

Orman Bakanlıđı Yayın No: 72
Müdürlük Yayın No: 8

ISBN: 975-8273-15-9

KAZ DAĞLARI'NDAKİ DOĐAL KARAÇAM
(*Pinus nigra* Arnold subsp.*pallasiana* (Lamb.)Holmboe)
POPULASYONLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĐİN
YAPILANMASI

ODC: 165.3

GENETIC VARIATION IN NATURAL BLACK PINE
(*Pinus nigra* Arnold subsp.*pallasiana* (Lamb.)Holmboe) POPULATIONS
SAMPLED FROM KAZDAĐLARI

Ercan VELİOĐLU
(Orman Mühendisi)

Burcu ÇENGEL
(Yüksek Biyolog)

Prof. Dr. Zeki KAYA
(ODTÜ Biyoloji Bölümü)

TEKNİK BÜLTEN NO: 1

T.C.
ORMAN BAKANLIĐI
ORMAN AĐAÇLARI VE TOHUMLARI ISLAH ARAŐTIRMA
MÜDÜRLÜĐÜ

FOREST TREE SEEDS AND TREE BREEDING
RESEARCH DIRECTORATE

ANKARA-TÜRKİYE

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ.....	iii
ÖZ	iv
ABSTRACT	v
1. GİRİŞ.....	6
2. LİTERATÜR ÖZETİ.....	8
3. MATERYAL VE METOD.....	10
3.1.Populasyonların Tanıtımı ve Örneklenmesi	10
3.2.Deneme Deseni	11
3.3.İncelenen Karakterler	12
3.4.İstatistiksel Analizler	14
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	16
4.1.Genetik Çeşitliliğin Yapılanması	16
4.2.Populasyonların Genetik Yapısı.....	21
5.SONUÇ VE ÖNERİLER	24
ÖZET	25
SUMMARY	26
KAYNAKÇA	27

ÖNSÖZ

Bu çalışma, Kazdağları'ndaki Anadolu karaçamı populasyonlarının genetik yapısının belirlenmesi amacıyla yapılmıştır. Hesaplanan genetik parametreler aynı amaçla yapılmış olan izoenzim çalışmalarının verileri ile karşılaştırılarak bu tür üzerinde yapılacak çalışmalara yön verebilir.

GEF Projesi kapsamında pilot bölge olarak seçilen Kazdağları'nda hedef tür olarak belirlenen Anadolu karaçamının genetik çeşitliliği üzerine yapılan bu çalışma ile Gen Koruma ve Yönetim Alanı olarak ayrılması uygun populasyonlar belirlenmiştir.

Bu araştırmada, kozalakların toplanması için işçi temin eden AGM ve Muğla Fidanlık Müdürlüğü'ne, ayrıca çalışmanın her aşamasında desteğini gördüğümüz eski müdür yardımcımız İsmail PEKCAN'a, Kızılcahamam Orman Fidanlığı yetkili ve çalışanlarına, Müdürlüğümüz mühendisleri Turgay EZEN, Murat ALAN ve Serdar ŞENGÜN'e, her zaman yardımlarını gördüğümüz Müdürümüz Ziya ARGIMAK başta olmak üzere Müdürlüğümüzün tüm çalışanlarına teşekkür ederiz.

Araştırma sonuçlarının uygulayıcılara yararlı olmasını dileriz.

ANKARA, 1998

Ercan VELİOĞLU

Burcu ÇENGEL

Prof. Dr. Zeki KAYA

ÖZ

Bu çalışmada Dünya Bankası'nca desteklenen "Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması Projesi" kapsamında Kazdağları'nda belirlenen 7 Anadolu karaçamı popülasyonunun genetik çeşitliliğinin belirlenmesi için fidan karakteristikleri incelenmiştir. Toplam 315 ağaçtan kozalak toplanarak elde edilen tohumlar fidanlıkta 3 tekerrürlü raslantı blokları deseniyle ekilmiştir. Yetiştirilen fidanlarda 2 yıl boyunca 8 fidan karakteri araştırılmıştır.

Fidanlara ait karakterlerin incelenmesi sonucunda yapılan analizlere göre varyans bileşenlerinin hata payı çok yüksektir ki bu da tekerrürlerden birinin analize dahil edilemeyip örnek sayısının azalmasıyla açıklanabilir. Ancak popülasyonlar arasında anlamlı farklılık yalnızca BS96 için gözlenmiştir. Aile düzeyinde ise büyüme karakterleri açısından farklılık gözlenmiştir. Ailesel kalıtım değerleri incelendiğinde kalıtım değerlerinin oldukça düşük olduğu görülür, bu ailesel varyansın düşüklüğünden kaynaklanmaktadır. CWHT96 ile HT97 ve D97 karakterleri dışında anlamlı değerler elde edilememiştir. Fenotipik korelasyonlar ise 3.43 ± 1.25 (BS96x BB96) ile -0.005 ± 0.18 (HYHT96xCOT) arasında değişmektedir. Genetik mesafe değerleri ve grafik incelendiğinde popülasyonların birbirlerinden fazla farklılaşmadıkları söylenebilir ancak gene de popülasyonlar arasında sınırlar çizmek mümkündür. Buna göre Eybekli, Mıhlıdere ve Gürgendağ popülasyonları "Gen Koruma ve Yönetim Alanı-GEKYA" olarak önerilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Karaçam, genetik çeşitlilik, kalıtsallık, korelasyon, GEKYA.

ABSTRACT

Within the framework of “*In situ* Conservation of Plant Genetic Diversity in Turkey Project”, genetic diversity of black pine populations from Kazdağı was investigated by seedling traits. Cones were collected from 45 trees for each population by random sampling. Then, seeds were sown in a nursery by complete randomized design as 3 replicates. Seedlings were investigated for two years for 8 seedling characteristics.

Analysis of data showed that variance components of the error was so large due to reduction of one of the replicates. Shortage of sample size caused such problems while analyzing data. However variation between populations were observed for only BS96 trait. Families were different for growth traits. Moreover family heritabilities were not significant due to variation within families. Genetic distances estimated for the populations showed that (populations were not differentiated clearly) Eybekli and Mıhlidere populations seem to be differentiated.

As a result Eybekli, Mıhlidere and Gürgendağ populations were selected as “Gene Management Zone-GMZ”.

Key Words: Black pine, genetic diversity, heritability, correlation, GMZ.

1.GİRİŞ

Biyolojik çeşitlilik bir ülkenin en büyük zenginliklerinden biridir. Bu zenginliğin etkin kullanımı için tüm özellik ve yapılarının bilinmesi, yaşama ortamlarının korunması ve nesillerinin sürekliliğinin sağlanması zorunludur. Bunun hayata geçirilmesi için, ülkesel veya bölgesel değil, küresel önlemler alınması gerektiğinin farkına 1970'li yıllarda varılmasıyla; uluslararası antlaşmalar ve destekler başlamıştır.

Tohum transfer alanlarının sınırlarını belirlemede, ıslah zonlarını sınırlamada veya gen koruma alanlarını belirlemek için yapılacak örnekleme şekilleri kantitatif çeşitliliği baz almalıdır (Muona,1997). Bir yörede yaşayabilen orman ağaçları, o yörenin yaşama koşullarına en iyi uyum yapabilmiş ve o yörede en üstün esnekliği gösteren bireylerdir. Orman gen kaynakları ile ilgili çalışmalarda ormanların etkili bir şekilde korunması ve yönetilmesini sağlayacak planlar yapılmalıdır (Işık,1996).

