264	0,288	0,344				0,273	14	0,90<p																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																		
	Allel 2	0,606	0,667	0,597	0,733	0,645	0,389	0,470	0,656																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
Allel 3	0,000	0,111	0,139	0,067	0,048	0,347	0,242	0,000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																									

**Tablo 8. Sekiz Populasyonda Polimorfik Lokus Oranı (P), Lokus Başına Düşen Ortalama Allel ve Etkili Allel Sayısı (A ve E), Gözlenen ve Beklenen Heterozigotluk Değerleri (H<sub>o</sub> ve H<sub>e</sub>) (%95)**

Table 8. In 8 Populations, Percentage of polymorphic locus (P), mean number of alleles and effective alleles per locus (A and E), Observed and Expected Heterozygosity (H<sub>o</sub> and H<sub>e</sub>) (% 95)

Populasyon Population	Ort. Örnek Sayısı Mean sample size	A	E	PL	P	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	F <sub>IS</sub>
<b>Alayurt</b>	33	2,14 (0,64)	1,61 (0,47)	19	86,36	0,342 (0,052)	0,341 (0,047)	0,000
<b>Köyceğiz</b>	36	2,09 (0,75)	1,57 (0,64)	18	81,82	0,298 (0,055)	0,298 (0,048)	0,041
<b>Bozbel</b>	36	2,05 (0,79)	1,55 (0,57)	17	77,27	0,280 (0,053)	0,299 (0,047)	0,109
<b>Otmanlar</b>	30	2,14 (0,71)	1,56 (0,49)	19	86,36	0,312 (0,055)	0,331 (0,042)	0,078
<b>Oğlansini</b>	30	1,95 (0,79)	1,52 (0,45)	16	72,73	0,264 (0,049)	0,302 (0,045)	0,113
<b>Gölcük</b>	36	2,18 (0,73)	1,64 (0,52)	19	86,36	0,386 (0,045)	0,350 (0,045)	-0,056
<b>Kuzören</b>	34	2,00 (0,69)	1,59 (0,44)	17	77,27	0,336 (0,054)	0,345 (0,043)	0,010
<b>Çamlık</b>	16	1,90 (0,61)	1,44 (0,42)	17	77,27	0,253 (0,046)	0,282 (0,041)	0,087
<b>ORT. (Mean)</b>	<b>31,37</b>	<b>2,06 (0,71)</b>	<b>1,56 (0,50)</b>	<b>17,8</b>	<b>80,68</b>	<b>0,309 (0,051)</b>	<b>0,319 (0,045)</b>	<b>0,047</b>

**Tablo 9. Populasyonlarda F-Değerleri**

Table 9. F- Values of populations.

Lokus	F <sub>IS</sub>								Ort. Mean	F <sub>IT</sub>	F <sub>ST</sub>
	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8			
<i>Cat2</i>	-0,015	-0,014	***	-0,017	***	1,000	***	-0,103	0,851	0,006	0,000
<i>Got-1</i>	-0,179	-0,028	0,059	-0,257	0,290	-0,043	0,509	0,250	0,601	0,002	0,000
<i>Got-2</i>	-0,187	-0,469	-0,033	-0,193	-0,274	-0,010	-0,347	-0,067	-1,580	1,237	0,060
<i>Got-3</i>	0,468	-0,043	0,652	0,191	0,668	-0,241	0,396	0,451	2,542	-0,569	0,025
<i>öpgd-1</i>	-0,269	-0,510	-0,169	-0,500	0,073	0,468	0,039	0,127	-0,741	0,386	0,045
<i>öpgd-2</i>	-0,068	-0,100	-0,077	-0,325	-0,192	-0,226	-0,139	-0,263	-1,390	1,066	0,099
<i>Mnr-1</i>	0,356	-0,072	-0,067	0,104	0,183	-0,225	0,680	0,135	1,094	-0,059	0,077
<i>Mnr-2</i>	-0,222	0,034	-0,263	-0,245	-0,011	-0,282	-0,245	0,086	-1,148	1,004	0,050
<i>Pgi-1</i>	0,004	0,090	0,140	0,058	0,113	-0,241	-0,348	0,024	-0,160	0,356	0,011
<i>Pgi-2</i>	-0,222	-0,095	0,307	0,441	0,173	0,146	-0,191	-0,185	0,374	0,254	0,053
<i>Mdh-3</i>	-0,227	-0,220	-0,075	-0,429	-0,292	-0,287	-0,213	0,000	-1,743	1,032	0,063
<i>Pgm-1</i>	0,504	0,652	1,000	1,000	0,912	-0,164	-0,223	1,000	4,681	-1,245	0,078
<i>Pgm-2</i>	0,340	0,400	0,126	0,443	0,447	-0,168	0,561	0,590	2,739	-0,596	0,186
<i>Acp-1</i>	-0,241	-0,126	-0,164	-0,199	-0,216	0,081	-0,269	-0,280	-1,414	0,896	0,045
<i>Acp-2</i>	0,083	0,273	0,242	0,083	0,517	-0,250	-0,650	-0,067	0,231	0,312	0,026
<i>Adh-2</i>	-0,031	0,525	0,768	0,464	***	-0,178	0,741	***	2,289	-0,436	0,113
<i>Idh-1</i>	-0,031	***	***	0,191	***	-0,043	***	***	0,117	0,113	0,088
<i>Pmi-1</i>	0,212	0,357	-0,309	0,313	0,208	-0,324	-0,142	0,289	0,604	0,008	0,039
<i>Pmi-2</i>	-0,269	0,156	0,048	0,441	-0,125	-0,139	0,050	-0,247	-0,085	0,405	0,072
<b>Mean</b>	0,000	0,041	0,109	0,078	0,113	-0,056	0,010	0,087	<b>0,047</b>	<b>0,073</b>	<b>0,060</b>

Her bir kuşaktaki gen akış oranını gösteren  $N_{em}$  değeri ise ortalama 5,14 olarak bulunmuştur (Tablo 10.). Bu değer dış döllek bitkilerin ortalamasına (4,750) yakın ama yine de yüksektir (Hamrick, 1989).  $N_{em}$  değerinin yüksek olması populasyonlar arasında genetik çeşitliliğin azalmasına yol açan bir mekanizmadır. Kızılçam da rüzgarla tozlaştığı için uzak mesafelerde gen akımı söz konusudur. Etkili polen mesafesi göz önüne alınırsa, populasyon içinde bir hayli yoğun dölleme mekanizmaları bulunmaktadır. Bu nedenle kızılçamda populasyon içi genetik çeşitlilik, populasyonlar arasındakinden daha dinamiktir ve bunun sonucunda da populasyon içi genetik çeşitlilik daha yüksektir. Bu değer, Doğan 1997b de 7,54, Gülbaba ve Özkurt (1998) de 10,265 olarak bulunmuştur.

