

KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ORMAN MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

DOĞU LADİNİ (*Picea orientalis* (L.) Link.) POPULASYONLARINDA GENETİK

YAPININ İZOENZİM ANALİZLERİ İLE BELİRLENMESİ

Orm. Yük. Müh. İbrahim TURNA

57821

Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde

" Doktor "

Ünvanı Verilmesi İçin Kabul Edilen Tezdir

Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : 26. 04. 1996

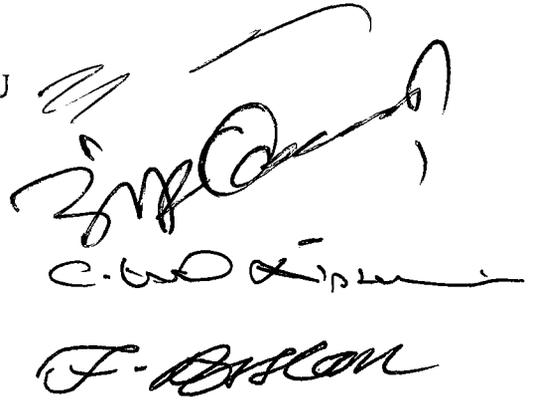
Tezin Sözlü Savunma Tarihi : 28. 06. 1996

Tez Danışmanı : Prof. Dr. Zeki YAHYAOĞLU

Jüri Üyesi : Prof. Dr. Ziya GERÇEK

Jüri Üyesi : Doç. Dr. C. Ünal ALPTEKİN

Enstitü Müdürü : Prof. Dr. Fazlı ARSLAN



Nisan 1996
TRABZON

ÖNSÖZ

Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link.) Populasyonlarında Genetik Yapının İzoenzim Analizleri İle Belirlenmesi adlı bu çalışma, K.T.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Orman Mühendisliği Anabilim Dalı 'nda doktora tezi olarak hazırlanmıştır. Bu çalışmanın bir bölümü, K.T.Ü. Araştırma Fonu tarafından desteklenmekte olan 94.113.001.1 kod nolu projeyi içermektedir.

Doktora tezinin danışmanlığını üstlenerek gerek konunun seçiminde ve gerekse hazırlanması sırasında yakın ilgi ve desteği ile çalışmalarımı yönlendiren sayın Hocam Prof. Dr. Zeki YAHYAOĞLU' na teşekkürü zevkli bir görev sayıyorum.

Araştırmalarım sırasında, materyal temini amacıyla belirlenen deneme alanlarına ulaşım ve gerekli ölçümlerin yapılmasında göstermiş oldukları yakın ilgi ve yardımlarından dolayı Ordu Orman İşletme Müdürü Kamil ŞAHİN'e, Dereli Orman İşletme Müdürü Ergül TUĞRUL'a ve Kümbet Orman İşletme Şefi Kahraman TEMUR'a, Maçka ve Pazar Orman İşletme Müdürlükleri personeline, Çaykara Orman İşletme Şefi A.İhsan TOSUN'a, Örumcek Orman İşletme Şefi Zekeriya ASLAN'a, Kürtün orman İşletme Şefi Şaban BEKİRYAZICI'ya teşekkürü bir borç bilirim.

Artvin güzergahındaki deneme alanlarının sorumluluğunu üstlenerek, tohum elde edilmesini sağlayan Artvin Orman Fakültesi Silvikültür Anabilim Dalı Arş. Gör. Sinan GÜNER'e, tohum toplamada sürekli yardımcı olan Trabzon Orman Fidanlık Müdürlüğü'nde görevli işçi Hüseyin BULUT 'a ayrıca teşekkür ederim.

Laboratuvar çalışmalarında sürekli katkılarından dolayı çay experi tekniker İhsan GÜNEŞ'e, istatistiki konularda yardımcı olan Doç. Dr. Hakkı YAVUZ'a, araştırma materyaline ait bazı ölçümlerin yapılması, tezin yazımı ve grafiklerin çizimlerdeki katkılarından dolayı Orm. Müh. Nebi BİLİR'e, ayrıca yapıcı eleştiri ve yardımları nedeniyle Arş Gör. Filiz ÇAKMAK ile Arş.Gör. Cengiz ACAR'a ve bütün emeği geçenlere teşekkür ederim.

Arazi çalışmaları, laboratuvar ve tez yazım çalışmaları esnasında bana sabır gösteren ve destekleyerek çalışma azmimi güçlendiren eşim Hülya ve kızım Meltem'e teşekkür ederim.

Trabzon, Nisan 1996

İbrahim TURNA

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖZET	VI
SUMMARY	VII
ŞEKİL LİSTESİ.....	VIII
TABLO LİSTESİ.....	XI
SEMBOL LİSTESİ.....	XIII
1. GENEL BİLGİLER.....	1
1.1- Giriş.....	1
1.2. Doğu Ladini Hakkında Genel Bilgiler.....	3
1.3. Literatür Özeti.....	5
1.3.1. Doğu Ladini İle İlgili Çalışmalar.....	5
1.3.2. İzoenzim Analizleri İle İlgili Çalışmalar.....	6
1.3.2.1. Yabancı Ülkelerde İzoenzim Çalışmaları.....	7
1.3.2.1.1. İbrelili Türlerde Yapılan İzoenzim Çalışmaları.....	8
1.3.2.1.2. Yapraklı Türlerde Yapılan İzoenzim Çalışmaları.....	25
1.3.2.2. Ülkemizde İzoenzim Çalışmaları.....	29
2. YAPILAN ÇALIŞMALAR	32
2.1. Materyal	32
2.1.1. Deneme Alanlarının Belirlenmesi.....	32
2.1.1.1. Deneme Alanlarında Aranan Özellikler ve Kodlanması.....	32
2.1.1.2. Deneme Alanlarına Toplu Bakış.....	35
2.1.2. Örnek Ağaçların Seçimi ve Aranan Özellikler.....	44
2.1.3. Kozalak Toplama ve Tohum Elde Edilmesi.....	46
2.2. Yöntem.....	47
2.2.1. İzoenzim Analiz Yöntemi.....	47
2.2.1.1. Örnek Hazırlama.....	48
2.2.1.1.1. Materyal Seçimi.....	48
2.2.1.1.2. Enzim Ekstraksiyonu.....	49
2.2.1.2. Jel Hazırlama.....	50
2.2.1.2.1. Tampon Çözeltilerinin Hazırlanması.....	50
2.2.1.2.2. Nişasta Jelinin Hazırlanması.....	51
2.2.1.3. Elektroforesis Tekniği.....	51

2.2.1.4. Kesme ve Boyama (Renklendirme).....	53
2.2.1.4.1 Jelin Kesilmesi.....	53
2.2.1.4.2 Boyama Tampon Çözeltilerinin Hazırlanması.....	53
2.2.1.5. Enzim Bantlarının Yorumlanması.....	54
2.2.2. Matematik - İstatistik Analizler.....	55
3 . BULGULAR.....	56
3.1. LAP Enzim Sistemine Ait Bulgular.....	56
3.1.1. Populasyonlara Ait Zimogramlar.....	56
3.1.2. Allel Frekansları Dağılımı.....	58
3.1.3. Populasyon İçi Genetik Varyasyon.....	59
3.1.4. Populasyonlar Arası Genetik Varyasyonlar.....	60
3.1.4.1. Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler.....	61
3.1.4.2. Homogenetik Testi.....	63
3.2. GOT Enzim Sistemine Ait Bulgular.....	63
3.2.1. Populasyonlara Ait Zimogramlar.....	63
3.2.2. Allel Frekansları Dağılımı.....	65
3.2.3. Populasyon İçi Genetik Varyasyon.....	66
3.2.4. Populasyonlar Arası Genetik Varyasyonlar.....	67
3.2.4.1. Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler.....	67
3.2.4.2. Homogenetik Testi.....	70
3.3. Yükseklik Kademeleri ve Güzergahlar Arası Genetik Varyasyona İlişkin Bulgular.....	71
3.4. Populasyonların Genetik Yapısına İlişkin Bulgular.....	80
3.4.1. Frekans Dağılımı.....	80
3.4.2. Lokus ve Allel Miktarları.....	81
3.4.3. Populasyonlardaki Heterozigosity.....	82
3.4.4. Genetik Çeşitliliğin Analizi.....	86
3.4.5. Populasyonlar Arası Genetik Uzaklıklar.....	88
4 . İRDELEME VE DEĞERLENDİRME.....	90
4.1. LAP Enzimine Ait Bulguların İrdelenmesi ve Değerlendirilmesi.....	90
4.2. GOT Enzimine Ait Bulguların Değerlendirilmesi.....	92
4.3. Yükseklik Kademeleri ve Güzergahlar Arası Genetik Varyasyon Değerlerine İlişkin Değerlendirmeler.....	94
4.4. Populasyonların Genetik Yapısına İlişkin Değerlendirmeler.....	95
4.4.1. Genetik Çeşitliliğin Analizi.....	97
4.4.2. Populasyonlar Arası Genetik Uzaklıklar.....	98
4.4.3. Homogenetik Test Sonuçları.....	99

5 . SONUÇLAR.....	100
6 . ÖNERİLER.....	102
7 . KAYNAKLAR.....	104
9 . ÖZGEÇMİŞ.....	118



ÖZET

Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link.) Populasyonlarında Genetik Yapının İzoenzim Analizleri ile Belirlenmesi

Bu çalışma, Doğu Ladininin bölgedeki genetik varyasyonlarını ortaya koymak amacıyla yapılmıştır. Bunun için yayılış alanını temsilen seçilen toplam 26 farklı deneme alanından tohum elde edilmiştir. Analizlerde tohumların kuru endospermi kullanılmıştır. Analizler Ashton & Braden ayırma sistemine göre LAP ve GOT enzimleri ile gerçekleştirilmiştir.

Analizler sonucunda tüm populasyonlarda LAP enziminde, LAP-A ve LAP-B olmak üzere iki enzim gen lokusunda toplam 6 allel tipi, GOT enziminde ise GOT-A, GOT-B ve GOT-C olmak üzere üç enzim gen lokusunda toplam 8 allel tipi belirlenmiştir.

LAP enziminde gerek allel frekansları gerekse populasyon içi varyasyon değerleri bakımından yükseklik kademeleri ve güzergahlar arasında önemli bir fark bulunamamış, buna karşılık GOT enziminde sadece güzergahlar arasında bazı allel frekansları bakımından farklılıklar ortaya çıkmıştır.

Tüm populasyonlarda belirlenen ortalama allel sayısı 10.8 , her lokustaki ortalama allel miktarı 2.17 ve polimorfik lokus yüzdesi % 76.15 'tir. Populasyonlar arasında belirlenen ortalama genetik mesafe değeri ise 0.1759 'dur. Buna göre Doğu Ladini populasyonlarının genetik bakımından beklenenden daha yüksek oranda zengin bir varyasyona sahip olduğu söylenebilir.

Anahtar Kelimeler : Genetik Çeşitlilik, Populasyon, Elektroforesis, İzoenzim, Gen İşaretleri, Doğu Ladini, Endosperm, Allel, Loci

SUMMARY

Determination of Genetic Structure of Oriental Spruce (Picea orientalis (L.) Link.) Populations Using by Isozyme Analysis

In this study, the genetic variation in 26 natural populations of Oriental spruce (Picea orientalis (L.) Link.) was investigated. In order to proceed on this purpose, the 26 Oriental spruce seed samples and their megagametophyte were collected and used in isozymes analysis.

According to Ashton & Braden buffer systems, the analysis were realised using by the LAP and GOT enzymes.

It was found that LAP-A and LAP-B enzyme gene loci showed 6 allele types, while GOT-A, GOT-B and GOT-C showed 8 alleles types for all populations.

Differences between vertical and horizontal levels of the LAP enzyme for all populations are not found to be statistically important. However, some alleles frequencies of the GOT enzyme were statistically different for only horizontal levels. The average percentage of polymorphic loci, the number of alleles / locus, the number of alleles and genetic distance for all populations were 76.17, 2.17, 10.8 and 0.1759 respectively.

It may be concluded that some populations of Oriental spruce have more variations than expected and there are important differences between populations in terms of genetic distance.

Key Words : Genetic diversity, Population, Electrophoresis, Gene Marker, Loci, Oriental Spruce, Megagametophyte, Alleles,

ŞEKİL LİSTESİ

Şekil 1.	Doğu Ladininin Yayılış Alanı	4
Şekil 2.	Deneme Alanlarının Alındığı Yerleri Gösterir Harita.....	33
Şekil 3.	Elektroforesis Sisteminin Genel Görünümü.....	48
Şekil 4.	Elektroforesis Sisteminin Şematik Görünümü.....	49
Şekil 5.	Ekstrakte Olmuş Araştırma Materyalinin Jele Uygulanması	52
Şekil 6.	Enzim Bantlarının Görünümü (Zimogram).....	54
Şekil 7.	LAP Enziminde Belirlenen Gen Lokuslarındaki Allellerin Şematik Olarak Gösterimi.....	56
Şekil 8.	Doğu Ladininde LAP Enziminin İzoenzim Bantları ve Şematik Görünümü.....	57
Şekil 9.	Populasyon İçi Varyasyona İlişkin Verilerin Grafikselsel Anlatımı.....	60
Şekil 10.	GOT Enziminde Belirlenen Gen Lokuslarındaki Allellerin Şematik Olarak Gösterimi.....	64
Şekil 11.	Doğu Ladininde GOT Enziminin İzoenzim Bantları ve Şematik Görünümü.....	65
Şekil 12.	I. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	72
Şekil 13.	II. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	72
Şekil 14.	III. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları....	72
Şekil 15.	IV. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları....	73
Şekil 16.	V. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	73
Şekil 17.	A Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	74
Şekil 18.	B Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	74

Şekil 19.	C Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	74
Şekil 20.	D Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	75
Şekil 21.	E Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	75
Şekil 22.	F Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	75
Şekil 23.	G Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	76
Şekil 24.	H Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	76
Şekil 25.	I Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	76
Şekil 26.	J Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları.....	77
Şekil 27.	LAP ve GOT Enzimlerinde Belirlenen Ortalama Allel Frekans Dağılımı.....	80
Şekil 28.	A Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	83
Şekil 29.	B Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	83
Şekil 30.	C Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	84
Şekil 31.	D Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	84
Şekil 32.	E Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	84
Şekil 33.	F Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	84
Şekil 34.	G Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	85
Şekil 35.	H Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	85
Şekil 36.	I Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	85
Şekil 37.	J Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri.....	86

Şekil 38. Genetik Çeşitliliğin Enzim Gen Lokuslarına Göre Dağılımı.....	87
Şekil 39. Doğu Ladini Populasyonu Gen Lokuslarında Belirlene Farklılaşmanın Grafiksəl Anlatımı.....	88



TABLO LİSTESİ

Tablo 1.	Araştırmada Kullanılan Orijinlere Ait Genel Bilgiler.....	35
Tablo 2.	LAP Enziminde Belirlenen Enzim-Gen Lokuslarına İlişkin Allel Frekansları Dağılımı.....	58
Tablo 3.	LAP Enzim Sisteminde Populasyon İçi Varyasyona Ait Değerler.....	59
Tablo 4.	LAP-A Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arasındaki Genetik Mesafeler.....	61
Tablo 5.	LAP-B Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar arasındaki Genetik Mesafeler.....	62
Tablo 6.	LAP-A ve LAP-B Enzim Lokusları İçin χ^2 ve G Testi Sonuçları.....	63
Tablo 7.	GOT Enziminde Belirlenen Enzim Gen Lokuslarına İlişkin Allel Frekansları Dağılımı.....	66
Tablo 8.	GOT Enziminde Populasyon İçi Varyasyona Ait Değerler.....	67
Tablo 9.	GOT-A Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler.....	68
Tablo 10.	GOT-B Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler.....	69
Tablo 11.	GOT-C Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler.....	70
Tablo 12.	GOT-A, GOT-B ve GOT-C Enzim Lokusları İçin χ^2 ve G Testi Sonuçları.....	71
Tablo 13.	Allel Frekanslarının Yükseklik Kademeleri ve Güzergahlara Göre Karşılaştırılması.....	78
Tablo 14.	Allel Frekanslarına Göre Güzergahlar Arası Duncan Testi Sonuçları.....	78
Tablo 15.	Populasyon İçi Varyasyon Değerlerinin Yükseklik ve Güzergahlara Göre Karşılaştırılması.....	79

Tablo 16.	Populasyon İçi Varyasyon Deęerlerine Gre Gzergahlar Arası Duncan Testi Sonuları.....	79
Tablo 17.	Doęu Ladini (<u>Picea orientalis</u> (L.) Link.) Populasyonlarında Her Lokustaki Allel Miktarı ve Polimorfik Lokus Yzdeleri.....	81
Tablo 18.	26 Doęu Ladini (<u>Picea orientalis</u> (L.) Link.) Populasyonlarında 5 Enzim Lokusundaki Heterozigosity.....	82
Tablo 19.	Genetik eřitlilięin Analizine Ait Deęerler.....	86
Tablo 20.	Doęu Ladini Enzim Lokuslarında Belirlenen Farklılaşma Deęerleri.....	87
Tablo 21.	Doęu Ladininde Populasyonlar Arası Genetik Mesafe Deęerleri.....	89



SEMBOL LİSTESİ

LAP	: Leucine Aminopeptitase
GOT	: Glutamate Oxalacetate Transaminase
LAP-A	: Enzim Gen Lokusu
LA1, LA2,...	: Alleller
GSED	: Genetic Structures from Electrophoresis Data
PVP	: Polyvinylpyrrolidone
ml	: Mili Litre
mg	: Mili Gram
gr	: Gram
lt	: Litre
χ^2	: Chi-Kare
Vp	: Çeşitlilik
δt	: Farklar Toplamı
do	: Genetik Mesafe
He	: Heterozigosity Oranı
Hs	: Populasyon İçi Genetik Varyasyon
Dst	: Populasyonlar Arası Genetik Varyasyon
Ht	: Toplam Genetik Varyasyon
Gst	: Genetik Farklılaşma Derecesi

1. GENEL BİLGİLER

1.1. Giriş

Ülkemizin tek doğal ladin türü olan Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link) yaklaşık 350 000 ha.'lık alanda yayılış gösteren asli orman ağacı türlerimizden birisidir. Doğal yayılış gösterdiği Doğu Karadeniz bölgesindeki Doğu Ladini ormanlarımız, çeşitli faktörlerin (biotik ve abiotik v.b.) etkisi ile geniş ölçüde tahrip görmüş ve yayılış alanları çok daralmış bulunmaktadır. Bunda doğal yayılış alanının dik ve sarp araziler üzerinde yer alması, dağınık yerleşim alanlarının bu ormanlarla içiçe bulunmasının büyük etkisi vardır. Bunun sonucu olarak Ladin ormanlarımız 1000 -1800 m. rakımları arasında dar bir şerit halinde sıkışıp kalmıştır (1, 2). Silvikültürel müdahalelerle meşcere ıslahının genellikle yavaş bir tempo ile yürütüldüğü bölge ormanlarında, uygulanan menfi seleksiyonlar sonucu üstün genlerin frekansları azalmış bulunmaktadır. Bu meşcereleri üstün özellikli meşcerelere ancak ağaç ıslahı yoluyla dönüştürebiliriz (3).

Doğu Ladininde yapılan ıslah çalışmalarında bugün için önemli bir mesafe alındığı söylenemez. Her ne kadar tohum meşcerelerinin belirlenmesi, tohum hasat ve kullanma mntıklarının tespiti (tohum transfer rejyonlaması) yapılmış ise de, ağaçlandırma çalışmalarında kullanılan fidanlar, kalite sınıflarına uygun olarak yetiştirilmemekte, tohum temini ise tohum meşcerelerindeki üstün ağaçlar yerine kalitesiz bireylerden sağlanmaktadır. Ayrıca Doğu Ladini için belirlenen tohum hasat ve kullanma mntıklarına dikkat edilmemektedir. Tüm bu gelişmeler karşısında Doğu Ladini ağaçlandırma çalışmalarında başarı sağlandığı söylenemez.

Islah programlarının başarısı herşeyden önce kullanılan tohumun kaynağına bağlıdır. Örneğin endüstriyel ağaçlandırmaların başarıya ulaşmasında genetik kalitesi yüksek tohum kullanımı büyük önem taşır. Bu nedenle bir türde yapılacak ağaçlandırmalarda yöreye en iyi uyumu sağlayacak tür veya türlerin, hangi populasyon veya populasyonlardan getirilmesi gerektiğini belirlemek için yani tohum kaynağını doğru seçimi, herşeyden önce sözkonusu türün doğal yayılış alanı içinde, populasyonlar arası ve populasyonlar içi kalıtsal varyasyonların (genetik çeşitliliğin) ortaya çıkarılması gerekir. Bunun içinde genetik çeşitliliğin coğrafik değişkenlere göre nasıl değişim gösterdiğinin bilinmesi istenir. Eğer istenen karakterler için genetik varyasyon fazla değilse, beklenen genetik kazancın sağlanması zordur. Düzgün gövde yapma ve hızlı büyüme gibi karakterler bakımından

populasyonlar arası ve populasyon içi genetik varyasyonun oransal dağılımı bilinirse seleksiyonun nasıl yapılacağına sağlıklı bir şekilde karar verilebilir. Genetik varyasyonun kaynağı populasyon içi bireyler ise, seleksiyon, populasyon (orijin) yerine, tek tek bireyler üzerinde yoğunlaşacaktır (3).

Kalıtsal faktörler kromozomdaki genler ve az miktarda da hücre stoplazması ve plastitlerinde bulunan bazı maddeler tarafından kontrol edilmektedir. Her kromozomda kalıtsal özellikleri nakleden çok sayıda genler vardır. Bunlar birbirinden farklıdır ve herbiri, bir veya daha fazla özelliğin kalıtımını denetler. Pinus banksiana'nın bir hücresinde 13 milyon genin varlığından bahsedilmektedir. Buna göre birbirine benzer iki tür arasında bile gen sayıları bakımından büyük farklar olabileceği belirtilmektedir. Aynı cinsin birbirine fazla yakın olmayan türleri arasında ise bu farkların çok daha büyülebileceği ifade edilmektedir (3).

Genlerin bir hücrede milyonlarca bulunmaları ve çok küçük olmaları nedeniyle, genler hakkında tam bilgi edinmek zordur. Ancak bugün için genlerin mevcudiyeti ve kalıtsal etkileri saptanabilmektedir. Eğer aynı şartlar altında bir ağacın dölü diğer ağacın dölünden hızlı büyüyorsa, o ağacın sürekli büyümesini sağlayan genlere sahip olduğu sonucuna varılabilir. Bu farklı etki tek bir gen tarafından olabileceği gibi, gen grupları tarafından da gerçekleştirilebilir. Genler kontrol ettikleri özelliklere göre de sınıflandırılabilir. Örneğin büyüme hızını yöneten genler, soğuğa mukavemeti sağlayan genler, yaprak genişliğini yöneten genler vb. (3).

Bugün için bu özellikleri temsil eden ve yönlendiren genler gelişen elektroforetik tekniği sayesinde izoenzim analizleri yöntemi ile rahatlıkla yapılabilmektedir.

Orman ağaçlarının karakterize edilmelerinde yalnızca fenotipik özelliklere değil, bunun yanında madde değişim ürünleri olan şeker, yağ, yumurta akı, reçine ve asit gibi biyokimyasal özelliklere de bakılması gerekir. Zira en iyi fenotipe sahip ağaçların döller en iyi genotipli olmayabilir. Bunun nedeni ise ebeveynlerin genotipinin tam olarak bilinmemesindedir. Kalıtım olaylarını belirleyen özelliklerin büyük bir grubu biyokimyasal ürünlerde bulunmaktadır. Bunlar genelde yumurta akı maddelerinin veya proteinlerin buldukları enzimler ile izoenzimleride içeren gruplardır. Enzimler veya izoenzimler orman ağaçlarında kalıtsal olan ve farklı çevre koşullarında da değişime uğramayan özellikleri oluştururlar. Bundan dolayıdır ki tıpta ve tarımda uzun zamandan beri kullanılmakta olan izoenzim analiz yöntemleri son 20-25 yıldan beri orman ağaçları ıslahının uğraşı alanına girmiştir (3, 4, 5).

İzoenzim analizleri ile orman ağaçlarında genetik yapının belirlenmesine yönelik çalışmalar 1970'li yıllarda kullanılmaya başlanmıştır. Literatür çalışmalarına baktığımızda, bu çalışmaların büyük bir kısmı Avrupa ülkelerinde (Almanya, Finlandiya, ve İsveç vb.) olmak üzere çoğunlukla iğne yapraklı türler üzerinde gerçekleştirildiği görülür. Bununla

birlikte önemli bazı yapraklı türlerde de çalışmalar yapılmaktadır. Ülkemiz orman ağacı türlerinin genetik yapıları hakkında gerçekleştirilen sınırlı sayıda araştırmalar ise genellikle morfolojik ve fizyolojik karakterler üzerinde yürütülmektedir. Araştırmaya konu Doğu Ladini ise bugüne kadar çok çeşitli araştırmalar yapılmış olmasına rağmen genetik yapıya yönelik hiç bir çalışmaya rastlanılmamıştır.

Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link) Populasyonlarında Genetik Yapının İzoenzim Analizleri ile Belirlenmesi " adlı bu çalışma, Doğu Ladini bugüne kadar genetik ağırlıklı yapılan ilk çalışma olması nedeniyle ayrı bir önem taşımaktadır. Bu araştırma ile yayılış alanını temsilen seçilen örnek alanlarda genetik çeşitlilik, populasyon içi ve populasyonlar arası genetik farklılıklar ortaya konulacaktır. Böylece genetik yapısı bilinen orijinler gelecekte yapılacak ağaçlandırma çalışmalarında güvenle kullanılabilir.

Bu araştırma 6 ana başlık altında ele alınmıştır.

Birinci bölüm, genel bilgiler olup bu bölümde konuya giriş yapıldıktan sonra, Doğu Ladini hakkında genel kısa bilgiler verilerek izoenzim çalışmalarına yönelik geniş bir literatür özeti ele alınmıştır.

İkinci bölüm, yapılan çalışmalar başlığı altında ele alınarak, materyal ve yöntem ile beraber matematik- istatistik analizlere yer verilmiştir.

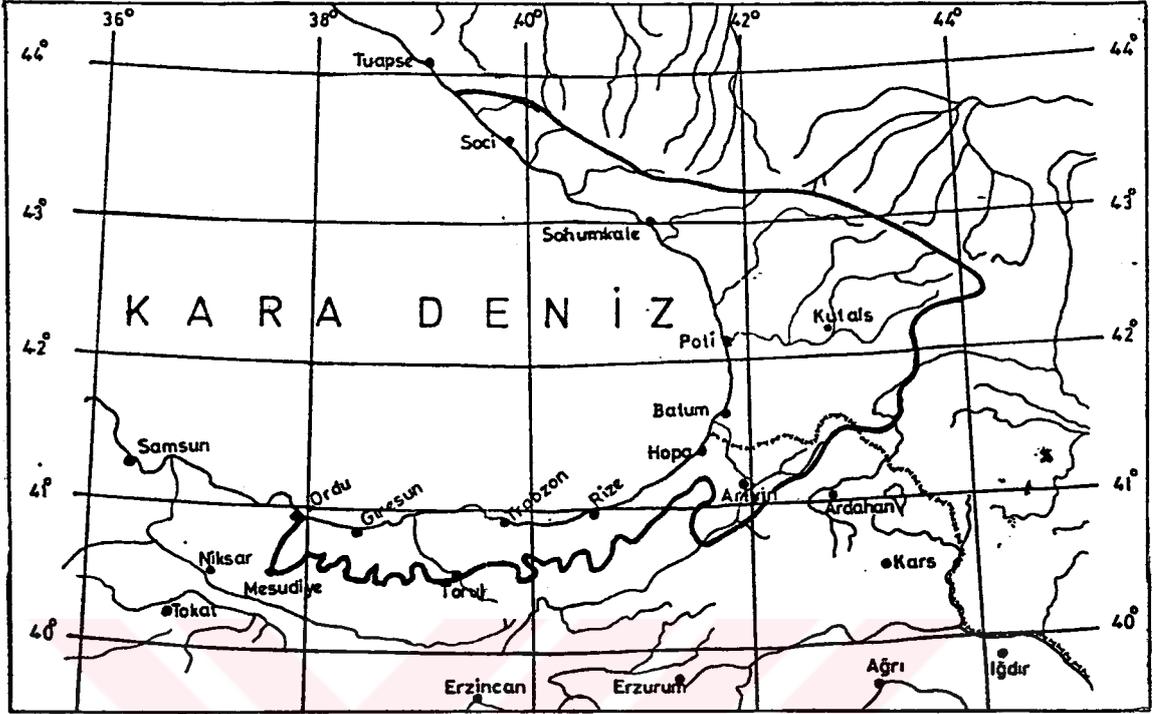
Üçüncü bölüm bulgular bölümüdür. Burada yapılan analizler sonucu elde edilen bulgular LAP ve GOT enzimleri ile populasyonların genetik yapıların ilişkin olmak üzere ayrı ayrı verilmiştir. Ayrıca genetik yapı, güzergahlar ve yükseklik kademelerine göre de karşılaştırılmıştır.

Dördüncü bölüm ise irdeleme bölümü olup, bulgularda elde edilen veriler çeşitli istatistik analizlerle değerlendirilmiştir.

Beş ve altıncı bölümler sonuçlar ve öneriler bölümleri olup, elde edilen bulgular ve irdelemelere dayanılarak varılan sonuçlar verilmiş, önerilerde bulunulmuştur.

1.2. Doğu Ladini Hakkında Genel Bilgiler

Çalışmamıza konu iğne yapraklı türümüz olan Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link), doğal yayılış alanı olarak yalnız Kafkasya ve Karadeniz'in doğu kıyılarını sınırlayan dağlar üzerinde yer almakta ve horizontal yönde bir yayılış yapmaktadır (6, 7). Doğu Ladini'nin yayılış alanı Şekil 1 'de verilmiştir.



Şekil 1. Doğu Ladininin Doğal Yayılış Alanı (6, 7)

Doğu Ladini ormanları, Doğu Karadeniz bölgesinde, Ordu-Melet Irmağından başlayarak doğuya doğru uzanmakta, Eğribel, Zigana, Yalnızçam ve Posof'tan Kafkaslara geçmektedir. Rutubetin Çoruh ve Harşit vadileri boyunca içerilere taşınması nedeniyle Ladin ormanlarının yayılış alanı Artvin ve Torul bölgelerinde genişlemektedir. Yükseklik kademesi olarak genellikle 850-900 m. ile 2000 m'ler arasında bulunduğunu, yer yer daha yukarılarda orman sınırını oluşturduğunu (8), Kayacık ise Doğu Ladininin ülkemizdeki yayılışında alt sınırının 900-1000 m., üst sınırının ise Karanlıkmeşe ormanlarında 2400 m. olduğunu belirtmişlerdir (9). Bununla beraber Doğu Ladini, Giresun ve Trabzon' da yer yer münferit halde sahile kadar inmekle birlikte daha çok kışları sert ve karlı, yağışça zengin olan yüksek yerleri seçmektedir (6). Gerçi Doğu Ladininin Karadeniz kıyılarındaki alt sınırının yüzyıllardır süregelen usulsüz müdahalelerle yukarıya doğru itildiği bilinmektedir. Fakat Doğu Ladininin asıl yayılışını 1000-1300 m.'lerden daha yukarılarda yaptığı, meşcere, grup ve kümeler halinde 150 m.'ye kadar indiği, münferit olarakta deniz kenarında bile bulunduğu bildirilmektedir (9).

Doğu Ladini 40-50 m., bazende 60 m. boylara ulaşabilen, 1.5-2 m. çap yapabilen, dolgun ve düzgün gövdeli, sivri tepeli önemli bir orman ağacıdır. Bilinen ladin taksonlarının en kısa iğne yapraklısı olup iğne uzunlukları 6-11 mm., uçları keskin değil

kör yada küt olarak sonuçlanır. Kabuk genç bireylerde genelde açık renkli ve düzgün, yaşlı bireylerde ise koyu renkli ve çatlaklıdır. Dallar sık bir şekilde çevrel olarak tüm gövdeye yerleşmiştir (10).

1.3. Literatür Özeti

1.3.1. Doğu Ladini İle İlgili Çalışmalar

Doğu Ladini, üzerinde çok fazla araştırma yapılması nedeniyle şanslı ağaç türlerimizden birisidir. Orman Fakülteleri ve Araştırma Enstitü'leri tarafından sonuçlandırılmış yüzlerce çalışma vardır. Ormancılık Araştırma Enstitüsü yayını olan Doğu Ladini el kitabının toplu kaynakça kısmına baktığımızda, toplam 233 çalışmada Doğu Ladininden söz edilmektedir (11). Fakat bunların içerisinde ıslaha yönelik çalışmalar oldukça azdır. Mevcut çalışmalar genel olarak morfolojik ve fizyolojik karakterler üzerine yapılmıştır. Örneğin "Doğu Ladini Tohum Transfer Rejyonlaması" adlı çalışmada; iklim, toprak, vejetasyon ve jeomorfolojik şartlar esas alınarak tohum transfer rejyonlaması yapılmıştır (12). Doğu Ladininde yapılan bir başka detaylı çalışma ise "Doğu Ladini Kozalak ve Tohumları Üzerine Araştırmalar"dır (13). Bu çalışmada kozalak ve tohumun olgunlaşma zamanı, kozalak hasadı ile kozalak ve tohum üzerine morfolojik araştırmalar geniş bir şekilde ele alınmış, ayrıca çimlendirmeye yönelik fizyolojik araştırmalara da yer vermiştir.

Doğu Ladininin vejetatif yolla üretilmesi konusunda yapılan çalışmada; Doğu Ladininin dal çeliklerinin köklendirilmesi üzerinde, kimyasal işlemler, çelik alma zamanı, köklendirme ortamı, ortet yaşı, çelik tipi, konumu, tepe zonları vb. gibi faktörlerin etkisini incelemiştir (14).

"Ladin (Picea orientalis (L) Link)' de Islah Çalışmaları" adlı bir başka yayında ise, Doğu Ladini için tohum transfer rejyonlaması, Doğu Ladininde yapılan orijin denemeleri, tohum hasad ve kullanma mntıklarına ait öneriler, ferdi seleksiyon sonucu tohum meşcerelerini seçimi, üstün ağaçların tesbiti, bu üstün ağaçlardan alınan aşı kalemleri ile tohum bahçesi tesisi, tohum meşcerelerinden elde edilen tohumlarla kurulan döl denemelerinden bahsedilmektedir (15).

Doğu Ladininin mevcut varyetelerine ait bir yayında, Schenck'e atfen Doğu Ladininin başlıca 4 varyetesi vardır ki, bunlardan birincisi, başlangıçta sarı ve sonra yeşil renkte iğne yapraklara sahip olan "Picea orientalis var. Aureo-Spicate Beiss", ikincisi bronz renkte iğne yapraklara sahip olan "Picea orientalis var. Aurea Hess", üçüncüsü dalları yukarı olmasıyla karakterize edilen "Picea orientalis var. Nutans Niemetz" ve sonuncusuda, bodur, alt kısmı fazla dallanan ve piramit şekle sahip "Picea orientalis var.

nana Carr."dır (7). bir başka yayında ise, bunlara ilave olarak, iğne yaprakları daha koyu ve yeşil olan Picea orientalis atrivirens Beissn, yuvarlak görünüşlü, bodur ağaçcıklar halinde, ince ve sık dallı olan Picea orientalis gracilis (Kort) Beissn.'den söz edilmektedir (16). Doğu Ladini yoğun koyu renkli cilalı görünümlü bir ibrelenmeden dolayı parkçılıkta birçok formları ile dikkat çekicidir (10).

Ülkemizde de Avrupa ülkelerinde olduğu gibi ıslaha yönelik genetik çalışmalar iğne yapraklı türler üzerinde yoğunlaşmaktadır. Ladinde yapılan genetik ağırlıklı çalışmalar ise çok sınırlıdır. Bunlar arasında, "Doğu Ladini Fideciklerinin Morfo-genetik Özellikleri Üzerine Araştırmalar" örnek olarak verilebilir. Bu çalışmada tohumun morfolojik özellikleri ile bu tohumlardan elde edilen fideciklerin özellikleri arasındaki ilişki araştırılmış, ayrıca tohum ve fidecik özelliklerinin yöre, denizden yükseklik ve ağaç görünümüne göre belirlenen değişkenliğin (varyasyonun) incelenmesi yapılmıştır. Bunların dışında Doğu Ladini tohumunun γ -radyasyonuna karşı duyarlılığı da araştırılmıştır (17).

1.3.2 . İzoenzim Analizleri İle İlgili Çalışmalar

Bilindiği gibi orman ekosistemleri çok karmaşık bir yapı göstermektedir. Buna bağlı olarak ekonomik ve ekolojik anlamda uzun bir hayat süresini gerektirmeleri, çevresel faktörlerden etkilenmeleri sonucunu doğurmaktadır. Orman ağaçlarında çevresel faktörlerin uzun vadeli etkileri popülasyonların genetik yapılarında değişikliklere neden olabilmektedir. Bu nedenle tarım ürünlerinde olduğu gibi orman ağaçlarının çevresel faktörler karşısındaki durumu tam olarak bilinmemektedir. Bugün bir çok orman ağacı popülasyonları yaşama yüzdeleri, adaptasyon kabiliyetleri vb. özellikleri bakımından yabani popülasyon özelliğindedir. Son yıllarda gelişen teknolojiye paralel olarak genetik yapıya yönelik değişik araştırmalar yapılmaktadır. Bunların başında gelen elektroforetik yöntemler sayesinde, özellikle Avrupa ülkelerinde çok sayıda orman ağacı türünün genetik yapısına ilişkin bilgiler elde edilebilmektedir.

Müller-Starck enzim gen işaretleri (gen marker) kullanılarak Avrupa ülkelerinde 1970'lerde başlayan ve halen devam eden genetik varyasyonlara ilişkin çalışmalarla ilgili olarak yayınladığı bildiride, yapılan çalışmaları ülkeler ve çalışılan başlıca türler olarak aşağıdaki gibi özetlemektedir (18).

Kuzey Avrupa'da, İskandinav ülkeleri başta olmak üzere, orman ağaçları üzerine genetik araştırmalar esas olarak Pinus silvestris L. ve Picea abies (L.) Karst. hakkındadır. Doğu Avrupa ülkelerinde de İskandinav ülkelerinde olduğu gibi çalışmalar çoğunlukla konifer türleri üzerinde yoğunlaşmaktadır. Bunlar; Polonya' da Abies alba Mill., Larix decidua Mill., Picea abies (L.) Karst. ve Pseudotsuga menziesii (Mirb.); Moskova'da Pinus sibirica Du. Tour., Pinus cembra (L.), Pinus koraiensis, Pinus pumila Hort. ve Picea

abies (L.) Karst.; Norveç' te Picea abies (L.) Karst. ve Abies alba Mill.; Orta Avrupa ülkelerinden Fransa' da Fagus silvatica L., Quercus sp. türleri, Prunus avium L. ve bazı Pinus türleri; Almanya'da Picea abies (L.) Karst., Pinus silvestris L., Abies alba Mill., ayrıca Fagus silvatica L., Quercus ve Populus türleri; Avusturya'da ise Quercus türleri, Picea abies (L.) Karst. ve Abies alba Mill.; Güney Avrupa'da, Akdeniz meşeleri (Q.ilex L., Q.suber L.) Fransa ve İspanya'da, Castania sativa Mill., Populus deltoides Bartr. , Quercus türleri, Picea abies (L.) Karst. ve Pinus leucodermis Ant. , İtalya'da; Pinus nigra Arnold. ve Populus sp. türleri çeşitli araştırmacılar tarafından izoenzim analizleri yardımıyla incelenmiştir. Bunların haricinde İsrail'de Pinus halepensis Mill., Pinus brutia Ten. ve Cupressus sempervirens L. üzerinde çalışmalar yapılmıştır (18).

Elektroforetik analizlerle gen envanteri çalışmaları gerçekleştirilebilmekte ve gen konservasyonuna gidilebilmektedir. Yine bu analizlerle coğrafik varyasyonların yanında tohum kaynak alanlarının sınırlandırılması, klonların belirlenmesi, yapay döllemelerin güvenilirliği ve kendileme derecesi, ağaç türleri ile hibrid oluşumlarının tesbiti, orman ağaçlarının dış çevre şartlarına adaptasyonu ve gaz zararlarına dayanıklı bireylerin belirlenmesi gibi bir çok konuya açıklık getirilebilmektedir (13).

1.3.2.1.Yabancı Ülkelerde İzoenzim Çalışmalar

Odunsu bitkilerde izoenzim çalışmaları ilk olarak 1960'ların sonlarında Allard ve arkadaşları tarafından çok sayıda deneme ile başlatılmış, 1970'li yıllarda ise Avrupa ülkelerindeki çeşitli araştırmacılar, orman ağaçları üzerinde yaptıkları çalışmalarda genetik yapıya ilişkin olarak izoenzimlerin çeşitliliklerini ortaya koymuşlardır. Böylece orman ağaçları üzerinde populasyon genetiğinde izoenzim gen marker kullanılır olmuştur (20). Daha sonraki yıllarda ise özellikle Avrupa ülkeleri başta olmak üzere çok sayıda araştırmacı orman ağacı türlerinde genetik yapının belirlenmesi amacıyla izoenzim analizlerini kullanmışlardır.

Müller-Starck, Avrupa'daki orman ağacı türlerinde genetik varyasyona ilişkin çalışmaları özetlerken Avrupa'nın çeşitli bölgelerinde (kuzey, güney, doğu, batı ve orta), çalışma yapılan türlerden isim olarak bahsetmekte, ibreli ve yapraklı türleri ayrı ayrı özetlemektedir(18). Buradan hareketle orman ağaçlarında elektroforetik tekniği kullanılarak yapılan izoenzim çalışmalarına ait literatürel bilgiler de ibreli ve yapraklı türlerde yapılan çalışmalar olarak özetlenecektir.

1.3.2.1.1. İbrelî Türlerde Yapılan İzoenzim Çalışmaları

Bazı arařtırıcılar, tohumun endospermini kullanarak Picea abies (L.) Karst' de Esterase (EST) ve Leucine aminopeptitase (LAP) enzim lokuslarında çok sayıda alleler sayesinde türe ait genetik sertifikasyonu belirlemiřlerdir (21, 22). Benzer bir çalışma "Orman Ağaçları Tohumlarının Sertifikası Üzerine Muhtemel Arařtırmalar" adı altında olup, ikisi İsveç ve biri Almanya olmak üzere üç farklı Avrupa Ladini orijininde genetik yapı üzerinedir. Çalışma sonucu ortaya çıkan zimogram ve allel frekansları sayesinde populasyonlar arasında farklılıklar ortaya konmuş, izoenzim analizleri ile orman ağacı tohumlarının genetik sertifikasyonunun mümkün olabileceđi sonucuna varılmıştır (23).

Orta ve Kuzey Avrupa'dan seçilen 9 doğal Avrupa Ladini populasyonu arasındaki genetik kompozisyonlar dört izoenzim lokusunda, gen frekanslarına göre ortaya konulmuştur. Araştırma sonucu coğrafik bakımdan geniş yayılıřa sahip tür orijinleri arasındaki genetik uzaklıklar, birbirine yakın populasyonlar arasındaki genetik mesafeden daha yüksek olduđu sonucuna varılmıştır. Genetik mesafe bakımından maksimum deđerler İskandinav orijinleri ile Almanya orijinleri arasında çıkmış, buna karşılık İsveç ve Finlandiya orijinleri arasındaki genetik farklılıklar daha düşük bulunmuştur (24).

Picea abies (L.) Karst'de, bazı enzim sistemleri ile genetik yapının belirlenmesinde bu kez Acid phosphotase (SAP) ile LAP enzimlerinde kuru tohumun haploid endospermi kullanılarak analizler yapılmıştır. Almanya'da yapılan bu analizler sonucu LAP ve SAP enzimlerinin herbir zondaki polimorfluk oranına göre birkaç allel ve farklı lokuslar ile genetik bakımdan farklılık ortaya konmuştur (25).

Picea abies (L.) Karst. ve Pseudotsuga menziessii (Mirb.) Franco.'de Acid phosphotase (ACP veya SAP) için bir lokus kodlaması belirlenmiştir ki, bu belirgin bir çevreye adaptasyonu göstermektedir. Alçak ve yüksek zon olmak üzere iki farklı zondan seçilen populasyonlarda, her iki türde de tek bant enzimleri için ACP allellerinin kodlanması, türlerin yayılıř alanlarının daha soğuk zonlarında dominant olmasına karşılık, çift bant enzimlerindeki allellerin kodlanması, türün ılıman iklim zonlarında daha sık görüldüğünü göstermektedir (26).

LAP enzim sistemini tohumun embriyo ve endosperminde analiz ederek Avrupa Ladinindeki kendileme oranı izoenzim analizleri yardımı ile belirlenmiştir. Buna göre bir meşceredeki Avrupa Ladini bireylerinin kendileme oranı % 14.7 olarak bulunmuştur (27)

Picea glauca (Moench) Voss.'ya ait Kanada'nın Yukarı Territory ve Güney Ontori'ya bölgelerindeki lokal yayılıř gösteren populasyonlarında genetik çeşitlilik izoenzim analizleri ile belirlenmeye çalışılmışdır. Arařtırmada Formic (FDH), Glutamic (GDH) ve Lactic dehydrogenase (LDH) ile Cationic peroxidase (CP) enzim sistemleri analiz edilmiştir. Çalışma polycrylamid disc elektroforesis tekniđi ile yürütülmüş ve

sonuçta Ak Ladine ait lokal bölgeler ile bunlara komşu alanlar arasında genetik farklılıklar olduğu belirlenmiştir (28).

Picea abies (L.) Karst.'de izoenzim lokusları sayesinde bağlantı grupları incelenmiş, bunun için toplam 14 izoenzim lokusunda analizler yapılmıştır. 3 farklı popülasyonda 120 olgun ağaçtan alınan tohumun endospermi analizlerde kullanılarak, enzim lokuslarındaki heterozigosity bakımından ortaya çıkan farklılıklar irdelenmiştir. Araştırma sonucunda bireyleri ayırmada heterozigosity bakımından anlamlılık bulunamamış, buna karşılık olasılık hesaplarından hareketle bağlantı grupları oluşturulmuştur (29).

Almanya'da Ladin ormanlarında, SO₂ ve O₃ zararlarına karşı yapılan tesbitlerde zarar görmeyen fertlerin sayısı, zarar görenlerden fazla bulunmuştur. Picea abies'in SO₂' e karşı dayanıklı ve hassas orijinleri izoenzim analizleri ile test edilmiştir (30, 31). Buna göre SO₂'e karşı dayanıklı orijinlerin GPDH-A ve MDH-C3 lokuslarında görülen nadir alleler gaz zararlarına hassas olan alt popülasyonlardan daha düşük frekanslar göstermektedir. Her iki araştırma sonucu SO₂ ve O₃ gibi hava kirleticilerinin genetik çeşitlilikte azalmaya neden olduğu sonucuna varılmıştır.

Benzer tesbitler Kayın (Fagus silvatica L.) için de yapılmıştır. Dayanıklı genotipler genel olarak F1 generasyonunda görülmüştür. Burada gaz zararlarına dayanıklı bireylerdeki heterozigosity değeri (He = 0.314), duyarlı olanlardan (He= 0.274) % 15 daha yüksek düzeyde bulunmuştur (32, 33).

Picea mariana (Mill.)'nın alçak ve yüksek zonlar olmak üzere iki farklı coğrafik yayılış alanındaki genetik farkları belirlemek üzere yapılan araştırmada polymorfizm oranını alçak zona ait popülasyonlarda % 47.5 olarak tesbit edilirken yükseklerde bu değer % 57.5 olarak tesbit edilmiştir (34).