Ülkemizdeki tür veya tür altı düzeydeki takson sayısının 10245'i bulması ve bunların 3747'sinin endemik olması (Gemici,1994) nedeniyle ülkemizin ekvatorial bölgelerden sonra en zengin biyolojik çeşitliliğe sahip olduğunu söyleyebiliriz. Bu nitelikleriyle dikkati çeken ülkemizde Dünya Bankasınca sağlanan hibe kaynakla "Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması Projesi" 1993 yılında başlamıştır.

Bu proje kapsamında Kazdağları pilot bölgelerden biri olarak seçilmiştir. Bu bölgede belirlenen hedef türlerden biri de karaçamdır.

Karaçam (*Pinus nigra*) doğal yayılışı esas olarak Güney Avrupa'dan başlamakta ve İspanyadan Türkiye'ye doğru uzanmaktadır. Bu doğal yayılış devamlılık göstermemekte, kesintili olarak seyretmektedir. Anadolu karaçamı (*Pinus nigra* Arnold. subspecies *pallasiana* (Lamb.) Holmboe) karaçamın Türkiyede ve Kırım'da bulunan alt türüdür ve Toros, Batı Anadolu ve Kuzey Anadolu dağlarının orta yükseltilerinde geniş yayılış göstermektedir (Kaya ve Temerit, 1994).

Anadolu Karaçamı hem yapacak odun bakımından çok önemli, hem de Anadolu'nun yüksek steplerindeki ağaçlandırmalarda en çok tercih edilmektedir. Bu güne kadar 400.000 ha karaçam ağaçlandırması yapılmıştır (Şimşek ve ark. 1995).

Ağaçlandırma çalışmalarında en fazla kullanılan ikinci tür olan Anadolu karaçamının biyolojik ve genetik yapısının bilinmesi gereklidir. Gen kaynaklarının idaresi ve ağaç ıslah programları, doğal populasyonlarda mevcut genetik değişkenliğinin sistemini gerektirir (Rehfeldt, 1991). Populasyonlar arası ve içi genetik varvaryondan oluşan bu sistem; belirli çevre şartlarına uyum sağlayan populasyonların seleksiyonuyla şekillenmektedir.

Bu çalışmada Kazdağlarındaki 7 populasyondan sağlanan tohumlarla fidan karakteristikleri yöntemi kullanılarak genetik varvaryon belirlenmeye çalışılmıştır. Gen koruma ve ekosistemin sürekliliği için türün doğal populasyonlarına ihtiyaç vardır (Namkoong,1984; Ledig, 1986).

Genetik çeşitlilik açısından farklılık gösteren populasyonların "Gen Koruma ve Yönetim Alanı" GEKYA olarak ayrılması önerilmiştir. Tür içi genetik çeşitliliğin yüksekliği değişen çevre şartlarına uyum açısından bir güvencedir. Çeşitliliğin nedeni, coğrafi değişkenlerle ilişkisi, tür içindeki dağılımı, ıslah stratejilerinin oluşturulması ve genetik çeşitliliğin korunması açısından önem kazanmıştır (Muona,1990).

GEKYA'lar, hedef türdeki genetik çeşitliliği korumak amacı ile ayrılan doğal ve yarı-doğal alanlardır. Bunlar; tehlikedeki populasyonların, ekonomik önemi olan bitki türlerinin veya yüksek genetik çeşitliliği olan türlerin yer aldığı koruma alanlarıdır. Ek olarak tahıl türlerinin ve ticari önemi olan ağaç türlerinin yabani akrabalarının korunmasında da uygun bir yaklaşımdır (Kaya ve ark. 1997).

2.LİTERATÜR ÖZETİ:

Karaçamın diğer varyeteleri üzerinde diğer Avrupa ülkelerinde uzun yıllardan bu yana ağaçlandırma, ıslah ve koruma çalışmalarına yön verebilmek amacıyla, özellikle doğal populasyonların genetiğini belirleme çalışmaları yapılmaktadır. Kaya ve Temerit'in (1994) bildirdiğine göre bu türün çeşitli morfolojik, anatomik, genetik ve fizyolojik karakterler bakımından çok belirgin varvasyonları olduğunu belirten çalışmaları (Röhrig 1966; Critchfield ve Little, 1966; Vidakovic, 1974; Arbez ve ark. 1974; Wilcox ve Miller 1975; Wheeler ve ark. 1976; Read 1976; Bonnet-Masimbert ve Bikay-Bikay 1978; Kaya ve Ark. 1985; Matziris 1989; Portfaix 1989) yapılmıştır. Karaçamın taksonomisi oldukça karmaşıktır ve ilk tanımlaması 1768'de yapılmıştır (Vikadovic,1991). Karaçamın coğrafik varvasyonu ve genetik açıdan önemi için yapılan çalışmalar da (Alptekin,1986; Işık,1990; Economu,1990) bulunmaktadır.

Işık (1980) kızılçamda kotiledon sayısının herhangi bir coğrafik değişkene bağlı olmadan rastgele bir çeşitlilik gösterdiği, fidan çapı ve hipokotil uzunluğu arasında, fidan çapı ile yan dalcık sayısı arasında pozitif ilişkiler tespit ederek, fidan çapı için çalışılan populasyonlarda kalıtım derecesini 0.40 olarak hesaplamıştır.

Kaya ve Temerit (1994) karaçamın marjinal 7 populasyonunda yaptıkları çalışmada fidan karakterleri ile topoğrafik değişkenler arasında önemli ilişki bulamamışlar fakat populasyon için genetik çeşitliliği %11.5-91.5 arasında bulmuşlardır. Aile kalıtım değerlerini 0.28'den 0.98'e doğru doğru çoğu karakterde yüksek gözlemlemiştir.

Şimşek ve ark. (1995) karaçam orijin denemelerinin ilk sonuçlarında İç Anadolu ve Doğu Akdeniz Bölgelerinde hem en yüksek oranda zayıt, hem de en az boy büyümesi tesbit ederken, Marmara ile Batı Karadeniz Bölgelerinde çok az zayıt ve en iyi boy büyümeleri tespit etmişlerdir. Ayrıca bölgelerde yapılacak ağaçlandırma çalışmaları için uygun orijinleri belirlemiştir.

Doğan ve ark. (1997) karaçamda aynı orijinlerde (Kazdağı) 41 lokus çifti için yaptıkları bağlılık (linkage) analizlerinde, 3 adedinde önemli ($p<0.05$) ortak segragasyon tespit etmişler ve sadece birinde nisbeten güçlü bir bağlılık gözlemlemiştir.

Kaya ve Neale (1993) karaçamda RAPD markörleriyle yaptıkları çalışmada; elde edilen lokusların %52'sini polimorfik bulmuşlardır.

Karaçamın izoenzim çeşitliliğine yönelik ilk çalışmada Bonnet-Masimbert ve Bikay-Bikay (1978) GOT enzim sisteminde 4 lokus belirlemişlerdir.