**Tablo 10. Dalaman Çayı havzasında Kızılçam Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı**

Table 10. Pattern of genetic diversity in -Turkish red pine populations in Dalaman Watershed

Lokus Locus	Örnek Büyüklüğü Sample size	H <sub>T</sub>	H <sub>S</sub>	% H <sub>S</sub>	D <sub>ST</sub>	%G <sub>ST</sub>	N <sub>e</sub> m
<i>Cat-1</i>	1732	0,0000	0,0000	0,00	0,0000	****	****
<i>Cat-2</i>	1732	0,0389	0,0375	96,40	0,0014	3,50	6,89
<i>Gdh-2</i>	1732	0,0049	0,0049	100,00	0,0000	1,74	14,12
<i>Got-1</i>	1732	0,5101	0,4793	93,96	0,0308	6,03	3,90
<i>Got-2</i>	1732	0,3786	0,3691	97,49	0,0095	2,52	9,67
<i>Got-3</i>	1732	0,2320	0,2216	95,52	0,0104	4,49	5,32
<i>öpg-1</i>	1732	0,4955	0,4462	90,05	0,0493	9,95	2,26
<i>öpg-2</i>	1732	0,6839	0,6311	92,28	0,0528	7,72	2,99
<i>Mnr-1</i>	1732	0,4919	0,4674	95,02	0,0245	4,98	4,77
<i>Mnr-2</i>	1732	0,3099	0,3065	98,90	0,0034	1,10	22,48
<i>Pgi-1</i>	1732	0,4287	0,4061	94,73	0,0226	5,27	4,49
<i>Pgi-2</i>	1732	0,4014	0,3761	93,70	0,0253	6,30	3,72
<i>Mdh-3</i>	1732	0,3667	0,3382	92,23	0,0285	7,77	2,97
<i>Pgm-1</i>	1732	0,4208	0,3426	81,42	0,0782	18,58	1,10
<i>Pgm-2</i>	1732	0,3887	0,3712	95,50	0,0175	4,51	5,29
<i>Acp-1</i>	1732	0,4160	0,4052	97,40	0,0108	2,59	9,40
<i>Acp-2</i>	1732	0,3816	0,3383	88,65	0,0433	11,36	1,95
<i>Adh-2</i>	1732	0,1403	0,1279	91,16	0,0124	8,84	2,58
<i>Idh-1</i>	1732	0,0206	0,0198	96,12	0,0008	4,08	5,88
<i>Pmi-1</i>	1732	0,4020	0,3732	92,84	0,0288	7,15	3,25
<i>Pmi-2</i>	1732	0,5508	0,5152	93,54	0,0356	6,46	3,62
<i>Skdh</i>	1732	0,0000	0,0000	0,00	0,0000	****	****
<b>Ort(Mean)</b>	<b>1732</b>	<b>0,3532</b>	<b>0,3289</b>	<b>93,845</b>	<b>0,0243</b>	<b>6,155</b>	<b>5,13</b>
<b>Standart Sp. (Stan.dev)</b>		<b>0,0407</b>	<b>0,0350</b>				

- H<sub>T</sub> : Toplam genetik çeşitlilik (Total genetic diversity)  
H<sub>S</sub> : Populasyon içi genetik çeşitlilik (Genetic diversity within populations)  
%**H<sub>S</sub>** : Populasyon içi genetik çeşitlilik Yüzdesi (Percentage of H<sub>S</sub>)  
D<sub>ST</sub> : Populasyonlar arası genetik çeşitlilik (Genetic diversity among populations)  
G<sub>ST</sub> : Genetik farklılaşma katsayısı (Coefficient of gene differentiation)  
N<sub>e</sub>m : Her bir kuşaktaki gen akış oranı (Gene flow rate)

### 4.3. Populasyonlarda Genetik Mesafe

Nei (1978)'e göre, Dalaman Çayı havzasından örneklenen 8 doğal kızılçam populasyonu arasındaki genetik mesafeler hesaplanmıştır (Tablo 11 ve Şekil 3.). Ortalama genetik mesafe 0,0392 olarak bulunmuştur. En büyük mesafe Çamlık ile Kuzören populasyonları arasında bulunmuştur (0,0649).

**Tablo 11. Populasyonların Yansız Genetik Mesafe ve Benzerlikleri (Nei 1978)**

Table 11. Nei (1978) Unbiased genetic identity and distance among populations

Populasyon Populations	Alayurt	Köyce- ğiz	Bozbel	Otman- lar	Oğlan- sini	Gölcük	Kuz- ören	Çamlık
<b>Alayurt</b>	*****	0,0457	0,0454	0,0322	0,0284	0,0195	0,0293	0,0468
<b>Köyceğiz</b>	0,9553	*****	0,0179	0,0241	0,0257	0,0465	0,0490	0,0324
<b>Bozbel</b>	0,9556	0,9822	*****	0,0173	0,0233	0,0426	0,0553	0,0185
<b>Otmanlar</b>	0,9683	0,9761	0,9828	*****	0,0234	0,0351	0,0517	0,0259
<b>Oğlansini</b>	0,9720	0,9746	0,9770	0,9768	*****	0,0469	0,0592	0,0152
<b>Gölcük</b>	0,9807	0,9546	0,9583	0,9655	0,9542	*****	0,0218	0,0495
<b>Kuzören</b>	0,9711	0,9522	0,9462	0,9496	0,9425	0,9784	*****	0,0649
<b>Çamlık</b>	0,9543	0,9681	0,9817	0,9745	0,9849	0,9517	0,9372	*****

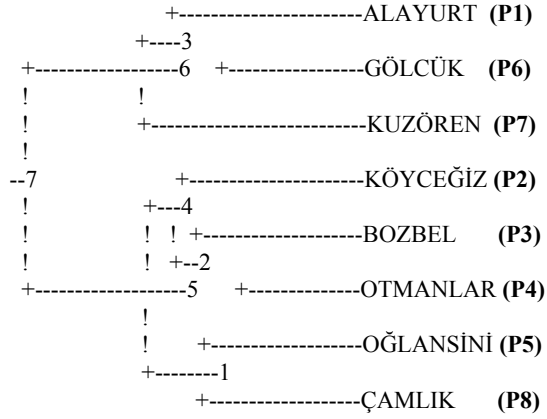
Üst Kısım : Yansız Genetik Mesafe ( Upside : Unbiased Genetic Distance)  
Alt Kısım : Yansız Genetik Benzerlikler ( Downside : Unbiased Genetic Identity )

Populasyonlar arasındaki genetik mesafelerin düşük olması, populasyonlar arası genetik çeşitliliğin düşük olması ile desteklenmektedir. Kızılçam populasyonlarının sürekli bir yayılış alanına sahip olması, coğrafik olarak devamlı bir yayılış göstermesi ve gen akımında bir kesiklik olmaması nedeniyle genetik mesafenin az olduğu söylenebilir.