Picea glauca (Moench) Voss.'da yapılan bir araştırmada, doğal meşcerelerden 9 deneme alanı belirlenmiş, bunlardan tesadüfi ve selekte edilmiş (fenotipik olarak seçilmiş) örnekler karşılaştırılmıştır. 20 enzim sisteminde yapılan analizler sonucu, heterozigosity oranı 0.172 bulunmuş, meşcerelerdeki varyasyon sadece % 0.7 olarak tesbit edilmiştir. Allel miktarı ve heterozigosity oranları bakımından selekte edilen popülasyonlar ile tesadüfi olarak alınan popülasyonlar arasında önemli bir fark çıkmamıştır. Ancak selekte edilen ve tesadüfi alınan popülasyonlar arasında allel zenginliği bakımından farklar ortaya çıkmıştır. Belirlenen allellerin % 70'ini selekte edilmiş popülasyonlar oluşturmakta, buna göre fenotipik seleksiyonun önemli olduğuna işaret edilmektedir (35).

Picea mariana (Mill.) 'nın alçak ve yüksek zon olmak üzere, iki doğal meşceresi genetik yapı bakımından karşılaştırılmıştır. Her zonda belirlenen iki doğal meşcerede ve bu meşcerelere komşu 500 ağaçta ibre örnekleri alınarak izoenzim analizleri yapılmıştır. Araştırma sonucunda meşcereler arasında genetik farklılıklar olduğu sonucuna varılmıştır (36).

Araştırma sonucunda meşcereler arasında genetik farklılıklar olduğu sonucuna varılmıştır (36).

Picea abies (L.) Karst.'in İtalya'da yayılış gösteren 9 doğal popülasyonundaki genetik yoğunluk ve farklılıkları ortaya koymak için izoenzim analizleri yapılmış, araştırmada tohumun endospermi kullanılmış ve 11 izoenzim sisteminde toplam 21 lokusta genetiksel inceleme yürütülmüştür. Buna göre, toplam genetik çeşitliliğin yalnızca % 4.2 'sinin popülasyonlar arasındaki (Dst) farklılıktan kaynaklandığı ortaya çıkmıştır. Popülasyon içi (Hs) genetik çeşitlilik ise oldukça düşük olup 0.019 olarak bulunmuştur (37).

Kanada'nın Alberta kentinde turba ve dağlık arazilerdeki Picea mariana (Mill.) 'ya ait 3 popülasyondan alınan 2'şer deneme alanında izoenzim çeşitlilikleri ve tohumun çimlenme ekolojisini incelemiştir. İzoenzim çalışmalarında haploid yapıdaki endosperm, elektroforesis tekniği ile analiz edilmiş, 16 enzim sisteminde 28 lokus belirlenmiştir. Sonuçta F ve χ^2 (chi-kare) testleri ile yapılan analizlerle yüksek arazi ve turbalıklardan seçilen popülasyonlar arasında çok az bir farklılık olduğu sonucuna varılmıştır (38).

Picea sitchensis (Bong.) Carr.'in Kolombiya'da bulunan bir tohum meşçeresinden alınan örneklerde izoenzim analizi yapılarak çaprazlama sistemindeki modifikasyonlar ile bunun sonucu oluşan farklılıklar ortaya koyulmaya çalışılmıştır. 5 enzim sisteminde yapılan analizler sonucu 5 lokusun 3'ünde allel frekansları bakımından yumurta ve polen hücreleri arasında farklılıklar belirlenmiştir. Polenlerdeki allel frekansları bakımından en düşük farklılık, tepenin en üst kısımlarından alınanlarda gözlenmiş, bu kısımdaki çaprazlama (döllenme) oranı 0.909 iken alt kısımlarda aynı oran daha düşük, 0.764 olarak bulunmuştur. Tek lokusluluk bakımından ise alt ve üst kısımlar arasında da anlamlı farklılıklar elde edilmiştir (39).

Picea abies (L.) Karst.'in Litvanya'daki doğal popülasyonlarında genetik çeşitlilik araştırılmış, mevcut popülasyonlardaki polimorfizm oranı % 70' den fazla bulunmuştur. Lokuslardaki ortalama allel sayısı 2.262 ve heterozigosity değeri ise 0.186 olarak belirlenmiştir. Popülasyonlar arasında % 1.7-1.8 oranında bir farklılığın olduğu, buna bağlı olarak genetik mesafe değerinin 0.003 ile 0.012 arasında düşük değerlerde çıktığı görülmüştür. Buna göre de Avrupa Ladininin Litvanya popülasyonları arasında önemli düzeyde benzerlik olduğu sonucuna varılmıştır (40).

Picea abies (L.) Karst.'e ait aynı popülasyondan alınan tesadüfi ağaç örnekleri ile seçilmiş tohum bahçesi klonlarındaki heterozigosity ve genetik varyasyonlar belirlenmesi amacıyla yapılan araştırmada, tohum bahçesinden fenotipik olarak seçilmiş 45 adet üstün ağaç ile, aynı meşçereden tesadüfi olarak seçilmiş 60 ağaç üzerinde genetik yapı incelenmiştir. 8 enzim gen lokusunda çalışılmıştır. Araştırma sonucunda genel olarak gen çeşitliliği dağılımı bakımından farklılık bulunamamış, buna karşılık ortalama heterozigosity oranı ile bireylere ait heterozigosity dağılımlarında farklılıklar bulunmuştur (41).

İzoenzim analizleri ile genetik yapının belirlenmesi amacıyla üzerinde en fazla çalışan orman ağacı türlerinin başında Pinus ssp.lar gelmektedir. Bu cinse ait türlerde yapılan çalışmalardan bazıları aşağıda özet halinde verilmiştir. Araştırmaların büyük çoğunluğunda ise materyal olarak tohum (endosperm veya embriyo) kullanılmıştır.

Pinus sp., Abies sp., Pseudotsuga sp. tohumları üzerinde elektroforetik yöntemlerle izoenzim analizleri 1973'lü yıllarda başlatılmıştır. Bu çalışmada 8 Çam türü ile Abies concolor Hoopes ve Pseudotsuga taxifolia Britt. türlerine ait tohumlarda leucine aminopeptitase (LAP), esterase (EST) ve peroxidase (PER) enzim sistemleri sistematik olarak araştırılmıştır. Araştırma sonucunda tüm tohumlarda LAP enzim modelleri (zimogramları) ile flogenetik ilişkiler kolayca tesbit edilmiştir. 8 farklı LAP bandı ortaya çıkmış ve Çamların 8 'inde de LAP bantları benzer sonuçlar vermiştir. LAP bantlarından en yavaş koşan 2 bant, 10 türün tümünde yaygın olarak ortaya çıkmıştır. Buna göre LAP bantlarının değişkenliği bakımından türler arasında çeşitlilik olduğu anlaşılmıştır. Pinus sp., Abies sp. ve Pseudotsuga sp.'ye ait tohumların EST enzim görünümüleri türden türe değişmekte olup, türler arasında herhangi bir benzerlik bulunamamıştır. EST bantlarının sayısı 5-16 arasında olup flogenetik ilişki anlaşılamamış , aynı sonuç Peroxidase için geçerli olup türler arasında homojenite belirlenememiştir (42).

İbrelî türlerin ıslahında elektroforetik yöntemlerin kullanılabilirliği üzerine yapılan çalışmada, Picea abies (L.) Karst., Pinus sibirica Du Tour. ve Pinus sylvestris L. populasyonlarının genetik yapıları tespit edilerek, izoenzim çalışmaları sayesinde genetik zenginliğin tohum plantasyonları ile sürdürülebileceği belirtilmektedir (43).

Pinus silvestris L. populasyonlarındaki kendileme ve allel frekanslarından hareketle yapılan çalışmalarda, İsveç orijinli 3 populasyondan ibre örnekleri alınarak jel elektroforesis tekniği ile GOT, EST ve LAP olmak üzere 3 enzim sisteminin analizleri yapılmıştır. Populasyonların homojenitesi ile allel frekansları hesaplanmış, homogenetik bakımdan çok allellilik (polimorfizm) oranının LAP-B' de yüksek olduğu ortaya çıkmıştır (44).

İki farklı Pinus silvestris L. populasyonunun genetik bakımdan karşılaştırılması amacıyla izoenzim ve morfolojik araştırmalar yapılmıştır. 170 yaşında II.sınıf ve 110 yaşında III. sınıf olmak üzere iki farklı Sarıçam populasyonuna ait kozalak tohum ve ibre özellikleri ile izoenzim analiz sonuçları karşılaştırılmıştır. İzoenzim çalışmaları ile morfolojik özellikler karşılaştırılarak populasyonlardaki farklılıklar ortaya konmuştur (45).

Yine Pinus silvestris L.'te bu defa endosperm materyali kullanılarak yapılan izoenzim analizlerinde 6 enzimde, 12 allel tipi tespit edilmiştir. Denemeler, biri tohum meşçeresi olmak üzere toplam 6 farklı İsveç orijini üzerinde yapılmış, herbir enzim sistemindeki allel sayıları ortaya konmuştur. Ayrıca her populasyonda 5 ağaçtan alınan tohum örnekleri ile

de bağlantı grupları oluşturulmuş, enzimler arasında bazı alleller bakımından farklılıklar olduğu sonucuna varılmıştır (46).

Polonya'da yapılan bir çalışmada 19 Sarıçam popülasyonunu LAP ve Acid phosphatase (APH) izoenzimleri bakımından karşılaştırılmıştır. Araştırma için seçilen 19 popülasyonun 14'ü Polonya, 2'si Türkiye, 1'er orijini de Almanya, Rusya ve Macaristan'dan alınmıştır. Her popülasyon 10 'ar ağaçla temsil edilmiştir. LAP enzim sisteminde 2 lokus (LAP-A ve LAP-B)'ta toplam 11 allel tipi gözlenmiş olup APH de ise tek lokusta (APH-B)15 allel tipi ortaya çıkmıştır. Araştırma sonucu Türkiye ile Macaristan popülasyonları arasında genetik mesafe önemli düzeyde bulunmuştur. Bu popülasyonlar, diğer popülasyonlardan daha farklı bir genetik yapıya sahip olup, Polonya'nın güneyinden seçilen popülasyon ise geçiş zonunu oluşturmaktadır. Sarıçam'daki kuzey-güney, doğu-batı arasındaki farklılıklar anlamlı bulunmuştur (47).

İsveç'teki tohum bahçesinde tozlaşma örnekleri üzerinde izoenzim analizleri yapılmıştır. Yapılan çalışmada Umea'daki bir Sarıçam tohum bahçesinden elde edilen 200 tohum kullanılmış, LAP-B, GOT-A ve GOT-B olmak üzere 2 enzim sisteminde 3 lokus gözlemlenmiş, hem embriyo hemde endosperm üzerinde çalışılmıştır. Araştırmada tohum bahçesini oluşturan farklı klonlar ve aşılı fidanların değişik kısımları arasında frekans dağılımı bakımından farklılık olduğu ortaya çıkmış, komşu ağaçların tozlaşma etkileri de ayrıca tespit edilmiştir (48).

Sarıçam'da yapılan bir başka çalışma ise, tohum bahçesindeki muhtemel döllenmeler üzerinedir. Bu çalışmada ana klonlar ve onların kendi aralarındaki dölleri LAP enzim sistemi kullanılarak, enzimatik gen işaretleri (gen marker) yardımıyla belirlenmiştir. Endosperm, embriyo ve ibre örneklerinin elektroforesis tekniği ile analizi sonucunda, 3 vejetasyon dönemi içerisinde kendileşme olasılığının ortalama 0.115 ile 0.139 arasında, klonlar içerisindeki herbir birey için ise bu değer 0.063 ile 0.267 arasında bulunmuştur (49).

İsveç'teki Pinus silvestris L.'in 5 lokal yerde 9 doğal meşceredeki allel varyasyonları araştırılmıştır. Çalışma sonucu allel frekansları bakımından lokal popülasyonlar arasında farklılıklar ortaya çıkmış, ancak alt popülasyonlar arasında bu fark çok düşük bulunmuştur. Popülasyonlar içerisindeki genetik çeşitlilik % 98' den daha yüksek çıkmıştır. Bir popülasyon hariç diğer popülasyonlarda Hardy-Weinberg kuralına uygunluk bulunamamıştır (50).

Pinus silvestris L.'e ait tohum ağaçları ile bunların siperi altında gelen gençliklerde genetik yapı analiz edilmiştir. Bunun için tohum ağaçlarından elde edilen tohumların embriyosu, genç bireylerde ise tomurcuklar analize tabi tutulmuş, her iki grup arasındaki genetik yapı incelenmiştir. 6 enzim sistemiyle yapılan analizler sonucu allel frekansları bakımından farklılıklar olduğu ortaya konulmuştur. Genotip frekansları bakımından

tohum ağaçları ve fidelikler Hardy-Weinberg kuralına uymamakta fakat embriyo analizinde çeşitli sapmalar bulunmuştur. Homozigot oranı her iki grupta da fazla çıkmıştır (51).

Diploxyton çamlardan 14'ü üzerinde yapılan elektroforetik araştırmalarda, türler arasındaki ilişki genetik bakımdan incelenmiş ve 15 enzim lokusunun kullanıldığı araştırmada donmuş ve taze ibre örnekleri üzerinde çalışılmıştır. Araştırma sonucunda genetik farklılıklar, bazı türler arasında yüksek olmasına karşılık bazılarında ise çok düşük bulunmuştur (52).

Haploxyton ve diploxyton çamlar genetik bakımından karşılaştırılmış, allozyme farklılıkları tespit edilmeye çalışılmıştır. Bunun için haploxyton çamlardan 10, diploxyton çamlardan ise 7 türde izoenzim analizleri gerçekleştirilmiştir. Araştırma sonucu 11 enzim sisteminde toplam 57 allel tipi belirlenmiştir. Haploxyton ve diploxyton çamlara ait türler arasında genetik mesafe değerleri sırasıyla 1.47 ile 2.66 arasında olup, ortalama 2.17 olarak bulunmuştur. Analizlerde materyal olarak ibreler kullanılmıştır (53).

Finlandiya'da yapılan elektroforetik çalışmalarda Sarıçam'ın tohum bahçesi ve doğal meşcerelerindeki döllenme sistemleri, genetik çeşitlilik ve populasyon boyutlarının genetik yapıya etkileri incelenmiştir. Bunun için 2 adet tohum bahçesi ve 3 adet doğal populasyon seçilmiştir. Populasyon büyüklüğünün tohum bahçesi üzerine etkileri, döllenme sonucu gelen gençlikteki genetik değişikliklerle tespit edilmiştir. Buna göre, tohum bahçesini oluşturan klonlar arasındaki varyasyon, doğal meşcerelerde olduğu gibi populasyonun genetik yapısı üzerinde etkili olmaktadır. Doğal meşcerelerdeki çaprazlama oranı (0.94), tohum bahçesinde ise oran (0.98) olarak yaklaşık benzer bulunmuştur. Hem tohum bahçesinde hemde doğal meşcerelerdeki kendileme oranı ise düşük çıkmıştır (54).

Gaz zararlarına karşı dayanıklılık üzerine yapılan izoenzim çalışmaları Polonya'da yürütülmüş, çinko cevherinin etkisiyle oluşan kirlilikten Sarıçamların nasıl etkilendiği araştırılmıştır. Bunun için çinkonun neden olduğu kirliliğin olmadığı örnek populasyonlardaki Sarıçam fideleri üzerinde genetik yapı karşılaştırılarak, üç ağır metalin (Zn, Pb, Cd) fidelikler üzerindeki etkisi incelenmiştir. Buna göre her iki grup arasında allel frekansları bakımından farklılıklar gözlenmiş, enzim sistemlerine göre genetik bakımdan farklılık olduğu tespit edilmiştir (55).

İsveç'teki Sarıçam tohum bahçesinde olası polen bulaşmaları üzerine araştırmalar yürütülmüştür. Çalışmada Baltık sahilindeki Sarıçam tohum bahçesinden elde edilen tohumların embriyo ve endospermeleri izoenzim analizleri ile incelenmiştir. İki yıl üst üste yapılan çalışmada, ortalama kontaminasyon (bulaşma) oranı benzer çıkmış, fakat tohum hasat yılına bağlı olarak bloklar arasında farklılıklar gözlenmiştir. Bulaşma oranı en fazla tohum bahçesinin kenarlarında, en düşük ise merkezi yerlerde görülmüştür. Kozalakların etkilenmesi, blok-kozalak ve kozalak-yıl etkileşimi yönünden anlamlı çıkmamıştır (56).

İzoenzim bantlarının görünür hale gelmesinde kullanılan boyama tamponları üzerine yapılan araştırmada, iki farklı boyama yöntemi ile MDH (Malate Dehydrogenase) enziminin yorumlanması, sarıçam tohumunun endosperm ve embriyosu üzerinde incelenmiştir. Sonuçta enzim bantlarının ortaya çıkarılmasında NADH (Nicotinamide Adenine Dinucleotide) ve Oxaloacetate ile boyama tamponunun daha iyi sonuç verdiği ortaya konmuştur. Araştırmada kullanılan iki farklı yöntemden birinde NADH tamponu saf olarak kullanılmış, diğerinde ise çeşitli kimyasal maddelerin karışımı bir solusyon denenmiştir (57).

İspanya Sarıçamlarının diğer Avrupa Ülkelerindeki Sarıçamlarla, karşılaştırmalı olarak genetik yapısını belirlemek amacıyla yapılan bir çalışmada, İspanya orijinli 7, Doğu ve Kuzey Avrupa orijinli 16 olmak üzere, toplam 23 populasyondan alınan tohum örnekleri üzerinde gen frekansları belirlenmiştir. Araştırmada İspanya orijinlerine ait populasyonlar için 11 enzim gen lokusu diğer populasyonlar için ise 7 enzim gen lokusu tespit edilmiştir. Buna göre İspanya orijinleri ile diğer Avrupa ülkelerine ait Sarıçam orijinleri genotip ve gen frekansı bakımından genetiksel olarak farklı bulunmuştur (58).

1912 yılında Polonya'da kurulan Sarıçam orijin denemesine ait genetiksel yapı araştırılmıştır. Doğu Avrupa ve Türkiye'den olmak üzere toplam 13 orijinden oluşan deneme alanındaki genetik yapı ve varyasyonlar izoenzim analizleri ile incelenmiştir. Araştırma sonucunda populasyonlar arasında genetik bakımından farklılıklar belirlenmiş, ortalama genetik farklılaşma oranı (0.076) yüksek bulunmuştur. Bu değer buzul çağında ise % 50 'nin altında (0.035) bir değere sahipti. 8 lokusta çok allellik (polimorfizm) ortaya çıkmış ve her lokustaki ortalama allel sayısı Avrupa'nın diğer bölgelerinde yapılan çalışmalarla benzer sonucu vermiştir (59).

Pinus silvestris L.'in Doğu Avrupa ve Sibirya populasyonlarındaki genetik çeşitlilik, gen akışı ve populasyonların genetik yapısına ait varyasyonlar araştırılmıştır. Çalışmada 18 doğal Sarıçam populasyonu elektroforesis tekniği sayesinde ele alınmış toplam 21 lokusta 88 allel tipi gözlemlenmiştir. Bu lokusların % 90' indan fazlasında polimorfizm ortaya çıkmış, beklenen (He) ve gözlemlenen (Ho) heterozigosity değerleri sırasıyla 0.282 ve 0.286 bulunmuştur. Buna göre alt populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik, toplam gen çeşitliliğinin %3 'ü kadardır. Gen akış seviyesi ise 8.68 dir (60).

Karaçamda yapılan izoenzim çalışmaları ise Sarıçama göre daha azdır. Aynı şekilde diğer çam türlerinde de az sayıda araştırma yapılmıştır.

Pinus nigra Arnold.'nın dört alt türündeki genetik farklılıklar GOT enzim sistemiyle belirlenmeye çalışılmış ve bu çalışmada Türkiye, Fransa, İtalya ve İspanya'dan olmak üzere toplam 40 orijinden alınan tohumların endospermeleri analiz edilmiştir. Alt türler arasında morfolojik olarak belirlenen farklılıklar izoenzim analizleri ile çok daha kısa zamanda tespit edilebilmiştir. Buna göre P. nigra subsp.laricio (Poir.) Maire. ve P.nigra

subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe. diğer alt türlerden (*P.nigra* subsp. *nigricans* ve *P.nigra* subsp. *clusina*) daha homojen bir yapıya sahip olduğu, genetik drift'in sonucu olarak enzimlerin kompozisyonlarında klinal varyasyonun bulunmadığı buna karşılık *P.nigra* subsp. *clusina*'nın GOT enzimi bakımından diğerlerinden farklı olduğu ortaya çıkmıştır (61).

Karaçam'ın 9 alt türü üzerinde yapılan bir başka araştırmada toplam 28 populasyon için populasyonlar arası ve populasyon içi genetik varyasyonlar jel elektroforesis tekniği kullanılarak belirlenmeye çalışılmıştır. Buna göre de populasyonlar içi heterogenetik fark, populasyonlar ve alttürler arasındakinden daha yüksek çıkmıştır. Genetik mesafe değeri 0.017-0.389 arasında değişmekte olup, ortalama 0.069 olarak bulunmuştur. Allel frekansları bakımından populasyonlar ve alttürler arasındaki farklılıklar önemli düzeyde olmasına rağmen, coğrafik faktörlere göre bir farklılık bulunamamıştır (62).

Pinus nigra Arnold. 'nın Avrupa'daki 5 populasyonunda allel frekanslarının dağılımı belirlenmeye çalışılmıştır. Çalışmada jel elektroforesis tekniği yardımıyla toplam 5 populasyonda 10 enzim sistemi analiz edilmiştir. 10 enzim sisteminde toplam 16 lokus ve bu lokuslarda toplam 42 allel tipi tespit edilmiştir. Çalışma sonucunda polimorfik lokus yüzdesi (P) %70 , her lokustaki ortalama allel sayısı (A) ise 1.87 ile 2.31 arasında değişmekte olup , ortalama 2.025 olarak bulunmuştur. Heterozigosty oranı (He) ise 0.180 ile 0.257 arasında tespit edilmiştir (63).

Karaçam'ın Avrupa'daki 2 populasyonu hem morfometrik hemde elektroforesis tekniği ile analiz edilmiştir. Tohum üzerindeki fenotipik ve genotipik değişiklikler incelenmiştir. Araştırma sonucunda iki populasyon arasında tohum boyutları bakımından farklılık bulunmuş bu farklılığın çevresel faktörlerden kaynaklandığı sonucuna varılmıştır. Populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar ise, genetik mesafeden hareketle belirlenmiştir. 8 enzim sisteminde çalışılmış χ^2 testi ile istatistiki analiz sonucu farklı izoenzimler lokus ve allellere göre tesbit edilmiştir (64).

Pinus teada L. ve *Pinus palustris* Mill. türlerinde, ibre materyali kullanılarak peroxidase enzimine göre genetik kalıtımın karşılaştırılması yapılmıştır. Buna göre 11 farklı enzim bantı ortaya çıkmış, bunların 9'u her iki türde de yaygın olarak gözlenmiştir. Enzim bantlarına ait frekans farklılıkları Mendel'in varsayımına yakın çıkmıştır (65).

Pinus nigra Arnold., *Pinus thunbergii* Parl. ve *Pinus tabulaeformis* Carriere türleri arasındaki melezleme ilişkileri izoenzim analizleri yardımıyla incelenmiştir. Araştırma sonucu *Pinus nigra* Arnold. X *Pinus thunbergii* Parl. ve *Pinus nigra* Arnold. X *Pinus tabulaeformis* Carriere türleri arasındaki melezleme oranının yüksek olduğu tespit edilmiştir. *Pinus nigra* Arnold. X *Pinus thunbergii* Parl. kombinasyonları ibre analizleri ile türler arası doğal hibrit oluşumu izoenzim marker ile ıspatlanmıştır (66).

Karaçam'da yapılan çalışmaya benzer bir araştırmada polycramid jel elektroforesis tekniği ile Pinus virginiana Mill.' da yapılmıştır. Bu çalışmada GOT enzim sistemi araştırılmış olup 4 doğal Pinus virginiana Mill. popülasyonu allel frekanslarından hareketle karşılaştırılmıştır. GOT-A ve GOT-B lokusları için tanımlanmayan yeni alleller tespit edilmiştir. Örneğin A lokusunda 5 allel, B de ise 3 allel gözlenmiştir. Bazı bireylerin popülasyonlardaki dağılımının düzensiz olduğu, bununla birlikte söz konusu 4 popülasyon arasında allel frekansları bakımından çok az bir farklılık gözlenmiştir (67).

Yine Pinus virginiana Mill.' de genetik yapıya ilişkin yapılan bir başka çalışmada tohum bahçesinde seçilen örneklerde Esterase (EST) ve Acid phosphatase (APH) enzimleri araştırılmıştır. Hem EST ve hem de APH' de fenotiplerin çok lokuslu izoenzim bantlarından oluştuğu belirlenmiştir (68). Her iki araştırma sonucunda Pinus virginiana Mill., üç enzim sistemi sayesinde (EST, APH ve GOT) analiz edilerek hem tohum meşceresi, hem de doğal popülasyonun genetik yapısı belirlenebilmiştir.

Kolarado'da bulunan üç Pinus ponderosa Dougl. popülasyonundaki genetik varyasyonlar elektroforetik tekniği yardımıyla incelemiştir. Popülasyonlar içerisinde yaş sınıfları ve meşcereler arasında genetik farklılıklar ortaya çıkmıştır. Ayrıca kozalak verimi ile biotik zararların popülasyonların genetik yapısı üzerine etkili olduğu belirlenmiştir. Ayrıca Pinus ponderosa Dougl. popülasyonları içerisinde genetik çeşitlilik düzeyi yüksek oranda tespit edilmiştir (69).

Pinus ponderosa Dougl. ex Laws. var. scopulorum Egelm.'a ait 3 popülasyon üzerinde genetik yapının belirlenmesi için selekte edilmiş ve edilmemiş bireyler arasındaki genetik farklılık incelenmiştir. İzoenzim analizleri kullanılarak 6 enzim sisteminde toplam 15 enzim lokusu belirlenmiştir. Buna göre selekte edilmiş ve edilmemiş bireyler arasında genetik bakımdan farklılık bulunamamış ancak popülasyonlar arasında farklılıklar olduğu ortaya çıkmıştır. Toplam varyasyonun % 2 'si coğrafik faktörlerden kaynaklandığı sonucuna varılmıştır (70).

İslah programlarının uygulanmasında izoenzim analizlerinin pratik kullanımını dört örnekle açıklanmıştır. Bunlar ana ağaçlar ve klonları, tohum kaynakları ve kontrollü döllenme sonucu oluşan nesilleri tanımayı içermekte, ayrıca açık döllenme sonucu oluşan tohumların farklı ortamlardaki etkilerinin değerlendirilmesini kapsar. İslah çalışmalarında izoenzim analizleri kullanımı sonucu kontrollü döllenmenin ıspatı, tohum stokları, ebeveynin doğru teşhisi yapılabilmektedir. Çalışmada üç Pinus taeda L. ve bir Pinus rigida Mill. olmak üzere dört farklı tohum meşceresi analiz edilmiştir. Araştırma sonucunda tohum bahçesini oluşturan klonlar arasında genetik bakımdan farklılıklar ortaya çıkmış, her klondaki farklı lokus yüzdesi ortalama % 15 - % 33 arasında olmak üzere değişik oranlarda bulunmuştur (71).

Endosperm kullanılarak yapılan bir başka arařtırmada da Pinus taeda L. ve Pinus echinata Mill.'nin elektroforesis tekniđi ile genetik yapıları ortaya konulmuřtur. Elektroforesis tekniđi sayesinde her iki türde İsocidric dehydrogenase (IDH) enzim sistemi ile yapılan analiz sonucu her iki türün hibrid olabileceđi, her iki türde de monomorfik enzimlerin yođun olduđu ancak türler arasında genetik göç mesafesinin farklı olduđu tespit edilmiřtir. Hibrid olduđu varsayılan bireyler kozalak ve ibreler yardımıyla önceden tespit edilebilir, ancak izoenzim analizleri sayesinde daha kısa zamanda ve daha gerçekçi sonuçlar ortaya çıkarılabilir (72).

Pinus leucodermis Ant. ' deki izoenzim deđişikliklerinin, kalıtım ve döllenme ile olan iliřkileri elektroforesis tekniđi ile incelenmiřtir. Arařtırmada tohumun endospermi kullanılmıř, 13 enzim sisteminde 23 lokus gözlenmiřtir. Enzim sistemlerinin çođunluđunda Mendel varsayımlarına uygun sonuçlar elde edilmiř olmasına rađmen bazı enzim sistemlerinde beklenenden farklı sonuçlara varılmıřtır (73).

Pinus pumila Hort. 'nın Rusya'daki 5 dođal popülasyonun genetik varyasyonları, popülasyonların yapısı ve farklılıklarını belirlemek amacıyla ele alınmıř ve bu çalıřmada elektroforesis tekniđi kullanılmıřtır. Arařtırma sonucu 11 enzim sisteminde 22 lokus ve toplam 56 allel tipi gözlemlenmiřtir. Bu lokusların % 68' den fazlası polimorfik ve her popülasyonda belirlenen lokusların % 28.8 'i heterozigot çıkmıřtır. Popülasyonlar arasındaki genetik çeřitlilik ise toplam genetik çeřitliliđin % 4.3 'ü kadardır (74).

Rusya'daki 8 dođal Pinus sibirica Du Tour. popülasyonları arasındaki farklılařma ve genetik çeřitlilik elektroforesis tekniđi ile incelenmiřtir. 11 enzim sistemi ile yapılan analizler sonucu, 20 lokusta toplam 36 allel tipi gözlemlenmiřtir. Popülasyonlar arasındaki genetik çeřitlilik toplam gen çeřitliliđinin yaklaşık % 4' ü kadardır. Popülasyonlar arasındaki genetik mesafe deđeri ise 0.007 ile 0.015 arasında deđiřmekte olup buna göre Pinus sibirica Du.Tour. popülasyonları arasında (Merkez, Orta, Güney-dođu ve Güney-batı yayılıřları) genetik çeřitlilik çok düřük çıktıđından, gen havuzları benzer kabul edilmiřtir (75).

Pinus sibirica Du. Tour.'da genetik çeřitlilik ve bađlantı grupları üzerine yapılan çalıřmada, 13 enzim lokusu haploid endosperm kullanılarak incelenmiř ve buna göre, 3 farklı bađlantı grubu oluřturulmuřtur. Bunlar arasındaki frekans iliřkileri de 0.275, 0.301 ve 0.309 olarak bulunmuřtur (76).

6 Pinus resinosa Loisel. popülasyonunun genetik yapısı polycrylamid jel elektroforesis tekniđi ile 24 ađaçtan elde edilen ibreler kullanılarak analiz edilmiřtir. 4 enzim sistemi ile yapılan incelemelerde bireyler arasında genetik bakımdan herhangi bir farklılık bulunamamıřtır (77).

Pinus strobus L. allozym bağlantı ilişkileri ve kalıtımın belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmada, Kanada'nın Queberg bölgesindeki 10 doğal populyasyondan alınan endosperm örnekleri elektroforesis tekniği yardımıyla analiz edilmiştir. Bu çalışmada 12 enzim sistemi kullanılmış ve 18 enzim lokusu belirlenmiştir. Bunların 15'i polimorfik bir yapı göstermiştir (78).

Gök nar türleri (Abies sp.) üzerinde yapılan izoenzim çalışmaları Çam (Pinus sp.) ve Ladin (Picea sp.) türlerine oranla daha azdır. Bununla beraber Abies alba Mill. başta olmak üzere bazı Gök nar türleri üzerinde izoenzim çalışmalarında rastlamak mümkündür. Araştırma materyali olarak genellikle tohumun endosperm ve embriyosu kullanılmaktadır.

Doğu ve Orta Avrupa'dan elde edilen Abies alba Mill. tohum örnekleri, izoenzim analizleri ile karşılaştırılmıştır. Endosperm üzerinde yürütülen çalışmalar sonucu Doğu ve Orta Avrupa orijinli Gök narlar ile İtalya'nın güneyinden alınan orijinler arasında düşük oranlarda da olsa farklılıklar bulunmuştur. Ayrıca Gök nar'a ait coğrafik değişikliklere göre model oluşturulmaya çalışılmıştır (79).

Gök narlar üzerinde, Almanya'da yapılan bir başka çalışmada ise 9 doğal Abies alba Mill. populyasyonu, tohuma ait bazı morfolojik ölçümler dışında IDH ve 6-PGDH enzim sistemleri ile incelenmiştir. Araştırma sonucunda allel frekansları bakımından ortaya çıkan farklılıklar populyasyonların panmiksisi ile uyumlu çıkmıştır. Populyasyon içi genetik farklılıklar, populyasyonlar arasındaki genetik farklılıklardan daha yüksek bulunmuştur (80). Yürütülen diğer bir çalışmada ise Abies alba Mill.'daki izoenzim polimorfizmi incelenmiştir. Dört enzim sisteminde (SKDH, GDH, 6-PGDH ve IDH) endosperm ve embriyoda çalışılmıştır. Buna göre SKDH enzimi bakımından monomorfik bir yapı sözkonusu iken, GDH' da iki farklı allel tipi gözlemiştir. 6-PGDH' de ise iki farklı lokus ve 2-3 değişik allel tipi ortaya çıkmıştır. IDH enzim sisteminde ise iki lokus ve beş allel tespit edilmiştir. Tohumda yapılan bu çalışma aynı zamanda tomurcukta da yapılmıştır (81).

Relikt bir tür olan Abies fraseri'nin lokal populyasyonları arasında mikrocoğrafik faktörleri belirlemek üzere yapılan çalışmada 35 bölgeden 304 birey ve 7 enzim sistemi ile çalışılmıştır. Bu enzimlerde 13 enzim gen lokusu belirlenmiş ve 4'ünde polimorfizm (çok allellilik) ortaya çıkmıştır. Üç alt populyasyon arasında ise gen frekansı bakımından istatistiki manada bir farklılık bulunamamıştır (82).

Yunanistan'da bir hibrid Gök narı olan Abies borisii-regis Mattfeld tohumları üzerinde allozyme bağlantıları ve kalıtımı araştırılmıştır. Bilindiği gibi Abies borisii-regis Matt., Abies cephalonica Louda ile Abies alba Mill. arasındaki doğal bir hibridtir. Her iki türde özellikle Akdeniz ülkelerinde (Fransa gibi) çok yaygın olarak yetiştirilmektedir. Ağaçlandırma çalışmalarında en çok kullanılan türlerden biridir. Çalışmada Abies borisii-regis Matt.'in genetik yapısı öncelikle 10 enzim sisteminde elektroforesis tekniği ile analiz edilmiş ve 15 izoenzim gen lokusu tespit edilmiştir. Enzim sistemlerinin tümünde hem

endosperm hemde embriyo analiz edilmiştir. Mendelin segregasyon oranı ACO (Aconinitase), 6-PGDH (6 Phosphopluconate Dehydrogenase) dışında tüm enzimlerde belirlenmiştir (83).

Abies pinsapo Boiss.'deki genetik varyasyonlar tohum üzerinde incelenmiştir. Çalışmada İspanya'daki dört populasyonda, 15 enzim sistemi ile çalışılmış, araştırma materyali olarak tohumun embriyo ve endospermi kullanılmıştır. Çalışma sonucunda toplam 33 lokus belirlenmiş, bunlardan bütün populasyonlar içerisinde 22 tanesi monomorf (tek allel), 11 tanesinde en az iki alleli yani polimorfik bir yapıda olduğu görülmüştür. Bu değerlendirmeler sonucunda Mendel'in 1:1 oranındaki segregasyon (açılma) kuralı aynen doğrulanmıştır. Bu analiz sonucu bütün populasyonların birbirinden açıkça farklı olduğu ortaya çıkmış ve bu türün genetik yapısı üzerinde gelecekte daha fazla çalışılması önerilmektedir (84).

" Bazı Akdeniz Gökarnları ile Abies cephalonica Louda.'da Genetik Değişiklikler ve Muhtemel Flogenetik Özellikler" adlı bir araştırmada, Abies cephalonica Louda., Abies borisii-regis Mattf., Abies bormülleriana Mattf. ve Abies alba Mill. populasyonlarının genetik yapıları incelenmiştir. Bunun için 16 enzim sisteminde, toplam 22 lokusda horizontal nişasta jeli kullanarak elektroforesis tekniği ile genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Araştırma sonucunda beklenen heterozigosity oranı ortalama değer olarak 0.175 ile 0.290 arasında olup, oldukça yüksek çıkmıştır. Polimorfik lokus yüzdesi % 52.9' dan % 87.5'e kadar değişik oranlarda bulunmuştur (85).

Duglaslar üzerinde yapılan izoenzim çalışmaları 1970'li yıllara kadar uzanmaktadır. Pseudotsuga menziesii de Peroxidase enzimi kullanılarak, IUFRO tarafından 1966-67' de kurulan ve 14 orijinden oluşan populasyonların genetik yapısı incelenmiştir. Bu orijinler üç grupta ele alınmış, bütün orijinlerin aynı anda, aynı serada yetiştirilen fidanların ibreleri kullanılarak, izoenzim analizleri ile gerçekleştirilmiştir. Her bir fidan 10 ibre ile temsil edilmiştir. Araştırma sonucu 11 izoenzim bantı 5 orijinde belirlenebilmiş, 3 orijinde allel frekansları bakımından çok büyük farklılıklar ortaya çıkmıştır. Bütün karakterler χ^2 testine tabii tutulmuş % 95 güven düzeyinde 91 orijinin 69'unda farklılıklar anlamlı bulunmuş, 22'sinde önemsiz çıkmıştır (86).

Bodur ve normal formda olan Duglaslar'ın genetik yapısı 7 enzim sistemi ile incelenmiştir. Araştırma sonucu belirlenen zimogramlar normal formlu bireyler arasında açık bir şekilde farklı çıkmıştır. Bazı enzim görüntüleri sadece bodur bireylerde veya normal bireylerde ortaya çıkarken, aynı olan bazı enzim görüntüleri ise bodur bireylerde daha koyu bant şeklinde çıkmıştır. Böylece Duglas'ta bodur ve normal bireyler arasında genetik farklılıklar olduğu sonucuna varılmıştır (87).

Duglas orijinlerine ait bir başka izoenzim çalışmasında, 9 orijinde 27 tohum ağacından elde edilen fideciklerin kotiledonlarında LAP, EST ve GOT enzim sistemleri ile araştırılmıştır. 3 enzimde 4 polimorfik lokus elde edilerek fenotipik ve genotipik izoenzim açılımları sayesinde orijinler arasındaki farklılıklar ortaya konmuştur. Bu farklılıklar türlerin rakım, bakı, vb. coğrafik faktörlerden kaynaklandığını göstermektedir. Coğrafik varyasyonlara göre hesaplanan allel frekansları genetik bakımdan önemli bulunmuştur. Ayrıca orijinler arasında genetik mesafe ile coğrafik mesafe arasında da bir ilişki tespit edilmiştir (88). Aynı araştırmacı, 9 Duglas orijinine ait genetik çeşitliliği 3 enzim sisteminde 4 lokus tesbit ederek belirlenen allel frekanslarına göre, farklılıkları ortaya çıkarmıştır. Çalışmada herbir lokusun bir veya daha fazla çevre faktörüyle özellikle de enlem ve rakımla ilişkili olduğu tesbit edilmiştir. Elde edilen bu sonuçlar doğal seleksiyon teorisi ile uyum içindedir (89).

Pseudotsuga menziesii (Murb) Franco. doğal populasyonlarındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi üzerine yapılan bir araştırmada LAP, GOT ve EST olmak üzere 3 enzim sisteminde fidanların kotiledonlarında araştırılmıştır. 9 orijinden 107 örnek üzerinde hesaplanan allel frekansları ile orijinler arası farklılıklar tespit edilmiştir. Heterozigot genlerin varyasyonları bazı orijinlerde uniform bazılarında ise değişiklik göstermiştir. EST-B ve GOT-B de heterozigosity oranında azalma gözlenmiştir. Bunun menfi seleksiyondan kaynaklandığı ileri sürülmektedir (90).

Güney Batı Oregon'daki iki Duglas meşçeresindeki dört farklı durumdaki genetik yapı incelenmiştir. Bunlar 1- normal kapalıdaki meşçere, 2- siper işletmesi uygulanmış meşçere, 3- siper işletmesi uygulanan alana ait tohum örnekleri, 4- siper sonucu gelen 3-5 yaşındaki fideciklerdir. Bu kademelerdeki genetik çeşitliliği belirlemek için, her lokustaki ortalama allel sayısı polimorfik lokus yüzdesi ve ortalama heterozigosity değerleri hesaplanmıştır. Hesaplanan bu değerlerin χ^2 testi ile Hardy- Weinberg kuralına uygunluğu test edilmiştir (91).

Duglas'ta yapılan diğer bir çalışmada ise Güneybatı Oregon bölgesindeki iki farklı deneme alanında genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Deneme alanlarından birincisinden aynı zamanda üç farklı yükseltide ve her yükseltide kuzey ve güney olmak üzere iki farklı bakıdan örnekler alınmış ve bu alanlardaki genetik çeşitlilik araştırılmıştır. İkinci deneme alanından ise bir yükselti kademesinin üç farklı yerinden kuzey ve güney olmak üzere iki farklı bakıdan örnekler alınmıştır. Böylece en küçük coğrafik birimler arasındaki genetik çeşitlilik ortaya konmuştur. Çalışma sonucu örnek alanların tamamında önemli genetik varyasyonlar belirlenmiş, ancak genetik çeşitlilik tek lokusta ortaya çıkmış ve örnek alanlar arasında önemli bir farklılık bulunamamıştır. Beklenen ortalama heterozigosity değeri 0.164 olup bu değer 0.128 ile 0.189 arasında değişmektedir. Gözlemlenen heterozigosity değeri de beklenenden farklı çıkmamıştır. Her iki deneme alanı arasında allel frekanslarının

dağılımına göre, hem baki hem de yükselti bakımından çok az bir farklılık ortaya çıkmıştır. Örnek alanlar arasındaki toplam genetik çeşitlilik oranı sadece % 1.8' dir. Bu değer % 13' ü bakılar arasındaki farklılıktan kaynaklanmaktadır. Bununla birlikte aynı bölgede yapılan diğer çalışmalarda da fidecik karakterine dayanılarak genetik varyasyon populasyonlar arasında çok düşük bulunmuştur (92).

Pseudotsuga menziesii var. menziesii (Mirb.) Franko' de yapılan bir başka çalışmada ise vejetatif tomurcuk, embriyo ve endosperm de izoenzim çalışması ile genetik yapı araştırılmıştır. Oregon State Üniversitesi bünyesinde yapılan çalışmada 19 enzim sisteminde 28 lokus belirlenmiştir. Elektroforesis tekniği sayesinde endosperm, embriyo ve dormant haldeki tomurcuk kullanılarak elde edilen sonuçlara göre Mendel'in 1:1 oranı doğrulanmıştır. Bağlantı grupları ise segregasyonda 155 çift üzerinde görüntülenmiştir. Sonuçta 19 lokusta 4 bağlantı bloğu oluşturulmuştur (93).

İsviçre'de tesis edilmiş olan 3 Duglas populasyonundaki döllenme sistemi ve genetik çeşitlilik, tohumun embriyo ve endospermi kullanılarak izoenzim analizleri yapılmıştır. İsveç orijinleri Duglas'ın doğal yayılış yaptığı Kaliforniya'ya ait 36 sahil orijini ile karşılaştırılmış, İsveç orijinli olan Duglas populasyonlarındaki genetik mesafe ve allozyme çeşitliliği sahil orijinlerinden daha düşük düzeyde genetik çeşitlilik göstermiştir (94).

IUFRO -68 olarak bilinen (1968' de tesis edilen) Duglas denemelerindeki genetik çeşitliliğin belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmada 41 populasyonu temsil edecek şekilde 23 yaşındaki 71 ağaçtan kozalak elde edilmiş ve bunlardan elde edilen tohumun endospermde 13 enzim sisteminin analizi yapılmıştır. 13 enzim sisteminde 22 lokus gözlenmiş ve bunların 17' si polimorfik yapı göstermiştir. Polimorfizm oranı ise ($P = 77.3$, % 99 güvenle) yüksektir. Her lokustaki allel sayısı ortalama 2.68 dir. Beklenen ve gözlemlenen heterozigosity değeri birbirine yakın değerler olup sırasıyla $H_e = 0.192$, $H_o = 0.191$ dir (95).

Avrupa'da yapay olarak kurulmuş olan 3 adet Duglas plantasyon sahasının orijinini belirlemek amacıyla genetik çeşitlilik ve döllenme sistemleri izoenzim analizlerindeki genetik işaretler kullanılarak ortaya konmaya çalışılmıştır. Bunun için iyi gövde gelişimi yapan ve lokal çevreye iyi adapte olan Duglas'lardan tohumlar alınmıştır. Herbir tohumun embriyo ve endospermi analiz edilmiş aynı zamanda her bir bireyin döllerinde de izoenzim analizleri yapılmıştır. Kontrol olarak Duglas'ın doğal yayılış alanlarından Washington'dan bir populasyon seçilerek yine izoenzim analizleri ile karşılaştırılmıştır. Araştırma sonucu bireyler ve meşcereler arasında allel frekanslarının çeşitliliği bakımından anlamlılık ortaya çıkmıştır. Bununla beraber gen yoğunluğunun artmış olduğu sonucuna varılmıştır (96).

Larix laricina C.Koch. 'da allozym bağlantı grupları ve kalıtımı ile ilgili bir çalışmada 13 enzim sisteminde 29 allozym bağlantı grupları oluşturulmuştur. Materyal olarak tohum endospermi kullanılmıştır. Araştırma sonucunda Mendel'in varsayımları doğrultusunda heterozigosity oranları belirlenmiştir. Bununla birlikte bireyler arasında da genetik farklılıklar ortaya çıkmıştır. 4 gen grubu arasında bağlantı grupları oluşturulmuştur (97).

Yukarıdaki çalışmaya benzer bir çalışma yine endosperm kullanılarak Larix laricina C.Koch.'ya ait 8 populasyondaki bazı izoenzimlerin karşılıklı ilişkileri ve genetik kalıtımı ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır. Araştırmada haploid endosperm kullanılmış ve 15 enzim sisteminde 27 lokus belirlenmiştir. 16 lokusta polimorfizm tespit edilmiş ve bunlarında 15'inde Mendel'in kalıtım kuralı doğrulanmıştır. Ayrıca Mendel'in bağlantı grupları üzerinde de durulmuştur (98).

Larix laricina C.Koch.'nın doğal populasyonlarındaki kendileşme durumunun önem düzeyi incelenmiştir. Araştırmada 5 enzim gen lokusu kullanılmış hem embriyo hem de endosperm de analizler yapılmıştır. Araştırma sonucunda kendileme oranı diğer koniferlerden daha düşük (0.729) olarak bulunmuştur. Bu oran bir populasyonda ise 0.908 gibi yüksek oranda çıkmıştır (99).

Larix laricina C.Koch.'da bir başka araştırma Kanada'nın New Brunswick'deki 8 doğal populasyonun genetik yapısını belirlemek amacıyla yapılmıştır. Böylece birbirinden bağımsız 24 lokusa ait allel frekansları kullanılarak populasyonlar arası ve populasyon içi genetik çeşitlilik belirlenmiştir. 8 populasyon için her lokustaki ortalama allel sayısı 1.6 ile 1.8 arasında çıkmıştır. Populasyonlar arasındaki toplam varyasyon yüzdesi 13 polimorfik lokus üzerinde yoğunlaşmakta ve % 3.8 olarak bulunmuştur (100).