Nicolic ve Tucic (1988) 28 doğal karaçam popülasyonunun izoenzim tekniğiyle inceleyerek, popülasyon içinde yüksek genetik çeşitlilik ve polimorfizmi %66 olarak belirlemişlerdir.

Scaltsoyiannes ve ark. (1994) toplam genetik çeşitliliğin %84'ünü popülasyon içinde bulmuşlardır.

Silin ve Goncharenko (1996) ortalama genetik mesafeyi 0.012 olarak bulmuşlardır.

Velioğlu ve ark. (1998a) Bolkar dağlarındaki karaçam popülasyonlarının polimorfik lokus oranını %48, genetik çeşitliliğin %7'sini popülasyonlar arasında bulmuşlardır. Kazdağlarındaki karaçam popülasyonlarında ise ortalama polimorfizmi %57, toplam genetik çeşitliliğin %94'ünü popülasyon içinde gözlemişlerdir (Velioğlu ve ark. 1998b).

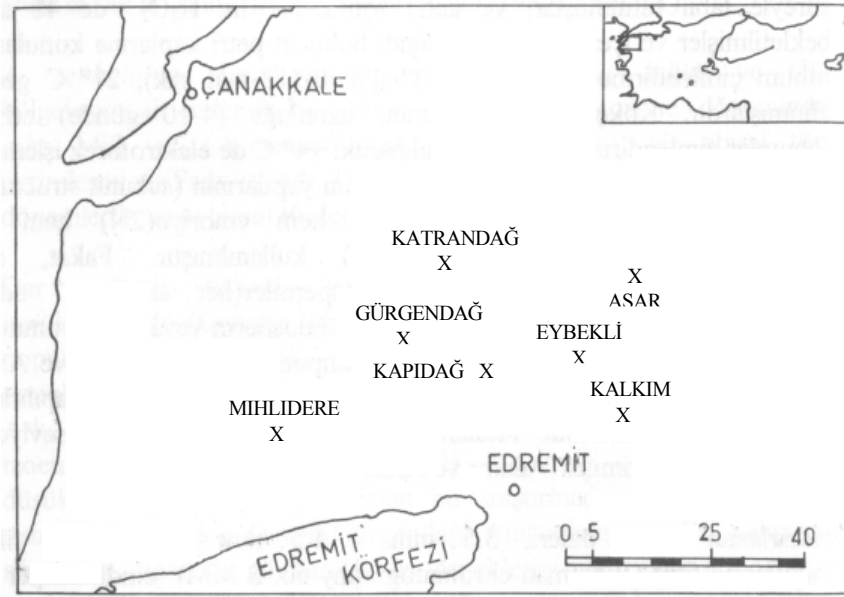
3. MATERYAL VE METOD

3.1. Populasyonların Tanıtımı ve Örneklenmesi:

Kazdağı'nda belirlenen yedi karaçam (*Pinus nigra* subspecies *pallasiana*) populasyonundan, toplam 315 ağaçtan (aileden) açık tozlaşma ürünü tohum toplanmıştır. Her populasyonda aşağıdaki kurallara uygun şekilde 45'er ağaç seçilerek kozalak toplanmıştır:

1. Aileler arasında en az 100 m mesafe olmalıdır.
2. Aileler arasında 300 m'den fazla yükseklik farkı olmamalıdır.
3. Aileler yaklaşık aynı yaşta olmalıdır.

Toplanan tohumların çap ve boy ölçümü yapılmış, daha sonra da bindane ağırlığı hesaplanmıştır. Toplanan tohumlar 4°C'de naylon torbalar içinde muhafaza edilmiştir. Örneklenen populasyonların yerleri Şekil 1'de ve özellikleri de Tablo 1.'de verilmiştir.



Şekil 1. Çalışılan populasyonların konumları.

Figure 1. Locations of the studied populations.

Tablo 1. Çalışılan populasyonların coğrafik özellikleri
Table 1. Descriptions of the studied populations.

Populasyon Populations	Rakım Elevation (m)	Enlem Latitude (N)	Boylam Longitude (E)	Bakı Aspect	Bölme No. District No
Eybekli	1000	39° 42' 30	27° 31' 45	Batı	111
Asar	300	39° 49' 30	27° 08' 30	Güney	147,148
Katrandağ	950	39° 52' 50	27° 06' 40	Batı	96,97
Kalkım	750	39° 32' 50	27° 19' 30	Batı	325,326,327
Gürgendağ	1280	39° 43' 30	26° 54' 40	Karışık	11,17
Kapıdağ	1450	39° 41' 30	26° 52' 30	Kuzey-Doğu	28,29
Mihlidere	680	39° 40' 30	26° 42' 30	Kuzey	29,34,35

3.2. Deneme Deseni

Ailelerden elde edilen tohumlar Kızılcahamam Orman Fidanlığı'na [Ankara'nın 70 km. Kuzey-Doğusu, yükselti: 1100 m., enlem: 32° 26', boylam: 31° 26' (Kaya ve Temerit, 1994)] 1995 yılı Ekim ayında üç tekerrürlü rastlantı blokları deseninde göre ekilmiştir.

1,30x15m ölçülerindeki yastıklara oluklu silindir ile yedi çizgi çekilmiş ve ortadaki beş çizgi deneme için, kenardaki çizgiler ise tecrit için ayrılmıştır. Ayrıca, her yastığın başında ve sonunda iki sıra da tecrit olarak belirlenmiştir. Tecrit sıralarına farklı orjinli karaçam tohumları ekilmiştir. Bir yastıkta 315 sıra bulunmakta ve tohumların ekim aralık ve uzaklığı 10 cm'dir. Her sırada aynı aileden tohumlar için 5 ekim noktası bulunmaktadır. Deneme desenindeki her ekim noktasına üç tohum olacak şekilde her sıraya aynı aileden toplam 15 tohum konulmuştur.

Her sıraya 315 aileden tesadüfi olarak seçilen bir ailenin tohumları ekilmiştir. Kotiledon sayımından bir hafta sonra tekleme yapılmış ve her ekim noktasında bir fidecik bırakılmıştır. Fidanlıkta uygulanan deneme deseni Şekil 2.'de gösterilmiştir. Deneme desenine uygun olarak her tekerrür için bir veri formu geliştirilmiş ve iki

büyüme mevsimi boyunca incelenen karakterler formlara kaydedilmiştir.

		18	12	57	5	113	26	←aile
O	O	O	O	O	O	O	O	
O	O	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	
O	O	O	O	O	O	O	O	

O: tecrit sırası

X: ekim noktası

Şekil 2. Fidanlıkta Uygulanan Deneme Deseni

Figure 2. Experimental Design in the Nursery

3.3. İncelenen Karakterler

Bu araştırmada incelenen fidan karakterleri ve açıklamaları Tablo 2’de verilmiştir.

