

AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
MERKEZ KÜTÜPHANESİ

**KIZILÇAMDA (*Pinus brutia* Ten.) GENETİK ÇEŞİTLİLİK, KALITIM
DERECESİ VE GENETİK KAZANCIN BELİRLENMESİ**

Fikret IŞIK

T939/1-1

DOKTORA TEZİ
BİYOLOJİ ANA BİLİM DALI

1998

T. C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

KIZILÇAMDA (*Pinus brutia* Ten.) GENETİK ÇEŞİTLİLİK, KALITIM
DERECESİ VE GENETİK KAZANCIN BELİRLENMESİ

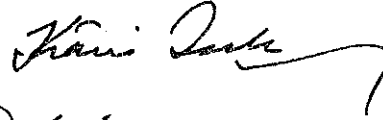
Fikret IŞIK

DOKTORA TEZİ

BİYOLOJİ ANA BİLİM DALI

Bu tez . . . / . . . / 1998 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından (. . .) not takdir edilerek
Oybirliği /Çokluğu ile kabul edilmiştir

Prof Dr. Kani IŞIK (Danışman)



Prof Dr. Zeki KAYA



Prof Dr. Abdullah GEZER



ÖZ

KIZILÇAMDA (*Pinus brutia* Ten.) GENETİK ÇEŞİTLİLİK, KALITIM DERECESESİ VE GENETİK KAZANCIN BELİRLENMESİ

Fikret IŞIK

Doktora Tezi

Akdeniz Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü
Ocak 1998, 235 sayfa

Bu çalışmada, kızılçamda ekonomik önemi olan karakterlerin genetik çeşitlilik yapısını ortaya koymak ve bazı genetik ve fenotipik parametreleri tahmin etmek amaçlanmıştır. Çalışma için, Antalya bölgesinde üç farklı yükseltiden toplam altı doğal populasyon örneklenmiştir. Her bir populasyon, onar yarım-kardeş aile ile temsil edilmiştir. Yetiştirilen fidanlar ile dört farklı yükseltide kızılçam orijin-döl denemeleri kurulmuştur. Bir deneme alanında 13. ve 17. yaşlarda, diğer üçünde 18. yaşta gözlem ve ölçmeler yapılmıştır.

Orta zon populasyonları daha hızlı büyümekte, daha düzgün gövde, ve daha dar-konik tepe oluşturmaktadır. Populasyonlar ve aileler arasında boy, çap, gövde düzgünlüğü, bazı dal ve tepe karakterleri için önemli düzeyde genetik çeşitlilik gözlenmiştir. Boy, çap ve dallanma karakterleri için populasyonlar arası genetik farklılıklardan ortaya çıkan varyans oranı genel olarak %10'un altındadır. Gövde düzgünlüğü ve tepe formu için ise populasyon kaynaklı varyans oranı %17.7'den daha yüksektir. Dar anlamalı kalıtım dereceleri, deneme alanlarına bağlı olarak, boy için 0.09 ile 0.19 ve çap için 0.05 ile 0.20 arasında değişmektedir. Boy ile çap arasında (0.84) ve boy ile kalın dal sayısı arasında (0.86) pozitif ve yüksek genetik korelasyonlar bulunmuştur. Boy ve çap için tahmin edilen genetik kazanç oranları %2.3 ile %10.2 arasında değişmiştir. Bu çalışmalardan elde edilen genetik parametreler ışığında kızılçam ıslah stratejisi tartışılmıştır.

ANAHTAR SÖZCÜKLER: Kızılçam, genetik çeşitlilik, kalıtım, genetik korelasyonlar, genetik kazanç, dallanma ve tepe karakterleri

JÜRİ :

Prof. Dr. Kani IŞIK (Danışman)

Prof. Dr. Zeki KAYA

Prof. Dr. Abdullah GEZER

ABSTRACT

GENETIC VARIATION, HERITABILITIES AND GENETIC GAIN FROM A *Pinus brutia* OPEN POLLINATED PROGENY TRIAL

FIKREI IŞIK

Advisor : Prof Dr Kani IŞIK
January, 1998, 235 pages

Turkish red pine (*Pinus brutia* Ten) is an important tree species in Turkish forestry, due to its wide natural distribution and high economic value. To study genetic variation among and within natural populations of the species, six natural populations, each with ten open-pollinated families were sampled from different altitudes in the Antalya region, in southern Turkey. Provenance-progeny trials were established at four test sites on different elevations within the same region. Measurements were made at ages 13 and 17 at one site, and at age 18 at the other sites.

Middle altitude populations showed better growth, straighter stems and more desirable crown forms. Genetic variation between and within natural populations was considerable for various growth, stem quality, crown and branching traits. Individual heritabilities, depending on test sites, ranged from 0.07 to 0.12 for height, and 0.05 to 0.20 for diameter. Genetic correlations between height and diameter (0.84), between height and number of thick branches (0.86) were high and positive. Predicted genetic gains for height and diameter varied according to site, and ranged from 2.3% to 10.2%. Based on the results obtained from this study, implications on the improvement strategy of Turkish red pine were also discussed.

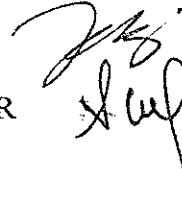
KEY WORDS : *Pinus brutia*, genetic variation, heritability, genetic correlations, genetic gain, branching and crown traits

COMMITTEE

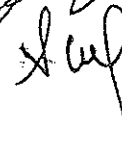
Prof. Dr. Kani IŞIK (Advisor)



Prof. Dr. Zeki KAYA



Prof. Dr. Abdullah GEZER



ÖNSÖZ

Türkiye ağaç ıslahı programı 1969 yılında Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Enstitüsü'nün kurulması ve bu kuruluşun 1970'li yılların başında tohum meşcerelerini ve plus ağaçları seçmesi ile başlamıştır. Ancak, Antalya yöresinde 1979 yılında farklı yükseltilerde kurulan ve bu araştırmanın temelini oluşturan kızılçam orijin-döl denemeleri, Türkiye ağaç ıslahı programının uygulamaya yönelik önemli kilometre taşlarından birini oluşturmuştur. Bu doktora çalışması sözkonusu denemelerin 13, 17 ve 18. yaşlarda gözlenmesinden elde edilen verilerine dayanmaktadır.

Toroslarda kurduğu "Açık Hava Genetik Laboratuvarlarında" bana çalışma olanağı yaratan, öğrencisi olma gururunu her zaman taşıdığım danışmanım Prof. Dr. Kani IŞIK'a çalışmamın her aşamasındaki önderliği ve desteği için teşekkür ederim.

Arazideki denemelerden veri toplama çalışmaları aralıklarla yaklaşık beş yıl sürmüştür. Denemelerden kesilen ve bazıları 12 m boyuna ulaşan ağaçların çalışma platformuna taşınması, bunların motorlu testerelerle bölünmesi ve tartılması, ibrelerin ayrılması, çoğu zaman ağır bir işçilik gerektirmiştir. Verilerin toplanmasında Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü'nde staj yapmış olan yabancı öğrenciler Mark BAKKER (Hollanda) ve Oliver EGLIN (Almanya), meslektaşlarım Rumi SABUNCU, Ali BAHŞI, Yavuz KABAK, Cenan DEMİR; Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü çalışanları Ali UYAR, Dursun KORKMAZ, Ömer KARAKAŞ, Veli Dede ALP, Hayati KOZAK, Halil TOZAN, Antalya Orman İşletmesi personeli Ali KARA ve orman muhafaza memuru Hüseyin BÜLBÜL'ün büyük emekleri geçmiştir. Kendilerine teşekkür ederim.

Çalışmayı başından sonuna kadar her yönüyle destekleyen T.C. Orman Bakanlığı'na, Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü'nün önceki müdürü Doç. Dr. Ünal ELER'e, şimdiki müdürü Dr. Hüseyin Z. USTA'ya, müdür yardımcısı Yusuf CENGİZ'e ve tezin bazı bölümlerini okuyarak katkı sağlayan Orman Mühendisi Semra KESKİN'e teşekkür ederim.

Bu çalışmayı "Yurt İçi Doktora Bursları" kapsamında destekleyen TÜBİTAK Bilim Adamı Yetiştirme Grubu'na, ve doktora çalışmalarım sırasında burs sağlayarak İngiltere'de konuyla ilgili araştırma kuruluşlarında toplam dört ay süre ile çalışma olanağı sağlayan THE BRITISH COUNCIL'a teşekkür ederim.

Son olarak, eşim Gülay IŞIK'ın sabırlı desteği ve özverisi olmasaydı bu çalışmayı yürütmem kolay olmayacaktı.

Bu çalışmayla "Türkiye Ağaç Islahı Binasına" bir tuğla da ben koyabildiysem kendimi mutlu sayacağım.

Ocak 1998, Antalya

Fikret IŞIK

İÇİNDEKİLER

ÖZ	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ	iii
İÇİNDEKİLER	iv
SİMGELER VE KISALTMALAR	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xii
1. GİRİŞ	1
2. MATERYAL VE METOD	12
2.1. Genetik Materyal ve Deneme Düzeni	12
2.1.1. Populasyonların seçimi ve örneklenmesi	12
2.1.2. Deneme deseni	14
2.1.3. Deneme alanları	15
2.1.4. Gözlenen karakterler	17
2.1.4.1. Düzlerçamı deneme alanında 13. ve 17 yaşlarda gözlenen karakterler	18
2.1.4.2. Kepez, Bük ve Yenicedere deneme alanlarında 18 yaşta yapılan gözlemler	22
2.2. Biyometrik Analizler	24
3. BULGULAR	39
3.1. Populasyonların ve Ailelerin Boy, Çap, Hacim ve Gövde Düzensüzlüğü Bakımından Karşılaştırılması	39
3.1.1. Kepez deneme alanı	39
3.1.2. Düzlerçamı deneme alanı	48
3.1.3. Bük deneme alanı	59
3.1.4. Yenicedere deneme alanı	67
3.1.5. Deneme alanlarının toplu sonuçları	74
3.1.5.1. Deneme alanlarının karşılaştırılması	74

3 1 5 2	Populasyon ve ailelerin karşılaştırılması	79
3.2	Populasyonların ve Ailelerin Tepe Formu ve Dallanma Karakterleri Bakımından Karşılaştırılması	89
3.3.	Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Dereceleri ve Genetik Kazanç	96
3.3.1.	Kepez deneme alanı	97
3.3.1.	Düzlerçamı deneme alanı	101
3.3.1.1.	Büyüme ve gövde kalitesi karakterleri	101
3.3.1.2.	Dallanma karakterleri	106
3.3.1.3.	Tepe formu karakterleri	109
3.3.3.	Bük deneme alanı	110
3.3.4.	Yenicedere deneme alanı	114
3.3.5.	Deneme alanlarının ortak analizi	117
3.4.	Genetik ve Fenotipik Korelasyonlar	123
3.4.1.	Boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü arasındaki korelasyonlar	123
3.4.2.	Tepe ve dallanma karakterleri arasındaki korelasyonlar	125
4	TARTIŞMA	128
4.1.	Populasyon ve Ailelerin Karşılaştırılması	128
4.1.1.	Boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü	128
4.1.2.	Tepe karakterleri	133
4.1.3.	Dallanma karakterleri	136
4.2.	Deneme Alanlarının Karşılaştırılması	140
4.3.	Genetik Çeşitlilik ve GenotipxÇevre Etkileşimi	141
4.4.	Kalıtım Dereceleri	146
4.5.	Genetik Kazanç	150
4.6.	Karakterler Arası Genetik İlişkiler	152
4.7.	Deneme Deseninin Kritiği	154
5	SONUÇ	156

6	ÖZET	160
7	SUMMARY	165
8	KAYNAKLAR	169
9	EKLER	177
	EK-1 Varyans analizi modellerine göre her deneme için hesaplanan beklenen kareler katsayıları	178
	EK-2 Uç değerlerin ya da sıradışı değerlerin bulunması ve dışlanması	180
	EK-3 SAS/Varstab ile transformasyonların yapılması	186
	EK-4 Varyans, kovaryans ve korelasyon analizleri için yazılan SAS Programları	192
	EK-5 Yarım kardeş ailelerde genetik kazancın hesaplanması	199
	EK-6 Kalıtım derecesi ve varyans bileşenlerinin standart hatalarının hesaplanması	208
	EK-7 Genetik korelasyonların hesaplanması	214
	EK-8 Deneme alanlarına göre aile ortalamaları	222
10	ÖZGEÇMİŞ	230

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

σ^2	Varyans
k_1	Varyans bileşenleri katsayısı
h^2_i	Birey düzeyinde kalıtım derecesi
h^2_f	Aile düzeyinde kalıtım derecesi
ΔG	Genetik kazanç
CV_g	Genetik varyasyon katsayısı
CV_μ	Birey düzeyinde fenotipik varyasyon katsayısı
CV_{fm}	Aile ortalamaları fenotipik varyasyon katsayısı
r_g	Genetik korelasyon
r_p	Fenotipik korelasyon
R^2	Belirtme katsayısı
\bar{x}	Aritmetik ortalama

Kısaltmalar

s d	Serbestlik derecesi
V K	Varyasyon kaynağı
HT	Boy
dbh	Çap
VOL	Hacim
GF	Gövde düzgünlüğü
PRU	Doğal budanma indeksi,
BA6	Dal açıları,
NGC	Bir ağaca ait ortalama sürgün sayısı,
NB6	Bir yıllık sürgündeki dal sayısı,
LBR	En uzun dal uzunluğu,
NTB	Kalın dal sayısı
CRL	Tepe tacı genişliği,
RCL	Tepe uzunluğu indeksi,
CRD	Tepe yarıçapı,
CSI	Tepe formu şekil indeksi,
CSA	Tepe tacı şekil indeksi

ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Şekil No</u>	<u>Açıklama</u>	<u>Sayfa No</u>
Şekil 1 1.	Biyolojik bir kaynak hakkında bilgi üretmek	7
Şekil 2 1.	Populasyonların coğrafik konumu ve denemelerin kurulduğu yerler	12
Şekil 2 2	Kenetlenmiş Petek Deseni	15
Şekil 2 3.	Tepe formu ve dallanma ile ilgili çalışılan bazı karakterler	19
Şekil 2 4.	Dal açısı ve dal kalınlıklarının ölçülmesi	21
Şekil 3 1 1.	Kepez deneme alanında populasyonların 18 yaşta yaptığı toplam boy	39
Şekil 3 1 2	Kepez deneme alanında boy-aile orijin yükseltisi ilişkisi	42
Şekil 3 1 3	Kepez deneme alanında altı populasyonun çap artımı	42
Şekil 3 1 4.	Kepez deneme alanında yükselti ile çap ilişkisi	43
Şekil 3 1 5	Kepez deneme alanında populasyonların hacim karakteri bakımından karşılaştırılması	44
Şekil 3 1 6.	Kepez deneme alanında aile orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişki	45
Şekil 3 1 7.	Düzlerçamı deneme alanında altı populasyonun iki değişik yaştaki karşılaştırmalı boy artımı	48
Şekil 3 1 8.	Ailelerin orijin yükseltisi ile Düzlerçamı deneme alanındaki boy büyümesi arasındaki ilişki	52
Şekil 3 1 9	Düzlerçamı deneme alanında altı populasyonun 13 ve 17 yaşındaki çap artımları	53
Şekil 3 1 10.	Düzlerçamı denemesinde gövde çapı-aile orijini yükseltisi ilişkileri (17. yaş)	54
Şekil 3 1 11	Düzlerçamı deneme alanında populasyonların hacim bakımından karşılaştırılması	55
Şekil 3 1 12.	Aile orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişki	57

Şekil 3.1.13	Bük deneme alanında altı populasyonun 18. yaşta ulaştıkları boylar	59
Şekil 3.1.14	Bük deneme alanında boy-aile orijini yükseltisi ilişkisi	61
Şekil 3.1.15	Bük deneme alanında populasyonların 18 yaşta ulaştıkları çaplar	62
Şekil 3.1.16	Bük deneme alanında yükselti-çap ilişkisi	63
Şekil 3.1.17	Bük deneme alanında altı populasyonun hacim artımı	64
Şekil 3.1.18	Bük deneme alanında aile orijin yükseltisi-gövde düzgünlüğü indeksi ilişkisi	65
Şekil 3.1.19	Yenicedere deneme alanında populasyonların 18 yaşta yaptıkları boy artımı	67
Şekil 3.1.20	Yenicedere deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile boy arasındaki ilişki	69
Şekil 3.1.21	Yenicedere deneme alanında populasyonların çap gelişimi bakımından karşılaştırılması	70
Şekil 3.1.22	Yenicedere deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile boy arasındaki ilişki	71
Şekil 3.1.23	Yenicedere deneme alanında altı populasyona ait hacim değerlerinin denemenin ortalamasından olan artı ve eksi yöndeki sapma miktarı	72
Şekil 3.1.24	Yenicedere deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü indeksi arasındaki ilişkiler	73
Şekil 3.1.25	Deneme alanlarının boy bakımından karşılaştırılması	74
Şekil 3.1.26	Dört deneme alanına ait boy ortalamalarının 4, 6 ve 18 yaşlardaki genel ortalamalara göre nispi farkları	76
Şekil 3.1.27	Deneme alanlarının çap karakteri bakımından karşılaştırılması	77
Şekil 3.1.28	Deneme alanlarının ve her deneme alanı içinde populasyonların çap artımı bakımından karşılaştırılması	78
Şekil 3.1.29	Deneme alanlarının ve her deneme alanında populasyonların hacim artımı bakımından karşılaştırılması	78
Şekil 3.1.30	Deneme alanlarının ve her denemede populasyonların boy bakımından karşılaştırılması	80

Şekil 3.1.31	Deneme alanlarına göre M populasyonu ile alçak zon orijinli D ve yüksek zon orijinli H populasyonları arasındaki oransal boy farkı	81
Şekil 3.1.32	Gözlem yapılan üç değişik yaşta altı populasyonun genel ortalamaya göre yaptığı nispi boylar	82
Şekil 3.1.33	Dört deneme alanının ortak regresyon analizinde, ailelerin orijin yükseltisi ile ailelerin ortalama boy ilişkisi	83
Şekil 3.1.34	Populasyonların her bir deneme alanında yaptığı çap artımı ve populasyon- çevre etkileşimi	84
Şekil 3.1.35	Deneme alanlarının ortak regresyon analizinde, aile orijin yükseltisi-çap ilişkisi	85
Şekil 3.1.36	Deneme alanlarının toplu analizinde, populasyonların karşılaştırmalı hacim artımı	86
Şekil 2.1.37	M populasyonunun her bir deneme alanı ortalamasına göre yaptığı fazla hacim	87
Şekil 3.1.38	Aile orijin yükseltisi ve gövde düzgünlüğü ilişkisi	88
Şekil 3.2.1	Tepe formu şekil indeksi ile ailelerin orijin yükseltisi (m) arasındaki ilişki	90
Şekil 3.2.2	Ailelerin orijin yükseltisi ile tepe uzunluk indeksi arasındaki ilişki	91
Şekil 3.2.3	Tepe formu şekil indeksi ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişki	91
Şekil 3.3.1	Kepez denemesinde çeşitli seleksiyon yoğunluklarının (i) göre boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü için tahmin edilen genetik kazanç	99
Şekil 3.3.2	Düzlerçamı deneme alanında boy, çap ve hacim için 13 ve 17 yaşında tahmin edilen genetik kazanç	105
Şekil 3.3.3	Bük deneme alanında boy, çap ve hacim için çeşitli seleksiyon yoğunlukları göre tahmin edilen genetik kazanç oranları	113
Şekil 3.3.4	Yenicedere deneme alanında, farklı seleksiyon yoğunluklarına göre boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü için tahmin edilen genetik kazanç oranları	116

- Şekil 3.3.5 Deneme alanlarının ortak analizi sonucu boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü için tahmin edilen genetik kazanç oranları 122
- Şekil 3.3.6 Her bir deneme alanında en fazla hacim yapan ilk 10 ailenin seçilmesi halinde (10/60, $i=1.47$ seleksiyon yoğunluğuna göre) hacim için tahmin edilen genetik kazanç oranları 122

ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>Çizelge No</u>	<u>Açıklama</u>	<u>Sayfa No</u>
Çizelge 2.1.1	Kızılcım (<i>Pinus brutia</i> Ten.) populasyonlarına ait coğrafik bilgiler	13
Çizelge 2.1.2	Denemede yer alan populasyonlara ait aile kodları	13
Çizelge 2.1.3	Deneme alanlarına ait bilgiler	16
Çizelge 2.2.1	Düzlerçamı denemesinde yalnız bir yinelemeden elde edilen verilerin varyans ve kovaryans analizinde kullanılan model	29
Çizelge 2.2.2	Bir deneme alanında, birden fazla blokta gözlenen karakterlerin varyans ve kovaryans analizinde kullanılan karma model	30
Çizelge 2.2.3	Birden fazla deneme alanında gözlem yapılan karakterlerin analizinde kullanılan varyans analizi modeli	31
Çizelge 3.1.1	Kepez deneme alanında çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları	40
Çizelge 3.1.2	Kepez deneme alanında populasyon ortalamalarının karşılaştırılması	40
Çizelge 3.1.3	Kepez deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından 18. yaşta ilk onbeşe giren aileler	47
Çizelge 3.1.4	Düzlerçamı deneme alanında 13 yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları	49
Çizelge 3.1.5	Düzlerçamı deneme alanında 17. yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları	49
Çizelge 3.1.6	Düzlerçamı deneme alanında populasyonların 13 ve 17. yaştaki boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü ortalamalarının karşılaştırılması	50
Çizelge 3.1.7	Düzlerçamı deneme alanında boy, çap ve gövde düzgünlüğü bakımından gözlem yapılan yıllarda ilk onbeşe giren aileler	58
Çizelge 3.1.8	Bük deneme alanında 18. yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları	60

Çizelge 3 1 9	Bük deneme alanında populasyon ortalamalarının karşılaştırılması	60
Çizelge 3.1.10	Bük deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından 18 yaşta ilk onbeşe giren aileler	66
Çizelge 3.1.11	Yenicedere deneme alanında 18 yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları	68
Çizelge 3.1.12	Yenicedere deneme alanında populasyonların boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından karşılaştırılması	68
Çizelge 3.1.13	Yenicedere deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından 18 yaşta ilk onbeşe giren aileler	73
Çizelge 3.1.14	Dört denemenin birleştirilmiş varyans analizi sonuçları	75
Çizelge 3.1.15	Deneme alanlarının boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından karşılaştırılması	75
Çizelge 3.1.16	Dört deneme alanının toplu değerlendirilmesinde populasyonların boy çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından karşılaştırılması	79
Çizelge 3.1.17	Deneme alanlarının ortak değerlendirilmesinde boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından sıralamada ilk onbeşe giren aileler	88
Çizelge 3.2.1	Düzlerçamı deneme alanında çalışılan tepe formu ve dallanma karakterlerine ait varyans analizi sonuçları	92
Çizelge 3.2.2	Populasyon ortalamalarının karşılaştırılması A-Dallanma karakterleri, B-Tepe Formu karakterleri	93
Çizelge 3.3.1	Kepez deneme alanında çalışılan karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa göre oranı bazı genetik ve fenotipik parametreler	98
Çizelge 3.3.2	Kepez deneme alanında farklı seleksiyon oranları için tahmin edilen genetik kazanç	99
Çizelge 3.3.3	Düzlerçamı deneme alanında 13 yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa göre oranı, bazı genetik ve fenotipik parametreler	102
Çizelge 3.3.4	Düzlerçamı deneme alanında 17 yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin	

toplam varyansa göre oranı, bazı genetik ve fenotipik parametreler	103
Çizelge 3 3 5 Düzlerçamı deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü karakterleri için 13. yaşta tahmin edilen genetik kazanç	104
Çizelge 3 3 6 Düzlerçamı deneme alanında 17. yaşta boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü karakterleri için tahmin edilen genetik kazanç	105
Çizelge 3 3 7 Dallanma ve tepe formu karakterlerine ait varyans bileşenleri ve varyans bileşenlerinin toplam varyansa göre oransal dağılımı	107
Çizelge 3 3 8 Dallanma ve tepe formu karakterleri için tahmin edilen kalıtım dereceleri, varyasyon katsayıları ve genetik kazanç oranları	108
Çizelge 3 3 9 Bük deneme alanında 18 yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa göre oranı, bazı genetik ve fenotipik parametreler	111
Çizelge 3 3 10 Bük deneme alanında farklı seleksiyon oranları için tahmin edilen genetik kazanç	113
Çizelge 3 3 11 Yenicedere deneme alanında 18 yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa göre oranı, bazı genetik ve fenotipik parametreler	115
Çizelge 3 3 12 Yenicedere deneme alanında farklı seleksiyon yoğunlukları için tahmin edilen genetik kazanç	116
Çizelge 3 3 13 Deneme alanlarının ortak analizi sonucu elde edilen varyans bileşenleri, varyans bileşenlerin toplam varyansa oranı ve bazı genetik-fenotipik parametreler	119
Çizelge 3 3 14 Her bir deneme alanı için ve denemelerin ortak analizi sonucu elde edilen birey ve aile düzeyindeki kalıtım dereceleri ve standart hataları <i>B-Birey kalıtım dereceleri, A-Aile kalıtım dereceleri</i>	120
Çizelge 3 3 15 Deneme alanlarının ortak analizi için farklı seleksiyon yoğunlukları için tahmin edilen genetik kazanç	121
Çizelge 3 4 1 Büyüme ve gövde formu arasındaki genetik ve fenotipik korelasyonlar	124

Çizelge 3.4.2.	Dallanma ve tepe formu karakterleri arasındaki genetik korelasyonlar ve standart hataları ile fenotipik korelasyonlar	126
Çizelge 3.4.3.	Kalın dal sayısı ile bazı karakterler arasındaki genetik ve fenotipik korelasyonlar	127

1.GİRİŞ

Canlılarda gözlenen karakterleri genel olarak iki gruba ayırmak mümkündür. Bunlardan birisi kalitatif karakterlerdir. Fenotipte kesikli bir frekans (sıklık) dağılımı gösteren karakterlere *kalitatif karakterler* veya *Mendel karakterleri* denir. Kalitatif karakterleri genellikle bir veya birkaç gen kontrol etmektedir. Bunların kalıtımı Mendel Kurallarına uygun olarak kolayca izlenebilmektedir. Kalitatif karakterlerde çevrenin fenotip üzerindeki etkisi sınırlı olmaktadır (Hartle 1981). Örneğin insanlarda kan grupları, bezelyenin çiçek rengi v.b bu türden karakterlerdir.