Larix decidua Mill.'de yapılan diğer bir çalışmada da allozyme kalıtımı incelenmiştir. Bunun için açık döllenme ürünü tohumun hem embriyo ve hem de endosperm kullanılarak 7 enzim sistemi araştırılmıştır. Çalışma sonucunda 7 enzim sisteminde 19 lokus belirlenmiş, 7 lokus polimorfik yapı göstermiştir (101). Aynı araştırmacılar Larix decidua'nın yaşlı (250 yaşında) meşcerelerindeki genetik yapının belirlenmesi için izoenzim işaretlerinden yararlanmışlardır. Bunun için 6 enzim sistemi (GDH, MDH-1, MDH-2, MDH-3, SHDH, SRDH) kullanılarak hem tohum hemde bu yaşlı bireylerden elde edilen fidecikler üzerinde çalışılmıştır. Sonuçta yaşlı generasyon için heterozigosity oranı 0.189 iken 1. generasyonda bu oran 0.187 bulunmuştur. 18 gen lokusu için idare süresi dolmuş olan meşcerelerdeki beklenen heterozigosity oranı 0.193 olarak hesaplanmıştır. Bu sonuca göre de yaşlı meşcerelerde heterozigosity oranı artmış bulunmaktadır. Yaşlı meşcere ile 1. generasyon arasındaki kendileme değeri bakımından farklılık, bir çok konifer türlerinde olduğu gibi yaşlı populasyonlardaki heterozigosity frekansının artması doğal seleksiyon sonucuna bağlanmaktadır (102).

İzoenzim gen işaretleri kullanılarak Larix decidua Mill. ve Larix leptolepis Gord.'un melezi olan L.X eurolepis Henry'e ait bir tohum bahçesindeki genetik yapı belirlenmeye çalışılmıştır. Araştırma sonucunda tohum bahçesini oluşturan klonların % 65' inin L. decidua klonuna, % 19'unun ise Larix leptolepis Gord. klonuna ait olduğu ortaya çıkmıştır (103).

Diğer bazı konifer türlerinde yapılan çalışmalar arasında ise Cunninghamia lanceolata Hook, Thuja occidentalis L., Chamaecyparis lawsoniana (A.Murr.) Parl., Taxus baccata L., Cedrus ssp., Cupressus sempervirens L., Cryptomeria ssp. ve Sequodendron ssp.'da da izoenzim araştırmalarına rastlamak mümkündür (104, 105, 106, 107).

35 doğal Sequodendron giganteum (Lindl.) Buchholz. populasyonundan elde edilen tohum örnekleri üzerinde, tohum boyu, çimlenme yüzdesi, kotiledon sayısı, çeliklerin köklenme oranı ile izoenzim analizleri yapılarak genetik yapı araştırılmıştır. İzoenzim analizleri sonucu, allel frekansları ve heterozigosity oranları bakımından populasyonlar arasında önemli düzeyde farklar ortaya çıkmıştır. Güney ve kuzey bölgelerine ait populasyonlar arasında, gen farklılığının çok az olduğu tespit edilmiştir. Güney bölgesinden alınan populasyonlar arasında heterozigosity oranı farklıdır. Kuzey bölgesinden alınan populasyonlar genetik bakımından diğer populasyonlardan tamamen farklı çıkmıştır (104).

Cunninghamia lanceolata Hook.'un enzim değişiklikleri ve bağlantı grupları 6 enzim sisteminde analiz edilerek 43 lokus çifti belirlenmiş ve buna göre bağlantı grupları oluşturulmuştur (105).

"Cunninghamia lanceolata Hook.'un Genetiği " adı altında yapılan çalışmaların birinde, Cunninghamia lanceolata Hook. türüne ait genetik yapı 6 enzim sisteminin analizi ile incelenmiştir. Embriyo ve endosperm kullanılarak yapılan analizlerde toplam 26 gen lokusu belirlenmiş, allel frekansları bakımından bireyler arasında genetik farklılık bulunamamıştır (106). Bir başka çalışmada ise yine embriyo ve endosperm kullanılarak iki farklı orijinden oluşan Cunninghamia lanceolata Hook. türünde populasyonlar arası ve populasyon içi genetik varyasyonu incelemiştir. Allel frekansları ve heterozigosity değerlerine göre populasyonlar arası ve populasyon içi genetik farklılıklar açık olarak tespit edilmiştir (107).

Kanada'nın Güney Ontario bölgesindeki Thuja occidentalis L. populasyonlarının genetik yapıları izoenzim analizleri ile incelenmiştir Bölgede 3'ü bataklık, 3'ü de kayalık olmak üzere 6 populasyonda 7 enzim sistemi ile çalışılmış ve 11 lokus gözlenmiştir. Bütün örnekler için monomorfik lokus yüzdesi % 82 bulunmuştur. χ^2 testi yardımıyla allel frekansları bakımından 6 populasyon arasında farklılık anlamlı bulunmamıştır. Populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri de (ortalama 0.0015) çok düşük bulunmuştur. Genetik yapı ile coğrafik faktörler arasında herhangi bir korelasyon

bulunmamıştır. Populasyonlar içi toplam varyasyon % 96.9 iken gruplar içinde (bataklık ve kayalık grupları) %1.9 ve %1.2 arasında bulunmuştur (108).

"Chamaecyparis lawsoniana (A.Murr.) Parl. Allozyme Varyasyonlarının, Genetik Korumalar İçinde İncelenmesi " adlı bir çalışmada , Chamaecyparis'e ait 9 populasyon üzerinde 19 enzim sistemi ile yapılan analizlerde toplam 32 lokus gözlenmiştir. Her lokustaki allel sayısı ortalama 1.9, polimorfik lokus yüzdesi % 64.9 ve gözlemlenen heterozigosity değeri 0.13 bulunmuştur. Bu çalışmadaki 9 populasyonun 7'si sahile bakan değişik yükseltilerden , 2'si ise Ada (alçak zon) dan seçilmiş olup çalışma sonucunda sahile bakan dağlık bölgedeki populasyona ait genetik çeşitlilik çok yüksek iken ada grubuna ait 2 populasyonda genetik çeşitlilik çok düşük çıkmıştır. Ada grubundaki deneme alanlarından birindeki polimorfizm oranı % 44 iken beklenen heterozigosity değeri 0.05 bulunmuştur. Ortalama genetik mesafe sahil populasyonları arasında 0.005 iken bu değer sahil ve ada populasyonları arasında 0.016 ve ada populasyonlarının kendi aralarında ise 0.013 çıkmıştır. Populasyonlardaki toplam allozyme çeşitliliğinin % 5 olduğu bildirilmektedir (109).

Polonya 'da Taxus baccata L.'da 22 lokusun ortaya çıktığı 7 enzim sisteminde kalıtım ve genetik miras analiz edilmiştir. Bu çalışmada farklı bireylerden alınan tohumun endospermeleri için Mendel'in 1:1 oranı enzim bantlarının dağılımı sayesinde teste tabi tutulmuştur. Çalışmada ayrıca boyama tamponlarına görede farklı ağaçların endospermelerinde 10 ile 64 arasındaki allellerde karşılaştırma yapılmıştır. Sonuçta GOT'de 3 zon aktif olarak belirlenmiş, GOT-C 'de çok yüksek oranda çeşitlilik gözlenmiştir. LAP 'da ise iki zon belirlenmiştir (110).

Sedir türleri (Cedrus ssp.) üzerine genetik yapıya ilişkin analizler nişasta jel elektroforesis tekniği kullanılarak ortaya konmuştur. Çalışmada Cedrus atlantica Manetti., Cedrus libani A.Rich., Cedrus deodora Loud. ve Cedrus brevifolia (Hook.) Henry. türlerine ait 25'er ağaçtan alınan dormant haldeki tomurcuklar ile temsil edilmiştir. Çalışma LAP, MDH, 6-PGDH ve PGI olmak üzere 4 enzim sisteminde yapılmıştır. Araştırma sonucuna göre Cedrus atlantica Manetti.' da heterozigosity değeri çok yüksek çıkarken, Cedrus deodora Loud.' da bireyler arasında herhangi bir farklılık çıkmamıştır (111).

Cupressus sempervirens L. 'deki izoenzim çeşitliliklerine ait genetik analizler yapılmıştır. Endosperm ve embriyo kullanılarak yapılan analizlerde 7 enzim sisteminde 8 gen lokusu belirlenmiştir. Zimogramların yorumlanması ile genetik yapıya ilişkin sonuçlar bulunmuştur (112).

Taiwania'daki Taiwania cryptomerioides Hay. türüne ait 4 populasyonda populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar ve populasyon içi genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Çalışma döl denemeleri sonucu kurulan 10 yaşındaki 327 fidan üzerinde, 8 enzim sistemi kullanılarak yürütülmüştür. 8 enzim sisteminde 15 lokus gözlenmiş bunların

8' inde polimorfik çıkmış her popülasyondaki ortalama polimorfizm oranı %50.2 (%99 güvenle) bulunmuştur. Ortalama heterozigot oranı 0.145 olup ortalama allel sayısı ise 1.53 ile 1.67 arasında çıkmıştır. Araştırmada 34 aileden alınan ibreler kullanılmıştır (113).

Pinus contorta Dougl.'de çimlenme ve su alma dönemlerindeki enzim değişiklikleri (114) ile Pinus sylvestris L.'de çimlenmeyi izleyen 5, 7, 15, 30 ve 60. günlerdeki Peroxidase enzim aktiviteleri izoenzim analizleri ile ortaya koyulmuştur (115).

1.3.2.1.2. Yapraklı Türlerde Yapılan İzoenzim Çalışmaları

Yapraklı türlerde yapılan çalışmalar daha çok Quercus, Eucalyptus, Populus, ve Fagus cinsleri üzerinde yoğunlaşmaktadır. Diğer yapraklı türlerde yapılan çalışmalar ise bunlara göre biraz daha azdır.

Quercus alba L.' nin fidan ve palamutları üzerinde Peroxidase enzimi kullanılarak yapılan araştırmada, fideciklerin epikotil ve hipokotil kısımlarında enzim aktivitesi bakımından farklılıklar olduğu, genel olarak bireyler arasında genetik bakımından farklar bulunduğu tespit edilmiştir. Bu çalışma ile izoenzim analizlerinde fideciklerin epikotil ve hipokotillerin kullanılabilmesi ortaya konulmuştur (116).

Quercus ilex L.' e ait genetik çeşitlilik Fransa'daki 16 doğal popülasyonda 3 enzim sisteminin analizi ile araştırılmıştır. Fenolojik bakımdan farklı popülasyonlar arasında genetik bakımdan gen akışı (polen) oranı yüksek bulunmuştur. Bu gen akışına bağlı olarak genetik farklılıklar belirlenmiştir. Araştırma sonucunda bir popülasyon uzun zaman dilimi içerisinde genetik bakımdan değişikliğe uğrayabileceği benimsenmiştir (117).

İzoenzim analizleri kullanılarak Meşe türlerinin teşhisi üzerine yapılan bir çalışmada Almanya'nın güneyindeki 3 meşcerede 41 Quercus robur L. ve 44 Quercus petraea (Matt.) Liebl.' dan sürgün alınarak tomurcuk üzerine bazı enzim sistemleri analiz edilmiştir. Bunlardan IDH (İsocitrate dehydrogenase) enzimi en iyi sonucu vermiştir. Buna göre Quercus robur L. ve Quercus petrea (Matt.) türleri IDH enzim yapılarına göre sınıflandırılabilmiştir (118).

Quercus rubra L. ve Quercus elipsoidealis ile bunların doğal hibritleri üzerine kendileme oranı ve genetik yapıya ilişkin olarak yapılan araştırmada dormant haldeki tomurcuklar kullanılmıştır. 6 enzim sisteminde 12 enzim lokusu analiz edilmiştir. Tomurcuk örneği alınan ağaçlardan aynı zamanda palamut alınarak analiz yapılmıştır. Araştırma sonucunda popülasyonlar arasında allel frekansları bakımından çok az farklılık belirlenmiş, popülasyonlar arası genetik mesafe değeri tomurcuk ve palamutlarda sırasıyla 0.042 ve 0.020 bulunmuştur. Nei'ye göre genetik yapı sırasıyla 0.958 ile 0.999 arasında olduğu bildirilmektedir (119).

Populus sp. türlerinde yapılan çalışmalar, tür ayırımı, klonların karşılaştırılması ve hibrid oluşumları üzerinedir. Bunlar arasında izoenzim analizleri ile Populus klonlarının ayırımı yapmak amacıyla, 11 Populus tremula L. klonu 5 enzim sistemi ile analize tabi tutulmuş sonuçta klonların genetik bakımından aynı yapıya sahip olduğu belirlenmiştir (120).

Populus trichocarpa Torr.'nın 10 popülasyonunda, köklendirilmiş çeliklerin kök uçları kullanılarak yapılan analizlerde 12 enzim sistemi analiz edilmiştir. Popülasyonlar arasında coğrafik farklılıklar bulunmasına rağmen popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik yapılar benzer çıkmıştır. Aynı zamanda komşu popülasyonlar da çalışmaya dahil edilmiş aralarında genetik mesafe bakımından önemli derecede ilişki bulunmamıştır (121).

Populus deltoides Bartr.'in fenotipik varyasyonları ile protein içerikleri arasındaki ilişki izoenzim analizleri ile araştırılmış, hem fenotipik özellikler hemde genetik mesafelerle popülasyonlar arasında ilişki olmadığı sonucu ortaya çıkmıştır (122).

Tacamacaha seksiyonuna ait kavaklar ve hibridlerinde izoenzim analizleri ile kalıtım ve genetik kontrol araştırılmıştır. Araştırma sonucu toplam 19 Tacamahaca seksiyonuna ait klon ve hibridlerde belirlenen her lokustaki ortalama allel sayısı 3.4 bulunmuştur. Buna göre bazı enzim sistemlerinde polimorfik gen lokuslarına göre klon ve hibrid ayırımına gidilmiştir (123).

Populus deltoides Bartr., Populus nigra L. ve Populus maximowiczii Henry türleri arasında genetik yapı ve bağlantı grupları 12 enzim sistemiyle analiz edilerek enzimatik olarak belirlenmiştir (124). Aynı şekilde Populus tremula, P. tremuloides (L.) ve bunların hibridleri enzimatik bakımdan birbirinden ayrılabilmiştir (125).

Populus deltoides Bartr., Populus nigra L., Populus maximowiczii Henry. ve P. x canadensis Moench.' de yaprak ekstrakte edilerek 11 enzim sisteminde çalışılmış, aynı zamanda kök uçlarında 10 enzim sistemi analiz edilmiş ve karşılaştırılmıştır. 11 enzim sisteminde toplam 33 gen lokusu belirlenmiştir (125). 3 Populus türünün yapraklarında gen farklılığı % 87-91 arasında olup benzer sonuç P. x canadensis Moench. hibridinin kök uçlarında da tespit edilmiştir. Kök ve yaprak her ikisi birden 26 lokus'daki allellerde benzer bulunmuştur (126).

Hawai'deki Eucalyptus sp. türlerine ait (5 tür) 14 orijindeki genetik varyasyonun belirlenmesi üzerine yapılan çalışmada genç yapraklar materyal olarak kullanılmış jel elektroforesis tekniği ile 6 enzim sistemi ile çalışılmış ve toplam 42 allel belirlenmiştir. Polimorfizm oranı yüksek bulunmuş, bunun sonucu yetiştirme muhiti faktörlerinin biyokütle üzerine uzun dönemde etkisi olduğu sonucuna varılmıştır (127).

Eucalyptus urophylla S.T. Blake 'nin doğal yayılış alanı olan Endonezya adalarındaki popülasyonların genetik yapıları izoenzim analizleri ile araştırılmıştır. 8 enzim sisteminde 13 enzim lokusu kullanılarak genetik çeşitlilik ve çaprazlama oranı belirlenmiştir. Araştırma sonucu genetik çeşitlilik düzeyi, çok geniş yayılışa sahip olan diğer Eucalyptus

türleri ile benzer bulunmuştur. Populasyonlar içi çeşitlilik % 11.77 olup, populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri ise küçük bulunmuştur. Ancak populasyonlar arasındaki çaprazlanma oranı yüksek bulunmuştur (128).

Yaprak ekstraksiyonu kullanılarak Nothofagus sp. türlerinin genetik yapıları üzerine yapılan araştırmada nişasta jel elektroforesis kullanılmış 5 Nothofagus sp. türünde 12 enzim sistemi analiz edilmiş ve 22 lokus belirlenmiştir. Araştırma sonucunda Nothofagus menziesii (Querst.)'de genetik varyasyon yüksek, Nothofagus fusca (Querst.)'da ise çok düşük çıkmıştır. İstatistiksel analizler sonucu herbir türdeki genetik çeşitlilik oranı populasyonlar içinde % 84 ile %100 arasında iken, populasyonlar arasında bu değer % 0 ile % 16 arasında bulunmuştur (129).

Taiwan için endemik bir tür olan Paulownia taiwaniana Hu and Chang 'nın 202 bireyi arasında izoenzim işaretlerinden yararlanılarak genetik bakımdan varyasyon araştırılmıştır. Çalışma sonucu 6 enzim sisteminde 13 gen lokusu tespit edilmiş ve bireyler arasında varyasyon bulunamamıştır. Genel olarak heterozigosity düzeyi yüksek bulunmuştur. Aynı zamanda gen korumasında baki unsurunda olduğu kadar Silvikültürel müdahalelerin de etkili olduğu sonucuna varılmıştır (130).

Castanea sativa Mill.'nin genetiği üzerine yapılan bir çalışmada 4 enzim sistemi ile nişasta jel elektroforesis tekniğini kullanılmıştır. Çalışmada materyal olarak hem tomurcuk hemde tohum kullanılmıştır. Enzim istemlerinde belirlenen zimogramlar üzerinden Castanea sativa Mill.'nin genetik yapısı hakkında bilgi verilmiştir (131).

İtalya'da yapılan bir çalışmada, Castanea sativa Mill.'da morfometrik, fizyolojik ve genetik özellikleri araştırılarak birbirleriyle karşılaştırılmıştır. Genetik mesafeye bağlı olarak üç biyolojik sınıf oluşturulmuştur. Ayrıca Castanea sativa Mill.'daki evolyon, iklim faktörleri ile ilişkili bulunmuştur. Genetik mesafe 21 enzim lokusunda 13 bireyden alınan meyvelerde yapılan analiz sonucu tespit edilmiştir. Genetik farklılaşma doğu-batı istikametinde uzanmaktadır (132). Benzer bir çalışma Türkiye'de bulunan Castanea sativa Mill.'da yapılmış, gen frekanslarının konumsal yapısı, coğrafik ve iklimik faktörler arasındaki ilişki incelenmiştir. Genetik ve palinolojik bulgular Türkiye'nin kuzey bölgelerindeki Kestanelerin başlangıçta kültüre alınmış olduğu görüşünü desteklemektedir. 1960-1989 yılları arasındaki iklim verileri (64 değişken) ve 16 izoenzim sisteminde elde edilen genetik veriler Türkiye'den alınan 13 populasyon için analiz edilmiştir. Genetik farklılaşmanın esası uzun zaman periyodu boyunca oluşan gen akışından kaynaklanmaktadır. Yağış gibi değişken iklim verileri sonucu bazı alleller farklı modellerde ortaya çıkmıştır (133).

Quercus robur L. ve Aesculus hippocastanum L.'da Peroxidase enzimine ait genetik farklılıklar kabuk, dal, öz ve diri odun kısımlarında incelenerek ortaya koyulmuştur (134).

Robinia pseudoacacia L.'da açık döllenme ürünü bireylerdeki çaprazlama sistemleri incelenmiştir. 6 enzim sistemi ile yapılan çalışma sonucu çaprazlama oranı 23 tohum kaynağında 0.83 olarak ortaya çıkmıştır. Tohum kaynakları arasında çimlenme oranı ile çaprazlama oranı arasında bir ilişki olduğu tespit edilmiştir (135).

Prosopis cinsine ait Prosopis caldenia, Prosopis alpataco Phil. ve Prosopis flexuosa Meyen. ile bunların hibridleri üzerine genetik çalışmalar izoenzim analizleri ile yapılmıştır. GOT enzim sisteminde 3 enzim lokusu belirlenmiş ve bu 3 lokus için Prosopis caldenia ile diğer iki tür arasında genetik farklılıklar görülmüş, Prosopis alpataco Phil. ile Prosopis flexuosa Meyen. arasında benzer herhangi bir farklılık gözlenmemiş ve doğal hibrid olabileceği sonucuna varılmıştır (136).

Juglans L. cinsine ait 10 türde peroxidase enzimi ile yapılan çalışmada 16 enzim modeli belirlenmiş ve genetik mesafe bakımından 4 grup oluşturulmuştur (137). Aynı şekilde Juglans L.'a ait 10 türün taxonomik ayrımında enzimatik zimogramlardan yararlanılmış, 5 enzim sisteminde 3 grup oluşturulmuştur (138).

Juglans nigra L.' ya ait tohum bahçesi ile benzer özellikteki doğal populasyonlar arasında döllenme durumu belirlenmek üzere yapılan çalışmada, elektroforesis tekniği sonucu 6 enzim sisteminde 8 polimorfik lokusa ait veriler elde edilmiştir. Hindistan'da yapılan bu çalışmada tohum bahçesi ile doğal populasyonlar arasındaki varyasyon düzeyi % 75 - % 87.5 gibi yüksek bulunmuştur. Ortalama heterozigosity değeri sırasıyla 0.198 ile 0.215 ve çaprazlama oranı 0.880 ile 0.928 olarak tesbit edilmiştir (139).

Kayın (Fagus sylvatica L.)'da yapılan izoenzim analizlerinde LAP ve ACP (acid phosphatase) enzimlerinin herbirinde 4'er allel belirlenmiştir. Lokuslar arasında bağlantı grubu oluşturulamamıştır (140).

Kayında yapılan bir başka çalışmada, kayın ormanlarının genetik yapısı 4 enzim sisteminde analiz edilmiş, hem olgun ağaçlarda hemde fidecikler üzerinde yapılan incelemelerde polimorfik lokus yüzdesinden hareketle bazı enzimler bakımından allel frekansları çok farklı sonuçlar vermiştir (141).

Liriodendron tulipifera L. üzerine yapılan çalışmada Kuzey Karolina' da 6 bölgeden alınan doğal populasyonlarda 6 enzim sisteminde çalışılmış ve genotipik değerlendirmeler yapılmıştır. Çalışma tohumda yapılmakla birlikte, 3 populasyonda aynı zamanda fidan üretimi yapılmış ve genç generasyonda çalışılmıştır. Doğal populasyonlar arasındaki genetik farklılık küçük çıkmasına rağmen elde edilen genç generasyonda populasyonlar arası genetik farklılık daha büyük çıkmıştır. Bunun sonucunda genetik çeşitliliğin fidanların gelişimi esnasında daha yüksek olduğu bildirilmektedir (142).

Liriodendron cinsi için izoenzim varyasyonları ile genetik kontrol üzerinde yapılan arařtırmada morfolojik olarak benzer iki tür, kıtalardaki yayılıřına göre farklılık göstermiřtir. Bu amaçla Asya ve Amerika orijinleri arasında farklılıklar ortaya çıkmıřtır (144).

Benzer řekilde Acacia mangium Willd. X Acacia auriculiformis A.Cunn. hibridlerinden oluřan tohum bahçelerinde (144), Liquidambar cinsinin Türkiye, Kuzey Amerika ve Doęu Asya orijinleri arasındaki iliřkiler (145) izoenzim analizleri ile ortaya koyulmuřtur.

1.3.2.1. Ülkemizde İzoenzim Çalıřmaları

İzoenzim analizleri kullanılarak genetik varyasyonun belirlenmesi üzerinde ilk olarak "Sedir (Cedrus libani)' de Islah Çalıřmaları" adlı bildiri de söz edilmiřtir (146). İlk arařtırma "Türkiye Orijinli Gökna r Türlerinin (Abies nordmanniana (Stew.) Spach., A.bornmülleriana Mattf., A.equi-trojani) Genetik Yapıları Üzerine Arařtırmalar" adlı çalıřmadır (4). Bu çalıřma 1991 yılında Freiburg'da bulunan Ormancılık Arařtırma Enstitüsü İzoenzim Laboratuvarında gerçekteřtirilmiřtir. Arařtırmada A. nordmanniana'ya ait 6 ve A. bornmülleriana ile A. equi-trojani' ye ait 1'er populyasyondan elde edilen tohumlar kullanılmıř ve endosperm üzerinde 7 enzim sistemi ile çalıřılmıřtır. Arařtırma sonucunda, A. nordmanniana orijinleri arasında genetiksel bir farklılıęın bulunmadıęı tespit edilmiřtir. Ayrıca, A. equi-trojani' nin, A. bornmülleriana ile A. cephalonica arasında bir hibrid olmayıp, relik bir tür olduęu izoenzim analiz yöntemleri ile ortaya konmuřtur .

Konuyla ilgili ilk labaratuvar çalıřmaları K.T.Ü. Orman Fakültesi Silvikültür Anabilim dalında kurulan İzoenzim Laboratuvarında, Yahyaoęlu ve arkadaşları tarafından gerçekteřtirilmiřtir. İlk arařtırma sonuçları "Kızılcam (Pinus brutia L.)'da İzoenzim Analizleri ile Orijin Ayırımı" adlı bir bildiri ile yayınlanmıřtır. Bu çalıřmada Kızılcam'ın 3 lokal populyasyonundan elde edilen tohumlar kullanılmıřtır. Endosperm üzerinde gerçekteřtirilen çalıřmada Leucine aminopeptitase (LAP) enzim sistemi kullanılmıřtır. Arařtırma sonucunda iki izoenzim lokusu ortaya çıkmıř, bunlardan LAP-A'da herhangi bir varyasyon gözlenmezken, LAP-B'de üç allel tipi ortaya çıkmıřtır. Çalıřmada sadece allel frekansları hesaplanarak yorumlama yapılmıřtır (147).

Sarıçam üzerine yapılan çalıřmalarda "Bazı Sarıçam Populyasyonlarında Genetik Yapının Elektroforetik Yöntemlerle Analizi" adı altında, 10 farklı orijinden elde edilen tohumlarda Glutamate oxalacetate transaminase (GOT) enzimi ile ve yine aynı türe ait 5 orijinden elde edilen tohumlarda Leucine aminopeptitase (LAP) enzim sistemi analiz edilmiřtir. Çalıřma materyali olarak megagametofit (endosperm) kullanılmıřtır. Arařtırma sonucunda GOT' de 3 enzim zonunda toplam 10 allel belirlenmiřtir. Bunlar GOT-A için

A1, A2, A3, A4 ; GOT-B için B2, B3, B5, B6 ve GOT-C için ise C2, C4 allelleridir. GOT-A 4 çift banttandır oluşurken diğer alleller tek banttandır oluşmuşlardır. LAP-A'da ise 2 enzim lokusunda toplam 7 allel (LAP-A'da A1, A2, A3, ve LAP-B' de B1, B2, B3, B4 allelleri) belirlenmiştir. Her iki çalışmada da belirlenen allel frekansları ile populasyonlar arasındaki genetik mesafe hesaplanmıştır. Buradan hareketle populasyonlarda genetik çeşitliliğin varlığı belirlenmiştir (148, 149).

Benzer bir çalışma Doğu Karadeniz Bölgesine özgü bir tür olan Doğu Ladini (Picea orientalis L. Link.)' inde araştırılmaya başlanmıştır. Bunlardan ilki "Doğu Ladini (Picea orientalis L. Link.) Populasyonlarında İzoenzim Analizleriyle Orijin Ayırımı" adlı çalışmada (150) Doğu Ladini'ne ait 5 lokal populasyondan (bunlar aynı zamanda ladini tohum meşcereleridir) alınan tohumlarda LAP enzim sistemi analiz edilmiştir. Çalışmada tohumun endospermi kullanılmıştır. Sonuç olarak LAP enzimi iki zondan oluşmaktadır. LAP-A zonunda herhangi bir varyasyon gözlenmemiş, yani monomorfik (tek allelli) yapıda olduğu görülmüş, buna karşılık LAP-B zonunda dört allel tipi (LAP-B1, B2, B3 ve B4) belirlenmiştir. Bu allellerin frekansları yardımıyla genetik yorumlama yapılmıştır (150).

Doğu Ladini (Picea orientalis L. Link.)' ne ait 7 farklı populasyondan alınan tohum örnekleri üzerinde GOT (Glutamate oxalaseteta transaminase) enzim sistemi kullanılarak, populasyonlardaki genetik yapının belirlenmesine çalışılmıştır. Bu çalışmada seçilen deneme alanları, Doğu Ladini'nin doğal yayılış alanlarını temsil edecek şekilde alınmış olmasına dikkat edilmiştir. Her deneme alanından 20 örnek ağaç ayrı ayrı belirlenmiş ve bunlardan tohum toplanarak izoenzim analiz çalışmaları yürütülmüştür. Tohumun haploid yapıda olan endospermi kullanılmış olan çalışma sonucunda GOT enzim sistemi 7 populasyonda da belirlenmiştir. GOT, 3 enzim zonundan oluşmakta ve toplam 8 alleli içermektedir. Bunlar, GOT-A' da 3 allel; A1, A2, A3, GOT-B' de 3 allel; B2, B3, B5 ve GOT-C' de 2 allel; C2, C4 allelleridir. Analizler sonucu bulunan alleller ve bunların gen frekansları hesaplanarak, buradan hareketle populasyonlar arasındaki genetik mesafe belirlenmiştir (151).

Orman ağaçlarının genetik yapılarının belirlenmesinde izoenzim analiz yöntemlerinin yeri ve önemi konusunda Turna tarafından hazırlanan seminer çalışmasında ise izoenzimlerin fonksiyonları ve yapısı ile izoenzim yöntemlerinin pratikte kullanılabilirliği belirtilmiş, Sarıçam (Pinus silvestris L.) ve Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link.)' nde genetik çeşitliliğin analiz sonuçları verilmiştir. Buna göre Ülkemizde Doğu Ladini'ne göre geniş bir yayılışa sahip olan Sarıçam'da genetik çeşitlilik daha yüksek oranda çıkması beklenirken, daha düşük tespit edilmiştir (19).

Morfolojik arařtırmalara dayalı olarak kızılçam populasyonlarında denizden uzaklık ve ykseklięe gre deęiřen genetik eřitlilik incelenmiř, kızılçamda aile dzeyinde yapılacak bir seleksiyon ve ileri ıslah alıřmaları ile nemli genetik kazanç elde edilebileceęi, bu nedenle de en kısa zamanda orijin denemeleri ve izoenzim analizlerine hız verilmesi nerilmiřtir (152).



2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

2.1. Materyal

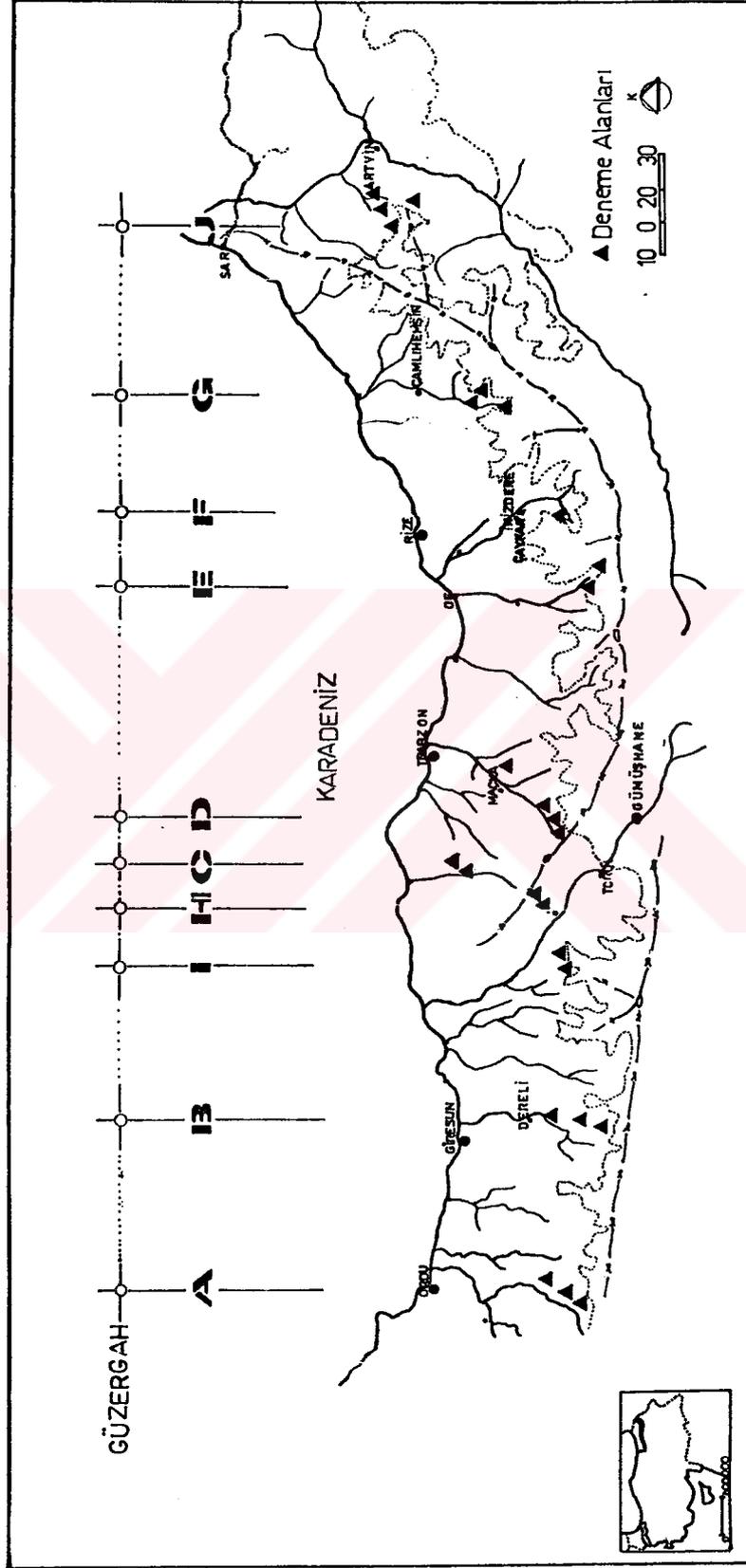
2.1.1. Deneme Alanlarının Belirlenmesi

Genellikle coğrafik varyasyon ve genetik çeşitliliğin belirlenmesinde, çalışılacak türün uygun bir şekilde örneklenmesi, aranan özellikler ve eldeki mevcut imkanlar biraraya getirilerek, en iyi istatistiksel yolla gerçekleştirilmektedir. Bu amaçla, Pinus banksiana Lamb.' da coğrafik varyasyonların araştırılmasında deneme alanları 25 km.lik aralık- mesafelerde, Pinus elliotti Eng'de ise 82.5 Km.lik aralık -mesafelerle alınmıştır. Pinus nigra Arn. ssp. pallasiana Lamb.'da ise 100 Km.lik aralık mesafelerle deneme alanları alınmıştır (153). Yatay aralık ve mesafelerdeki değişimler yanında yükseklik farklarındaki değişimler de varyasyon çalışmalarında önem taşımaktadır. Kızılçamda genetik çeşitliliğin belirlenmesine yönelik bir çalışmada, türün dikey yayılış alanı 3 farklı yükseklik basamağına ayrılarak incelenmiştir (154). Bu araştırma için deneme alanlarının belirlenmesinde, mümkün olduğunca Doğu Ladini (Picea orientalis L. Link.) nin Türkiye'deki doğal yayılış gösterdiği Doğu Karadeniz Bölgesinin kuzeye bakan yamaçları (Ordu-Melet ırmağından Türkiye-Gürcistan sınırına kadar) esas alınmıştır. Bu alan, yaklaşık 50 km'lik mesafelerle güzergahlar halinde bölünerek, her güzergahta 300 metrelik yükseklik kademesine göre deneme alanları belirlenmiştir. Ayrıca Çoruh ve Harşit vadileri boyunca iç kısımlardaki yayılış alanlarını temsilen de Artvin ve Torul bölgelerinden yükseklik kademelerine bağlı kalınarak deneme alanları alınmıştır. Buna göre deneme alanlarının alındığı yerleri gösterir harita Şekil 2 'de verilmiştir.

2.1.1.1. Deneme Alanlarında Aranan Özellikler ve Kodlanması

Deneme alanlarının alındığı arazinin bakışı, sıcaklık ve yağış ilişkileri nedeniyle önem taşımaktadır. Ancak deneme alanlarının seçiminde bakı, belirleyici faktör olarak ele alınmamıştır. Bununla birlikte örnek ağaçların alındığı alanların bakışı belirlenmiştir.

Edafik faktörler araştırma kapsamı dışında tutulacağından, arazi eğimi üzerinde fazla durulmamış, ancak örnek ağaçların alındığı arazi eğimleri klizimetre ile ölçülerek tespit edilmiştir.



Şekil 2. Deneme Alanlarının Abındığı Yerleri Gösterir Harita

Deneme alanlarının kapalılığı, meşçere topluluğu içinde komşu ağaç tepelerinin birbirine karşı etki yaparak yavaşmaları, zamanla birbiri içine girerek sıkıştırılmaları ve bu belirtilerle orantılı olarak toprağın meşçere çatısı tarafından siperlenmesiyle ifade edilmekte ve meşçerede bir çok dış etkileri yansıttığından kapalılığın normal olmasına dikkat edilmiştir (6). Zira normalin altındaki ve üstündeki kapalılık dereceleri genellikle irsel faktörlerin etkisini azaltıp, yanıtıcı sonuçlar doğurabilir (3). Bununla beraber deneme alanlarının seçiminde tohum verimi önemli olduğundan, tohum ağacı olabilecek ağaçların alınmasına da özen gösterilmiştir.

Deneme alanlarında, fenotipik olarak seçilen örnek ağaçların çeşitli fizyolojik özelliklerinin ifadesi olan yaşa gelince, çok genç ve çok yaşlı bireylerin olmamasına dikkat edilmiştir.

Doğu ladininde genetik çeşitliliğin belirlenmesi amaçlandığından, türün dikey yayılış alanı öncelikle 5 farklı yükseklik kademesine ayrılmış, ancak arazi aşamasında aşırı ve usulsüz müdahaleler sonucu Doğu Ladini meşçereleri çok zarar gördüğünden, her güzergahta 5 farklı yükseklik kademesine göre deneme alanı alınamamıştır. Buna göre deneme alanlarının kodlanmasında; her güzergaha bir harf verilmiş (A, B, C,.....I ve J) ve her güzergah boyunca alınan yükseklik kademeleri de I, II, III, IV ve V şeklinde ifade edilmişlerdir. Burada,

I = Ortalama 900 m basamağı; 1050 m.'nin altındaki deneme alanlarını

II = Ortalama 1200 m basamağı; 1050 - 1350 m'ler arasındaki deneme alanlarını,

III = Ortalama 1500 m basamağı; 1350 - 1650 m'ler arasındaki deneme alanlarını ,

IV = Ortalama 1800 m basamağı; 1650 -1950 m'ler arasındaki deneme alanlarını,

V = Ortalama 2100 m basamağı, 1950 m' nin üzerindeki deneme alanlarını içerir.

Deneme alanlarının kodlanmasını bir örnekle açıklarsak; B güzergahı (Giresun-Dereli) için yükseklik kademelerine göre alınan deneme alanları;

-1200 m basamağı için B-II ,

-1500 m basamağı için B-III,

-1800 m basamağı için B-IV şeklinde kodlanmış ve 900 ile 2100 m ortalama

yükseklik basamaklarında deneme alanları alınamadığından kodlama yapılmamıştır. Her deneme alanında alınan 20 örnek ağaç için ise sırasıyla 1, 2, 3,.....19, 20 rakamları kullanılmıştır.

2.1.1.2. Deneme Alanlarına Toplu Bakış

Deneme alanları güzergahlar boyunca yükseklik kademelerine bağlı kalınarak alındığından, bu alanların her biri bir populasyonu (orijini) ifade etmektedir. Bu orijinlere ait genel bilgiler tablo halinde verilmiş (Tablo 1) ve her bir deneme alanının tanıtımı ayrıca güzergahlar halinde özetlenmiştir.

Tablo 1. Araştırmada Kullanılan Orijinlere Ait Genel Bilgiler

Sıra No	Orijinler	Kod No	Yükseklik Basamağı (m)	Enlem (N)	Boylam (E)
1	Ordu-Çambaşı	A-II	1050-1350	40 ° 43 ' 20 "	37 ° 57 ' 15 "
2	Ordu-Çambaşı	A-III	1350-1650	40 ° 42 ' 39 "	37 ° 55 ' 38 "
3	Ordu-Çambaşı	A-IV	1650-1950	40 ° 38 ' 58 "	37 ° 56 ' 16 "
4	Giresun-Dereli	B-II	1050-1350	40 ° 35 ' 50 "	38 ° 27 ' 15 "
5	Giresun-Dereli	B-III	1350-1650	40 ° 34 ' 48 "	38 ° 27 ' 00 "
6	Giresun-Dereli	B-IV	1650-1950	40 ° 33 ' 45 "	38 ° 26 ' 15 "
7	Trabzon-Karadağ	C-III	1350-1650	40 ° 56 ' 37 "	39 ° 24 ' 00 "
8	Trabzon-Karadağ	C-IV	1650-1950	40 ° 55 ' 38 "	39 ° 22 ' 55 "
9	Trabzon-Maçka	D-I	750-1050	40 ° 48 ' 55 "	39 ° 38 ' 50 "
10	Trabzon-Maçka	D-II	1050-1350	40 ° 41 ' 45 "	39 ° 28 ' 00 "
11	Trabzon-Maçka	D-III	1350-1650	40 ° 40 ' 30 "	39 ° 25 ' 45 "
12	Trabzon-Maçka	D-IV	1650-1950	40 ° 40 ' 16 "	39 ° 25 ' 30 "
13	Trabzon-Çaykara	E-III	1350-1650	40 ° 34 ' 24 "	40 ° 23 ' 50 "
14	Trabzon-Çaykara	E-IV	1650-1950	40 ° 34 ' 30 "	40 ° 23 ' 10 "
15	Rize-İkizdere	F-IV	1650-1950	40 ° 38 ' 50 "	40 ° 32 ' 12 "
16	Rize-Çamlıhemşin	G-III	1350-1650	40 ° 52 ' 28 "	40 ° 56 ' 15 "
17	Rize-Çamlıhemşin	G-IV	1650-1950	40 ° 52 ' 20 "	40 ° 56 ' 40 "
18	Rize-Çamlıhemşin	G-V	1950-2250	40 ° 48 ' 40 "	40 ° 56 ' 45 "
19	Torul-Kürtün	H-II	1050-1350	40 ° 42 ' 45 "	39 ° 12 ' 40 "
20	Torul-Kürtün	H-III	1350-1650	40 ° 43 ' 30 "	39 ° 13 ' 15 "
21	Torul-Örümcek	I-III	1350-1650	40 ° 39 ' 40 "	39 ° 01 ' 10 "
22	Torul-Örümcek	I-IV	1650-1950	40 ° 39 ' 45 "	39 ° 00 ' 25 "
23	Artvin-Atilla	J-II	1050-1350	41 ° 07 ' 23 "	41 ° 37 ' 22 "
24	Artvin-Taşlıca	J-III	1350-1650	41 ° 08 ' 00 "	41 ° 36 ' 40 "
25	Artvin-Taşlıca	J-IV	1650-1950	41 ° 08 ' 00 "	41 ° 36 ' 40 "
26	Artvin-Zeytinlik	J-V	1950-2250	41 ° 0 ' 50 "	41 ° 40 ' 34 "

1 -- A Güzergahı (Ordu-Çambaşı):

Bu güzergah Doğu Ladininin Türkiye'deki yayılışının en batı sınırı olan Melet ırmağı boyunca seçilmiştir. Güzergah Ordu ili sınırları içerisinde olup, Ordu Orman İşletmesi - Çambaşı Orman İşletmesi sınırları kapsamındadır. Bölge ormanları alçak zonlarda fındık tarım alanları açılması nedeniyle aşırı derecede yok olmuş, özellikle Castanetum zonu büyük çoğunluğu ile tahrip edilmiştir. Ladin, karışıma 900- 1000 m rakımlarda münferit olarak girmekte, 1000- 1300 m'ler arasında ise Ladin+Kayın karışımı, 1300 m'den sonra genellikle saf ladin ormanları güzergah boyunca hakim durumdadır.

A - II Yükseklik Basamağı (1050 - 1350 m.):

Bu deneme alanında seçilen 20 ağacın ilk 13' ü normal kapalı meşcerelerden oluşan Turnalık Orman Deposu civarından alınmıştır. Saf ladin ormanı olup, alt kademede diri örtü bulunmamaktadır. 1190 m.'den alt rakımlarda ladin yerini yapraklı türlere bıraktığından, bu rakımın altında araştırma amaçlı örnek ağaç alınamamıştır. Son dört ağacın alındığı alan ise saf ladin meşceresi olup karışıma yer yer kayın girmekte olup normal kapalılık söz konusudur. Hakim bakı güneybatı olup, ortalama eğim % 65' tir. Örnek ağaçların ortalama çapı 51 cm, ortalama boyu 27 m. ortalama yaş ise 92' dir. Bu meşcerenin alt tabakasında yer yer yoğun olmak üzere böğürtlen (Rubus sp.) ve ormangülleri (Rhododendron sp.) bulunmaktadır.

A - III Yükseklik Basamağı (1350 - 1650 m.):

Bu deneme alanı Yokuşbaşı mevki olarak bilinen yerden alınmıştır. Deneme alanı güneybatı bakıda yer almakta olup % 35 eğime sahiptir ve mevcut amenajman planına göre 51- 60 ve 61 nolu bölmeleri kapsamaktadır. Örnek ağaçların ortalama boyu 23 m, ortalama çapı 44 cm, ortalama yaşı ise 82'dir. Seçilen örnek ağaçlar saf ladin meşceresi içersinde olup, kapalılık yer yer bozuk olmakla beraber çoğunlukla normal kapalılıkta, kapalılığın bozuk olduğu yerlerde alt tabaka eğretili (Pteridophyta sp.), böğürtlen (Rubus sp.) orman gülü (Rhododendron sp.) vb.vegetasyonla kaplıdır.

A - IV Yükseklik Basamağı (1650 - 1950 m.):

Bu deneme alanı Turnalık orman deposu mevkiinden alınmıştır. İlk 8 örnek ağaç mevcut amenajman planına göre 51 nolu bölme içersinde olup, saf ladin ormanıdır. Diğer 12 örnek ağaç ise 143 nolu bölmeden seçilmiştir ve bu bölme Çambaşı yaylası yakınlarındaki kuzey-güney bakılarda yer alan % 15 eğime sahip normal kapalı lokal bir meşcereden alınmıştır. Bu orman Doğu Ladinin bölgede en yüksek yayılışa sahip olduğu alan olarak tanımlanmaktadır. Burada seçilen örnek ağaçların boyları alçak rakımlara oranla daha kısa olup ortalama boy 21 m., ortalama yaş 74, ortalama çap 38 cm'dir ve alt tabakada sarı çiçekli ormangülleri (Rhododendron luteum) hakim durumdadır.

2 – B Güzergahı (Giresun - Dereli - Kümbet):

Bu güzergah Giresun ili, Dereli ilçesi sınırları içerisinde yer almakta olup Kümbet Orman İşletme Şefliği' ne bağlı ormanlık alanlardan seçilmiştir. Orman sınırının en yüksek olduğu 1850 m' ye kadar ki orman zonları genel olarak aşağıdan yukarıya doğru şöyle sıralanmaktadır. Deniz seviyesinden yaklaşık 800 m.' ye kadar olan alanda fındık tarım alanları ile Kestane (Castanea sp.), Kızılağaç (Alnus sp.), Meşe (Quercus sp.), Gürgen (Carpinus sp.) vb. karışımındaki orman alanları (münferit olarak 600 m'den sonra karışıma Ladin girmekte) , 800 - 1200 m' ler arasında Kestane (Castanea sp.), Kızılağaç (Alnus sp.) ve Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link.) karışımı , 1300 m' den sonra ise saf ladin ormanları hakim durumdadır. Bu bölgede üç farklı yükseklik kademesinden deneme alanı alınmıştır. Deneme alanlarına ait bazı özellikler aşağıdaki gibidir.