Tabloda belirtilen COT kotiledon sayısı her ekim noktasında bulunan fideciklerin kotiledon sayısıdır. Tomurcuk tutma zamanı (BS96 ve BS97), fideciklerin terminal tomurcukları üzerinde (BS96 için 01.01.1996, BS97 için 01.01.1997’den itibaren) kahverengi pulların görüldüğü ilk gündür. Tomurcuk tutma zamanı fideciklerin %90’ının kış tomurcuğu oluşturduğu güne kadar Eylül-Ekim aylarında haftada bir izlenmiştir. Tomurcuk patlama zamanı (BB96), ilk büyüme mevsimi başında 01.01.1996’dan itibaren tomurcukların patladığı ilk gündür. Tomurcuk patlama zamanı fideciklerin %90’ının tomurcuklarını patlattığı güne kadar Nisan-Mayıs aylarında haftada bir gözlem yapılarak belirlenmiştir. Hipokotil uzunluğu (HYHT), fideciklerde ilk yıl tomurcuk tutmasından sonra toprak yüzeyinden kotiledona kadar ölçülen uzunluktur. CWHT96 ise 1996’daki boy

uzaması yani ilk yılın büyüme mevsiminin bittiği zamanda ölçülen kotiledon-ile terminal tomurcuk tabanı arasında kalan uzunluktur. 1997'deki toplam boy uzaması (HT97), ikinci büyüme mevsiminin bittiği zamanda ölçülen kotiledon-terminal tomurcuk tabanı arasında kalan toplam uzunluktur. Toplam çap büyümesi (D97) ikinci büyüme mevsimi sonunda fideciğin gövdesinin kotiledonundan 1 cm aşağıdan ölçülen çapıdır.

Tablo 2. Fidan Karakterleri ve açıklamaları

Table 2. Descriptions of seedling traits

Karakter Kodları Code of traits	Açıklamaları Definitions of traits	Birimleri Units
COT	Kotiledon sayısı Number of cotyledons	adet counts
HYHT96	Hipokotil uzunluğu Length of hypocotyl	mm
CWHT96	Taç boyu Length of crown	mm
BS96	1996'daki tomurcuk tutma zamanı Date of bud set in 1996	1 Ocak 1996'dan itibaren gün Number of days from Jan. 1 st 1996
BB96	1996'daki tomurcuk açma zamanı Date of bud set in 1996	1 Ocak 1996'dan itibaren gün Number of days from Jan. 1 st 1996
HT97	1997 yılındaki toplam boy büyümesi Total height in 1997	mm
BS97	1997'deki tomurcuk tutma zamanı Date of bud set in 1996	1 Ocak 1997'dan itibaren gün Number of days from Jan. 1 st , 1997
D97	1997 yılındaki toplam çap Total diameter in 1997	mm
SDR	Tohumun çapı Seed diameter	mm
SDL	Tohumun boyu Seed length	mm
SW	1000 tane ağırlığı 1000 weight	gr
ALT	Populasyonların rakımları Altitudes of the populations	m
TRR	Ağaçların çapları Radius of the trees	m
AGE	Populasyonların yaşları Ages of the trees	Yıl Years

3.4. İstatistiksel Analizler

İncelenen her karakter için populasyonlar arasında ve populasyonlar içi aileler arasında farklılık olup olmadığını belirlemek için varyans analizleri yapılmıştır. Analizlerde SAS paket programı kullanılmıştır (SAS, Statistical User's Guide, 1988). Varyans analizlerinde ailelerin parsel ortalamaları temel alınmıştır. Verilerin analizinde aşağıda belirtilen istatistiksel model kullanılmıştır:

$$Z_{ijk} = \mu + R_i + P_j + F(k)_j + e_{ijk}$$

Burada, μ = deneysel populasyonun genel ortalaması, Z_{ijk} = i. yinelemedeki j. populasyonun k. ailesine ait ortalama performans, R_i = yinelemenin etkisi, P_j = populasyonun etkisi, $F(k)_j$ = populasyonun içindeki k. ailenin etkisi, e_{ijk} = deneysel hata olarak belirlenmiştir (Kaya ve ark., 1989).

Aile düzeyinde kalıtsallık oranı ($h^2 f(x)$) varyans bileşenleri kullanarak aşağıdaki formül yardımıyla tahmin edilmiştir:

$$h^2 f(x) = \frac{\sigma^2 f(x)}{(\sigma^2_e / r) + \sigma^2 f(x)}$$

Burada, $\sigma^2 f(x)$ = x karakterine ait toplam varyansın aile bileşenini, r = 2 (yineleme sayısı), σ^2_e = hata varyansını göstermektedir.

İki karakter arasındaki fenotipik korelasyon aşağıdaki formülle hesaplanmıştır:

$$r_{p(xy)} = \frac{MCPf(xy)}{[MSf(x).MSf(y)]}$$

Burada, $r_{p(xy)}$, karakter x ve y arasındaki fenotipik ilişkiyi, $MCPf(xy)$, x ve y karakterleri arasındaki populasyon içi aileler arası ortalama ortak kareleri, $MSf(x)$, karakter x için hesaplanan populasyon içi aileler arası ortalama kareleri, $MSf(y)$, karakter y için hesaplanan populasyon içi aileler arası ortalama kareleri göstermektedir.

İki karakter arasındaki genetik korelasyon ise aşağıdaki formülle hesaplanmıştır:

$$r_{g(xy)} = \frac{COVf_{(x,y)}}{\sqrt{\sigma^2 f_{(x)}} \sqrt{\sigma^2 f_{(y)}}}$$

Burada, r_g = genetik korelasyonu, $COVf_{(x,y)}$ = x ve y karakterlerinin arasındaki kovaryansı, $\sigma^2 f_{(x)}$ = x karakterinin genetik varyansını, $\sigma^2 f_{(y)}$ = y karakterinin genetik varyansını ifade etmektedir.

Ayrıca, SAS paket programının “PROC CAN DISC” uygulaması kullanılarak kanonik diskriminant fonksiyon analizi yapılmıştır. Populasyonlar arası uzaklıklar (Mahalonobis mesafesi) aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır:

$$D^2(i/j) = (\xi_i - \xi_j) \cdot COV^{-1} (\xi_i - \xi_j)$$

Burada, ξ_i = x karakteri için i populasyonun ortalaması, ξ_j = x karakteri için j populasyonunun ortalaması, COV = i ve j populasyonları için kovaryans, $D^2(i/j)$ = i ve j populasyonları arasındaki uzaklığın karesidir.

4.BULGULAR VE TARTIŞMA:

4.1.Genetik Çeşitliliğin Yapılanması:

Çalışılan her karakter için verilen modele göre ayrı bir varyans analizi yapılmıştır. Bu analiz sonuçları (Varyans, varyans bileşenleri ve toplam varyansa oranı (VC) ve aile düzeyinde kalıtsallık oranları) Tablo 3.'de verilmiştir. Bu çalışmada kullanılan üç tekerrürden birinde pekçok fidan fidanlık şartları nedeniyle kaybedildiğinden bu tekerrür analizlere dahil edilmemiştir.

Varyans analizi sonuçlarına göre karakterlerin tümü ele alındığında populasyonlar ve aileler arasında anlamlı farklılıklar bulunmadığı görüldü. Denemede kullanılan tekerrürlerden birinin analizlere dahil edilememesi, örnek sayısının azalmasına ve verilerde dengesizliğe yol açtığından sonuçlardan kesin yargılara varmak zordur. Karakterlerin tümünde hata bileşeninin toplam varyansa oranı oldukça yüksektir, örneğin bu değer kotiledon sayısı için %99.75(en yüksek) ve 1996 yılı tomurcuk açma zamanı için %81.40'dır.