Canlılarda gözlenen karakterlerin ikincisi de kantitatif karakterlerdir. Bir ölçü birimi ile ölçülerek elde edilen boy, ağırlık, kalınlık gibi karakterlere *kantitatif karakterler* yada *metrik karakterler* denir (Falconer 1989). Bu karakterlerin toplumdaki frekans dağılımı, çan eğrisi şeklinde olup "normal dağılım" göstermektedir. Fenotiplerin büyük bir kısmı populasyon ortalamasına yakın bir yerde yer alırlar. Fenotipik sınıflar arasındaki geçiş kesintisizdir. Kesintisiz çeşitlilik gösteren ve ölçülebilen her tür morfolojik, anatomik, fizyolojik ve biyokimyasal karakterlerin herbiri bir metrik karakterdir (Hartle 1981, Falconer 1989). Bu karakterler bir değil, birçok gen tarafından kontrol edilirler. Bir ağacın boyu, mısır koçanındaki dane sayısı veya bir tavuğun et veriminde olduğu gibi ekonomik bakımdan önemi fazla olan bitki ve hayvan karakterlerinin büyük bir çoğunluğu bu gruba girerler.

Genel olarak metrik karakterlerin kalıtımına birden fazla lokus (gen) katılmaktadır. Bir gen, karakteri bir birim azaltırken, bir diğer gen aynı karakteri iki birim çoğaltabilir. Karakterin şekillenmesinde rol alan her gen ve gen grubu karakteri biraz daha modife etmektedir (Falconer 1989). Bu şekilde davranan genlere Mather tarafından önerildiği şekliyle *poligenler*, bu şekildeki kalıtıma da *poligenik kalıtım* denmektedir (Strickberger 1968).

Teorik olarak kesiksiz bir çeşitlilik elde etmek için her zaman çok sayıda lokusa ihtiyaç yoktur. Eğer genotipler arasındaki fark, çevresel farklılığa göre daha küçük ise, bir gen iki allel durumunda bile kesiksiz çeşitlilik

gözlenebilmektedir (Griffiths vd 1993). Bir karakter için, genotipler arasındaki varyasyon, çevresel varyasyona göre daha küçük ise, karakter "metrik" olarak tanımlanmaktadır (Griffiths vd 1993).

Kantitatif karakteri kodlayan genlerden her biri, Mendelin kalıtım ilkelerini aynen izleyerek ana babadan döle geçerler. Ancak birden fazla genin karakteri kontrol etmesi ve karakterin şekillenmesindeki çevresel faktörlerin etkisi, Mendelin beklenen oranlarının ortaya çıkmasını ve Mendel kurallarının izlenmesini engellemektedir. Bu nedenle metrik karakterlerin kalıtımı tek bir bireye bakılarak gözlenemez. Metrik karakterin kalıtımı ve bu karakterlerde gözlenen varyasyonun incelenmesinde populasyonlar¹ ele alınır ve populasyon genetiği² ilkeleri uygulanır (Falconer 1989).

Populasyonların genetik yapısının anlaşılabilmesi için bazı genetik parametrelerin hesaplanması gerekmektedir. Bu parametreler başlıca; tür içi genetik çeşitliliğin yapısı, çeşitliliğin populasyonlar arası ve populasyon içi dağılımını gösteren varyasyon oranları ve kalıtım dereceleri.

Varyasyon (çeşitlilik) kaynağı ve bileşenleri

Bir canlı karakteri üzerinde yaptığımız bütün ölçmeler ve gözlemler için aşağıdaki eşitlik geçerlidir (Shelbourne 1969, Falconer 1989):

$$P = G + E$$

P = Karakterin ölçülen veya gözlenen fenotipik değeri

G = Genotipik değer

E = Çevrenin neden olduğu sapma

Eğer çevresel etkenlerin yol açtığı varyasyon tamamen ortadan kaldırılabilseydi, başka bir deyişle, bireyler tıpa tıp aynı çevre koşulları altında yetiştirilebilseydi, bir karakter için gözlenen fenotipik değer (P), genotipik değerine (G) eşit olurdu.

Genotipik deęer, genlerin davranışına göre kendi içinde bileşenlere ayrılmaktadır. Kantitatif karakteri kontrol eden genlerin eklemeli (additive) davranışı ile eklemeli genetik deęer ortaya çıkmaktadır. Bir lokusta aleller arasındaki baskınlık (dominantlık), genetik deęerin bir dięer kaynağıdır. Bu durumda bir lokus için genetik deęer, alellerin davranışına göre eklemeli (A) ve dominant (D) deęerlerin toplamına eşittir (Shelbourne 1969)

$$G=A+D$$

A = Eklemeli etki (İslah deęeri)

D =Dominant sapma

Birden fazla lokus durumunda lokuslar arasındaki etkileşim (I) de genetik deęerin şekillenmesine katkıda bulunmaktadır. Bu durumda genetik deęer eklemeli (A), dominant (D) ve etkileşim (I) genetik deęerlerin toplamına eşittir:

$$G=A+D+I$$

O halde bir canlıda bir karakter için ölçtüğümüz fenotipik deęeri doğrusal bir model halinde yeniden yazarsak fenotipik deęer; eklemeli (A), dominant (D) ve etkileşim (I) genetik deęerlerin toplamına ve çevresel etkinin sapmasına eşittir :

$$P = A + D + I + E$$

Populasyon düzeyinde ise genlerin davranışından ve etkileşimlerinden genetik varyanslar, çevresel etmenlerin neden olduğu farklılıktan çevresel varyans ortaya çıkmaktadır. Populasyon düzeyinde bir karakter için gözlenen fenotipik varyans; eklemeli¹, dominant², etkileşim genetik varyansların toplamına ve çevresel varyansın neden olduğu sapmaya eşittir :

$$\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_E$$

Genlerin eklemeli olmayan davranışı ile ortaya çıkan genetik varyansa, eklemeli olmayan genetik varyans (non-additive) da denir (van Buijtenen 1992).

Genetik varyansın ortaya çıkışı aşağıdaki gibi açıklanabilir (Mather'e atfen Strickberger 1968): Mendel kurallarına göre F₂ generasyonunda (populasyonu)

bir lokus ve ortak dominant (codominant) iki allel durumunda ortaya üç farklı genotip çıkacaktır. Bu genotiplerin oranları:

$$1/4 BB : 2/4 Bb : 1/4 bb$$

BB genotipinin değeri= a , Bb genotipinin değeri= d ve bb genotipinin değeri= $-a$ olsun. Bu üç genotipin değerlerinin toplamı F_2 generasyonunun ortalama genetik değerini ($1/2 d$) verecektir :

$$1/4 (a) + 1/2 (d) + 1/4 (-a) = 1/2 d$$

Varyans, her gözlem değerinin populasyon ortalamasından olan farklarının kareleri toplamına eşittir (Sokal ve Rohlf 1995). Bu tanıma göre F_2 'de gözlenebilen genetik varyans şu şekilde hesaplanır :

$$\begin{aligned}\sigma^2_G &= 1/4 (a - 1/2 d)^2 + 1/2 (d - 1/2 d)^2 + 1/4 (-a - 1/2 d)^2 \\ &= 1/4 (a^2 + ad + 1/4 d^2) + 1/2 (1/4 d^2) + 1/4 (a^2 - ad + 1/4 d^2) \\ &= 1/2 a^2 + 1/4 d^2\end{aligned}$$

Burada $a^2=A$, $d^2=D$ değerlerini ifade etmektedir.

$$\sigma^2_G = 1/2 A + 1/4 D$$

Burada $1/2A$ tam kardeş ailelerde genlerin eklemeli etkisi (varyansını), $1/4D$ ise dominant etkisidir.

Bitki ve hayvan ıslahında eklemeli genetik varyansın önemli bir yeri vardır. eşeyssel yolla üreyen canlılarda yalnızca eklemeli genetik varyans kalıtımla döllere geçer. Akrabalar arasındaki benzerlikler, kendilerini genetik varyansın eklemeli kısmında gösterirler (Zobel ve Talbert 1984). Kantitatif genetikçiler, biyoistatistik yöntemleri kullanarak fenotipin şekillenmesinde genetik etkilerin oranını, bunun ne kadarının genlerin eklemeli etkisinden, ne kadarının genlerin

eklemeli olmayan (non-aditif genetik varyans) etkisinden kaynaklandığını bir hata payı ile tahmin edebilmektedirler (Bridgwater ve McKeand 1981). Additive olmayan genetik varyans, eşeyssel yolla üreyen canlılarda, genlerin kromozomlarda yeniden dizilimi (rekombinasyon) ve diğer nedenler sonucu yavrularda büyük oranda gözlenemez (Mettler ve Gregg 1969) Bu nedenle genetiğin uygulanması olan ıslah çalışmalarının asıl ilgi alanı eklemeli genetik varyanstır. Eklemeli olmayan genetik varyanstan yararlanabilmek için bitkilerde eşeysiz üretme teknikleri olan klonlama, doku kültürü gibi teknikleri kullanmak ya da belirli fertler arasında kontrollü çaprazlama yapmak gerekmektedir (Bridgwater ve McKeand 1981). Genetik varyans, populasyonda fertler arasındaki genetik farklılığın bir ölçüsüdür. Genetik varyans ne kadar fazla ise, seleksiyon ile ilgi duyulan karakterde iyileştirme sağlama olasılığı da o oranda fazla olacaktır. Ancak genetik varyans, tek başına genetik kazancın bir ölçüsü değildir. Islah programlarında en önemli parametre, ilgi duyulan karakterin kalıtım derecesidir.

Kalıtım derecesi

Kalıtım derecesi, bir populasyonda bir karakter için gözlenen fenotipik varyansın, genotipik varyasyondan kaynaklanan oranıdır (Falconer 1989, Griffiths vd 1994). Kalıtım derecesi bazen yanlış anlaşıldığı şekliyle bir bireyin bir karakterinin (örneğin bir bitki boyunun) hangi oranda genlerden ve hangi oranda çevreden kaynaklandığını belirtmez. Kalıtım derecesi, bir populasyonda ailelerin belirli bir özelliği yavrulara kalıtlama (aktarma) oranıdır (Zobel ve Talbert 1984).

Populasyonda gözlenen genetik varyans bileşenlerine göre dar anlamli kalıtım (h^2) ve geniş anlamli kalıtım (H^2) olmak üzere iki farklı kalıtım derecesi tahmin edilebilmektedir. *Dar anlamli kalıtım*, eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranıdır (Falconer 1989) Serbest polenleşme yoluyla eşeysel rekombinasyonun olduğu bitki populasyonlarında daha çok ana-babaların genel birleşme yeteneklerinin (General combining ability) ıslahı amaçlanmaktadır. Bu nedenle dar anlamli kalıtım derecesi önem kazanmaktadır. *Geniş anlamli kalıtım*

derecesi ise toplam genetik varyansın fenotipik varyansa oranı olarak tanımlanmaktadır. Genetik varyansın tümünden faydalanılmak amaçlanıyorsa geniş anlamli kalıtım dereceleri üzerinde durulmaktadır (van Buijtenen 1992).

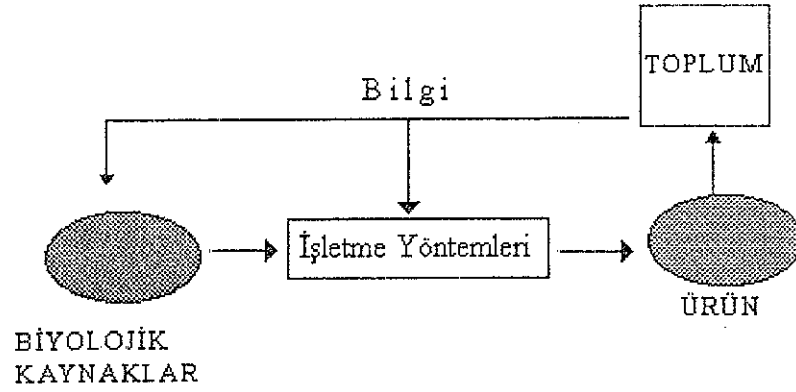
Dar anlamli ve geniş anlamli kalıtım derecelerinin tahmini için kullanılan genetik materyal ve deneme yöntemleri farklı olabilmektedir. Örneğin geniş anlamli kalıtımdan yararlanmak için klonlama, kontrollü çaprazlamalar, doku ve hücre kültürü gibi daha pahalı teknikleri kullanmak gerekmektedir.

Kalıtım derecesi, selektif ıslah (yapay seçim) yöntemleri ile ne kadar genetik kazanç sağlanabileceğini kısmen göstermesi açısından önemli bir parametredir. Böylece ıslahçı, hangi canlı karakterlerinin yapay seleksiyon ile ıslah edilebileceğini, seleksiyon sonucu elde edilebilecek genetik kazanç miktarını belirler ve ıslah stratejisini buna göre oluşturur (Stonecypher 1966). Bu nedenlerle üzerinde çalışılan bitki veya hayvan populasyonunda ekonomik önemi olan karakterlerin kalıtım derecelerinin güvenilir bir şekilde tahmini büyük bir önem kazanmaktadır.

Kalıtım derecesi değer olarak 1 00 ile 0 00 arasında değişir. Bu oran ne kadar büyükse kalıtım o kadar yüksektir. Kalıtım derecesi yalnızca hesaplandığı ilgili populasyona özgüdür. Ayrıca yaşa, ve uygulanan yöntemlere göre farklılık göstermektedir (Stonecypher vd 1966, Namkoong 1979, Falconer 1989).

Doğal kaynakların işletilmesi ve populasyon genetiği

Bir türe ait populasyon bir çevreye uyum sağlarken evrimsel bir süreci izlemektedir. Uyum (adaptasyon) kalıcı değil, değişen çevre koşullarına bağlı olarak dinamik bir olaydır. Tür içindeki genetik varyasyon; evrimsel güçler (mutasyonlar, populasyonlar arasındaki gen göçü, seleksiyon, populasyon büyüklükleri), türün üreme şekli gibi çok farklı ve karmaşık faktörlerin ve bunların etkileşimlerinin sonucu olarak ortaya çıkmaktadır (Cossalter 1989). Bu nedenle bilgi üretmeden karmaşık ve dinamik bir kaynağı yönetmek, biyolojik bir kaynaktan optimum bir şekilde ve devamlılık prensipleri içinde yararlanmak olanaksızdır (Şekil 1.1)



Şekil 1.1 Biyolojik bir kaynak hakkında bilgi üretmek, hem optimum faydalanma hem de devamlılık açısından önem taşımaktadır

Orman ağacı popülasyonları diğer canlılara göre çok daha karmaşık biyolojik bir sisteme sahiptirler (Işık 1988-a). Bu nedenle popülasyon genetiği ilkeleri ile birlikte diğer biyolojik bilgilerin bu popülasyonların yönetim ve işletilmesinde kullanılması önem taşımaktadır (Namkoong 1989).

Tür içi genetik çeşitliliğin yüksekliği, değişen çevre şartlarına uyum açısından bir güvencedir. Genetik çeşitlilik, aynı zamanda ıslah çalışmaları için şekillenecek bir hammadde gibidir (Cossalter 1989). Tür içinde popülasyon düzeyinde ve popülasyon içi aile düzeyinde ne kadar fazla genetik çeşitlilik varsa, genetikçilerin kendi amaçlarına uygun popülasyonları ve genotipleri seçme şansı da o oranda artacaktır. Çeşitliliğin nedeni, coğrafi değişkenlerle ilişkisi, tür içindeki dağılımı, ıslah stratejilerinin oluşturulması ve genetik çeşitliliğin korunması bakımından önem kazanmaktadır (Muona 1990). Bu nedenle genetik çeşitlilik ile ilgili araştırmalar orman ağaçları ıslahı programlarında öncelikli çalışma konuları arasındadır.

Genetik prensiplerin uygulanarak orman ağaçlarının evcilleştirilmesi ve ıslahı, orman ürünlerine olan istemin artmasıyla son 40 yılda yoğunlaşmıştır. Bu konuda ABD, Yeni Zelanda, Şili, Kore, Brezilya ve İsveç gibi birçok ülkede önemli ilerlemeler sağlanmıştır. Bu ülkeler hammadde ihtiyacının önemli bir

bölümünü, genetik kalitesi yüksek tohumlarla kurulan endüstriyel plantasyonlardan karşılamaktadırlar Böylece birim alandan daha kısa sürede, çok daha fazla ve kaliteli hammadde üretilmektedir Yeni Zelanda, bir buçuk milyon hektarı bulan plantasyonlarından yıllık 17 milyon metreküp odun hammaddesi üretirek bunun yarısını ihraç etmektedir (Wilcox 1994) Genetik ıslah araştırmaları ve diğer kültürel tedbirlerle Yeni Zelanda'da üretimin 2000 yılında 20 milyon metreküpe, 2020 yılında ikiye katlanarak 40 milyon metreküpe ulaşacağı tahmin edilmektedir

Türkiye'nin 20 milyon hektarı geçen doğal orman alanlarından üretebildiği endüstriyel odun hammaddesi, 1993 yılında sadece yedi milyon metreküp olarak gerçekleşmiştir (Birler 1995) Ülkemizde bugünkü odun hammaddesi üretimi, talebi karşılamaktan uzaktır (Anonim 1988). Arz açığının 2020 yılında en az 40 milyon metreküp düzeyinde olacağı tahmin edilmektedir (Birler 1995). Endüstriyel odun hammaddesi talebinin karşılanmasında hızlı gelişen türlerle kurulacak plantasyonların önemli bir yeri olacaktır Plantasyonlarda kullanılacak hedef türler ile ilgili biyolojik ve genetik bilgilerin bir an önce sağlanması gerekmektedir. Olumlu yöndeki değişik biyolojik, ekolojik, silvikültürel ve teknolojik özellikleriyle plantasyonlarda kullanılacak hedef türlerin başında kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) gelmektedir. Şöyleki : Kızılçam, üç milyon hektarın üzerindeki doğal yayılış alanı ile Türkiye ibreli orman alanlarının yaklaşık %36'sını, genel orman alanının ise %15'ini kaplamaktadır (Kayacık 1965). Kızılçamın doğal yayılış alanında farklı yetiştirme ortamlarına uyum sağlamış popülasyonlara rastlanmaktadır (Arbez 1974, Işık 1986). Kızılçam odununun inşaat malzemesi, ambalaj, maden direği, selüloz ve kağıt endüstrisi gibi geniş bir kullanım alanı vardır. Dalaman ve Silifkede kurulan kağıt fabrikalarının hammadde ihtiyacı, kızılçam ormanlarından karşılanacak şekilde planlanmıştır (Işık vd 1987). Kızılçamın bir diğer avantajı, diğer yerli türlere göre daha hızlı büyümesidir. Bu nedenle, kızılçam Türkiye'de ağaçlandırma çalışmalarının (Günay ve Tacuner 1993) ve ağaç ıslahı programlarının başında yer almaktadır. Son yıllarda hazırlanan Türkiye ağaç ıslahı programı ile kızılçamın ıslahına büyük bir ivme kazandırılmıştır (Koski ve Antola 1993)

Bir türde genetik ıslah çalışmalarının başarılı olabilmesi için türün taksonomisi, doğal yayılışı, üreme biyolojisi, tür içi genetik çeşitlilik, gibi bilgilere ihtiyaç vardır (Libby 1973, Zobel ve Talbert 1984). Kızılçamda daha çok türün doğal yayılışı (Kayacık 1954), botanik özellikleri, silvikültürü ve hasılatı üzerinde durulmuştur (Alemdağ 1962, Kayacık 1965, Arbez 1974, Özdemir 1977, Usta 1991) Diğer ülkelerde yapılan araştırmaların önemli bir bölümü ise farklı orijinlerin karşılaştırılması veya bazı morfolojik ve anatomik karakterlerde genetik çeşitlilik üzerinedir (Palmberg 1976, İktüeren 1977, Falusi 1982, Fisher vd 1986, Tullukçu vd 1987, Calamassi vd 1988, Weinstein 1989-b). Kızılçam için yürütülen orijin denemeleri sonuçlarına göre, doğal populasyonlar arasında önemli büyüme farkları gözlenmiştir (Palmberg 1976, Fisher vd 1986, Işık vd 1987, Weinstein 1989-a) Kızılçamda tür içi genetik çeşitliliğe yönelik ilk çalışmalar Işık (1980) tarafından başlatılmıştır Genetik çeşitlilik ile ilgili yapılan araştırmalarda daha çok fidan karakterleri (Işık 1986, Işık ve Kaya 1995, Işık ve Kara 1997, Kara vd 1997) ve sürgün morfolojisi üzerinde durulmuştur (Yıldırım 1992, Kaya ve Işık 1997). Ancak, ekonomik önemi olan ileri yaşlardaki ağaç boyu, çap ve gövde düzgünlüğü gibi karakterlere ait genetik parametreler çalışılmamıştır

Ağacın tepe formu ve dallanma karakterleri

Ağacın tepe formu, (tepe genişliği, tepe uzunluğu, tepe uzunluğu indeksi, tepe formu şekil indeksi ve fotosentetik tepe yüzeyi indeksi) meşcere verimliliğinin önemli bir ögesi olarak değerlendirilmektedir (Cannell 1989) Tepe formunun, birim alana düşen fert sayısı ve dolayısıyla verimlilik üzerinde önemli etkileri bulunmaktadır (Kuuluvianen 1988) Örneğin, geniş tepeli fertler yerine dar tepe formuna sahip genotiplerin ağaçlandırmalar için seçilmesi halinde, birim alanda daha fazla fert yer alabilecek ve idare süresi sonunda daha fazla hammadde sağlanabilecektir. Bazı konifer türlerinde dar tepe formu, bir boğumdaki dal sayısı, yüksek tepe indeksi oranları (tepe uzunluğu/tepe genişliği) gibi tepe ve dal karakterleri ile artım arasında önemli ilişkilerin olduğu bildirilmektedir (McCrary ve Jokela 1986, Kuuluvianen vd 1988, Cannell 1989,

Pulkkinen ve Pöykkö 1990) Bu nedenle plantasyonlarda birim alana daha fazla ağacı dikmek için uzun ve dar tepeli fertler tercih edilmektedir. Çalışılan karakterlerin farklılığından dolayı bu tip ağaç ıslahı çalışmalarına "Ideotype breeding" denmektedir (St. Clair 1994-a, St Clair 1994-b, Dickmann 1985).

Dallanma özelliklerinin de odun kalitesi üzerine önemli etkisi vardır (Vellin ve Tigerstedt 1984) Dal açısı ve dal kalınlığı gövdede budak büyüklüğünü ve odun hammaddesinin kalitesini önemli oranda belirlemektedir (Raymond ve Cotterill 1990). Dar açılı dallanma, dik açılı dallanmaya göre gövdede daha büyük budak bırakarak kaliteyi düşürmektedir. Ağacın gövde kalitesi üzerindeki etkisinden dolayı ağaç ıslahı programlarında dal açısı, dal kalınlığı ve dal sayısı karakterleri üzerinde de durulmaktadır. Bazı ıslah programlarında bu karakterler için önemli ilerlemeler sağlanmıştır (Burdon vd 1992-a, Carson 1987). Dallanma özellikleri yalnızca kaliteyi değil, aynı zamanda ağaçların rüzgara ve kar baskısına dayanıklılık yeteneklerini de belirlemektedir. Bu çalışmanın konusu olan en yüksek rakımdaki Yenicedere (850 m) deneme alanınının 17 Şubat 1996 tarihinde gözlemi sırasında, geniş tepeli ve kaba dallı aşağı yükselti orijinli ağaçların tepe ve dallarının, rüzgar ve kar baskısından daha fazla zarar gördükleri gözlenmiştir.

