

Orman Bakanlıđı Yayın No: 74
Müdürlük Yayın No: 10

ISBN: 975-8273-17-5

**KAZ DAĞLARI'NDAKİ DOĐAL KAZDAĐI GÖKNARI
(*Abies equi-trojani* Aschers. et. Sint.) POPULASYONLARINDA
GENETİK ÇEŞİTLİLİĐİN YAPILANMASI**

ODC: 165.3

GENETIC VARIATION IN NATURAL
KAZDAĐI FIR (*Abies equi-trojani* Aschers et. Sint.) POPULATIONS
SAMPLED FROM KAZDAĐLARI

Ercan VELİOĐLU
(Orman Mühendisi)

F. Filiz ÇİÇEK
(Yüksek Biyolog)

Prof. Dr. Zeki KAYA
(ODTÜ Biyoloji Bölümü)

Burcu ÇENGEL
(Yüksek Biyolog)

TEKNİK BÜLTEN NO: 3

**T.C.
ORMAN BAKANLIĐI
ORMAN AĐAÇLARI VE TOHURLARI 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	11
3.1.Örnekleme ve Deney Alanının Seçilmesi.....	11
3.2.Deneme Alanı ve Deseni.....	12
3.3.İncelenen Karakterler	13
3.4.İstatistiksel Analizler.....	15
4.BULGULAR VE TARTIŞMA	18
4.1.Genetik Çeşitliliğin Yapılanması ve Kalıtım Değerleri	18
4.2.Populasyonların Genetik Yapısı	21
5.SONUÇ VE ÖNERİLER	25
ÖZET	27
SUMMARY	29
KAYNAKÇA	30

ÖNSÖZ

Bu çalışma, Kazdağları'na endemik bir tür olan Kazdağı göknarının genetik yapısının incelenmesi amacıyla yapılmıştır. Hesaplanan genetik parametreler aynı amaçla yapılmış olan izoenzim çalışmalarının verileri ile karşılaştırılarak bu tür üzerinde yapılacak çalışmalara yön verilebilir.

“Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması Projesi” kapsamında pilot bölge olarak seçilen Kazdağları'nda hedef tür olarak belirlenen Kazdağı göknarının genetik çeşitliliği üzerine yapılan bu çalışmada Gen Koruma ve Yönetim Alanı (GEKYA) olarak ayrılması uygun popülasyonlar 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 ve Murat ALAN'a, her zaman yardımlarını gördüğümüz Müdürümüz Ziya ARGIMAK başta olmak üzere tüm müdürlüğümüz çalışanlarına teşekkür ederiz.

Araştırma sonuçlarının uygulayıcılara yararlı olmasını dileriz.

ANKARA, 1998

Ercan VELİOĞLU
F. Filiz ÇİÇEK
Prof. Dr. Zeki KAYA
Burcu ÇENGEL

ÖZ

Sadece Kazdağları'nda yayılış gösteren Kazdağı göknarının genetik yapısını incelemek için Kazdağları'ndaki dört doğal populasyondan toplanan 126 aileye ait tohumlar Kızılcahamam fidanlığına ekilmiştir. Fidanlar üzerinde şu karakterler incelenmiştir; hayatta kalma (SURV), kotiledon sayısı (COT), 1996'daki tomurcuk tutma zamanı (BS96), hipokotil uzunluğu (HYPOHT), 1997'deki tomurcuk patlama zamanı (BB97), soğuktan zarar görme durumu (FRDAM), tomurcuk sayısı (BUDNUM), yan dal sayısı (BRANUM), 1997'deki tomurcuk tutma zamanı (BS97), 1996'daki toplam boy uzaması (HT96), 1997'deki toplam boy uzaması (HT97) ve 1997 sonundaki toplam çap büyümesi (D97).

Fidanlara ait bu karakterlerin incelenmesi sonucu toplam varyansın populasyon içindeki ailelere atfedilen bileşeninin populasyona atfedilenden daha fazla olduğu ve %0.0 (COT ve BS96) ile %25.0 (D97) arasında değiştiği, aile kalıtım derecelerinin ise 0.03 ± 0.20 ile 0.37 ± 0.15 arasında değiştiği görülmüştür. En yüksek kalıtım derecesi SURV ve D97, en düşük kalıtım derecesi ise HT97 karakterlerine aittir. Pairwise squared distance analizi ve kanonik diskriminant fonksiyon analizi sonuçlarına göre, Çan populasyonu diğer populasyonlardan genetik mesafe olarak daha uzaktır. Populasyonlar arasında en uzak mesafe Çan ile Kapıdağ arasında bulunmuştur. Kapıdağ ile Gürgendağ ve Eybekli populasyonlarının birbirlerine yakın mesafede oldukları görülmüştür. Ayrıca bu çalışmada, genel olarak fidan karakterlerinin genetik korelasyonlarının fenotipik korelasyonlarla aynı yönde ve daha kuvvetli olduğu tespit edilmiştir. Çan ve Gürgendağ populasyonlarının GEKYA olarak ayrılması önerilmiştir.

Anahtar kelimeler: Kazdağı, Kazdağı göknarı, genetik varyasyon, kalıtım derecesi, genetik korelasyon

ABSTRACT

To investigate magnitude and pattern of genetic variation in Kazdađı fir in four natural populations at Kazdađı, seeds of 126 families from 4 populations were raised in the Kızılcahamam nursery. The following traits were recorded; survival (SURV), number of cotyledons per seedling within family (COT), timing of bud set in 1996 (BS96), hypocotyl growth in 1996 (HYPOHT), timing of bud burst in 1997 (BB97), frost damage (FRDAM), bud number (BUDNUM), branch number (BRANUM), timing of bud set in 1997 (BS97), total height in 1996 (HT96), total height in 1997 (HT97) and total diameter in 1997 (D97).

The component of total variation attributable to the families within populations were greater than that of populations. The total variances attributable to the families within populations were ranging between 0.0% (COT and BS96) to 25.0% (D97). The estimated heritabilities were ranging between 0.03 ± 0.20 to 0.37 ± 0.15 .

As a result of pairwise squared distance analysis and canonical discriminant function analysis, the largest distance was detected between Çan and Kapıdađ populations. Çan is the most distant population among others. The smallest distance was detected between Grgendađ and Kapıdađ and Eybekli and Kapıdađ populations. In addition, genetic and phenotypic correlation between seedling traits were generally in the same direction in sign and genotypic correlation were stronger. It is recommended that GMZ in Kazdađı should be located in Çan and Grgendađ.