Populasyonlar arası varyans bileşenlerinin %0.25 (kotiledon sayısı) ile %18.60 (tomurcuk açama zamanı) arasında değiştiği gözlenmiştir. Ancak HYHT96, CWHT96 ve HT97 karakterleri için bu bileşen %0.0'dır. Aileler arası varyans bileşenlerine bakıldığında en düşük değer 0.98 ile BS96'da ve en yüksek değer de %17.92 ile HYHT için olduğu görülür.

COT, CWHT96, BS96, BS97 ve DIAM97 karakterlerinde ne populasyonlar arasında ne de aileler arasında anlamlı farklılık olmadığı görülmüştür.

Yalnızca büyümeyle ilgili karakterler için (HYHT96 ve HT97) aileler arasında anlamlı ($p<0.01$) farklılık gözlenebilmiştir. BS96 karakteri için de $p<0.05$ düzeyinde populasyonlar arası anlamlı farklılık gözlenmiştir. Kaya ve Temerit (1994) yaptıkları çalışma sonucunda populasyon içinde (aileler arasında) tüm karakterler için önemli varyasyon tesbit etmişlerdir.

Tüm veriler gözönüne alındığında kesin yargılara varılamasa da çalışılan karakterlerin genetik çeşitliliğinin populasyonlar içinde-aileler arasında yapılandığı söylenebilir.

Tablo 3. Varyans analizi sonuçları, varyansın bileşenleri ve toplam varyansa oranları (VC), deneysel ortalamalar ve aile kalıtım değerleri.

Table 3. The results of analysis of variance, variance components (VC), experimental means and family heritabilities.

Traits Karakterler	Population Populasyon	Families Aileler	Errors Hatalar	Means Ortalamalar	Heritability Kalıtsallık
COT	0.47 ns	0.44 ns	0.49 ns	7.5	-
V.C	0.25	-	99.75		
HYHT96	19.99 ns	23.28 **	16.43 **	28.92	0.29±0.10
V.C	-	17.92	82.08		
CWHT96	5.77 ns	14.90 ns	14.07 **	13.95	0.056±0.11
V.C	-	2.96	97.04		
BS96	365.09 *	170.60 ns	167.37 ns	345.70	0.019±0.12
V.C	1.36	0.98	97.66		
BB96	25.95 ns	14.47 ns	14.99 ns	109.64	-
V.C	18.60	-	81.40		
HT97	101.68 ns	181.63 **	141.15 **	44.58	0.22±0.11
V.C	-	13.08	86.93		
BS97	131.38 ns	87.66 ns	104.68 ns	170.1	-
V.C	0.50	-	99.50		
D97	99.19 ns	64.19 ns	68.25 ns	47.4	-
V.C	0.61	-	99.39		

ns: anlamlı değil, *:p<0.05 **p<0.01 olasılık derecesinde anlamlı.
ns: non significant, * significant at p<0.05, ** significant at p<0.01level.

Kalıtsallık değerleri incelendiğinde en düşük değerinin 0.019 ile BS96'da ve en yüksek değerinin de 0.29 ile HYHT96'da olduğu görülmektedir. Büyümeyle ilgili karakterler (HYHT96 ve HT 97) dışında anlamlı kalıtsallık değerleri elde edilememiştir. Aile içi varyansın azlığı nedeniyle pek çok karakter için kalıtsallık değerleri hesaplanamamıştır. Ancak Kaya ve Temerit (1994) karaçamda yaptıkları çalışmada kalıtsallık değerlerini oldukça yüksek (0.28-0.98)

arasında bulmuşlardır. İnceledikleri iki boy büyüme karakteri içinse 0.47 ve 0.45 oranlarında kalıtsallık elde etmişlerdir. Bu sonuçlar çalışmamızda elde edilen sonuçlardan oldukça yüksektir. Diğer benzer çalışmaların sonuçlarıyla (Campbell,1979; Rehfeldt,1990) karşılaştırılan populasyonlar içinde gözlenen genetik varyasyonun boyutu ibrelilerde dikkati çeker ölçüde yüksektir. Rehfeldt (1991) heterojen çevrelere uyumda ibrelili türlerinin farklı bir yaklaşımda gelişmeler gösterdiğini işaret etmektedir. Örneğin, genetik adaptasyon değişimleri *Pinus ponderosa* ve *Larix decidua*'da mutedil olarak seyrederken *Pseudotsuga douglassi*'de daha belirgindir. Diğer bir yandan *Pinus monticola*'da genetik adaptasyon değişimleri tek düze olarak gözlenmiştir. İki yıllık fidan denemesinin sonuçlarına dayanılarak Avrupa karaçamında adaptasyonun yapılaşması *Pinus monticola*'ya benzerdir. Anadolu karaçamının Türkiye'deki doğal yayılışı incelenirse, yayılışı içerisinde mikro-çevreler mozaiği olduğu görülür (Işık, 1990; Kaya ve Temerit, 1994;). Mikro-çevreler mozağıyine uyum sağlamak için bu tür, populasyon içinde aileler arasındaki yüksek genetik çeşitliliği korumak zorundadır (Kaya ve Temerit, 1994).

□ Fenotipik korelasyonlar: Çalışılan tüm karakterler için hesaplanan fenotipik korelasyonlar Tablo.5'de verilmiştir. Çalışılan karakterlerin çoğunda aile içi varyans bileşeni çok düşük olduğundan genetik korelasyonlar hesaplanamamıştır. Fenotipik korelasyonlar ise 3.43 ± 1.25 (BS96 x BB96) ile -0.005 ± 0.18 (HYHT96 x COT) arasında yer almıştır. Tüm korelasyon verileri gözönüne alındığında CWHT96 ile HT97 ve D97 karakterleri arasındaki korelasyon değerlerinin anlamlı (0.65 ± 0.123 ve 0.517 ± 0.159) olduğu görülmektedir. 1996 yılında daha fazla büyüme yapan bireylerin 1997 yılı sonundaki boyları da doğal olarak daha fazla olacaktır.

□ Aile ortalamaları: Her populasyon için çalışılan karakterlerin aile ortalamaları Tablo 4.'de verilmiştir. Bu değerler incelendiğinde de populasyonlar arasında topoğrafik ve kantitatif karakterler açısından anlamlı farklılıklar olmadığı görülmüştür.