Bu değer, Kara (1996) da 0,005-0,045, Doğan (1997b) de 0,001-0,036, Panetsos et al. (1998) de 0,000-0,016 Gülbaba ve Özkurt (1998) de ise 0,001-0,010 arasında bildirilmiştir.

Dalaman Çayı havzasındaki doğal kızılçam populasyonlarında genetik mesafeler, diğer çalışmalarda belirtilen genetik mesafelerle uyum içinde olup geniş alanlarda kesintisiz yayılış gösteren türlerden biri olan kızılçam populasyonlarında genetik mesafenin düşük olduğu bulgusunu desteklemektedir.





**Şekil 3. Sekiz Populasyonun Benzerlik Diyagramı**

Figure3. Similarity diagram of 8 populations

Nei (1978)'e göre çizilen benzerlik diyagramına göre, sekiz populasyon kökten ikiye ayrılmıştır. Alayurt (P1), Gölcük (P6) ve Kuzören (P7) populasyonları ilk grubu oluşturmuşlardır. Diğer 5 populasyon ise ikinci grubu oluşturmuşlardır.

Kızılcamin ıslahında zonlama çalışmalarının yapılması uygun olacaktır. Koski ve Antola (1994) tarafından hazırlanan ıslah programı çerçevesinde, bu türümüzün yayılış alanı içinde bir zonlama çalışması yapılmış ise de, Işık ve ark. (1987) tarafından Antalya yöresinde farklı bir zonlama önerilmektedir. Ayrıca çok küçük alanlarda da farklı genotiplerin bulunduğu bildirilmekte ve dikkatli olunması gerekliliğine dikkat çekilmektedir.

Işık ve ark. (1987), Mangold ve Libby (1978)'ye atfen, orta kuşak populasyonlarının hızlı büyümesini liberal büyüme stratejisi ile açıklamaktadırlar. Buna göre orta zonda sıcaklık, yağış ve nem gibi faktörler, üst ve alt zonlara göre daha optimum şartlar taşımaktadırlar. Bu da iyi genotiplerin bu kesimlerde daha hızlı gelişmesini sağlamaktadır. Kızılcamin yayılış alanları içinde, alt zonlarda sıcaklık fazla yağış ve rutubet az, yüksek zonlarda ise sıcaklık az yağış ve rutubet daha fazladır. Orta zonlarda ise her iki faktör de optimum şartlarda bulunmaktadır. Bu nedenle orta kuşak populasyonları daha fazla genetik çeşitlilik ve daha iyi özellikte

bireyler barındırmaktadır. Bu sonuca göre, kızılçam sıcaklık ve yağışın optimum olması durumunda daha iyi gelişim gösterebilen bir türümüzdür.

Bu çalışmada da, eğer örnek sayısı çok az olan Çamlık (P8) popülasyonu gözönüne alınmazsa, denizkenarından gelen Alayurt (P1) popülasyonu ile havzanın üst kesimleri diye düşünebileceğimiz anasırttan gelen Gölcük (P6) ve Kuzören (P7) popülasyonlarının bir grup içinde yer aldığı söylenebilir.

Üst kesimlerden örneklenen Çamlık (P8) popülasyonu ise diğer grup içinde yer almasına karşın bütün popülasyonlardan en uzak noktada yer almıştır. Bunun nedeni örnek sayısının yetersiz olmasından kaynaklanabilir. Bu nedenle Çamlık (P8) popülasyonunu bu grupta dikkate almamak uygun olacaktır.

Havzanın iç kesimlerinden örneklenen diğer 4 popülasyonun ise ikinci grup içinde yer aldığı görülmüştür. Havzanın alt kesiminden ama denizden uzak bölümünden örneklenen Köyceğiz (P2) popülasyonu ise ikinci grupta yer almışsa da diagramda ilk gruba yakın bir yerde bulunmaktadır.

Otmanlar (P4) popülasyonu 956 m yüksekliği ile havzanın iç kesimlerinden ziyade üst zon popülasyonlarına yakın olması beklenirse de havzanın iç kesimlerinde yer aldığından ve mikroekolojik konum olarak ortazon popülasyonlarının ekolojik özelliklerine sahiptir.

Diagramda popülasyonların konumlarına göre bir gruplaşma görünüyor gibiyse de, bazı çelişkili noktaların bulunması popülasyon sayısının ve popülasyonlardan örneklenen birey sayısının az olmasından kaynaklandığı düşünülebilir. Bu nedenle, kızılçamda zonlama çalışmaları orijin ve döl denemeleri yanında RAPD, RFLP, izoenzim analizleri gibi DNA markör teknikleri ile desteklenmeli, ancak havzayı daha iyi temsil edecek sayıda popülasyon belirlenmeli ve popülasyonlardan örneklenen birey sayısının daha fazla olmasına dikkat edilmelidir.

Kızılçamda daha önce yapılan çalışmalarda da belirtildiği gibi bu çalışmada da genetik çeşitliliğin çok yüksek oranda popülasyon içinden kaynaklandığı bulunmuştur. Bu sonuçlara göre de, kızılçamda yapılacak ıslah çalışmalarının popülasyon içinde yoğunlaştırılmasının ve plus bireyler üzerinde yapılacak çalışmalara ağırlık verilmesinin gerekliliği bir kez daha görülmüştür.

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Kızılcım, ülkemizde en geniş yayılışa sahip ve ağaçlandırma çalışmalarında önemli bir paya sahip olan ve hızlı gelişen tür olarak değerlendirilen doğal türlerimizden birisidir. Bu nedenle de bu türümüzde yapılan ıslah çalışmaları yoğunlaşmıştır.