Keywords: Kazdađı, *Abies equitrojani*, genetic variation, heritability, genetic correlation, phenotypic correlation

1. GİRİŞ

Ülkemizin coğrafi olarak Orta Kuşağın güneyinde bulunması, etrafının denizlerle çevrili olması, sıralar halinde dağ kuşaklarının uzanması ve başta değişik iklim tiplerinin hüküm sürmesi, çok çeşitli vejetasyon formasyonlarının bulunmasına ve yetişmesine neden olmaktadır (Atalay, 1994). Türkiye’de 9000 bitki türü bulunmaktadır. Bunların yaklaşık 3000’i endemiktir (Kaya ve ark., 1997b). Gerekli koruma önlemleri alınmadığı takdirde bazı bitki türlerinin yok olacağı veya yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalacağı bir gerçektir.

Gen kaynaklarının korunması için bir çok ekonomik, ekolojik, estetik ve etik nedenler bulunmaktadır (Işık,1996). Her türün yiyecek, ilaç, kimyasal madde, barınak, giysi ve gelecekte kullanılacak bir potansiyel olarak kendine özgü değeri vardır. Bir türün ekonomik önemini anlamak çok kolaydır. Halbuki, ekolojik değeri ve potansiyel olarak kullanılacak değeri tahmin edebilmek güçtür. Ekolojik açıdan düşünüldüğünde, bir türün yok olması, onunla birlikte tüm genetik bilgisinin de ortadan kalkması anlamına gelir. Son yıllarda, özellikle tarla bitkilerindeki genetik erozyon dikkati çeker ölçüde artmıştır. Doğal ormanlar genetik çeşitlilik açısından zengindir. Ülkemizin topografik yapısı, iklimi ve insan etkileri yüzünden çok kısa mesafelerde çevre koşulları değişmektedir. Bunun sonucunda her değişik çevre koşulu değişik genetik yapı ve lokal popülasyonlar ortaya çıkarır. Ağaçlar, uzun yıllar süren yaşamları boyunca kısıtlı hacmi olan yaşama ortamı (habitat) kullandığından, doğal seleksiyon baskısı orman ağaçları üzerinde daha şiddetlidir. Sonuçta, bir yörede yaşayabilen orman ağaçları, o yörenin yaşama koşullarına en iyi uyum sağlayabilmiş ve o yörede en üstün esnekliği gösteren bireylerdir. Orman gen kaynakları ile ilgili çalışmalarda ormanların etkili bir şekilde korunması ve yönetilmesini sağlayacak plânlar yapılmalıdır (Işık, 1996).

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

1970'li yıllarda farkına varılarak uluslararası antlaşmalar ve destekler başlatılmıştır.

“Global Environmental Facility-GEF” adına hareket eden Dünya Bankası'ndan sağlanan hibe bütçe ile ülkemizde “Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması Projesi” 1993 yılında başlamıştır. Bu proje kapsamında, Kazdağları pilot bölgelerden biri olarak seçilmiştir. Bu bölgede belirlenen hedef türlerden biri de Kazdağı göknarıdır. Ülkemizdeki yayılışı 5512 ha. olan Kazdağı göknarı endemik bir türümüzdür (Ata, 1975). Bu çalışmada, belirlenen dört doğal Kazdağı göknarı popülasyonundan toplanan tohumlardan elde edilen fidanlar üzerinde morfolojik karakterler gözlenerek genetik varyasyon belirlenmeye çalışılmıştır.

Genetik çeşitlilik açısından farklılık gösteren popülasyonlar “Gen Koruma ve Yönetim Alanı” (GEKYA) olarak önerilmiştir. Bu alanların genetik çeşitliliği yerinde korumanın yalnız tek tür düzeyinde değil, evrimsel gelişmelere de olanak verecek boyut ve büyüklükte olması sağlanmaya çalışılmıştır.

2. LİTERATÜR ÖZETİ

Kazdağı göknarından üstün özellikte tohum sağlama ile ilgili bir çalışmada Aslan (1982), serbest tozlaşan Kazdağı göknarının kotiledon sayısı ortalamasını 5.58 ± 0.63 , hipokotil boyu ortalamasını ise 4.76 ± 0.81 olarak tespit etmiştir.

Aslan'ın (1986) Kazdağı göknarının fidanlık tekniği ile ilgili olarak yaptığı çalışmada bu türün bindane ağırlığı 55.33g., ekim zamanı sonbahar veya erken ilkbahar olarak tespit edilmiştir. Ekim derinliğinin 1-2 cm. olması ve kapatma materyalinin de orman toprağı olması tavsiye edilmiştir. Bu tür için gölgeleme yapılmasının gerektiği de belirtilmiştir .

Şimşek'in (1992) çalışmasında Karadeniz göknarının (*Abies nordmanniana*) 6, Uludağ göknarının (*Abies bornmulleriana* Mattf.) 1, Kazdağı göknarının da 1 populasyonundan tohum örnekleri alınmış ve bunlar 6 enzim sistemi kullanılarak incelenmiştir. Bu çalışmanın sonucunda, Kazdağı göknarının genetik yapı olarak çok fakir olduğu ve Uludağ göknarı ile akrabalığı olmadığı ifade edilmiştir.

Gülbaba ve ark.'nın (1996) araştırmasında Kazdağı göknarının dört populasyonundaki 124 ağaçtan toplanan açık tozlaşma ürünü tohumlarla izoenzim çeşitliliği incelenmiştir. Önemli oranda genetik varyasyona sahip olduğu tespit edilen Kazdağı göknarının genetik çeşitlilik parametrelerinden, beklenen heterozigotluk (H_e) ve fiksasyon indeksinin sırasıyla 0.084 ile 0.152, ve -0.064 ile 0.199 arasında değiştiği tesbit edilmiştir.

Kaya ve ark. (1997a) Türkiye'deki üç göknar türünü RAPD ve SSR markörleri kullanarak genetik yapı bakımından karşılaştırmışlardır. Araştırmanın Kazdağı göknarının üzerinde çalışılan diğer göknar türlerinden genetik olarak farklılaşmış olduğu ve bu türlerin her ikisine de aynı genetik mesafede bulunduğunu ortaya koymuşlardır.