Tablo 4.Çalışılan karakterler arasındaki fenotipik korelasyonlar

Table 4. Phenotypic correlations of the studied traits

	COT	HYHT96	CWHT96	BS96	BB96	HT97	BS97	DIAM97
COT		-0.005±0.18	0.06±0.20	-0.08±0.21	-0.03±0.2	0.047 ±0.19	0.053± 0.27	0.09±0.21
HYHT96			0.048±0.17	0.025±0.04	0.06± 0.18	-0.12± 0.16	0.027± 0.18	-0.08±0.18
CWHT96				-0.09±0.19	-0.09±0.19	0.65 ±0.123	-0.113±0.21	0.517± 0.16
BS96					3.43 ±1.25	-0.11 ±0.18	0.254±0.20	-0.135±0.203
BB96						-0.04 ±0.18	-0.089±0.27	-0.036±0.208
HT97							-0.11±0.197	0.694±0.10
BS97								-0.015 ±0.22
DIAM97								

Tablo 5 Karakterlerin populasyon ortalamaları ve standart sapmaları

Tablo 5 Means and standard deviations of the studied traits

	SDR	SDL	SW	ALT	TRR	AGE	COT	HYHT 96	CW HT96	BS96	BB96	HT97	BS97	D97
EYB	3.15 ±0.46	5.84 ±0.39	20.37 ±2.56	991.6 ±36.43	43.22 ±7.81	91.44 ±15.39	7.55 ±0.62	28.65 ±5.37	13.68 ±4.17	343.93 ±15.33	109.56 ±3.87	43.32 ±12.79	269.53 ±9.25	46.50 ±8.46
ASR	3.08 ±0.51	5.71 ±0.42	18.52 ±3.25	299.5 ±34.62	35.24 ±5.04	69.98 ±7.46	7.41 ±0.61	29.31 ±5.69	14.18 ±3.96	347.32 ±10.87	108.92 ±3.65	44.19 ±13.17	271.28 ±9.57	45.92 ±7.89
KAT	3.18 ±0.36	5.71 ±0.46	18.33 ±3.55	957.2 ±41.82	40.79 ±6.01	72.00 ±9.64	7.43 ±0.79	28.49 ±5.29	14.02 ±4.06	346.23 ±13.62	110.19 ±3.64	43.54 ±13.4	211.62 ±9.78	47.98 ±8.41
KAL	3.21 ±0.46	5.95 ±0.48	20.72 ±2.68	763.9 ±32.89	29.93 ±4.58	54.42 ±7.15	7.44 ±0.70	28.44 ±4.86	14.39 ±4.55	346.30 ±9.71	109.71 ±4.08	46.32 ±12.4	268.14 ±9.60	48.36 ±8.60
GÜR	3.17 ±0.33	5.70 ±0.45	19.27 ±2.87	1273.1 ±90.79	32.69 ±5.05	60.29 ±8.00	7.52 ±0.74	29.78 ±5.22	13.68 ±4.49	348.43 ±13.80	109.02 ±4.17	44.61 ±13.2	270.15 ±10.64	47.38 ±8.21
KAP	3.24 ±0.33	5.85 ±0.37	19.74 ±3.16	1451 ±78.41	36.78 ±7.07	87.58 ±9.98	7.61 ±0.63	28.67 ±6.11	13.99 ±4.31	341.97 ±14.04	110.46 ±3.52	45.87 ±13.8	210.71 ±9.48	49.06 ±8.53
MIH	3.21 ±0.41	5.76 ±0.49	19.69 ±3.24	708.2 ±105.8	33.28 ±6.26	83.82 ±14.35	7.54 ±0.63	29.16 ±5.45	13.70 ±4.51	345.45 ±13.06	109.52 ±4.11	44.34 ±13.42	269.16 ±10.33	46.88 ±7.07

4.2. Populasyonların Genetik Yapısı

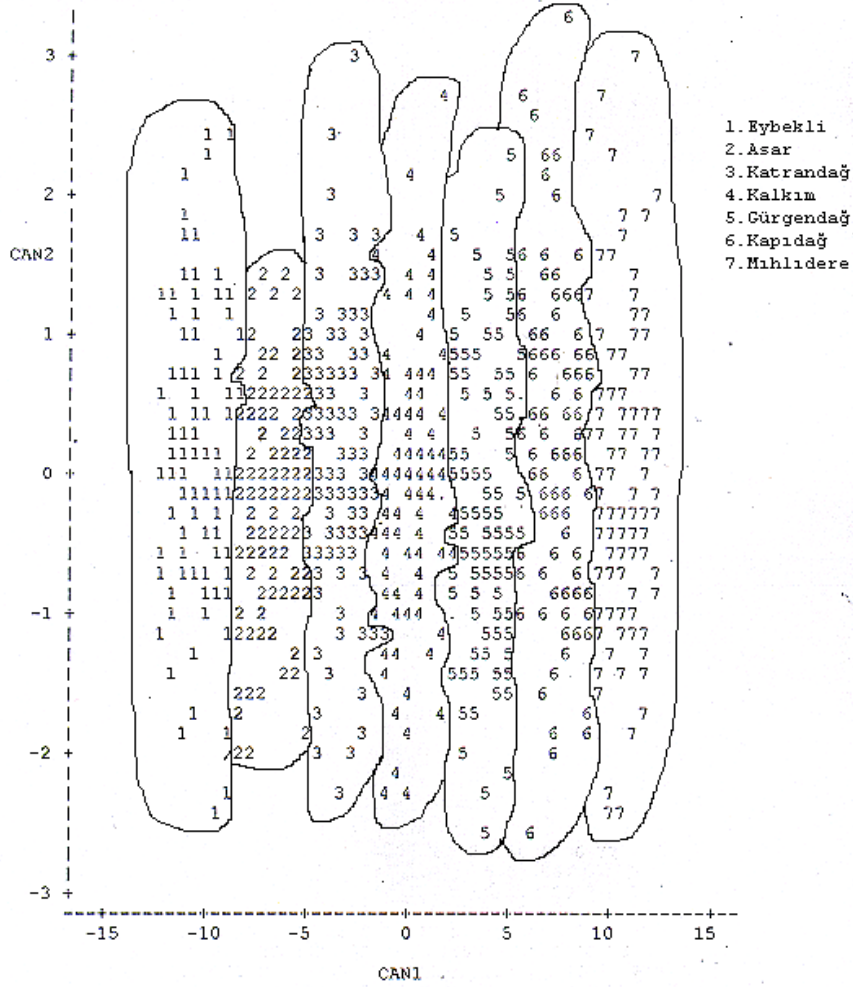
Populasyonlar arasındaki genetik mesafelerin belirlenmesinde “Kanonik Diskriminat Analizi” kullanılmıştır, sonuçlar Tablo 6.’da verilmiştir. Analiz sonucunda elde edilen “Squared Distance”lara göre en yakın populasyonlar Kapıdağ ve Mıhlidere (11.96) ve Eybekli ve Asar’dır (12.93). Genetik açıdan en farklı populasyonlar ise Eybekli ve Mıhlidere’dır (440.72). Ayrıca analiz sonucunda elde edilen grafikde de, populasyonların birbirlerinden farklılaşmamış olduğu görülmektedir. Ancak yine de Eybekli ve Asar populasyonlarının en yakın Eybekli ve Mıhlidere populasyonlarının da en uzak ya da farklılaşmış populasyonlar olduğu görülmektedir. Bu sonuçlar aynı populasyonlar üzerinde yapılan (Velioğlu ve ark.,1998) izoenzim çeşitliliği çalışmasının sonuçlarıyla da paralellik göstermektedir. Bu araştırmada Nei’nin G-İstatistiği sonucunda elde edilen genetik mesafe değerleri de aynı sonucu vermektedir. Populasyonların birbirlerinden çok fazla farklılaşmadığı buna rağmen bazı populasyonlar arasında belirgin farklar olduğu görülmektedir.