Bu çalışmamızda; Dalaman Çayı havzasındaki doğal kızılçam popülasyonlarının genetik yapıları izoenzim analizleri ile incelenmeye çalışılmıştır.

Sekiz popülasyondan örneklenen 251 aileden toplanan tohumların besidokularında yapılan izoenzim analizleri ile 22 lokus gözlenmiş, 20 adeti polimorfik yapıda bulunmuştur.  $F_{ST}$  değeri 0,06 olarak hesaplanmış ve toplam genetik çeşitliliğin % 94'ü popülasyon içi genetik çeşitlilikten kaynaklandığı bulunmuştur. Bu sonuç, popülasyonlar arasında ortalama genetik mesafe 0,0392 değerinin düşük olması ile de desteklenmektedir. Ortalama beklenen heterozigotluk oranı  $H_e=0,319$  bulunmuştur. Bu değer ibreliler için bildirilen 0,151 ve çamlar için bildirilen 0,136 değerlerinden yüksektir. Her bir kuşaktaki gen akışı oranını gösteren  $N_{em}$  değeri ise ortalama 5,14, bu değer dış döllek bitkilerin ortalamasına (4,750) yakın ama yine de yüksektir.

Sonuçlar göstermiştir ki, Dalaman Çayı havzasındaki doğal kızılçam popülasyonlarında genetik çeşitlilik yüksektir ve bu çeşitlilik çok yüksek oranda popülasyonlar içinden kaynaklanmaktadır. Bu nedenle ıslah çalışmalarında yapılacak olan seleksiyon çalışmalarında, popülasyon içindeki plus bireyler üzerinde durulması daha uygun olacaktır.

Nei (1978)'e göre yapılan genetik benzerlik ve mesafe testinde popülasyonlar gruplanması incelenmiştir. Bu verilerle çizilen diyagrama göre:

Popülasyonlar önce kökten ikiye ayrılmışlardır. Popülasyonların gruplaşması incelendiğinde alt ve üst kesimlerden gelen popülasyonlarla ortazon popülasyonların ayrıldığı gibi bir sonuç görülmekteyse de örneklenen popülasyon ve aile sayısının azlığı nedeniyle bu ayrımın net olmadığı görülmektedir. Bu nedenle zonlama çalışmalarının sağlıklı yapılabilmesi için, gelişmiş DNA markör teknikleri, orijin ve döl denemeleri sonuçları ile popülasyonlara ait ekolojik parametreleri ile birlikte değerlendirilmesi düşünülmelidir. Ancak buna benzer bir çalışmada popülasyon sayısı ile örneklenen aile sayısının daha fazla olması çalışmada güvenilirlik derecesini artıracaktır.

## ÖZET

Kızılçamın genetik yapısı hakkında bilgi birikimi sağlamak amacıyla yapılan bu çalışmada, Dalaman Çayı havzasındaki doğal kızılçam populasyonları örneklenmiş ve toplanan tohumların besidokuları kullanılarak Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü Laboratuvarında izoenzim analizleri yapılmıştır.

Çalışılan 13 enzim sisteminde 31 lokus gözlenmiş, ancak 22 adedi değerlendirmeye alınabilmiştir. 20 adet lokus polimorfik, diğer iki tanesi monomorfik yapıda bulunmuştur. Populasyonlarda polimorfik lokus oranları % 72,27 ile % 86,36 arasında değişmektedir. Lokuslardaki ortalama allel sayısı en az 1,90-2,18 arasındadır. Etkili allel sayısı ise 1,44 ile 1,64 arasında değişmektedir. Ortalama beklenen heterozigotluk oranı  $H_e=0,319$ , ortalama gözlenen heterozigotluk oranı ise  $H_o=0,309$  olarak bulunmuştur. Fiksasyon indeksleri ise 0,056-0,113 arasında değişmektedir. Nei'nin ortalama yansız genetik mesafe katsayısı 0,0392 olması Dalaman Çayı havzasında kızılçam populasyonları arasında farklılığın düşük olduğunu göstermektedir.  $F_{ST}$  değeri 0,060 bulunmuş, toplam genetik çeşitlilik ise büyük oranda populasyon içi genetik çeşitlilikten kaynaklanmaktadır (% 94).

Elde edilen bu sonuçlara göre, ıslah çalışmaları populasyon içinde plus bireyler üzerinde yoğunlaştırılması uygun olacaktır.

Lokuslarda yapılan 1:1 uygunluk testlerine ( $\chi^2$ ) göre, bazılarında beklenenden önemli oranda sapmalar gözlenmiştir. Nei (1978)'e göre yapılan genetik benzerlik ve mesafe testinde populasyonlar gruplanması incelenmiştir. Bu verilerle çizilen diyagrama göre:

Populasyonlar önce kökten ikiye ayrılmışlardır. Populasyonların gruplaşması incelendiğinde alt ve üst kesimlerden gelen populasyonlarla ortazon populasyonların ayrıldığı gibi bir sonuç görülmeğe de örneklenen populasyon ve aile sayısının azlığı nedeniyle bu ayırlamanın net olmadığı görülmektedir. Bu nedenle zonlama çalışmalarının sağlıklı yapılabilmesi için, örnek sayısı daha yüksek tutularak gelişmiş DNA markör teknikleri, orijin ve döl denemeleri sonuçları ve ekolojik parametreler ile birlikte değerlendirilmesi daha uygun olacaktır.

## SUMMARY

To obtain information on genetic structure of Turkish Red Pine, natural populations were sampled randomly in Dalaman Çayı Watershed and isozyme analyses were done on collected seeds in Ege Forestry Research Institute Labs by using megagametophytes of the seeds.

Although 31 loci have been determined under 13 studied enzyme systems, 22 of them were assessed. It was found that 20 of them were polymorphic and 2 were monomorphic. Polymorphic loci ratio (P) has a range between 72,27 % and 86,36 %. Average allele number (A) at loci is minimum 1,90 at Çamlık Population and maximum 2,18 at Gölcük Population. Effective allele number has a range between 1,44 and 1,64. Average expected heterozygosity rate is  $H_e=0,319$  and observed heterozygosity rate is  $H_o=0,309$ . Nei's unbiased genetic distance coefficient has ranged for all populations between 0,0152 and 0,0649, and its average value is 0,0355. This shows that genetic difference is low among Turkish Red pine Populations in Dalaman Watershed.  $F_{ST}$  rate also was found as 0,060. Fixation indices are between 0,056-0,113.