Diğer göknar türleri ile ilgili olarak, Fady ve Conkle (1993) Uludağ göknarı ile birlikte hibrit oluşturarak Kazdağı göknarının atası olarak bilinen (Aslan, 1986; Ata, 1975) *Abies cephalonica* Loud.'nın populasyonlar arası ve içi genetik çeşitliliğini incelemiştir. Bu

çalışmada, *A. cephalonica* Loud., *Abies borisi regis* Mattf., Uludağ göknaarı, ve *Abies alba* Mill. incelenmiştir. Araştırmacılar yüksek oranda tahmin edilen heterozigotluk (0.175 ile 0.290) ve polimorfik lokuslar (52.9 ile 87.5) tespit etmişlerdir. *A. cephalonica* Loud., *A. borisi regis* Mattf., Uludağ göknaarı, ve *A. alba* Mill.'da belirlenen bu yüksek heterozigotluk, yüksek seviyelerde genetik çeşitliliğin olduğunu göstermektedir. Genetik çeşitliliğin büyük bir kısmının populasyon içinden olduğu belirtilmiştir. *A. borisi regis* Mattf. haricindeki diğer populasyonlarda anlamlı heterozigotluk eksikliği bulunmuştur. Bu eksikliğin sebebinin yüksek oranda kendileme olduğu öne sürülmüştür. *A. borisi regis* Mattf., *A. cephalonica* Loud. ile *A. alba* Mill.'nın hibritleşmesi ile ortaya çıkmış olduğundan, karma bir gen havuzuna sahip olduğu ve yüksek oranda polimorfik lokus içerdiği belirtilmektedir.

Kaya ve Temerit'in (1994) fidan karakteristikleri yoluyla yaptığı çalışmada, orta Anadolu'daki 7 karaçam (*Pinus nigra* var. *pallasiana*) populasyonunun genetik yapısı belirlenmiştir. Araştırmacılar bu türün populasyon içi genetik çeşitliliğini diğer iğne yapraklılardan daha yüksek olarak tespit etmişlerdir. Çalışmada, mikro-çevresel heterojeniteden dolayı populasyonlar içinde aileler arası genetik çeşitliliğin büyük olduğu belirtilmektedir.

Işık ve Kaya (1995) ise fidan karakteristikleri yoluyla dört kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) populasyonunun genetik çeşitliliğini incelemişlerdir. Araştırmacılar fidan karakterleri bakımından populasyonlar arası ve populasyon içinde genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu ortaya çıkarmışlardır. Varyasyonun populasyonlar düzeyinde %0 ile %57, aileler düzeyinde ise %0 ile %75.7 arasında değiştiğini belirtmişlerdir. Fidan karakterlerinin bir çoğu için 0.20 ile 0.96 arasında değişen yüksek kalıtsallık değerleri tahmin etmişlerdir.

Doğan (1997), doğal kızılçam populasyonlarında genetik çeşitliliğin yapısını incelediği çalışmada fidan karakterlerine ait gözlenen varyans oranlarının ortalama %90'ının aileler içi varyasyondan kaynaklandığını tespit etmiştir. Fidanların boylanmaya ait kalıtım dereceleri 1. yıl fidan boyu (%84), 1. yıl sürgün boyu (%83) ve toplam fidan boyu (%81) için oldukça yüksek değerler

bulunmuştur. Ayrıca, bu çalışmada birçok karakter arasında önemli düzeyde korelasyonlar bulunmuştur. 1. yıl tomurcuk tutma zamanı ile 2. yıl tomurcuk patlama zamanı arasındaki korelasyon (-0.999) ise en güçlü ilişki olarak ifade edilmiştir.

3. MATERYAL VE METOD

3.1. Örnekleme ve Deney Alanının Seçilmesi

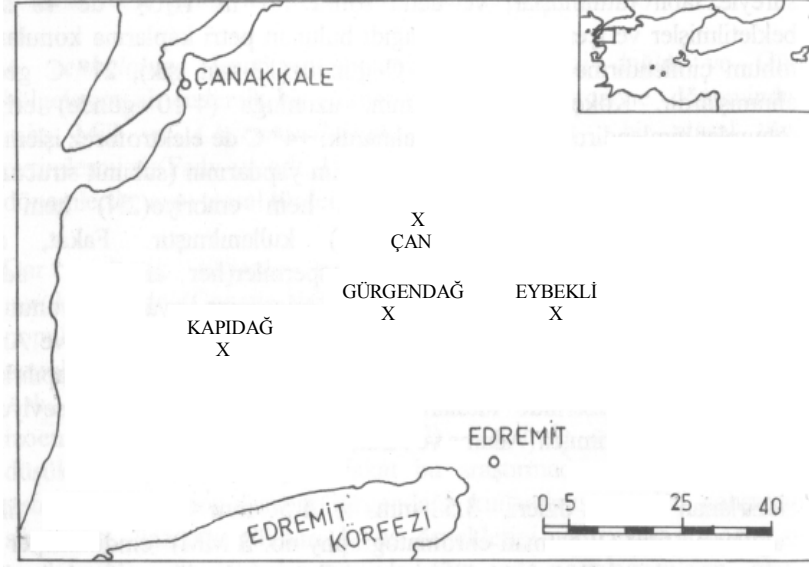
1994 yılında Kazdağı'nda belirlenen dört Kazdağı göknarı popülasyonundaki toplam 126 ağaçtan açık tozlaşma ürünü tohum toplanmıştır. Kendileme ve akrabalığın engellenebilmesi ve popülasyonların gen havuzunun yeterince temsil edilebilmesi için ağaçların birbirinden en az 100 m. uzakta, bir popülasyondaki ağaçların aralarındaki yükselti farkı en fazla 300 m. ve ağaç yaşlarının birbirine yakın olmasına dikkat edilerek rastgele seçilmiştir. Toplanan tohumların çap ve boy ölçümü yapılmış, daha sonra da bindane ağırlığı hesaplanmıştır. Toplanan tohumlar 4°C'de naylon torbalar içinde muhafaza edilmiştir. Örneklenen popülasyonların yerleri ve büyüklükleri Tablo 1'de, harita üzerinde coğrafi yeri de Şekil 1'de verilmiştir.