B - II Yükseklik Basamağı (1050 - 1350 m):

Bu yükseklik basamağında tohum ağacı bulma zorluğu nedeniyle çok geniş bir alan taranarak örnek ağaçlar seçilmiştir. Mevcut amenajman planına göre 83, 91, 92, 93 ve 94 nolu bölmeler içerisinde kalmaktadır. Deneme alanında hakim bakı Kuzeybatı olup arazinin ortalama eğimi % 35 civarındadır. Örnek ağaçların ortalama boyu 23 m., ortalama yaşı 82, ortalama çapı ise 41 cm tesbit edilmiştir. Yapraklı türlerin yoğun olarak karışıma girdiği bu yükseklik kademesinde ladin kozalak kelebeği nedeniyle tohumlu kozalak bulmada da zorluklarla karşılaşmıştır. Kapalılık genelde normalin altında olup alt tabakada ormangülü (Rhododendron sp.), böğürtlen (Rubus sp.) vb. söz konusudur.

B - III Yükseklik Basamağı (1350 - 1650 m.):

Seçilen 20 örnek ağacın 16 'sı Kuzeybatı bakıda, % 30 eğime sahip ladin tohum meşçeresi içerisinde kalmaktadır. Mevcut amenajman planında 91, 98, 99 ve 100 nolu bölmeler içerisinde kalmaktadır. Kapalılık tam olup yer yer sıkışık kapalıdır. Alt tabakada diri örtü söz konusu değildir ve ideal bir tohum meşçeresi özelliğindedir. Son 4 ağacın alındığı alan ise Doğu Kayın (Fagus orientalis L.)' in karışıma girdiği ve kapalılığın yer yer bozuk olduğu alanlardır. Bu deneme alanındaki örnek ağaçların ortalama yaşı 82, ortalama boyu 29 m. ve ortalama çapı ise 43 cm olarak tesbit edilmiştir.

B - IV Yükseklik Basamağı (1650 -1950 m.):

Kuzeydoğu bakıda yer alan ve % 20 eğime sahip bu deneme alanında alınan örnek ağaçların büyük çoğunluğu tohum meşçeresi içersinde yer almaktadır. Saf ladin ormanı olan ve normal kapalıltaki deneme alanında, alt tabakada diri örtü bulunmamaktadır. Örnek ağaçların ortalama yaşı 82, ortalama boyu 24 m. ve ortalama çapı ise 41 cm' dir. Amenajman planında 101 nolu bölme sınırları içersinde kalmakta ve Lc3 (Ladin, c çağında ve 3 kapalıltıkta) meşçere tipi ile gösterilmektedir.

3 – C Güzergahı (Trabzon - Karadağ):

Bu güzergah boyunca iki adet deneme alanı alınmıştır. Bu deneme alanlarından biri Trabzon ili, Vakfikebir Orman İşletme Şefliği sınırları içersinde, diğeri ise Akçaabat Orman İşletme Şefliği sınırları içersinde yer almaktadır. Bu bölge aynı zamanda Tonya ve Kalınçam Orman İşletme Şeflikleri sahalarına da sınır oluşturmaktadır. Güzergah boyunca deniz seviyesinden yükseltikçe tarım (findık vb.) arazileri ile beraber yapraklı türlerin içinde bulunduğu (Castanetum ve Fagetum) 1000-1300 m.'lere kadar çıkılmaktadır. 1200 m.'den sonra karışıma Doğu Ladini girmektedir. Bölgeden alınan iki deneme alanına ait bazı özellikler aşağıdaki gibidir.

C - III Yükseklik Basamağı (1350-1650 m.):

Kuzeybatı ve Kuzeydoğu bakıda yer alan % 35 eğime sahip bu deneme alanı, Akçaabat Orman İşletme Şefliği sınırları dahilinde olan Karadağ Orman Fidanlığı mevkiindedir. Saf ladin meşçeresi olan alanda, kapalıltık 0.4-0.5 arasında olup, alt tabakada ormangülü (Rhododendron sp.), böğürtlen (Rubus sp.) vb yer almaktadır. Örnek ağaçlarında ortalama çap 49 cm , ortalama boy 23 m., ortalama yaşı 78' dir.

C - IV Yükseklik Basamağı (1650-1950 m.):

Vakfikebir Orman İşletme Şefliği dahilindeki Kuzeybatı bakıda yer alan ve % 20 eğime sahip bu meşçere aynı zamanda ladin tohum meşçeresidir. Örnek ağaçlarda ortalama yaş 84, ortalama boy 24 m. ve ortalama çap ise 41 cm. olarak tesbit edilmiştir. Kapalıltık normal olup kaçak kesimler sonucu yer yer açıklıklar oluşmuş ve bu kısımlarda ormangülü (Rhododendron sp.) vb. alanı kaplamıştır.

4 – D Güzergahı (Trabzon-Maçka-Zigana):

Bu güzergah boyunca dört deneme alanı alınmıştır. Maçka İşletmesi Merkez ve Hamsiköy Orman İşletme Şeflikleri sınırları içerisinde yer alan deneme alanları, bir kısmı saf ladin diğer kısmı ise ladin+kayın karışımı olan meşçerelerden alınmıştır. Bekçiler mevki olarak bilinen alanda 1000 m.' nin altındaki rakımlardan, tohum toplama yılı olarak planlanan 1994 yılı sonbaharında, bol tohum olmaması ve Ladin Kozalak Kelebeği nedeniyle tohum elde edilememiştir. Merkez bölgesindeki tohum meşçeresini içine alan bu deneme alanından, 1995 yılı Sonbaharında tohum elde edilerek değerlendirilmeye alınmıştır. Buna göre oluşturulan yükseklik basamaklarına ait özet bilgiler aşağıda verilmiştir.

D - I Yükseklik Basamağı (750-1050 m.):

Bu deneme alanı aynı zamanda ladin tohum meşçeresi olup Maçka Orman İşletmesi Merkez Bölgesi Kapıköy mevkiinde yer almaktadır. Genel bakışı kuzey olup aynı yaşlı tek tabakalı saf ladin meşçeresi kuruluşundadır ve arazinin ortalama eğimi % 20 civarındadır.. Kapalılık normal olup alt tabaka az miktarda böğürtlen (Rubus sp.) , ormangülü (Rhododendron sp.) vb.diri örtü ile kaplıdır. Meşçerede ortalama boy 23 m, ortalama yaş 67 ve ortalama çap 45 cm.' dir.

D - II Yükseklik Basamağı (1050-1350 m.):

Bu deneme alanından alınan 20 ağacın ilk 4'ü Meryemana vadisinde, diğerleri ise Hamsiköy Bekçiler mevkiindedir. Kuzey-Kuzeydoğu bakıda yer alan deneme alanının ortalama eğimi % 60 civarındadır. Saf Doğu Ladini ormanı olan alanlar normal kapalılıkta, alt tabakada yer yer ormangülü (Rhododendron sp.), böğürtlen (Rubus sp.) vb. diri örtü elemanları bulunmaktadır. Bu deneme alanından alınan örnek ağaçların ortalama yaşı 83, ortalama boyu 22 m. ve ortalama çapı ise 46 cm.' dir.

D - III Yükseklik Basamağı (1350-1650 m.):

Bekçiler mevkiinde yer alan, Kuzey bakıdaki % 75 eğime sahip deneme alanına ait örnek ağaçlar, saf Ladin, yer yer ise Ladin-Kayın karışımı olan alanlardan seçilmiştir. Bu deneme alanından seçilen örnek ağaçların ortalama çapı 44 cm., ortalama boyu 25 m ve ortalama yaş ise 75 olarak tesbit edilmiştir. Kapalılık çoğunlukla bozuk olup, alt tabakada yoğun diri örtü söz konusudur.

D - IV Yükseklik Basamağı (1650-1950 m.):

Bekçiler mevkiinde yer alan bu deneme alanı 0.7-0.8 kapalıltaki saf Doğu Ladini ormanı olup, alt tabakada böğürtlen vb. diri örtü elemanları az miktarda yer almaktadır. Bu deneme alanı Doğu Ladinin bölgedeki en yüksek yayılış alanını içine alacak şekilde seçilmiştir. Kuzey bakıdaki deneme alanının ortalama eğimi % 65 civarındadır. Örnek ağaçlarının ortalama çapı 48 cm, ortalama boyu 27 m ve ortalama yaşı ise 79 olarak tespit edilmiştir.

5 -- E.Güzergahı (Trabzon-Çaykara):

Bu güzergah boyunca alınan deneme alanları büyük çoğunlukla tohum meşçeresinden seçilmiştir. Bu güzergah Trabzon ili Çaykara ilçesinin Haldizen deresi mevkiinde yer almaktadır ve yüksek bir eğime sahiptir.

E - II Yükseklik Basamağı (1350-1650 m.):

Tohum meşçeresinde yer alan % 15 eğime sahip bu deneme alanı saf ladin meşçeresi olup Kuzey bakıda yer almaktadır. Vadi boyunca dik eğimli yamaçtan seçilen tohum ağaçları diğer populusyona oranla daha genç ve kısa boyludur. Örnek ağaçlarda ortalama boy 20 m, ortalama çap 37 cm ve ortalama yaş ise 61 olarak tesbit edilmiştir. Aynı yaşlı tek tabakalı meşçerede kapalılık normal olup, diri örtü çok azdır. Bu deneme alanında taşlı bir yapı hakimdir.

E - III Yükseklik Basamağı (1650-1950 m.):

Bu deneme alanında alınan 20 ağacın 8'i bölgede Doğu Ladinin lokal bir yayılış gösterdiği en yüksek alandan alınmıştır. Deneme alanının ortalama eğimi % 70 ve bakısı ise kuzey-kuzeydoğudur. Bu alanda ortalama yaş 70'in üzerinde olup müdahale görmemiş üstün nitelikli bireylere sahip bir alandır. Köylüler tarafından uzun süre sahiplenmiş ve koruma altına alınmıştır. Kapalılık 0.8 olup alt tabakada diri örtü yoktur. Ortalama ağaç boyu 28 m, ortalama çap 46 cm'dir. Diğer 16 ağaç ise tohum meşçeresinden seçilmiştir. Bu meşçerede saf Doğu Ladini olup normal kapalıltadır. Toprak taşlı bir yapıya sahiptir. Meşçerede aynı yaşlılık ve tek tabakalılık sözkonusudur.

6 – F Güzergahı (Rize - İkizdere):

Bu güzergah Trabzon-Rize il sınırını ayıran İkizdere vadisi boyunca seçilmiştir. Arazinin ortalama eğimi % 80 olup, batı ve güney bakılarda yer almaktadır. Güzergah boyunca dere kenarları yoğun olmakla birlikte 800-1000 m.'ye kadar Kızılağaç, Kestane, Kayın vb. yapraklı türlerin hakimiyetinde iç kısımlarda 600 m.'den sonra olmak üzere münferit halde ladinlerin bulunduğu Castanetum ve kısmen Fagetum zonları mevcuttur. 1000-1500 m.'ler arası ise Doğu Ladini ormanları ile Doğu Kayını karışıma girmekte ve 1300-1500 m.'den sonra ise saf Doğu Ladini ormanları yer almaktadır. 1600-1700 m.'den sonra ise karışıma Gökmar (Abies sp.) girmektedir. Bu bölgede özellikle alçak zonalardaki ormanlar çay tarımından menfi yönde etkilenmiştir.

Bu güzergah boyunca 2 hatta 3 deneme alanı planlanmış olmasına rağmen hava şartları nedeniyle 1 deneme alanından tohum elde edilebilmiştir. Tohum elde edilen deneme alanı saf ladin olup kapalılık 0.6-0.7 arasındadır. Deneme alanında aynı yaşlılık hakim olup meşçere yaşı 78 civarındadır. Alt tabakada yer yer ormangülü vb. diri örtü elemanları bulunmaktadır. Örnek ağaçların ortalama çapı 34 cm ve ortalama boyu 24 m.'dir.

7 – G Güzergahı (Rize - Çamlıhemşin):

Bu güzergah Rize ili Çamlıhemşin ilçesi sınırlarında olup Pazar Orman İşletmesi-Şenyuva Orman İşletme sınırında yer almaktadır. Bu güzergah F güzergahı ile aynı floristik yapıya sahip olup 1200 m.'den sonra saf Doğu Ladini ormanları başlamakta, 1700 m.'lerde ise karışıma Gökmar (Abies sp.) ve yer yer de Sarıçam (Pinus silvestris) girmektedir. Aynı yaşlı saf ve tek tabakalı Doğu Ladini ormanları bölgede hakimdir. Bu bölgeden 3 deneme alanı alınmıştır.

G - III Yükseklik Basamağı (1350 - 1650 m.):

Bu deneme alanı aynı yaşlı tek tabakalı saf Doğu Ladini ormanıdır. Deneme alanının bakışı kuzeybatı-güneybatı, arazinin ortalama eğimi ise % 25 'tir. Söz konusu deneme alanı Çat köyünde olup üstün nitelikli bireylerle kaplıdır ve bir nevi muhafaza ormanı olarak korunmaktadır. Alınan örnek ağaçlarda ortalama boy 22 m, ortalama çap 40 cm ve ortalama yaş ise 86 civarındadır. Meşçere normal kapalılıkta olup alt tabakada yoğun olarak ölü ve diri örtü yoktur.

G - IV Yükseklik Basamağı (1650 - 1950 m.):

Bu deneme alanı G-III nolu deneme alanının yukarısında yer alan, güneybatı bakıda , % 25 eğime sahip aynı yaşlı tek tabakalı, saf Doğu Ladini ormanıdır. Bu meşçerede kapalılık normal olup alt tabakada ölü ve diri örtü bulunmamaktadır. Uzun yıllar müdahale görmemiş bakir orman vasfını taşır özelliktedir. Örnek ağaçların ortalama çapı 45 cm, ortalama boy 27 m ve ortalama yaşı 108'dir. Deneme alanlarının yukarı kısımlarında karışıma Gökmar (Abies sp.) girmektedir.

G - V Yükseklik Basamağı (1950 - 2250 m.):

Saf Doğu Ladini hakimiyetinde, kuzeybatı bakı ve % 45 eğime sahip bakir orman özelliği gösteren alandır. Köylünün isteği doğrultusunda muhafazaya ayrılan ve "Beddualı Orman" olarak bilinen normal kapalı meşçeredir. Alanda çok sayıda bakir orman özelliği gösteren kurumuş, yaşlı devrik vb. ağaçlar mevcuttur. Alanda 1.sınıf olabilecek çok sayıda bireyler mevcuttur. Alanın yukarısı orman sınırını oluşturmaktadır. Açıklık alanlarda Huş (Betula sp.), Üvez (Sorbus sp.) ve Sarıçiçekli ormangülleri (Rhododendron luteum) yer almaktadır. Örnek ağaçlarda ortalama boy 28 m, ortalama çap 45 cm ve ortalama yaş ise 110' dur.

8 – H Güzergahı (Torul - Kürtün):

Bu güzergah Harşit vadisi boyunca Kürtün Orman İşletme Şefliği sınırları içerisinde yer almaktadır. Bu bölgeden iki deneme alanından örnek ağaçlar alınabilmektedir. Bu bölge Karadeniz Bölgesi su ayırım hattının güneyinde yer almaktadır.

H - II Yükseklik Basamağı (1050 -1350 m.):

% 40 eğime sahip bu deneme alanında düşük rakımlarda Gürgen (Carpinus sp.), Meşe (Quercus sp.), Kayın (Fagus sp.) vb. yapraklı türlerle beraber karışıma giren Ladinler daha kısa boylu olup toprak taşlıklı bir yapıya sahiptir. Güney bakı başta olmak üzere yer yer Sarıçam (Pinus silvestris) karışıma girmektedir. Genel olarak kapalılık 0.6 - 0.8 arasında değişmektedir. Örnek ağaçların ortalama boyu 22 m., ortalama çap 37 cm., ortalama yaşı ise 80 olarak tespit edilmiştir.

H - III Yükseklik Basamağı (1350 -1650 m.):

Erikbeli yaylası olarak bilinen güneybatı bakıdaki % 20 eğime sahip mevkiyi içine almaktadır. Burada çoğunlukla normal kapalılıkta saf Doğu Ladini olmakla birlikte, karışıma yer yer Sarıçam (P. silvestris) ve Kayında (Fagus sp.) girmektedir. Bu bölge aynı zamanda Tonya Orman İşletme Şefliği sınırına komşudur. Tek tabakalılık ve aynı yaşlılık hakim olup örnek ağaçlarda ortalama boy 21 m., ortalama çap 42 cm. ve ortalama yaş ise 80 olarak ölçülmüştür.

9 – I Güzergahı (Torul - Örümcek):

Bu güzergah Harşit vadisi boyunca uzanmakta ve anıt ağaçlarıyla ünlü, Örümcek Orman İşletme Şefliği sınırları içerisinde kalmaktadır. Gen koruma sahasını da içine aldığından iki adet deneme alanı alınmıştır.

I - III Yükseklik Basamağı (1350-1650 m.):

Örnek ağaçları % 50 eğime sahip doğu ve kuzey bakıda bulunan alandan alınmıştır. Saf Ladin meşceresinin hakim olduğu deneme alanında karışıma yer yer grup ve kümeler halinde Gökmar girmektedir. İlk 10 ağaç tamamen gen koruma sahası ve yakın çevresinden seçilmiştir. Genelde aynı yaşlılık ve tek tabakalılık hakim olup kapalılık normalin altında ve alt tabakada yer yer yoğun olmak üzere ormangülleri (Rhododendron sp.) bulunmaktadır. Örnek ağaçlarının ortalama boyları 34 m., ortalama çap 53 cm., yaşları ise 65 - 130 arasında değişmektedir.

I - IV Yükseklik Basamağı (1650 -1950 m.):

Örümcek Orman İşletme Deposunun yakınlarından alınmış olan 20 örnek ağacın 10 adeti üstün özelliklere sahip tohum meşceresi olabilecek alandan alınmış olup diğer 10 adeti ise nisbeten daha kısa boylu ve kalitesiz bireylerden oluşan meşcereden alınmıştır. Buna göre örnek ağaçların ortalama boyu 26 m., ortalama çapı 35 cm., ortalama yaşı 80 olarak tespit edilmiştir. Bu deneme alanı normal kapalılıkta, aynı yaşlı saf Doğu Ladini meşceresidir. Deneme alanı kuzey bakıda yer almakta olup eğimi % 45 civarındadır.

10 – J Güzergahı (Artvin ve Çevresi):

Bu güzergah Artvin Orman İşletme Müdürlüğü sınırları içerisinde olup 4 deneme alanı ile temsil edilmiştir. Deneme alanlarından biri Atilla, ikisi Taşlıca Orman İşletme Şefliği dahilinde ve 4. ise Zeytinlik Orman İşletme Şefliği sınırları içerisinde yer almaktadır.

J - II Yükseklik Basamağı (1050-1350 m.):

Bu deneme alanı Atilla bölgesi ormanları içerisinde olup, bu bölgedeki örnek ağaçlar, tohum ağacının bulunamaması nedeniyle çok geniş bir alandan seçilmiştir. Deneme alanının genel bakışı kuzey, ortalama eğimi ise % 20 'dir. Genelde saf ladin olup dere kenarlarında ve alçak kısımlarda karışıma kızılgağaç (Alnus sp.), kayın (Fagus sp.) ve gürgen (Carpinus sp.) girmektedir. Kapalılık normal, bazı kısımlarda ise bozuk olup, buralarda alt tabakada böğürtlen (Rubus sp.) ve eğrelti (Pteridophyta) yer almaktadır. Örnek ağaçlara ait ortalama boy 26 m., ortalama çap 43 cm. ve ortalama yaş ise 81 'dir.

J - III ve J - IV Yükseklik Kademeleri (1350-1650-1950):

Bu iki deneme alanı Taşlıca Orman İşletme sınırları içerisinde yer almakta olup aynı zamanda Doğu Ladini tohum meşçeresidir ve ortalama eğimi % 60 dolayındadır. Bölme numaraları 259 - 260 dır. Toprak kumlu az çakıllı ve taşlıdır. Güney bakıda yer almaktadır. Aynı yaşlı tek tabakalı olan meşçerede hakim durumdaki Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link.) ile Gökmar (Abies sp.) ve Sarıçam (Pinus silvestris L.) karışıma girmektedir. Kapalılık normal olup ortalama ağaç boyu 30 m. ve ortalama yaş ise 130 'dur. Alt tabakada seyrek olarak ormangülleri (Rhododendron sp.) yer almaktadır. Genelde ince dallı, dolgun gövdeli, tabii dal budaması iyi, sağlıklı ve yüksek artımlı bireylerden oluşmaktadır. Genelde aynı yaşlı olup, birçok kısımlarda yeterli gençlik kendiliğinden gelmiştir.

2.1.2. Örnek Ağaçların Seçimi ve Aranan Özellikler

Bir popülasyona dahil ağaçlar, aynı yetişme muhiti koşulları altında yetişmiş olsalar bile, dış görünüşleri itibarı ile birbirinden oldukça farklı bir durum gösterirler. Genetik açıdan değişkenlik veya varyasyon olarak adlandırılan bu farklılık, ağaçların atalarından kalıtım yoluyla aldıkları özellikler ile sürekli bir şekilde etkilendikleri yetişme muhiti koşullarının bir bileşkesi olarak ortaya çıkmaktadır. Değişkenlik ağaçların yalnız dış

görünümü ile ilgili bir durum olmayıp, aynı zamanda tohum ve fidelikleri ile ağaçların anatomik yapılarında da görülen bir olaydır. Varyasyon, ağaç neslinin ıslahı ile tür ve klonların tanımı için genetikçilere geniş olanak sağlamaktadır.

Örnek ağaçlar her deneme alanında 20 adet olmak üzere, birbirinden en az 50 m. ve en çok 250 m. uzaklıkta olacak şekilde seçilmiştir. Deneme alanlarındaki örnek ağaçlarda aranan özellikler ise aşağıda olduğu gibidir.

a) Örnek ağaçlar öncelikle doğal meşcerelerden seçilmiştir.

b) Populasyonlardaki örnek ağaçların Doğu Ladininin yöredeki yayılışını temsil edebilecek toplumlar olmasına dikkat edilmiştir.

c) Kendileşme olasılığını ortadan kaldırmak için meşcere içinde kozalak taşıyan dominant ve kodominant deneme ağaçlarının birbirine en az 50 m. ve en çok 250 m. uzaklıkta olmasına dikkat edilerek, fenotipik olarak farklı bireylerin seçilmesine özen gösterilmiştir. Fenotipik olarak birbirinden çok farklı görünüşteki iki birey birbirine yakın da olsa örnek ağaç olarak alınmıştır.

d) Örnek ağaçlarının münferit olmaması, 30 m. içinde bir veya birkaç ağacın birlikte olmasına dikkat edilmiştir.

e) Yaşa bağlı olarak birçok karakterin değiştiği gözönüne alınarak meşcerenin mümkün olduğunca aynı yaşlı olmasına dikkat edilmiştir.

f) Bakım müdahalelerinin şekli ve derecesine göre populasyona ait bazı değerlendirmelerde yanlıgılara sebep olacağı gözönüne alınarak, alanın müdahale görmemiş olmasına mümkün olduğunca dikkat edilmiştir.

Seçilen deneme alanlarında tespit edilecek örnek ağaçların yukarıda verilen bilgiler ışığında aşağıdaki özelliklere de sahip olmaları gözönünde tutulmuştur.

-Sağlıklı olmasına (gövdesi düzgün)

- Meşcere tepe çatısına iştirak etmiş olmasına,

-İlk tespit sırasında dürbünle ağaçların çiçeklenme ve kozalak durumu kontrol edilerek o yıl kozalak verimi olmasına,

- Özel bir etki altında kalmış olmamasına özen gösterilmiştir.

Fenotipik bakımdan farklı görünümde olan bireylerin genetik yapılarını ortaya koymak esas olduğundan bunlardan tohum toplanması kararlaştırılmıştır. Böylece, hem populasyonu temsil edebilecek, hemde genetik çeşitliliği ortaya koyabilecek ağaçlar örnek olarak seçilmiştir. Ayrıca genetik yapıya ilişkin morfolojik irdellemeler daha sonra yapılacağından, bazı veriler arazi aşamasında zorunlu olarak belirlenmiştir.

2.1.3. Kozalak Toplama ve Tohum Elde Edilmesi

Tespit edilen deneme alanları ve bu deneme alanlarında seçilen örnek ağaçlarda, Doğu Ladininde tohumun olgunlaşma zamanı göz önüne alınarak 1994 ve 1995 yılları Ekim ayının ikinci yarısından Aralık ayına kadar, kozalak örneklerinin alanmasına çalışılmıştır. Nitekim, Doğu Ladininde tohumlar Ekim ortalarında kafi bir çimlenme hızı ve yüzdesine ulaşmakta ve bu çimlenme değerleri Kasım başlangıcında azamiye varmaktadır. Olgun kozalak Kasım başlangıcında, olgun tohum rengi ise, Ekim ortalarında görülmektedir. Kozalak olgunlaşması tohum olgunlaşmasından takriben iki hafta sonra meydana gelmektedir. Yükseklik (600 m. fark) ve ekspozisyon (güney, kuzey) olarak iki hafta kadar, birlikte bahis konusu oldukları takdirde de bir ay kadar olgunlaşma tarihine tesir edebilmektedirler (13).

Meryemana'da yapılan bir çalışmada; yükseklik farkının kozalak ve tohum olgunlaşma zamanı üzerinde önemli bir etkisinin bulunmadığı, yapılan istatistik analizlere dayanarak bildirilmektedir. Bununla birlikte Ürgenç ve Beşkök kozalak ve tohum olgunlaşma zamanı konusunda birleşmektedir. Buna göre Ladin tohumu 15 Ekimde olgunlaşmakta, Kasım ayı başlarında kozalaklar dökülmekte ve erken toplanan ladin tohumunun sonradan olgunlaşma niteliği bulunduğunu ve bu nedenle kozalak toplamının daha erken olabileceğini ileri sürmektedirler (155).

Doğu Ladininde kozalak oluşumu tepe sürgününün hemen altında ve civarında bulunması nedeniyle kozalak toplama işi her yerde kolay olmamıştır. Yetiştirilmiş işçi olmayışı yanında, çıkma demirleri, ladin kabuklarının çamlar gibi kalın olmaması yüzünden kancaların batmaması nedeniyle çoğunlukla kullanılmamıştır. Kuru dalların da emniyet kemerini hareket ettirmede engel teşkil etmesi yüzünden bu kemerlerden de yararlanılamamıştır. Deneme alanlarının farklı güzergahlarda oluşu daima işçi değiştirmeyi zorunlu kılmış, uzun vadeli işçiyi alıştırma yoluna gidilememiştir. Ancak ladinlerdeki kuru dalların sağlam oluşu çıkmayı kolaylaştırmıştır. Tüm bu olumsuzluklara rağmen Trabzon Orman Bölge Müdürlüğünde görevli olan ve tohum toplama sertifikası bulunan bir işçi sürekli çalıştırılmış ve mahalli işçilerin çıkmakta zorlandıkları ağaçlara, yetiştirilmiş işçi çıkarılarak bu güçlük aşılmıştır.

Kozalaklar olgunlaşma aşamasında olduğundan, toplanan kozalaklar yere atılma şeklinde değil, torbalara toplanması yoluyla elde edilmişlerdir. İzoenzim analizleri için fazla tohuma gerek olmadığından her ağaçtan en az 10 adet olmak üzere ortalama 15 - 20 adet kozalak toplanması amaç için yeterli görülmüştür. Kozalakların ağaçlardan toplanmasında bakı unsuru dikkade alınmamıştır.

Ekim ayı ortalarında başlanan kozalak toplama işi Kasım ayı sonuna doğru, kar imkan verdiği ölçüde gerçekleştirilmiştir. Tüm deneme alanlarından toplanan kozalak materyali önce Of Orman Fidanlığındaki Sera' da, daha sonra ise KTÜ. Orman Fakültesi Silvikültür Anabilim Dalında depolanmıştır.

Toplanan Doğu Ladini kozalaklarından tohumların çıkarılması, tek ağaç türüne ait tohumların ayrı ayrı incelenmesi gerektiğinden oldukça zor olmuştur. Zira önce toplanan kozalaklar numaralanmış gazete kağıtları üzerine Of Orman Fidanlığına ait bir serada serilmiştir. Reçinenin kurumması ve kozalakların açılmaya başlamasından sonra her ağaca ait kozalak örnekleri Silvikültür Anabilim dalına ait laboratuvara taşınarak tohum elde edilmiştir. Açılan kozalaklardan el ile tohumlar çıkarılarak numaralı ve etiketlenmiş polietilen poşetlerle, fizyoloji laboratuvarındaki buzdolabında saklanmıştır. Tohumun kozalaklardan çıkarılması yaklaşık 1 - 2 ay kadar sürmüştür. Bilindiği gibi Doğu Ladininde, kozalak sobalı bir odada 5 - 6 günde, 15-18 °C sıcaklıktaki bir odada ise 1-2 ay kadar tohum dökümünü sürdürmektedir (13)

2.2. Yöntem

2.2.1. İzoenzim Analiz Yöntemi

İzoenzim analizleri; bitkisel dokulardan izoenzimleri elektroforetik yöntemle izole etmek ve renklendirmek esasına dayanır. Elektroforesis tekniği ise, değişik jel ortamlarında (nişasta, polyacrylamid, agar v.b.) karışık protein ve enzim moleküllerinin ayrıştırılması tekniğidir. Biokimyasal çalışmalarda polyacrylamide jel elektroforesis (PAGE) kullanılırken, çok sayıda enzim sisteminin analizini gerektiren çalışmalarda ise nişasta jel elektroforesis kullanılmaktadır. Literatür çalışmalarına baktığımızda ise çoğunlukla nişasta jel elektroforesisin kullanıldığı görülmektedir. Bunun önemli bir nedeni PAGE yönteminde kullanılan acrylamid maddesinin zehirli ve tehlikeli olmasıdır. Buna karşılık nişasta jel elektroforesisde kullanılan jelin hazırlanması kolay olup materyal kullanımında da toksit etki yapmamasıdır. Ayrıca kullanılan ekipman daha ucuz ve jel için gerekli örnek katkılarının hazırlanması da daha kolaydır (20, 156, 157, 158).

Elektroforetik tekniğin herhangi bir basit şekli ile genetik değişiklikler kolayca ortaya çıkarılabilmektedir.

Nişasta jel elektroforetik tekniği sayesinde gerçekleştirilen izoenzim analiz yöntemine ait elektroforesis cihazı Şekil 3 'de, şematik görünümü ise Şekil 4 'de verilmiştir. Elde edilen ve adına "Zimogram" denilen bant örnekleri ise karşılaştırma yöntemi ile değerlendirilir.

2.2.1.1. Örnek Hazırlama

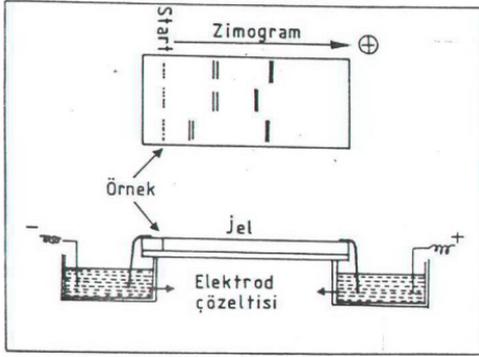
2.2.1.1.1. Materyal Seçimi

Elektroforesis tekniğinde materyal seçimi çok önemlidir. Zira bitkilerin çok değişik kısımları uygun şekilde ekstrakte edilerek elektroforesis tekniğinde yararlı bir şekilde kullanılabilir. Her çalışmada amaca yönelik olarak en uygun materyal seçilmelidir.

En çok kullanılan materyallerin başında tohum (çimlenmiş veya çimlenmekte olan) veya tohumun bir kaç bölümü gelmektedir. Bilindiği gibi tohum embriyo, endosperm ve kabuktan oluşmaktadır. Ayrıca bitkinin vegetatif organları (yaprak laminası, kök ucundaki terminal parçalar, hipokotil, kotiledon ve radikula gibi) da materyal olarak kullanılmaktadır. Bunlar arasında kotiledonlar, yeni çimlenen tohum ve fidecikler veya genç metabolik aktiviteye sahip yapraklar, yüksek enzim aktivitesi içerdiğinden istenildiğinde rahatlıkla materyal olarak kullanılabilir. Çok sık kullanılan bu tür materyallerden çok iyi sonuçlar alınmıştır. Aynı şekilde polenlerde enzim kaynağı bakımından zengin olup, çok kolay ekstrakte edilmeleri ile avantajlıdır (159).



Şekil 3. Elektroforesis Sisteminin Genel Görünümü



Şekil 4. Elektroforesis Sisteminin Şematik Görünümü

Koniflere ait orman ağaçlarında, genetik yapının belirlenmesinde enzimce zengin olan tohumun haploid makrogametofit (macrogametophyt) veya canlı embriyodan seçilmiş parçalar kullanıldığında genellikle iyi sonuç alınır. Aynı şekilde vejetatif kısımlarda uygun bir şekilde seçilirse verimli olur (158, 161).

İzoenzim analizleri için hangi materyal (organ) seçilirse seçilsin, benzer fizyolojik ve genetiksel şartlar içerisinde farklı kimyasal bileşim ve oranları kullanmak gereklidir. Bu yüzden çoğu zaman geniş bir literatür bilgisine ihtiyaç duyulur. Bitkinin farklı kısımları farklı izoenzimleri içerdiğinden elektriksel yükleride farklı olmaktadır.

Zimogramlar üzerindeki bantların görünür hale gelebilmesi için, bu bantlardaki gerçekte var olan genetik yoğunluğun değişik görüntüler şeklinde ortaya çıkması gerekir. Burada, tohumun saklanması, çimlendirilmesi, materyalin alındığı mevsim, gelişme durumu vb. etkili olmaktadır.

İğne yapraklı türlerde başarılı sonuçlar verdiği bilinen tohum materyalinin haploid makrogametofit (macrogametophyt) kısmı araştırmamızda da materyal olarak seçilmiştir. Endosperm haploid bir doku olduğundan, diploid dokularda ortaya çıkabilen, komplikasyonlar (hibrid enzim oluşumu gibi) bu dokuda oluşmamaktadır (149, 151).

2.2.1.1.2. Enzim Ekstraksiyonu

Amaca yönelik olarak değişik tampon ekstrakteleri kullanılmaktadır. Öncelikle materyalin ekstrakte edilmesi için hazır hale getirilmesi gerekir. Bunun için de taze tohumlar veya sukulent organlar gibi yumuşak materyallerde, çoğunlukla kullanılan en

uygun örnek hazırlama malzemeleri olarak, soğuk dökümlü bir havan (ezme kabı), havan tokmağı, tartı, kurutma kağıdı, emici kromatograf kağıdı, keskin bıçak vb. sayılabilir.

Enzim sistemi analizinde materyal seçimine uygun olarak, enzimlerin ekstraksiyonu için geliştirilmiş homojenizasyon tamponları kullanılır. Göz önünde tutulacak önemli bir konu ise materyal hacim oranlarına en uygun tampon çözeltinin ekstraksiyonda kullanılmasıdır.

Çalışmamızda materyal olarak seçilen endospermin ekstraksiyonunda kullanılan homojenizasyon tamponu, 100 ml. destile su + 970 mg. Tris-HCl ve 1 mg. PVP (polyvinylpyrrolidone), pH = 7.3 olarak alınmıştır (156, 159).

Embriyodan temizlenmiş olan endosperm homojenizasyon tamponu ile ekstrakte edilmiş daha sonrada Whatman No:1 kromatograf kağıdına emdirilmiştir.

2.2.1.2. Jel Hazırlama

İzoenzim bantlarının eşit olarak ayrılması ve net bir şekilde görülebilmesi için jelin amacına yönelik olarak hazırlanması gerekir. Bu nedenle jel hazırlanmada kullanılacak tampon çözelti, nişasta ve sakkaroz oranları ile elektrod tampon çözeltileri yanında jel pişirme metodu önem taşımaktadır. Ayrıca uygun tampon sisteminin seçimi de istenen sonucun alınmasında önemli bir kriterdir.

2.2.1.2.1. Tampon Çözeltilerinin Hazırlanması

Nişasta jel elektroforesis için geliştirilen tampon sistemleri 1960'lı yıllarda kullanılmaya başlanmış, 1970' lerde çeşitli bilim adamları tarafından geliştirilmişlerdir. Çoğunlukla hayvansal organlar üzerinde yürütülen çok sayıda araştırma sonucu formüle edilen tampon sistemleri, hem bitki ve hemde hayvanlar üzerinde değişik oranlarda uygulanmıştır. Başlangıçta bitki bilimleri için özellikle bir tampon sistemine gereksinim duyulmamıştır. Ancak 1970' li yıllardan sonra bitkilerdeki enzimlerin ayrıştırılmasında elektroforesis tekniğinin kullanımına girilmiş, bu anlamda bitkiler için uygulanabilecek bir çok tampon sistemi geliştirilmiştir. Değişik araştırmacılar, değişik allel, lokus yada organlar için çok geniş modifikasyonlar denemiş ve olumlu sonuçlara göre tampon sistemini yayınlamışlardır. Bu sistemler, kullanılan enzim sistemine, çalışılan tür veya türlere veya seçilen materyale göre en iyi sonucu verebilir. Bitki ve bitki grupları içerisinde uygulamaya yönelik olarak geliştirilen tampon sistemlerini değişik kombinasyonlarla da çoğaltmak mümkündür. Buradan hareketle elektroforesis tekniği ile izoenzim analizlerini yapacak araştırmacı çok sayıda problemlere karşı koymak, birçok tekniği kullanmak ve çok sayıda deneme yapmak zorundadır (20).

Ekstraksiyon tamponlarında olduğu gibi, elektroforetik tamponların (jel ve elektrod tamponu) optimizasyonu laboratuvarıda yapılacak deneysel çalışmalarla ancak sağlanabilir.

Çalışmamızda yapılan analizler Ashton and Braden ayırma sistemi kullanılarak gerçekleştirilmiştir(159, 162). Bu sistem için;

-Elektrod tamponu olarak; destile su +11.8 gr / l Borik asit +1.2 gr / lt Lityum hidroksit, pH=8.2,

- Jel tamponu olarak; 100 ml destile su + 6.4 gr / lt Tris HCl + 2.0 gr/l Sitrik asit + % 10 elektrod tamponu, pH=8.2 kullanılmıştır.

2.2.1.2.2. Nişasta Jelinin Hazırlanması

Elektroforetik kalite ve pişirmede kullanılan malzeme içerik miktarlarına göre değişik olabilmektedir. Bundan dolayıdır ki genellikle en uygun nişasta ve ortam önceden yapılan çalışmalar ve kurulacak denemelerle ortaya konulmalıdır. Gel hazırlamada genellikle nişastanın % 10-12 'lik oranları kullanılır. Bazı durumlarda bu oran % 9' a düşürülebileceği gibi, % 14' e de çıkarılabilir. Sakkaroz ise % 3.5 oranında karışıma katılmaktadır. Burada şekerin en önemli görevi dayanıklılığa katkı vererek, elektriksel alanda akımın eşit dağılımı sağlayarak voltajı artırmasıdır (157, 159, 162).

Nişasta jelin hazırlanmasında , öncelikle suyun kaynama durumunda olması su banyosu sayesinde sağlanmış, aynı zamanda jel için gerekli olan malzemeler hazırlanmıştır. Bu aşamada 17.28 gr.nişasta + 3.6 gr şeker nuçe erlenine konmuştur. Önceden hazırlanan jel tampon çözeltisinden 150 ml, suyun kaynaması aşamasında nişasta ve şeker karışımının bulunduğu erlene dökülerek pişirme işlemine geçilmiştir. Jel 10-15 dakika kadar kaynar su içerisinde, sürekli karıştırılmak suretiyle pıhtılaşmaması sağlanarak pişirilmiş, 10-15 dakika kadar da üzeri kapalı olarak kaynamaya bırakılarak kıvamına kavuşması sağlanmıştır (162).

Hazır hale gelen jel, havası alınmak suretiyle jel kalıbına süzgeç yardımıyla dökülmüştür. Jel kalıbında katılaşmaya kadar (35-40 dakika arasında) enzim ekstraksiyonları hazır hale getirilmiştir.

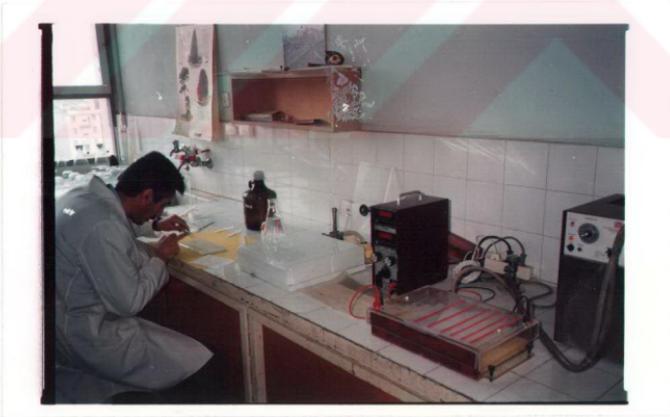
2.2.1.3. Elektroforesis Tekniği

Hidrolize olmuş nişasta jeli, 2 - 3 cm kadar katot tarafından düzgün bir şekilde keskin bıçakla kesilerek, homojenizasyon sonucu elde edilen ve Whatman No 1 kromotoğrafi kağıdına emdirilen doku ekstraktları (izoenzimler) jele uygulanmıştır (Şekil 5). Kromotoğraf kağıdının boyutları, jel kalıbının ebadına bağlı olarak 5-6 mm boyunda ve 4-5 mm. genişliğinde alınmıştır. Enzim hareketinin izlenebilmesi amacıyla mürekkebli bir

filtre kağıdı kontrol olarak bir kenarda jele uygulanmıştır. Jelin alt kenarı ile jel kalıbı arasında ortaya çıkabilecek hava kabarcıklarının olmamasına özen gösterilerek enzim ekstrakteleri yerleştirilmiş jel çalıştırılmak üzere elektroforesis cihazına yerleştirilmiştir. Elektrod tampon çözeltileri ile jel arasındaki bağlantı iletken bez yardımıyla sağlandıktan sonra elektroforesis sistemine akım verilmiştir. Elektroforetik koşma boyunca jelin sabit bir sıcaklıkta tutulması gerekir. Bu değer 2-5 derece arasında değişmekle birlikte, çalışmamızda + 3 derecede tutulmuştur .

Elektroforesis sisteminin çalıştırılmasında uygulanacak elektriksel güç değerleri (volt ve amper) Kephart 'a göre 80-400 volt (7-17 watts) ve 15-75 ma. (miliamper) arasındadır (156, 159). Çalışmamızda cihaza elektrik akımı verilmiş ve oluşan elektriksel alanda 46 ma. (miliamper) sabit olmak üzere enzim karışımları 3-5 saat süreyle koşturulmuştur. Akım jel içerisinde seyredeceğinden, negatif yükü yüklenmiş olan izoenzimler jel içerisinde anot istikametine doğru hareket ederler. Elektroforetik işlem bitince jel içerisinde izoenzimler dağılmış olurlar. Ortamın viskozitesi fazla olduğundan akım kesildiğinde bunların birbirine karışması önleneceğinden, akım nedeniyle nerelere kadar koşmuşlarsa oralarda kalırlar (151).

T.C. YÜKSEKÖĞRETİM KURULU
BOKÜMANTASYON MERKEZİ



Şekil 5. Ekstrakte Olmuş Araştırma Materyalinin Jele Uygulanması

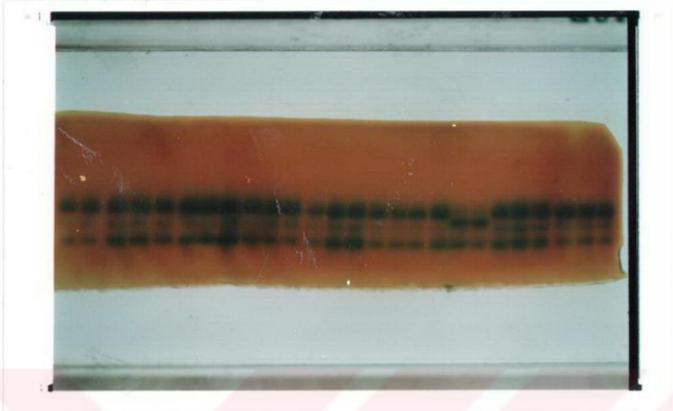
2.2.1.4. Kesme ve Boyama (Renklendirme)

2.2.1.4.1. Jelin Kesilmesi

Elektroforesis olayından, yani koşma işlemi tamamlandıktan sonra jel cihazdan alınarak kenarlarındaki fazlalıklar ve üstten ince bir dilim kesilip atılır. Katodal aktivitenin (katot yönünde koşma) olup olmadığı önceden ispatlanmadıkça bu kısım atılmamalı, boyama işlemine tabii tutulmalıdır. Ladin türlerine yönelik yapılan literatür çalışmalarında katot yönünde koşma olmadığından kesilen kısım atılmış, boyama işlemine tabii tutulmamıştır. Ayrıca jel kesilmeden önce doğru yön tayini yapılabilsin diye bir köşeden kesilerek işaretlenmiştir. Jeli dilimleme amacıyla yapılmış olan ve boydan boya yatay olarak geçirilmiş olan tel yada naylon telle jel dilimlere ayrılmıştır. Jel diliminin kalınlığı amaca ve laboratuvar tekniğine göre değişmekle beraber genelde 1-3 mm kalınlığındadır (156, 162). Çalışmamızda ince bir dilim kesilip atıldıktan sonra 2-3 mm kalınlığında bir dilim ters çevrilerek GOT enzimi için, önceden hazırlanmış olan ön tampon (50 ml / musluk suyu) küvetine konulmuş ve 10-15 dakika burada bekletilmiştir. Yaklaşık 1 mm kalınlığında olan diğer kısım ise olduğu gibi LAP enzimi için, yine önceden hazırlanmış olan ön tampon (50 ml saf su) küvetine konularak yaklaşık 10 dakika kadar burada bekletilmiştir.

2.2.1.4.2. Boyama Tampon Çözeltilerinin Hazırlanması

Örnek olarak hazırlanan ekstraksiyon, bitki dokularında bulunan bütün maddeleri içermektedir. Bunun için renklendirme aşamasında yalnızca izoenzimlerin görünür olmaları gerekmektedir. Bu nedenle, elektroforesis olayından sonra ikinci önemli adım, jel içerisindeki izoenzimlerin özel olarak renklendirilmeleridir. Bu aşamada önemli olan enzim tiplerinin izoenzimleri özel gıdaları olan reaksiyon partnerlerini alarak kimyasal değişim yaparlar, ancak değişmezler. Bu maddeyi alan reaksiyon çözeltisi jeli yıkar ve böylece jel içerisinde dağılır. Enzim ise, makromoleküler olarak jel içerisinde sabit olarak kalır. Aranan enzimlerin buldukları jel alanında, enzimler vasıtasıyla katalize edilen reaksiyonlar oluşmaktadır. Bunlardan biri ile bağlantıya giren renklendirme reaksiyonu beyaz-opak renkli jeli renkli çizgiler halinde boyayarak izoenzim bantlarını görünür hale sokar (Şekil 6).



Şekil 6. Enzim Bantlarının Görünümü (Zimogram)

Boyama tamponları sulu solüsyonlar olarak hazırlanmakta olup genellikle ışığa karşı hassastırlar. Bazıları ise hazırlandıktan sonra kolay bozulmaya başlarlar. Bu nedenle boyama tamponları jel kesildikten hemen sonra hazırlanmalı ve jele uygulanmalıdır.

Enzim bantlarını görünür hale getirmek için kullanılan boyama tamponu: GOT enzim bantları için 50 ml musluk suyu, 120 mg L. aspartic acid, 70 mg Oxaqulitaric acid, 110 mg Fast Blue BB, yaklaşık 5 mg Pyridoxal'dan oluşmakta, LAP enzim bantlarını ortaya çıkarmak için ise, 25 ml Tris-maleic acid, 25 ml destile su, 20 mg. L-Leucin, 20 mg. Fast Black K.Salt karışımı kullanılmıştır (156, 159, 162).

Boyama tamponu hazırlandıktan sonra jelin bulunduğu ön tampon uzaklaştırılarak, boyama çözeltisi ilave edilir ve enzim bantları (zimogram) görünür hale gelinceye kadar 37°C'de karanlık bir ortamda tutulur.