Kızılçamın güney ve batı Anadolu bölgelerinin alçak kesimlerindeki doğal populasyonlarında geniş tepe formu ve çatallılık çok yaygın bir özelliktir (Arbez 1974, Işık 1986) Bu populasyonlarda bulunan bireylerin dallarının daha uzun ve kaba, dalların gövdeyle yaptığı açının da daha dar olduğu gözlenmektedir. Ancak kıyıda iç kesimlere doğru yükselti arttıkça tepe formu ve dallanma özellikleri bakımından önemli bir farklılaşma gözlenmektedir. Orta ve yüksek zonda yetişen doğal kızılçam populasyonlarında tepe formu yer yer sarıçamda olduğu gibi dar ve konik bir form almakta, daha ince, kısa ve geniş açılı dallanma gözlenmektedir. Ancak, doğal yetişme ortamlarında gözlenen bu farklılıkların ne kadarının genetik, ne kadarının çevresel etkenlere bağlı olduğu henüz araştırılmamıştır.

Araştırmanın ana amacı kızılçam populasyonlarını ekonomik önemi fazla olan karakterler bakımından karşılaştırmak ve bu karakterler bakımından tür ile ilgili genetik parametreleri hesaplamaktır. Ekonomik önemi fazla olan başlıca karakterler boy ve çap artımı, gövde formu, dallanma özellikleri ve ağacın tepe formudur. Çalışmanın amaçları maddeler halinde aşağıdaki gibi özetlenebilir :

1. Kızılçam doğal populasyonlarının genetik yapısını ortaya koymak; bir karakter için gözlenen çeşitliliğin populasyonlar arası ve populasyon içi dağılım oranını tahmin etmek,
2. Farklı yükseltilerden gelen kızılçam populasyonlarını ve aileleri belirli deneme alanlarında ekonomik önemi olan özellikleri bakımından karşılaştırmak,
3. Çalışılan karakterler için populasyon x çevre etkileşimini tahmin etmek,
4. Çalışılan karakterlerin kalıtım derecelerini tahmin etmek,
5. Ekonomik önemi olan karakterler için genetik kazanç tahmin etmek,
6. Çalışılan karakterler arasındaki fenotipik ve genetik korelasyonları tahmin etmek,
7. Önemli bazı karakterler ile coğrafik değişkenler arasındaki ilişkileri ortaya koymak,
8. Kızılçamın ıslah stratejisi konusunda önerilerde bulunmaktır.

Eğer boy, çap, gövde düzgünlüğü, tepe formu ve dallanma ilgili karakterler güçlü bir genetik kontrol altında ise, o zaman ağaçlandırmalar için hızlı büyüme yanında, dar ve konik tepeli, ince-geniş açılı dallanan populasyonları ve aileleri seçme olanağımız olacaktır. Böylece birim alandan daha fazla ve daha kaliteli hammadde üretimi mümkün olacaktır.

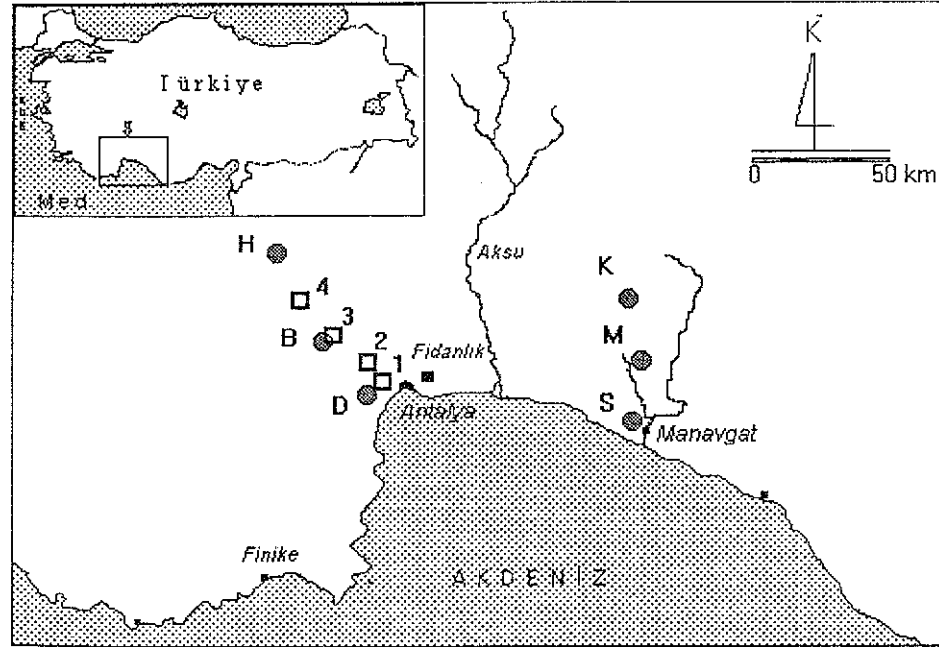
2. MATERYAL VE YÖNTEM

2.1 Genetik Materyal ve Deneme Alanları

2.1.1 Populasyonların seçimi ve örnekleme

Kızılçamın ıslahında eksikliği duyulan temel biyolojik bilgilerin sağlanması amacıyla Orman Bakanlığı ve TÜBİTAK desteği ile Prof. Dr. Kani Işık tarafından Antalya yöresinde dört farklı yükseltide kızılçam orijin-döl denemeleri kurulmuştur (Işık vd 1987). Bu doktora çalışması, sözkonusu denemeler üzerinde 1990 yılında başlatılan ve 1996 yılı ortalarına kadar devam eden gözlem ve ölçmelerden elde edilen verilere dayanmaktadır.

Denemeler için Antalya havzasının batısında ve doğusunda deniz kıyısından başlayarak iç kesimlere doğru giden iki hat belirlenmiştir. Birinci hat Doyran-Bük-Hacıbekar hattı, ikinci hat Sarılar-Murtbeli-Kapan hattıdır. Toroslara doğru her hat boyunca alçak, orta ve yüksek rakımdan birer populasyon olmak üzere iki hattan toplam altı populasyon seçilmiştir (Çizelge 2 1 1, Şekil 2 1).



Şekil 2 1 Populasyonların coğrafik konumu ve denemelerin kurulduğu yerler
Populasyonlar : H=Hacıbekar, B=Bük, D=Doyran, S=Sarılar, M=Murtbeli, K=Kapan
Deneme Alanları : 1=Kepez, 2=Düzlerçamı, 3=Bük, 4=Yenicedere

Örneklenen populasyonlardan Murtbeli (M) ve Kapan (K) mesafe olarak birbirine yakındır. İki populasyonun bulunduğu yöre kızılçam için optimum denilebilecek yetiştirme şartlarına sahiptir. Yükselti olarak K populasyonundan yalnızca 50-60 m daha yüksek bir zondan gelen Hacıbekar (H) populasyonu ise kızılçamın optimum yayılışından biraz uzak, kısmen izole bir şekilde, Akdeniz ikliminden karasal iklime geçiş zonunda yer almaktadır.

Çizelge 2.1.1. Kızılçam populasyonlarına ait coğrafik bilgiler (Işık vd 1987)

Populasyonlar	En Yakın Yerleşim Yeri	Rakım (m)	Enlem (N)	Boylam (E)	Aile Sayısı
S (Sarılar)	Sarılar Köyü	92	36° 48'	31° 26'	10
D (Doyran)	Doyran Köyü	61	36° 52'	30° 32'	10
M (Murtbeli)	Beydiğin Köyü	486	37° 01'	31° 24'	10
B (Bük)	Bük Orman Evi	481	36° 58'	30° 36'	10
K (Kapan)	Beydiğin Köyü	932	37° 06'	31° 24'	10
H (Hacıbekar)	Hacıbekar Köyü	1033	37° 19'	30° 11'	10

Çizelge 2.1.2. Denemede yer alan populasyonlara ait aile kodları

Populasyon kodu ve adı	Aile Kodları									
	S1	S2	S3	S4	S6	S7	S8	S9	S10	S11
S (Sarılar)	S1	S2	S3	S4	S6	S7	S8	S9	S10	S11
D (Doyran)	D2	D3	D4	D6	D7	D9	D12	D13	D15	D16
M (Murtbeli)	M2	M3	M5	M6	M7	M8	M9	M10	M12	M13
B (Bük)	B1	B2	B5	B6	B8	B9	B11	B12	B13	B14
K (Kapan)	K1	K3	K5	K6	K7	K8	K9	K10	K11	K12
H (Hacıbekar)	H2	H3	H4	H5	H9	H11	H12	H13	H14	H15

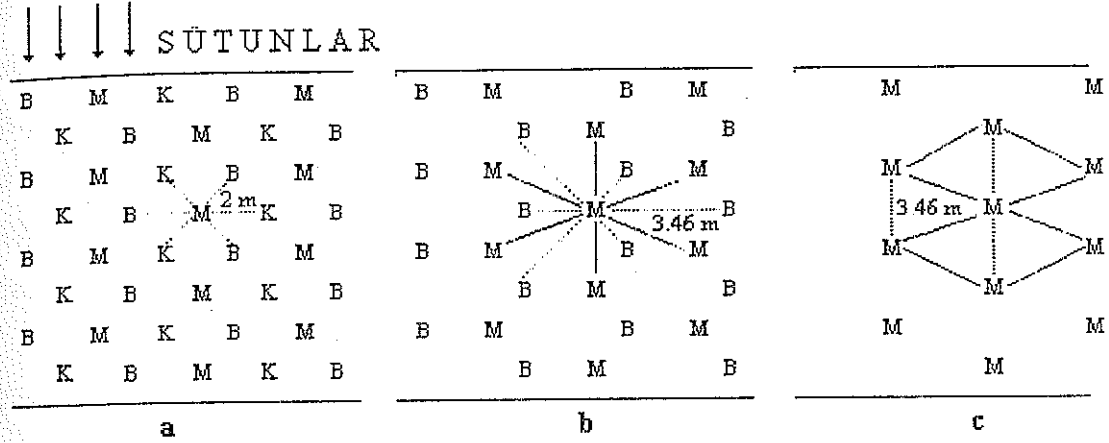
Her populasyondan rastgele 11-16 anaç ağaç seçilmiştir. Kozalak toplanan anaçlar arasında akrabalık olasılığını en aza indirmek amacıyla, en az 100 m ara ile anaçlar seçilmiştir. Eğer anaç ağaçlar birbirine yakın alınmış olsaydı bazı anaçların birbirine yakın akraba olma olasılığı artacak, bu nedenle alınan örnek popülasyonu yeteri ölçüde temsil etmeyecekti. Araştırmanın amacı doğal popülasyonların genetik yapısını incelemek olduğu için, aileler seçilirken fenotiplerine özen gösterilmemiştir. Diğer bir deyimle seçilen ailenin boy, çap veya gövde düzgünlüğü bakımından üstün olup olmaması dikkate alınmamıştır.

Kozalaklar ağacın üst kısmından toplanmıştır. Böylece elde edilen tohumların kendileme (selfing) ürünü olma olasılığı azaltılmaya çalışılmıştır. Anaç ağaçlardan toplanan kozalaklar, popülasyonuna (yöresine) ve ailesine (anacına) göre ayrı torbalara konulup etiketlenmiştir (Çizelge 2.1.2). Her anaç ağacın kozalağı ayrı ayrı açık havada güneş altında kurutulmuş ve tohumlar elde edilmiştir (Işık 1980). Her aileye ait tohumlar etiketli torbalarda ekim gününe kadar soğuk hava deposunda + 4° C de korunmuştur. Tohumlar, Antalya Zeytinköy orman fidanlığına Nisan 1978 tarihinde ekilmiştir. Şubat-Mart 1979'da 1-0 çıplak köklü fidanlar arazideki deneme alanlarına nakledilmiştir. Anaç ağaçların her birinden ortaya çıkan fidanlar belirli bir aileyi ya da o aileye ait yarım kardeş bireylerini oluşturmaktadır. Her populasyondan yeteri kadar fidan elde edilebilen ailelerden onar adedi denemede yer almıştır (Işık vd 1987). Popülasyonların örneklenmesi, fidan yetiştirilmesi ve arazide denemelerin kuruluşu ile ilgili diğer ayrıntılar Işık vd'de (1987) verilmiştir.

2.1.2 Deneme deseni

Deneme için Libby ve Cockerham (1980) tarafından önerilen tek ağaç parselli rastlantı bloklarının bir modifikasyonu olan "Kenetlenmiş Petek Deseni" kullanılmıştır (Şekil 2.2). Bu desende, her anaç ağaca (aileye) ait fidanlar bir parsel içinde toplu olarak değil, blok içine tek tek rastlantısal olarak dağıtılmıştır. Bloklar, rastlantı blokları deseninde olduğu gibi birbirinden bağımsız değildir. Üç blok iç içe kenetlenmiş bir şekilde, üç blok toplamına eşit bir alanda yer alırlar (Işık 1988-b). İlk aralamada altıgenin

ortasındaki fidan uzaklaştırıldığında başlangıçta her fidan için eşit olan büyüme alanı, aralamadan sonra da devam etmektedir.



Şekil 2.2. Kenetlenmiş Petek Deseni. Hemen dikimden sonra (a), birinci (b) ve ikinci aralamadan sonraki durumu (c). Şekilde K kırmızı, B beyaz, M mavi bloklara ait bireylerin yerini göstermektedir

Denememizde her populasyon onar aile ile temsil edilmiştir. Her ailenin on yarım-kardeş fidanı K (Kırmızı) bloğuna, on yarım-kardeş fidanı B (Beyaz) bloğuna ve on yarım-kardeş fidanı M (Mavi) bloğuna rastlantısal olarak dağıtılmıştır. Her bir aile her deneme alanında 30 fidanla temsil edilmiştir. Deneme deseni, ağaçlar büyüdükçe ağaçlar arasında rekabetin başlaması durumunda sistematik aralamalara olanak sağlamaktadır. Aralamalarda her aileden eşit sayıda fert çıkarılmakta, her aile ve populasyon için aralamadan sonra sahada yine eşit sayıda fert kalmaktadır (Işık 1988-b). Hem aralama ile çıkarılan ve hem de sahada kalan bireyler, veri toplamak ve gerekirse istatistiksel analizler için kullanmaya da uygun düşmektedir. Deneme deseni ile ilgili diğer ayrıntılar ve uygulama şekli Işık (1980) ve Işık vd'de (1987) verilmiştir.

2.1.3 Deneme alanları

Deneme alanları Antalya-Korkuteli hattı boyunca beş ayrı yükseltide yer almaktadır (Şekil 2.1, Çizelge 2.1.3). Ancak en yüksek rakımdaki (1200 m)

beşinci deneme alanı olan Yeşilyayla, fazla fidan ölümleri nedeniyle değerlendirmeye katılmamıştır (Işık vd 1987) Aşağı rakımdaki Kepez ve Düzlerçamı denemelerinde toprak hazırlığı dozerle, diğer denemelerde ise işçi gücü ile yapılmıştır. Her denemede 3 yineleme x 6 populasyon x 10 aile x her aileye ait 10 yarım-kardeş fidan = 1800 ağaç yer almıştır. Bük deneme alanında ise denemeye uygun saha sınırlı olduğu için denemenin kuruluşunda 3 yineleme x 6 populasyon x 10 aile x 7 fidan = 1260 ağaç yer almıştır. Dikimler Şubat-Mart 1979 tarihinde 1-0 çıplak köklü fidanlarla yapılmıştır. Her deneme alanının çevresinde üçer sıra tecrit zonu dikilmiştir (Işık vd 1987)

Çizelge 2 1 3 Deneme alanlarına ait bilgiler

Deneme Alanı	Rakım m	Denizden Uzaklık	Aile Sayısı	Yarım Kardeş Fert Sayısı	Toplam Birey Sayısı
Kepez	90	10 km	60	30	1800
Düzlerçamı	350	20 km	60	30	1800
Bük	500	30 km	60	21	1260
Yenicedere	850	40 km	60	30	1800

Deneme alanları içinde en hızlı gelişeni Düzlerçamı deneme alanı olmuştur. Bu deneme alanında ağaçların tepe çatısı nispeten erken yaşlarda kapanmış, rekabet daha erken yaşlarda başlamıştır. Bu yüzden Düzlerçamı deneme alanında ağaçların yaşı 13 (tohumun çimlenmesinden sonra geçen büyüme mevsimi sayısı) iken (1990 Aralık ve 1991 Ocak-Şubat), kırmızı (K) yineleme sistematik aralama ile çıkarılmıştır. Deneme alanı bitişiğinde bir çalışma platformu kurulmuş, bu platform üzerinde, kesilen 560 adet ağaca ait büyüme, biyokitle, tepe yapısı ve dallanma ile ilgili karakterler ölçülmüştür. Sahada dikili olarak kalan yaklaşık 1200 ağaçta ise boy, çap ve gövde düzgünlüğü için ayrıca ölçme ve gözlemler yapılmıştır.

Düzlerçamı denemesinde ağaçlar arasındaki rekabetin yeniden 17. yaşta başlaması ile 1995 Şubat ayı içinde ikinci aralama yapılmıştır. Bu aralamada

beyaz (B) yinelemeye ait 522 ağaç çıkarılmıştır. Bunlar üzerinde ve dikili olarak kalan mavi yinelemeye ait 571 ağaçta boy, çap ve gövde düzgünlüğü karakterleri ölçülmüştür

Gelişmeleri nispeten yavaş olan Kepez, Bük ve Yenicedere deneme alanlarında herhangi bir aralama yapılmamıştır. Ancak Şubat-Mart 1996 ayları içinde dikili ağaçların hepsi üzerinde (18 büyüme mevsimi sonunda) boy, çap ve gövde düzgünlüğü ölçülmüştür. Nispeten hızlı gelişen Kepez deneme alanında ağaçlar arasında rekabetin başlaması nedeni ile ölçme ve gözlemler yapıldıktan hemen sonra (Mart 1996) mavi yineleme (M) aralama ile denemeden uzaklaştırılmıştır. Bük ve Yenicedere deneme alanlarında 18. yaş sonunda rekabetin henüz tam anlamıyla başlamadığı gözlenmiş ve bir aralamaya gereksinim duyulmamıştır.

Gözlem yapılan tarihlerde ölmüş ve aralama ile çıkarılmış ağaçlar deneme planlarına işaretlenerek deneme planları güncelleştirilmiştir. Deneme alanlarında ağaçlarla rekabet eden maki elemanları temizlenerek uzaklaştırılmıştır. Düzlerçamı ve Kepez deneme alanlarında yangın riskini azaltmak üzere denemede kalan ağaçların kuru alt dalları budanmıştır.

2.1.4. Gözlenen karakterler

Düzlerçamı deneme alanında 13. ve 17. yaşlarda gözlenen karakterler

Ağacın Boyu (HT, Height): Ağacın boyu, hacmi belirleyen iki önemli karakterden biridir. Bu nedenle ağaç ıslahı araştırmalarında boy artımı üzerinde önemle durulmaktadır. Ağacın boyunu belirlemek üzere aralama ile kesilip çıkarılan ağaçların boyu şerit metre ile en yakın 1 cm duyarlılıkla ölçülmüştür. İlk aralama sonunda dikili olarak kalan beyaz ve mavi yinelemeye ait ağaçlar ve ikinci aralama sonunda mavi yinelemeye ait ağaçlar ise dikili halde relaskopik boy ölçerler ve gerektiğinde cm işaretli latalarla ölçülmüştür.

Gövde Çapları (dbh, Diameter at Breast Height): Ağacın çapı, boyu ile birlikte hacim hesabında kullanılan diğer önemli bir karakterdir. Aralama kesimi ile çıkarılan ağaçlar, dallarından temizlenip gövde çıplak hale geldikten sonra göğüs boyu çapı olan (dbh) 1.30 m den başlamak üzere ikişer metre ara ile

seksiyonlara bölünmüştür. Her seksiyondan yaklaşık 3-4 cm kalınlığında bir disk alınmıştır. Diskler üzerinde gövdenin o yükseklikteki kabuklu ve kabuksuz çapları milimetre duyarlılıkla ölçülmüştür. Ağacın dip çapı ve orta çapı yine alınan diskler üzerinde aynı şekilde ölçülmüştür.

Deneme alanında birinci ve ikinci aralama kesimleri sonunda sahada kalan ağaçların göğüs yüksekliğindeki (1.3 m) çapları kompas kullanılarak yine en yakın mm duyarlılık ile ölçülmüştür.

Hacim (VOL, Volume): Ağaç hacminin hesaplanmasında Usta (1991) tarafından kızılçam ağaçlandırmaları için önerilen aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır:

$$\ln(V) = -2.077466 + 1.676818 \ln(d) + 0.8450968 \ln(h)$$

Formülde; V =hacim (dm³), d =göğüs çapı (cm), h =ağaç boyu (m). Logaritma e tabanına göredir. Hacim için verilen eşitlikte boy ve çapın logaritmik değerleri alındığı için sistematik bir hata ortaya çıkmaktadır. Bu hatanın giderilmesi için hacim değerinin 1.007987 düzeltme katsayısı ile çarpılması gerekmektedir (Usta 1991). Logaritmik dönüşüm yerine aşağıdaki eşitlik de kullanılabilir (Usta 1991):

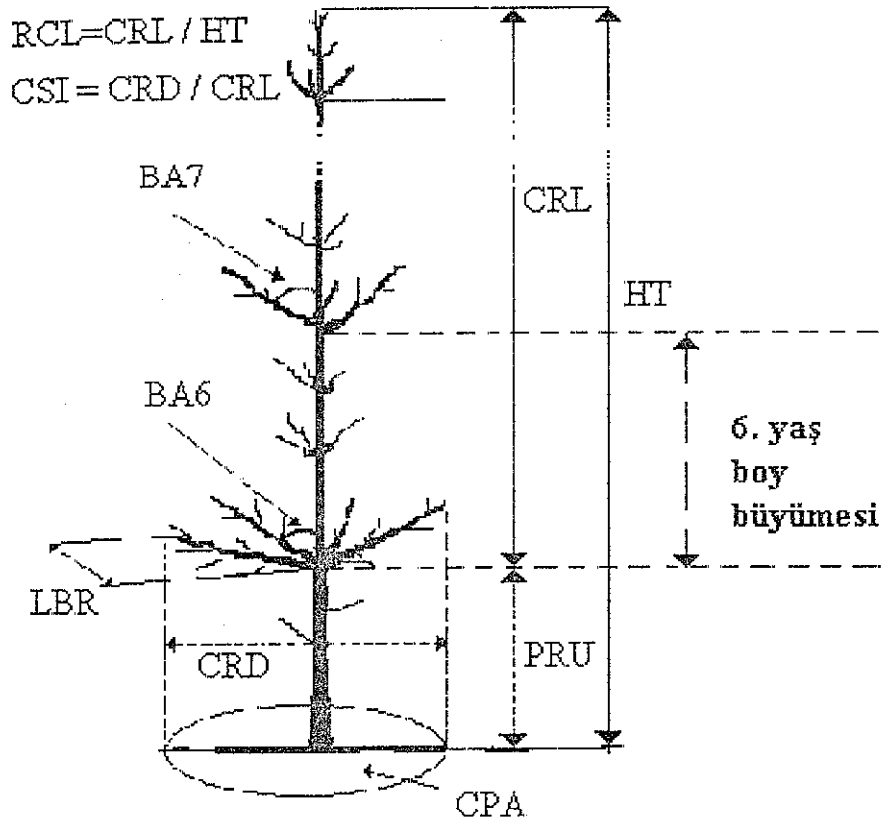
$$V = 0.125247 + d^{1.676818} + h^{0.845096}$$

Gövde düzgünlüğü (GF, Stem Form): Gövde düzgünlüğünün, üretilen odun hammaddesinin kalitesini belirlemede önemli bir yeri vardır. Gövde düzgünlüğünün belirlenmesi için aralama ile çıkarılan ağaçlar dallarından temizlendikten sonra yere uzatılarak gövde düzgünlüğü için subjektif olarak 1'den 5'e kadar puan verilmiştir. Bu puanlamada 1=iki taraflı eğri, 5=Çok düzgün gövdeli, olarak değerlendirilmiş, ara formlara gövde düzgünlüğüne göre diğer puanlar verilmiştir. Aralama sonunda deneme alanında dikili kalan ağaçlar üzerinde gövde düzgünlüğü için yine aynı şekilde değerlendirme yapılmıştır.