According to the results of assessment observed heterozygosity is lower than expected heterozygosity. ( $H_e=0,319$  (0,045) ve  $H_o=0,309$  (0,051)). It is also supported by the result that average  $F_{IS}$  is 0,382 and positive. According to the 1:1 fitness tests ( $\chi^2$ ) applied to loci, some showed significant deviation from the expected.

Total genetic diversity generally consists of within population diversity (% 94 ). The other studies up today on Turkish Red pine have also showed that most of the genetic diversity was arising from the variation within populations.

## KAYNAKÇA

- ACAR, M. İ., 1988: Kızılçam Reçinesinin Kimyasal Yapısı, Ormancılık Araştırma Ens. Dergisi, Cilt: 34, Sayı: 1, No: 67, s. 61-72, Ankara.
- ADAMS, W. T. and JOLY, R. J., 1980: Genetics of Allozyme Variance in Loblolly pine, Jour. Here.,71: 33-40.
- ADAMS, W. T., NEALE, D. B., DOERKSEN, A. H. and SMITH, D. B., 1990: Inheritance and Linkage of Isozyme Variants From Seed and Vegetative Bud Tissues in Coastal Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii* (Mirb.) Franco), *Silvae Genetica* 39: 153-167.
- AGUINAGALDE, I., LLORENTE, F. and BENITO, C., 1997: Relationships Among Five Populations of European Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.) Using Morphometric and Isozyme Markers, *Silvae Genetica* 46, 1:1-5.
- ANONİM, 1987: Kızılçam El Kitabı, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları Muhtelif Yayınlar Dizisi, No: 52, Ankara,182 s.
- ANONİM, 1995: ORMANCILIK MASTER PLANI, Orman Bakanlığı Yayınları, Ankara, 199 s.
- ARBEZ, M., 1974: Distribution, Ecology and Variation of *Pinus brutia* Ten. in Turkey, FAO, Forest Genetic Resources Information No:3:21-23, Rome.
- ASAN, Ü., 1993: Kızılçam Ormanlarının Verim Potansiyeli ve Amenajman Sorunları, Uluslararası kızılçam Sempozyumu, Bildiriler, Marmaris, 591-597 s.
- ASAN, Ü., 1998: Endüstriyel Plantasyonlar ve Türkiye'deki Uygulamalar, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Or. Bak, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083:25-37, Ankara.
- AVCIOĞLU, E., 1982: Türkiye'de Okaliptüsle Ağaçlandırılabilir Orman Alanları, Özel Ağaçlandırma Sahalarının Miktar ve Koşulları Üzerine Etüd Çalışmaları, Kavak ve Hızlı Gelişen Yabancı Tür Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Dergisi, İzmit, 61-73 s.
- AVCIOĞLU, E. ve GÜRSES, M. K., 1988: *Eucalytus grandis* Orijin Denemesi, Kavak ve Hızlı Gelişen Yabancı Tür Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No:142, İzmit, 50 s.

- BECKER, W. A., 1984: Manual of Quantitative Genetics, Fourth Edition, Academic Enterprises, Washington, 190 p.
- BİRLER, A. S., 1995: Ormanlarımızın Korunması İçin Endüstriyel Plantasyonların Önemi, TEMA Vakfı Yayınları, No:8. 28 s.
- BROWN, A. H. D., 1979: Enzyme Polymorphism in Plant Populations, Theo. Pop. Bio. 15:1-42.
- BOYDAK, M. ve DİRİK, H., 1998: Ülkemizde Hızlı Gelişen Türlerle Bugüne Kadar Yapılan Çalışmalarda Ulaşılan Aşama, Uygulanan Politika ve Stratejiler, Buna Bağlı Olarak Uygulanabilecek Strateji ve Politika Önerileri, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083:13-24, Ankara.
- CHELIAK, W. M. and PITEL, J. A., 1984: Techniques for Starch Gel Electrophoresis of Enzymes from Forest Tree Species, Information Report P<sub>1</sub>-X-42, Petawawa National Forestry Institute, Chalk River, Ontario, 1-49 p.
- CONKLE, M. T., HOGSKISS, P. D., NUNNALLY, L. B. and HUNTER, S. C., 1982: Starch Gel Electrophoresis of Conifer Seeds: A Laboratory Manual, USDA, Forest Service, General Technical Report, PSW-64, Berkeley, California, 18 p.
- COOKE, R. J., 1986: Gel Electrophoresis, A Role in Agriculture, Electrophoresis, Proceeding of the Fifth Meeting of the International Electrophoresis Society, Edited by Dunn M.J., Uch, Publ. Weinheim, 203-217 p.
- DEMİR, İ. ve TURGUT, İ., 1999: Genel Bitki Islahı, E. Ü. Ziraat Fakültesi, Yayınları No:496, İzmir, 451 s.
- DICKINSON, I., KNOWLES, P. and PARKER, W. H., 1988: Data Set Congruence in Northern Ontario Tamarach (*Larix laricina*, Pinaceae), Systematic Botany, 13:442-455.
- DOĞAN, B., 1996: Dalaman Çayı Havzası Kızılçam Populasyonlarında Ekolojik ve Morfolojik Çalışmalar, (Yüksek Lisans Tezi) Ege Ormancılık Arş Ens. Araştırma Dergisi 1997/1:59-86
- DOĞAN, B., ÖZER, A.S., GÜLBABA, A. G. VELİOĞLU, E., DOERKSEN, A.H. ve ADAMS, W.T. 1996: Inheritance and Linkage

of Allozymes in Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.) From Kazdağları, The Proceedings of International Symposium on In-Situ Conservation of Genetic Diversity, Ankara, 249-256 p.