2.2.1.5. Enzim Bantlarının Yorumlanması

Jel elektroforesis olayından sonra boyama solusyonları sonucu enzim aktiviteleri görünür hale gelmektedir. Enzim bantlarının ortaya çıkışı genellikle, herbir örnek için bir veya birden fazla bant oluşumu ile olmaktadır. Bu aşamadan sonra enzim bantları daha önceden tespit edilen kriterler doğrultusunda protokol karnelerine işlenir.

Bu kriterler arasında;

-Genlerin lokus miktarları

-Her lokustaki allel durumları (homozigot veya heterozigot) sayılabilir. Buradan hareketle genetik yapıya ilişkin istenen veriler elde edilir.

2.2.2. Matematik-İstatistik Analizler

Orman ağacı popülasyonlarının genetik yapılarını belirlemek için yapılan çalışmalar incelendiğinde kullanılan matematik - istatistik yöntemler birbirinden bazı farklılıklar içermektedir.

Gen çeşitliliğinin belirlenmesi için; her lokusta beklenen heterozigosity oranı (H_e), her lokustaki ortalama allel sayısı (A), polimorfik lokus yüzdesi (P) ve her lokustaki etkili allel sayısı yani çeşitlilik ($N_e = V_p$) değerlerinin bilinmesi yeterli olmaktadır. Aynı şekilde popülasyonlar arası genetik farklılaşmanın derecesi, gen çeşitliliğinin analizi ve popülasyonlar arası genetik mesafenin bilinmesi önerilmektedir. Gen çeşitliliğinin analizinde ise, toplam gen çeşitliliği (H_t), popülasyonlar içi (H_s) ve popülasyonlar arası (D_{st}) genetik çeşitlilik ile genetik farklılaşmanın derecesi olan (G_{st}) değerlerinin ortaya konması gerekmektedir (37).

Genetik çeşitliliğin belirlenmesi için; polimorfik lokus yüzdesi, her lokustaki ortalama allel sayısı, beklenen ve gözlemlenen heterozigosity değerleri ile genetik mesafenin hesaplanması (70).

Bir başka çalışmada genetik varyasyonun belirlenmesinde farklı içeriklerde bir çok yöntemden söz edilerek, tüm yöntemler içerisinde en yaygın kullanılan kriterlerdeki hareket noktasının, allel frekansları olduğu belirtilmektedir (18). Müller'e göre genetik varyasyonun belirlenmesinde aşağıdaki bilgilere gereksinim vardır.

-Popülasyon içi varyasyon için, heterozigosity değeri, her lokustaki ortalama allel sayısı ve polimorfik lokus yüzdesi,

-Popülasyonlar arası varyasyon için genetik farklılaşma derecesi (G_{st}) (18),

Genetik varyasyonun belirlenmesine yönelik değişkenlik (varyant) miktarı, değişikliklere ait frekans dağılımı, varyantlardaki farklılaşma derecesi gibi parametreler bazı genetik varyantlarla ilişkilendirilerek, genler, gen lokuslarındaki alleller, tek lokus genotipleri, çok lokus genotiplerinin tesbiti gibi kriterlerden hareketle;

- Genetik yapı,

- Genetik çeşitlilik ve

- Genetik mesafe değerlerinin hesaplanması şeklinde açıklanmaktadır (163).

3. BULGULAR

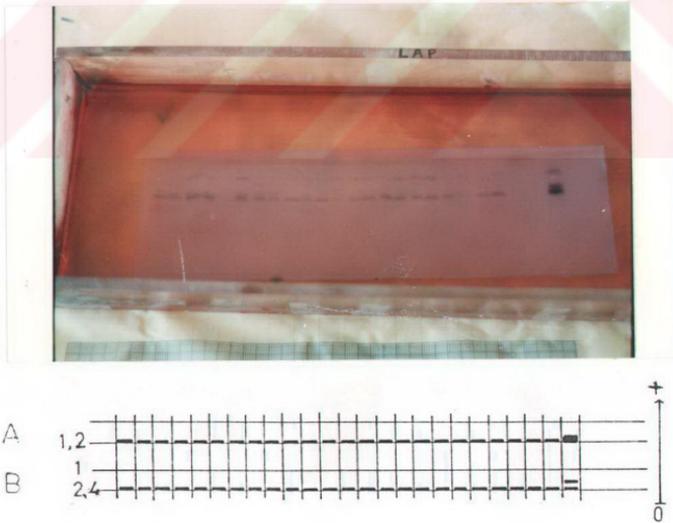
3.1. LAP Enzimine Ait Bulgular

3.1.1. Populasyonlara Ait Zimogramlar

Denemeye alınan toplam 26 *Picea orientalis* (L.) Link. populasyonunda LAP (Leucine Aminopeptidase) izoenzimi belirlenmiştir. LAP enzim sistemi iki lokus (LAP-A, LAP-B) tarafından kontrol edilen iki aktif zondan oluşmaktadır.

LAP-A' da iki allel tipi (A1 ve A2 allel tipleri), LAP-B' de ise dört allel tipi (B1, B2, B3 ve B4 allel tipleri) belirlenmiştir. Bunlar arasında B4 alleli çift banttandır. B1, B2 ve B3 allelleri tek banttandır. LAP-A' daki A1 alleli ince (zayıf) ve soluk bant şeklinde iken A2 alleli kalın ve koyu bant olarak gözlenmiştir.

LAP enziminde endosperm kullanılarak belirlenen lokuslardaki allellerin tüm populasyonlarda ortaya çıkan zimogramları Şekil 7 'de şematik olarak verilmiştir. İzoenzim bantlarının görünür hale gelmiş durumu Şekil 8 'de gösterilmiştir.



Şekil 8. Doğu Ladınınde LAP Enziminin İzoenzim Bantları ve Şematik Görünümü

LOKUS	POPULASYONLAR										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
LAP-A	1 1 2 1	1 1 2 1	1 1 2 1	1 1 2 1	1 1 2 1	1 1 2 1	1 1 2 1	1 2 1 1	1 1 1	1 1 1 1	1 1 1 1
LAP-B	1 2 2 4	1 2 2 3	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4

LOKUS	POPULASYONLAR										
	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
LAP-A	2 1 1 1	1 1 2 1	1 1 2 1	1 2 1 1	1 2 1 1	1 1 2 1	1 1 2 1	1 1 1 1	1 1 1 1	1 2 1 1	1 1 1 1
LAP-B	1 2 4 2	1 2 2 3	1 2 4 2	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4	1 2 2 4

LOKUS	POPULASYONLAR	
	23	25
LAP-A	1 1 2 1	1 1 2 1
LAP-B	1 2 2 4	1 2 2 4

Şekil 7. LAP Enziminde Belirlenen Gen Lokuslarındaki Allellerin Şematik Olarak Gösterimi

3.1.2. Allel Frekansları Dağılımı

Laboratuvar analizleri sonucu LAP enziminde belirlenen allel (izoenzim allelleri) frekansları GSED programına göre hesaplanarak Tablo 2 'de verilmiştir.

Tablo 2. LAP Enziminde Belirlenen Enzim Lokuslarına İlişkin Allel Frekansları Dağılımı

Sıra No	Deneme Alanları (Orijin)	Kod No	Enzim		Lokusları			
			LAP - A		LAP - B			
			Allel		Frekansları			
		A1	A2	B1	B2	B3	B4	
1	Ordu-Çambaşı	A-II	0.900	0.100	0.100	0.600	0.000	0.300
2	Ordu-Çambaşı	A-III	0.900	0.100	0.200	0.600	0.200	0.000
3	Ordu-Çambaşı	A-IV	1.000	0.000	0.050	0.750	0.000	0.200
4	Giresun-Dereeli	B-II	0.950	0.050	0.000	0.250	0.150	0.600
5	Giresun-Dereeli	B-III	0.900	0.100	0.000	0.725	0.000	0.275
6	Giresun-Dereeli	B-IV	0.800	0.200	0.000	0.800	0.000	0.200
7	Trabzon-Karadağ	C-III	0.900	0.100	0.000	0.850	0.000	0.150
8	Trabzon-Karadağ	C-IV	0.850	0.150	0.050	0.800	0.000	0.150
9	Trabzon-Maçka	D-I	1.000	0.000	0.000	0.450	0.000	0.550
10	Trabzon-Maçka	D-II	1.000	0.000	0.000	0.850	0.100	0.050
11	Trabzon-Maçka	D-III	1.000	0.000	0.200	0.500	0.000	0.300
12	Trabzon-Maçka	D-IV	0.900	0.100	0.050	0.650	0.050	0.250
13	Trabzon-Çaykara	E-III	0.950	0.050	0.000	0.650	0.100	0.250
14	Trabzon-Çaykara	E-IV	0.900	0.100	0.150	0.500	0.250	0.100
15	Rize-İkizdere	F-IV	0.950	0.050	0.050	0.700	0.000	0.250
16	Rize-Çamlıhemşin	G-III	0.850	0.150	0.050	0.650	0.000	0.300
17	Rize-Çamlıhemşin	G-IV	0.900	0.100	0.100	0.450	0.100	0.350
18	Rize-Çamlıhemşin	G-V	0.950	0.050	0.050	0.750	0.050	0.150
19	Torul-Kürtün	H-II	1.000	0.000	0.000	0.750	0.100	0.150
20	Torul-Kürtün	H-III	1.000	0.000	0.100	0.750	0.000	0.150
21	Torul-Örümcek	I-III	0.800	0.200	0.100	0.600	0.050	0.250
22	Torul-Örümcek	I-IV	1.000	0.000	0.100	0.650	0.000	0.250
23	Artvin-Atıla	J-II	0.950	0.050	0.000	0.750	0.100	0.150
24	Artvin-Taşlıca	J-III	0.900	0.100	0.000	0.300	0.300	0.400
25	Artvin-Taşlıca	J-IV	0.950	0.050	0.050	0.700	0.100	0.150
26	Artvin-Zeytinlik	J-V	0.950	0.050	0.050	0.850	0.000	0.100
	ORTALAMA		0.920	0.071	0.056	0.649	0.063	0.232

Tablo 2 değerleri incelendiğinde populasyonlarda bazı allel frekanslarının yüksek olduğu, bazı allellerin ise nadiren gözüktüğü ve bazı allellerinde bazı populasyonlarda hiç bulunmadığı anlaşılmaktadır.

Tablo değerlerine göre, A1 alleli denemeye alınan tüm populasyonlarda hakim durumda tespit edilirken, A2 alleli 9, 10, 11, 19, 20 ve 22 nolu populasyonlarda ortaya çıkmamıştır. Yine benzer şekilde B2 alleli tüm populasyonlarda belirlenirken, B1, B3 ve B4 allelleri bazı populasyonlarda gözlemlenmiştir.

3.1.3. Populasyon İçi Genetik Varyasyon

Populasyon içi genetik varyasyonun belirlenmesine yönelik olarak elde edilen verilerin başında; her enzim lokusundaki allellerin fark etkileşim oranı, yani çeşitlilik değeri (V_p), herbir populasyon içinde oluşan farklar toplamı (δt) ile populasyon boyutlarının benzerliğini (homojenitesini) belirleyen gerçek eşitlik (benzerlik) değerinin (e) bilinmesi gerekmektedir. GSED programı kullanılarak ilgili veriler (1) ve (2) nolu formüllere göre, tüm populasyonlar için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Buna göre elde edilen değerler Tablo 3 'de verilmiştir.

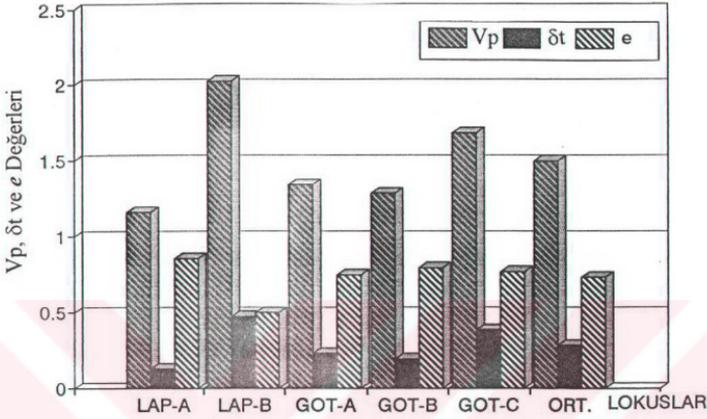
Tablo 3. LAP Enzim Sisteminde Populasyon İçi Varyasyona Ait Değerler

Sıra No	Deneme Alanı (Orijin)	Kod No	Çeşitlilik (V_p)			Fark Toplamı (δt)			Gerçek Homojenite (e)	
			LAP A	LAP B	Ort.	LAP A	LAP B	Ort.	LAP A	LAP B
1	O-Çambaşı	A-II	1.220	2.174	1.697	0.182	0.547	0.365	0.800	0.600
2	"	A-III	1.220	2.273	1.746	0.182	0.567	0.375	0.800	0.467
3	"	A-IV	1.000	1.653	1.826	0.000	0.400	0.200	1.000	0.500
4	G-Dereci	B-II	1.105	2.247	1.690	0.096	0.562	0.329	0.900	0.500
5	"	B-III	1.220	1.663	1.442	0.182	0.404	0.293	0.800	0.550
6	"	B-IV	1.471	1.471	1.471	0.324	0.324	0.324	0.600	0.600
7	T-Karadağ	C-III	1.220	1.342	1.281	0.182	0.258	0.220	0.800	0.700
8	"	C-IV	1.342	1.504	1.423	0.258	0.339	0.299	0.700	0.600
9	T-Maçka	D-I	1.000	1.980	1.490	0.000	0.501	0.251	1.000	0.900
10	"	D-II	1.000	1.361	1.181	0.000	0.268	0.134	1.000	0.700
11	"	D-III	1.000	2.632	1.816	0.000	0.628	0.314	1.000	0.667
12	"	D-IV	1.220	2.041	1.631	0.182	0.516	0.349	0.800	0.500
13	T-Çaykara	E-III	1.105	2.020	1.368	0.096	0.511	0.304	0.900	0.500
14	"	E-IV	1.220	2.899	2.060	0.182	0.663	0.845	0.800	0.500
15	R-İkizdere	F-IV	1.105	1.802	1.454	0.096	0.451	0.274	0.900	0.500
16	R-Ç.hemşin	G-III	1.342	1.942	1.642	0.258	0.491	0.374	0.700	0.600
17	"	G-IV	1.220	2.899	2.060	0.182	0.663	0.423	0.800	0.600
18	"	G-V	1.105	1.695	1.400	0.096	0.415	0.256	0.900	0.500
19	T-Kürtün	H-II	1.000	1.681	1.341	0.000	0.410	0.205	1.000	0.500
20	"	H-III	1.000	1.681	1.341	0.000	0.400	0.200	1.000	0.500
21	T-Örümcek	I-III	1.471	2.299	1.885	0.324	0.572	0.448	0.600	0.500
22	"	I-IV	1.000	2.020	1.510	0.000	0.511	0.256	1.000	0.500
23	A-Atilla	J-II	1.105	1.681	1.393	0.096	0.410	0.253	0.900	0.500
24	A-Taşlıca	J-III	1.220	2.941	2.081	0.182	0.668	0.425	0.800	0.867
25	"	J-IV	1.105	1.905	1.505	0.096	0.481	0.286	0.900	0.400
26	A-Zeytinlik	J-V	1.105	1.361	1.233	0.096	0.268	0.182	0.900	0.700
Ort			1.159	1.968	1.564	0.127	0.471	0.299	0.857	0.575

Tablo değerleri incelendiğinde, enzim lokuslarındaki etkili allel sayıları (V_p) ile farklar toplamı (δt) değerleri arasında bir ilişkinin olduğu anlaşılmaktadır. Nitekim LAP-A'da genetik çeşitlilik (etkili allel sayısı) değerinin 1.000 'a eşit olması durumlarında populasyonlardaki farklar toplamı sıfır (0.000) olmaktadır. Aynı şekilde homojenite bakımından da etkili allel sayısı, farklar toplamı arasında bir ilişki vardır. Homojenite

değerinin 0.000-1.000 arasında olduğu dikkate alınırsa, fark toplamı (δt)'nın =0.000 olması halinde homojenite değeri 1.000, yani homojen bir yapı göstermektedir.

LAP ve GOT enzimlerinde belirlenen lokuslardaki V_p , δt ve e değerleri Şekil 9 'da grafiksel olarak gösterilmiştir.



Şekil 9. Populasyon İçi Varyasyona İlişkin Verilerin Grafiksel Anlatımı

Şekil 9 'da enzim lokuslarındaki V_p ve δt değerleri arasındaki ilişki daha açık olarak görülmektedir. Yani etkili allel sayısı veya çeşitlilik değerinin (V_p) maksimum olduğu durumlarda, populasyonlardaki fark toplam değeri olan δt 'de maksimum olmaktadır. Aynı şekilde homojenite değeri de çeşitlilik değeri ile farklar toplamına bağlı olarak değişmektedir.

3.1.4. Populasyonlar Arası Genetik Varyasyonlar

Herhangi bir tür veya populasyonun genetik yapısının belirlenmesinde en önemli kriter araştırılan türler veya populasyonlar arasındaki genetik mesafedir. Bununla beraber bazı araştırmacılar ise, belirlenen allel frekanslarının homogenetik test sonuçlarına göre karşılaştırılması ile de farklılığın önemli olup-olmadığını test etmektedirler. Araştırmamızda her iki kritere göre değerlendirme yapılmıştır.

3.1.4.1. Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler

Genetik mesafe değeri 0.000 - 1.000 arasında olup, $d_o = 0.000$ olması durumunda populasyonlar arasında farklılık yok, $d_o = 1.000$ durumunda ise populasyonlar arasında farklılık var demektir. Buradan hareketle LAP-A ve LAP-B enzim lokusları için 26 Doğu Ladini populasyonu arasındaki genetik mesafe değerleri (4) nolu formüle göre, hesaplanarak Tablo 4 ve Tablo 5 'de ayrı ayrı verilmiştir.

Tablo 4. LAP-A Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arasındaki Genetik Mesafeler

Pop.No	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	-												
2	0.000	-											
3	0.100	0.100	-										
4	0.050	0.050	0.050	-									
5	0.000	0.000	0.100	0.050	-								
6	0.100	0.100	0.200	0.150	0.100	-							
7	0.000	0.000	0.100	0.050	0.000	0.100	-						
8	0.050	0.050	0.150	0.100	0.050	0.050	0.050	-					
9	0.100	0.100	0.000	0.050	0.100	0.200	0.100	0.150	-				
10	0.100	0.100	0.000	0.050	0.100	0.200	0.100	0.150	0.000	-			
11	0.100	0.100	0.000	0.050	0.100	0.200	0.100	0.150	0.000	0.000	-		
12	0.000	0.000	0.100	0.050	0.000	0.100	0.000	0.050	0.100	0.100	0.100	-	
13	0.050	0.050	0.050	0.000	0.050	0.150	0.050	0.100	0.050	0.050	0.050	0.050	-
14	0.000	0.000	0.100	0.500	0.000	0.100	0.000	0.050	0.100	0.100	0.100	0.000	0.050
15	0.050	0.050	0.050	0.000	0.050	0.150	0.050	0.100	0.050	0.050	0.050	0.050	0.000
16	0.050	0.050	0.150	0.100	0.050	0.050	0.050	0.000	0.150	0.150	0.150	0.050	0.100
17	0.000	0.000	0.100	0.050	0.000	0.100	0.000	0.050	0.100	0.100	0.100	0.000	0.050
18	0.050	0.050	0.050	0.000	0.050	0.150	0.050	0.100	0.050	0.050	0.050	0.050	0.000
19	0.100	0.100	0.000	0.050	0.100	0.200	0.100	0.150	0.000	0.000	0.000	0.100	0.050
20	0.100	0.100	0.000	0.050	0.100	0.200	0.100	0.150	0.000	0.000	0.000	0.100	0.050
21	0.100	0.100	0.200	0.150	0.100	0.000	0.100	0.050	0.200	0.200	0.200	0.100	0.150
22	0.100	0.100	0.000	0.050	0.100	0.200	0.100	0.150	0.000	0.000	0.000	0.100	0.050
23	0.050	0.050	0.050	0.000	0.050	0.150	0.050	0.100	0.050	0.050	0.050	0.050	0.000
24	0.000	0.000	0.100	0.050	0.000	0.100	0.000	0.050	0.100	0.100	0.100	0.000	0.050
25	0.050	0.050	0.050	0.000	0.050	0.150	0.050	0.100	0.050	0.050	0.050	0.050	0.000
26	0.050	0.050	0.050	0.000	0.050	0.150	0.050	0.100	0.050	0.050	0.050	0.050	0.000

Pop.No	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
15	0.050	-											
16	0.050	0.100	-										
17	0.000	0.050	0.050	-									
18	0.050	0.000	0.100	0.050	-								
19	0.100	0.050	0.150	0.100	0.050	-							
20	0.100	0.050	0.150	0.100	0.050	0.000	-						
21	0.100	0.150	0.050	0.100	0.150	0.200	0.200	-					
22	0.100	0.050	0.150	0.100	0.050	0.000	0.000	0.200	-				
23	0.050	0.000	0.100	0.050	0.000	0.050	0.050	0.150	0.050	-			
24	0.000	0.050	0.050	0.000	0.050	0.100	0.100	0.100	0.050	0.050	-		
25	0.050	0.000	0.100	0.050	0.000	0.050	0.050	0.150	0.050	0.000	0.050	-	
26	0.050	0.000	0.100	0.050	0.000	0.050	0.050	0.150	0.050	0.000	0.050	0.000	-

Tablo 5 . LAP-B Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arasındaki Genetik Mesafeler

Pop.No	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
2	0.300	-											
3	0.150	0.350	-										
4	0.450	0.600	0.550	-									
5	0.125	0.400	0.075	0.475	-								
6	0.200	0.400	0.050	0.550	0.075	-							
7	0.250	0.400	0.100	0.600	0.125	0.050	-						
8	0.200	0.350	0.050	0.600	0.125	0.050	0.050	-					
9	0.250	0.550	0.350	0.200	0.275	0.350	0.400	0.400	-				
10	0.350	0.300	0.200	0.600	0.225	0.150	0.100	0.150	0.500	-			
11	0.100	0.300	0.250	0.450	0.225	0.300	0.350	0.300	0.250	0.450	-		
12	0.100	0.300	0.100	0.450	0.100	0.150	0.200	0.150	0.300	0.250	0.200	-	
13	0.150	0.300	0.150	0.400	0.100	0.150	0.200	0.200	0.300	0.200	0.250	0.050	-
14	0.300	0.150	0.350	0.500	0.400	0.400	0.400	0.350	0.450	0.350	0.250	0.300	0.300
15	0.100	0.350	0.050	0.500	0.050	0.100	0.150	0.100	0.300	0.250	0.200	0.050	0.100
16	0.050	0.350	0.100	0.450	0.075	0.150	0.200	0.150	0.250	0.300	0.150	0.050	0.100
17	0.150	0.350	0.300	0.300	0.275	0.350	0.400	0.350	0.200	0.400	0.150	0.200	0.200
18	0.200	0.300	0.050	0.550	0.125	0.100	0.100	0.050	0.400	0.150	0.300	0.100	0.150
19	0.250	0.300	0.100	0.500	0.125	0.100	0.100	0.100	0.400	0.100	0.350	0.150	0.100
20	0.150	0.300	0.050	0.600	0.125	0.100	0.100	0.050	0.400	0.200	0.250	0.150	0.200
21	0.050	0.250	0.150	0.450	0.150	0.200	0.250	0.200	0.300	0.300	0.150	0.050	0.100
22	0.050	0.300	0.100	0.500	0.100	0.150	0.200	0.150	0.300	0.300	0.150	0.050	0.100
23	0.250	0.300	0.100	0.500	0.125	0.100	0.100	0.100	0.400	0.100	0.350	0.150	0.100
24	0.400	0.500	0.500	0.200	0.425	0.500	0.550	0.550	0.300	0.550	0.400	0.400	0.350
25	0.200	0.250	0.100	0.500	0.150	0.150	0.150	0.100	0.400	0.150	0.300	0.100	0.100
26	0.250	0.350	0.100	0.650	0.175	0.100	0.050	0.050	0.450	0.100	0.350	0.200	0.250

Pop.No	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
15	0.350	-											
16	0.350	0.050	-										
17	0.250	0.250	0.200	-									
18	0.250	0.100	0.150	0.300	-								
19	0.300	0.150	0.200	0.300	0.050	-							
20	0.300	0.100	0.150	0.300	0.050	0.100	-						
21	0.250	0.100	0.100	0.150	0.150	0.200	0.150	-					
22	0.300	0.050	0.050	0.200	0.150	0.200	0.100	0.050	-				
23	0.300	0.150	0.200	0.300	0.050	0.000	0.100	0.200	0.200	-			
24	0.350	0.450	0.400	0.250	0.500	0.450	0.550	0.400	0.450	0.450	-		
25	0.250	0.100	0.150	0.250	0.050	0.050	0.100	0.150	0.150	0.050	0.450	-	
26	0.350	0.150	0.200	0.400	0.100	0.150	0.100	0.250	0.200	0.150	0.600	0.150	-

Tablo 4 ve Tablo 5 incelendiğinde LAP-A ve LAP-B enzim lokuslarına göre bazı populasyonlar arasında yüksek oranda fark olmasına karşılık, bazı populasyonlar arasında ise farklılık bulunamamıştır. Tablo 4 'deki LAP-A enzim lokusuna göre populasyonlar arasındaki ortalama genetik mesafe değeri çok düşük (0.056) iken, Tablo 5 'deki LAP-B değerlerinde ise genetik mesafe değeri (0.2348) daha yüksek çıkmıştır.

3.1.4.2 . Homogenetik Test

Homogenetik test, herbir populasyonda enzim lokuslarına göre allellerin dağılımını test etmektedir. Burada olması gereken yani beklenen değer ile gözlemlenen (hesaplanan) değerlerin allel çeşitlerine göre dağılımı, χ^2 ve olasılık (G) hesabı ile kontrol edilmiştir. Buna göre LAP-A ve LAP-B enzim lokuslarında elde edilen homogenetik test sonuçlarına ait χ^2 ve olasılık testi sonuçları Tablo 6 ' da verilmiştir.

Tablo 6. LAP-A ve LAP-B Enzim Lokusları İçin χ^2 ve G Testi Sonuçları

LOKUS	Test İstatistik		Önem Düzeyi	χ^2 Tablo	Serbestlik Derecesi
	χ^2	G			
LAP-A	109.988	133.673	0.050	37.652	25
			0.010	44.314	
			0.001	52.620	
LAP-B	595.733	621.991	0.050	96.217	75
			0.010	106.393	
			0.001	118.599	

Tablo değerlerine göre LAP enzim sisteminde belirlenen allellerin gözlemlenen ve beklenen arasındaki ilişki 0.05, 0.01 ve 0.001 önem düzeyinde anlamlı bulunmuştur.

3.2. GOT Enzimine Ait Bulgular

3.2.1. Populasyonlara Ait Zimogramlar

Denemeye alınan 26 *Picea orientalis* L. Link. populasyonunda GOT (Glutamate Oxalacetate Transaminase) izoenzimi belirlenebilmiştir. Analizler sonucu GOT enziminde ortaya çıkan zimogram (enzim bantları) 3 enzim lokusundan oluşmakta olup, bunlar GOT-A, GOT-B ve GOT-C olarak isimlendirilmiştir.

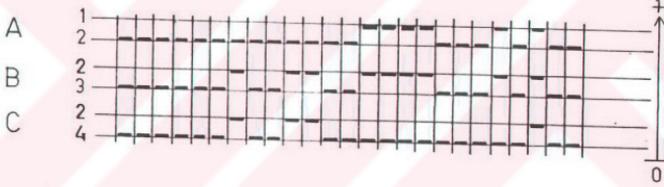
GOT-A da 3 allel (A1, A2, A3), GOT-B' de 3 allel (B2, B3, B5) ve GOT-C' de 2 allel (C2, C4) tipi olmak üzere toplam 8 allel belirlenmiştir.

Laboratuvar analizleri sonucu GOT enzim sisteminde belirlenen gen lokuslarındaki allellerin tüm populasyonlarda ortaya çıkan zimogramları (enzim bantları) Şekil 10 'da şematik olarak verilmiştir. Ayrıca GOT enzim bantlarının boyama tamponu sonucu belirlenen görünümü ise Şekil 11 'de gösterilmiştir.

LOKUS	POPULASYONLAR												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
GOT A	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
GOT B	$\frac{2}{3}$	$\frac{2}{3}$											
GOT C	$\frac{2}{4}$	$\frac{2}{4}$											

LOKUS	POPULASYONLAR												
	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
GOT A	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
GOT B	$\frac{2}{3}$	$\frac{2}{3}$											
GOT C	$\frac{2}{4}$	$\frac{2}{4}$											

Şekil 10. GOT Enziminde Belirlenen Gen Lokuslarındaki Allellerin Şematik Olarak Gösterimi



Şekil 11. Doğu Ladininde GOT Enziminin İzoenzim Bantları ve Şematik Görünümü

3.2.2 .Allel Frekansları Dağılımı

GOT enziminde belirlenen allellerin frekansları popülasyonlara göre GSED programı ile hesaplanarak Tablo 7 'de verilmiştir.

Tablo değerlerine genel olarak bakıldığında, LAP enziminde olduğu gibi bazı allel frekanslarının yüksek olduğu, bazı allellerin ise nadiren gözüktüğü ve bazı allellerin de bazı popülasyonlarda hiç bulunmadığı anlaşılmaktadır. Örneğin A2, B3 ve C4 allelleri denemeye sokulan tüm popülasyonlarda gözlemlenirken; A1, A3, B2, B5 ve C2 allelleri bazı popülasyonlarda bulunamamıştır.

Tablo 7. GOT Enziminde Belirlenen Enzim Lokuslarına İlişkin Allel Frekansları Dağılımı

Sıra No	Deneme Alanı (Orijin)	Kod No	Enzim Lokusları							
			GOT - A			GOT - B			GOT - C	
			Allel					Frekansları		
			A1	A2	A3	B2	B3	B5	C2	C4
1	O-Çambaşı	A-II	0.200	0.800	0.000	0.000	1.000	0.000	0.650	0.350
2	"	A-III	0.100	0.900	0.000	0.050	0.800	0.150	0.850	0.150
3	"	A-IV	0.150	0.700	0.150	0.000	1.000	0.000	0.750	0.250
4	G-Dereci	B-II	0.050	0.750	0.200	0.000	0.950	0.050	0.200	0.800
5	"	B-III	0.100	0.900	0.000	0.150	0.850	0.000	0.200	0.800
6	"	B-IV	0.000	1.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	1.000
7	T-Karadağ	C-III	0.050	0.950	0.000	0.050	0.800	0.150	0.900	0.100
8	"	C-IV	0.000	0.850	0.150	0.000	0.850	0.150	0.600	0.400
9	T-Maçka	D-I	0.100	0.850	0.050	0.150	0.800	0.050	0.500	0.500
10	"	D-II	0.000	0.900	0.100	0.000	1.000	0.000	0.200	0.800
11	"	D-III	0.150	0.850	0.000	0.150	0.750	0.100	0.400	0.600
12	"	D-IV	0.100	0.850	0.050	0.150	0.800	0.050	0.500	0.500
13	T-Çaykara	E-III	0.150	0.750	0.100	0.150	0.800	0.050	0.650	0.350
14	"	E-IV	0.550	0.450	0.000	0.550	0.450	0.000	0.500	0.500
15	R-İkizdere	F-IV	0.000	1.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	1.000
16	R-Ç.Hemşin	G-III	0.050	0.950	0.000	0.050	0.950	0.000	0.250	0.750
17	"	G-IV	0.000	0.850	0.150	0.000	1.000	0.000	0.150	0.850
18	"	G-V	0.000	0.950	0.050	0.000	1.000	0.000	0.650	0.350
19	T-Kürtün	H-II	0.200	0.800	0.000	0.000	0.950	0.050	0.200	0.800
20	"	H-III	0.000	0.900	0.100	0.050	0.900	0.050	0.550	0.450
21	T-Örümcek	İ-III	0.150	0.850	0.000	0.100	0.900	0.000	0.600	0.400
22	"	İ-IV	0.100	0.900	0.000	0.150	0.850	0.000	0.350	0.650
23	A-Atilla	J-II	0.025	0.975	0.000	0.025	0.975	0.000	0.475	0.525
24	A-Taşlıca	J-III	0.250	0.750	0.000	0.150	0.850	0.000	0.600	0.400
25	"	J-IV	0.175	0.855	0.000	0.175	0.825	0.000	0.425	0.575
26	A-Zevtinlik	J-V	0.050	0.950	0.000	0.225	0.775	0.000	0.325	0.675
Ort.			0.104	0.854	0.042	0.089	0.878	0.033	0.441	0.559

3.2.3 Populasyon İçi Genetik Varyasyon

Populasyon içi genetik varyasyonların belirlenmesinde LAP enzim lokuslarında olduğu gibi çeşitlilik (V_p) değeri tüm populasyonlar için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Her populasyon içinde oluşan farklar toplamı (δt) ile homojeniteyi belirleyen gerçek eşitlik (benzerlik) değerleri (e) GSED programına göre bulunmuştur. Yapılan hesaplamalar sonucu elde edilen veriler Tablo 8 ' de verilmiştir.

Tablo 8. GOT Enziminde Populasyon İçi Varyasyona Ait Değerler

Sıra No	Deneme Alanı (Orijin)	Kod No	Çeşitlilik (Vp)				Fark Toplamı (δt)				Gerçek Homojenite (e)		
			GOT A	GOT B	GOT C	Ort.	GOT A	GOT B	GOT C	Ort.	GOT A	GOT B	GOT C
1	O-Çambaşı	A-II	1.471	1.000	1.835	1.435	0.324	0.000	0.461	0.262	0.600	1.000	0.700
2	"	A-III	1.220	1.504	1.342	1.355	0.182	0.339	0.258	0.260	0.800	0.600	0.700
3	"	A-IV	1.869	1.000	1.600	1.490	0.471	0.000	0.380	0.284	0.400	1.000	0.500
4	G. Dereli	B-II	1.653	1.105	1.471	1.141	0.400	0.096	0.324	0.273	0.500	0.900	0.600
5	"	B-III	1.220	1.342	1.471	1.344	0.182	0.258	0.324	0.255	0.800	0.700	0.600
6	"	B-IV	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
7	T.Karadağ	C-III	1.105	1.504	1.220	1.276	0.096	0.339	0.182	0.206	0.900	0.600	0.800
8	"	C-IV	1.342	1.342	1.923	1.536	0.258	0.258	0.486	0.334	0.700	0.700	0.800
9	T.Maçka	D-I	1.361	1.504	2.000	1.622	0.268	0.339	0.506	0.371	0.700	0.600	1.000
10	"	D-II	1.220	1.000	1.471	1.230	0.182	0.000	0.354	0.169	0.800	1.000	0.600
11	"	D-III	1.342	1.681	1.923	1.649	0.258	0.410	0.486	0.385	0.700	0.500	0.800
12	"	D-IV	1.361	1.504	2.000	1.622	0.268	0.339	0.506	0.371	0.700	0.600	1.000
13	T.Çaykara	E-III	1.681	1.504	1.835	1.673	0.410	0.339	0.461	0.403	0.500	0.600	0.700
14	"	E-IV	1.980	1.980	2.000	1.987	0.501	0.501	0.506	0.503	0.900	0.900	1.000
15	R.İkizdere	F-IV	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
16	R.Ç.Hemşin	G-III	1.105	1.105	1.600	1.270	0.096	0.096	0.380	0.191	0.900	0.900	0.500
17	"	G-IV	1.342	1.000	1.342	1.228	0.258	0.000	0.258	0.172	0.700	1.000	0.700
18	"	G-V	1.105	1.000	1.835	1.313	0.096	0.000	0.461	0.186	0.900	1.000	0.700
19	T.Kürtün	H-II	1.471	1.105	1.471	1.349	0.324	0.096	0.324	0.248	0.600	0.900	0.600
20	"	H-III	1.220	1.227	1.980	1.476	0.182	0.187	0.501	0.290	0.800	0.800	0.900
21	T.Örümcek	İ-III	1.342	1.220	1.923	1.495	0.258	0.182	0.486	0.309	0.700	0.800	0.800
22	"	İ-IV	1.220	1.342	1.835	1.466	0.182	0.258	0.461	0.300	0.800	0.700	0.700
23	A.Atilla	J-II	1.051	1.051	1.995	1.366	0.049	0.049	0.505	0.201	0.950	0.950	0.950
24	A.Taşlıca	J-III	1.600	1.342	1.923	1.622	0.380	0.258	0.486	0.375	0.500	0.700	0.800
25	"	J-IV	1.406	1.406	1.956	1.590	0.292	0.292	0.495	0.360	0.650	0.650	0.850
26	A.Zeytinlik	J-V	1.105	1.536	1.782	1.474	0.096	0.353	0.444	0.298	0.900	0.550	0.650
Ort.			1.338	1.281	1.682	1.434	0.231	0.192	0.385	0.269	0.746	0.794	0.767

Tablo değerlerinin enzim lokuslarına göre dağılımının grafik anlatımı LAP enzimine ait populasyon değerlerinde olduğu gibi Vp ve δt değerleri arasında benzer bir ilişkinin olduğu, Vp, δt ve e değerlerinin lokuslara göre dağılımını gösteren Şekil 9 'daki grafikten açık olarak anlaşılmaktadır. Tablodan da görüleceği gibi 6 (B-IV) ve 15 (F-IV) nolu populasyonlarda genetik çeşitlilik (Vp) değeri tüm GOT lokuslarında 1.000 iken populasyon içi fark toplamı (δt) 0.000 ve homojenite değeri ise 1.000'dir.

3.2.4. Populasyonlar Arası Genetik Varyasyon

3.2.1.4. Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler

GOT enzimi GOT-A, GOT-B ve GOT-C olmak üzere 3 farklı lokusta ortaya çıkmış olup, her lokus için populasyonlar arasında belirlenen genetik mesafe değerleri 26 populasyon için ayrı ayrı Tablo 9 - 11 ' de verilmiştir.

Tablo 9. GOT -A Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler

Pop.No	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	-												
2	0.100	-											
3	0.150	0.200	-										
4	0.200	0.200	0.100	-									
5	0.100	0.000	0.200	0.200	-								
6	0.200	0.100	0.300	0.250	0.100	-							
7	0.150	0.050	0.250	0.200	0.050	0.050	-						
8	0.200	0.150	0.150	0.100	0.150	0.150	0.150	-					
9	0.100	0.050	0.150	0.150	0.050	0.150	0.100	0.100	-				
10	0.200	0.100	0.200	0.150	0.100	0.100	0.100	0.050	0.100	-			
11	0.050	0.050	0.150	0.200	0.050	0.150	0.100	0.150	0.050	0.150	-		
12	0.100	0.050	0.150	0.150	0.050	0.150	0.100	0.100	0.000	0.100	0.050	-	
13	0.100	0.150	0.050	0.100	0.150	0.250	0.200	0.150	0.100	0.150	0.100	0.100	-
14	0.350	0.450	0.400	0.500	0.450	0.550	0.500	0.550	0.450	0.550	0.400	0.450	0.400
15	0.200	0.100	0.300	0.250	0.100	0.000	0.050	0.150	0.150	0.100	0.150	0.150	0.250
16	0.150	0.050	0.250	0.200	0.050	0.050	0.000	0.150	0.100	0.100	0.100	0.100	0.200
17	0.200	0.150	0.150	0.100	0.150	0.150	0.150	0.000	0.100	0.050	0.150	0.100	0.150
18	0.200	0.100	0.250	0.200	0.100	0.050	0.050	0.100	0.100	0.050	0.150	0.100	0.200
19	0.000	0.100	0.150	0.200	0.100	0.200	0.150	0.200	0.100	0.200	0.050	0.100	0.100
20	0.200	0.100	0.200	0.150	0.100	0.100	0.100	0.050	0.100	0.000	0.150	0.100	0.150
21	0.050	0.050	0.150	0.200	0.050	0.150	0.100	0.150	0.050	0.150	0.000	0.050	0.100
22	0.100	0.000	0.200	0.200	0.000	0.100	0.050	0.150	0.050	0.100	0.050	0.050	0.150
23	0.175	0.075	0.275	0.225	0.075	0.025	0.025	0.150	0.125	0.100	0.125	0.125	0.225
24	0.050	0.150	0.150	0.200	0.150	0.250	0.200	0.250	0.150	0.250	0.100	0.150	0.100
25	0.025	0.075	0.150	0.200	0.075	0.175	0.125	0.175	0.075	0.175	0.025	0.075	0.100
26	0.150	0.050	0.250	0.200	0.050	0.050	0.000	0.150	0.100	0.100	0.100	0.100	0.200

Pop.No	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
15	0.550	-											
16	0.500	0.050	-										
17	0.550	0.150	0.150	-									
18	0.550	0.050	0.050	0.100	-								
19	0.350	0.200	0.150	0.200	0.200	-							
20	0.550	0.100	0.100	0.050	0.050	0.200	-						
21	0.400	0.150	0.100	0.150	0.150	0.050	0.150	-					
22	0.450	0.100	0.050	0.150	0.100	0.100	0.100	0.050	-				
23	0.525	0.025	0.025	0.150	0.050	0.175	0.100	0.125	0.075	-			
24	0.300	0.250	0.200	0.250	0.250	0.050	0.250	0.100	0.150	0.225	-		
25	0.375	0.175	0.125	0.175	0.175	0.025	0.175	0.025	0.075	0.150	0.075	-	
26	0.500	0.050	0.000	0.150	0.050	0.150	0.100	0.100	0.050	0.025	0.200	0.125	-

Tablo 9 incelendiğinde GOT-A enzimi bakımından bazı populasyonlar arasında genetik mesafe bakımından fark bulunmaz iken, bazı populasyonlar arasında ise değişik oranlarda farklılıklar ortaya çıkmıştır. Ortalama genetik mesafe değeri (0.1495) olarak bulunmuştur.

Tablo10. GOT-B Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler

Pop.No	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	-												
2	0.200	-											
3	0.000	0.200	-										
4	0.050	0.150	0.050	-									
5	0.150	0.150	0.150	0.150	-								
6	0.000	0.200	0.000	0.050	0.150	-							
7	0.200	0.000	0.200	0.150	0.150	0.200	-						
8	0.150	0.050	0.150	0.100	0.150	0.150	0.050	-					
9	0.200	0.100	0.200	0.150	0.050	0.200	0.100	0.150	-				
10	0.000	0.200	0.000	0.050	0.150	0.000	0.200	0.150	0.200	-			
11	0.250	0.100	0.250	0.200	0.100	0.250	0.100	0.150	0.050	0.250	-		
12	0.200	0.100	0.200	0.150	0.050	0.200	0.100	0.150	0.000	0.200	0.050	-	
13	0.200	0.100	0.200	0.150	0.050	0.200	0.100	0.150	0.000	0.200	0.050	0.000	-
14	0.550	0.500	0.550	0.550	0.400	0.550	0.500	0.550	0.400	0.550	0.400	0.400	0.400
15	0.000	0.200	0.000	0.050	0.150	0.000	0.200	0.150	0.200	0.000	0.250	0.200	0.200
16	0.050	0.150	0.050	0.050	0.100	0.050	0.150	0.150	0.150	0.050	0.200	0.150	0.150
17	0.000	0.200	0.000	0.050	0.150	0.000	0.200	0.150	0.200	0.000	0.250	0.200	0.200
18	0.000	0.200	0.000	0.050	0.150	0.000	0.200	0.150	0.200	0.000	0.250	0.200	0.200
19	0.050	0.150	0.050	0.000	0.150	0.050	0.150	0.100	0.150	0.050	0.200	0.150	0.150
20	0.100	0.100	0.100	0.050	0.100	0.100	0.100	0.100	0.100	0.100	0.150	0.100	0.100
21	0.100	0.150	0.100	0.100	0.050	0.100	0.150	0.150	0.100	0.100	0.150	0.100	0.100
22	0.150	0.150	0.150	0.150	0.000	0.150	0.150	0.150	0.050	0.150	0.100	0.050	0.050
23	0.025	0.175	0.025	0.050	0.125	0.025	0.175	0.150	0.175	0.025	0.225	0.175	0.175
24	0.150	0.150	0.150	0.150	0.000	0.150	0.150	0.150	0.050	0.150	0.100	0.050	0.050
25	0.175	0.150	0.175	0.175	0.025	0.175	0.150	0.175	0.050	0.175	0.100	0.050	0.050
26	0.225	0.175	0.225	0.225	0.075	0.225	0.175	0.225	0.075	0.225	0.100	0.075	0.075

Pop.No	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
15	0.550	-											
16	0.500	0.050	-										
17	0.550	0.000	0.050	-									
18	0.550	0.000	0.050	0.000	-								
19	0.550	0.050	0.050	0.050	0.050	-							
20	0.500	0.100	0.050	0.100	0.100	0.050	-						
21	0.450	0.100	0.050	0.100	0.100	0.100	0.050	-					
22	0.400	0.150	0.100	0.150	0.150	0.150	0.100	0.050	-				
23	0.525	0.025	0.025	0.025	0.025	0.050	0.075	0.075	0.125	-			
24	0.400	0.150	0.100	0.150	0.150	0.150	0.100	0.050	0.000	0.125	-		
25	0.375	0.175	0.125	0.175	0.175	0.175	0.125	0.075	0.025	0.150	0.025	-	
26	0.325	0.225	0.175	0.225	0.225	0.225	0.175	0.125	0.075	0.200	0.075	0.050	-

Tablo 10 ve Tablo 11 incelendiğinde, GOT-B ve GOT-C enzim lokusları bakımından bazı populasyonlar arasında genetik mesafe bakımından fark tespit edilmezken, bazı populasyonlar arasında farklılıklar ortaya çıkmıştır. GOT-B ve GOT-C'de belirlenen ortalama genetik mesafe değerleri ise sırasıyla (0.1336) ve (0.2455) olarak tespit edilmiştir.

Buna göre GOT enzim sistemi bakımından genetik mesafe değeri en fazla GOT-C enzim lokusunda ortaya çıkmıştır.