Düzlerçamı deneme alanında 13. yaşta gözlenen tepe formu ve dallanma karakterleri

Doğal budanma yüksekliği (PRU, Pruning): Ağaç dikili halde iken, kök boğazından ilk yeşil dala kadar olan yükseklik, ağacın doğal budanma yüksekliği (PRU) olarak alınmıştır. Bu karakter yalnızca aralama ile çıkarılan ağaçlar üzerinde ölçülmüştür (Şekil 2.3)

Tepe uzunluğu (CRL, Crown Length) : Aralama ile çıkarılan ağaçlar çalışma platformunda yere yatırıldıktan sonra, alttan itibaren ilk yeşil daldan tepe ucuna kadar olan uzaklık tepe uzunluğu (CRL) olarak ölçülmüştür (Şekil 2.3)



Şekil 2.3 Tepe formu ve dallanma ile ilgili çalışılan bazı karakterler

Tepe uzunluğu indeksi (RCL, Relative Crown Length): Tepe uzunluğunun ağacın boyuna oranı, fotosentetik tepe uzunluğu indeksi ($RCL = CRL / HT$) olarak alınmıştır (Şekil 2.3).

Tepe genişliği (CRD, Crown Diameter) : Ağaçlar dikili halde iken dal ucu gövdeden en uzak noktaya ulaşan dalın ve bu dalın karşısındaki bir diğer dalın düşey izdüşümlerinin gövdeye olan uzaklıkları toplamıdır (Şekil 2.3)

Tepe formu şekil indeksi (CSI, Crown Shape Index): Tepe tacı çapının (CRD), tepe uzunluğuna (RCL) bölünmesi ile tepe genişliği indeksi elde edilmiştir. Bu indeks değerinin küçük olması, ağacın tepe şeklinin daha konik ve dar olması anlamına gelmektedir (Şekil 2.3)

Tepe tacı izdüşüm alanı (CPA, Crown Projection Area) : Tepe tacı izdüşüm alanını hesaplamak için tepe tacı yarıçapı bulunmuş ($r = CRD/2$) ve daire alanı formülüne göre (πr^2) izdüşüm alanı hesaplanmıştır CPA, CRD ile doğru orantılıdır ve fotosentetik tepe yüzeyi indeksinin hesaplanmasında kullanılmıştır.

Fotosentetik tepe yüzeyi indeksi (CSA, Crown Surface Area) : Ağacın fotosentez yapan yüzeyi bir koni yüzeyi olarak kabul edilmiştir. Koni yüzey alanı formülü kullanılarak fotosentetik tepe yüzeyi indeksi hesaplanmıştır:

$$CSA = (\pi r^2) \times (r^2 + CRL^2)$$

En uzun dal uzunluğu (LBR, Longest Branch Length) : Aralama ile çıkarılan ağaçlar çalışma platformuna yatırıldıktan sonra her ağacın en uzun dalı şerit metre ile en yakın cm duyarlılığında ölçülmüştür.

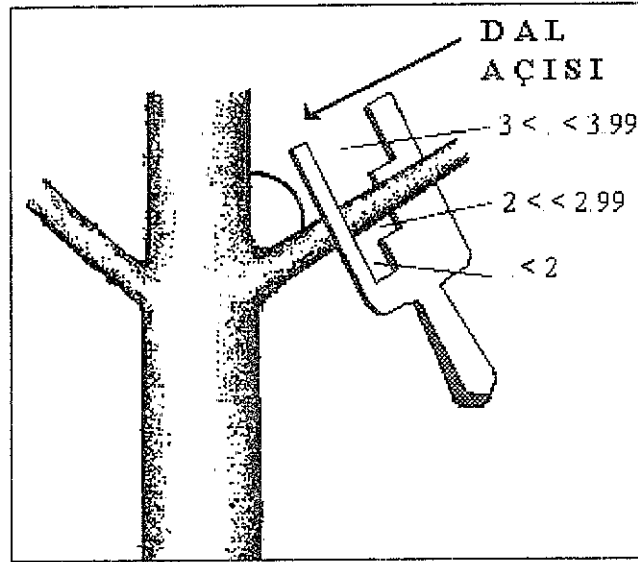
Dal sayısı (NBR, Number of Branches) : Ana gövdenin her yıla ait yıllık sürgününden çıkan bütün dallar sayılarak tespit edilmiştir. Bu çalışmada altıncı yaş sürgünündeki dal sayıları (BA6) değerlendirilmiştir.

Dal açıları (BA, Branch Angle) : Gövdedeki budakların kalıcı veya düşen budak olma niteliğini, büyük oranda dal ile gövde arasındaki açı belirlemektedir. Üstten bakınca gövdeden dar açı ile çıkan dallar, aynı kalınlıktaki fakat daha geniş açılı bir dala göre, gövdede elips şeklinde eksantrik ve daha büyük bir budak bırakmaktadırlar (Raymond ve Cotterill 1990). Bu da, dal açısı dar olan gövdelerde kalite açısından istenmeyen bir özelliktir. Dal açısının tespiti için, her yıla ait en kalın iki dalın gövdeyle yaptığı açılar, 5° duyarlılıkla açı şablonu kullanılarak belirlenmiştir (Şekil 2.4). Açılar tespit edilirken dalların gövdeden çıkıştaki ilk 7 cm deki açısı ölçülmüştür. 7 veya 10 cm den sonraki dal açıları

tekrar deęişmekte, bazen daralırken, bazen de dalın aęırlığı nedeniyle genişlemektedir.

Kalın dal sayısı (NTB, Number of Thick Branches) : Dal kalınlığının tespitinde bir şablondan faydalanılmıştır. Dal kalınlığı gövdeden yaklaşık 7 cm uzaklıktaki noktadan ölçülmüştür (Şekil 2.4). Her yıla ait ana sürgündeki dallar dört ayrı kalınlık sınıfına göre en yakın cm duyarlılıkla ölçülmüştür. Buna göre ;

1. sınıf : Çapı 2 cm den ince dal sayısı,
2. sınıf : Çapı 2 cm den 2.99 cm ye kadar olan dal sayısı,
3. sınıf : Çapı 3 cm den 3.99 cm ye kadar olan dal sayısı,
4. sınıf : Çapı 4 cm den kalın dal sayısı. 3. sınıfa sığmayan tüm dallar bu sınıfa dahil edilmiştir.



Şekil 2.4. Dal açısı ve dal kalınlıklarının ölçülmesi

Bu çalışmada kalınlığı ≥ 2 cm daha büyük olan dal sayıları (NTB) için popülasyonlar ve aileler arası karşılaştırmalar yapılmıştır.

Sürgün sayısı (NGC, Number of Growth Cycle) : Kızılcım bir büyüme mevsiminde birden fazla sürgün yapma yeteneğindedir Her yıla ait ana dal boğumu, daha kalın dalları yardımıyla aynı yılın diğer boğumlarından kolayca ayırt edilebilmektedir. Genel olarak ana boğumdan sonraki ilk sürgün, kendisinden sonra gelen aynı yılın diğer sürgünlerinden daha uzundur (Yıldırım 1992). Ayrıca, ana boğumdan önce gelen bir yıla ait sürgünün kalınlığı, ana boğumdan sonra gelen sürgünün kalınlığından genel olarak daha kalındır. Bu özelliklere dayanılarak ağacın her yıl kaç adet sürgün yaptığını belirlemek üzere her yıla ait dal boğumları sayılmıştır İlk aralamada 1984-1990 yılları arasındaki yılların, ikinci aralamada 1991-1995 arasındaki yılların yıllık sürgün sayıları belirlenmiştir Yıllık sürgün sayılarının ortalaması alınarak ağacın ortalama sürgün sayısı belirlenmiştir

Kepez, Bük ve Yenicedere deneme alanlarında 18. yaşta yapılan gözlemler

Boy (HT, Height) : Deneysel ağaçların boyu cm işaretli latalarla veya relaskopik boy ölçerler ile ölçülmüştür

Çap (dbh, diameter at breast height) : Ağaçların 1 30 metre yükseklikteki kabuklu çapı en yakın milimetre duyarlılıkla ölçülmüştür.

Gövde düzgünlüğü (STF, stem form) : Düzlerçamı denemesinde 13. yaşta gövde düzgünlüğü için 5'li bir sınıflamaya göre değerlendirme yapılmıştır Ancak gövde düzgünlüğü, dal ve tepe kalitesi gibi subjektif olarak gözlenebilen karakterler için sınıf sayısının 6 gibi çift sayılar olmasının daha isabetli olduğu belirtilmektedir (Raymond ve Cotterill 1990, Cotteril ve Dean 1990) Beş gibi bir sınıflamada, tam ortaya düşen "3" puanı nötr bir değer olarak kabul edilmektedir Subjektif olarak gözlenebilen gövde düzgünlüğü gibi karakterler için seçilen sınıf sayısı, o karakter için gözlenen varyasyonu ve genetik parametrelerin tahminini önemli düzeyde etkileyebilmektedir (Raymond ve Cotterill 1990) Örneğin, altıdan az bir sınıflamada varyasyonun yeterince ortaya çıkmadığı bildirilmektedir (Raymond ve Cotterill 1990, Cotteril ve Dean 1990) Yeni Zelanda'da gövde düzgünlüğü için daha geniş olan ve bir 'orta değer'

içermeyen dokuz sınıf (1-9) tercih edilmektedir (C J. A. SHELBOURNE¹ ile kişisel görüşme, Kasım 1995).

Buna göre gövde düzgünlüğü için denemenin 18 yaşında 5'li sınıflama yerine, 1=İki taraflı eğri, 6=Çok düzgün olmak üzere 6'lı bir sınıflama yapılmıştır. Diğer ara gövde formlarına diğer ara puanlar verilmiştir.

¹ New Zealand Forest Research Institute, Private Bag : 3020, Rotorua, New Zealand

2.2 Biyometrik Analizler

Biyometrik analizler için SAS istatistik paket programı kullanılmıştır (SAS 1988). Analizlerden önce SAS programının *univariate* seçeneği kullanılarak her karakter için dağılımın şekli incelenmiş ve "sıradışı" verilerin kontrolü yapılmıştır. Sıradışı veriler hatalı ölçme, veri formundan bilgisayara aktarılırken yanlış okuma veya yazma, değerlendirme dışında tutulması gereken zarar görmüş bir ferdin ölçülmesi gibi nedenlerle ortaya çıkmaktadırlar (Sokal ve Rohlf 1995). Bu değerler, verilerin normal dağılımdan (çan eğrisi dağılımından) sapmasına neden olmakta ve genetik parametrelerin tahmininde hatanın artmasına neden olmaktadır. Bu nedenle, analizlerden önce sıradışı verilerin elimine edilmesi gerekmektedir (Magnussen ve Sorensen 1991). Sıradışı verilerin belirlenmesi ve analizlerden önce dışlanma şeklinin ayrıntıları EK-2'de verilmiştir.

Sayılar veya açısal değer olarak elde edilen veriler, alınan örneğin küçük olması halinde genellikle kesikli bir frekans dağılımı gösterirler. Normal dağılım göstermeyen, sayı, açı, yüzde gibi veriler analizlerden önce uygun istatistiksel dönüşüme uğratılmıştır (Kalıpsız 1981, Sokal ve Rohlf 1995). Ölçülerek elde edilen veri normal dağılımdan sapmalar gösteriyorsa yine dönüşüm uygulanmıştır (Box vd 1978). Dönüşümün yapılmasında kullanılan programın ayrıntıları ve uygulama şekli EK-3'te verilmiştir. Populasyon ortalamaları ve ilgili diğer parametreler çizelgelerde dönüşümsüz (orijinal) hali ile sunulmuştur.

İncelenen her karakter için populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasında farklılık olup olmadığını irdelemek için varyans analizleri yapılmıştır. Varyans analizlerine göre populasyonlar arasında istatistik olarak önemli düzeyde farklılıklar bulunması halinde Student Newman-Keuls testi uygulanarak populasyon ortalamaları sıralanmıştır. Varyans analizleri için SAS'ın GLM ve ANOVA seçenekleri, karakterlere ait genetik ve fenotipik kovaryansların hesabında MANOVA seçeneği ve varyans bileşenlerinin hesabında VARCOMP seçeneği kullanılmıştır. Dengeli olmayan verilerin varyans bileşenlerinin hesabında REML (*Restricted Maksimum Likelihood*), Henderson metotları, Maximum Likelihood, MINQUE ve TYPE1 gibi bir çok yöntem kullanılmaktadır. Bu çalışmada varyans bileşenlerinin tahmini için REML yöntemi tercih edilmiştir.

REML yöntemi ile varyans bileşenleri ve genetik parametreler daha güvenilir olarak tahmin edilmektedirler (Adams vd 1994, Huber vd 1994). Varyans analizleri için yazılan SAS programları EK-4 de verilmiştir.

Deneme desenine göre varyans ve kovaryans analizleri için üç farklı model kullanılmıştır.

Düzlerçamı deneme alanında aralama ile çıkarılan (bir blok) ağaçlar üzerinde ölçülen tepe formu ve dallanma karakterlerinin analizinde aşağıdaki model kullanılmıştır :

$$Y_{jkm} = \mu + P_j + F(P)_{k(j)} + e_{m(jk)} \quad (E.1)$$

Eşitlikte :

$Y_{jkm} = m$ ağaca ait fenotipik değer (j =populasyon, k =populasyon içindeki aile, m =ağaç)

μ =Deneysel populasyonun genel ortalaması (Bir blokta ölçülen 600 ağacın ortalaması),

$P_j=j$ populasyonun etkisinden kaynaklanan sapma. Bu değer populasyonların genetik (G_p) farklılığından dolayı ortaya çıkan varyansın sonucudur. Populasyonların doğal yetiştirme ortamlarında farklı evrimsel güçlerin etkisiyle birbirinden genetik olarak farklılaştığı varsayımı kabul edilmiştir. Populasyonlar arasında varsayılan genetik farklılıklar, diğer tüm faktörler kontrol altında olsa dahi, o populasyona ait bir bireyin diğer populasyonlardaki bireylerden ve genel ortalamadan farklı olmasına neden olacaktır. Denemede altı populasyon bulunmaktadır ($j = 1,2,3,4,5,6$ yada S,D,M,B,K,H)

$F(P)_{k(j)} = j$ populasyon içindeki k ailenin etkisiyle olan sapmadır. Bu değer, aileler arasındaki genetik farklılıklar sonucu ortaya çıkan genetik (G_j) varyansın bir sonucudur. Aileler arasındaki genetik farklılıklar, bireyin populasyon ortalamasından ve genel ortalamadan sapmasına neden olacaktır. Denemede her populasyondan onar aile yer almıştır ($k = 1,2,3, \dots, 10$).

$e_{m(jk)}$ = Deneysel hata Aile içinde yarım-kardeşler (aile içi bireyler) arasındaki genetik farklılık (G_w) + her ferдин mikroçevresinden doğan farklılığı (E_1) + Ölçme ve değerlendirme hataları yüzünden olan sapmadır (E_2)

Belirli bir deneme alanı içinde her üç yinelemede ölçülen karakterler için kullanılan varyans analizi modeli aşağıda verilmiştir :

$$Y_{ijkm} = \mu + B_i + P_j + BP_{ij} + F(P)_{i(j)} + BF(P)_{ik(j)} + e_{m(jk)} \quad (E.2)$$

Eşitlikte :

Y_{ijkm} = m ağaca ait fenotipik değerdir (i yineleme, j populasyon, j populasyon içindeki k aileye ait m ağaç)

μ = Deneysel populasyonun genel ortalaması (Denemede yer alan 1800 ağacın ortalaması),

B_i = i blok (yineleme) nedeniyle olan sapmadır. Çevresel (E_3) bir varyanstır. Bir aileye ait bireyler farklı bloklarda bulunmaktadır. Bloklar deneme alanında iç içe geçmiş bir şekilde oldukları için, blok nedeniyle olan sapmaların düşük olması beklenir. Bu durum, deneme desenimizin önemli avantajlarından biridir. Denememizde üç blok vardır ($i = 1,2,3$),

BP_{ij} = Blok x populasyon etkileşimi yüzünden olan sapmadır (E_4). Bazı populasyonlar, bulunduğu çevrenin özelliklerine bağlı olarak diğer populasyonlara göre farklı oran ve düzeylerde tepki gösterebilirler. Ancak deneme alanlarında bloklar iç içe kenetlenmiş bir şekilde yer almaktadırlar. Bu nedenle gözlenebilir düzeyde bir blok (çevre özelliği) farklılığı olmadığı için, BP_{ij} yüzünden olan sapmanın küçük olması beklenir.

$BF(P)_{ik(j)}$ = Blok x aile etkileşimi yüzünden olan sapma (E_5) Blok x populasyon etkileşiminde olduğu gibi, blok x aile etkileşimi sözkonusu olabilir. Bu sapmanın da aynı çerçevede (yukarıdaki gibi), deneme desenimizin özelliği sonucu istatistiksel olarak önemsiz olması beklenir.

Eşitlik 2'deki (E.2) modelin diğer terimlerinin açıklanması birinci modelde (E.1) verilmiştir.

Birden fazla yörede kurulmuş olan dört deneme alanının birlikte (pooled) analizi için kullanılan model :

$$Y_{ijkm} = \mu + S_l + P_j + SP_{ij} + F(P)_{k(j)} + SF(P)_{ik(j)} + e_{m(ijk)} \quad (E 3)$$

Eşitlikte :

Y_{ijkm} = m . ağaca ait fenotipik değer. (l yer yinelemesi (Location), j populasyon, k populasyon içindeki k . aileye ait m ağaç)

μ = Deneysel populasyonun genel ortalaması (Denemelerin ortak analizinde dört deneme alanına ait yaklaşık 6000 ağacın ortalaması).

S_l = l . deneme alanı (site) nedeniyle olan sapma. Çevresel (E_6) bir varyanstır. Deneme alanları arasındaki çevresel farklılıklar, bir karakter için gözlenen varyansın kaynaklarından biridir. Denememizde dört yöre yinelemesi vardır ($l = 1, 2, 3, 4$).

SP_{ij} = Yöre(site) x populasyon etkileşimi yüzünden olan sapmadır. Bazı populasyonlar, bulunduğu yörenin çevresel özelliklerine bağlı olarak diğer populasyonlara göre farklı oran ve düzeyde tepki gösterebilirler. Çevresel (E_6) bir varyanstır.

$SF(P)_{ik(j)}$ = Yöre x aile etkileşimi yüzünden olan sapma. Yöre x populasyon etkileşiminde olduğu gibi, bazı ailelerin farklı yetiştirme ortamlarındaki tepkisi diğer ailelere göre farklı oran ve düzeyde olabilir. Çevresel (E_7) bir varyanstır.

Üçüncü modelin (E 3) diğer terimlerinin açıklanması birinci modelde (E 1) verilmiştir.

Doğrusal modellerde verilen varyasyon kaynaklarının her biri, gözlenen bir karaktere artı veya eksi yönde etkide bulunarak genel ortalamadan sapmasına neden olmaktadır. Sapmalara neden olan modeldeki terimlerin (varyasyon kaynaklarının) etkisi ne kadar küçük olursa, her bir Y , μ 'ye o kadar yakın olacaktır. Tüm çevresel faktörleri kontrol altına alabildiğimiz ölçüde populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasındaki genetik farklılıkları daha kesin bir değer olarak ortaya çıkarabiliriz.

Her bir deneme alanının analizinde kenetlenmiş petek deseninin bir avantajı olarak, blok etkisi ve blok ile ilgili etkileşimler çok önemsiz buldukları için modelden düşülebilmektedirler. Bu nedenle deneme alanlarının toplu analizinde blok etkisi ayrı bir ANOVA bileşeni olarak gözönüne alınmamıştır.

Modellerden anlaşılacağı üzere, bir populasyonda bireylerin genel ortalamadan sapmasına neden olan faktörler genetik (G) ve çevreseldir (E). Ölçülen bir fenotipik değer $P=G+E$ eşitliğinde gösterildiği gibi genetik ve çevre tarafından belirlenmektedir.

Varyans analizi modellerinde populasyonlar sabit, bloklar, aileler ve etkileşimler rastlantısal olarak alınmıştır. ANOVA modellerinde sabit ve rastlantısal terimler yer aldığı için, modellerimiz Model II veya "karma model"dir (Sokal ve Rohlf 1995). Populasyonları kızılçam türü için temel ve genetik parametrelerin tahmini amacıyla alınan birer örnek olarak düşünebiliriz. Populasyonlar alınırken, belli yükselti basamaklarında ve birbirlerinden belli mesafelerde olmalarına bakılmıştır. Aynı populasyonların yerinde durduğu, biyolojik özelliklerini koruduğu varsayılmıştır. Onların yeniden örneklenmesi olasıdır. Bu nedenle populasyonlar modelde sabit olarak kabul edilmiştir. Her populasyonun kendi içinde örneklenmesi rastlantısal yapılmış, tohum toplanan ağacın iyi veya kötü fenotipe sahip olması gözönüne alınmamıştır. Bu nedenle aileler terimi rastlantısaldir. Etkileşimlerdeki terimlerden biri rastlantısal ise etkileşimin kendisi de rastlantısal olarak kabul edilmektedir. Hata tüm modellerde rastlantısal bir terim olarak alınmaktadır (Hicks 1964, Burdon vd 1992-a). Varyans analizleri için kullanılan modeller ve her modeldeki varyans bileşenleri eşitlikleri Çizelge 2.2.1, Çizelge 2.2.2 ve Çizelge 2.2.3'te verilmiştir.

Çizelge 2.2 1. Düzlerçamı denemesinde yalnız bir yinelemeden (blok) elde edilen verilerin varyans ve kovaryans analizinde kullanılan model (Anova 1)

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik derecesi	Beklenen Kareler Ortalaması (EMS) Bileşenleri	Kod*	F İstatistiği
P_j	p-1	$\sigma_e^2 + k_2 \sigma_{F(P)}^2 + QV_P^2$	1	1/2
$F(P)_{k(i)}$	p(f-1)	$\sigma_e^2 + k_1 \sigma_{F(P)}^2$	2	2/3
$e_{m(jk)}$	bpf(n-1)	σ_e^2	3	
Toplam	bpf(n-1)			

- p Populasyon sayısı (p=6),
f Populasyon içi aile sayısı (f=10),
n Bir ailedeki birey sayısı (n=10),
 k_1, k_2 Varyans bileşenlerine ait katsayılar (EK-1'de verilmiştir).
Q Populasyona ait katsayı,
 σ_e^2 Hata varyansı,
 $\sigma_{F(P)}^2$ Ailelerden kaynaklanan varyans,
 V_P^2 Populasyonlardan kaynaklanan varyans
* Kod İlgili satırdaki EMS bileşenlerinin kodu

Çizelge 2.2.2 Bir deneme alanında, birden fazla blokta gözlenen karakterlerin varyans ve kovaryans analizinde kullanılan karma model (Anova 2)

V. K	s d	Beklenen Kareler Ortalaması (EMS) Bileşenleri	Kod ⁺
R_i	b-1	$\sigma_e^2 + k_9 \sigma_{RF(P)}^2 + k_{10} \sigma_{RP}^2 + k_{11} \sigma_R^2$	1
P_j	p-1	$\sigma_e^2 + k_6 \sigma_{RF(P)}^2 + k_7 \sigma_{F(P)}^2 + k_8 \sigma_{RP}^2 + QV_P^2$	2
RP_{ij}	(b-1)(p-1)	$\sigma_e^2 + k_4 \sigma_{RF(P)}^2 + k_5 \sigma_{RP}^2$	3
$F(P)_{k(i)}$	p(f-1)	$\sigma_e^2 + k_2 \sigma_{RF(P)}^2 + k_3 \sigma_{F(P)}^2$	4
$RF(P)_{ik(i)}$	(b-1)p(f-1)	$\sigma_e^2 + k_1 \sigma_{RF(P)}^2$	5
$e_{m(ijk)}$	bpf(n-1)	σ_e^2	6
Toplam	bpf(n-1)		

V.K Varyasyon kaynağı,

s.d Serbestlik derecesi,

b Blok sayısı (b=3)

Kod⁺ İlgili satırdaki EMS bileşenlerinin kodu

σ_{RP}^2 Populasyon x replikasyon etkileşimi varyansı

$\sigma_{RF(P)}^2$ Aile x replikasyon etkileşimi varyansı

σ_R^2 Bloklardan (replikasyon) kaynaklanan varyans.

$k_1, k_2, k_3, \dots, k_{11}$ Varyans bileşenlerine ait katsayılar EK-1'de verilmiştir

Diğer kısaltmaların açıklanması için Çizelge 2.2.1'e bakınız.