Tablo 1. Örneklenen Popülasyonlarının Yerleri ve Büyüklükleri
Table 1. Locations and Sizes of Sampled Populations

Popülasyonlar Populations	Enlem Latitude	Boylam Longitude	Yükselti Altitude	Örnek Sayısı Sample size
Eybekli	39°42'	27°07'	1000	25
Çan	39°56'	27°07'	750	22
Gürgendağ	39°46'	26°57'	1300	56
Kapıdağ	39°43'	26°52'	1450	23

^aSaha ve kapalılığa göre tahmini ağaç sayısı

^aApproximate number of trees based on area and tree density



Şekil 1. Örneklenen *A. equitrojani* Populasyonlarının Haritası
Figure 1. Map of locations of Sampled *A. equitrojani* Populations

3.2. Deneme Alanı ve Deseni

Kozalaklardan 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 desenine göre ekilmiştir. 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 bulunan iki sıra da tecrit olarak belirlenmiştir. Tecrit sıralarına Karadeniz göknarı tohumları ekilmiştir. Bir yastıkta 126 sıra bulunmaktadır 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 126 aileden tesadüfi olarak seçilen bir ailenin tohumları ekilmiştir. Fidanlara yastık yüzeyinin yaklaşık 60-70 cm yukarısından gölgeleme yapılmıştır (Aslan, 1986).

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	124	57	5	113	26	79	←aile no.
O	O	O	O	O	O	O	O	O	
O	O	X	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	X	
O	O	X	X	X	X	X	X	X	
O	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 hayatta kalma (SURV) ekilen tohumların yaşama durumudur. Ekim noktasında çimlenen fidecik varsa 1, yoksa 0 olarak kodlanmıştır. Kotiledon sayısı (COT), her ekim noktasında bulunan fideciklerin kotiledonların sayısıdır. Tomurcuk tutma zamanı

Tablo 2. Fidan Karakterleri ve Açıklamaları
Table 2. Descriptions of Seedling Traits

Karakter Kodları Code of traits	Açıklamaları Definition of traits	Birimleri Units
SURV	Hayatta kalma Survival	1 0
COT	Kotiledon sayısı Number of cotyledons	adet counts
BS96	1996'daki tomurcuk tutma zamanı Date of bud set in 1996	gün days
HYPOHT	Hipokotil uzunluğu Length of hypocotyl	mm
BB97	1997'deki tomurcuk patlama zamanı Date of bud burst in 1997	gün days
FRDAM	Soğuktan zarar görme durumu Degree of frost damage	1-5 1 to 5
BUDNUM	Fideciklerdeki tomurcuk sayısı Number of buds in the seedling	adet counts
BRANUM	Fideciklerdeki yan dal sayısı Number of branches in the seedling	adet counts
BS97	1997'deki tomurcuk tutma zamanı Date of bud set in 1997	gün days
HT96	1996'daki boy uzaması Total height in 1996	mm
HT97	1997 sonundaki toplam boy uzaması Total height in 1997	mm
D97	1997 sonundaki toplam çap büyümesi Total diameter in 1997	mm

(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 (BB97), ikinci büyüme mevsimi başında 01.01.1997'den 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 (HYPOHT), fideciklerde ilk yıl tomurcuk tutmasından sonra toprak yüzeyinden kotiledona kadar ölçülen uzunluktur. 1996'daki boy uzaması (HT96), ilk yılın büyüme mevsiminin bittiği zamanda ölçülen kotiledon-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. Soğuktan zarar görme durumu (FRDAM) ikinci büyüme mevsimi başında fideciklerin kışı geçirmede uğradıkları hasarın 1'den 5'e kadar derecelendirilmesidir. Burada 1 en az, 2 az, 3 orta, 4 fazla ve 5 de en fazla zarar görme durumunu belirtmektedir. Tomurcuk sayısı (BUDNUM) birinci büyüme mevsimi sonunda terminal uçtaki tomurcukların sayısıdır. Yan dal sayısı (BRANUM) birinci büyüme mevsimi sonunda fideciğin yan dallarının sayısıdır. Toplam çap büyümesi (D97) ikinci büyüme mevsimi sonunda fideciğin gövdesinin kotiledonundan 1 cm aşağıdan ölçülen çapıdır.

3.4. İstatistiksel Analizler

İncelenen her karakter için populasyonlar arasında ve populasyonlar içi aileler arasında farklılık olup olmadığını anlamak 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:

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

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:

$$r_{g(xy)} = \frac{COV_{f(xy)}}{\sqrt{\sigma^2_{f(x)}} \sqrt{\sigma^2_{f(y)}}}$$

Burada, $r_{g(xy)}$ = genetik korelasyonu, $COV_{f(xy)}$ = 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.

Bu çalışmada kullanılan üç tekerrürden bir tanesinde yaşama yüzdesi çok düşük olduğundan bu tekerrür istatistiksel hesaplamalara katılmamıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Genetik Çeşitliliğin Yapılanması ve Kalıtım Değerleri

Varyans analizi sonuçlarına göre, üzerinde çalışılan karakterler için toplam varyansın ailelerden kaynaklanan bileşeninin, populasyondan kaynaklanan bileşene göre daha büyük olduğu tespit edilmiştir (Tablo 3).

Populasyonlar arası varyans bir çok karakterde istatistiksel olarak anlamlı bulunmamakla beraber, bazı karakterler için populasyonların anlamlı derecede farklılık gösterdiği bulunmuştur. Hayatta kalma ile ilgili karakter (SURV) ise populasyonlar arasında varyasyon göstermiştir. Karakterlerin populasyon ortalamaları (Tablo 4) incelendiğinde, Çan populasyonunun diğer populasyonlardan daha düşük yaşama yüzdesine sahip olduğu anlaşılmaktadır. Yükseltisinin diğerlerinden daha düşük olması (Tablo 1) ve soğuktan en fazla zarar gören populasyon olması Çan populasyonunda ölümlerin daha çok olması sonucunu doğurmuş olabilir. Ayrıca, Çan populasyonunda ilk yıl boy uzamasının fazla olması (Tablo 4), ölümlerin fazla olmasından dolayı populasyonda bir ayıklanmanın olduğunu ifade edebilir.