Tablo 11. GOT-C Enzim Lokusunda Belirlenen Populasyonlar Arası Genetik Mesafeler

Pop.No.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	-												
2	0.200	-											
3	0.100	0.100	-										
4	0.450	0.650	0.550	-									
5	0.450	0.650	0.550	0.000	-								
6	0.650	0.850	0.750	0.200	0.200	-							
7	0.250	0.050	0.150	0.700	0.200	0.900	-						
8	0.050	0.250	0.150	0.400	0.400	0.600	0.300	-					
9	0.150	0.350	0.250	0.300	0.300	0.500	0.400	0.100	-				
10	0.450	0.650	0.550	0.000	0.000	0.200	0.700	0.400	0.300	-			
11	0.250	0.450	0.350	0.200	0.200	0.400	0.500	0.200	0.100	0.200	-		
12	0.150	0.350	0.250	0.300	0.300	0.500	0.400	0.100	0.000	0.300	0.100	-	
13	0.000	0.200	0.100	0.450	0.450	0.650	0.250	0.050	0.150	0.450	0.250	0.150	-
14	0.150	0.350	0.250	0.300	0.300	0.500	0.400	0.100	0.000	0.300	0.100	0.000	0.150
15	0.650	0.850	0.750	0.200	0.200	0.000	0.900	0.600	0.500	0.200	0.400	0.500	0.650
16	0.400	0.600	0.500	0.050	0.050	0.250	0.650	0.350	0.250	0.050	0.150	0.250	0.400
17	0.500	0.700	0.600	0.050	0.050	0.150	0.750	0.450	0.350	0.050	0.250	0.350	0.500
18	0.000	0.200	0.100	0.450	0.450	0.650	0.250	0.050	0.150	0.450	0.250	0.150	0.000
19	0.450	0.650	0.550	0.000	0.000	0.200	0.700	0.400	0.300	0.000	0.200	0.300	0.450
20	0.100	0.300	0.200	0.350	0.350	0.550	0.350	0.050	0.050	0.350	0.150	0.050	0.100
21	0.050	0.250	0.150	0.400	0.400	0.600	0.300	0.000	0.100	0.400	0.200	0.100	0.050
22	0.300	0.500	0.400	0.150	0.150	0.350	0.550	0.250	0.150	0.150	0.050	0.150	0.300
23	0.175	0.375	0.275	0.275	0.275	0.475	0.425	0.125	0.025	0.275	0.075	0.025	0.175
24	0.050	0.250	0.150	0.400	0.400	0.600	0.300	0.000	0.100	0.400	0.200	0.100	0.050
25	0.225	0.425	0.325	0.225	0.225	0.425	0.475	0.175	0.075	0.225	0.025	0.075	0.225
26	0.325	0.525	0.425	0.125	0.125	0.325	0.575	0.275	0.175	0.125	0.075	0.175	0.325
Pop.No.	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
15	0.500	-											
16	0.250	0.250	-										
17	0.350	0.150	0.100	-									
18	0.150	0.650	0.400	0.500	-								
19	0.300	0.200	0.050	0.050	0.450	-							
20	0.050	0.550	0.300	0.400	0.100	0.350	-						
21	0.100	0.600	0.350	0.450	0.050	0.400	0.050	-					
22	0.150	0.350	0.100	0.200	0.300	0.150	0.200	0.250	-				
23	0.025	0.475	0.225	0.375	0.175	0.275	0.075	0.125	0.125	-			
24	0.100	0.600	0.350	0.450	0.050	0.400	0.050	0.000	0.250	0.125	-		
25	0.075	0.425	0.175	0.275	0.225	0.225	0.125	0.175	0.075	0.050	0.175	-	
26	0.175	0.325	0.075	0.175	0.325	0.125	0.225	0.275	0.025	0.150	0.275	0.100	-

3.2.4.2. Homogenetik Test

Homogenetik test olarak LAP enziminde olduğu gibi, populasyonlarda beklenen değer ile gözlenen değerlerin allel çeşitlerine göre frekans dağılımı, χ^2 ve olasılık (G) testleri ile kontrol edilmiştir. Buna göre GOT-A, GOT-B ve GOT-C enzim lokuslarında elde edilen homogenetik test sonuçlarına göre yapılan χ^2 ve G testleri sonucu bulunan değerler ise Tablo 12 'de verilmiştir.

Tablo 12. GOT-A, GOT-B ve GOT-C Enzim Lokusları İçin χ^2 ve G Testi Sonuçları

LOKUS	Test İstatistik		Önem Düzeyi	χ^2 Tablo	Serbestlik Dereccesi
	χ^2	G			
GOT-A	483.626	461.826	0.050 0.010 0.001	67.505 76.154 86.661	50
GOT-B	509.344	462.552	0.050 0.010 0.001	67.505 76.154 86.661	50
GOT-C	476.940	558.719	0.050 0.010 0.001	37.652 44.314 52.620	25

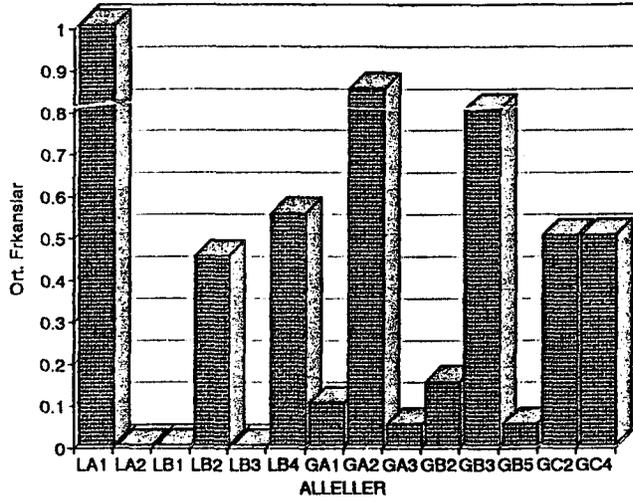
Tablo değerlerinden de anlaşılacağı gibi hesap değeri tablo değerinden büyük olduğundan her üç güven düzeyinde de beklenen ve gözlemlenen allel sayıları arasında anlamlı bir ilişki vardır.

3.3. Yükseklik Kademeleri ve Güzergahlar Arası Genetik Varyasyona İlişkin Bulgular

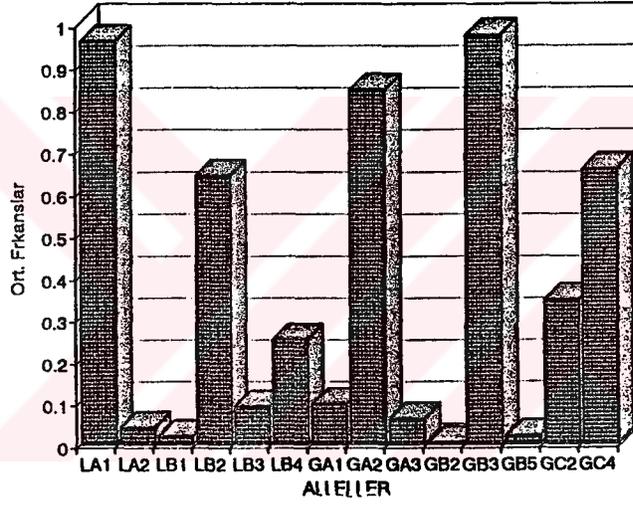
Doğu Ladini populasyonlarında genetik yapının belirlenmesi amacıyla araştırılan LAP ve GOT enzimlerinde belirlenen lokuslara ait allel frekansları, populasyon içi genetik varyasyon vb.bulgular 3.1 ve 3.2 nolu başlıklar altında geniş olarak verilmiştir. Daha öncede belirtildiği gibi araştırma amacıyla seçilen toplam 26 deneme alanı 10 farklı güzergah ve 5 farklı yükseklik kademelerinden alınmıştır. Yükseklik kademeleri ve güzergahlar arası genetik varyasyona ilişkin bulgular hem allel frekansları hem de populasyon içi varyasyona ait etkili allel sayıları (V_p) ile populasyonlardaki farklar toplamı (δt) bakımından karşılaştırılmıştır.

Yükseklik kademelerinde seçilen populasyonlarda belirlenen allellerin ortalama frekans değerlerine göre dağılımları, her yükseklik kademesi için grafiksel olarak aşağıda (Şekil 12 - 16) ayrı ayrı verilmiştir.

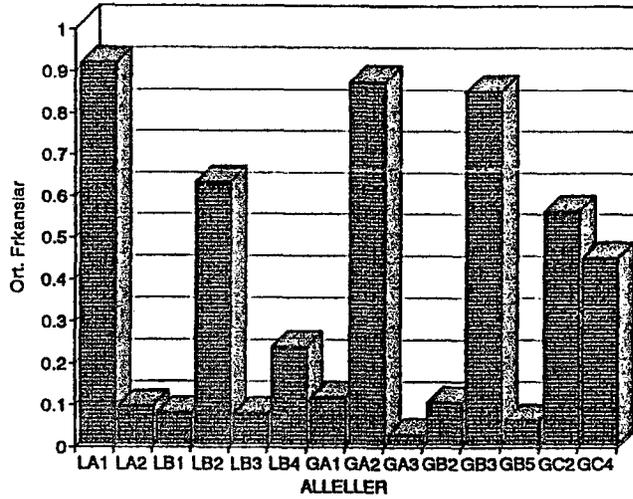
Yükseklik kademelerine ait ortalama allel frekansları değerlerini gösterir grafiklerde açık olarak görüleceği gibi tüm yükseklik kademelerinde hakim durumda olan alleller LAP-A1, LAP-B2, GOT-A2 ve GOT-B2' dir. GOT-C lokuslarında belirlenen C2 ve C4 allelleri ise birbirine yakın değerlerde çıkmıştır.



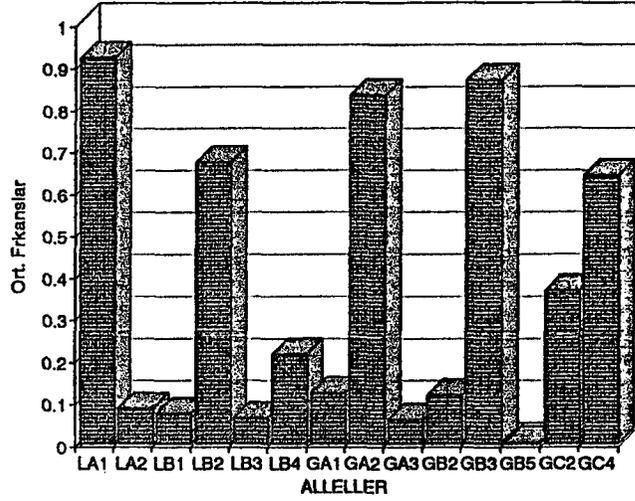
Şekil 12. I. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



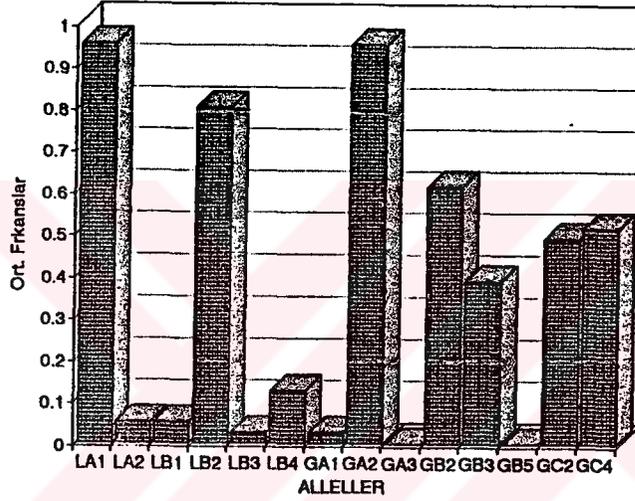
Şekil 13. II. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



Şekil 14. III. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



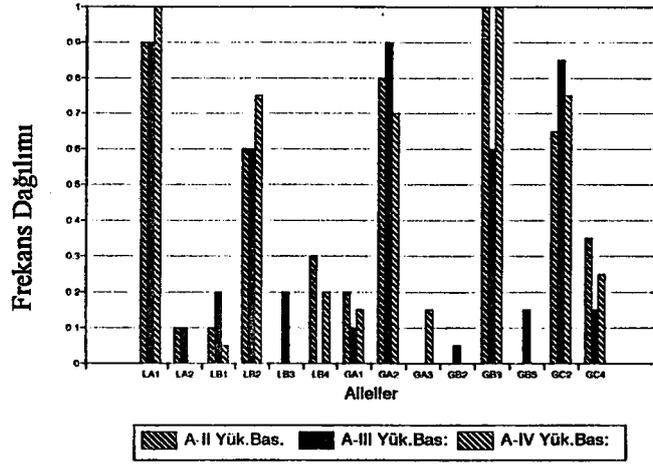
Şekil 15. IV. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



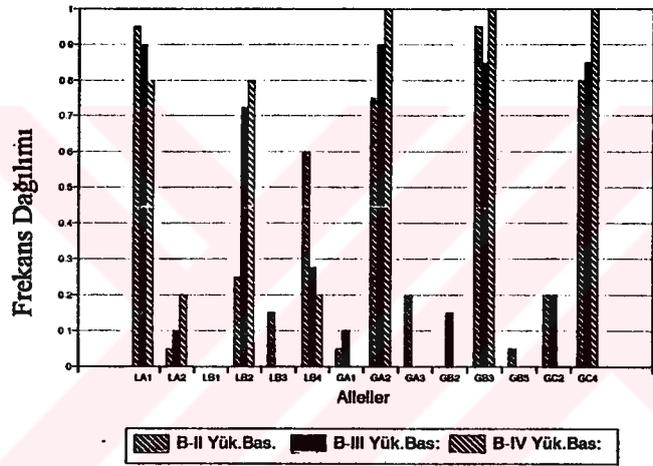
Şekil 16. V. Yükseklik Kademesinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansları

Bunlarla birlikte her bir güzergah boyunca alınan populasyonlarda belirlenen allel frekanslarının grafiksel anlatımı ise, yükseklik basamaklarını da içerecek biçimde aşağıdaki şekillerde verilmiştir (Şekil 17 - 26).

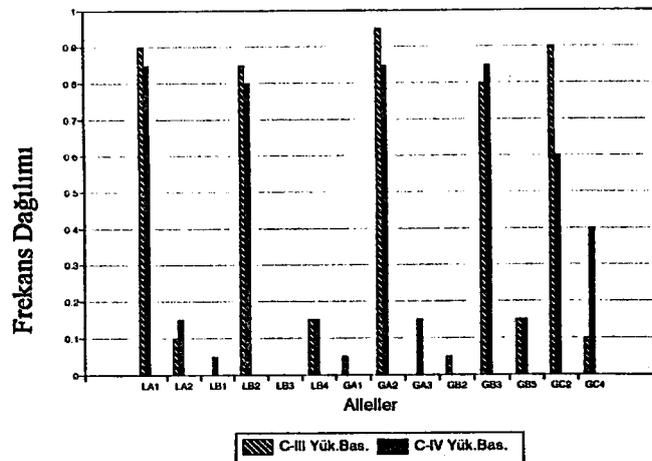
Her bir güzergahta belirlenen allel frekanslarına ait grafikler incelendiğinde toplam 10 güzergahın tamamında LAP enziminde A1 ve B2 alleleri; GOT enziminde ise A2 ve B3 alleleri hakim durumdadır. GOT-C enzim lokusunda durum biraz daha değişik olup her iki allel tipi (C2 ve C4) güzergahlara göre değişik oranlarda belirlenmişlerdir.



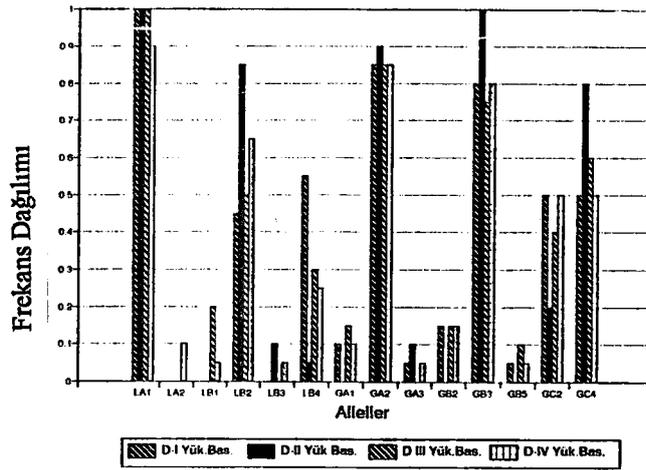
Şekil 17. A Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



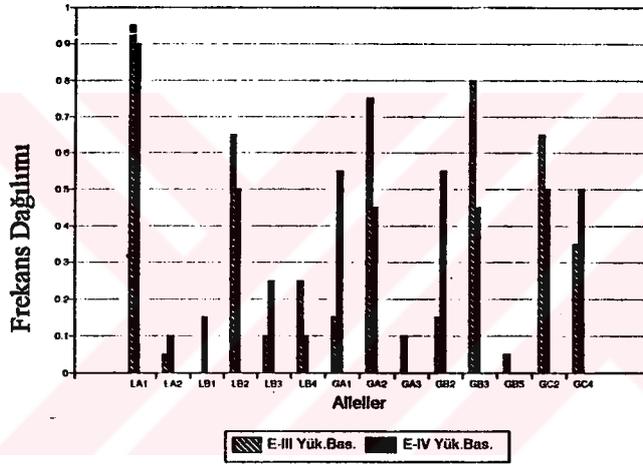
Şekil 18. B Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



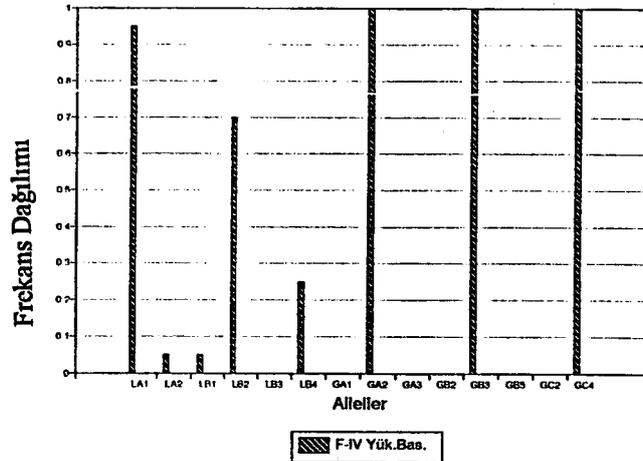
Şekil 19. C Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



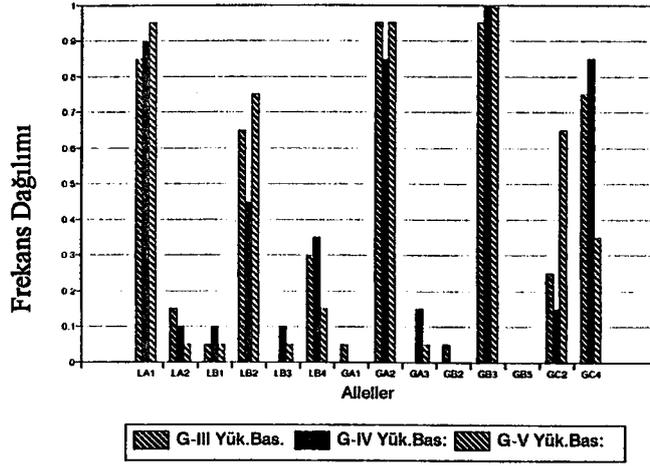
Şekil 20. D Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



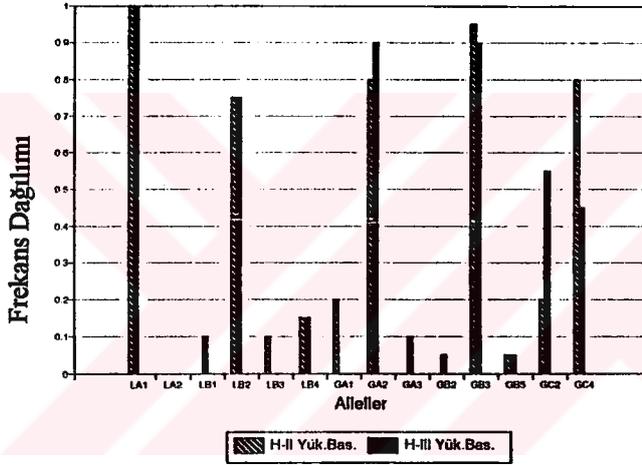
Şekil 21. E Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



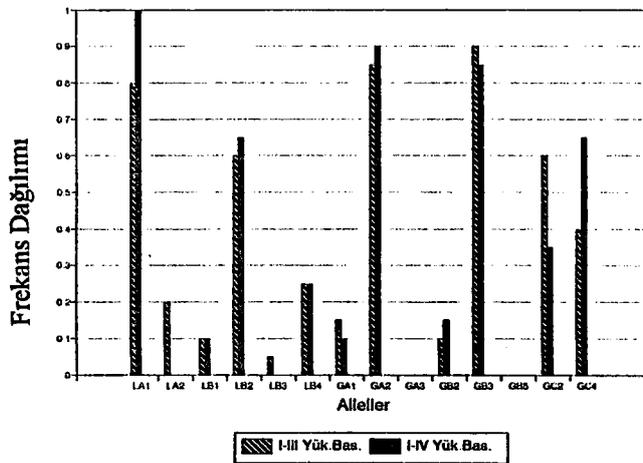
Şekil 22. F Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



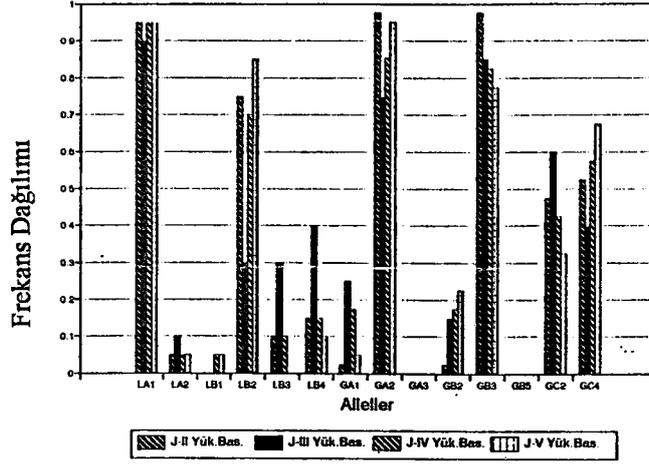
Şekil 23. G Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



Şekil 24. H Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



Şekil 25. İ Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları



Şekil 26. J Güzergahında Belirlenen Ortalama Allel Frekansları

LAP ve GOT enzimlerinin elektroforetik analizleri sonucu belirlenen varyasyonların söz konusu yükseklik kademeleri ve güzergahlar arasında farklılık taşıyıp taşımadığı, % 95 güven düzeyinde çoğul varyans analizleri ile teste tabi tutulmuştur. Burada amaç güzergahlar ve yükseklik kademelerine göre populasyonların genetik yapılarında önemli düzeyde farklılık olup olmadığıdır. Bununla beraber, eğer farklılık varsa, bunun hangi yükseklik kademeleri veya güzergahlar arasında olduğunun tespiti Duncan testi ile kontrol edilmiştir.

Gerek LAP ve gerekse GOT enzimlerinde belirlenen allel frekanslarına göre yükseklik kademeleri (rakım) ve güzergahlar arası çoğul varyans analizi sonuçları Tablo 13 'de verilmiştir.

Tablo değerlerinden de anlaşılacağı gibi % 95 güven düzeyinde, gerek güzergahlar arası ve gerekse de rakımlar arasında LAP enzimine göre herhangi bir farklılık görülmemiştir. Buna karşılık GOT enzim sisteminde B2, B5, C2 ve C4 allellerinde güzergahlar arasında farklılıklar tespit edilmiştir. Söz konusu farklılıkların hangi güzergahlar arasında olduğu ise Duncan testi ile kontrol edilmiştir. Buna göre elde edilen Duncan testi sonuçları Tablo 14 'de verilmiştir.

Tablo 14 değerlerine göre de GOT-B2 alleli E güzergahı dışında tüm güzergahlarla, GOT-B5 alleli C güzergahı dışında tüm güzergahlarla benzer özelliktedir. C2 ve C4 allelleri bakımından ise dört farklı grup ortaya çıkmıştır.

Tablo 13. Allel Frekanslarının Yükseklik Kademeleri ve Güzergahlara Göre Karşılaştırılması

Alleler	Varyasyon Kaynağı	Kareler Toplamı	S. D.	Kareler Ortalama	F oranı	Önem Düzeyi
LAP-A1	Güzergah	.0356	9	.0039	.978	NS
	Rakım	.0065	4	.0016	.406	NS
LAP-A2	Güzergah	.0356	9	.0039	.978	NS
	Rakım	.0065	4	.0016	.406	NS
LAP-B1	Güzergah	.0314	9	.0034	.967	NS
	Rakım	.0146	4	.0036	.968	NS
LAP-B2	Güzergah	.1153	9	.0128	.385	NS
	Rakım	.1258	4	.0314	.945	NS
LAP-B3	Güzergah	.0592	9	.0065	.770	NS
	Rakım	.0160	4	.0040	.468	NS
LAP-B4	Güzergah	.1150	9	.0127	.711	NS
	Rakım	.1361	4	.0340	1.894	NS
GOT-A1	Güzergah	.1872	9	.0208	1.910	NS
	Rakım	.0107	4	.0026	.248	NS
GOT-A2	Güzergah	.1821	9	.0202	1.936	NS
	Rakım	.0224	4	.0056	.536	NS
GOT-A3	Güzergah	.0188	9	.0020	.357	NS
	Rakım	.0091	4	.0022	.390	NS
GOT-B2	Güzergah	.2132	9	.0236	2.693	*
	Rakım	.0350	4	.0087	.996	NS
GOT-B3	Güzergah	.2130	9	.0236	2.429	NS
	Rakım	.0466	4	.0116	1.197	NS
GOT-B5	Güzergah	.0417	9	.0046	3.090	*
	Rakım	.0048	4	.0012	.812	NS
GOT-C2	Güzergah	1.0352	9	.1150	5.205	**
	Rakım	.1694	4	.0423	1.917	NS
GOT-C4	Güzergah	1.0352	9	.1150	5.205	**
	Rakım	.1694	4	.0423	1.917	NS

NS : Fark önemsizdir.

* : Fark 0.05 yanılmayla önemlidir.

** : Fark 0.01 yanılmayla önemlidir.

Tablo 14 . Allel Frekanslarına Göre Güzergahlar Arası Duncan Test Sonuçları

Güzergah Kodu	ALLELLER			
	GOT-B2	GOT-B5	GOT-C2	GOT-C4
A	0.038 a	0.050 a	0.803 d	0.196 a
B	0.072 a	0.017 a	0.186 ab	0.813 cd
C	0.015 a	0.144 b	0.773 d	0.226 a
D	0.122 a	0.050 a	0.419 abc	0.580 bcd
E	0.340 b	0.019 a	0.589 cd	0.401 ab
F	0.021 a	0.008 a	0.102 a	0.897 d
G	0.002 a	0.004 a	0.339 abc	0.660 bcd
H	0.068 a	0.046 a	0.403 abc	0.596 bcd
I	0.115 a	0.005 a	0.498 bcd	0.501 abc
J	0.150 ab	0.002 a	0.476 bcd	0.523 abc

Benzer şekilde LAP ve GOT enzimlerinde belirlenen her bir lokustaki etkili allel sayısı yani çeşitlilik değeri (Vp) ile buna bağlı olarak oluşan farklar toplamına (δt) ait ortalama değerlerin, yükseklik kademeleri ve güzergahlar arasında önemli olup-olmadığını gösteren analiz sonuçları da Tablo 15 ' de verilmiştir.

Tablo 15. Populasyon İçi Varyasyon Değerlerinin Yükseklik ve Güzergahlara Göre Karşılaştırılması

Enzim Çeşiti	Varyasyon Türü	Varyasyon Kaynağı	Kareler Toplamı	S. D.	Kareler Ortalama	F Oranı	Önem Düzeyi
LAP	Çeşitlilik (Vp)	Güzergah Rakım	.3072472	9	.0341386	0.262	NS
			.6386199	4	.1596550	1.225	NS
	Fark Top. (δt)	Güzergah Rakım	.1889542	9	.0209949	1.129	NS
			.0376674	4	.0094168	0.507	NS
GOT	Çeşitlilik (Vp)	Güzergah Rakım	.8713206	9	.0968134	4.929	**
			.0905321	4	.0226330	1.152	NS
	Fark Top. (δt)	Güzergah Rakım	.2093954	9	.0232662	2.818	*
			.0134203	4	.0033551	0.406	NS

NS : Fark önemsizdir.

* : Fark 0.05 yanılmayla önemlidir.

** : Fark 0.01 yanılmayla önemlidir.

Tablo değerlerine bakıldığında LAP enzimi için populasyon içi varyasyonlar arasında rakım ve güzergahlar bakımından % 95 güven düzeyinde önemli bir farklılık çıkmamıştır. Buna karşılık GOT enziminde güzergahlar arasında hem çeşitlilik (Vp), hem de farklar toplamı (δt) bakımından önemli düzeylerde farklılıklar olduğu anlaşılmaktadır. Bu farklılıkların hangi güzergahlar arasında olduğu Duncan testi ile kontrol edilmiştir. Buna göre elde edilen veriler Tablo 16 'da verilmiştir.

Tablo 16. Populasyon İçi Varyasyon Değerlerine Göre Güzergahlar Arası Duncan Testi Sonuçları

Güzergah No	GOT İçin Populasyon İçi Varyasyon Değerleri	
	Vp	δt
1	1.456 bc	0.282 bc
2	1.191 ab	0.189 ab
3	1.383 bc	0.265 bc
4	1.530 cd	0.322 bc
5	1.807 d	0.448 c
6	0.962 a	0.001 a
7	1.256 abc	0.183 ab
8	1.475 bc	0.290 bc
9	1.458 bc	0.299 bc
10	1.535 cd	0.321 bc

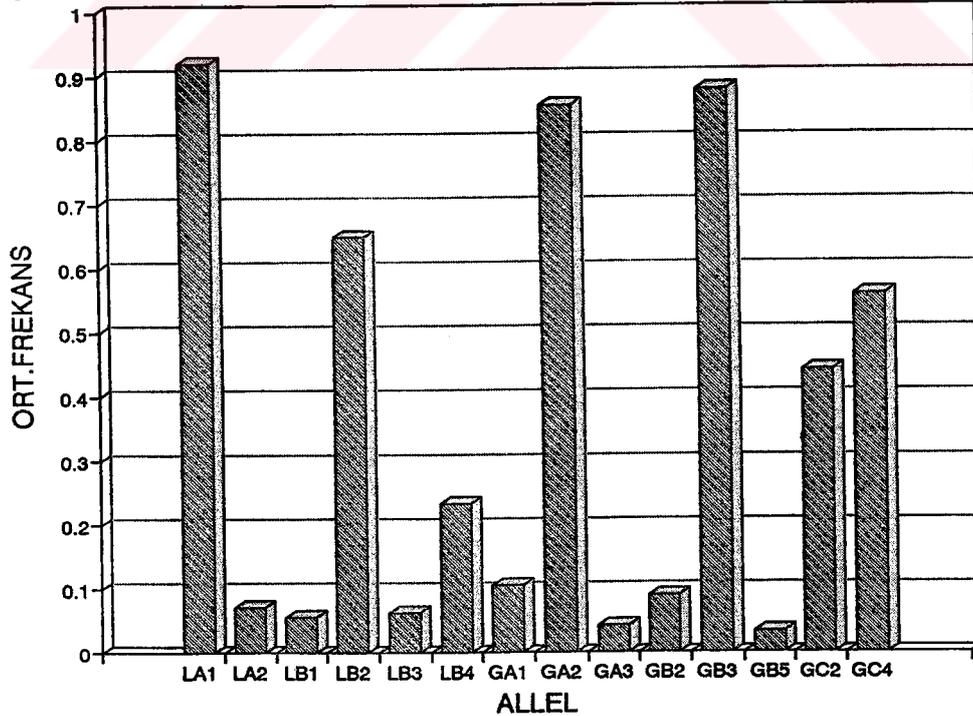
Tablo değerlerine göre GOT enziminde populasyon içi varyasyon değerlerinden etkili allel sayısı, yani çeşitlilik bakımından güzergahlar 4 farklı grupta toplanmıştır. Populasyon içi farklar toplamı bakımından ise 3 farklı grup ortaya çıkmıştır.

3.4. Populasyonların Genetik Yapısına İlişkin Bulgular

3.1 ve 3.2 nolu başlıklar altında LAP ve GOT enzimlerinde elde edilen bulgular ayrı ayrı verilmiş, 3.3 nolu başlık altında ise seçilen populasyonlar yükseklik kademeleri ve güzergahlar arası gruplandırılarak ilişkilendirilmiştir. Burada ise populasyonların genetik yapısı genel olarak ele alınacaktır. Bir populasyonun genetik yapısının bilinmesi için; polimorfik lokus yüzdesi, her lokustaki ortalama allel sayısı, heterozigosity oranı, genetik çeşitlilik analizi ve populasyonlar arası genetik mesafelerin bilinmesi istenir (18, 37, 70, 83, 163). Söz konusu verilerin elde edilebilmesi için öncelikle frekans dağılımının hesaplanması gerekir.

3.4.1. Frekans Dağılımı

26 Doğu Ladini populasyonunda analiz edilen iki enzimde (GOT, LAP) toplam 5 lokus ve 14 allel tipinde ortaya çıkan allel frekansları populasyonlara göre Tablo 2 ve Tablo7 'de verilmiştir. Ayrıca populasyonlarda LAP ve GOT enzim sistemlerine göre belirlenen allellere ait ortalama frekans dağılımının grafiksel görünümü Şekil 27 'de verilmiştir.



Şekil:27. LAP ve GOT Enzimlerinde Belirlenen Ortalama Allel Frekansı Dağılımı

Şekilden açık olarak görüleceği gibi tüm populasyonlarda belirlenen ortalama frekans dağılımları, LAP enziminde A1 ve B2 allelleri, GOT enziminde ise A2, B3 ve C4 allelleri üzerinde yoğunlaşmaktadır.

3.4.2. Lokus ve Allel Miktarları

Araştırılan 26 Doğu Ladini populasyonunda iki enzim sisteminde (GOT, LAP) toplam 5 lokusda 14 allel tipi belirlenmiş olup her populasyondaki toplam allel sayısı (A), her lokustaki ortalama allel sayısı ve polimorfik lokus yüzdesi (P), (5) nolu formüle göre hesaplanarak Tablo 17 ' de verilmiştir.

Tablo 17. Doğu Ladini (*P. orientalis* (L.) Link.) Populasyonlarında Her Lokustaki Allel Miktarı Ve Polimorfik Lokus Yüzdeleri

Sıra No	Deneme Alanı (Orijin)	Kod No	Lokus					A	Al/lok	P %
			LAP		GOT					
			A	B	A	B	C			
1	O-Çambaşı	A-II	2	3	2	1	2	10	2.0	80
2	"	A-III	2	3	2	3	2	12	2.4	100
3	"	A-IV	1	3	3	1	2	10	2.0	60
4	G-Dereli	B-II	2	3	3	2	2	12	2.4	100
5	"	B-III	2	2	2	2	2	10	2.0	100
6	"	B-IV	2	2	1	1	1	7	1.4	40
7	T-Karadağ	C-III	2	2	2	3	2	11	2.2	100
8	"	C-IV	2	3	2	2	2	11	2.2	100
9	T-Maçka	D-I	1	3	3	3	2	12	2.4	60
10	"	D-II	1	3	2	1	2	9	1.8	80
11	"	D-III	1	3	2	3	2	11	2.2	100
12	"	D-IV	2	4	3	3	2	14	2.8	100
13	T-Çaykara	E-III	2	3	3	3	2	13	2.6	100
14	"	E-IV	2	4	2	2	1	11	2.2	40
15	R-İkizdere	F-IV	2	3	1	1	1	8	1.6	100
16	R-Ç.Hemşin	G-III	2	3	2	2	2	11	2.2	80
17	"	G-IV	2	4	2	1	2	11	2.2	80
18	"	G-V	2	4	2	1	2	11	2.2	80
19	T-Kürtün	H-II	1	3	2	2	2	10	2.0	80
20	"	H-III	1	3	2	3	2	11	2.2	100
21	T-Örümcek	İ-III	2	4	2	2	2	12	2.4	80
22	"	İ-IV	1	3	2	2	2	10	2.0	100
23	A-Atilla	J-II	2	3	2	2	2	11	2.2	100
24	A-Taşlıca	J-III	2	3	2	2	2	11	2.2	100
25	"	J-IV	2	4	2	2	2	12	2.4	100
26	A-Zeytinlik	J-V	2	3	2	2	2	11	2.2	80
	Ortalama		1.7	3.1	2.1	2.0	1.9	10.8	2.17	76.15

Tablo değerlerine göre polimorfik lokus yüzdesi tüm populasyonlarda ortalama % 76.15'dir. Buna karşılık 6 (B-IV) ve 14 (E-IV) nolu populasyonlarda bu değer % 40'a kadar düşmekte, Artvin ve Trabzon-Karadağ güzergahlarında ise polimorfik lokus yüzdesi çok yüksek bulunmuştur.

3.4.3. Populasyonlardaki Heterozigosity

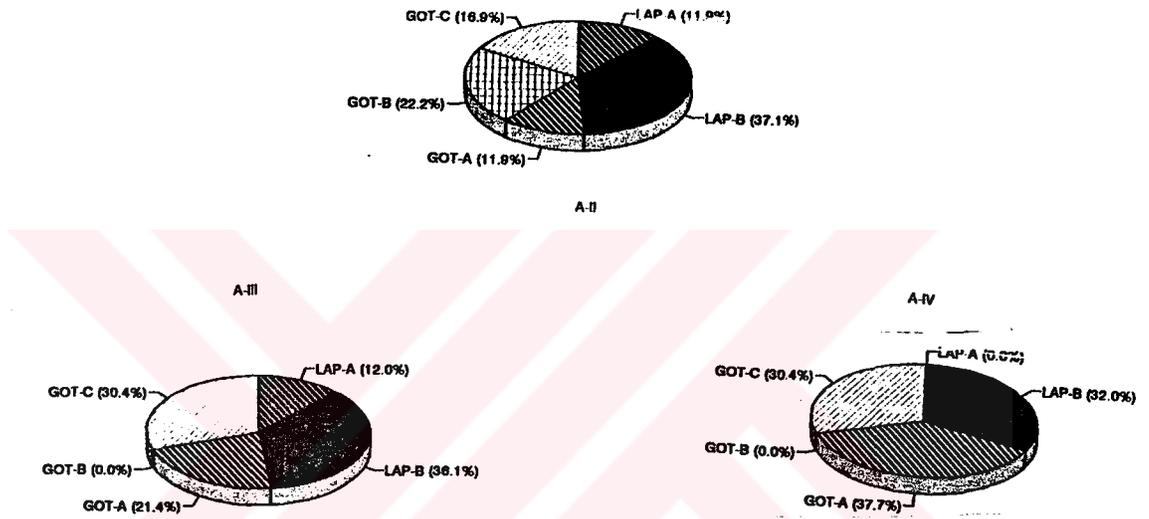
Bir populasyondaki heterozigosity değeri genetik yapının belirlenmesinde önemli bir kriterdir. Burada sözü edilen heterozigosity, populasyonlarda beklenen heterozigosity değeridir. Bu konuda yapılan birçok çalışmada endosperm materyalinin kullanıldığı populasyonların genetik yapılarının belirlenmesinde en çok araştırılan ve hesaplanan değer beklenen heterozigosity değeri olmaktadır (37, 63, 70). Buradan hareketle tüm populasyonlardaki ortalama heterozigosity değeri (H_e) her enzim lokusu için (6) nolu formüle göre hesaplanarak Tablo 18 ' de verilmiştir.

Tablo 18. 26 Doğu Ladini (*Picea orientalis* (L.) Link.) Populasyonunda 5 Enzim Lokusundaki Heterozigosity

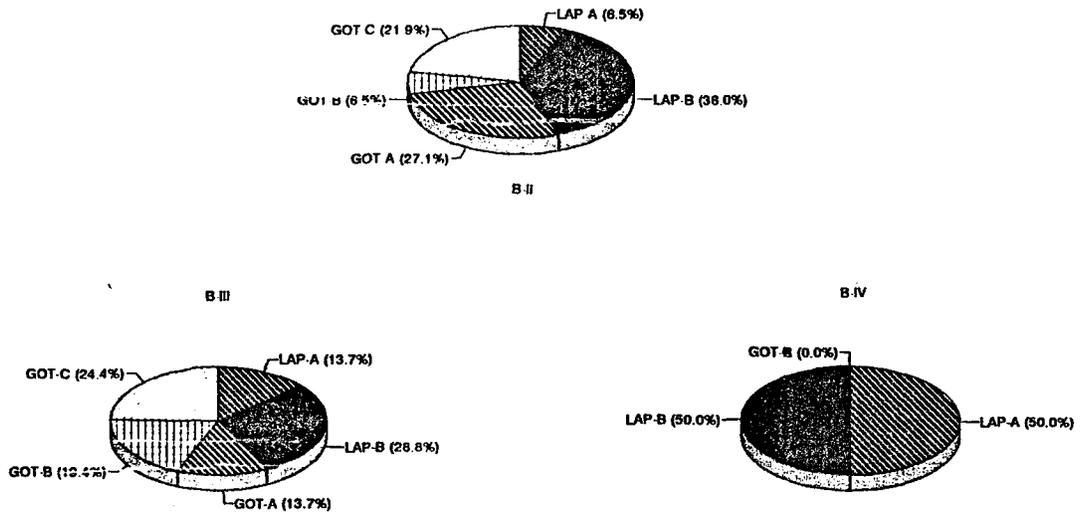
Sıra No	Deneme Alanı (Orijin)	Kod No	LOKUS					Ort. H_e
			LAP-A	LAP-B	GOT-A	GOT-B	GOT-C	
1	O-Çambaşı	A-II	0.180	0.540	0.320	0.000	0.455	0.2990
2	"	A-III	0.180	0.560	0.180	0.335	0.255	0.3020
3	"	A-IV	0.000	0.395	0.465	0.000	0.375	0.2470
4	G-Dereli	B-II	0.095	0.555	0.395	0.095	0.320	0.4630
5	"	B-III	0.180	0.379	0.180	0.255	0.320	0.2628
6	"	B-IV	0.320	0.320	0.000	0.000	0.000	0.1280
7	T-Karadağ	C-III	0.180	0.255	0.095	0.335	0.180	0.2090
8	"	C-IV	0.255	0.335	0.255	0.255	0.480	0.2650
9	T-Maçka	D-I	0.000	0.495	0.265	0.335	0.500	0.3190
10	"	D-II	0.000	0.265	0.180	0.000	0.320	0.1530
11	"	D-III	0.000	0.620	0.255	0.405	0.480	0.3520
12	"	D-IV	0.180	0.510	0.265	0.335	0.500	0.3580
13	T-Çaykara	E-III	0.095	0.505	0.405	0.335	0.455	0.3590
14	"	E-IV	0.180	0.655	0.495	0.495	0.500	0.4650
15	R-İkizdere	F-IV	0.095	0.445	0.000	0.000	0.000	0.1080
16	R-Ç.Hemşin	G-III	0.255	0.485	0.095	0.095	0.375	0.2610
17	"	G-IV	0.180	0.655	0.255	0.000	0.255	0.2690
18	"	G-V	0.095	0.410	0.095	0.000	0.455	0.2110
19	Torul-Kürtün	H-II	0.000	0.405	0.320	0.095	0.320	0.2280
20	"	H-III	0.000	0.405	0.180	0.185	0.495	0.2900
21	T-Örümcek	İ-III	0.320	0.565	0.255	0.180	0.480	0.3600
22	"	İ-IV	0.000	0.505	0.180	0.255	0.455	0.2790
23	A-Atilla	J-II	0.095	0.405	0.049	0.049	0.499	0.2194
24	A-Taşlıca	J-III	0.180	0.660	0.375	0.255	0.480	0.3900
25	"	J-IV	0.095	0.475	0.289	0.289	0.489	0.3274
26	A-Zeytinlik	J-V	0.095	0.265	0.095	0.349	0.439	0.2486
	ORTALAMA		0.1250	0.4649	0.2615	0.1897	0.3801	0.2836

Tablo değerleri incelendiğinde bazı populasyonların bazı enzim lokuslarında, heterozigosity değeri çok yüksek iken, bu değer bazı populasyonlarda ise sıfır, yani homojen bir yapıda ortaya çıkmıştır. Heterozigosity değerine, en fazla LAP-B enzim lokusunda rastlanılmış olup tüm populasyonlar için ortalama değer 0.4669'dur. Buna karşılık LAP-A enzim lokusunda heterozigosity değeri 0.1250 ile çok düşük bulunmuştur. Bununla beraber 6 (B-IV) ve 15 (F-IV) nolu populasyonlarda GOT enzim sisteminin tüm lokuslarında homojen bir yapı ortaya çıkmıştır.

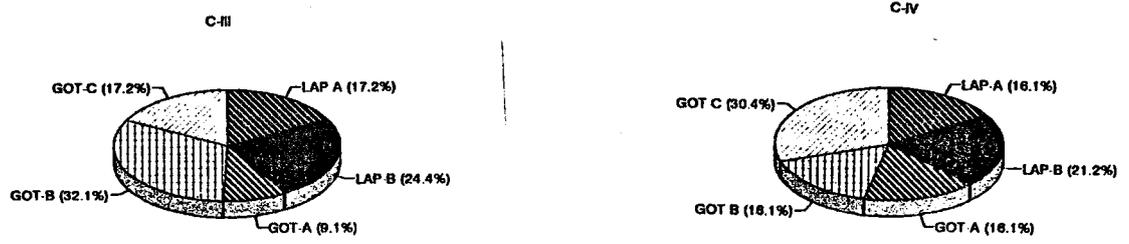
26 Doğu Ladini populasyonu için belirlenen enzim lokuslarındaki heterozigosity değerlerinin güzergahlara göre oransal dağılımları, yükseklik kademelerini de içerecek şekilde ayrı ayrı aşağıda verilmiştir (Şekil 28 - 37).



Şekil 28. A Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



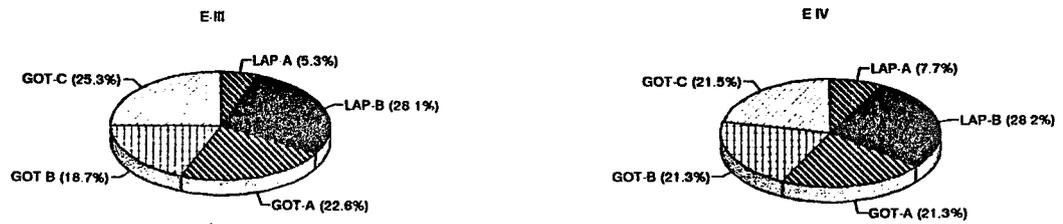
Şekil 29. B Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



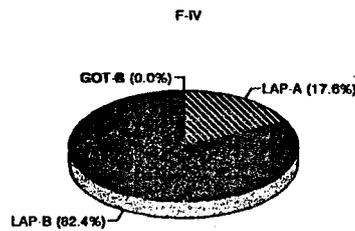
Şekil 30. C Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



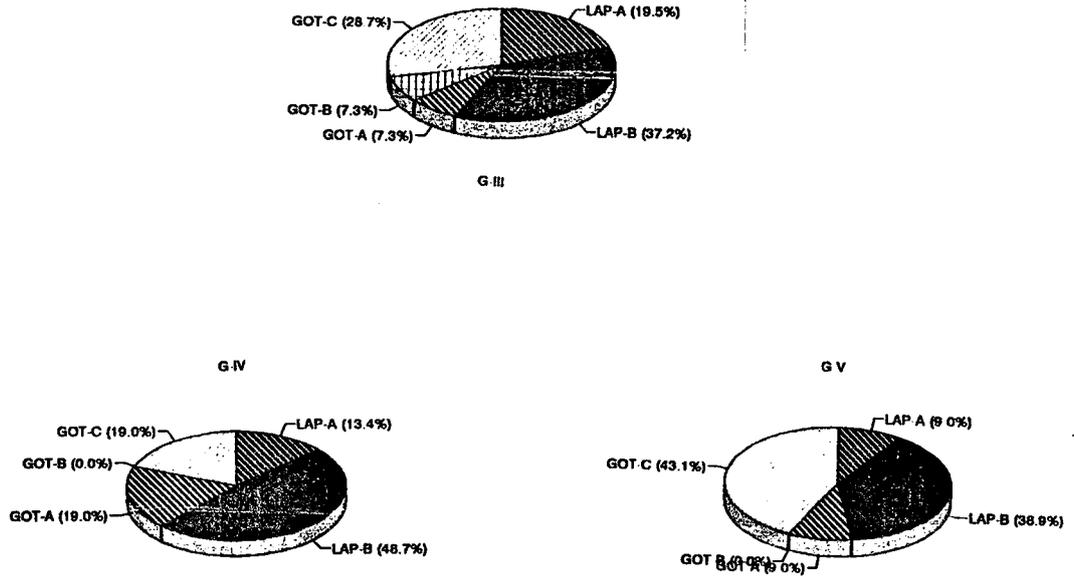
Şekil 31. D Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



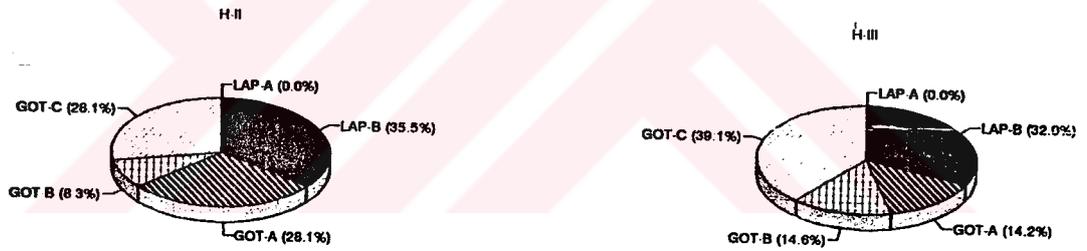
Şekil 32. E Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



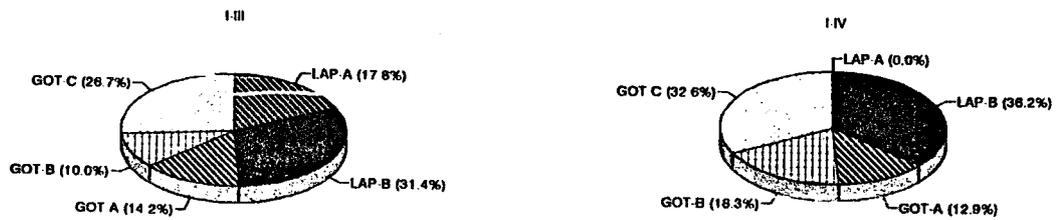
Şekil 33. F Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



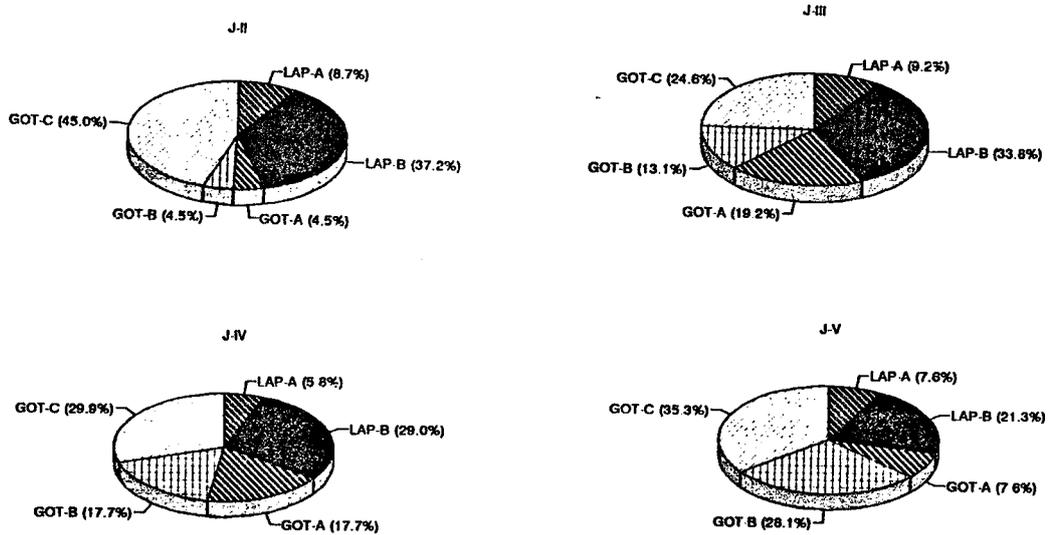
Şekil 34. G Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



Şekil 35. H Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



Şekil 36. I Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri



Şekil 37. J Güzergahına Ait Deneme Alanlarında Belirlenen Heterozigosity Değerleri

Şekiller incelendiğinde heterozigosity bakımından bazı enzim lokuslarının bazı populasyonlarda hiç önemli olmadığı, bazı populasyonlarda ise az da olsa etkili olduğu anlaşılacaktır. Örneğin B-IV güzergahında heterozigosityyi sadece LAP-A ve LAP-B lokusları temsil ederken GOT enzimi bu güzergahta hiç etkili olmamaktadır. Yine F-IV güzergahında LAP-B gen lokusu % 82.4 gibi yüksek oranda heterozigosityye neden olmaktadır.