F istatistiğinin hesaplanması için kodlar arasındaki bölme işlemi :

1. terim için: 1/3,

2. terim için: 2/ (3+(4-6)),

3. terim için: 3/5,

4. terim için: 4/6,

5. terim için: 5/6

Çizelge 2.2.3 Birden fazla deneme alanında gözlem yapılan karakterlerin analizinde kullanılan varyans analizi modeli (Anova 3)

V. K.	s d	Beklenen Kareler Ortalaması (EMS) Bileşenleri	Kod*
S_l	s-1	$\sigma_e^2 + k_9 \sigma_{SF(P)}^2 + k_{10} \sigma_{SP}^2 + k_{11} \sigma_s^2$	1
P_j	p-1	$\sigma_e^2 + k_6 \sigma_{SF(P)}^2 + k_7 \sigma_{F(P)}^2 + k_8 \sigma_{SP}^2 + QV_P^2$	2
SP_{lj}	(s-1)(p-1)	$\sigma_e^2 + k_4 \sigma_{SF(P)}^2 + k_5 \sigma_{SP}^2$	3
$F(P)_{k(i)}$	p(f-1)	$\sigma_e^2 + k_2 \sigma_{SF(P)}^2 + k_3 \sigma_{F(P)}^2$	4
$SF(P)_{lk(i)}$	p(f-1)	$\sigma_e^2 + k_1 \sigma_{SF(P)}^2$	5
$e_{m(ljk)}$	spf(n-1)	σ_e^2	6
Toplam	spfn-1		

s Deneme alanı sayısı (s=4)
 Kod* İlgili satırdaki EMS bileşenlerinin kodu.
 σ_s^2 Deneme alanlarından kaynaklanan varyans,
 σ_{SP}^2 Deneme alanı x Populasyon etkileşimi varyansı,
 $\sigma_{SF(P)}^2$ Deneme alanı x Aile etkileşimi varyansı,
 $k_1, k_2, k_3, \dots, k_{11}$ Varyans bileşenlerine ait katsayılar EK-1'de verilmiştir.
 Diğer kısaltmaların açıklanması için Çizelge 2.2 1'e ve Çizelge 2 2 2'ye bakınız

F istatistiğinin hesaplanması için kodlar arasındaki bölme işlemi :

1. terim için: 1/3,
2. terim için: 2/(3+(4-5)),
3. terim için: 3/5,
4. terim için: 4/5,
5. terim için: 5/6.

Tablolardaki EMS sütunları, varyans oranlarını nasıl hesaplayacağımızı, F testini yaparken hangi terimi hata varyansı (*bölen*) olarak alacağımızı, varyans ve kovaryansı bileşenlerine nasıl ayıracağımızı göstermesi açısından önemlidir (Hicks 1964, Snedecor ve Cochran 1980). F istatistikleri hesaplanırken, hangi bileşenin hangisine bölüneceği çizelgelerin son sütununda veya çizelge altında bileşen kodları ile verilmiştir. Burada hesaplanan F değerleri, F dağılım tablosunda yer alan değerlerle karşılaştırılarak aileler veya populasyonlar arasındaki varyasyonun anlamlı olup olmadığı test edilmiştir. F testine göre farklılık $\alpha = 0.05$ olasılık düzeyinde önemli ise populasyonlar arasında çoğul karşılaştırmalar (Multiple Range Tests) yapılmıştır (Sokal ve Rohlf 1995).

Varyans ve kovaryans bileşenlerinin yorumunda aşağıdaki varsayımlar kabul edilmiştir (Stonecypher 1966):

1. Denemede kullanılan fertler diploittir (kromozom sayısı $2n=24$ dir) Genlerin yavrulara geçişi Mendel kalıtımına göre olmaktadır.
2. Kızılçam dışa döllen bir türdür, kendileme oranı çok önemsiz bir düzeydedir. Ya da kendileme sonucu ortaya çıkan bireyler, bu ölçmelerin yapıldığı yaşa gelmeden önce, doğal yolla elenmişlerdir. Aynı anaca ait yavrular yarım-kardeştir; babalar tamamen farklı bireylerdir.
3. Anaç ağaçlar, polenleşmenin rastlantısal olduğu bir populasyondan (fenotiplerinin iyi veya kötü olması dikkate alınmadan) rastgele alınmıştır.
4. Lokuslar arasında epistatik ve diğer çeşit etkileşimler yoktur.
5. Maternal etki yoktur.

Hesaplayacağımız genetik varyansı ve buna dayanarak tahmin edilecek kalıtsallık derecesini en çok 2 varsayım etkileyecektir. Kızılçamda kendileme oranının ne olduğu henüz bilinmemektedir. Ayrıca kalıtsallık derecesinin hesabında incelenen yarım kardeş fertlerin bazılarının aynı anneden olmaları yanında babalarının da aynı olma (tam-kardeş) olasılıkları sözkonusudur. Bazı çam türlerinde ve diğer bazı iğne yapraklı türlerde serbest tozlaşma sonucu elde edilen fertlerin bazılarının tam-kardeş oldukları belirlenmiş, ve bunun

sonucu olarak genetik kovaryans katsayısı olan 1/4 yerine daha temkinli (1/4 ten büyük) bir katsayı tercih edilmiştir (Stonecypher 1966, Squillace 1974, Sorensen ve White 1988, Mullin vd 1992, Sorensen 1994, Dr. R. D. BURDON¹ ile kişisel görüşme, Kasım 1995). Kızılcım doğal populasyonlarından alınan yarım kardeşler arasındaki benzerlik katsayısının 0.25'ten büyük olduğu varsayılarak bu sapma (bias) giderilmeye çalışılmıştır.

Kalıtım derecelerinin tahmini ve genetik kazanç

Kalıtım oranlarını ölçme yöntemlerinin tümü, aralarında yakın veya uzak akrabalık ilişkisi olan fertler arasındaki benzerliğe dayanmaktadır (Lerner 1958, Becker 1984, Falconer 1989) Kardeşler arasındaki benzerlik, ya da ata-yavru benzerliği gibi Uygulama kolaylığı açısından bitki ıslahında daha çok kardeş analizi kullanılmaktadır. Akraba fertler, ortak atalarından aldıkları genler nedeniyle popülasyondaki diğer fertlere göre birbirine daha fazla benzeyecektir. Çevresel faktörleri bir kenara bırakırsak, akrabalık yakınlaştıkça benzerliğin oranı artmaktadır. Teorik olarak atalarından yalnızca birisinin ortak olduğu yarım kardeş bir ailede, kardeşler arasındaki benzerlik oranı 1/4, tam kardeş ailede bu oran 1/2 dir. Tek yumurta ikizlerinde veya klonlama yoluyla elde edilen bireylerde ise benzerlik oranı 1/1, yani % 100 dür (Falconer 1989)

Bir karakterin kalıtım derecesi, eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranıdır (E 4). Dar anlamlı kalıtım derecelerinin hesabında aşağıdaki eşitlik kullanılmıştır (Namkoong vd 1966, Shelbourne 1969):

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_u^2} = \frac{k \sigma_{F(P)}^2}{\sigma_u^2} \quad (E.4)$$

h^2 = Dar anlamlı kalıtım derecesi,

σ_A^2 = Eklemeli genetik varyans,

σ_u^2 = Fenotipik varyans,

¹ New Zealand Forest Research Institute, Private Bag 3020, Rotorua, New Zealand

$\sigma^2_{F(P)}$ = Ailelerden kaynaklanan genetik varyans

k = Yarım kardeşler arasındaki genetik kovaryans katsayısı veya benzerlik oranıdır.

Yalnızca anası veya babası ortak olan yarım kardeşler için benzerlik oranı $k=1/4=0.25$ olarak alınmaktadır (Falconer 1989). Ancak doğal orman populasyonlarda bu varsayım tam anlamıyla geçerli değildir. Bazı kardeşlerin anaları yanında polen kaynağının (babanın) da aynı olma olasılığı vardır. Yine orman ağaçlarında kendilemenin (inbreeding) yarım kardeş bireyler arasındaki kovaryansı arttırdığı bildirilmektedir (Squillace 1974). Bu nedenle doğal kızılçam populasyonlarından alınan ailelerde k katsayısı $1/3$ olarak alınmıştır.

Fenotipik varyansın hesaplanma şekli, uygulanan ANOVA modeline göre farklılık göstermektedir. Bu çalışmada uygulanan üç ANOVA modeline göre birey düzeyinde fenotipik varyansın hesaplanmasında aşağıdaki eşitlikler kullanılmıştır :

$$\sigma_u^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \sigma_e^2 \quad (\text{Çizelge 2.2.1, Anova 1})$$

$$\sigma_u^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \sigma_{RF(P)}^2 + \sigma_e^2 \quad (\text{Çizelge 2.2.2, Anova 2})$$

$$\sigma_u^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \sigma_{SF(P)}^2 + \sigma_e^2 \quad (\text{Çizelge 2.2.3, Anova 3})$$

Eşitliklerde:

σ_u^2 = Birey düzeyindeki fenotipik varyans,

$\sigma_{F(P)}^2$ = Aileler arası genetik varyans,

$\sigma_{RF(P)}^2$ = Blok x aile etkileşimi varyansı,

$\sigma_{SF(P)}^2$ = Deneme alanı x aile etkileşimi varyansı,

σ_e^2 = Aile içi (hata) varyans

Fenotipik varyansların karekökü alınarak fenotipik standart sapmalar elde edilmiş, bu değerler kendi ortalamasına bölünüp 100 ile çarpılarak fenotipik varyasyon katsayıları (CV_p) bulunmuştur:

$$CV_p = (\sqrt{\sigma_u^2 / \bar{X}})100$$

Eşitlikte : \bar{X} = İlgili karakter için genel ortalamadır.

Böylece metre, mm, ağırlık, sayı gibi farklı birimlerle ölçülen karakterlerin fenotipik çeşitliliği standart bir düzeyde karşılaştırılabilir

İslah programlarında genetik kazancın artırılması ve kendileme katsayısını belirli bir düzeyde tutmak için bireysel seleksiyon yanında aile düzeyindeki seleksiyon üzerinde de önemle durulmaktadır. Bunun için aile düzeyi kalıtım derecelerinin bilinmesi gerekmektedir. Aile düzeyindeki kalıtım derecelerinin hesabı için Shelbourne (1992) tarafından verilen eşitlik kullanılmıştır.

$$h_f^2 = \frac{\sigma_{F(P)}^2}{\sigma_{fm}^2} \quad (E.5)$$

h_f^2 = Bir karaktere ait aile düzeyindeki kalıtım derecesi.

σ_{fm}^2 = Aile fenotipik varyansı

Uygulanan ANOVA modellerine göre aile fenotipik varyansının hesaplanması aşağıda verilmiştir:

$$\sigma_{fm}^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \frac{\sigma_e^2}{k_1} \quad (\text{Çizelge 2.2.1, Anova 1})$$

$$\sigma_{fm}^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \frac{k_2}{k_3} \sigma_{RF(P)}^2 + \frac{\sigma_e^2}{k_3} \quad (\text{Çizelge 2.2.2, Anova 2})$$

$$\sigma_{fm}^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \frac{k_2}{k_3} \sigma_{SF(P)}^2 + \frac{\sigma_e^2}{k_3} \quad (\text{Çizelge 2.2.3, Anova 3})$$

k_1 , k_2 ve k_3 , ilgili ANOVA modellerinden bulunan katsayılarıdır. Bu katsayılar, her bir deneme alanı için EK-1'de verilmiştir. Yukarıdaki eşitliklerdeki k_1 ve k_3 katsayıları bir aileye ait harmonik ortalama fert sayılarıdır. k_2/k_3 değeri, deneme alanı sayısını veya denemedeki yineleme sayısını vermektedir. Fert sayısının her aile için eşit olmadığı bir durumda bu katsayılar tam sayı olarak elde edilmemektedir.

Bir çok uygulamada (örnek sayısının grup ve alt gruplar için eşit olması durumunda) k_2/k_3 değeri, $1/s$ (s =yineleme sayısı) değerine eşit veya çok yakındır. Bu nedenle bazı çalışmalarda k_2/k_3 yerine deneme alanı sayısı ($1/s$) veya blok sayısı ($1/b$, b =blok sayısı) kullanılmaktadır.

Açık tozlaşma döl denemeleri için kalıtım tahmin edilirken, aileler arası farkların, aynı popülasyona ait erkek ebeveyleler arasındaki farklardan değil, temelde dişi ağaçlar arasındaki genetik farklardan ortaya çıktığı varsayımı kabul edilmektedir (Williams ve Matheson 1993). Orijin-döl denemelerinde orijinler arasında önemli farklar varsa, bu kalıtıma da yansır. Bu nedenle popülasyon veya orijin etkisinin genetik varyanstan arındırılması gerekmektedir (Williams ve Matheson 1993). Yukarıda verilen eşitliklerde (E.4 ve E.5) kalıtım hesaplanırken popülasyon içi aile varyansı alınarak popülasyon etkisi giderilmeye çalışılmıştır.

Aile fenotipik varyansının karekökü alınarak elde edilen standart sapmalar ilgili karakterin aritmetik ortalamasına bölünüp 100 ile çarpılarak "aile fenotipik varyasyon katsayısı" (CV_{fm}) bulunmuştur.

Farklı birimlerle ölçülen karakterleri, genetik varyansları bakımından karşılaştırmak için genetik varyasyon katsayısı (CV_g) hesaplanmıştır:

$$CV_g = \left(\frac{\sqrt{3 \sigma_{F(P)}^2}}{X} \right) 100 \quad (E 6)$$

Formülde:

CV_g = Genetik varyasyon katsayısı,

\bar{X} = İlgili karakter için genel ortalamadır

Herhangi bir karaktere ait kalıtsallık derecesi standart hatasının hesabında Becker'in (1984) verdiği formül kullanılmıştır. Aile düzeyi kalıtım derecesi standart hatalarının hesaplanmasında Anderson ve Bancroft (1952) tarafından önerilen eşitlikler kullanılmıştır. Kalıtım dereceleri ve varyans bileşenlerinin standart hatalarının hesaplanma şekli ayrıntılı olarak EK-4 verilmiştir.

Kızılçamda çalışılan her karakter için Shelbourne'un (1992) önerdiği eşitlik (E.7) kullanılarak genetik kazanç hesaplanmıştır.

$$\Delta G = i \sigma_u h_i^2 \quad (E 7)$$

Eşitlikte:

i = Seleksiyon yoğunluğu,

σ_u = Fenotipik varyansın standart sapmasıdır

Kalıtım derecesini (E.4'te olduğu gibi), eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranı olarak eşitliğe koyup sadeleştirme yaptığımızda aşağıdaki eşitlik elde edilebilir :

$$\Delta G = i \sigma_u \frac{\sigma_A^2}{\sigma_u^2} = i \frac{k \sigma_{F(P)}^2}{\sigma_u} \quad (E 8)$$

Bu çalışmada aileler arası genetik kazanç ek olarak aile içi genetik kazanç da hesaplanmıştır. Bu durumda yukarıda verilen genel kazanç eşitliklerinde, fenotipik varyansın standart sapması, uygulanan seleksiyon şekline göre farklı olacaktır. Genetik kazanç ile ilgili diğer ayrıntılar ve örnek bir çözüm şekli EK-5'te verilmiştir.

Genetik ve fenotipik korelasyonlar

İki karakter arasında fenotipik ilişkileri irdelemek için Pearson (product moment) korelasyon katsayıları aşağıda verilen formülle hesaplanmıştır (Sokal ve Rohlf 1995):

$$r_p = \frac{\sum xy}{\sqrt{\sum x^2 \sum y^2}} \quad (E 9)$$

Formülde :

r_p = Fenotipik korelasyon katsayısını,

$\sum xy$ = x ve y karakterlerinin çarpanlar toplamını, paydadaki değerler iki karakterin fenotipik varyanslarını ifade etmektedir.

Karakterler arasındaki genetik korelasyonlar Falconer (1989) tarafından önerilen formülle hesaplanmıştır :

$$r_g = \frac{COV_{f(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{f(x)}^2} \sqrt{\sigma_{f(y)}^2}} \quad (E 10)$$

Formülde :

r_g = İki karakter arasındaki genetik korelasyon,

$COV_{f(x,y)}$ = x ve y karakterleri arasındaki genetik kovaryans,

$\sigma_{F(x)}^2$ ve $\sigma_{F(y)}^2$ = Sırasıyla x ve y karakterlerine ait aile (genetik) varyans

Genetik korelasyonların standart hatalarının hesabında Falconer'in (1989) verdiği formül kullanılmıştır:

$$\sigma_{r_g} = (1 - r^2) \sqrt{\frac{\sigma_{h_x^2} \sigma_{h_y^2}}{h_x^2 h_y^2}} \quad (E 11)$$

σ_{r_g} = İki karakter arasındaki genetik korelasyonun standart hatası,

$\sigma_{h_x^2}, \sigma_{h_y^2}$ = Sırasıyla x ve y karakterlerine ait kalım derecelerinin standart hatalarıdır.

h_x^2, h_y^2 = Sırasıyla x ve y karakterine ait kalıtım dereceleri

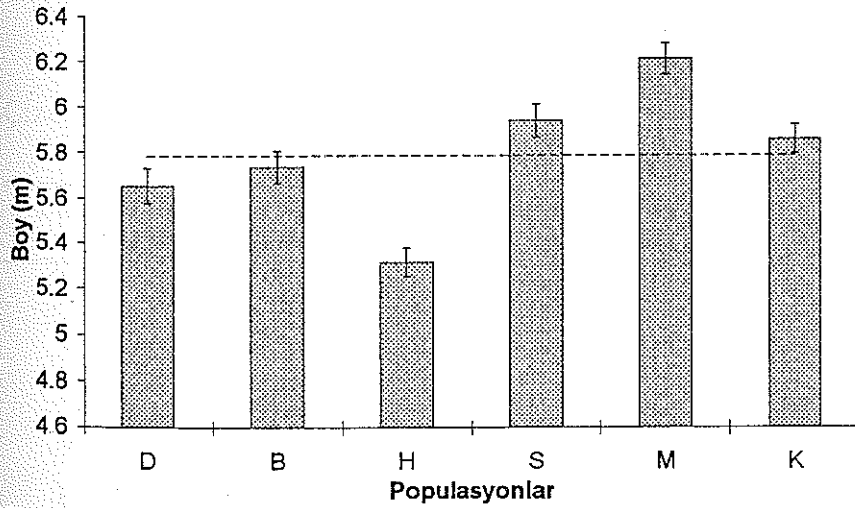
Genetik korelasyonların ve standart hatalarının hesaplanma şekli ayrıntılı olarak EK-7'de verilmiştir.

3. BULGULAR

3.1 Populasyon ve Ailelerin Boy, Çap, Hacim ve Gövde Düzgünlüğü Bakımından Karşılaştırılması

3.1.1 Kepez deneme alanı

Boy: Populasyonlar boy bakımından birbirinden 0.001 olasılık düzeyinde farklı bulunmuştur (Çizelge 3 1.1) Kepez deneme alanında en fazla boy büyümesini orta zondan gelen M (620 cm), en az büyümeyi ise yüksek zondan gelen ve optimum doğal yayılışın dışında bulunan H (531cm) populasyonu yapmıştır (Çizelge 3 1.2). Lokal bir populasyon olarak kabul edilebilecek olan D (565 cm) ise boy bakımından ancak beşinci durumdadır (Şekil 3 1.1)



Şekil 3.1.1 Kepez deneme alanında populasyonların 18. yaşta yaptığı boylar ve ortalamalara ait standart hatalar Çubukları kesen kesikli çizgi deneme (altı populasyonun) ortalamasıdır

Çizelge 3 1.1. Kepez deneme alanında çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları Çizelgede varyans (kareler ortalaması) değerleri verilmiştir

V.K. ⁺	BOY		ÇAP		HACIM		GF ⁺⁺	
R	0.46	ns	0.0441	ns	32.17	bs	0.14	ns
P	113.64	***	4.435	***	4265.00	***	232.67	***
RP	4.72	ns	0.0664	ns	59.44	ns	1.56	ns
F(P)	18.22	***	0.2918	***	312.55	***	2.91	***
RF(P)	6.76	ns	0.1012	ns	122.67	ns	1.53	ns
e	5.58		0.08975		98.93		1.49	
Hata s.d.	1582		1586		1582		1585	

*** 0.001 olasılık düzeyinde farklı, ns : istatistik olarak farklı değil
F testleri Anova 2'ye (Çizelge 2 2 2) göre yapılmıştır. Diğer bileşenlerin serbestlik dereceleri Çizelge 2'deki modele göre hesaplanabilir

*V.K. Varyasyon kaynağı,

**GF Gövde düzgünlüğü

R Blok

P Populasyonlar

RP Populasyon-Blok etkileşimi

F(P) Populasyon içi aileler

RF(P) Aile-Blok etkileşimi

e Hata

Çizelge 3 1.2. Kepez deneme alanında populasyon ortalamalarının karşılaştırılması*

POP	BOY		ÇAP		HACIM		GF ¹⁾					
	(cm)	bs	(cm)	bs	(dm ³)	bs		bs				
D	565	c	5	7.33	b	3	17.53	b	3	2.48	e	6
S	593	b	2	8.13	a	1	21.16	a	1	2.94	d	5
B	573	bc	4	6.74	c	4	14.89	c	4	3.94	c	3
M	620	a	1	7.81	a	2	19.94	a	2	4.16	b	2
K	585	b	3	6.54	c	5	14.19	c	5	4.95	a	1
H	531	d	6	5.85	d	6	10.99	d	6	3.91	c	4
\bar{x}	577			7.07			16.47			3.74		

* Düşey sütunda aynı harfi taşıyan populasyonlar ilgili karakter için birbirinden farklı değildir (p=0.05)

bs Populasyon ortalamalarının büyüklük sırası

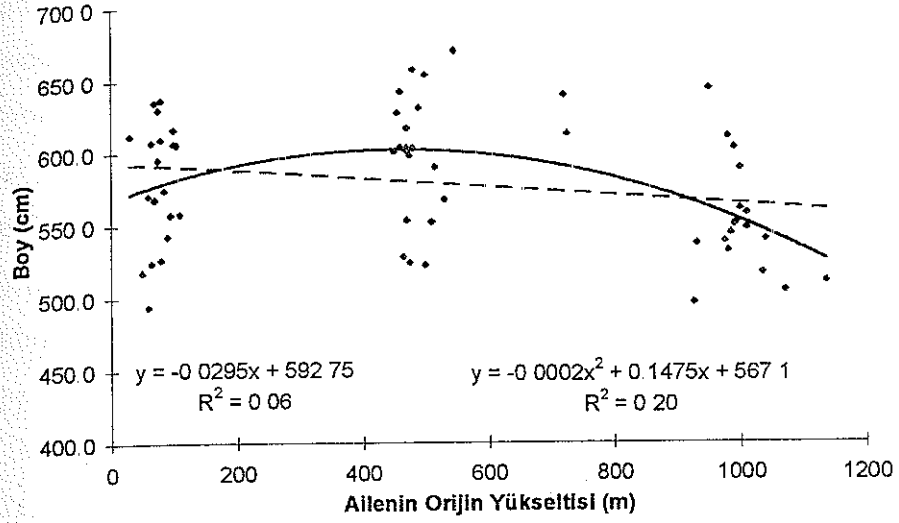
\bar{x} Deneme alanı ortalaması

1) Gövde düzgünlüğü

Kepez deneme alanında en hızlı büyüyen M, 18 yaşta deneme alanı ortalamasına (577 cm) göre % 7, D'ye göre % 10, ve en az büyüyen H popülasyonuna göre % 17 daha fazla boy artımı yapmıştır. M popülasyonunun deneme ortalaması ve D'ye göre yaptığı fazla boy artımı altıncı yaşta sırasıyla % 10 ve % 14 oranındaydı (Işık vd 1987). Bu durumda yaş ilerledikçe M popülasyonunun oransal boy üstünlüğünde bir azalma gözlenmektedir. Yine yaşa bağlı olarak popülasyonların sıralamadaki yeri değişmektedir. Örneğin altıncı yaşta ikinci sırada olan K popülasyonu, 18 yaşında üçüncü sıraya düşerken, dördüncü sırada olan S ikinciliğe yükselmiştir. Ancak bu deneme alanında altıncı yaşta en fazla boy artımını yapan M popülasyonu bu üstünlüğünü devam ettirmektedir.

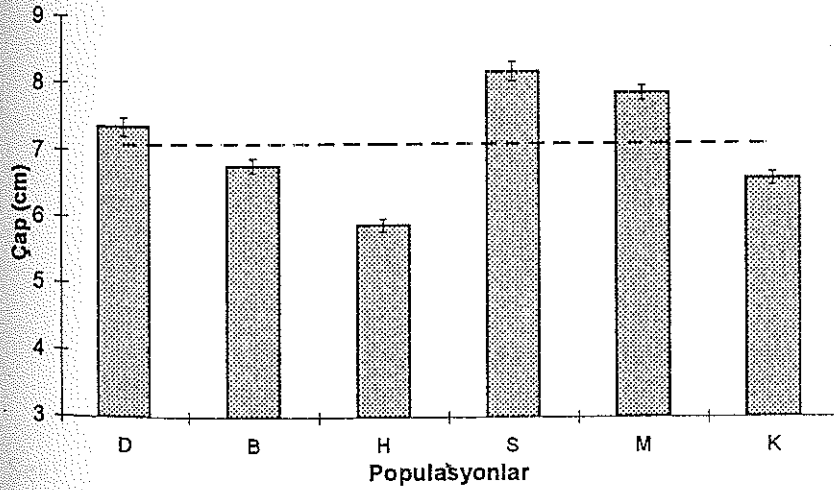
Boy bakımından popülasyon içi aileler arasında da istatistik olarak önemli farklılıklar gözlenmiştir. Örneğin M popülasyonu içinde en boylu (M13, 670 cm) aile ile en kısa (M12, 566 cm) aile arasındaki oransal fark % 18, M13 ile deneme ortalaması farkı % 16 düzeyindedir. Ailelerin boy bakımından sıralanması popülasyonlarda olduğu gibi yaşa bağlı olarak değişmiştir. Ancak ailelerin % 60 gibi önemli bir oranı (örneğin M8, M13 ve M10) yaş ilerledikçe üst sıralarda yer almaya devam etmektedirler (Çizelge 3.1.3).