- DOĞAN, B., 1997a: Dalaman Çayı Havzası Doğal Kızılçam(*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Seviyesi, Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Yayınları Tek. Bülten No:9, İzmir, 31 s.
- DOĞAN, B., 1997b: Kazdağları Yöresi Doğal Kızılçam(*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında İzoenzim Çeşitliliği, Ege Ormancılık Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Yayınları Teknik Bülten No:10, İzmir, 43 s.
- EL-KASSABY, Y. A., MEAGHER, M. D., PARKINSON, J. and PORTLOCK, F. T.,1987: Allozyme Inheritance, Heterozygosity and Outcrossing Rate Among *Pinus monticola* Near Ladysmith British Columbia, Heredity, 58:173-181.
- ERKAN, N., 1998: Hızlı Büyüyen Türler ve Kızılçam, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083:239-246, Ankara.
- FADY, B. and CONKLE, M.T., 1992: Segregation and Linkage of Allozymes in Seed Tissues of Hybrid Greek Fir *Abies borisii* Regis Matt. *Silvae Genetica* 41:273-277 p.
- FADY, B. AND CONKLE, M.T., 1993: Allozymes Variation and Possible Phylogenetic Implications in *Abies cephalonica* Loudon and Same Related Eastern Mediterranean, *Silvae Genetica* 42:351-359 p.
- FALCONER, D. S. AND MACKAY, T. F. C., 1996: Introduction to Quantitative Genetics, 4. Edition, Longman House, Harlow, England, 464 p.
- GİRAY, N., 1986: Kızılçam'ın Türkiye'deki Yayılışı, Ekolojisi ve Tür Değişikliği (Arbez, M., den çeviri, Distribution, ecology and species variety of *Pinus brutia* in Turkey), Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi, Cilt:32, Sayı:2, No:64:135-150,Ankara.
- GURIES, R. P. and LEDİG, F. T.,1978: Inheritance and Some Polymorphic Isozymes in Pitch Pine, Heredity, 40:27-32 p.
- GÜLBABA, A. G., 1995: Güneydoğu Anadolu Bölgesinde Okaliptüslerin Yetiştirilmesi Olanakları Üzerine Yapılan Araştırma Çalışmaları,



- Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, DOA Dergisi, No:1, 20-25 s, Tarsus.
- GÜLBABA, A. G. ve ÖZKURT, N., 1998: Bolkar Dağları Doğal Kızılcım (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliği, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten No:5, Tarsus, 27 s.
- GÜLBABA, A. G., GÜRSES, M. K. ve ÖZKURT, N., 1994: Okaliptüste Islah Projesi 1994 Yılı Sonuç Raporu, Doğu Akdeniz Ormancılık Araştırma Müdürlüğü 1994 Yılı Proje Yıllık Sonuç Raporları, Tarsus, 26-31 s.
- GÜLBABA, A. G. VELİOĞLU, E., ÖZER A. S., DOĞAN, B., DOERKSEN A. H. ve ADAMS, W. T.,1996: Kazdağı Gökarnı (*Abies equitrojani Aschers et sint*) Populasyonlarının Genetik Yapıları ve Gen Kaynaklarının Yerde Korunması, DOA Dergisi 2:23-48, Tarsus.
- GÜNALP, A.,1965: Gen ve Moleküler Biyolojisi, Hacettepe Üniversitesi Yayınları, No:1 Ankara, 440 s.
- GÜRSES, M. K., 1993: Okaliptüsün Türkiye Ormancılığı Açısından Önemi ve Bazı Öneriler, Or. Bak. 1. Ormancılık Şurası Tebliğler ve Ön Çalışma Grubu Raporları, Cilt I, Seri No:13, Yayın No:6, Ankara, 456-463 s.
- HAMRICK, J. L., 1989: Isozymes and the Analysis of Genetic Structure in Plant Populations, Isozymes in Plant Biology (Edited by Soltis, D. E. and Soltis, P. S.) Chapman and Hall., London, 87-105 p.
- HAMRICK, J. L., MITTON, J.B and LINHART, Y. B., 1981: Levels of Genetic Variation in Trees: Influence of Life History Characteristics, USDA Gen. Tech. Rept. PSW 48:35-41 p.
- HAMRICK, J. L., GODT, M. J. W. and SHERMAN-BROYLERS, S. L., 1992: Factors Influencing Levels Of Genetic Diversity in Woody Plant Species, New Forests 6:95-124 p.
- HAMRICK, J.L. and ALLARD, R. W., 1975: Correlations Between Characters and Enzyme Genotypes in *Avena barbata*, Evolution 29:438-442 p.
- HARRY, D. E., 1986: Inheritance and Linkage of Isozyme Variants in Inense-Cedar, Jour. Heredity 77:261-266 p.

- HATTEMER, H. H., 1991: Genetic Analysis and Population Genetics, Biochemical Markers in The Population Genetics of Forest Trees, SPB Academic Publishing bv, Edited by Fineschi, S., Malvolti, M. E., Cannata, F. and Hattemer, H. H., The Hague, 5-22 p.
- IŞIK, K., 1980: Kızılçamda Populasyonlar Arası ve Populasyonlar İçi Genetik Çeşitliliğin Araştırılması, I. Tohum ve Fidan Karakterleri, TÜBİTAK Proje no.TOAG/335, Ankara, 149 s.
- IŞIK, K., 1983: Bitki Gen Kaynaklarımız Niçin Korunmalı ve Planlan mı lıdır?, Tabiat ve İnsan Dergisi, 17:9-15 s.
- IŞIK, K., 1986: Altitudinal Variation in *Pinus brutia* Ten.: Seed and Seedling Characteristics, *Silvae Genetica* 35:58-65 p.
- IŞIK, K. and KARA, N., 1997: Altitudinal Variation in *Pinus brutia* Ten. and its Implication in Genetic Conservation And Seed Transfers in Southern Turkey, *Silvae Genetica* 46 (2-3), 113- 120 p.
- IŞIK, K., TOPAK, M. ve KESKİN, A. C., 1987: Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Orijin Denemeleri, Orman Genel Müdürlüğü Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Enstitüsü Yayınları No:3, Ankara,139 s.
- IŞIK, F., 1998: Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Derecesi ve Genetik Kazancın Belirlenmesi, Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları Teknik Bülten Serisi No:7, Antalya, 211 s.
- IŞIK, F. ve KAYA, Z., 1995: Toroslarda Güney-Kuzey Doğrultusunda Örneklenen kızılçam Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı, Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi, Sayı 1:20-54, Antalya.
- İKTÜEREN, Ş., 1982: Türkiye'nin Değişik Bölgelerinden Alınan Kızılçam ve Fıstıkçamı Tohumlarının Dört Farklı Yerdeki Gelişim Özellikleri Üzerine Araştırmalar, TÜBİTAK Yayınları No:514 TOAG Seri No:104, Ankara, 48 s.
- İKTÜEREN, Ş., 1986: Doğu Akdeniz Yöresinde Kızılçam ve Halep Çamı Orijin Denemesi, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten Serisi No:167-168:5-40, Ankara, 35 s.
- İKTÜEREN, Ş., 1998: Kızılçamda Islah ve Orijin Denemeleri, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve

- Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083, Ankara, 53-56 s.
- İKTÜEREN, Ş. ve CENGİZ, Y., 1986: Kızılçam Döl Denemesi, Ormancılık Araştırma Enst. Dergisi, Cilt:32, Sayı:2, No:64, Ankara, 75-84 s.
- KAHVECİ, O. ve TÜFEKÇİOĞLU, U., 1998: Türkiye’de Hızlı Gelişen Yabancı Orijinli Plantasyonların Bugünkü Durumu ve Geleceğine Dönük Silvikültürel, Ekolojik ve Ekonomik Değerlendirmeler, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083:103-108, Ankara.
- KALAY, Z., ALTUN, L., KARAGÜL, R. ve DEMİRCİ, A., 1993: Kızılçamın Doğal Yetiştigi Kuzey Enlemlerde (40°-42°) Özellikle Orta Karadeniz Bölümü Koşullarının Ekolojik Ortamlarındaki Gelişiminin Diğer Kimi Ağaç Türleriyle Karşılaştırılması Üzerine Araştırmalar, Uluslararası Kızılçam Semp., Bildiriler, Marmaris, 107-116 s.
- KANTARCI, D., 1998: Kızılçamın Hızlı Gelişen Bir Tür Olarak Yetiştirilmesinin Ekolojik Esasları, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083:39-52, Ankara.
- KARA, N., 1996: Kızılçamın (*Pinus brutia* Ten.) Doğal Populasyonlarının İzoenzim Çeşitliliğinin Araştırılması, Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji ABD, Yük. Lis. Tezi, 77 s. Antalya.
- KARA, N., KOROL, L., IŞIK K. and SCHILLER, G., 1997: Genetic diversity in *Pinus brutia* Ten. Altitudinal Variation, *Silvae Genetica* 46 (2-3), 155-161 p.
- KING, N. J. AND DANCİK, P. B., 1983: Inheritance and Linkage Isozymes in White Spruce (*Picea glauca*), *Can. J. Genet. Cytol.* 25:430-436 p.
- KJAER, E. D., SIEGISMUND, H. R. AND SUANGTHO, V., 1996: A Multivariate Study on Genetic Variation in Teak (*Tectona grandis* (L.)), *Silvae Genetica* 45,5-6:361-368, 7 p.
- KOSKI, V. and ANTOLA, J., 1994: National Tree Breeding and Seed Production Programme For Turkey 1994-2003, Prepared in

Cooperation with The research Directorate of Forest Tree Seeds and Tree Breeding, Ankara, 28 p.

- LAGERCVANTZ, V. and RYMAN, 1990: Genetic Structure of Norway spruce (*Picea abies*): Concordance of Morphological and Allozyme Variation, *Evolution*, 44:38-53.
- LOCKHART, L. A., 1991: The Intensive Study of Tropical *Pine* Gene Resources, Biochemical Markers in The Population Genetics of Forest Trees, SPB Academic Publishing bv, Edited by Fineschi, S., Malvolti, M. E., Cannata, F. and Hattemer, H. H., The Hague, 113-119 p.
- MICKEVICH, M. F. and JOHNSON, M. S., 1976: Congruence Between Morphological and Allozyme Data in Evolutionary inference and Character Evolution, *Systematic Zoology*, 260-270.
- MILLAR, C. I., 1985: Inheritance of Allozyme Variants in Bishop *Pine* (*Pinus muricata* D. Don) *Biochem. Genet.* 23:933-946 p.
- MIROV, N. T., 1967: The Genus *Pinus*, The Ronald Press Company, New York, 602 p.
- MOL, T., 1998: Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan ve Yapılacak Ağaçlandırmalarda Orman Koruma ve Entomoloji Problemleri, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Or. Bak., Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083:87-89, Ankara.
- NAMKOONG, G., 1979: Introduction to Quantitative Genetics in Forestry, USDA Forest Service Tec. Bull. No:1588, Chapter 3:63-108.
- NAMKOONG, G., SYNDER, E. B. and STONECYPHER, R.W., 1966: Heritability and Gain Concepts for Evaluating Breeding Systems Such As Seedling in Seed Orchards, *Silvae Genetica*, 15(3):61-100.
- NAMKOONG, G., BARNES, R. D. and BURLEY, J., 1980: A Philosophy of Breeding Strategy For Tropical Forest Trees, *Tropical Forestry Papers*, No:16, University of Oxford, 67 p.
- NAMKOONG, G., KANG, H. C. and BROUARD, J. S., 1988: Tree Breeding: Principles and Strategies, (Theoretical and Applied Genetics, Edited by R. Frankel, M. Grossman, H. F. Linskens and P. Maliga), Springer Verlag, New York, 225 pp.
- NEALE, D. B. and HARRY, D. E., 1994: Genetic Mapping in Forest Trees: RFLP<sub>s</sub>, RAPD<sub>s</sub> and Beyond, Training Course in Population

Genetics/Isozyme Analysis and Its Application to Gene Conservation in Forest Trees and Crop Species, Part I, Edited by Kaya, Z. and Adams, W. T., Ankara, 430 p.