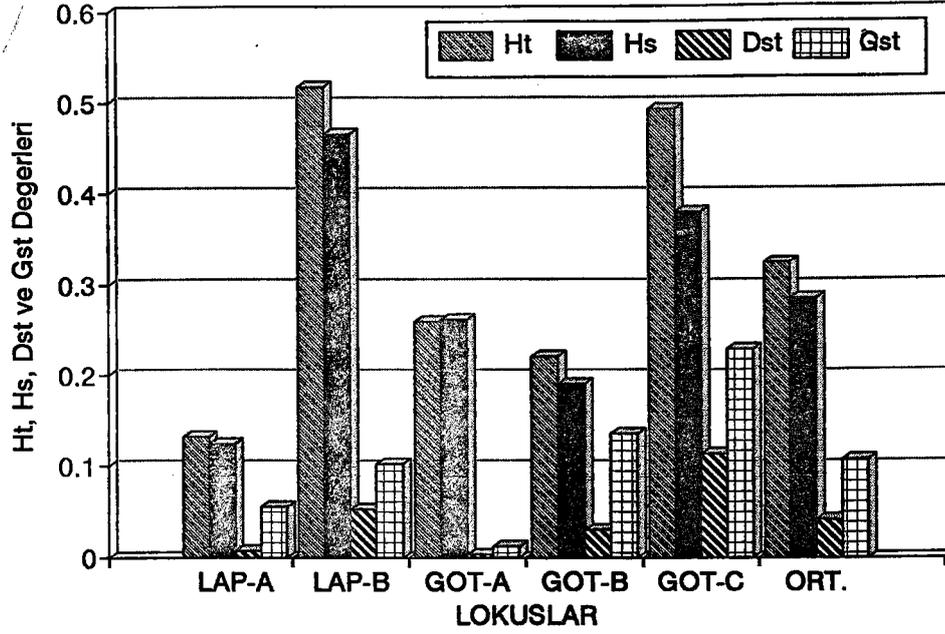
3.4.4. Genetik Çeşitliliğin Analizi

Genetik çeşitliliğin analizi için Nei' nin (165) önerdiği (7), (8) ve (9) nolu formüllerden yararlanılmıştır. Bunun içinde toplam genetik çeşitlilik (H_t), populasyonlar içi (H_s) ve populasyonlar arası (D_{st}) genetik çeşitlilik değerleri hesaplanarak, elde edilen veriler Tablo 19 'da verilmiştir.

Tablo 19. Genetik Çeşitliliğin Analizine Ait Değerler

Lokus	H_t	H_s	D_{st}
LAP-A	0.1322	0.1250	0.0072
LAP-B	0.5180	0.4650	0.0530
GOT-A	0.2580	0.2610	0.0030
GOT-B	0.2200	0.1900	0.0300
GOT-C	0.4930	0.3800	0.1130
Ortalama	0.3242	0.2842	0.0412

Tablo değerlerinden hareketle genetik çeşitliliğin grafiksel anlatımı ise Şekil 38 'de verilmiştir.



Şekil 38. Genetik Çeşitliliğin Enzim Lokuslarına Göre Dağılımı

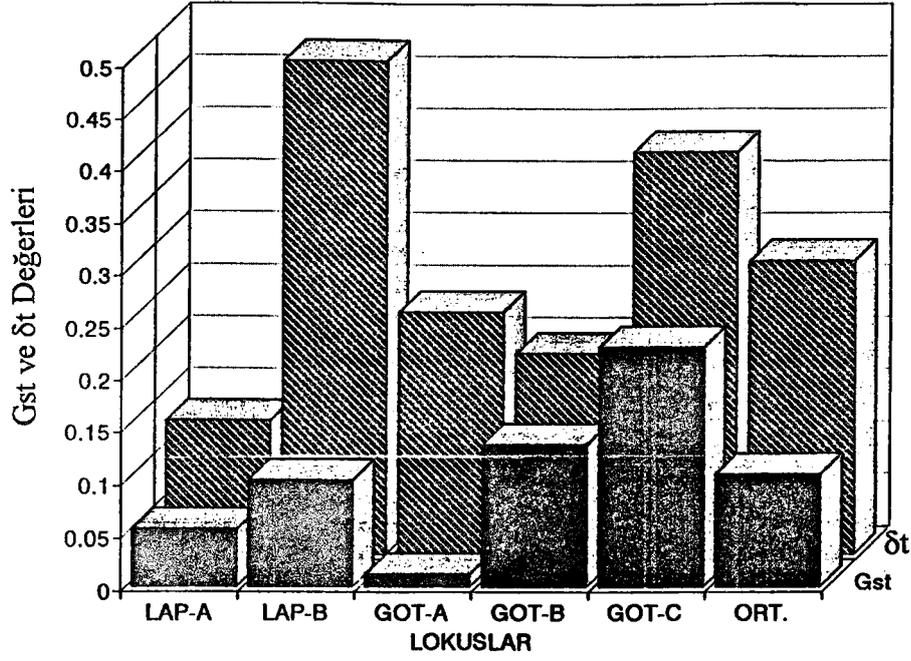
Tablo ve şekil birlikte incelendiğinde, enzim lokuslarına göre populasyonlardaki ortalama genetik çeşitlilik değeri, GOT-C enzim gen lokusunda en yüksek değere sahiptir. Populasyon içi genetik çeşitlilik bakımından en yüksek değer LAP-B gen lokusunda, populasyonlar arasında en yüksek değer ise GOT-C lokusunda gözlenmiştir.

Doğu Ladini populasyonlarında LAP ve GOT enzimlerine ait lokuslarda belirlenen farklar toplamı (farklılaşma) ile genetik varyasyon değerleri (2) ve (10) Tablo 20 'de verilmiştir. Tablo değerlerinin grafik anlatımı ise Şekil 39 'da verilmiştir (73, 167).

Tablo 20. Doğu Ladini Enzim Lokuslarında Belirlenen Farklılaşma Değerleri

Lokus	Gst	δt
LAP-A	0.0545	0.1270
LAP-B	0.1023	0.4710
GOT-A	0.0116	0.2310
GOT-B	0.1364	0.1920
GOT-C	0.2292	0.3850
Ortalama	0.1068	0.2812

Tablo 20 ve Şekil 39 beraber incelendiğinde özellikle farklılaşmanın LAP-B ve GOT-C lokuslarında en fazla olduğu anlaşılacaktır.



Şekil 34 :Doğu Ladini Populasyonu Enzim Lokuslarında Belirlenen Farklılaşmanın Grafiksiz Anlatımı

3.4.5. Populasyonlar Arası Genetik Mesafe

LAP ve GOT enzim sistemlerinde belirlenen enzim lokusları için hesaplanan genetik mesafe (d_o) değerleri Tablo 4, 5, 9, 10 ve 11 'de daha önce verilmişti. Tablodaki her değer ilgili enzime ait lokus için geçerlidir. Bununla birlikte genel olarak Doğu Ladini populasyonları arasında enzimatik bakımdan tespit edilen genetik mesafe değerleri (4) nolu formüle göre GSED programı ile hesaplanarak Tablo 21 ' de verilmiştir.

Tablo değerleri incelendiğinde, 26 Doğu Ladini populasyonunda, araştırılan LAP ve GOT enzim sistemleri bakımından, tüm populasyonlar arasında genetik olarak farklılıklar olduğu anlaşılmaktadır. Bununla birlikte genetik mesafe değeri bazı populasyonlar arasında çok yüksek bulunurken, bazı populasyonlar arasında çok düşük düzeydedir. Populasyonlar arası genetik mesafe değeri minimum 0.050, maksimum 0.420 olup, ortalama 0.176 olarak tespit edilmiştir.

Tablo 21. Doğu Ladinde Populasyonlar Arası Genetik Mesafe Değerleri

PopNo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	-												
2	0.160	-											
3	0.100	0.190	-										
4	0.240	0.330	0.260	-									
5	0.165	0.240	0.215	0.175	-								
6	0.230	0.330	0.260	0.240	0.125	-							
7	0.170	0.100	0.160	0.340	0.205	0.260	-						
8	0.130	0.170	0.130	0.260	0.175	0.200	0.120	-					
9	0.160	0.230	0.190	0.170	0.155	0.280	0.220	0.180	-				
10	0.220	0.270	0.190	0.170	0.115	0.130	0.240	0.180	0.220	-			
11	0.150	0.200	0.200	0.220	0.135	0.260	0.230	0.190	0.090	0.210	-		
12	0.110	0.160	0.160	0.220	0.100	0.220	0.160	0.110	0.080	0.190	0.100	-	
13	0.100	0.160	0.110	0.220	0.160	0.280	0.160	0.130	0.120	0.210	0.140	0.070	-
14	0.270	0.290	0.330	0.380	0.310	0.420	0.360	0.320	0.280	0.370	0.250	0.230	0.260
15	0.200	0.310	0.230	0.200	0.110	0.050	0.270	0.220	0.240	0.120	0.210	0.190	0.240
16	0.140	0.240	0.210	0.170	0.065	0.110	0.210	0.160	0.180	0.130	0.150	0.120	0.190
17	0.170	0.280	0.230	0.110	0.125	0.150	0.300	0.200	0.190	0.120	0.180	0.170	0.220
18	0.090	0.170	0.090	0.250	0.175	0.190	0.130	0.090	0.180	0.140	0.200	0.120	0.110
19	0.170	0.260	0.170	0.150	0.095	0.150	0.240	0.190	0.190	0.070	0.160	0.160	0.170
20	0.130	0.180	0.110	0.240	0.155	0.210	0.150	0.080	0.130	0.130	0.140	0.100	0.120
21	0.070	0.160	0.150	0.260	0.150	0.210	0.180	0.110	0.150	0.230	0.140	0.080	0.100
22	0.140	0.210	0.170	0.210	0.070	0.190	0.210	0.170	0.110	0.140	0.070	0.080	0.130
23	0.135	0.195	0.145	0.210	0.130	0.155	0.155	0.125	0.155	0.110	0.165	0.105	0.135
24	0.130	0.210	0.210	0.200	0.195	0.320	0.240	0.200	0.140	0.290	0.180	0.140	0.120
25	0.135	0.190	0.160	0.220	0.105	0.215	0.190	0.145	0.130	0.155	0.100	0.070	0.095
26	0.200	0.230	0.210	0.240	0.095	0.170	0.170	0.160	0.170	0.120	0.135	0.120	0.170

PopNo	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
15	0.400	-											
16	0.330	0.100	-										
17	0.340	0.120	0.110	-									
18	0.320	0.160	0.150	0.190	-								
19	0.320	0.130	0.120	0.140	0.160	-							
20	0.300	0.180	0.150	0.190	0.070	0.140	-						
21	0.260	0.220	0.130	0.190	0.120	0.190	0.120	-					
22	0.280	0.140	0.090	0.160	0.150	0.120	0.100	0.120	-				
23	0.285	0.130	0.115	0.170	0.060	0.110	0.080	0.135	0.115	-			
24	0.230	0.300	0.220	0.220	0.200	0.230	0.210	0.130	0.190	0.195	-		
25	0.220	0.175	0.135	0.185	0.125	0.105	0.115	0.115	0.075	0.080	0.155	-	
26	0.280	0.150	0.110	0.200	0.140	0.140	0.130	0.180	0.080	0.105	0.240	0.185	-

I.C. YÜKSEKÖĞRETİM KURULU
DOKÜMANTASYON MERKEZİ

4. İRDELEME VE DEĞERLENDİRME

4.1. LAP Enzimine Ait Bulguların İrdelenmesi Ve Değerlendirilmesi

LAP enzim sistemi sonucu elde edilen allel frekansı dağılım değerleri Tablo 2 'de verilmiş olup, tablo değerlerine genel olarak bakıldığında LAP A lokusunda A1 alleli tüm populasyonlarda ortalama 0.929 (% 92.9) gibi yüksek oranda temsil edilirken, A2 alleli 0.071 (% 7.1) gibi düşük bir değerde yer almaktadır. LAP-B lokusunda ise B2 alleli 0.649 (% 64.9) ile en yüksek oranda iken B4 alleli 0.232 (% 23.2), B3 alleli 0.063 (% 6.3) ve B1 alleli 0.056 (% 5.6) oranlarında temsil edilmişlerdir.

Enzim lokuslarında ortaya çıkan allellerin populasyonlara dağılımı ise Şekil 7 'de verilen zimogram sayesinde daha açık olarak gözükecektir. LAP-A lokusundaki A1 alleli tüm populasyonlarda mevcut iken A2 alleli sadece 19 populasyonda ortaya çıkmıştır. Yani 7 populasyon A1 alleli bakımından monomorf , 19 populasyon ise polimorfik yapı göstermektedir. Aynı şekilde LAP-B lokusunda ortaya çıkan 4 allel tipinden (B1, B2, B3, B4) B2 alleli tüm populasyonlarda yer alırken 10 nolu populasyonda (D-II) B1 alleli, 13 nolu populasyonda (E-III) da B3 allele hiç rastlanılmamıştır. B4 alleli ise çift banttı oluşmakta olup 2 nolu populasyonun (A-III) dışında tüm populasyonlarda yer almıştır. Genel olarak LAP-B lokusu tüm populasyonlarda polimorfik bir yapı göstermektedir. Yani polimorfizm oranı % 100 'dür.

Populasyon içi genetik varyasyonu ilişkin değerler Tablo 3 'de verilmiş olup, buna göre etkili allel sayısı yani çeşitlilik değeri (V_p) LAP-A lokusunda 1.000 ile 1.500 arasında değişmekte, eşit bir dağılımın olmadığını, başka bir ifade ile etkili allel sayılarında farklılık olduğunu, yani LAP-A enzim lokusunda birden fazla allelin belirlendiği anlaşılmaktadır. Bununla birlikte bazı populasyonlarda benzerlik olduğu açık olarak görülmektedir. Nitekim aynı tablonun populasyon içindeki farklar toplamına (δt) ait değerlere baktığımızda etkili allel miktarı değeri $V_p = 1.000$ olması durumunda δt değeri 0.000 olmaktadır. Yani populasyon içinde farkların olmadığı anlaşılmaktadır. Aynı şekilde V_p değerinin 6 (B-IV) ve 21 nolu (İ-III) populasyonlardaki gibi en yüksek olduğu (1.471) durumlarda δt değeri de en yüksek değere (0.324) ulaşmaktadır. Buradan çıkan sonuç populasyonlardaki etkili allel miktarı (çeşitlilik) populasyonlar içindeki farklılaşmayla direkt ilişki içerisindedir. Yani ilgili verilerden herhangi birinin bilinmesi durumunda, populasyon içi varyasyona yönelik değerlendirme yapılabilir.

Benzer değerlendirme LAP-B enzim lokusunda yapıldığında, çeşitlilik (V_p) değerinin LAP-A lokusundan daha yüksek, 1.300-2.900 arasında değiştiği ortaya çıkmaktadır. LAP-B da etkili allel miktarı (çeşitlilik) ve populasyon içerisindeki farklar toplamı bakımından benzer populasyonların sayısı çok daha azdır. Burada da V_p değerinin en yüksek olduğu 24 nolu (J-III) populasyonda (2.941) δt değeri de en yüksek değere (0.668) ulaşmaktadır. Yani yukarıda ulaşılan genel sonuç LAP-B enzim lokusu içinde geçerliliğini korumaktadır.

Aynı tablonun gerçek homojenite (e) değerlerine baktığımızda, bu değerler bize bir populasyon içerisindeki tek tek bireylerin enzim tiplerine göre dağılımını vermekte olup, gerçek homojenite değeri, genetik mesafeye ait minimal değerin 1'den çıkarılması sonucu elde edilen değerdir. Bu değer LAP -A enzim lokusu için 0.850 - 1.000, LAP-B enzim lokusunda ise 0.600-1.000 arasındadır. Gerçek homojenite değeri 0.000 -1.000 arasında olup, $e = 1.000$ durumunda homojen bir dağılımdan söz edilebilir. Homojenite (e) değerinin 0.500 ve daha düşük olması durumunda, homojenite azalmaktadır. Buradan hareketle tablo değerlerine baktığımızda, ortalama değer olarak homojenite bakımından LAP-A enzim lokusu (0.857), LAP-B enzim lokusundan (0.575) daha homojen bir yapıdadır.

Populasyonlar arası genetik varyasyona ilişkin en önemli kriter genetik mesafe değerleri olup, buna ait veriler Tablo 4 ve Tablo 5 'de verilmiştir. Tablo 4 'deki LAP-A enzim lokusuna ait genetik mesafeler incelendiğinde bazı populasyonlar arasında allel frekansları bakımından farklılık olmamasına karşılık bazı populasyonlar arasında ise önemli sayılabilecek düzeyde farklılık söz konusudur. Genel olarak bakıldığında ise populasyonlar arasındaki farklılıklar çok yüksek düzeyde değildir. Ortalama genetik mesafe değeri LAP-A enzim lokusu için 0.056 olarak bulunmuştur. Bununla birlikte 6 (B-IV) ve 21 (İ-III) nolu populasyonlar, genetik mesafe bakımından diğer populasyonlarla önemli düzeyde farklılıklar içermektedir. Yani 6 ve 21 nolu populasyonlar, LAP-A enzimi bakımından farklılık içermektedir.

Tablo değerlerinden ortaya çıkan bir diğer önemli özellik ise 8 nolu (C-IV) deneme alanının sadece 16 nolu (G-III) deneme alanı ile, 6 nolu (B-IV) deneme alanının ise 21 nolu (I-III) deneme alanı ile aynı yapıda olduğudur.

Tablo 5 'deki LAP-B enzim lokusuna ait değerler incelendiğinde, populasyonlar arasındaki genetik uzaklığın LAP-A enzim lokusuna göre daha fazla olduğu anlaşılmaktadır. Ortalama genetik mesafe değeri LAP-A enzim lokusunda 0.056 iken LAP-B enzim lokusunda 0.2348 olarak tespit edilmiştir. LAP-B enzim lokusu bakımından tüm populasyonlar arasında değişik oranlarda da olsa farklılıklar ortaya çıkmıştır. Nitekim en yüksek farklılığın olduğu değer 0.650 olup, 4 nolu (B-II) populasyon ile 26 nolu (J-V) populasyonlar arasındadır. Ayrıca 4 nolu populasyon genetik mesafe yönünden diğer

populasyonlardan önemli derecede farklılık göstermektedir. Sadece 19 nolu (H-II) populasyon ile 23 nolu (J-II) populasyon birbirine benzerdir. Diğer populasyonlar arasında azda olsa farklılıklar söz konusudur. 4 (B-II) ve 24 (J-III) nolu populasyonlar ile diğer populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri, genelde daha yüksek düzeydedir.

4.2. GOT Enzimine Ait Bulguların Değerlendirilmesi

GOT enzimine ait allel frekansları Tablo 7 'de, belirlenen zimogramlar ise Şekil 10 'da verilmiş olup, Tablo 7 ve Şekil 10 birlikte değerlendirildiğinde, GOT enziminde, GOT-A lokusuna ait A2 alleli tüm populasyonlarda değişik oranlarda da olsa temsil edilirken, A1 alleli 7 populasyonda (6, 8, 10, 15, 17, 18 ve 20 nolu populasyonlar) hiç temsil edilmemektedir. A1 allelinin-tüm populasyonlarda temsil edilme oranı ortalama % 10.4, A2 alleli % 85.4 ve A3 alleli ise yalnızca % 4.2' dir. A3 alleli sadece 10 populasyonda yer almıştır. GOT-A lokusu genel olarak polimorfik bir yapı göstermekle beraber 6 (B-IV) ve 15 (F-IV) nolu populasyonlarda monomorfik bir yapı göstermiştir. Her iki populasyonda da A2 alleli dominant durumdadır. Polimorfizm yüzdesi ise % 92.3 ' tür.

GOT-B enzim lokusunda ise 3 farklı allel gözlemlenmiş (B2, B3, B5), tüm populasyonlar içerisinde yüzde olarak B2 alleli % 8.9, B3 alleli % 87.8 ve B5 alleli % 3.3 oranındadır. Bu değerlerden anlaşılacağı gibi B3 alleli tüm populasyonlarda hakim durumdadır. B2 alleli 10 populasyonda temsil edilmezken, sadece 14 nolu populasyonda (E-IV) diğer allellere kıyasla daha fazla yer almaktadır. Aynı şekilde B5 alleli yalnızca 10 populasyonda temsil edilmektedir.

GOT-B enzim lokusunda 7 populasyon B3 alleli ile monomorfik bir yapı göstermektedir. Polimorfizm yüzdesi % 73 ' tür.

GOT-C enzim lokusundaki C2 ve C4 allellerinin tüm populasyonlar içerisinde ortalama dağılımı, yüzde olarak C2, % 44.1 ve C4 % 55.9' dur. 6 (B-IV) ve 15 (F-IV) nolu populasyonlar C4 alleli bakımından monomorfik bir yapı gösterirken diğer populasyonlar polimorfik yapı göstermektedir. Bu enzim lokusundaki polimorfizm yüzdesi % 92.3 'tür.

GOT-A , GOT-B ve GOT-C lokusları beraber incelendiğinde 6 (B-IV) ve 15 (F-IV) nolu populasyonlar, monomorfik bir yapı ile dikkat çekmektedir. 14 (E-IV) nolu populasyon ise GOT-A1 ve GOT-B2 allelleri bakımından yüksek değer taşımaktadır.

Populasyon içi genetik varyasyona ilişkin tablo değerleri incelendiğinde etkili allel sayısı yani çeşitlilik değeri (V_p), GOT-A lokusunda 1.000 - 2.000 arasında değişmekte olup, populasyonlar arasında azda olsa farklılıkların olduğu anlaşılmaktadır. Bununla birlikte bazı populasyonlar arasında ise benzerlikler olduğu gözükmektedir. Aynı tablonun

populasyon içi farklar toplamına (δt) ait değerlerine baktığımızda V_p değerinin en yüksek olduğu (1.980) durumlarda δt değeri de en yüksektir.

Benzer irdeleme GOT-B ve GOT-C lokuslarında yapıldığında çeşitlilik değerinin (V_p) ortalama olarak GOT-C 'de en yüksek (1.682) olduğu, aynı sıralamanın δt değerleri içinde geçerli olduğu görülmektedir.

Yine gerçek homojenite (e) değerlerine baktığımızda, GOT-A, GOT-B ve GOT-C lokuslarında benzer aralıklarda (gerçek homojenite için 0.400-1.000 arasında) olduğu anlaşılmaktadır. e değeri 0.000-1.000 arasında değerler almakta olup, gerçek homojenite bakımından GOT-A lokusunda 0.746, GOT-B lokusunda 0.794 ve GOT-C lokusunda 0.767 değerlerini almaktadır. Her 3 enzim lokusu bakımından, 6 (B -IV) ve 15 (F-IV) nolu populasyonlar arasında homojen bir yapı görülmektedir. Bu populasyonlardaki homojenite değeri $e=1.000$ 'dır. Buna karşılık GOT-A için homojenite değerinin en düşük olduğu populasyon 3 nolu populasyon ($e=0.400$) iken GOT-B' de 11 nolu populasyon ($e=0.500$) ve GOT-C 'de 3 ve 16 nolu populasyonlar ($e=0.500$)' dir. GOT enzim sisteminde populasyonlara genel olarak baktığımızda, ortalama olarak çeşitlilik değeri $V_p = 1.434$, fark toplamı değeri $\delta t = 0.269$, gerçek homojenite değeri 0.769 olarak bulunmuştur. Buna göre LAP enziminde olduğu gibi bir populasyondaki etkili allel sayısı yani çeşitlilik değeri direk olarak populasyonda farklılaşma değeri ile, bunlarda homojenite değeri ile ilişkilidir.

Populasyonlar arası genetik mesafe değerleri GOT enziminde belirlenen her bir enzim lokusu için Tablo 9, Tablo 10 ve Tablo 11 'de ayrı ayrı verilmiştir. Tablo 9 'daki GOT-A enzim lokusuna ait genetik mesafeler incelendiğinde, bazı populasyonlar arasında alleller bakımından farklılık olmamasına rağmen, bazı populasyonlar arasında ise farklılıklar söz konusudur. Tüm populasyonlar içerisinde, genetik mesafe bakımından önemli bir farklılık 14 nolu (E-IV) populasyonda gözlenmiştir. Bu populasyon GOT-A lokusu bakımından diğer populasyonların tümünden önemli derecede farklılıklar göstermektedir. En düşük farklılık olduğu genetik mesafe 0.350' dir.

GOT-B enzim lokusuna ait tablo değerlerine bakıldığında, populasyonlar arasındaki genetik mesafe, GOT-A' da olduğu gibi, 14 nolu populasyon diğer populasyonlardan çok daha farklıdır. En yakın olduğu populasyon 26 nolu populasyon olup genetik mesafe değeri 0.325 ile diğer populasyonların kendi aralarındaki genetik mesafeden de yüksektir. Bununla birlikte bazı populasyonlar arasında ise genetik mesafe bakımından herhangi bir farklılık bulunamamıştır.

Benzer değerlendirme GOT-C enzim lokusuna ait Tablo 11 'deki değerler üzerinde yapıldığında populasyonlar arasındaki genetik mesafenin daha fazla olduğu anlaşılmaktadır. Nitekim genetik mesafe değeri, 7 (C-III) nolu populasyon ile 6 (B-IV) ve

15 (F-IV) nolu populasyonlar arasında maximum ($d_o=0.900$)' dur. Buna karşılık bazı populasyonlar arasında genetik mesafe bakımından farklılık bulunamamıştır.

4.3. Yükseklik Kademeleri ve Güzergahlar Arası Genetik Varyasyon Değerlerine İlişkin Değerlendirmeler

Yükseklik kademeleri ve güzergahlar arası genetik varyasyona ilişkin bulgular , hem allel frekansları hemde populasyon içi varyasyon değerlerine göre karşılaştırılmış olup analiz sonuçları Tablo 13 ve Tablo 15 'de verilmiştir. Her iki tablo değerleri incelendiğinde LAP enzim sisteminde gerek allel frekansları , gerekse populasyon içi varyasyon değerleri (V_p ve δt) bakımından yükseklik kademeleri ve güzergahlar arasında önemli bir farklılık bulunamamıştır. Bu durum yükseklik kademeleri ve güzergahlarda belirlenen ortalama allel frekanslarını gösterir grafiklerden de açık olarak görülmektedir. GOT enzim sisteminde ise LAP enzim sisteminde farklı olarak gerek allel frekansları gerekse populasyon içi varyasyon değerlerine göre sadece güzergahlar arasında bazı enzim lokusları bakımından farklılıklar tespit edilmiştir. Allel frekansları bakımından GOT enzim sisteminde B2, B5, C2 ve C4 allellerinde güzergahlar arasında önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu farklılıkların hangi populasyonlar arasında önemli olduğu Duncan testi ile kontrol edilmiş ve elde edilen sonuçlar Tablo 14 'de verilmiştir. Duncan testi sonuçlarına göre ;

- Allel frekansları bakımından GOT- B2 alleli, E güzergahı ile J güzergahı dışındaki tüm güzergahlar (A, B, C, D, F, G, H ve I) arasında, B5 alleli ise C güzergahı ile diğer tüm güzergahlar arasında % 95 güven düzeyinde farklı olduğu söylenebilir.

- GOT-C2 ve C4 allelleri ise, A güzergahı ile B , D , F , G ve H güzergahları, B güzergahı ile C ve E güzergahları, C güzergahı ile D , F , G ve H güzergahları, F güzergahı ile D, İ ve J güzergahları arasında % 99 güven düzeyinde önemli farklılıklar söz konusudur.

Populasyon içi varyasyon değerleri bakımından hangi güzergahlar arasında farklılıklar olduğunu belirlemek amacıyla yapılan Duncan testi sonuçları Tablo 16.'da verilmiş olup, buna göre, etkili allel sayısı yani çeşitlilik değeri bakımından, B güzergahı ile D ve J güzergahları, E güzergahı ile A, B, C, F, G, H ve İ güzergahları, F güzergahı ile A, C, D, H, İ ve J güzergahları arasında % 99 güven düzeyinde farklılıklar olduğu ileri sürülebilir. Aynı şekilde populasyonlar içi farklar toplamı bakımından E güzergahı ile B ve G güzergahları, F güzergahı ile A, C, D, E, H, İ ve J güzergahları arasında % 95 güven düzeyinde önemli farklılıkların bulunduğu söylenebilir.

Genetik varyasyonun yükseklik kademelerinden ziyade güzergahlar arasında çıkması, tohum hasat ve kullanım mıntukaları bakımından önem taşımaktadır. Dikkat edilirse güzergahlar arasındaki farklılıklar, birbirine uzak populasyonlarda görülmektedir. Deneme alanları, güzergah boyunca birbirini izleyen yükseklik kademelerinden seçilmiştir. Dolayısıyla genetik bakımdan yükseklik farkı olmasına rağmen benzerliklerin olması normaldir.

4.4. Populasyonların Genetik Yapısına İlişkin Değerlendirmeler

Doğu Ladini populasyonlarında belirlenen ortalama allel frekans değerlerini gösteren, Şekil 27 'deki grafik incelendiğinde, frekans dağılımı bakımından hakim durumda olan allel tipleri LAP enzim sisteminde A1 ve B2, GOT enzim sisteminde ise A2, B3 ve C4 allelleridir. Diğer allel tipleri ise C2 alleli dışında (% 43) populasyonlarda çok az oranlarda yer almışlardır.

Araştırılan toplam 26 Doğu Ladini populasyonunda LAP ve GOT enzim sistemlerinde belirlenen lokus ve allel miktarlarına ait değerler Tablo 17 'de verilmiştir. Buna göre populasyonlarda gözlemlenen ortalama allel sayısı 10.8, her lokustaki ortalama allel miktarı ise 2.17 olarak bulunmuştur. Hesaplanan bu değerler diğer konifer türlerinde belirlenen sonuçlara benzemektedir (70). Buna göre Doğu Ladini populasyonlarının araştırılan LAP ve GOT enzim sistemleri bakımından genetik zenginliğe sahip olduğu söylenebilir. Nitekim benzer şekilde her lokustaki ortalama allel sayısı Picea abies (L.) Karst.' te yapılan bir çalışmada (167) İtalya'daki Picea abies (L.) Karst. populasyonları için 1.42 - 2.11 arasında, ortalama 1.78, Litvanya'daki populasyonlarında ise ortalama 2.26 (40) olarak bulunmuştur. Polonya'da, Duglas (Psuedotsuga sp.) üzerinde IUFRO tarafından daha önceden kurulan orijin denemeleri üzerinde yapılan bir çalışmada (95), 2.68, Taiwania cryptomerioides (Hay.)'in Taiwan populasyonlarında 1.53 - 1.68 (113) arasında, Chamaecyparis lawsoniana (A.Murr) Parl. 'da 1.90 (109), Pinus nigra (Arnold.) 'nın Avrupa'daki 5 populasyonunda 1.87 - 2.31 arasında , ortalama 2.03 (63) vb. değerlerde bulunmuştur. Ortalama allel sayısının yüksek olduğu Populus sp. türleri arasında Tacamahaca seksiyonuna ait populasyonlar üzerinde yapılan çalışmada bu değer 3.40 olarak tespit edilmiştir (123).

Polimorfik lokus yüzdesi bakımından da tüm populasyonlardaki ortalama değer % 76.15 olarak bulunmuştur. Bununla beraber bazı populasyonlarda bu değer % 40'a, [6 (B-IV) ve 14 (E-IV) nolu populasyonlar] bazı populasyonlarda ise % 100' (2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 15, 19, 22, 23, 24 ve 25 sıra nolu populasyonlar) olarak tespit edilmiştir. Bu değer diğer konifer türlerine kıyasla, sınırlı bir yayılışa sahip olan Doğu Ladininin genetik bakımdan zengin bir çeşitlilik içerdiğini göstermektedir. Polimorfik lokus yüzdesi, Picea

abies (L.) Karst.' in İtalya 'daki popülasyonları arasında % 36.8 - 52.6 arasında, ortalama % 43.2 (73,167) , Litvanya 'daki popülasyonları arasında ise % 70 'in üzerinde (40) bulunmuştur. Diğer konifer türlerinde ise bu değer *Pinus silvestris* (L.)'in Avrupa ve Sibirya popülasyonları arasında % 90 gibi çok yüksek oranda (60), *Pinus nigra* (Arnold.)'nın Avrupa 'daki 5 popülasyonunda % 70 (63), Duglas'da % 77.3 (95), *Abies cephalonica* (Louda.), *Abies borisii regis* (Matt), *Abies bornmülleriana* (Mattf.) ve *Abies alba* (Mill.)'ya ait toplam 22 popülasyon arasında ise % 52.9 - % 87.5 gibi değerler bulunmuştur (85). Aynı değer *Taiwania cryptomerioides* (Hay.)'de % 50.2 (113), *Chamaecyparis lawsoniana* (A.Murr) Parl.'da % 64.9 (109) olarak tespit edilmiştir.

Doğu Ladini popülasyonlarında tespit edilen heterozigosity değerleri Tablo 18 'de verilmiştir. Buna göre ortalama heterozigosity değerleri tablodan da görüleceği gibi, $H_{min} = 0.1080$ ile $H_{max} = 0.4650$ değerleri arasında olup ortalama 0.2836 'dır. Bulunan bu değer konuyla ilgili yapılan diğer çalışmalarla kıyaslandığında Doğu Ladini popülasyonlarında genetik bakımdan zengin bir çeşitliliğin olduğu ortaya çıkmaktadır. Nitekim bu değer *Picea abies* (L.) Karst.'in İtalya'daki popülasyonları arasında 0.126 - 0.191 arasında olup ortalama 0.162 (73, 167), Litvanya'daki popülasyonları arasında 0.186 (40), *Picea glauca* (Moench) Voss.'da ise 0.172 (35) olarak bulunmuştur. Heterozigosity değeri diğer bazı konifer türlerinde de buna benzer sonuçlardır. Örneğin *Pinus sylvestris* (L.)'in Avrupa ve Sibirya popülasyonları arasında 0.284 (60), *Pinus nigra* (Arnold.)'nın Avrupa popülasyonlarında 0.220 - 0.257 arasında (63) , Polonya'da Duglas (*Pseudotsuga* sp.) üzerinde IUFRO tarafından önceden kurulan orijinlerinde 0.192 (95), Kanada popülasyonlarında ise 0.128 ile 0.164 arasında (92) , yine *Abies cephalonica* (Louda.), *Abies borisii regis* (Mattf.), *Abies bornmülleriana* (Mattf.) ve *Abies alba* (Mill.)'ya ait toplam 22 popülasyonda 0.175 - 0.290 arasında (85), *Larix decidua* subsp. *polonica*'nın Polonya'daki popülasyonlarında 0.188 (123), *Taiwania cryptomerioides* (Hay.)'de 0.145 (113) ve *Chamaecyparis lawsoniana* (A.Murr.)Parl.'da 0.130 olarak bulunmuştur (109).

Buna göre Doğu Ladininde (*Picea orientalis* (L.) Link.) belirlenen en yüksek heterozigosity değeri 14 nolu (E-IV) popülasyon (0.4650) ile 4 nolu (B-II) popülasyon (0.4630) 'larda saptanmıştır. En düşük heterozigosity değeri ise 15 nolu (F-IV) popülasyon olup (0.1080) bunu 6 nolu (B-IV) popülasyon (0.1280) ile 10 nolu (D-II) popülasyon (0.1530) izlemektedir.

Enzim lokusları bakımından ise en fazla heterozigosity değerleri ortalama olarak LAP-B enzim lokusu (0.4649) ile GOT-C enzim lokusunda (0.3801) 'dır. Buna karşılık LAP-A lokusu (0.1250) ve GOT-B lokusunda (0.1897) heterozigosity değerleri daha düşük düzeydedir.

Enzim lokuslarında belirlenen heterozigosity değerlerinin güzergahlara göre oransal dağılımları Şekil 28 - 37 'de daha açık olarak görülebilmektedir. Bu oransal dağılımlar sonucu, bazı güzergahlarda yer alan bazı populasyonlarda bazı enzim lokusları hiç yer almamakta, bazılarında ise çok yüksek oranda bulunmuştur. Örneğin B güzergahına ait B-IV, F güzergahına ait F-IV kod nolu deneme alanlarında GOT enzim sistemine ait enzim lokuslarının hiç biri yer almamıştır. Bu alanlardaki heterozigosityyi LAP enzim sistemine ait enzim lokusları belirlemektedir.

4.4.1. Genetik Çeşitliliğin Analizi

Genetik çeşitliliğin analizine ait değerler Tablo 19 'da verilmiş olup bu değerler incelendiğinde populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik değeri ortalama olarak % 4.12 gibi düşük bir değer çıkmıştır. Toplam genetik çeşitlilik değeri ile populasyonlar içi genetik çeşitlilik değerleri her bir lokusta birbirine çok yakın bulunmuştur. Buradan hareketle hesaplanan populasyonlar arası genetik varyasyon değeri (Gst) de nisbeten düşük (% 10.68) belirlenmiştir. Araştırma sonucu populasyonlar arasında genetik çeşitlilik değeri (Dst), populasyon içi genetik çeşitlilik değerinden (Hs), çok daha az bulunmuştur. Oysa ilk bakışta populasyonlar arası genetik çeşitlilik değeri, populasyon içindekinden fazla gibi beklensede; her bir populasyonda seçilen örnek ağaçların tesadüfi olarak seçilmemiş, mümkün olduğunca fenotipik olarak farklı bireylerden seçilmiş olmasının, yine populasyon içinde gen frekansını değiştiren genetik drift, kendileşme, migrasyon, seleksiyon, mutasyon, izolasyon oranının yüksek olması önemli sayılabilecek nedenler arasındadır. Nitekim benzer sonuçlar Picea abies (L.) Karst.'in (37, 167) İtalya'daki populasyonları üzerinde yapılan araştırma sonuçlarına yakın değerde olup 0.019 gibi düşük çıkmıştır. Pinus silvestris (L.)'in Polonya'da yapılan orijin denemelerinde kullanılan orijinler arasındaki genetik çeşitlilik değeri ise 0.076 olarak bulunmuştur (59).

Genetik çeşitlilik ve farklılaşmanın Doğu Ladini populasyonlarında belirlenen enzim lokuslarına göre dağılımını gösteren Tablo 20. ve Şekil 39. incelendiğinde daha açık olarak görüleceği gibi genetik çeşitliliğin ana kaynağını populasyonlar içi farklar toplamı (δt) oluşturmaktadır. En önemli varyasyon ise LAP-B ve GOT-C enzim lokuslarında ortaya çıkmıştır. Buna göre genetik varyasyona ilişkin ortalama değer 0.1068, ortalama farklılaşma değeri ise 0.2812 olarak bulunmuştur. Benzer şekilde Picea abies (L.) Karst.'in Avrupa'daki 10 populasyonunda farklılaşma değeri (δt) 0.320 ile 0.367 arasında, Abies alba (Mill.)'da ise 0.143 - 0.337 arasında olarak bulunmuştur (168).

4.4.2. Populasyonlar Arası Genetik Mesafe

Populasyonlar arası genetik mesafe değerlerine ait tablonun incelenmesi sonucu genetik mesafe ortalama olarak 0.1759 'dur. Bu değer benzer türlerdeki değerlere göre çok yüksektir. Bu sonuç sınırlı bir alanda yayılış gösteren Doğu Ladini populasyonları arasındaki genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu göstermektedir. Nitekim bu konuda yapılan bazı çalışmalarda bulunan değerler çok daha düşüktür. Örneğin Picea abies (L.) Karst.)'in İtalya'daki populasyonları arasında belirlenen ortalama genetik mesafe değeri 0.065 olarak (37), yine Picea abies (L.) Karst.'in Avrupa populasyonları üzerinde yapılan diğer bir çalışmada ortalama genetik mesafe değeri 0.035 den daha düşük olarak bulunmuştur (167). Picea abies (L.) Karst.'in Litvanya populasyonları arasındaki genetik mesafe değeri ise 0.003 ile 0.012 arasında çok düşük değerlerde bulunmuş, buradan hareketle Litvanya'daki Picea abies (L.) Karst.'lerin benzer genetik yapıya sahip olduğu ileri sürülmektedir (40). Chamaecyparis lawsoniana ((A.Murr.) Parl.'da alçak ve yüksek zonlardan alınan populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri 0.016 (109), Thuja occidentalis (L.)'in kurak ve bataklık bölgelerinden alınan populasyonlar arasında ise bu değer 0.0015 gibi çok düşük değerlerde bulunmuştur (58)

Yapılan bu çalışmada ise araştırılan 26 Picea orientalis (L.) Link. populasyonunda LAP ve GOT enzim sistemleri tüm populasyonlar arasında genetik mesafe bakımından farklılık taşımaktadır. Tablo 21 incelendiğinde görüleceği gibi 26 Doğu Ladini populasyonlarının hiçbirisi genetik mesafe yönünden benzer bulunmamıştır. Buda bize Doğu Ladini populasyonları arasında genetik bakımdan farklılıkların olduğunu, dolayısıyla beklenenden yüksek oranda genetik çeşitliliğin olduğunu göstermektedir. Aynı tablodan anlaşılacağı gibi Doğu Ladini populasyonları arasındaki en düşük genetik mesafe 0.050 ile 6 (B-IV) ve 15 (F-IV) nolu populasyonlar arasında olup, bunu 0.070 ile 1-12, 5-22, 10-19, 11-22, 12-13, 12-25, 18-20 sıra nolu populasyonlar izlemektedir. Maximum değer (0.420) ise 14 nolu populasyon ile 6 nolu populasyonlar arasındadır. 14 nolu populasyonun diğer tüm populasyonlarla, genetik mesafe bakımından en yüksek değerleri taşıdığı kolayca görülecektir. Diğer populasyonlarla olan ortalama genetik mesafe değeri 0.3056 dır. Benzer özellik 4 nolu populasyon içinde (0.2362) yüksek düzeydedir.

Araştırma sonucu incelenen genetik çeşitlilik ve mesafe değerlerine göre diğer deneme alanlarından daha farklı özellik gösteren 4 ve 14 nolu deneme alanlarına ait genel bilgiler incelendiğinde 14 nolu deneme alanının (Trabzon-Çaykara, E-IV) köylüler tarafından uzun yıllardan beri korumaya alındığı anlaşılacaktır. Söz konusu deneme alanına herhangi bir müdahale sözkonusu değildir. Bunun yanında 4 nolu deneme alanı (Giresun-Dereli, B-II) ise tohum meşçeresi olarak ayrılmış olup üstün özelliklere sahip bireylerden oluşmaktadır.

4.4.3. Homogenetik Test Sonuçları

Gerek LAP enzim sisteminde ve gerekse GOT enzim sisteminde belirlenen allellerin gözlemlenen ve beklenen değerleri arasındaki ilişkiye ait veriler Tablo 6 ve Tablo 12 'de verilmiştir. Buna göre her iki enzim sisteminde, χ^2 hesap değeri χ^2 tablo değerinden büyük olduğu için hem LAP-A ve LAP-B, hemde GOT-A, GOT-B ve GOT-C enzim lokusları bakımından % 95, % 99 ve % 99.9 güven düzeylerinde farklılığın anlamlı olduğu söylenebilir.



5. SONUÇLAR

Doğu Ladini populasyonlarında genetik yapının belirlenmesi amacıyla alınan 26 populasyon (orijin) üzerinde endosperm materyali kullanılarak elektroforetik tekniği sayesinde izoenzim analizleri ile elde edilen sonuçlar aşağıda özetlendiği gibidir.

- LAP enzim sisteminde LAP-A ve LAP-B olmak üzere iki enzim lokusunda toplam 6 allel tipi belirlenmiştir. Bunlardan A1 ve B2 allelleri tüm populasyonlarda hakim durumda gözlenirken diğer alleller bazı populasyonlara hiç veya çok az oranda temsil edilmişlerdir.

-GOT enzim sisteminde GOT-A, GOT-B ve GOT-C olmak üzere üç enzim lokusunda toplam 8 allel tipi belirlenmiştir. Bunlardan A2 ve B3 alleli tüm populasyonlarda gözlemlenmiş ve yüksek oranda olduğu tespit edilmiştir. LAP enziminde olduğu gibi bazı alleller bazı populasyonlarda hiç temsil edilmezken, bazı alleller bazı populasyonlarda azda olsa değişik oranlarda temsil edilmektedir.

-Genel olarak Doğu Ladini populasyonlarında ortalama allel frekansları bakımından LAP-A1 alleli % 92.9, LAP-B2 alleli % 64.9, GOT-A2 alleli % 85.4, GOT-B3 alleli % 87.8 ve GOT-C4 allelide % 55.9 gibi yüksek oranlarda olduğu belirlenmiştir.