Kepez deneme alanında ailelerin geldiği yükselti ile boy ilişkisini irdelemek üzere regresyon analizi yürütülmüş ve sonuçlar Şekil 3.1.2'de özetlenmiştir. İkinci dereceden bir regresyon eşitliği, boy ile yükselti arasındaki ilişkinin % 20'sini açıklamaktadır. Regresyon analizine göre bu model 0.01 olasılık düzeyinde önemlidir. Diğer bir deyimle ailelerin orijin yükseltisi arttıkça Kepez deneme alanında yaptıkları boy da artmakta, ancak belirli bir rakımdan (750-800 m) sonra ilişki tersine dönmektedir. Doğrusal regresyon modeli ise istatistik olarak önemsiz ($p > 0.06$) bulunmuştur. Bu modelde bağımsız değişken olan yükselti, boy karakterindeki değişimin ancak % 6'sını açıklamaktadır. Sonuç olarak boy-aile orijin yükseltisi ilişkisini ikinci dereceden bir eşitliğin boy karakterindeki değişimi daha iyi açıklamaktadır.



Şekil 3.1.2. Kepez deneme alanında boy-aile orijin yükseltisi ilişkisi (aile sayısı, n=60)

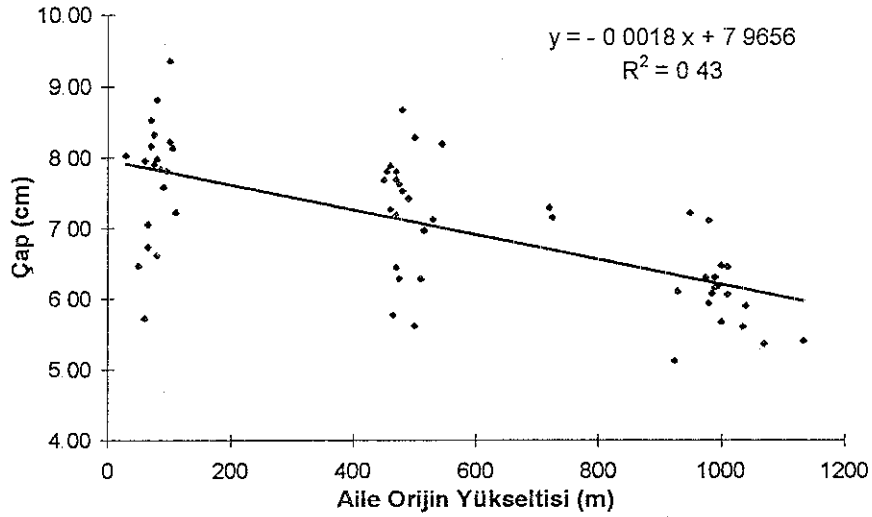
Çap: Çap artımı bakımından hem poulasyonlar arasında hem de populasyon içi aileler arasında istatistiksel olarak önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 3.1.1). Populasyonların SNK testine göre karşılaştırmalı ortalamaları Çizelge 3.1.2'de ve Şekil 3.1.3'de verilmiştir.



Şekil 3.1.3. Kepez deneme alanında altı populasyonun çap artımı. Çubukları kesen kesikli çizgi deneme (altı populasyonun) ortalamasıdır

Kepez deneme alanında en fazla çap artımını S (8.13 cm) ve M (7.81 cm) populasyonları yapmıştır. D (7.33 cm) populasyonu en kalın çaplı üçüncü populasyondur. Kepez deneme alanında boy için sırasıyla ikinci ve beşinci sırada olan S ve D populasyonları çap bakımından daha üst sıralarda yer almaktadırlar (Çizelge 3.1.2). Bu durumda S ve D populasyonlarının "tıknaz" (nispeten kalın ve kısa), M ve K'nın ise silindirik (nispeten ince ve uzun) bir gövde yapısına sahip oldukları söylenilebilir.

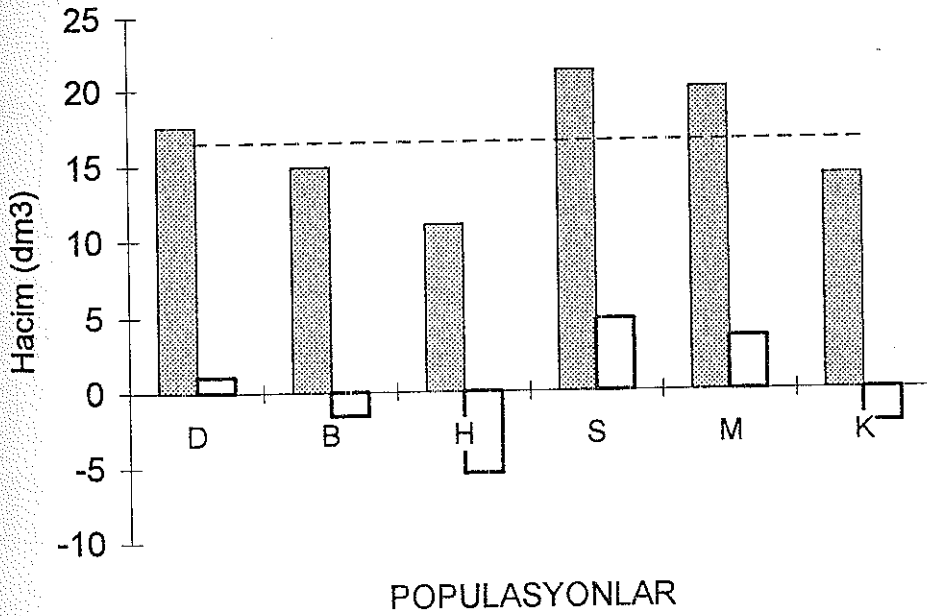
Kepez denemesinde populasyon içi aileler arasında çap artımı bakımından önemli farklılıklar gözlenmiştir (Çizelge 3.1.1). En fazla çap artımını S8 (9.34 cm) nolu aile yapmıştır (Çizelge 3.1.3). S8, deneme ortalamasına göre % 32, kendi populasyon ortalamasına göre % 15 daha fazla çap artımı yapmıştır. Kepez deneme alanında çap artımı bakımından aşağı rakımlardan gelen ailelerin boy artımına göre daha başarılı oldukları gözlenmiştir. Aileleri 18 yaş çapları bakımından sıraladığımızda ilk 15 aileden 10 tanesi aşağı rakımlardan gelen ailelerdir.



Şekil 3.1.4. Kepez deneme alanında yükselti-çap ilişkisi (aile sayısı, n=60)

Kepez denemesinde ailelerin yaptığı çap artımı ile ailenin orijin yükseltisi ilişkisi iredelenmiştir. Ailelerin geldiği orijin yükseltisi ile çap arasında ters yönde ve önemli bir ilişki ($r=-0.65$, $p<0.001$) gözlenmektedir. Yükseltinin bağımsız değişken olarak alındığı doğrusal regresyon modeli istatistik olarak ($p>0.001$) önemli bulunmuştur. Kepez deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi arttıkça yaptıkları çap artımı daha az olmaktadır.

Gövde Hacmi : Kepez denemesinde 18. yaşta elde edilen sonuçlara göre, kızılçam doğal populasyonları arasında istatistik olarak önemli düzeyde büyüme ve gövde kalitesi farklılıkları bulunmaktadır (Çizelge 3.1.1). Populasyonların hacim ve çap bakımından sıralanması, bu iki değişken arasındaki yüksek ilişki nedeniyle, büyük bir paralellik göstermektedir. Çap artımında olduğu gibi en fazla hacim artımını S ve M populasyonları yapmıştır (Çizelge 3.1.2). Hacim bakımından populasyonlar arasındaki oransal farklılık boya göre daha fazladır. Örneğin, S populasyonu (21.16 dm^3) deneme alanı ortalamasına (16.47 dm^3) göre % 29, H'ye göre % 92 daha fazla hacim yapmıştır (Şekil 3.1.5).



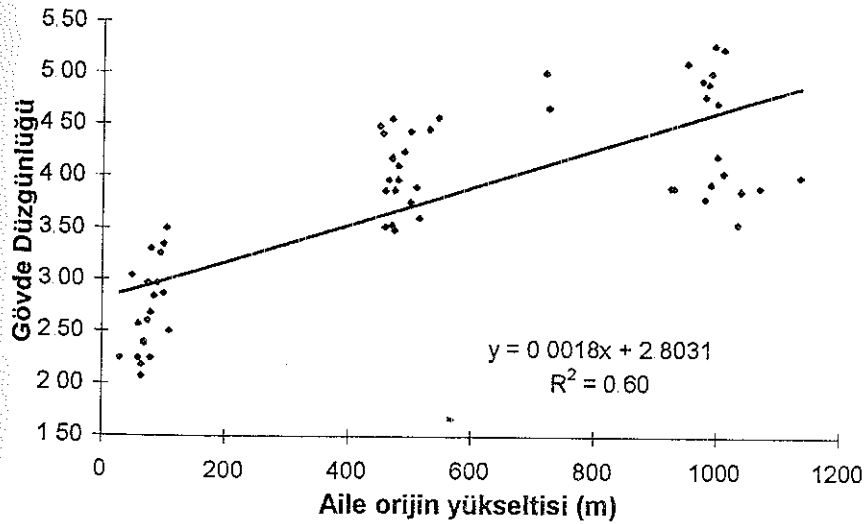
Şekil 3.1.5 Kepez deneme alanında populasyonların hacim bakımından karşılaştırılması. Çubukları yukarıdan kesen kesikli çizgi deneme alanı ortalamasını, beyaz çubuklar ise ilgili populasyonun ortalamadan artı veya eksi yöndeki sapma değerini göstermektedir.

Hacim bakımından populasyon içi aileler arasında da önemli farklılıklar bulunmuştur ($p < 0.001$). En fazla hacim artımını yapan S8 (27 dm³) nolu aile, aynı populasyona ait S11 (16 dm³) ailesine göre % 69, Kepez deneme alanı ortalamasına göre ise % 64 daha fazla hacim yapmıştır

Gövde düzgünlüğü : Gövde düzgünlüğü için deneme alanında gözlem yapılırken en düzgün gövdeli fertlere 6, iki taraflı eğri gövdeli fertlere 1 puan verilmiştir. Ara formlar da, bu uç puanlara göre değer almışlardır. Gövde düzgünlüğü bakımından populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasında önemli düzeyde ($p > 0.0001$) istatistiksel farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 3.1.1). En düzgün gövdeyi K populasyonu, en bozuk gövdeyi D ve S yapmaktadır (Çizelge 3.1.2). Genel olarak orta ve yüksek zon orijinli populasyonlar, aşağı rakımlı populasyonlara göre daha düzgün gövde yapmaktadırlar.

Gövde düzgünlüğü bakımından populasyon içi aileler arası farklar istatistik olarak önemli bulunmuştur (Çizelge 3.1.1). Aileleri gövde düzgünlüğü için en düzgün olanından en bozuk formlusuna göre sıraladığımızda, K ve M populasyonlarının önemli bir üstünlüğü gözlenmiştir (Çizelge 3.1.3).

Kepez deneme alanında ailelerin geldiği orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki doğrusal model Şekil 3.1.6'da verilmiştir.



Şekil 3.1.6. Aile orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişki (n=60 aile)

Regresyon analizi sonuçlarına göre ailelerin orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki doğrusal model $p > 0.001$ olasılık düzeyinde önemlidir. Model gövde düzgünlüğündeki değişimin % 60'ını ailelerin geldiği orijin ile açıklanabildiğini göstermektedir.

Denizden ancak 90 metre yükseltide bulunan Kepez denemesinde, lokal bir populasyon olan D, optimum yayılıştan gelen K ve M populasyonlarına göre, hem kalite hem de artım bakımından daha başarısız bulunmuştur.

Eğer ilgi duyulan karakterler, gövde düzgünlüğü ve dolgunluğu değil de sadece yüksek hacim artımı ise, yani sadece hacim artımı seleksiyon ölçütü olarak ele alınırsa, o zaman, S populasyonu ile birlikte M populasyonunun da seçilmesi önerilebilir. Ancak yapay seçim amacı hem gövde kalitesini arttırmak hem de hızlı büyüme ise M ve K tercih edilmelidir.

Denemenin gözlemlendiği yaş kızılcamda tomruk üretimi rotasyon süresinin yarısından daha azdır. Elde edilen bulgular, denemenin yaşı ve çevre etkisi önünde bulundurularak değerlendirilmelidir.

Çizelge 3.1.3 Kepez deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından 18. yaşta ilk onbeşe giren aileler¹⁾

Sıra No	BOY		ÇAP	HCM	GF ²⁾	Sıra No
	6. yaş*	18. yaş				
1	M10	M13	S8	S8	K3	1
2	B1	M8	S2	S2	K1	2
3	M8	M10	M8	M8	K10	3
4	K10	K10	D2	D2	K12	4
5	D2	M5	S3	M13	K6	5
6	M5	K12 (+)	M10	S3	K9	6
7	M9	S2 (+)	S9	M10	K7	7
8	S8	D2	M13	S9	K8	8
9	M3 (-)	B1	D3	S1	K5	9
10	M13	S3 (+)	S10	D3	K11	10
11	M6 (-)	B5 (+)	D9	M5	M13	11
12	K6 (-)	M9	S1	S10	M6	12
13	M2 (-)	S8	D13	D9	M3	13
14	D4 (-)	D9 (+)	D4	B5	M12	14
15	K5 (-)	K11 (+)	M5	D4	M10	15

¹⁾ Aile ortalamaları için EK-8'de verilen çizelgelere bakınız.

* Işık vd'den (1987) alınmıştır

+ Sıralamaya sonradan katılan aileler

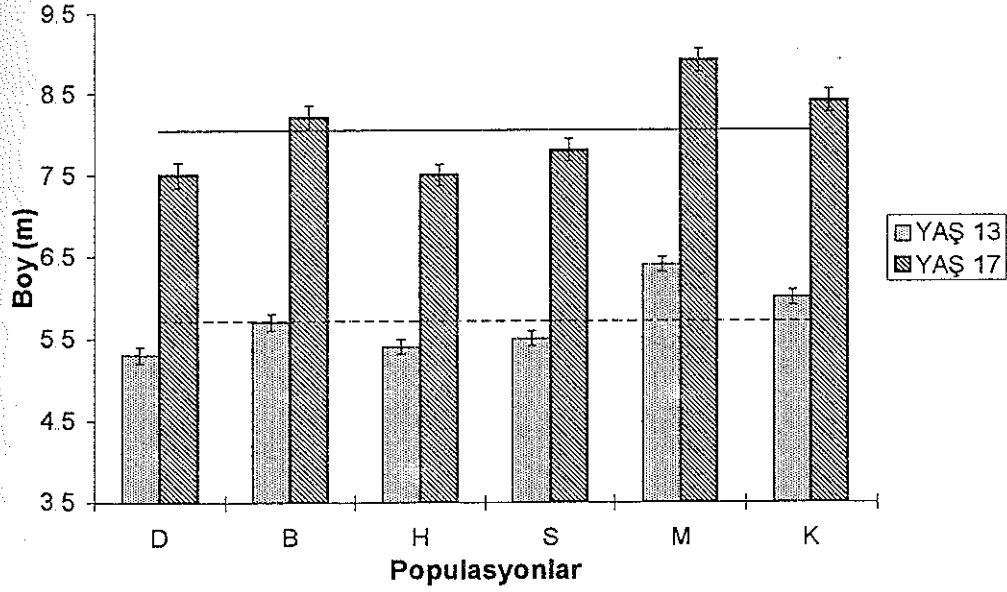
- Altıncı yaşta ilk onbeş aile içinde iken, 18. yaşta ilk 15 aile içine giremeyen aileler

²⁾ Gövde düzgünlüğü

3.1.2. Düzlerçanı deneme alanı

Düzlerçanı deneme alanı için yapılan 13 yaş varyans analizi sonuçları Çizelge 3.1.4'te, 17 yaş varyans analizi sonuçları Çizelge 3.1.5'te özetlenmiştir. Karakterlere ait populasyon ortalamaları karşılaştırmalı olarak Çizelge 3.1.6'de verilmiştir.

Boy : Varyans analizi sonuçlarına göre populasyonlar arasındaki boy farkı, istatistiki olarak birbirinden farklı bulunmuştur ($p < 0.001$). Gözlem yapılan her iki yaş için, boy bakımından aileler arası farklılık yine istatistiki olarak önemlidir (Çizelge 3.1.4 ve Çizelge 3.1.5). Denemenin 13. yaşında en fazla boy artımını M (642 cm), en az boy artımını D (534 cm) populasyonu yapmıştır. M'yi yüksek zondan gelen K ve orta zondan gelen B populasyonları izlemektedir (Çizelge 3.1.6). M'nin 13. yaşta kendisine en yakın olan K populasyonuna göre nispi boy farkı % 7, en az büyüyen D populasyonuna göre farkı % 21 düzeyindedir. Deneme alanı ortalamasına göre bu fark % 12 kadardır (Şekil 3.1.7)



Şekil 3.1.7. Düzlerçanı deneme alanında altı populasyonun iki değişik yaşta karşılaştırmalı boy artımı. Çubukları kesen çizgiler ilgili yaşa ait deneme alanı ortalamasıdır

Çizelge 3 1 4. Düzlerçamı deneme alanında 13. yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları (Çizelgede varyans değerleri verilmiştir)

V.K.	BOY		ÇAP		HACIM	
R	21905	ns	1778.8	ns	540.2	ns
P	517897	***	15219.7	***	4017.5	***
RP	20258	ns	591.6	ns	187.6	ns
F(P)	47624	**	1797.7	***	404.9	***
RF(P)	23743	ns	749.5	ns	192.0	ns
e	23766		780.4		204.8	
Hata s.d.	1497		1497		1496	

** , *** 0.01 ve 0.001 olasılık düzeyinde farklı

ns İstatistik olarak farklı değil

F testleri Anova 2'ye (Çizelge 2.2.2) göre yapılmıştır

Diğer bileşenlerin serbestlik dereceleri Çizelge 2.2.2'teki modele göre hesaplanabilir

Diğer kısaltmalar için Çizelge 3.1.1'e bakınız

Çizelge 3 1 5. Düzlerçamı deneme alanında 17. yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları (Çizelgede varyans değerleri verilmiştir)

V.K.	BOY		ÇAP		HACIM		GF ¹⁾
R	9300	ns	38.08	ns	3082	ns	18.86 *
P	512056	***	129.10	***	9356	***	156.39 ***
RP	54616	ns	8.96	ns	737	ns	2.84 ns
F(P)	60186	**	21.0	**	1348	*	3.35 **
RF(P)	31910	ns	11.0	ns	792	ns	1.65 ns
e	32650		10.9		778		1.39
Hata s.d.	950		950		950		945

*, **, *** 0.05, 0.01 ve 0.001 olasılık düzeylerinde farklı

ns İstatistik olarak farklı değil

F testleri ANOVA 2'ye (Çizelge 2.2.2) göre yapılmıştır

1)

Gövde düzgünlüğü

Çizelge 3.1.6. Düzlerçamı deneme alanında populasyonların 13 ve 17 yaştaki boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü ortalamalarının karşılaştırılması*

Pop	Boy (cm)				Çap (cm)			
	13 yaş	bs	17. yaş	bs	13 yaş	bs	17 yaş	bs
D	533	d 6	752	c 6	6.4	b 4	9.7	bc 5
S	548	d 4	776	c 4	6.4	b 5	9.8	bc 3
B	574	c 3	817	b 3	6.5	b 3	9.8	bc 4
M	642	a 1	888	a 1	7.9	a 1	11.5	a 1
K	601	b 2	835	b 2	6.9	b 2	10.1	b 2
H	535	d 5	754	c 5	5.7	c 6	8.9	c 6
\bar{x}	573		805		6.7		9.98	

Pop	Hacim (dm ³)				Gövde düzgünlüğü	
	13. yaş	bs	17. yaş	bs	13. yaş	bs
D	15.2	b 4	36.8	bc 5	2.7	e 6
S	14.9	b 5	37.0	bc 4	3.3	d 5
B	16.4	b 3	39.8	b 3	4.7	b 3
M	23.3	a 1	52.7	a 1	4.8	b 2
K	17.7	b 2	41.1	b 2	5.3	a 1
H	12.1	c 6	31.4	c 6	4.2	c 4
\bar{x}	16.6		40.0		4.2	

* Aynı harfi taşıyan populasyon ortalamaları bir sütundaki ilgili karakter için birbirinden farklı değildir (p=0.05)

bs Populasyon ortalamaları büyüklük sırası,

\bar{x} Deneme alanı ortalaması

Populasyonların boy bakımından 17 yaşındaki sıralanması, 13 yaş ile paralellik göstermiştir (Çizelge 3.1.6, Şekil 3.1.7). Yine en fazla boy artımını M (888 cm), en az artımı D (752 cm) populasyonu yapmıştır. Ancak iki populasyon arasındaki nispi fark azalarak % 21'den % 18 düzeyine inmiştir. M ile altı populasyonun ortalaması arasındaki nispi farkta yine % 2 kadar bir azalma söz konusudur.

Düzlerçamı denemesinde populasyonların boy bakımından sıralanması altıncı yaştan itibaren önemli bir farklılık göstermemiştir. Altıncı yaşta sırasıyla en fazla boy artımı yapan M, K, ve B populasyonları (Işık vd 1987), gözlem yapılan 13 ve 17 yaşlarında da sıralamadaki yerlerini korumaktadırlar. Ancak altıncı yaşta 4 sırada yer alan alçak zon populasyonu D, 13 ve 17 yaşlarında en alt sıraya düşmüştür.

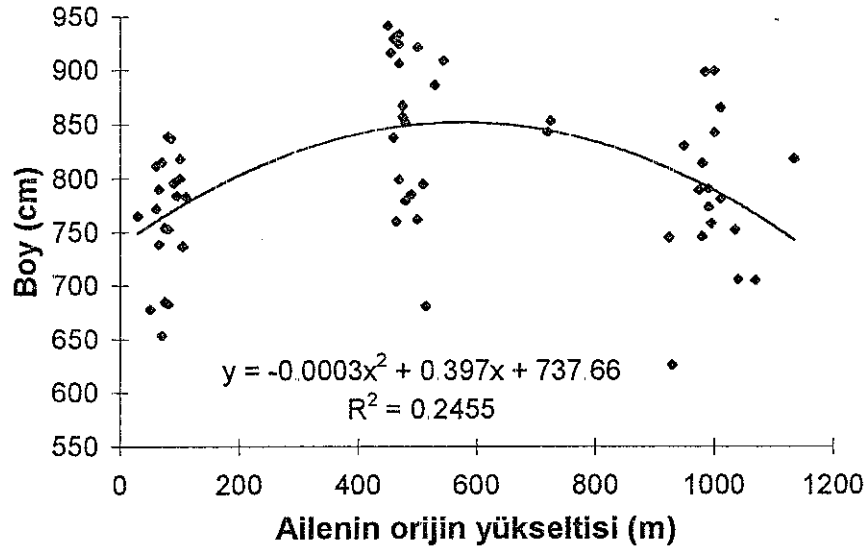
Bir populasyondan rastgele alınan aileler arasında da önemli büyüme farklılıkları gözlenmiştir (Çizelge 3.7). Örneğin M populasyonuna ait M3 nolu aile (941 cm), aynı populasyondan gelen M8'e (779 cm) göre 17. yaşta % 21, deneme (altı populasyon) ortalamasına göre % 17 daha fazla boy artımı yapmıştır. Denemenin 13. yaşında ilk 15'e giren ailelerden yarıdan fazlası (M3, M2, M10, M6, M12, M13, M7) M populasyonuna aittir (Çizelge 3.1.7). Alçak rakımdan yalnızca S4 nolu aile ilk 15 aile içinde yer almaktadır. Denemenin 17. yaşında M ve K populasyonlarına ait ailelerin ilk 15 aile içindeki sayısı artmıştır. İlk 15 aile içindeki ailelerin % 80'i bu iki populasyondan gelmiştir.