Tablo 3'e göre, ilk yıl boylanması ile ilgili karakterde (HT96) de populasyonların birbirlerinden anlamlı derecede ($p < 0.01$) farklı oldukları görülmektedir. Ancak, ilk yıl görülen bu fark ikinci yıl (HT97) görülmemektedir. İlk yıl çevreye uyumun çok önemli olduğu söylenebilir. Hayatta kalma oranlarının düşük olması yüzünden oluşabilecek deneysel hatadan dolayı da boylanmayla ilgili birinci ve ikinci yılın ölçüm sonuçları birbirini tutmuyor olabilir. Yaşama yüzdesi düşük olduğundan, bu sonuçların ihtiyatla kullanılması gerekir. Aileler arası genetik çeşitlilik, fidan çapı (D97) dışında büyüme sezonunun uzunluğu veya kısalığı ile ilgili olan fenolojik karakterlerde (BB97 ve BS97) en fazla görülmektedir. Bu yüksek genetik çeşitlilik bu karakterlerin aile kalıtım derecelerine de yansımıştır (Tablo 3).

Tablo 3. Varyans Analizi Sonuçları, Varyansın Bileşenleri ve Toplam Varyansa Oranları (VC), Deneysel Ortalamalar ve Aile Kalıtım Dereceleri (h²)

Table 3. The Results of Analysis of Variance, Variance Components and Percentages (VC), Experimental Means and Family Heritabilities (h²)

Fidan Karakterleri Traits	Tekerrür Replication df=1	Populasyonlar Arası Populations df=3	VC (%)	Aileler Arası Families/populations df=2	VC (%)	Hata Error df=125	VC (%)	Deneysel Ortalamalar Experimental Means	Aile Kalıtım Dereceleri (h²) Family Heritabilities
SURV	0.254	0.505**	7.6	0.101ns	21.2	0.064ns	71.3	0.602	0.37±0.15
COT	0.004	1.388**	6.4	0.298ns	0	0.308ns	93.6	5.716	-
BS96	931.6	432.7*	3.4	139.8ns	0	162.14ns	96.6	203.8	-
HYPOHT	117.5	20.16ns	0	45.21*	18.4	32.16*	81.6	40.15	0.29±0.16
BB97	65.52	7.839ns	0	19.18*	23.7	12.49*	76.3	128.8	0.35±0.16
FRDAM	8.549	1.224*	2.4	0.452ns	9.7	0.344*	80.9	2.6	0.24±0.17
BUDNUM	7.345	3.124*	5.5	0.836ns	5.8	0.752ns	88.7	2.3	0.10±0.19
BRANUM	0.992	0.075ns	0	0.249*	13.6	0.188*	86.4	1.5	0.24±0.17
BS97	110.4	84.6ns	0	135.7ns	13.0	108.0ns	87.0	262.2	0.20±0.18
HT96	5.868	10.65**	5.9	2.635ns	12.3	2.074ns	81.8	6.09	0.21±0.17
HT97	1083	267.1ns	2.4	123.8ns	1.7	120.3*	95.9	26.99	0.03±0.20
D97	3.998	0.133ns	0	0.143**	25.0	0.09**	75.0	1.76	0.37±0.16

ns) anlamlı değil; *) 0.05; **) 0.01 olasılık derecesinde anlamlı

ns) not significant; *) significant at P<0.05 level; **) significant at P<0.01 level

Tablo4.Karakterlerin Populasyon Ortalamaları ve Standart Sapmaları
Table 4. Means and Standard Deviations of Traits in the Populations

Fidan Karakterleri Traits	Populasyon Ortalamaları ve Standart Sapmaları Means and Standard Deviations			
	Eybekli	Çan	Gürgendağ	Kapıdağ
SURV	0.62±0.28	0.37±0.31	0.51±0.3	0.54±0.29
COT	5.71±0.43	6.04±0.69	5.64±0.6	5.72±0.52
BS96	200.2±10.5	203.6±11.2	206.1±14.8	201.9±8.89
HYPOHT	40.89±5.84	40.36±7.47	40.05±6.4	39.3±5.52
BB97	128.3±3.89	128.7±3.79	128.9±4.5	129.3±3.42
FRDAM	2.52±0.61	2.86±0.71	2.62±0.65	2.46±0.72
BUDNUM	2.60±0.81	2.40±1.03	2.14±0.94	2.05±0.85
BRANUM	1.52±0.36	1.46±0.51	1.55±0.52	1.52±0.45
BS97	260.9±9.38	261.5±11.6	261.7±11.8	264.1±10.9
HT96	5.79±1.22	6.15±1.84	6.38±1.72	5.40±1.18
HT97	27.5±10.8	29.09±12.0	27.12±11.8	22.92±9.86
D97	1.73±0.27	01.67±0.41	1.79±0.42	1.76±0.33
Seed Weight	63.25±9.6	68.25±9.76	60.82±11.1	65.09±11.9
Seed Diam.	5.67±0.5	5.80±0.67	6.23±0.79	5.95±0.6
Seed Length	11.37±0.84	11.66±0.95	11.38±0.87	11.85±1.13