- Populasyonlar arası genetik mesafe değerleri bakımından LAP enzim sisteminde belirlenen LAP-A ve LAP-B enzim lokuslarında bazı populasyonlar arasında allel frekansları bakımından farklılık bulunmamasına karşılık bazı populasyonlar arasında ise önemli sayılabilecek farklılıklar sözkonusudur. LAP-A enzim lokusu için 6 (B-IV) ve 21 (İ-III) nolu populasyonlar, LAP-B enzim lokusu için 4 (B-II) ve 24 (I-III) nolu populasyonlar diğer populasyonlarla önemli düzeyde farklılık göstermişlerdir.

-GOT enzim sisteminde belirlenen GOT-A, GOT-B ve GOT-C enzim lokuslarında da LAP enzim sisteminde olduğu gibi bazı populasyonlar arasında allel frekansları bakımından önemli farklılıklar olmamasına karşılık, bazı populasyonlar arasında önemli farklılıklar ortaya çıkmıştır. Örneğin GOT-A ve GOT-B enzim lokuslarına göre tüm populasyonlar içerisinde, genetik mesafe bakımından önemli farklılık 14 nolu (E-IV) populasyonda gözlenmiş olup bu populasyon diğer populasyonların tümünden önemli derecede farklılık göstermiştir. GOT-C enzim gen lokusu bakımından ise 7 nolu (C-III) populasyon ile 6 (B-IV) ve 15 nolu (F-IV) populasyonlar arasında önemli farklılıklar bulunmuştur.

- Populasyon ii genetik varyasyon oranı arařtırılan enzimlerde belirlenen allel sayıları ile iliřkili olup, LAP enzim sisteminde, LAP-B ve LAP-A lokuslarına gre populasyonlarda daha heterojen bir yapıya sahiptir. GOT enziminde ise her  gen lokusu benzer oranlarda populasyonlarda farklılařmaya neden olmuřlardır.

-LAP enzim sisteminde gerek allel frekansları, gerekse populasyonlar ii varyasyon deęerleri (V_p , δt) bakımından ykseklik kademeleri ve gzergahlar arasında nemli bir farklılık bulunmamıřtır. Buna karřılık GOT enzim sisteminde sadece gzergahlar arasında bazı allel frekansları (B5, C2 ve C4) bakımından, bazı gzergahlar arasında nemli sayılabilecek farklılıklar ortaya ıkmıřtır.

-Doęu Ladini populasyonlarında genetik yapı bakımından belirlenen ortalama allel sayısı 10.8, her lokustaki ortalama allel miktarı (A) 2.17, polimorfik lokus yzdesi (P) % 76.15 dir. Bu verilere gre genetik bakımdan Doęu Ladini populasyonlarının zengin bir varyasyona sahip olduęu sylenebilir.

-Heterozigosity bakımından en yksek farklılık 14 (E-IV) ve 4 (B-II) nolu populasyonlarda, en dřk farklılık ise 15 nolu (F-IV) populasyonda gzlenmiřtir.

-Genetik eřitlilik bakımından populasyon ii varyasyon, populasyonlar arası varyasyondan yksek bulunmuřtur. Buna gre genetik varyasyonu populasyonlar arasından ziyade populasyon iinde aramak gerekmektedir.

-Tm populasyonlar arasındaki ortalama genetik mesafe deęeri 0.1759 olup bu deęer dięer konifer trlerinde yapılan alıřmalarla karřılařtırıldıęında populasyonlar arasında genetik bakımdan yksek dzeyde farklılıklar olduęu sylenebilir. Genetik mesafe bakımından en nemli farklılık 14 (E-IV) ve 4 (E-II) nolu populasyonlar ile dięer populasyonlar arasındadır.

6. ÖNERİLER

Etkili bir ağaç ıslahı programı, doğada mevcut orman ağaçlarının genetik yapısını bilinmesini amaçlar. Böylece üstün bireyler gelecekte kullanılmak üzere muhafaza edilebilirken, bir yandan da bunlardan elde edilen tohumlarla kitle üretimine gidilerek, ağaçlandırma çalışmalarında kullanmak amaçlanır.

Söz konusu amaca ulaşmak için ise türün genetik varyasyonlarının belirlenmesi yoluna en kısa zamanda gidilmelidir. Son yıllarda genetik yapının belirlenmesi amacıyla geliştirilen yeni teknikler uygulamaya konulmalıdır. Bunlar içerisinde elektroforesis tekniği ile kısa zamanda populasyonların genetik yapıları belirlenebilmektedir.

Doğu ladininde genetik yapının izoenzim analizler ile belirlenmesi amacıyla yapılan bu çalışmada, kısıtlı kaynaklar nedeniyle iki enzim sisteminde (LAP ve GOT) analizler gerçekleştirilebilmiştir. Buradan hareketle 26 Doğu Ladini populasyonlarının genetik yapısı belirlenmiştir. Buna göre;

1- Bazı populasyonlar, bazı enzim lokusu ve alleleri bakımından birbiri ile benzer iken, bazı alleller bakımından ise bazı populasyonlar arasında farklılıklar ortaya çıkmıştır.

2-Yükseklik kademeleri arasında araştırılan iki enzim bakımından farklılık bulunamamıştır. Ancak güzergahlar arasında bazı farklılıklar ortaya çıkmıştır. Buna göre tohum hasat ve kullanma muntıkaları bakımından düşey mesafeden ziyade, yatay mesafe daha fazla önem kazanmaktadır.

3- LAP ve GOT enzim sistemlerine göre Doğu Ladininde genetik çeşitliliğin yüksek olduğu ortaya çıkmıştır. Allel frekansları bakımından populasyonlar arasında genetik mesafenin yüksek olduğu 14 (E-IV) ve 4 (B-II) nolu populasyonlar mutlak suretle korumaya alınmalıdır.

4- Araştırma sonucunda populasyonlar içindeki genetik varyasyon, populasyonlar arasındakinden daha fazla bulunmuştur. Buna göre genetik varyansın kaynağını populasyonlar arasından ziyade populasyon içinde, hatta populasyondaki ana ağaçlar üzerinde aramak gerekecektir.

5- Bilindiği gibi kalıtsal faktörler kromozomlardaki genler tarafından karakterize edilir ve bunlar birbirinden farklı olup herbiri bir veya daha fazla özelliğin kalıtımını denetlemektedirler. Bir hücrede milyonlarca genin varlığı dikkate alındığında, araştırılan iki enzimde belirlenen toplam 14 allel tipi bakımından populasyonların genetik yapıları hakkında doğru bilgi edinilsede, daha geniş ve detaylı bilgi için daha çok enzim sisteminde çalışmak gereklidir.

6- Populasyonların genetik yapıları, mümkün olduğunca fazla sayıdaki enzim sistemleri ile analiz edilerek birbirinden ayrılmalı, üstün özelliklere ait bireylerin doğru teşhisi kısa zamanda yapılarak, ağaçlandırma çalışmalarında genetik sertifikası bilinen tohum materyali kullanımı mümkün hale getirilmelidir.

7- Genetik zenginliğin, gen konservasyonu ile in-situ (yerinde koruma) veya ex-situ (tohumların muhafazası veya ağaçlandırma v.s.) yöntemlerle korunması mutlaka sağlanmalıdır. Burada dikkat edilecek husus, gen koruma çalışmalarında;

- Mevcut bulunan genetik çeşitlilik iyi tespit edilmeli ve tamamını temsil edebilmelidir.

-Genetik çeşitliliği generasyondan generasyona aktarabilmelidir.



7. KAYNAKLAR

- (1) Atay, İ., Ladin'in (Picea orientalis (L.) Link.) Türkiye Şartlarında Özel Silvikültürü, İ.Ü. Orman Fak. Dergisi Seri B, 31, 1 (1981), 25-43.
- (2) Anonim, Türkiye Orman Envanteri O.G.M. Yayın No:13, Ankara, 1980.
- (3) Ürgenç, S., Orman Ağaçları Islahı İ.Ü. Orman Fak. Yayın No:293 / 2836, İstanbul, 1982
- (4) Şimşek, Y., Türkiye Orijinli Göknar Türlerinin (Abies nordmanniana (Stev.) Spach., Abies bornmülleriana Mattf., Abies equi-trojani Aschers. et Sint.) Genetik Yapıları Üzerine Araştırmalar, O.A.E. Yayın. Teknik Bülten No:221, Ankara, 1992.
- (5) Şimşek, Y., Orman Ağaçları Islahına Giriş, O.A.E. Yayın. Muhtelif Yayınlar Serisi No : 65, Ankara, 1993.
- (6) Saatçioğlu, F., Silvikültür I. Silvikültürün Biyolojik Esasları ve Prensipleri, İ.Ü. Orman Fak. Yayın No:138 / 1429, İstanbul, 1969.
- (7) Eraslan, İ., Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link)'nin Teknik Vasıfları ve Kullanma Yerleri Hakkında Araştırmalar, O.G.M. Yayın. Özel Sayı: 55, Ankara, 1947.
- (8) Ata, C., ve Demirci, A., Silvikültürün Temel Prensipleri (Silvikültür I), K.T.Ü. Orman Fak. Ders Tezsizleri Serisi No: 42, Trabzon, 1992.
- (9) Kayacık, H., Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link) 'in Coğrafi Yayılışı, İ.Ü. Orman Fak. Dergisi Seri B, 10, 2, (1960), 25-32.
- (10) Anşın, R., Tohumlu Bitkiler , Gymnospermae (Açık Tohumlular), K.T.Ü. Orman Fak. Yayın No: 15 / 122, I.Cilt, Trabzon, 1994.
- (11) Anonim, Doğu Ladini El Kitabı Dizisi: 5 O. A. E. Yayın. Muhtelif Yayınlar Serisi :58, 1989.
- (12) Atalay, İ., Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link.) Tohum Transfer Rejyonlaması, O.G.M., O.A.T.I.E. Yayın. No:2, Ankara, 1984.
- (13) Ürgenç, S., Doğu Ladini (Picea orientalis (L.) Link.) Kozalak ve Tohumu Üzerine Araştırmalar, O.G.M. Yay. 417, 40, Ankara, 1965.

- (14) Yahyaoğlu, Z., Ladin (*Picea orientalis* (L.) Link') de Çelikle Üretim, K.T.Ü. Orman Fak. Dergisi, 6, 1, (1983), 5-15.
- (15) Yahyaoğlu, Z., ve Atasoy, H., Ladin (*Picea orientalis* (L.) Link.')de Islah Çalışmaları, K.T.Ü. Orman Fak. Dergisi, 6, 2 (1983), 416-434.
- (16) Gökmen, H., Açık Tohumlular, Gymnospermae, O.G.M. Yay. 523, 49, Ankara, 1970.
- (17) Gezer, A., Doğu Ladini (*Picea orientalis* (L.) Link) Fideciklerinin Morfo-genetik Özellikleri Üzerinde Araştırmalar, O.A.E. Yay. Teknik Bülten Seri No:92, 1976
- (18) Müller, S, G., Survey of Genetic Variation as Inferred from Enzyme Gene Markers, in : G. Müller-starck and M. Ziehe (ed.), Genetic Variation in European Populations of Forest Trees, Sauerlander's Verlag, Frankfurt am Main, (1991), 20-37.
- (19) Turna, I., Orman Ağaçlarının Genetik Yapılarının Belirlenmesinde İzoenzim Analiz Yöntemlerinin Yeri ve Önemi, Güz Yarıyılı Seminerleri, K.T.Ü. Orman Fakültesi Seminer Serisi, , 1 (1995), 125-132.
- (20) Feret, P.P., ve Bergmann, F., Gel Electrophoresis of Proteins and Enzymes, S. 49-77, in : J. P. Miksche (Ed.), Modern Methods in Forest Genetics. Springer, Berlin, Heidelberg etc.1976 .
- (21) Bartels, H., Genetic Control of Multiple Esterases From Needles and Macrogametophytes of *Picea abies*. Planta, 99, 1971.
- (22) Bergmann, F., Genetische Untersuchungen bei *Picea abies* mit Hilfe der Isoenzyme-Identifizierung, II. Genetische Kontrolle von Esterase und Leucinaminopeptid-Isoenzymen im haploiden Endosperm ruhender Samen. Theoretical and Applied Genetics, 43. (1973).
- (23) Bergmann F., Experiments on Possibilities for Genetic Certification of Forest Seed, IUFRO Genetics-Sabrao Joint Symposia, Tokyo, A-6 (V), 1972, 1-5.
- (24) Bergmann, F., Genetische Abstand Zwischen Populationen. II. Die Bestimmung des Genetischen Abstand Zwischen Europäischen Fichten Populationen (*Picea abies*) auf der Basis Von Isoenzyme-Gen häufigkeiten, Silvae Genetica, 23, 1-3, 23-32.
- (25) Bergmann, F., The Genetics of Some Isoenzyme Systems in Spruce Endosperm (*Picea abies*), Genetica, G:3, 353-360.
- (26) Bergmann, F., Adaptive Acid Phosphatase Polymorphism in Conifer Seeds, Silvae Genetica , 24, 5-6, (1975), 175-177.

- (27) Müller, S. G., A Simple Method of Estimating Rates of Self-fertilization by Analysis Isozymes in Tree Seeds, Silvae Genetica, 25, 1, (1976), 15-17.
- (28) Tsay, R. C. ve Taylor, I. E. P., Isoenzyme Complex as Indicators of Genetic Diversity in White Spruce, *Picea glauca*, In Southern Ontario and the Yukon Territory. Formic, Glutamic and Lactic Dehydrogenases and Cationic Peroxidases. Can. Jour. of Bot. Vol. 56, (1978), 80-90.
- (29) Geburek, T. H., ve Wuehlich, G., Linkage Analysis of Isozyme Gene Loci in *Picea abies* (L.) Karst., Heredity 62, (1989), 185-191.
- (30) Scholz, F. ve Bergmann, F., Selection Pressure by Air Pollution as Studied by Isozyme Gene Systems in Norway Spruce Exposed to Sulphur Dioxide. Silvae Genetica 33, 6, (1984), 238-241.
- (31) Bergmann, F. ve Scholz, F., The Impact of Air Pollution on The Genetic Structure of Norway Spruce, Silvae Genetica, 36, (1987).
- (32) Müller, S. G., Genetic Differences Between " Tolerant " and " Sensitive " Beeches (Fagus sylvatica L.) in an Environmentally Stressed Adult Forest Stand, Silvae Genetica, 34, 6, (1985), 241-247.
- (33) Müller, S. G., ve Ziehe, M., Genetic Variation in Populations of Fagus sylvatica L., Quercus robur L., and Q. petraea Liebl. in Germany, Genetic Variation in European Populations of Forest Trees, G. Müller and M. Ziehe (Ed.) Sauerlander's Verlag, Frankfurt am Main, 1881, 125-140.
- (34) O'Reilly, G.J., Parker, W. H. ve Cheliak W. M., Isozyme Differentiation of Upland and Lowland *Picea marianna* Stands in Northern Ontario. Silvae Genetica 34, 6, (1985) 214-221.
- (35) Cheilak, W. M., Murray, G., ve Pitel, J. A., Genetics Effects of Phenotypic Selection in White Spruce, Forest Ecology and Mana., 24, (1988), 139-149.
- (36) Knowles, P., Spatial Genetics Structure Within Two Natural Stands of Black Spruce (Picea marianna (Mill.) B.S.P.), Silvae Genetica, 40,1, (1991), 13-19.
- (37) Giannini, R., Morgante, M. ve Vendramin, G. G., Allozyme Variation in Italian Populations of Picea abies (L.) Karst., Silvae Genetica 40, 3 / 4, (1991), 160-166.
- (38) Wang, Z. M., ve Macdonald, S., Peatland and Upland Black Spruce Populations in Alberta, Canada: Isozyme Variation and Seed Germination Ecology, Silvae Genetica, 42, 2, (1992), 117-123.
- (39) Chaisurisri, K., Mitton, J. B., ve El-Kassaby, A.Y., Variation in The Mating System of Sitka Spruce Evidence for Partial Assortative Mating. Amer. Jour. of Bot., 81, 11, (1994), 1410-1415.

- (40) Goncharenko, G. G., Zadeika, I. V., ve Birgelis, J. J., Genetic Structure, Diversity and Differentiation of Norway Spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) in Natural Populations of Latvia, Forest Ecology and Managem. 72, (1995), 31-38.
- (41) Bergmann, F., ve Ruetz, W., Isozyme Genetic Variation and Heterozygosity in Random Tree Samples and Selected Orchard Clones From The Same Norway Spruce Populations, Forest Ecology and Managem. 46, (1991), 39-47.
- (42) Juo, P. S., ve Stotzky, G., Electrophoretic Analysis of Isozymes From Seeds of Pinus, Abies and Pseudotsuga, Can. Jour. of Bot., Vol. 51, (1973), 2201-2205.
- (43) Goncharenko, G. G., Results of Using Methods of Isozyme Genetics in Breeding Conifers, Sovershenstvovanie Vedeniya Lesnogo Khozyaistva Bellorussii, Moscow, 1989, 103-119.
- (44) Rudin, D., Eriksson, G., Ekberg, I., ve Rasmuson, M., Studies of Allele Frequencies and Inbreeding in Scots Pine Populations by The Aid of The Isozyme Technique, Silvae Genetica, 23, (1974), 10-13.
- (45) Polozova, L-Ya., ve Abaturova, G. A., Comparative Investigation of Two Populations of *Pinus silvestris*, Lesovedenie, No:5, (1976) 40-45.
- (46) Rudin, D., ve Ekberg, I., Linkage Studies in *Pinus silvestris* L. Using Macro Gametophyte Allozymes, Silvae Genetica, 27,1, (1978), 1-12.
- (47) Mejnartowicz, J., Genetic Variation in Some Isoenzyme Loci in Scots Pine (*Pinus silvestris* L.) Populations, Arboretum Körnicke, Rocznik, XXIV, (1979).
- (48) Shen, H. H., Rudin, D. ve Lindgren, D., Study of the Pollination Pattern in A Scot Pine Seed Orchard by Means of Isozyme Analysis, Silvae Genetica, 30,1, (1981), 7-15.
- (49) Müller, S. G., Reproductive Systems in Conifer Seed Orhards I. Mating Probabilities in a Seed Orchard of *Pinus silvestris* L., Silvae Genetica, 31, 5-6, (1982), 188-198.
- (50) Gullberg, U., Yazdani, R., Rudin, D., ve Ryman, N., Allozyme Variation in Scots Pine (*Pinus silvestris* L.) in Sweden, Silvae Genetica, 34, 6, (1995), 193-201.
- (51) Yazdani, R., Muona, O., Rudin, D., ve Szmidt, A.E., Genetic Structure of a *Pinus sylvestris* L. Seed-Tree Stand and Naturally Regenerated Understory, Forest Science, Vol.31, 2, (1985), 430-436.
- (52) Karalamangala, R. R. ve Nickrent, D. L., an Electrophotatic Study of Representatives of Subgenus Diploxylon of Pinus, Can. Jour. of Bot. , Vol. 67, (1989), 1750-1759.

- (53) Shurkal, A., Podogas, A., ve Zhivotovsky, L., Allozyme Differentiation in The Genus *Pinus*, *Silvae Genetica*, 41,2, (1992), 105-109.
- (54) Muona, O. ve Harju, A., Effective Population Sizes, Genetic Variability and Mating System in Natural Stands and Seed Orchards of *Pinus sylvestris*, *Silvae Genetica*, 38,5, (1988), 221-229.
- (55) Glowacki, P. W., ve Godzik, S. T., Changes Induced by Zinic Smelter Pollution in the Genetic Structure of Pine (*Pinus sylvestris* L.) Seedling Populations, *Silvae Genetica*, 40, 5-6, (1991), 184-188.
- (56) Yazdani, R., ve Lindgren, D., Variation of Pollen Contamination in a Scots Pine Seed Orchards, *Silvae Genetica*, 40, 5-6, (1991), 243-246.
- (57) Thormann, R. ve Stephan, B.R., Interpretation of Isozyme Patterns of Malete Dehydrogenase in Scots Pine Using Two Different Staining Methods, *Silvae Genetica*, 42, 1, (1993), 4-8.
- (58) Glowacki, P. W. ve Stephan, B. R., Genetic Variation of *Pinus sylvestris* from Spain in Relation to Other European Populations, *Silvae Genetica*, 43, 1, (1994), 7-14.
- (59) Glowacki, P. W., ve Bernard, E., Allozyme Variation in Populations of *Pinus Sylvestris* L. from A 1932 Provenance Trial in Pulawy (Poland), *Silvae Genetica*, 43,2-3, (1994), 132-138.
- (60) Goncharenko, G. G., Silin, A. E. ve Padutov V. E., Allozyme Variation in Natural Populations of Eurasian Pines, *Silvae Genetica*, 43, 2-3, (1994), 119-132.
- (61) Masimbert, M. B., ve Bıkay, V., Variabilite Intraspecifigue des Isozymes de la Glutamate-Oxaloacetate- Transaminase Chez *Pinus nigra* Arnold Interet Pour la Taxonomie des Sous Especies, *Silvae Genetica*, 27, 2, (1978). 71-79.
- (62) Nolic, D., ve Tucic, N., Isoenzyme Variation Within and Among Populations of European Black Pine (*Pinus nigra* Arnold), *Silvae Genetica*, 32, 3-4, (1983), 80-89.
- (63) Scaltsoyannes, A., Rohr, R., Panetsos, K. P. ve Tsaktsira, M., Allozyme Frequency Distrubitions in Five European Populations of Black Pine (*Pinus nigra* Arnold), *Silvae Genetica*, 43, 1, (1994), 20-30.
- (64) Aguinagalde, I., ve Bueno, M. A., Morphometric and Electrophoretic Analysis of Two Populations of European Black Pine (*Pinus nigra* Arn.), *Silvae Genetica*, 43, 4, (1994), 195-199.
- (65) Snyder, E. B., ve Hamaker, J. M., Inheritance of Peroxidase Isozymes in Needles Loblolly and Longleaf Pines, *Silvae Genetica*, 27, 3-4, (1978), 125-129.

- (66) Kormutak, A., Vookova, B., Gajdosova, A., ve Salaj, J., Hybridological Relationships Between *Pinus nigra* Arn., *Pinus thunbergii* Parl. ve *Pinus tabulaeformis* Carriere, *Silvae Genetica*, 41, 4-5, (1992), 228-234.
- (67) Witter, M. S., ve Feret, P. P., Inheritance of Glutamate Oxalo-acetate Transaminase Isozymes in Virginia Pine Megagametophytes, *Silvae Genetica*, 27, 3-4, (1978), 129-134.
- (68) Witter, M. S., ve Feret, P. P., Inheritance of Esterase and Acid Phosphatase Isozymes in Virginia Pine and Application of the Isozyme Technique to A Seed Orchard Population, *Silvae Genetica*, 28, 5-6, (1979), 213-220.
- (69) Linhart, B., Mitton, J. B., Sturgeon, K. B., ve Davis, M. L., an Analysis of Genetic Architecture in Populations of Ponderosa Pine. in Conkle, TH (Edi.), *Proc. Symposium an Isozyme of North American Forest Trees and Forest Insectc.* July, 27, Berkeley, Calif., (1979), 53-59.
- (70) Yow. T. H., Wagner, M. R., Wommarck, D. E. ve Tuskan, G. A., Influence of Selection for Volume Growth on the Genetic Variability of Soutwestern Ponderosa Pine. *Silvae Genetica*, 41, 6, (1992), 326-333.
- (71) Adams, W. T., Applying Isozyme Analyses in Tree-Breeding Programs. in Conkle, TH (Edi.), *Proc. Symposium an Isozyme of North American Forest Trees and Forest Insectc.* Berkeley, Calif., (1979), 60-64.
- (72) Huneycutt, M. ve Askew, G. R., Electrophoretic Identification of Lobbly Pine-Shortte of Pine Hybrids, *Silvae Genetica*, 38, 3-4, (1989), 95-96.
- (73) Morgante, M., Vendramin, G. G., ve Giannini, R., Inheritance and Linkage Relationships of Isozymes Variants of *Pinus Leucodermis* Ant., *Silvae Genetica*, 42, 4-5, (1993), 231-237.
- (74) Goncharenko, G. G., Padutov, V. E., ve Silin, A. E., Allozyme Variation in Natural Populations of Eurasian Pines (I), *Silvae Genetica*, 42, 4-5, (1993), 237-246.
- (75) Goncharenko, G. G., Padutov, V. E., ve Silin, A. E., Allozyme Variation in Natural Populations of Eurasian Pines (II), *Silvae Genetica*, 42, 4-5, (1993), 246-253.
- (76) Politov, D. V., Krutovskii, K. V. ve Altukhov, Yu. P., Genetic Variation in *Pinus sibirica* du Tour. III. Linkage Between Isoenzyme Loci. *Genetica-Moskova*, 25, 9, (1989), 1606-1618.
- (77) Simon, J. P., Bergeron, Y. ve Gagnon, D., Isozyme Uniformity in Populations of Red Pine (*Pinus resinosa*) in The Abibiti Region, Quebec, *Can. Jour. of Forest Res.*, 16, 5, (1986), 1133-1135.

- (78) Beaulieu, J. ve Simon, J. P., Inheritance and Linkage Relationship of Allozymes in Pinus strobus L., Silvae Genetica, 43, 4, (1994), 253-261.
- (79) Bergmann, F. ve Kownatzki, D., The Genetic Variation Pattern of Silver-fir (Abies alba) in Europa Manitored from Enzyme Gene Loci., in: L. Paule and S. Karpel (Ed.), 5. IUFRO-Tannensyposium, Zvolen, (1988), 21-26.
- (80) Schroeder, S., Ourcrossing rates and seed Characteristics in Damaged Natural Populations of Abies alba Mill., Silvae genetica, 38, 5-6, (1989), 185-189.
- (81) Schroeder, S., Isozyme Polymorphism in Silver Fir. (Abies alba Mill.), Silvae Genetica, 38, 3-4, (1989), 130-133.
- (82) Diebel, K. E., ve Feret, B. B., Isozyme Variation Within The Fraser Fir. (Abies fraseri (Prush) Poir.) Population on Mount Rogers, Virginia; Lack of Microgeographic Differentiation, Silvae Genetica, 40, 2, (1991), 79-85.
- (83) Fady, B., ve Conkle, M. T., Segregation and Linkage of Allozymes in Seed Tissue of The Hybrid Greek Fir Abies borisii regis Mattfeld, Silvae Genetica, 40, 4-5, (1992), 273-278.
- (84) Pascual, L., Garcia, F. J. ve Perfectti, F., Inheritance of Isozyme Variations in seed Tissue of Abies pinsapo Boiss., Silvae Genetica, 42, 6, (1993), 335-340.
- (85) Fady, B., ve Conkle, M. T., Allozyme Variation and Possible Phylogenetic Implications in Abies cephalonica Loudon and Some Related Eastern Mediterranean Firs, Silvae Genetica, 42, 6, (1993), 351-359.
- (86) Muhs, J. H., Distinction of Douglas Fir Provenances Using Peroxidase Isoenzyme Patterns of Needles, Silvae Genetica, 23, 1-3, (1974), 71-76.
- (87) Copes, D. L., Isoenzyme Study of Dwarf and Normal Douglas Fir Trees, Botanical Gazette, 136, 4, (1975), 347-352.
- (88) Yang, J. C., Isoenzyme Polymorphism in Provenances of Douglas-Fir (Pseudotsuga menziessii (Mirb.) Franco var. menziessii), Dissertation-Abstracts-International-B, 36, 2, (1975), 512-513.
- (89) Yang, J. C., Isoenzyme Variation of Coastal Douglas-Fir (Pseudotsuga menziessii (Mirb.) Franco var. menziessii) II. Genotype-Environment Relationship in Nine Provenance Quarterly, Jour. of Chinese Forestry, 9, 2, (1976), 77-89.
- (90) Yang, J. C., Ching, T. M. ve Ching, K. K., Isozyme Variation of Coastal Douglas Fir I. a Study of Geographic Variation in Three Enzyme Systems, Silvae Genetica, 26, 1, (1977), 10-18.
- (91) Neale, D. B., Genetic Implications of Shelterwood Redeneration of Douglas-Fir in Soutwest Oregon, Forest Science, Vol.31, 4, (1985), 995-1005.

- (92) Moran, G. F. ve Adams, W. T., Microgeographical Patterns of Allozyme Differentiation in Douglas-fir From Southwest Oregon, Forest Science, Vol.35, 1, (1989), 3-15.
- (93) Adams, W. T., Neale, D. B., Doerksen, A. H. ve Smith, D. B., Inheritance and Linkage of Isozyme Variants from Seed and Vegetative Bud Tissue in Coastal Douglas-Fir (Pseudotsuga menziessii (Mirb.) Franco var. menziessii), Silvae Genetica, 39, 3-4, (1990), 153-168.
- (94) Stauffer, A., ve Adams, W. T., Allozyme Variation and Mating System of Tree Douglas-Fir Stands in Switzerland, Silvae Genetica, 42, 4-5, (1993), 254-258.
- (95) Mejnartowicz, L. ve Lewandowski, A., Allozyme Polymorphism in Seeds Collected from a IUFRO-68 Douglas-Fir Test-Plantation, Silvae Genetica, 43, 4, (1994), 199-206.
- (96) Prat, D. ve Arnal, S., Allozyme Variation and Mating System in Three Artificial Stands of Douglas-Fir (Pseudotsuga menziessii (Mirb.) Franco var. menziessii) Planted in Europe, Silvae Genetica, 43, 4, (1994), 199-206.
- (97) Cheliak, W. M., ve Pitel, J. A., Inheritance and Linkage of Allozyme in Larix laricina , Silvae Genetica, 34, 4-5, (1985), 142-148.
- (98) Ying, L., ve Morgenstern, E. K., Inheritance and Linkage Relationship of Some Isozymes of Larix laricina in New Brunswick, Canada, Silvae Genetica, 39, 5-6, (1990), 245-250.
- (99) Knowles, P., Furnier, G. R., Aleksiuik, M. A. ve Perry, D. J., Significant Levels of Self-Fertilization in Natural Populations of Tamarack, Can. Jour. Bot. 65, (1987), 1087-1091.
- (100) Ying, L., ve Morgenstern, The Populations Structure of Larix Laricina in New Brunswick, Canada, Silvae Genetica, 40, 5-6, (1991), 180-184.
- (101) Lewandowski, A. ve Mejnartowicz, L., Inheritance of Allozyme in Larix decidua Mill. , Silvae Genetica, 39, 5-6, (1990), 184-188.
- (102) Lewandowski, A., Burczyk, J., ve Mejnartowicz, L., Genetic Structure and the Mating System in an Old Stand of Polish Larch, Silvae Genetica, 40, 2, (1991), 75-79.
- (103) Ennos, R. A. ve Qian, T., Monitoring The Output of A Hybrid Larch Seed Orchard Using Isozyme Markers, Forestry, Vol. 67, 1, (1994), 63-73.
- (104) Fins, L. ve Libby, W. J., Populations Variation in Sequoiadendron Seed and Seedling Studies, Vegetative Propagation and Isozyme Variation, Silvae Genetica, 31, 4, (1982), 102-110.

- (105) Geburek, T. ve Wang, Q., Inheritance of Isoenzyme Variants and their Linkage Relationship in Chinese Fir (Cunninghamia lanceolata Hook.), Euphytica, 49, 3, (1990), 193-201.
- (106) Müller, S. G. ve Liu, Y. Q., Genetics of Cunninghamia lanceolata Hook. 1. Genetic Analysis, Silvae Genetica, 37, 5-6, (1988), 246-243.
- (107) Müller, S. G. ve Liu, Y. Q., Genetic of Cunninghamia lanceolata Hook. Genetic Variation Within and Between Two Provenance Samples, Silvae Genetica, 38, 5-6, (1989), 172-177.
- (108) Sears, U. M., Stewart, S. C., ve Larson D. W., Sources of Allozymic Variation in Thuja occidentalis in Southern Ontario, Canada, Silvae Genetica, 40, 3-4, (1991), 100-105.
- (109) Miller, C. I. ve Marshall, K. A., Allozyme Variation of Part Oxford Cedar (Chamaecyparis lawsoniana): Impactions for Genetic Conservation, Forest Science, Vol.37., 4, (1991), 1060-1077.
- (110) Lewandowski, A., Burczyk, J., ve Mejnartowicz, L., Inheritance and Linkage of Some Allozymes in Taxus baccata L., Silvae Genetica, 41, 6, (1992), 342-348.
- (111) Panetsos, K. P., Christon, A. ve Scaltsoyiannes ; First Analysis on Allozyme Variation in Cedar Species (Cedrus spp.), Silvae Genetica, 41, 6, (1992), 339-342.
- (112) Papageorgiou, A. C., Bergmann, F., Gillet, E. ve Hattemer, H. H., Genetic Analysis of Isozymes Variation in Mediterranean Cypress (Cupressus sempervirens L.), Silvae Genetica, 42, 2-3, (1993), 108-111.
- (113) Lin, T. P., Lu, C. S., Chung, Y. L. ve Yang, C. J., Allozyme Variation in Four Populations of Taiwania cryptomerioides in Taiwan, Silvae Genetica, 42, 4-5, (1993), 278-284.
- (114) Pitel, J. A., Cheliak, W. M. ve Wang, B. S. P., Changes in Isoenzyme Patterns During Imbibition and Germination of Lodgepole Pine (Pinus contorta var. latifolia), Can. Jour. of Forest Res., 14, 5, (1984), 743-746.
- (115) Sidorov, V. P., Mukhamedshin, K. D. ve Diyakov, V. L., The Peroxidase Isoenzyme Spectrum of Scots Pine in The Early Stages of Ontogenesis, Lesovedenie, 2, (1989), 85-89.
- (116) Mayberry, J. S. ve Feret, P. P., Peroxidase in Developing Acrons and Seedlings of Quercus alba L., Silvae Genetica, 26, 5-6, (1977), 218-223.
- (117) Yacine, A. ve Lumaret, R., Genetic Diversity in Holm-Oak (Quercus ilex L.) : Insight from Several Enzyme Markers, Silvae Genetica, 38, 3-4, (1989), 140-148.

- (118) Schroeder, S., Distinguishing Species of Oak Using Isoenzyme Markers Allgemeine Forst und Jagdzeitung, 160, 5, (1989), 104-106.
- (119) Hokanson, S. C., Isebrands, J. G., Jensen, R. J. ve Hancock, J. F., Isozyme Variation in Oaks of the Apostle Islands in Wisconsin: Genetic Structure and Levels of Inbreeding in Quercus rubra and Quercus ellipsoidalis (Fagaceae), Amer. Jour. of Bot., (1993), 1349-1357.
- (120) Bergmann, F., Discrimination of Populus Clones Using Isozyme Patterns, Holzzucht, 35, 3-4, (1981), 24-27.
- (121) Weber, J. C. ve Stettler, R. F., Isoenzyme Variation Among Ten Populations of Populus trichocarpa Torr. et Gray in the Pacific Northwest, Silvae Genetica, 30, 2-3, (1981), 82-87.
- (122) Pigliucci, M., Malvotti, M. E. ve Fineschi, S., Relationship Between Protein Polymorphism and Phenotypic Variation in Populus deltoides Bartr. Hereditas-Landskrona, 114, 1, (1991), 79-84.
- (123) Müller, S. G., Genetic Control and Inheritance of Isoenzymes in Poplars of the Tacamahaca Section and Hybrids, Silvae Genetica, 41, 2, (1992), 87-95.
- (124) Rajora, O. P., Genetics of Allozymes in Populus deltoides Marsh., Populus nigra L. and Populus maximowiczii Henry, Jour. of Heredity, 81, 4, (1980), 301-308.
- (125) Gallo, L. A. ve Geburek, T., Genetics of Isozyme Variants in Populus tremula, Populus tremuloides and their Hybrids, Euphytica, 53, 5, (1991), 225-233.
- (126) Rajora, O. P. ve Dancik, B. P., Allozyme Variation and Inheritance in Leaves of Populus deltoides, Populus nigra, Populus maximowiczii and P. x canadensis in Comparison to those in Root Tips, Silvae Genetica, 41, 4-5, (1992), 289-293.
- (127) Aradhya, K. M. ve Phillips, V. D., Genetic Variability in Fourteen Provinces of Eucalyptus Species in Hawaii, Silvae Genetica, 42, 1, (1993), 9-15.
- (128) House, A. P. N. ve Bell, J. C., Isozyme Variation and Mating System in Eucalyptus urophylla S.T. Blake, Silvae Genetica, 42, 2-3, (1994), 167-176.
- (129) Haase, P., Isozyme Studies of New Zealand Nothofagus Species (Southern Beech) Using Leaf Extracts, Silvae Genetica, 42, 1, (1993), 46-51.
- (130) Finkeldey, R., The Hybrid Origin of Paulownia taiwaniana Hu and Chang-Evidence from Isozyme Gene Markers, Silvae Genetica, 41, 4-5, (1992), 278-282.
- (131) Fineschi, S., Gillet, E. ve Malvotti, M. E., Genetics of Sweet Chestnut (Castanea sativa Mill.), III. Analysis of Zimograms of Single Tree Offspring, Silvae Genetica, 39, 5-6, (1990), 188-194.

- (132) Villani, F., Pigliucci, M., Lauteri, M., Cherubini, M. ve Sun, O., Congruence Between Genetic, Morphometric and Physiological Data on Differentiation of Turkish Chestnut (*Castanea sativa*), Genome, 35, 2, (1992), 251-256.
- (133) Pigliucci, M., Villani, F. ve Benedettelli, S., Geographic and Climatic Factors Associated with The Spatial Structure of Gen Frequencies in *Castanea sativa* Mill. from Turkey, Jour. of Genetics, 69, 3, (1990), 141-149.
- (134) Stich, K. ve Ebermann, R., Localization of Peroxidase Isoenzymes in Different Parts of Some Trees, Phyton, Austria, 28, 1, (1989), 109-114.
- (135) Surlis, S. E., Hamrick, J. L. ve Bongorten, B. C., Mating System in Open-Pollinated Families of Black Locust (*Robinia pseudoacacia*), Silvae Genetica, 39, 1, (1990), 35-40.
- (136) Saidman, B. O., Isozyme Studies on Hybrids Swarms of *Prosopis Caldenia* and Sympatric Species, Silvae Genetica, 39, 1, (1990), 5-8.
- (137) Yang, Z. X. ve Xi, S. K., A Study of Peroxidase Isoenzymes in 10 Species of *Juglans L.*, Acta-Phytotaxonomica-Sinica, 27, 1, (1989), 53-57.
- (138) Cheng, S. Z. ve Yang, W. H., Taxonomic Studies of Ten Species of the Genus *Juglans* Based on Isozymic Zymograms, Acta-Horticulturae-Sinica, 14, 2, (1987), 90-96.
- (139) Rink, G., Zhang, G., Jinghua, Z., Kung, F. H. ve Carroll, E. R., Mating Parameters in *Juglans nigra L.* Seed Orchard Similar to Natural Population Estimates, Silvae Genetica, 43, 4, (1994), 261-264.
- (140) Kim, Z. S., Inheritance of Leucine Aminopeptidase and Acid Phosphatase Isozymes in Beech (*Fagus sylvatica L.*), Silvae Genetica, 28, 2-3, (1979), 68-71.
- (141) Merzeau, D., Giusto, F. D., Comps, B., Thiebaut, B., Letouzey, J. ve Cuguen, J., Genetic Control of Isozyme Systems and Heterogeneity of Pollen Contribution in Beech (*Fagus sylvatica L.*), Silvae Genetica, 38, 5-6, (1989), 195-201.
- (142) Roberds, J. H. ve Brotschol J. V., Linkage Disequilibria Among Allozyme Loci in Natural Populations of *Liriodendron tulipifera L.*, Silvae Genetica, 34, 3-4, (1985), 137-141.
- (143) Parks, C. R., Wendel, J. F., Sewell, M. M. ve Qui, Y. L., Genetic Control of Isozyme Variation in The Genus *Liriodendron L.* (Magnoliaceae), Jour. of Heredity, 81,4, (1990), 317-323.
- (144) Wickneswari, R., Use of Isozyme Analysis in a Proposed *Acacia mangium x A. auriculiformis* Hybrid Seed Production Orchard, Jour. of Tropical Forest Science, 2, 2, (1989), 154-164.

- (145) Hoey, M. T. ve Parks, C. R., Isozyme Divergence Between Eastern Asian, North American and Turkish Species of Liquidambar (Hamamelidaceae), Amer. Jour. of Bot. 78,7, (1991), 938-947.
- (146) Yahyaoğlu, Z. ve Genç, M., Sedir (*Cedrus libani*)'de Islah Çalışmaları, Uluslararası Sedir Sempozyumu, 22-27 Ekim, Antalya, Türkiye, (1990).
- (147) Yahyaoğlu, Z., Ayaz, A. F. ve Genç, M., Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.)'da İzoenzim Analizleri ile Orijin Ayırımı, Uluslararası Kızılçam Sempozyumu, 18-23 Ekim, Marmaris - Türkiye (1993).
- (148) Yahyaoğlu, Z., Genç, M., Üçler, A.Ö., Güneş, İ., Bazı Sarıçam (*Pinus sylvestris*) Populasyonlarında Genetik Yapının Elektroforetik Yöntemlerle Analizi, VIII. Mühendislik Haftası, 26-28 Mayıs, Isparta (1994).
- (149) Yahyaoğlu, Z., Genç, M. ve Üçler, A. Ö., Güneş, İ., Bazı Sarıçam (*Pinus sylvestris*) Populasyonlarında Genetik Yapının Elektroforetik Yöntemlerle Analizi, II. Ulusal Bioteknoloji Sempozyumu, 22-23 Eylül, Beytepe-Ankara (1990).
- (150) Yahyaoğlu, Z., Turna, İ. ve Üçler, A. Ö., Doğu Ladini (*Picea orientalis* (L.) Link.) Populasyonlarında İzoenzim Analizleri ile Orijin Ayırımı, II. Ulusal Bioteknoloji Sempozyumu, 22-23 Eylül, Beytepe-Ankara, (1990).
- (151) Turna, İ. ve Yahyaoğlu, Z., Bazı Doğu Ladini (*Picea orientalis* (L.) Link.) Populasyonlarında Genetik Yapının İzoenzim Analizleri ile Belirlenmesi, 9. Kükem Kongresi, 20-22 Eylül, , Denizli, (1995).
- (152) Işık, F. ve Kaya, Z., Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) Populasyonlarında Denizden Uzaklık ve Yüksekliğe Göre Değişen Genetik Çeşitlilik, Uluslararası Kızılçam Sempozyumu ,18-23 Ekim, Marmaris- Türkiye, (1993).
- (153) Alptekin, Ü., Anadolu Karaçamı (*Pinus nigra* Arn. ssp. pallasiana Lamb. Holmboe)'nın Coğrafik Varyasyonları, İ.Ü. Orman Fak., Silvikültür ve Ağaçlandırma Bilim Dalı, Doktora Tezi, S.170, İstanbul, 1986.
- (154) Işık, K., Kızılçam (*Pinus brutia* Ten.)'da Populasyonlar Arası ve Populasyonlar İçi Genetik Çeşitliliğin Araştırılması, I. Tohum ve Fidan Karakterleri, Tubitak Proje No: TOAG/335
- (155) Beşkök, T. E., Kızılçam (*Pinus brutia*), Doğu Ladini (*Picea orientalis*), Uludağ Göknaarı (*Abies bornmülleriana*), Tohumlarının Olgunlaşma Zamanı, O.A.E. Yay. Teknik Bülten Seri No:42 , Ankara, 1970.
- (156) Kephart, S. R., Starch Gel Electrophoresis of Plant Isozymes: A Comparative Analysis of Techniques, Amer. Jor. of Botany, 77,5, (1990), 693-712.

- (157) Wendel, F. J. ve Weeden, N. F., Visualization and Interpretation of Plant Isozyme (Chapter 1): in Soltis, D. E., ve Soltis, D. S., (Ed.), Isozyme in Plant Biology, Portland, Oregon, (1989), 5-45
- (158) Cheliak, W. M. ve Pitel, J. A., Techniques for Starch Gel Electrophoresis of Enzymes From Forest Tree Species, Information Report PI-X-42, Petawawa Nat. Forestry Inst. Can. Forest Service, 1984.
- (159) Conkle, M. T., Hodgskiss, P. D., Nunnally, L. B. ve Hunter, S. C., Starch Gel Electrophoresis of Conifer Seeds: A Laboratory Manual General Technical Report P.S.W.-64, U.S.D.A. Forest Service, Pasific Soutwest Forest and Range Experiment Station, Berkeley, 1982.
- (160) Weeden, N. F. ve Gottlieb, L. D., Distinguishing Allozymes and Isozymes of Phosphoglucoseisomerases by Electrophoretic Comparisons of Pollen and Somatic Tissues, Biochem. Genet. 17, (1979), 287-296.
- (161) Pitel, J. A. ve Cheliak, W. M., Effect of Extraction Buffers on Charecterization of Isoenzymes from Vegetative Tissue of Five Conifer Species; a Users manuel, Information Report PI-X-34, Petawawa National Forestry Inst., Can. Forest Service, (1984)
- (162) Papageorgiou, A., Genetische Untersuchungen zur Züchtung und Generhaltung bei der Mittelmeerzypresse (Cupresus sempervirens L.) in Griechenland, Göttingen Research Notes in Forest Genetics Göttinger Forstgenetische Berichte, 18, 180, Göttingen, 1995.
- (163) Hattemer, H. H., Measuring Genetic Variation, in :G. Müller-starck and M. Ziehe (ed.), Genetic Variation in European Populations of Forest Trees, Sauerlander's Verlag, Frankfurt am Main, (1991), 2-19.
- (164) Gillet, E. M., Genetic Structures from Electrophoresis Data (GSED). User's Manual, Büsgenswag 2 / D-37077 Göttingen, (1994).
- (165) Nei, M., Molecular Population Genetics and Evolution. American Elsevier, New York, (1975).
- (166) Gregorius, H. R., Genetischer Abstand Zwischen Populationen. I. zur Konseption der Genetischen Abstandamessung. Silvae Genetica, 23, (1974), 22-27.
- (167) Morgante, M. ve Vendramin, G. G., Genetic Variation in Italian Populations of Picea abies (L.) Karst. and Pinus leucodermis Ant., in :G. Müller-starck and M. Ziehe (ed.), Genetic Variation in European Populations of Forest Trees, Sauerlander's Verlag, Frankfurt am Main, (1991), 205-227.

- (168) Bergmann, F. , Causes and Consequences of Species-specific Genetic Variation Patterns in European, Forest Tree Species: Examples with Norway Spruce and Silver Fir. in :G. Müller-starck and M. Ziehe (ed.), Genetic Variation in European Populations of Forest Trees, Sauerlander's Verlag, Frankfurt am Main, (1991), 192-204.



8. ÖZGEÇMİŞ

1963 yılında Akçaabat ' ta doğdu. İlk öğrenimini burada tamamladıktan sonra Orta öğrenimini Trabzon 'da devam ettirdi. 1980 yılında Trabzon Fatih Lisesi ' nden mezun oldu. 1982 yılında girdiği K.T.Ü. Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Bölümünü 1986 yılında bitirerek Orman Mühendisi Ünvanını aldı. 1986-1989 yılları arasında Orman Genel Müdürlüğünde görev aldı. 1987 yılında K.T.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Orman Mühendisliği Anabilim Dalı ' nda yüksek lisans programına kaydoldu. 1989 yılında K.T.Ü. Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Bölümü Silvikültür Anabilim Dalı'nda "Araştırma Görevlisi" ünvanıyla göreve başladı. Yüksek lisans öğrenimini Ocak-1992 yılında tamamladı ve "Orman Yüksek Mühendisi" ünvanını aldı. 1992 yılı Şubat ayında aynı Enstitünün Orman Mühendisliği Anabilim Dalı'nda doktora programına kaydoldu. Halen Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Bölümünde Araştırma Görevlisi olarak görevine devam etmektedir.

Evli ve bir çocuk sahibi olan İbrahim TURNA İngilizce bilmektedir.