Yaşa bağlı olarak bazı aileler sıralamada daha yukarı veya daha aşağıda yer almışlardır (Çizelge 3.1.7). Örneğin altıncı yaşta beşinci sırada olan M8 nolu aile 13. yaşta sekiz basamak daha aşağıya düşmüş, 17. yaşında ise ilk 15 aile içine girememiştir. Altıncı yaşta dördüncü sırada yer alan M13 nolu aile 13 yaşta onüçüncü sıraya düşmüştür. Ancak her ailenin aile-yaş etkileşimine katkısı farklı olabilmektedir. Diğer bir deyimle bazı ailelerin yıllara göre sırası önemli düzeyde değişmesine rağmen, bazı aileler daha istikrarlıdır. Örneğin altıncı yaşta üst sıraları paylaşan M10, M2, M3, B5 ve B6 gibi aileler bu üstünlüklerini denemenin ileri yaşlarında da devam ettirmektedirler. Bu durumda genetik yönden üstün bazı aileleri erken yaşlarda seçme olanağı ortaya çıkmaktadır.

Ancak üstün genotiplerin erken yaşlarda seleksiyonunda daha güvenilir sonuçlar için genotip-yaş etkileşimi ve yaş-yaş korelasyonlarının araştırılmasında yarar vardır

Boy bakımından M populasyonu diğer populasyonlardan belirgin bir şekilde ayrılmaktadır (Şekil 3.18.) K ve B orta düzeyde bir grup oluşturmaktadırlar. Alçak ve yüksek zon orijinli populasyonlar D, S ve H grup olarak daha yavaş boy artımı yapmaktadırlar

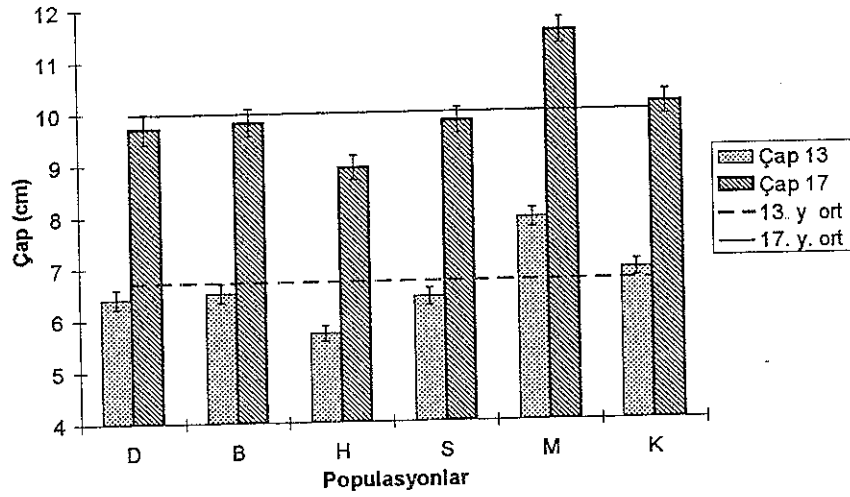
Düzlerçamı deneme alanında ailelerin 17. yaştaki boy büyümesi ile ailelerin orijin yükseltisi arasında denenen regresyon modellerinden en uygun olanının ikinci dereceden bir polinomial eşitlik olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.18) Varyans analizi sonuçlarına göre bu model $p > 0.0001$ olasılık düzeyinde önemlidir. Kepez deneme alanında olduğu gibi Düzlerçamı deneme alanında da kızılçam orta yükselti kuşağından gelen aileler alçak ve yüksek rakımlı populasyonlara göre daha fazla boy artımı yapmaktadırlar



Şekil 3.18 Düzlerçamı deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile boy büyümesi arasındaki ilişki (Regresyon'da kullanılan aile sayısı n=60)

Çap : Varyans analizi sonuçlarına göre populasyonlar 13 ve 17 yaşlarında çap bakımından 0.001 olasılık düzeyinde farklı bulunmuştur. Populasyon içi aileler arası farklılık 13 ve 17 yaş için sırasıyla 0.001 ve 0.01 olasılık düzeylerinde istatistik olarak önemlidir (Çizelge 3.1.4 ve Çizelge 3.1.5)

Düzlerçamı deneme alanında 13. yaşta en fazla çap artımını orta zondan gelen M (7.9 cm) yapmıştır. Yüksek rakımdan gelen ve izole bir yayılışı olan H (5.7 cm) en az çap artımı ile M ve diğer populasyonlardan ayrılmaktadır (Çizelge 3.1.6, Şekil 3.1.9) M populasyonu, 13. yaşta deneme alanı ortalamasından % 19, yüksek zondan gelen H'den % 39 daha fazla çap artımı yapmıştır.

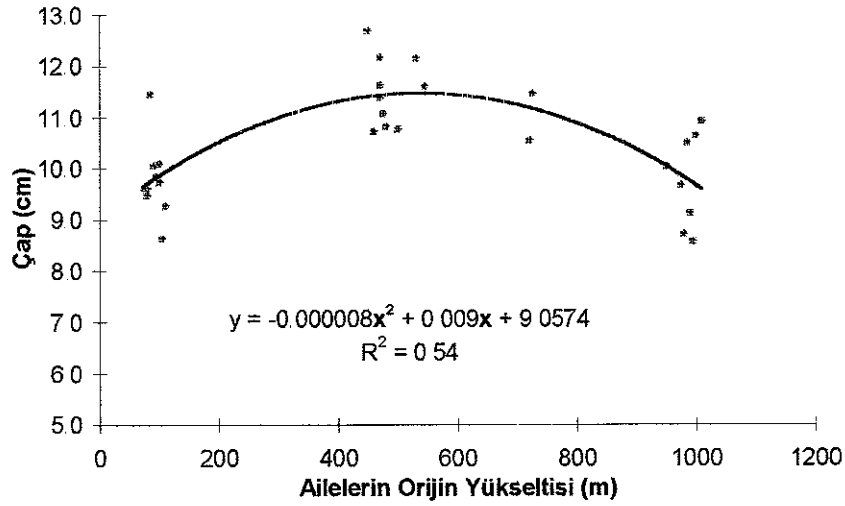
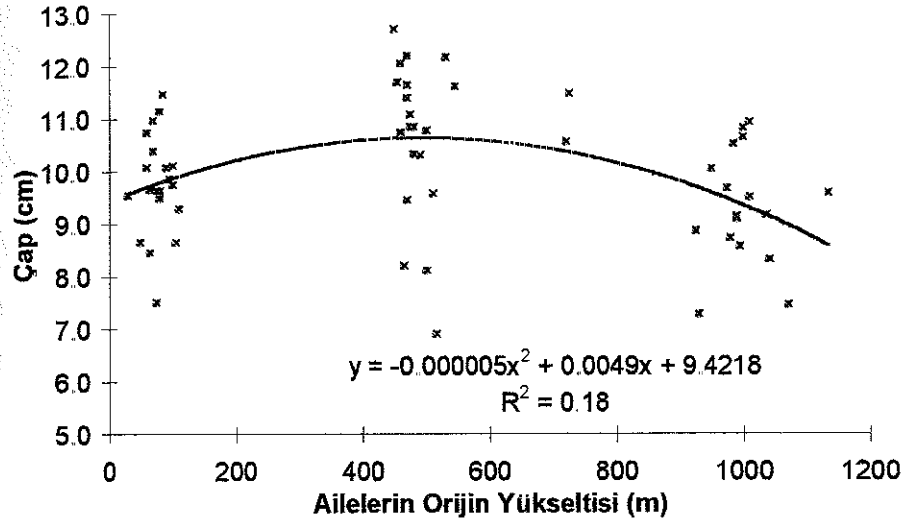


Şekil 3.1.9 Düzlerçamı deneme alanında altı populasyonun 13 (koyu çubuklar) ve 17 (açık çubuklar) yaşındaki çap artımları. Çubukları kesen kesikli çizgi, altı populasyona ait 13 yaş ortalamasını, yukarıdaki devamlı çizgi ise 17 yaş ortalamasını belirtmektedir.

M'nin çap bakımından diğer populasyonlara göre üstünlüğü, denemenin 17 yaşında da devam etmiştir. M populasyonu 17. yaşta deneme ortalamasına göre % 15, H populasyonuna göre ise % 29 daha fazla çap büyümesi yapmıştır. Ancak M'nin çap artımında deneme ortalaması ve H populasyonuna göre nispi farklılığı yaşa bağlı olarak azalmıştır. Yine H populasyonu çap artımında ikinci grubu oluşturan K, B, S, ve D populasyonlarına biraz daha yaklaşmıştır (Çizelge 3.1.6, Şekil 3.1.9). Düzlerçamı denemesi şartlarında H populasyonunun genetik

potansiyelini daha geç ortaya koyduğu, bu nedenle yaş ilerledikçe diğer popülasyonlar ile başlangıçtaki çap farkını azalttığı söylenebilir

Düzlerçamı denemesinde ailelerin orijin yükseltisi ile çap ilişkisini irdelemek üzere regresyon analizi yapılmış, sonuçlar görsel olarak Şekil 3 1 10 da verilmiştir

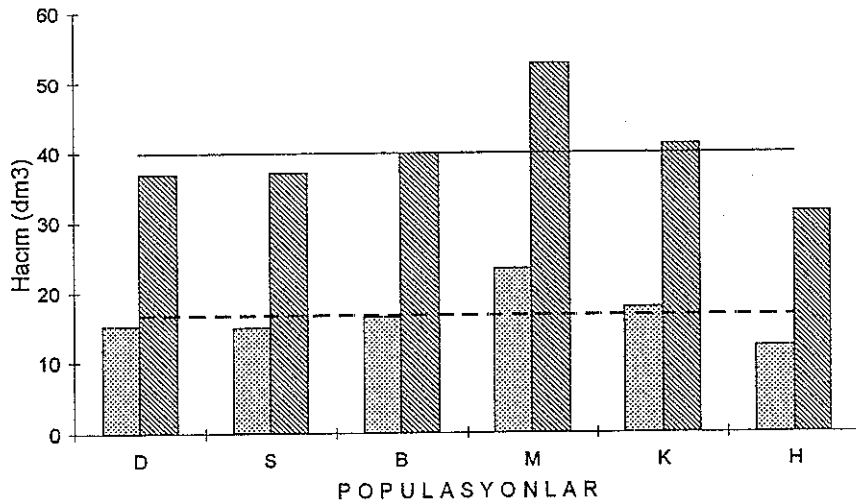


Şekil 3 1 10. Düzlerçamı denemesinde gövde çapı-aile orijin yükseltisi ilişkileri (17 yaş) Altteki grafikte yalnızca Antalya'nın doğusundaki kesitten alınan S, M ve K popülasyonlarına ait ailelere (aile sayısı n=30) yer verilmiştir (yukarıdaki model için n=60 aile kullanılmıştır)

Varyans analizi sonuçlarına göre çap ile aile orijin yükseltisi ilişkisini tanımlayan ikinci dereceden bir regresyon modeli istatistik olarak önemlidir ($p>0.0001$) Model, çap karakterindeki değişimin % 18'nin ailenin yükseltisinden kaynaklandığını göstermektedir Regresyon analizinde yalnızca Antalya'nın doğusundaki kesitten alınan aileler kullanıldığında modelin çap karakterindeki değişimi açıklama oranı % 54'e çıkmaktadır. Sonuç olarak Düzlerçamı denemesi şartlarında orta yükselti kuşağından gelen aileler daha hızlı çap artımı yapmaktadırlar

Hacim : Hacim artımı bakımından populasyonlar birbirinden 0.001 olasılık düzeyinde farklı bulunmuştur. Populasyon içi aileler 13 ve 17. yaş için sırasıyla 0.01 ve 0.05 olasılık farklıdırlar (Çizelge 3.1.4 ve Çizelge 3.1.5)

Hacmin hesaplanmasında çap önemli bir bileşen olduğu için populasyonların 13 ve 17 yaşlarında hacim bakımından sıralanması çap ile paralellik göstermektedir. M populasyonu gerek 13 yaşında (23.3 dm³) gerekse 17 yaşta (52.7 dm³) diğer populasyonlardan açık farkla öndedir (Çizelge 3.1.6, Şekil 3.1.11). Hacim artımı bakımından 13 yaşta son sırada yer alan H populasyonu, yaş ilerledikçe diğer populasyonlar ile arasındaki farkı azaltmıştır



Şekil 3.1.11. Düzlerçamı deneme alanında populasyonların hacim bakımından karşılaştırılması. 13. yaşa ait hacim çubuklarla, 17 yaşa ait hacim taralı çubuklarla gösterilmiştir. İlgili yaşlara ait deneme ortalamaları yatay çizgilerle gösterilmiştir

Hacim artımı bakımından Düzlerçamı ve benzeri ağaçlandırma alanları için M nin seçilmesi halinde 13. yaş sonuçlarına göre deneme alanı ortalamasından % 40, yavaş büyüyen H'ye göre % 92 daha fazla odun hammaddesi elde edilebilecektir. Düzlerçamı denemesi şartlarında 17. yaşta M populasyonu deneme ortalamasına göre % 32, en az büyüyen H'ye göre % 68 daha fazla hacim artımı yapmıştır.

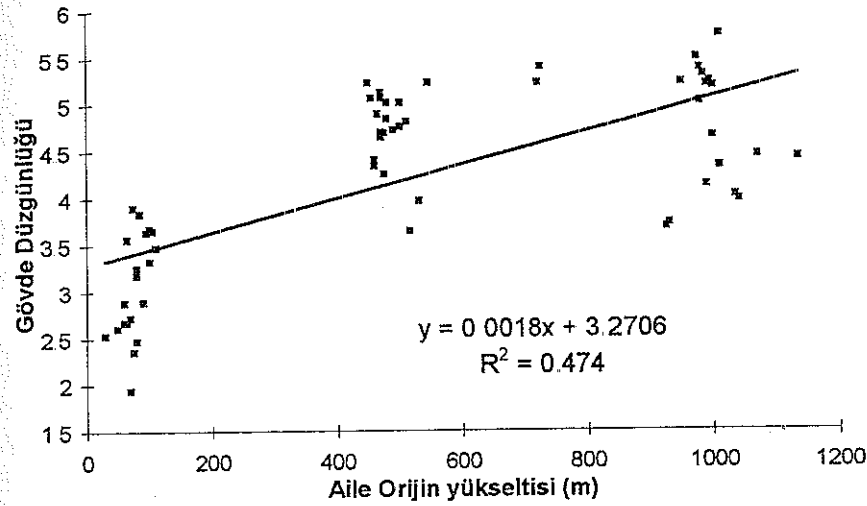
Hacim bakımından populasyon içi aileler arasında önemli farklılıklar gözlenmiştir (Çizelge 3 1.4 ve Çizelge 3 1.5). Örneğin M populasyonu içinde denemenin 17. yaşında en fazla hacim artımı yapan M3 (64 dm³) ile en az hacme sahip M8 (42 dm³) arasındaki oransal fark % 52 düzeyindedir. Hacim bakımından 17. yaşta ilk on aileden yedi tanesi M populasyonundan gelmiştir. En hızlı büyüyen M3 ailesinin Düzlerçamı ve benzeri alanların ağaçlandırılmasında tercih edilmesi halinde altı populasyon ortalamasına göre % 60 daha fazla hacim elde edilebilecektir.

Boy, çap ve hacim artımı bakımından üst sıralarda yer alan M3, M2, B6 ve B5 istikrarlı üstün ailelerdir. M10, K1, M8 nolu aileler ise istikrarsızdır (Çizelge 3.1.7). Kızılçamın optimum yayılışında yer alan populasyonlar ve ailelerin Düzlerçamı şartlarında artım bakımından daha üstün oldukları gözlenmektedir. Seleksiyonda bu kuşağa ağırlığın verilmesi halinde genetik kazancın daha fazla olacağı söylenebilir.

Gövde düzgünlüğü : Varyans analizleri sonuçlarına göre populasyonlar ve aileler gövde düzgünlüğü bakımından istatistik olarak farklı bulunmuştur (Çizelge 3 1.4 ve Çizelge 3.1.5) K populasyonu gövde düzgünlüğü bakımından tartışmasız bir üstünlüğe sahiptir (Çizelge 3 1.6) Kızılçamın optimum yayılışı dışındaki H populasyonunu bir kenara bırakırsak yükselti arttıkça gövde düzgünlüğünde bir iyileşme gözlenmektedir. Gövde düzgünlüğü bakımından K'yı, orta zon populasyonları M ve B izlemektedir. En kötü gövde düzgünlüğünü aşağı rakımdan gelen D yapmaktadır (Çizelge 3.1.6) Gövde düzgünlüğü bakımından populasyon içi aileler arası farklılık populasyon düzeyindeki farklılık düzeyine göre daha azdır. Aileleri gövde düzgünlüğü bakımından sıraladığımızda

D populasyonuna ait 10 aileden 9 tanesi son 15 aile içinde yer almaktadır. Altmış aile içinde en düzgün gövdeye sahip ilk 15 aileden 10 tanesi K populasyonuna aittir (Çizelge 3.1.7)

Ailelerin orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişki Şekil 3.1.12'de verilmiştir. Gövde düzgünlüğü ile aile orijin yükseltisi arasında yüksek ve pozitif yönde bir ilişki ($r=0.69^{***}$) vardır. Doğrusal regresyon modeli, rakıma göre gövde düzgünlüğündeki değişimin % 47'sini açıklamaktadır.



Şekil 3.1.12 Aile orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişki. Daha büyük gövde düzgünlüğü değerleri daha düzgün gövde düzgünlüğünü ifade etmektedir (aile sayısı n=60).

Regresyon analizinde daha izole bir konumda bulunan H populasyonunu dışladığımızda aile orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki belirtme katsayısı daha da ($R^2=0.86$) artmaktadır. Kızılçamda gövde düzgünlüğü için populasyon ve aile düzeyinde bir seleksiyon ile önemli oranda genetik kazanç sağlanabilecektir.

Çizelge 3 1 7

Düzlerçamı deneme alanında boy, çap ve gövde düzgünlüğü bakımından gözlem yapılan yıllarda ilk onbeşe giren aileler

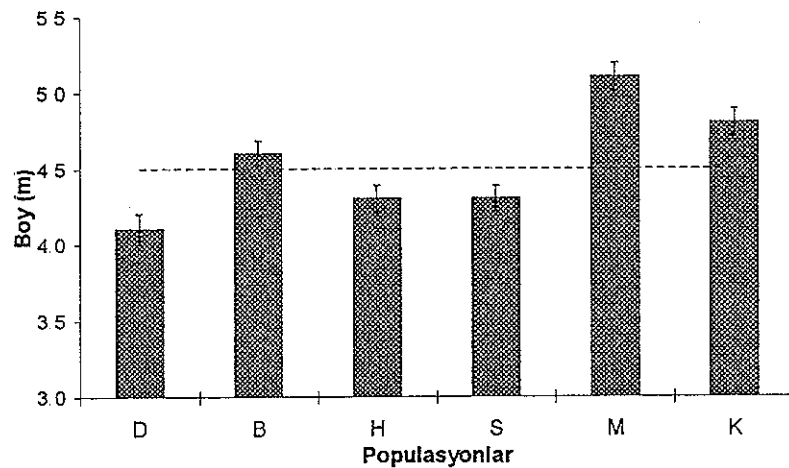
Sıra No	BOY			ÇAP		HACİM		GF ¹⁾
	6 yaş	13 yaş	17 yaş	13 yaş	17 yaş	13 yaş	17 yaş	17 yaş
1	M10	M3	M3	M3	M3	M3	M3	K1
2	M3	M2	M2	M2	M2	M2	M2	K9
3	M2	M10	B6	M10(-)	M12	B5	B6	K11
4	M13	M6	M6	B5	B6	M10	B5	K8
5	M8	B5	M10	M12	B5	M8(-)	M9(+)	K7
6	M6	B6(+)	B5	B6	M9(+)	M12	M12	M13
7	M12	K5	M13	M8(-)	M13	B6	M13	M3
8	K5	K1	M9(+)	M6	K11(+)	M6	M6	K3
9	K7	K7	K5	D2(-)	S4	D6	M10	K12
10	K1	M12	K7	S4	M6	M13	D6	K10
11	M7	M8(-)	M12	M7	D6	M7	S4(+)	K6
12	B1(-)	S4	B9	K1	M7	K5(-)	K11	K5
13	K6(-)	M13	K1	M13	D2	D3(-)	B9	B8
14	M5(-)	M7	M7	D3(-)	K1	K1(-)	M7	M2
15	B9(-)	K12(-)	K11	D6	B9	D2(-)	H15	B5

- 1) Aile ortalamaları için EK-8'de verilen çizelgelere bakınız
 - Bir önceki yaşta sıralamada yer alırken, alt sıralara düşen aileler
 + Sıralamada ilk kez yer alan aile
 2) Gövde düzgünlüğü

3.1.3 Bük deneme alanı

Boy: Populasyonlar arasındaki ortalama boy farklılığı istatistik olarak önemli düzeyde ($p < 0.001$) bulunmuştur (Çizelge 3.1.8). Bük deneme alanında 18. yaşta en fazla boylanmayı M populasyonu yapmıştır. Lokal bir populasyon olan B ile orta yükselti kuşağından gelen K populasyonları ikinci sırayı paylaşmaktadırlar (Çizelge 3.1.9). M populasyonu deneme alanı ortalamasına göre % 11, en az boy artımı yapan D'ye göre % 22 göre daha fazla boy artımı yapmıştır. Populasyonlardan yalnızca orta yükselti kuşağından gelen M, K ve B deneme ortalamasını geçmiştir (Şekil 3.1.13).

Bük şartlarında yaş ilerledikçe aşağı rakımlardan gelen S ve D populasyonları ile diğer populasyonlar arasındaki fark artmaktadır. Örneğin M ile D arasındaki boy farkı altıncı yaşta % 13 iken (Işık vd 1987), bu fark 18. yaşta % 22'ye çıkmıştır. H populasyonu ise sıralamada son sırada iken beşinciliğe yükselmiştir. Populasyon içi aileler arasında boylanma bakımından istatistik olarak önemli düzeyde bir farklılık gözlenmemiştir (Çizelge 3.1.8). Bu deneme alanında altıncı yaşta ilk onbeş aile sıralamasında yer almayan B13 nolu ailenin, 18 yaşta ilk sırayı alması ilginçtir. Boy karakteri için ilk onbeş aile içinde lokal bir populasyon olan B'den sadece iki aile yer alırken, ailelerin yarıya yakını (% 47) M populasyonuna aittir (Çizelge 3.1.10). Boy



Şekil 3.1.13. Bük deneme alanında altı populasyonun 18 yaşta ulaştıkları boylar

Çizelge 3 1 8

Bük deneme alanında 18. yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları. Çizelgedeki varyanslardır (kareler ortalamaları) verilmiştir

V.K.	BOY		ÇAP		HACİM		GF ¹⁾	
R	2797	ns	96 83	ns	5.96	ns	0 1830	ns
P	146462	***	6173 23	***	1008.09	***	5 1826	***
RP	10352	ns	679 59	ns	114.96	ns	0 1327	ns
F(P)	12889	*	656 86	ns	89 09	ns	0 1209	ns
RF(P)	8828	ns	522 18	ns	68 62	ns	0 1164	ns
e	10150		496 96		70 90		0 1191	
Hata s.d.	581		583		581		581	

* *** 0.05 ve 0.001 olasılık düzeyinde farklı

ns İstatistik olarak farklı değil

1) Gövde düzgünlüğü

F testleri ANOVA 2'ye (Çizelge 2 2.2) göre yapılmıştır

Diğer bileşenlerin serbestlik dereceleri Çizelge 2 2.2'deki modele göre hesaplanabilir

Diğer kısaltmalar için Çizelge 3 1 8'ye bakınız

Çizelge 3 1 9

Bük deneme alanında populasyon ortalamalarının karşılaştırılması*

POP	BOY (cm)		ÇAP (cm)		HACİM (dm ³)		GF ¹⁾	
	bs		bs		bs		bs	
D	413	c 6	5.9	d 6	9.8	d 6	2.53	c 6
S	433	c 4	6.7	bc 3	12.2	bcd 4	2.71	c 5
B	463	b 3	6.9	b 2	13.2	b 2	3.63	b 3
M	505	a 1	7.9	a 1	17.6	a 1	3.94	b 2
K	476	b 2	6.6	bcd 4	12.7	bc 3	4.43	a 1
H	431	c 5	6.1	cd 5	10.3	cd 5	3.61	b 4
\bar{X}	453.5		6.7		12.6		3.47	

* Aynı harfi taşıyan populasyonlar bir sütundaki ilgili karakter için birbirinden farklı değildir (p=0.05).