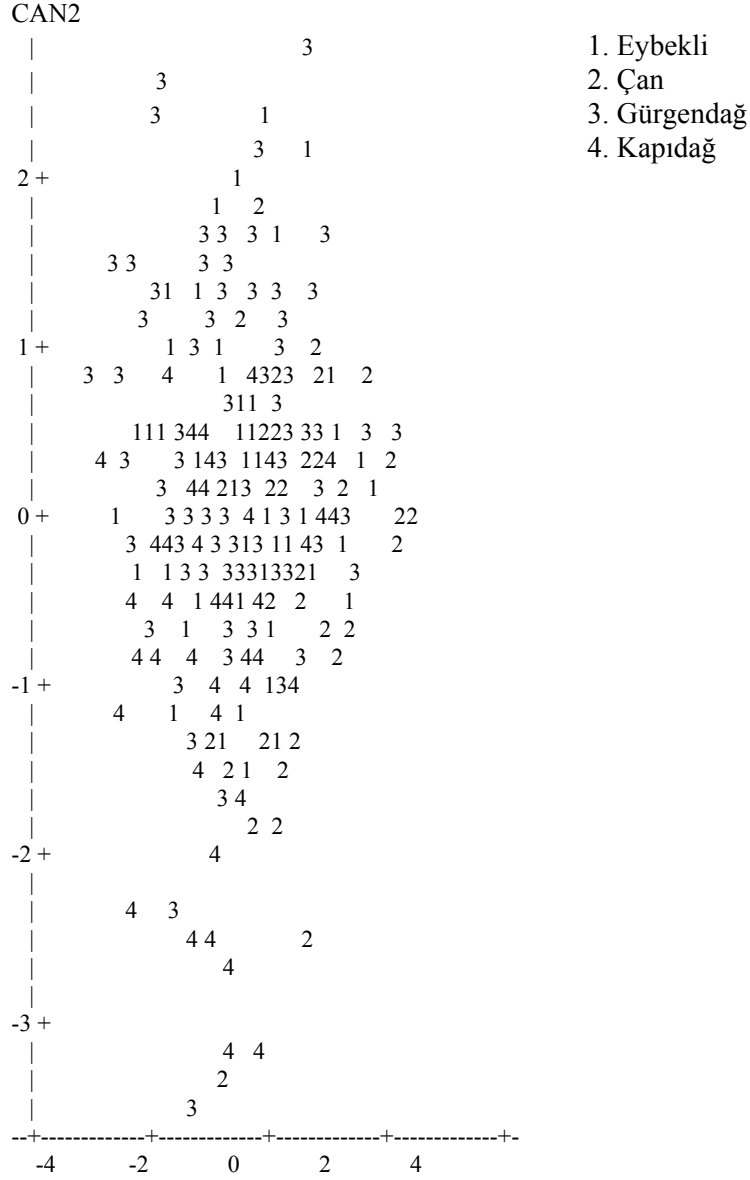
4.2. Populasyonların Genetik Yapısı

Pairwise squared distance analizi sonuçlarına göre üzerinde çalışılan populasyonlar arasındaki genetik mesafe 0.76 ile 1.79 arasında değişmektedir (Tablo 5). Bu sonuçlara göre, incelenen populasyonlar arasında Çan ve Kapıdağ populasyonları arasındaki mesafe diğerlerinden fazladır (1.79). Çevre koşullarına uyum bakımından Çan populasyonunun diğerlerinden farklı olduğu söylenebilir. Ayrıca, Çan populasyonunun diğer populasyonlara olan mesafesi de fazladır. Coğrafi olarak da Çan populasyonu diğer populasyonlardan hem uzak (Şekil 1., Tablo 1.) hem de rakım olarak farklı konumdadır. Ancak, populasyonların kanonik diskriminant fonksiyon analizi sonucunun grafikleştirilmesi (Şekil 2) sonucunda, üzerinde çalışılan morfolojik karakterler bakımından açık bir gruplaşma görülmemektedir. Bu durumda genetik bakımdan populasyonların birbirlerinden farklı olmadıkları söylenebilir.

Tablo 5. Kanonik Diskriminant Fonksiyon Analizine Dayalı Mesafeler

Table 5. Pairwise Squared Distances Based on Canonical Discriminant Function Analysis.

	Eybekli	Çan	Gürgendağ
Eybekli	0		
Çan	1,11	0	
Gürgendağ	0,97	1,18	0
Kapıdağ	0,76	1,79	0,76



Şekil 2. Populasyonların ilk iki kanonik diskriminant fonksiyonlarına dayalı olarak çizilen grafik

Figure 2. Plot of Populations Based on Two Canonical Discriminant Functions

Genetik ve fenotipik korelasyonların genel olarak aynı yönde ve genetik korelasyonların fenotipik korelasyonlardan daha yüksek değerde olduğu görülmüştür (Tablo 6). Genetik korelasyonların yüksek değerlerine rağmen, deneyde yaşama yüzdesinin düşük olmasından dolayı standart sapmalar yüksek çıkmıştır. Buna rağmen genetik ve fenotipik korelasyonlardaki paralelliğe dayanarak şu sonuçlar çıkarılabilir; Hem genetik hem de fenotipik korelasyonlarda geç tomurcuk tutan ailelerde soğuktan zarar görmenin daha fazla olduğu görülmüştür. Ayrıca, soğuktan fazla zarar gören ailelerde ikinci yıl boy uzaması fazladır. Birinci yıl geç tomurcuk bağlayan ailelerin boy uzamasının fazla olması ve soğuktan etkilenmesi doğaldır. İkinci yılda soğğun etkisini atlatan bu fidanların deneme süresi sonunda fazla boylanması beklenen bir sonuçtur. İlk yıl tomurcuk tutma ile ilgili karakter (BS96) için genetik korelasyonun hesaplanamamasına rağmen, fenotipik korelasyonlara bakılarak her yıl için büyüme ile ilgili karakterlerin (HT96, HT97 ve D97) tomurcuk tutma ile pozitif ilişki içinde olduğu tespit edilmiştir. Buna göre, geç tomurcuk tutan ailelerde büyümenin daha fazla olduğu söylenebilir. Ancak, genetik ilişkilerle ilgili sonuçlar, örnek sayısının azlığından dolayı (standart sapmaların yüksek olması nedeniyle) ihtiyatla karşılanmalı ve daha güvenilir sonuçlara ulaşmak için çalışma izoenzim çalışma sonuçlarıyla desteklenmelidir.

Tablo 6. Karakterler Arasındaki Genetik (Altta) ve Fenotipik (Üstte) Korelasyonlar

Table 6. Genetic Correlations (below diagonal) and Phenotypic Correlations (above diagonal) Between Traits