Sonuçlar populasyonların coğrafik verileriyle de (örneğin uzaklık, bakı ve rakım) uyumludur. Asar populasyonu, rakımı (300 m) gözönüne alındığında karaçam için sıradışı populasyonlardan birisidir. Ancak rakımın belirleyici olduğunu söylemek yanlış olur çünkü Asar’a genetik açıdan en yakın populasyon olan Eybekli’nin rakımı 1000 m’dir. Mıhlidere ve Kapıdağ populasyonları da bakıları düşünüldüğünde karaçam için sıradışıdır. Çünkü karaçamın kuzey bakıyı tercih etmediği bilinmektedir. Ancak Mıhlidere kuzey, Kapıdağ ise kuzey-doğu bakıda yer almaktadır.

Populasyonların genetik açıdan yakın olmaları coğrafik açıdan da yakın olmaları ile açıklanabilir, çünkü bu şekilde populasyonlar arası polen alışverişi oldukça kolaydır.

Tablo 6. Populasyonların genetik mesafeleri
Tablo 6. Genetic distances of the populations

	EYB	ASR	KAT	KAL	GÜR	KAP	MIH
EYB	0	12.93046	49.24726	111.15123	198.83564	308.93196	440.71714
ASR	12.93046	0	12.10844	48.93394	111.19540	196.71468	304.01253
KAT	49.24726	12.10844	0	12.73612	50.71664	111.99630	196.12863
KAL	111.15123	48.93394	12.71664	0	12.91068	49.83655	109.51114
GÜR	198.83564	111.19540	50.71664	12.91068	0	12.49693	47.67524
KAP	308.93196	196.71468	111.99630	49.83655	12.49693	0	11.95642
MIH	440.71714	304.01253	196.12863	109.51114	47.67524	11.95642	0



Şekil 3. Populasyonların diskriminant fonksiyonlarına dayalı olarak çizilen grafik

Figure 3. Plot of Populations Based Canonical Discriminant Function

5.SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışmada, Dünya Bankası'nca desteklenen "Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması Projesi" kapsamında pilot bölge olarak seçilen Kazdağları'nda hedef türlerden karaçamın genetik çeşitliliğinin fidan karakteristikleri yoluyla belirlenmesi üzerine çalışılmıştır.

Kurulan 3 tekerrürden birinin fidanlık şartları yüzünden kaybedilmesi, verilerin değerlendirmesini olumsuz yönde etkilemiştir. Bu yüzden yapılan istatistiki analizler sonucunda kesin yargılara varmak zordur.

Varyans analizi sonuçlarına göre çalışılan fidan karakterleri açısından populasyonlar arasında fark yoktur. Ancak büyümeyle ilgili karakterler açısından populasyonlar içinde anlamlı farklılıklar bulunmuştur. Çalışılan tüm karakterler için hata varyans bileşeni yüksektir. Bu sonucu da tekerürlerden birinin eksikliğinin örnek sayısının azalmasına yol açmasıyla veya deneme deseninin eksiklikleriyle açıklayabiliriz. Kalıtsallık değerleri de yalnızca 4 karakter için hesaplanabilmiştir. Bunlardan yalnızca ikisi (bu karakterler de boy büyümesiyle ilgilidir) anlamlıdır.

Populasyon ortalamaları da populasyonlar arasında belirgin farklılaşma olmadığını göstermektedir.

Fenotipik korelasyon değerleri de diğer analiz sonuçlarını destekler niteliktedir. Sadece büyümeyle ilgili karakterler için anlamlı fenotipik korelasyonlar elde edilmiştir.

Bunun yanı sıra genetik mesafe değerleri ve grafik gözönüne alındığında, populasyonların birbirlerine genetik olarak oldukça yakın oldukları ancak bazı populasyonlar arasında genetik farklılaşmalar olduğu sonucuna varılmıştır.

Kesin yargılara varamamakla birlikte genetik mesafe değerleri gözönüne alınarak en azından Asar ve Mıhlidere populasyonlarının korunması gerektiği sonucuna varılmış ve bu alanlar GEKYA olarak önerilmiştir. Ancak bu çalışmanın verileri izoenzim analizi sonuçlarıyla birlikte değerlendirilmelidir.

ÖZET

Doğal orman ağacı populasyonlarında genetik çeşitliliğin araştırılması, ıslah stratejilerinin belirlenmesi ve gen kaynaklarının korunması için temel genetik bilgiler sağlamaktadır.

Karaçam ülkemizin ekonomik açıdan önemli türlerinden birisidir. Bu çalışmada, Kazdağları'ndan örneklenen 7 doğal karaçamı populasyonu arasındaki genetik çeşitliliğin boyutunun ve yapılaşmasının belirlenmesi için fidan karakteristikleri kullanılmıştır. Çalışma sonucunda uygun populasyonların türün gen kaynaklarının yerinde korunması amacıyla GEKYA olarak seçilmesi amaçlanmıştır.

Toplam 315 ağaçtan kozalak toplanarak elde edilen tohumlar fidanlıkta 3 tekerrürlü raslantı blokları deseniyle ekilmiştir. Yetiştirilen fidanlarda 2 yıl boyunca 8 fidan karakteri araştırılmıştır.

Varyans analizi sonuçlarına göre çalışılan fidan karakterleri açısından populasyonlar arasında fark yoktur. Ancak büyümeyle ilgili karakterler açısından populasyonlar içinde anlamlı farklılıklar bulunmuştur.

Aile düzeyinde ise büyüme karakterleri açısından farklılık gözlenmiştir. Ailesel kalıtım değerleri incelendiğinde kalıtım değerlerinin oldukça düşük olduğu görülür, bu ailesel varyansın düşüklüğünden kaynaklanmaktadır. CWHT96 ile HT97 ve D97 karakterleri dışında anlamlı değerler elde edilememiştir. Fenotipik korelasyonlar ise 3.43 ± 1.25 (BS96x BB96) ile -0.005 ± 0.18 (HYHT96xCOT) arasında değişmektedir. Genetik mesafe değerleri ve grafik incelendiğinde populasyonların birbirlerinden fazla farklılaşmadıkları söylenebilir ancak gene de populasyonlar arasında sınırlar çizmek mümkündür.

Tüm verilere dayanılarak populasyonların genetik yapıları hakkında kesin yargılara varılamasa da Eybekli, Mıhlıdere ve Gürgendağ populasyonları GEKYA olarak önerilmiştir.

SUMMARY

Assessment of genetic variation in natural populations of forest trees is important for determination of breeding strategies of species and also for conservation of genetic resources.

Black pine is one of the important forest tree species of Turkey. In this study genetic structure of black pine was investigated by seedling traits. For this purpose, seeds obtained from 7 black pine populations were sown in a nursery and seedlings were observed for 2 years for 8 seedling characteristics. Data obtained were analyzed and variance components, family heritabilities, genetic and phenotypic correlations and genetic distances between populations were investigated.

Analysis of data showed that variance components of the errors was so large due to reduction of one replicates. Shortage of sample size caused some problems while analyzing data. However variation between populations were observed for only BS96 trait. Families were different for growth traits. Moreover family heritabilities were not significant due to variation within families. Correlations for CWHT96xHT97 and CWHT96xD97 were the only significant traits. Genetic distances estimated for the populations showed that although populations were not differentiated clearly; Eybekli and Mıhlidere populations seemed different.

Although results of the study were not so reliable regarding genetic structure of the populations, Eybekli, Mıhlidere and Gürgendağ populations were selected as GMZ.

