



T.C.  
ORMAN VE SU İŞLERİ BAKANLIĞI  
ORMAN GENEL MÜDÜRLÜĞÜ  
ORMAN AĞAÇLARI VE TOHURLARI ISLAH  
ARAŞTIRMA ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜ



# ARAŞTIRMA BÜLTENİ

## KAYIN (*Fagus*) POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ

### GİRİŞ

Ülkemiz coğrafik yapısı dolayısı ile orman ağaçları çeşitliliği ve doğal ormanların yayılış göstermesi açısından önemli bir konumdadır. Her biri birer gen kaynağı olan doğal ormanlarımızın genetik yapılarının belirlenmesi ekonomik, ekolojik, etik ve estetik özelliklerinden dolayı önem taşımaktadır. Genetik çeşitlilik aynı zamanda ıslah çalışmaları için şekillenecek bir hammadde gibidir. Orman ağaçlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde geleneksel yöntem fidan karakteristikleri ve seri kontrollü çaprazlamalarla elde edilen döllerin izlenmesidir. Bu çalışmalar ekonomik veya ekolojik öneme sahip kantitatif ve fizyolojik karakterlere dayanır.

*Fagus* L., Fagaceae familyasına dahil 6 cinsten biridir. Dünya üzerinde 10 ana tür ve 2 adet melez tür ile temsil edilmektedir. Doğu kayını; Avrupa kayını ile benzer özelliklerde olup, birçok bilim adamı tarafından Avrupa kayınının alt türü olarak adlandırılmaktadır.

Kayın geniş yayılışı ve önemi dolayısı ile Milli Ağaç Islahı Programına konu olan tek yapraklı türdür. Kayının temel ıslah amacı ibrelilere benzer olarak boy ve hacim artımıdır. Düzgün gövde, yuvarlaklık, ince ve geniş dal açısı gibi karakterler üzerinde de durulması gerektiği düşünülmektedir. Kayının ülkemizde geniş alanda yayılış göstermesi, tohum üretimi ve

ağaçlandırma çalışmaları açısından tohum transfer zonlarının belirlenmesi ihtiyacını doğurmuştur (ATALAY 1992). Kayın ormanlarının yetiştirme, dolayısıyla bonitet, verim gücü ve floristik kompozisyon özellikleri bakımından önemli farklılıkları bulunduğu bildirilmektedir. Bu nedenle, kayının yetiştirilmesinde etkili olan tüm ekolojik öğeler dikkate alınarak, tohum transferi açısından Türkiye kayın ormanları bölgelere ve bölgelerde değişen yağış, sıcaklık, bakı, yükseklik, floristik kompozisyona göre 4 ana ve 30 alt bölgeye ayrılmıştır.

### YAPILAN ÇALIŞMALAR

Yapılan örneklemede tohum transfer zonları dikkate alınmıştır. Buna göre tohum transfer zonu 1'den (Karadeniz Bölgesi) 8 populasyon, tohum transfer zonu 2'den (Karadeniz ardı) 5 populasyon, tohum transfer zonu 3'ten (Marmara Bölgesi) 7 populasyon ve tohum transfer zonu 4 görünen marjinal yayılış alanlarından da 1 populasyon örneklenmiştir. Her bir populasyondan yaklaşık 25 ağaç örneklenmeye çalışılmış ve toplam 497 ağaçtan yaprak örnekleri alınmıştır. Populasyonlardan DNA izolasyonu yapılmış ve her bir birey kayın ve yakın türler için sentezlenmiş SSR markörleri ile taranmış en iyi sonuç veren 6 SSR primeri kullanılarak populasyonların genetik yapısına bakılmıştır. Buna ilaveten tür

farklılığının ortaya koyulması maksadı ile ITS-5 bölgesi dizi analizleri yapılmıştır.

### SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışmada örneklenen 21 Doğu kayını ve Avrupa kayını popülasyonunun genetik yapısı 6 nükleer mikrosatellit primeri kullanılarak belirlenmiştir. Çalışılan 6 mikrosatellit lokusu da polimorfik olup, allel sayıları 4 ile 21 arasında değişmiştir.

Çalışılan kayın popülasyonlarında genetik varyasyon çok yüksek değildir. En fazla genetik varyasyon Torul-Örümcek Ormanında görülürken en düşük genetik varyasyonun Alaçam-Alaçam (Avrupa kayını) popülasyonunda olduğu bulunmuştur. Gruplar arasında Marmara Bölgesinde gözlenen düşük varyasyonun sebebi bölge üzerindeki baskın antropogenik etkinin varlığı olarak yorumlanabilir.

Tohum transfer zonları arasındaki gen akışı 1.53 ile 10.24 arasında değişmektedir. En yüksek gen akışı Karadeniz Bölgesi ile Karadeniz ardi arasında gerçekleşmektedir (10.24). Bu sonuçlar da popülasyonlar arası coğrafi mesafe azaldıkça popülasyonlar arası farklılaşmanın azaldığı, dolayısıyla gen akışının arttığını göstermektedir.

Çalışılan tüm popülasyonlar arasında genetik mesafe değerleri 0.04-0.49 arasında değişmiştir. Genetik olarak birbirine en benzer popülasyonlar Alaçam-Alaçam ve Alaçam-Çamlık iken en farklı popülasyonlar Değirmeneğrek ve Boğazova popülasyonlarıdır (0.49).

Popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın göstergesi olan G<sub>st</sub> değeri 0.1722 olarak hesaplanmıştır. Bu değer popülasyonlar arasında genetik farklılaşmanın büyük olduğunu göstermektedir.

Popülasyonlar tohum transefer zonlarına göre gruplandırıldığında görülen varyasyonun % 0.36 sının gruplar arasında, % 8.79'unun grup içindeki popülasyonlardan, % 90.8 inin popülasyon içindeki bireylerden kaynaklandığı görülmektedir. Diğer bir ifadeyle; popülasyonlar tohum transfer zonlarına göre gruplandırıldığında gruplar arasındaki

farklılaşmanın olmadığı görülmüştür. İklim, floristik kompozisyon, sıcaklık, yükselti ve topografik özellikler dikkate alınarak hazırlanan tohum transfer zonlarındaki bu farklılık örneklenen popülasyonların genetik yapılarında gözlenmemiştir. Tohum transfer zonlarının genetik bilgilerle desteklenmesi ve güvenilirliği ve daha belirleyici yorumlar yapılabilmesi için moleküler genetik bilgilerin fidan karakteri ölçümleri ile birleştirilmesi önem taşımaktadır.

Mikrosatellit verilerine göre yapılan dendrogramda Avrupa kayını ve Doğu kayını farklı gruplaşma oluşturmamıştır. Yapılan ITS bölgesi dizi analizleri sonucuna göre Doğu kayını ve Avrupa kayını arasında farklı bir gruplaşma gözlenmemiştir. Sarıot (Avrupa kayını) popülasyonu diğer popülasyonlardan ayrılmıştır.

**Yıl: 2008 , Teknik Bülten No: 20, Ankara**

**Yazışma Adresi:** Orman Ağaçları ve Tohumları İslah Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü /ANKARA

**Proje Lideri: Dr. Gaye KANDEMİR**

**Proje Yürütücüleri:** Dr.Yasemin İÇGEN  
Dr.Burcu ÇENGEL, Ulaş ARISIN, Ercan VELİOĞLU

**Tel:** (0312)2126519 Faks: (0 312) 2123960

**E-posta:** tohum@ogm.gov.tr

**Web:** <http://www.ortohum.gov.tr>