	SURV	COT	BS96	HYOHT	BB97	FRDAM	BUDNUM	BRANUM	BS97	HT96	HT97	D97
SURV		-0.15±0.28	-0.03±0.30	-0.07±0.25	0.02±0.25	-0.06±0.25	-0.03±0.28	-0.03±0.26	0.24±0.27	-0.09±0.25	-0.12±0.28	-0.12±0.24
COT	-		-0.01±0.36	-0.04±0.29	0.02±0.30	0.07±0.31	0.02±0.34	0.17±0.26	-0.08±0.32	-0.15±0.31	0.06±0.35	0.09±0.029
BS96	-	-		-0.07±0.30	-0.14±0.30	0.00±0.32	0.13±0.39	0.35±0.29	-0.08±0.35	0.57±0.30	0.12±0.38	0.19±0.31
HYOHT	-0.45±0.39	-	-		0.01±0.25	-0.14±0.10	0.22±0.28	0.03±0.28	0.10±0.28	0.02±0.27	0.09±0.30	0.09±0.26
BB97	-0.24±0.34	-	-	-0.04±0.37		-0.10±0.25	-0.32±0.27	0.09±0.26	0.09±0.28	-0.27±0.26	-0.46±0.26	0.37±0.24
FRDAM	-0.14±0.39	-	-	-0.28±0.44	-0.08±0.40		0.04±0.30	-0.02±0.28	0.23±0.27	-0.10±0.28	0.12±0.31	-0.22±0.25
BUDNUM	-0.32±0.71	-	-	0.78±0.90	-1.17±1.08	0.74±1.21		-0.20±0.28	-0.12±0.30	0.20±0.29	0.70±0.17	0.46±0.25
BRANUM	0.21±0.41	-	-	0.80±0.63	-0.22±0.44	0.10±0.51	0.84±1.47		-0.11±0.29	0.28±0.27	-0.29±0.27	0.12±0.26
BS97	0.99±0.58	-	-	0.78±0.65	0.74±0.59	0.48±0.53	0.18±0.98	-1.02±0.81		-0.10±0.29	-0.03±0.31	-0.24±0.26
HT96	-0.22±0.41	-	-	0.46±0.54	-0.74±0.46	-0.56±0.60	0.60±0.92	0.87±0.57	-0.80±0.76		-0.28±0.29	0.46±0.24
HT97	-0.20±1.29	-	-	-0.05±1.46	-2.75±9.05	1.04±3.79	1.09±2.17	0.97±4.54	1.33±5.20	-0.97±3.18		0.47±0.25
D97	0.00±0.31	-	-	0.49±0.39	0.89±0.32	-0.46±0.38	1.47±1.22	0.43±0.41	-0.55±0.12	1.20±0.50	2.48±8.12	

5.SONUÇ VE ÖNERİLER

Ülkemizde bitki genetik çeşitliliğinin yerinde korunması için yapılması gereken en önemli çalışmalardan biri hedef türlerin popülasyonlarının genetik yapısının belirlenmesidir (Kaya ve ark., 1997b). 1993 yılında başlayan Proje kapsamında pilot bölge olarak seçilen Kazdağları'nda Kazdağı göknarı hedef türlerden biri olarak belirlenmiştir.

Koruma altına alınacak hedef türün ne kadar fazla sayıda popülasyonu korunursa, genetik çeşitliliğin de o ölçüde iyi korunması sağlanabilir. Fakat uygulamada bu mümkün olmadığından ancak belirli alanlar koruma amacıyla ayrılabilir. Elde edilen sonuçlara göre, incelenen karakterler açısından Kazdağı göknarında popülasyon içi varyasyonun yüksek olduğu belirlenmiştir. Popülasyon içi genetik varyasyonun yüksek olması; Kazdağı göknarında yapılacak ıslah programıyla beklenen düzeyde genetik kazanç sağlanacağı söylenebilir (Işık ve Kaya, 1995).

Popülasyonlar arasındaki varyasyonun yüksek olmaması ve popülasyonların birbirinden farklı gruplar oluşturmaması (Şekil. 2) nedeniyle popülasyonların birbirinden genetik olarak çok farklı olmadığı görülmüştür. Her ne kadar genetik olarak çok farklı olmasalar da, Kazdağı'ndaki dört doğal göknar popülasyonundan Çan popülasyonu gerek izoenzim (Gül Baba ve ark., 1996) gerekse morfolojik karakter verileri sonucunda diğer popülasyonlardan farklılaşmış görünmektedir. Çan'ın izole ve küçük bir popülasyon olması; kendilerinin yüksek olmasına ve bu durum bazı genlerin kaybolmasına veya fiksasyon sonucu bazı karakterlerin değişmesine sebep olmuş olabilir. Bunun sonucunda da popülasyonun farklılaşmaya doğru gittiği söylenebilir. Bu durumda genetik çeşitliliğinin korunması bakımından Çan popülasyonunun GEKYA olarak ayrılması yerinde olacaktır.

Gürgendağ popülasyonunun diğer iki popülasyona genetik olarak yakın olmasına rağmen; hem optimal alanda en fazla yayılmış olması, hem de coğrafi konum olarak diğer üç popülasyonun

merkezinde bulunması nedeniyle genetik çeşitliliğinin korunması amacıyla ikinci GEKYA olarak ayrılması uygun olacaktır. Gülbaba ve ark. (1996) yaptıkları izoenzim çalışması sonucunda Gürgendağ populasyonunun GEKYA olarak ayrılmasını önermişlerdir.

Ancak, bu araştırmanın süresinin kısa (2 yıl) ve yaşama yüzdesinin düşük olması nedeniyle daha uzun süreli ve yaşama yüzdesi fazla olan çalışmalarla farklı sonuçlara ulaşılacağı göz önünde bulundurulmalıdır. Bu durumda, GEKYA'lar belirlenirken bu çalışmanın sonuçlarının, izoenzim çalışmasının sonuçları ile birlikte değerlendirilmesi daha doğru olacaktır.

ÖZET

Doğal orman ağacı populasyonlarında genetik çeşitliliğin yapılanmasının belirlenmesi, ıslah ve koruma (gen kaynakları) çalışmaları için temel bilgiler sağlamaktadır.

Kazdağı göknarı ülkemizin endemik türlerinden birisidir. Bu çalışmada, Kazdağı göknarının genetik yapısı fidan karakterleri yöntemiyle incelenmiştir. Bu amaçla, dört Kazdağı göknarı populasyonundan toplam 126 aileye ait yarım kardeş tohumlar üç tekerrürlü rastlantı blokları desenine göre ekilmiştir. Fidanlar iki yıl süre ile 12 fidan karakteri açısından gözlemlenmiştir. Toplanan veriler bilgisayarda SAS istatistik programı ile analiz edilmiştir.

İncelenen karakterler bakımından populasyon içinde farklılık bulunmuştur. Toplam varyansın populasyon içindeki ailelere ait bileşenin populasyona ait bileşene göre daha fazla olduğu tahmin edilmiştir. Populasyonlar arasında ilk yıl boy uzaması ile ilgili karakter (HT96) bakımından farklılaşma ortaya çıkmıştır. İncelenen karakterlerin iki yıllık gözlem sonuçlarına göre, fenotipik korelasyonların genel olarak genotipik korelasyonlarla aynı yönde ve onlardan daha zayıf olduğu tespit edilmiştir. Çalışmamızda yaşama yüzdesinin düşüklüğünden kaynaklanan yüksek standart hatalar nedeniyle genetik korelasyonlar güvenilir bulunmamıştır. Fenotipik korelasyonlara bakılarak büyüme ile ilgili karakterlerin (HT96, HT97 ve D97) ilk yıl geç tomurcuk tutma (BS96) ile, soğuktan zarar görme ile ilgili karakterin de(FRDAM) ikinci yıl tomurcuk tutma (BS97) ile pozitif yönde ilişkide oldukları söylenebilir.