KAYNAKÇA

- ALPTEKİN, C. Ü. 1986: Anadolu karaçamı (*Pinus nigra* ssp. *pallasiana* Lamb). İstanbul Üniversitesi, Orman Fakültesi Dergisi, 36: 132- 154.
- ARBEZ, M., BERNARD-DAGAN, C., FILION, C. 1974: Intraspecific Variability of *Pinus nigra* Monoterpenes-Analyses of First Results. Ann. Sci.For. 31:57-70.
- BONNET-MASIMBERT, M., BİKAY-BİKAY, V. 1978: Variabilite Intraspecificque des Isozymes de la Glutamate Oxaloacetate Transaminase Chez *Pinus nigra* Arnold. Silvae Genetica 27:71-79.
- CAMPBELL, R.K. 1979: Genecology of Douglas-fir in a Watershed in the Oregon Cascades. Ecology 60: 1036-1050
- CRITCHFIELD, B., LITTLE, E.L. 1966: Geographic Distribution of the Pines in the World. USDA For. Service., Misc. Publ.No:991, 97p.
- DOĞAN, B., ÖZER, A.S. GÜLBABA, A.G. VELİOĞLU, E. DOERKSEN, A.H., ADAMS, W.T. 1997: Kazdağlarından örneklenen Karaçam (*Pinus nigra* Arnold.) populasyonlarında kalıtım ve allellerin bağılılığı. EOAED Sayı:1, Yıl: 1997.
- ECONOMOU, A. 1990: Growth Intercept as an Indicator of Site Quality for Planted and Natural stands of *Pinus nigra* var *pallasiana* in Greece. Forest Ecol. Manag. 32:103-115.
- GEMİCİ, Y. 1994: Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması Survey-Envanter Kursu 11-22 Nisan. Akçay- Edremit.
- İŞİK, K. 1980: Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlar Arası ve İçi Gnetik Çeşitliliğin Araştırılması. TÜBİTAK Proje No: TOAG/335. ANKARA.
- İŞİK, K. 1990: Seasonal Course of Height and Needle Growth in *Pinus nigra* Grown in Summer-Dry Central Anatolia. Forest Ecol. Man. 35: 261-270.
- İŞİK, K. 1996: Biyolojik Çeşitlilik ve Orman Gen Kaynaklarımız, Orman Bakanlığı Yayını, No:13, Ankara.

KAYA, Z., CHING, K.K., ve STAFFORD, S.G. 1985: A Statistical Analysis of European Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.) from Different Sources, *Silvae Genetica* 34:148-156.

KAYA, Z. ve TEMERİT, A. 1994: Genetic Structure of Marginally Located *Pinus nigra var pallasiana* Populations in Central Turkey. *Silvae Genetica* 43, 5/6 pp 272-275.

KAYA, Z., KÜN, E. GÜNER, A. 1997: “Türkiye Bitki Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması (*in situ*) Ulusal Planı” Milli Eğitim Basımevi, İstanbul.

KAYA, Z., ve NEALE, D.B. 1993: Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Polymorphisms in *Pinus nigra* subsp. *pallasiana* and *Pinus brutia*. *Doğa- Tr J. of Agriculture and Forestry* 17 pp. 295- 306.

LEDIG, F.T. 1986: Conservation strategies for forest gene resources. *For. Ecol. Managm.* 14:77-90.(16)

MATZIRIS, D.I. 1989: Variation in Growth and Branching Characters in Black Pine (*Pinus nigra*) of Peloponnesos. *Silvae Genetica* 38:77-81.

MUONA, Q. 1990: Population genetics in forest tree improvement. In: *Plant population genetics, breeding, and genetic resources.* Brown H.D.

MUONA, Q. 1997: Orman Ağaçları Islahında Populasyon Genetiği, Çeviren: Bünyamin DOĞAN EOAED Sayı:1, Yıl:1997, Karşıyaka, İzmir.

NAMKOONG, G. 1984: A control concept of gene conservation. *Silvae Genetica* 33 : pp.160-163.

NICOLIC, D. ve TUCIC, N. 1983: Isoenzyme variation within and among populations of European black pine. *Silvae Genetica* 32, 3-4: 80-89

PORTFAIX, C. 1989: Exploration of Genetic-Variability of 5 Natural Stands of Corsican Pine (*Pinus nigra* ssp. *laricio* var *corsicana*) *Ann. Sci. For.* 46:217-232.

READ, A.R. 1976: Austrian (Black Pine) Pine in Eastern Nebraska. Provenance Study. USDA For Serv. RM-Range and Experiment Station, Res. Pap. (Fort Collins) RM #180, 8p.

REHFELDT, G.E. 1990: Genetic Differentiation among Populations of *Pinus ponderosa* from upper Colorado River Basin. Bot. Gaz., 151:125-137

REHFELDT, G.E. 1991: Resource Management: Using Models of Genetic Variation in Silviculture. USDA-Forest Service, Genetic / Silviculture Workshop, Wenatchee, WA, USA, pp.31-44

RÖHRIG, E. 1966: Eurpoean Black Pine and Forms Part II. First Results from Provenance Experiments. Silvae Genetica 15:21-26.

SAS Inst. Inc. 1988: SAS/STAT User's Guide, Release 6.03 Edition, Cary, NC, 1028p

SCATSOYIANNES, A., ROHR, R., PANETSOS, K.P. ve TSAKTSIRA M. 1994: Allozyme frequency distribution in five European populations of black Pine (*Pinus nigra* Arnold). Silvae Genetica 43: 20-30.

SİLİN, A. E. ve GONCHARENKO, G.G. 1996: Allozyme variation in natural populations of Eurasian pines: IV. Population structure and genetic variation in geographically related and isolated populations of *Pinus nigra* Arnold on the Crimean Peninsula. Silvae Genetica, 45, 67-75.

ŞİMŞEK, Y., ERKULOĞLU, Ö.S. ve TOSUN, S. 1995: Türkiyede karaçam (*Pinus nigra* Arn. ssp. *pallasiana* (Lamb) Holmboe) Orijin Denemelerinin İlk Sonuçları, OAE Teknik Bülten No: 247.

VELİOĞLU, E., TOLUN, A.A., ÇENGEL, B., KAYA, Z. 1998a: Bolkar dağları doğal karaçam (*Pinus nigra* Arnold subspecies *pallasiana*) populasyonlarında izoenzim çeşitliliği, OATIAM Teknik Bülten No:2.

VELİOĞLU, E., ÇENGEL, B., KAYA, Z. 1998b: Kazdağları doğal karaçam (*Pinus nigra* Arnold subspecies *pallasiana*) populasyonlarında izoenzim çeşitliliği, OATIAM Teknik Bülten No:4.

VIDAKOVIC, M. 1974: Genetics of European Black Pine (*Pinus nigra* Arnold.). Ann. Forest: 6/3:57-86.

VIDAKOVIC, M. 1991: Conifers Morphology and Variation. Graficki Zavod Hrvatske.

WILCOX, M.D., MILLER J.T. 1975: *Pinus nigra* Provenance Variation and Selection in New Zealand. Silvae Genetica 24:132-143.

WHEELER,N.C., KRIEBEL,H.B., LEE,C.H.,READ,R.A., WRIGHT, J.W. 1976: 15-year Performance of European Black Pine in Provenance Test in North Central U. S. Silvae Genetica 25:1-6.