- NEI, M., 1978: Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance From A Small Number of Individuals, *Genetics* 89:583-590.
- NEYİŞÇİ, T., 1987a: Kızılçamın Doğal Yayılışı, Ormancılık Araştırma Enst. Yayınları, Muhtelif Yayınlar Dizisi, No:52:15-22, Ankara.
- NEYİŞÇİ, T., 1987b: Kızılçamın Ekolojisi, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, El Kitabı Dizisi:2, kızılçam, Ankara, 23-56 s.
- NIKOLIC, D. and TUCIC, N., 1983: Isoenzyme Variation Within and Among Populations of European Black Pine, *Silvae Genetica* 32:80-89.
- O'MALLEY, D. M., ALLENDORF, F.W. and BLAKE, G.M., 1979: Inheritance of Isozyme Variation and Heterozygosity in *Pinus Ponderosa*, *Biochem, Genet*, 17:233-250 p.
- ÖZTÜRK, A. N., 1998: Ülkemizde Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Çalışmaların Değerlendirilmesi, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083:91-101, Ankara.
- PANETSOS, K., SCALTSOYIANNES, A., ARAVANOPOULOS, F. A., DOUNAVI, K. and DEMETRAKOPOULOS, A., 1997: Identification of *Pinus brutia* Ten., *P. halepensis* Mill. and Their Putative Hybrids, *Silvae Genetica* 46,5:253-257 p.
- PODOLSKY, R.H. and HOLTSFORD, T.P., 1995: Population Structure of Morphological Traits in *Clarkia dudleyana* I. Comparison of  $F_{ST}$  Between Allozymes and Morphological Traits, *Genetics* 140:733-744.
- SCALTSOYIANNES, A., ROHR, R., PANETSOS, K. P. and ISAKTSIRA, M., 1994: Allozyme Distributions in Five European Populations of Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.): 1-Estimation of Genetic Variation Within and Among Populations, 2-Contribution of Isozyme Analysis to the Taxonomic Status of the Species, *Silvae Genetica* 43:20-30.
- SCHILLER, G., 1994: Diversity Among *P. brutia* subsp. *brutia* and Related Taxa-A Review, (Çevirisi Prof. Dr. M. BOYDAK, *P. brutia* subsp.

brutia ve İlişkili Taxonlar Arasında Genetik Çeşitlilik), İ. Ü. Or. Fak. Dergisi Seri:A, Cilt:44, Sayı:1:131-148 s., İstanbul.

- SELİK, M., 1963: Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.)'ın Botanik Özellikleri Üzerine Araştırmalar ve Bunların Halepçamı (*P. halepensis* Mill.) Vasıfları İle Mukayesesi, Or. Gn. Md. Yay. No:353, Ankara, 88 s.
- SPIESS, E. B., 1977: Genes in Populations, John Wiley&Sons Inc. New York.
- SPITZE, K., 1993: Population Structure in *Daphnia obtusa*: Quantitative Genetic and Allozymic Variation, *Genetics* 135:367-374 p.
- STRAUSS, S. H. and CONKLE, M. T., 1986: Segregation, Linkage and Diversity of Allozymes in Knobcone Pine, *Theor. Appl. Genet.* 72:483-493 p.
- SWOFFORD D. L. and SELANDER, R. B., 1989: BIOSYS-1:A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation in Population Genetics and Biochemical Systematics, *Illionis Natural History Survey*, 52 p.
- SZMIDT, A. E. and MUONA, Q., 1989: Linkage Relationships of Allozyme Loci in *Pinus sylvestris*, *Hereditas* 111:91-97 p.
- ŞIKLAR, S., 1998: Endüstriyel Plantasyonlar Açısından Kızılçamın Önemi ve İslah Çalışmaları, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083, Ankara, 145-151 s.
- ŞİMŞEK, Y., 1992: Türkiye Orijinli Gökmar Türlerinin (*Abies nordmanniana* (Stev.) Spach., *Abies bornmülleriana* Mattf., *Abies equi-trojani* Aschers. Et Sint) Genetik Yapıları Üzerine Araştırmalar, Ormancılık Araştırma Enstitüsü Yayınları, Teknik Bülten Serisi No:221, Ankara, 40 s.
- TOLUN, A. A., VELİOĞLU, E., NAZLIER, B. ve KAYA, Z., 1997: Genetic structure of Black pine (*Pinus nigra* Arnold subsp. *pallasiana*) populations sampled from Bolkar Mountains (GEF Projesi Sonuç Raporu, Yayınlanmamış.)
- TUNÇTANER, K., 1998: Yabancı Tür İthal Çalışmaları ve Endüstriyel Plantasyonlar İçin Tür Seçimi, Hızlı Gelişen Türlerle Yapılan Ağaçlandırma Çalışmalarının Değerlendirilmesi ve Yapılacak

Çalışmalar (Workshop) Bildiriler, Orman Bakanlığı, Yayın Dairesi Başkanlığı Yayın No:083, Ankara, 65-71 s.

USTA, H. Z., 1991: Kızılçam Ağaçlandırmalarında Hasılat Araştırmaları, OAE Teknik Bülten Serisi No:219, Ankara, 138 s.

ÜRGENÇ, S., 1982: Orman Ağaçları Islahı, Nazım Terzioğlu Matematik Araştırma Merkezi, İstanbul, 414 s.

WEEDEN, N. F. and WENDEL, J. F., 1989: Genetics of Plant Isozymes, In Isozymes in Plant Biology-Advances in Plant Sciences Series Vol. 4, (Edited by Soltis, D. E. and Soltis, P. S.) Chapman and Hall, Chapman and Hall. London, 46-72 p.

WENDEL, J.F. and WEEDEN, N.F., 1989: Visualization and Interpretation of Plant Isozymes, In Isozymes in Plant Biology-Advances in Plant Sciences Series Vol. 4, (Edited by Soltis, D. E. and Soltis, P. S.) Chapman and Hall. London, 5-45 p.

WHEELER, N. C. and GURIES, R. P., 1982: Population Structure, Genic Diversity and Morphological Variation in *Pinus contorta* Dougl., Can. J. For.Res. 12: 595-606.

YALTIRIK, F. ve BOYDAK, M. (1993): Türkiye Kızılçamlarında Genetik Çeşitlilik (Varyasyon), Uluslararası kızılçam Sempozyumu, Bildiriler, Marmaris, 1-10 s.

YANG, R. C., YEH, F. C. and YANCHUK, A. D., 1996: A Comparison of Isozyme and Quantitative Genetic Variation in *Pinus contorta* ssp. *latifolia* by  $F_{ST}$ , Genetics 142:1045-1052, 8 p.

YEH, F. C., 1989: Isozyme Analysis for Revealing Population Structure for Use in Breeding Strategies, Breeding Tropical Trees, Population Structure and Genetic Improvement Strategies in Clonal and Seedling Forestry, IUFRO Conf., Pattayo, Thailand, 119-131 p.

YEH, F. C. and EL-KASSABY, Y. A., 1980: Enzyme Variation in Natural Populations of Sitka Spruce (*Picea sitchensis*) I: Genetic Variation Patterns Among Trees from 10 IUFRO Provenances, Can. J. For. Res. 10:415-422 p.

YEH, F. C., RONGCAI, Y. and BOYLE, T., 1997: Popgene Microsoft Window-Based Software for Population Genetics Analysis (New version Popgene 1.31.1999), A Quick User's Guide, University of Alberta, Edmonton, AB Canada 24 p.