Kanonik diskriminant fonksiyon analizi sonuçlarına göre, Çan populasyonunun diğer populasyonlara göre nisbeten ayrı olduğu tespit edilmiştir. Bu populasyon ile Kapıdağ populasyonunun genetik olarak birbirlerine en uzak populasyonlar olduğu da belirlenmiştir. Ancak, kanonik diskriminant fonksiyonlarına göre çizilen grafikte, populasyonların birbirleri ile iç içe olduğu, herhangi bir gruplaşmanın olmadığı görülmektedir.

Fidan karakteristikleri kullanılarak yapılan bu çalışmanın sonucunda, Çan populasyonunun diğerlerine göre daha farklılaşmış

olduđu grlmş ve GEKYA olarak ayrılması nerilmiřtir. Ayrıca, diđer iki populasyona hem genetik hem de cođrafî konum olarak yakın olan ve Kazdađı gknarının optimal yayılıř alanında en geniř dađılım gsteren Grgendađ populasyonu da ikinci GEKYA olarak nerilmiřtir.

SUMMARY

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

Kazdađı fir is one of the endemic forest tree species of Turkey. In this study, genetic structure of Kazdađı fir was investigated by seedling traits. For this purpose, seeds from 4 Kazdađı fir populations were sown in a nursery. Seedlings were observed for 2 years for 12 seedling characteristics. Data obtained were analyzed by SAS Statistical Package and variance components, family heritabilities, genetic and phenotypic correlation and genetic distances between populations were investigated.

Genetic variation within populations and variance component of families was higher than the others. Between populations HT96 character was relatively different from others.

Pairwised squared distance and canonical discriminant function analysis results showed that an population was differentiated from the others genetically. an and Kapıdađ were the most differentiated populations. Plot constructed by the analysis made clear that all populations are more or less the same, differentiation can not be detected.

Since the survival of the seedlings were so few, standard deviations were so high. Therefore, genetic correlation can not be used safely for estimations.

As a result, to be able to conserve the genetic resources of this species an and Grgendađ populations were recommended to be selected as GMZs for Kazdađı.

KAYNAKÇA

ASLAN, S. 1982: *Abies equitrojani* Ascher et Sinten'den Üstün Özellikte Tohum Sağlama ve *Abies bornmülleriana* Mattf. ile Hibrid Yapma olanakları. OAE Yayınları, Teknik Bülten Serisi No.106.

ASLAN, S. 1986: Kazdağı Gökarnı (*A. equitrojani* Ascher et Sinten)'nın Fidanlık Tekniğı Üzerine Çalışmalar. OAE Yayını no.157,1-42.

ATA, C. 1975: Kazdağı Gökarnı (*A. equitrojani* Ascher et Sinten)'nın Türkiye'deki Yayılışı ve Silvikültürel Özellikleri. Orman Fak. Dergisi, Seri A, Cilt 24, Sayı 11:165-219.

ATALAY, İ. 1994: Türkiye Vejetasyon Coğrafyası, Ege Üniversitesi Basımevi, Bornova, İzmir.

DOĞAN, B. 1997: Dalaman Çayı Havzası Doğal Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğın Yapısı. Orman Bakanlığı Yayın No: 046.

FADY,B. ve CONKLE, M.T.1993: Allozyme Variation and Possible Phylogenetic Implications in *Abies cephalonica* Loudon and Some Related Eastern Mediterranean Firs, *Silvae Genetica*, 42(6):351-360.

GÜLBABA,A.G.,VELİOĞLU, E., ÖZER, A.S., DOĞAN, B., DOERKSEN, A. H., ve ADAMS, W. T.1996: Population Genetic Structure of Kazdağı Fir (*Abies equitrojani* Aschers et Sint.), A Narrow Endemic to Turkey: Implications for *in situ* Conservation, In: Proceedings of the International Symposium of *In situ* Conservation of Plant Genetic Diversity.

IŞIK, K. 1980: Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlar Arası ve Populasyonlar İçi Genetik Çeşitliliğın Araştırılması, I: Tohum ve Fidan Karakterleri, TÜBİTAK Tarım ve Ormancılık Araştırma Grubu Proje No: TOAG/335.

IŞIK, K., 1996: Biyolojik Çeşitlilik ve Orman Gen Kaynaklarımız. Orman Bakanlığı Yayını, No:13, Ankara.

IŞIK,F. ve KAYA,Z., 1995: Toroslarda Güney-Kuzey Doğrultusunda Örneklenen Kızılcım Populasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Yapısı, *Batı Akdeniz OAE Dergisi*, 1:20-54.

KAYA, Z., CAMPBELL, R. K. VE ADAMS W. T. 1989: Correlated Responses of Height Increment and Components of Increment in 2-year-old Douglas-fir Seedlings. *Can. J. For. Res.*, 19:1124-1130.

KAYA, Z. ve TEMERİT, A. 1994: Genetic Structure of Marginally Located *Pinus nigra* var. *pallasiana* Populations in Central Turkey, *Silvae Genetica*, 43(5/6):272-277.

KAYA, Z., SKAGGS, A., ve NEALE, D. B. 1997a: Genetic Differentiation of *Abies equitrojani* Populations from Kazdağı in Turkey and Genetic Similarities Between Turkish Firs Belonging to the *Abies nordmanniana* Fir Complex, Western Forest Genetics Association Meetings, August 4 Symposium (Basımda).

KAYA, Z., KÜN, E. GÜNER, A. 1997b: Türkiye Bitki Genetik Çeşitliliğinin Yerinde Korunması (*in situ*) Ulusal Plânı. Millî Eğitim Basımevi, İstanbul.

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

ŞİMŞEK, Y. 1992: Türkiye Orijinli Gökmar Türlerinin (*Abies nordmanniana* (Stev.) Spach., *Abies bornmulleriana* Mattf., *Abies equi-trojani* Achers et Sint.) Genetik Yapıları Üzerine Araştırmalar, OAE Yayınları, Teknik Bülten, No:221.