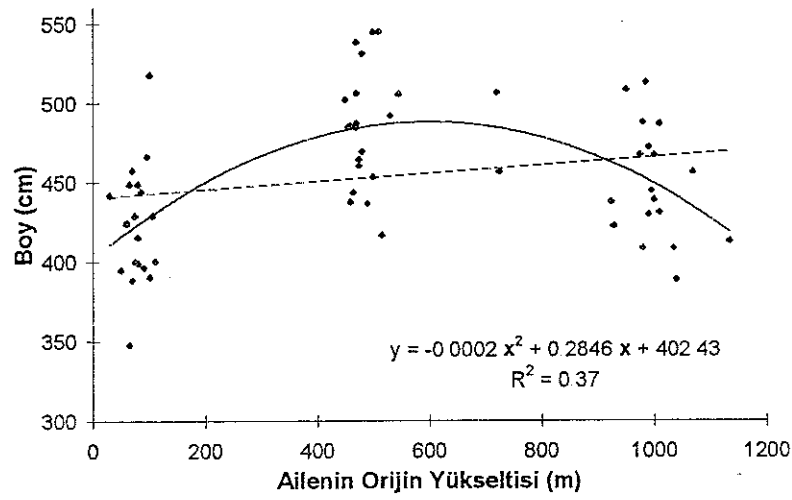
bs Populasyon ortalamalarının büyüklük sırası

\bar{X} Deneme alanı ortalaması,

1) Gövde düzgünlüğü.

sıralanmasında altıncı yaşta ilk onbeş içinde yer alan ailelerin ancak % 33'ü 18. yaştaki sıralamaya girmiştir. Boy bakımından beşinci sırada yer alan S8 nolu aile diğer denemelerde de üst sıralarda yer almakta, çap ve hacim artımı bakımından üstün bir performans göstermektedir. Bük deneme alanında M10, M2 ve M8 istikrarlı üstün ailelerdir.

Bük deneme alanında boy değerleri ile ailelerin orijin yükselti ilişkisi incelenmiştir. Bu ilişki görsel karşılaştırma amacıyla Şekil 3.14'de verilmiştir.

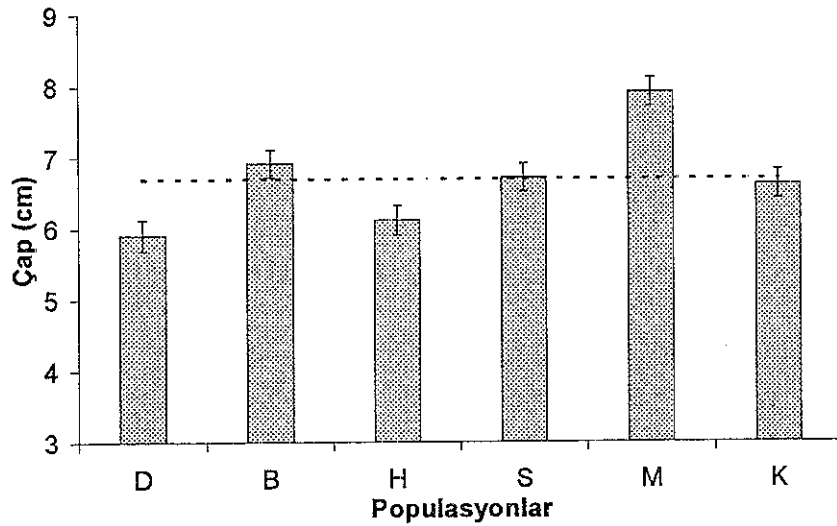


Şekil 3.14 Bük deneme alanında boy-aile orijini yükseltisi ilişkisi. Kesikli çizgi, doğrusal modeli göstermektedir (aile sayısı n=60)

Regresyon eşitliklerini test etmek için yapılan varyans analizi sonuçlarına göre yükselti-boy arasındaki eğrisel bir eşitlik 0.001 olasılık düzeyinde anlamlıdır. Model, rakıma göre boylardaki değişimin % 37'sini ($R^2=0.37$) açıklamaktadır (Şekil 3.14). Boy-yükselti için doğrusal model yine istatistik olarak önemli bulunmuştur ($p<0.001$). Ancak model, rakıma göre boylardaki değişimin yalnızca % 16'sını (korelasyon katsayısı $r=0.39^*$) açıklamaktadır. Boy-yükselti ilişkisini ikinci dereceden bir model daha iyi açıklamaktadır. Orta rakımdan gelen aileler Bük denemesi şartlarında daha fazla boy artımı yapmakta, ailelerin geldiği yükselti azaldıkça yada arttıkça boy artımı düşmektedir.

Çap : Çap bakımından populasyonlar arasındaki fark istatistik olarak önemlidir ($p < 0.001$). Bük deneme alanında en fazla çap artımını M, en az çap artımını ise D yapmıştır (Çizelge 3.1.9, Şekil 3.1.15) M'nin nispi farkı deneme ortalamasına göre % 18, D'ye göre % 34 daha fazladır. Bu populasyon lokal bir populasyon olan B'ye göre de % 10 daha fazla çap artımı yapmıştır.

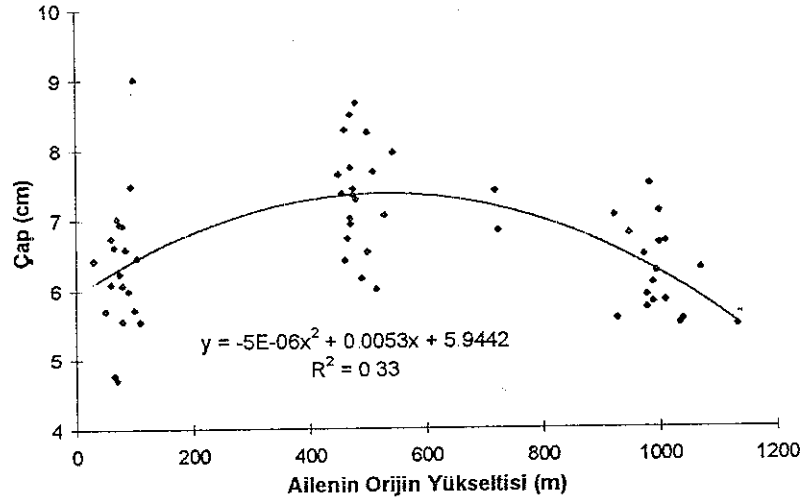
Alçak zondaki Kepez deneme alanında çap bakımından ilk sırada olan S populasyonu, Bük deneme alanında üçüncü sıraya düşmüştür. Çap artımında deneme ortalamasının üstüne gerçekte yalnızca M çıkmaktadır. Diğer populasyonların ortalaması ya deneme ortalamasına yakın ya da daha düşüktür (Şekil 3.1.15).



Şekil 3.1.15. Bük deneme alanında populasyonların 18. yaşta ulaştıkları çaplar. Çubukları kesen kesikli çizgi deneme alanı ortalamasıdır.

Çap artımında populasyon içi aileler arasında istatistik olarak önemli bir farklılık gözlenmemiştir (Çizelge 3.1.8). Çap bakımından ilk 15'e giren ailelerin % 53'ü M populasyonundan gelmiştir. Bu çalışmada populasyon içindeki ailelerin her birinin performansından çok, incelenen karakterler için gözlenen varyasyona katkısı önem taşımaktadır. Diğer bir deyimle tür içinde genetik çeşitliliğin dağılımı ve populasyonların genetik yapısı üzerinde durmak amaçlanmıştır. Bu nedenle analizlerde aileler rastlantısal bir işlem olarak kabul edilmiştir.

Bük deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile boy arasındaki ilişkileri irdelemek üzere çeşitli regresyon modelleri denenmiştir. Yükseltiye göre boy karakterindeki değişimi en iyi açıklayan modelin ikinci dereceden (polinomial) bir eşitlik olduğu görülmüştür (Şekil 3.1.16) Bağımsız bir değişken olarak alınan ailenin orijin yükseltisi çaptaki değişimin % 33'ünü açıklamaktadır ($R^2=0.33$) Çap ve boy artımında üstün bir büyüme özelliği gösteren S8 nolu aile analizden çıkarıldığında ikinci dereceden modelin ilişkiyi açıklama yüzdesi ($R^2=0.41$) daha da artmaktadır. Şekil 3.1.16'ten de görüleceği üzere en fazla çap artımını orta yükselti zonundan gelen aileler yapmaktadır. Yükselti arttıkça veya azaldıkça çap artımında da bir düşme gözlenmektedir.

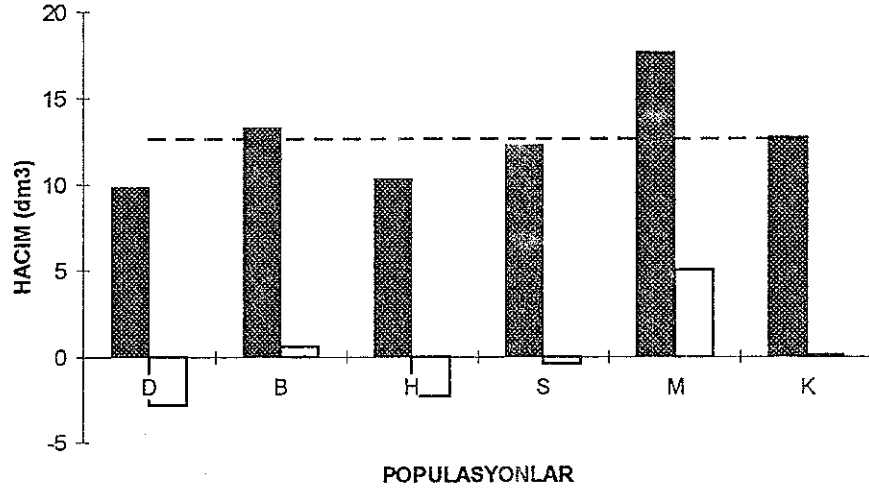


Şekil 3.1.16. Bük deneme alanında yükselti-çap ilişkisi (aile sayısı, n=60)

Hacim : Hacim artımı bakımından populasyonlar arasındaki fark istatistik olarak anlamlı bulunmuştur ($p<0.001$) Populasyon içi aileler arası farklılık ise çapta olduğu gibi istatistik olarak önemli değildir (Çizelge 3.1.8) Çizelge 3.1.9 ve Şekil 3.1.17'den de görüleceği üzere en fazla hacmi M populasyonu yapmaktadır.

Hacmin büyüklüğünü ilgili hacim formülü gereği daha çok çap belirlediği için, populasyonların çap ve hacim sıralanması paralellik göstermiştir. M'nin yavaş gelişen D'ye göre çap farkı % 80, deneme alanı ortalamasına göre ise % 40 olmuştur. Yine

M populasyonu, lokal bir populasyon olan B populasyonuna göre % 33 daha fazla hacim artımı yapmıştır.

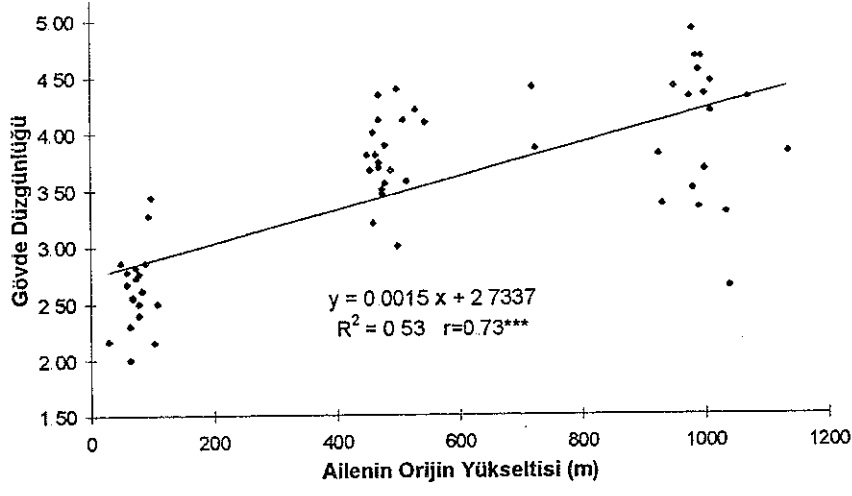


Şekil 3.1.17 Bük deneme alanında altı populasyonun karşılaştırmalı hacim (dm^3) artımı. Deneme ortalaması kesikli çizgi ile gösterilmiştir. Beyaz çubuklar populasyonun deneme ortalamasından eksi veya artı yöndeki sapmasını göstermektedir.

Deneme alanında en fazla hacim artımını S8 (21.9 dm^3) ve M10 (21.1 dm^3) nolu aileler yapmıştır. En fazla çap artımını yapan ilk onbeş aile arasında M'den sekiz aile yer alırken, lokal populasyon olan B'den yalnızca üç aile yer almıştır (Çizelge 3.1.10). En fazla çap artımını yapan S8 nolu aile deneme alanı ortalamasından % 74, kendi populasyon ortalamasından % 80 daha fazla hacim yapmıştır.

Gövde düzgünlüğü : Gövde düzgünlüğü bakımından populasyonlar arasında önemli ($p < 0.0001$) farklılıklar vardır (Çizelge 3.1.8). Diğer deneme alanlarında olduğu gibi en düzgün gövde düzgünlüğünü K populasyonu oluşturmaktadır (Çizelge 3.1.9). Son sırada aşağı rakımlardan gelen D ve S populasyonları paylaşmaktadırlar.

Bük deneme alanında yükselti-gövde düzgünlüğü ilişkisi Şekil 3.1.18'de verilmiştir. Çap karakterinin aksine ailenin orijin yükseltisi-gövde düzgünlüğü arasındaki doğrusal ilişki istatistik olarak anlamlıdır (Şekil 3.1.18).



Şekil 3.1.18. Bük deneme alanında aile orijin yükseltisi-gövde düzgünlüğü indeksi ilişkisi Gövde düzgünlüğü indeksinin değer olarak büyük olması daha düzgün gövde düzgünlüğü anlamına gelmektedir (aile sayısı, n=60)

Doğrusal regresyon modeli bağımsız değişken olan rakımın gövde düzgünlüğündeki değişimin % 52'sini açıklamaktadır. İki değişken arasındaki korelasyon ($r=0.73^{***}$) pozitif yönde ve istatistik olarak önemlidir. Denemede yer alan ailelerin orijin yükseltisi arttıkça, daha güzgün gövde düzgünlüğü oluşturmaktadırlar. Aileler bu özelliklerini Kepez ve Düzlerçanı deneme alanlarında olduğu gibi Bük denemesinde de ortaya koymuşlardır. Bu durum gövde düzgünlüğünün özellikle populasyon düzeyinde genetik kontrol altında olduğunu işaret etmektedir. Gövde düzgünlüğü için yüksek rakımlı populasyonların seçimi halinde ağaçlandırmalarda bu karakter için önemli düzeyde ilerleme sağlanabilecektir.

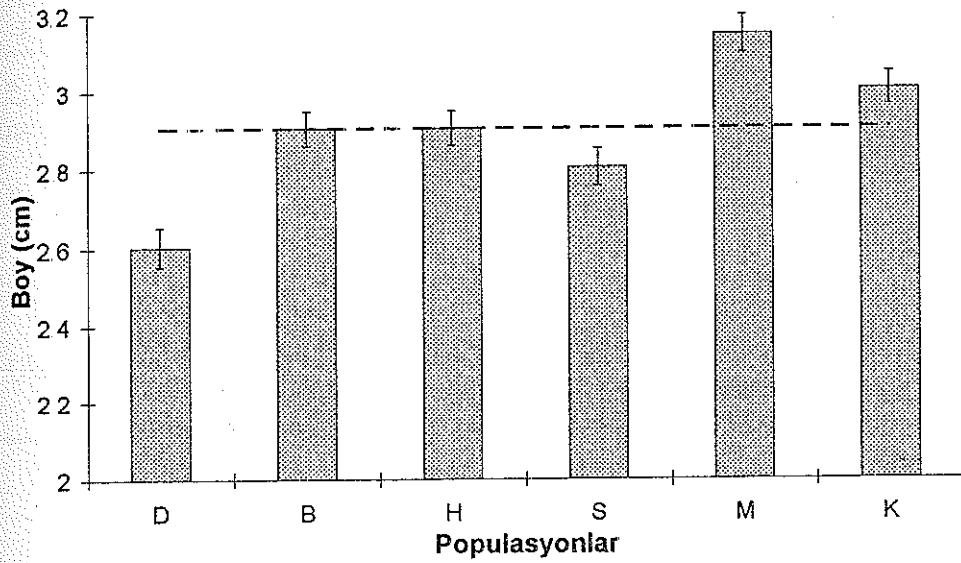
Çizelge 3.1 10 Bük deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından 18 yaşta ilk onbeşe giren aileler¹⁾

Sıra No	BOY		ÇAP	HCM	GF ³⁾
	6. yaş ²⁾	18. yaş			
1	S8	B13 (+)	S8	S8	K8
2	M10	M10	M8	M10	K7
3	M2	M2	M2	M8	K3
4	M8	M8	M5	M2	K6
5	M5 (-)	S8	M10	M5	K1
6	M3	K7 (+)	M13	M3	K12
7	B9 (-)	K10 (+)	M9	B13	K10
8	D3 (-)	K12 (+)	B13	M13	M10
9	K6 (-)	M6 (+)	M3	M9	M6
10	K1 (-)	M13 (+)	S7	K7	K5
11	M9 (-)	M3	K7	K12	K9
12	K3 (-)	M12 (+)	B9	B5	H11
13	B5 (-)	K8 (+)	K12	M7	M12
14	D15(-)	B8 (+)	B5	B8	H14
15	K7	H14 (+)	M7	S7	B13

- 1) Aile ortalamaları için EK-8'de verilen çizelgelere bakınız.
2) Işık vd'den (1987) alınmıştır
+ Sıralamaya sonradan katılan aileler
- Bir sonraki gözlemden sıralamaya giremeyen aileler
3) Gövde düzgünlüğü

3.1.4. Yenicedere deneme alanı

Boy : Yenicedere deneme alanında populasyonlar boy bakımından istatistiksel olarak farklı bulunmuştur ($p \leq 0.001$). M populasyonu hızlı boy büyümesi ile diğer populasyonlardan ayrılmaktadır (Çizelge 3.1.12) M'nin 18 yaşta Yenicedere deneme alanında ulaştığı boy 313 cm dir. Aşağı rakımlardan gelen S (282 cm) ve D (258 cm) boy bakımından sıralamada son iki sırayı paylaşmaktadırlar (Şekil 3.1.19)



Şekil 3.1.19. Yenicedere deneme alanında populasyonların 18. yaşta ulaştıkları boy

M populasyonu deneme alanı ortalamasına (290 cm) göre % 8, en az boy artımı yapan D populasyonuna göre % 22 daha fazla boy yapmıştır. M ile D arasındaki nispi (altıncı yaşta % 13) boy farkı yaşa bağlı olarak artmıştır. Yenicedere deneme alanında populasyonların altıncı yaşta boy için oluşturduğu sıralama değişmemiştir.

Yenicedere deneme alanında populasyon içi aileler arasında da boy bakımından önemli ($p < 0.01$) farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 3.1.11). Deneme alanında en fazla artımı M3 nolu aile yapmıştır. M3 kendi populasyonuna göre % 14, denemenin ortalamasına göre % 23 daha boyludur. Yüksek zon olan Yenicederede boy karakterine göre ilk onbeşe giren ailelerden % 40'ı M'ye aittir (Çizelge 3.1.13). Bu deneme alanında H populasyonundan bir ailenin (H2) sıralamaya girmesi dikkat

Çizelge 3.1.11. Yenicedere deneme alanında 18 yaşta çalışılan karakterlere ait varyans analizi sonuçları (Çizelgede ilgili karakterlere ait varyanslar verilmiştir)

V.K.	BOY		ÇAP		HACİM		GF ¹⁾	
R	908	ns	310	ns	17 1	ns	1 06	ns
P	74580	***	2795	***	333 5	***	122 9	***
RP	3367	ns	483	ns	30.5	ns	0 97	ns
F(P)	8913	**	1035	*	73 6	*	2 88	***
RF(P)	5135	ns	682	ns	52.5	ns	1 25	ns
e	4949		593		45 7		1.13	
Hata s.d.	1249		1249		1249		1248	

*, **, *** 0.05, 0.01 ve 0.001 olasılık düzeyinde farklı ns istatistik olarak farklı değil

Kısaltmalar için Çizelge 3.1.1'e bakınız

1) Gövde düzgünlüğü

Çizelge 3.1.12 Yenicedere deneme alanında populasyonların boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından karşılaştırılması*

POP	BOY (cm)		ÇAP (cm)		HACİM (dm ³)		GF ¹⁾	
	bs		bs		bs		bs	
D	258	d 6	6 8	c 4	8 0	d 6	2.36	d 6
S	282	c 5	7 5	ab 2	10.3	b 2	2 70	e 5
B	291	bc 3	7 2	bc 3	9 6	b 5	3.51	c 3
M	314	a 1	7 8	a 1	11.7	a 1	3 83	b 2
K	299	b 2	7 2	abc 3	9 9	b 3	4.35	a 1
H	289	bc 4	7 2	abc 3	9 8	b 4	3.50	c 4
\bar{x}	290		7.3		9.9		3.4	

* Düşey sütunda ortalamaların karşısında aynı harfi taşıyan populasyonlar ilgili karakter için birbirinden farklı değildir (p=0.05)

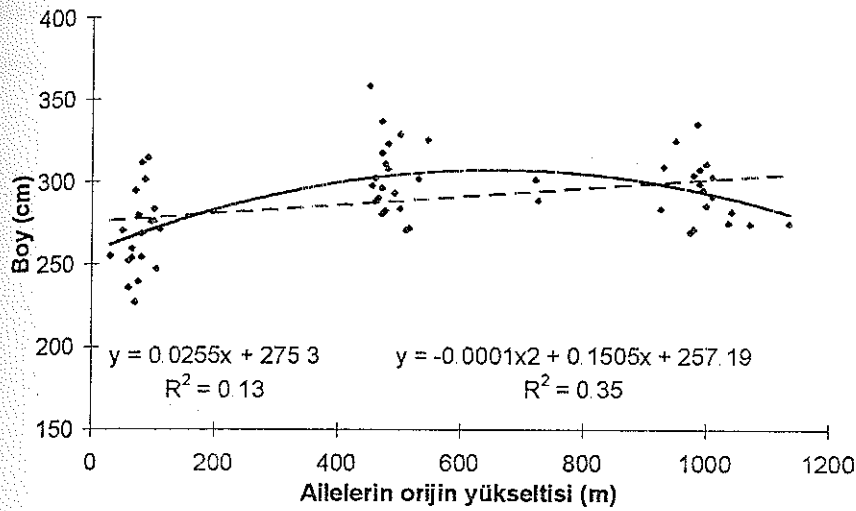
bs Populasyon ortalamalarının büyüklük sırası

\bar{x} Deneme alanı ortalaması

1) Gövde düzgünlüğü

çekicidir M popülasyonuna ait M3, M2, M10 ve M6 nolu aileler ile K10 nolu aile altıncı yaştan itibaren sıralamadaki üstünlüklerini korumaktadırlar.

Diğer deneme alanlarında olduğu gibi Yenicedere deneme alanında da ailelerin orijin yükseltisi ile boy arasındaki ilişki irdelenmiştir. Boy-yükselti arasında yürütülen regresyon analizi sonuçları Şekil 3.1.20'de özetlenmiştir.



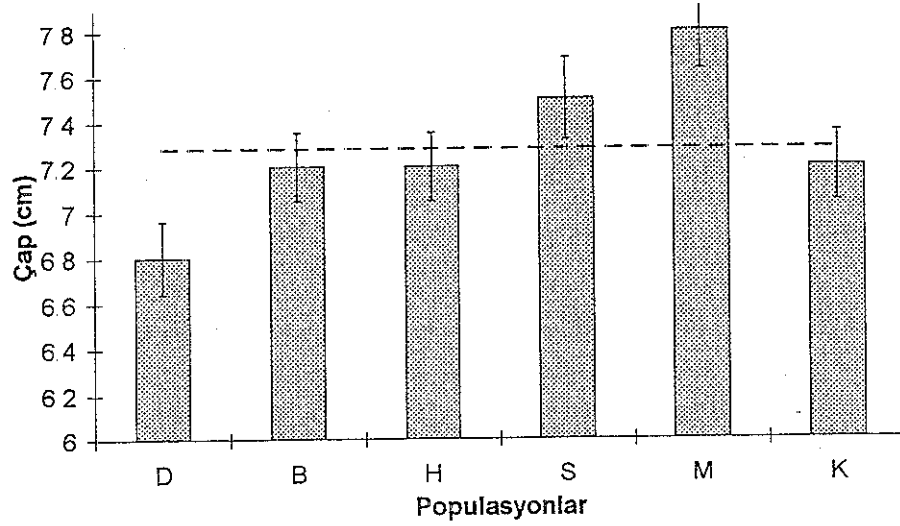
Şekil 3.1.20. Yenicedere deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile boy arasındaki ilişki (aile sayısı n=60)

Yenicedere deneme alanında doğrusal ($p > 0.004$) ve ikinci dereceden ($p > 0.0001$) regresyon modellerinin her ikisi de istatistik olarak önemli çıkmıştır. Yüksek rakımlı bir deneme alanı olan Yenicedere'de orta yükselti kuşağından gelen aileler boy bakımından daha başarılıdır. Ancak ikinci dereceden regresyon modelinin boy karakterindeki varyasyonu açıklama oranı daha yüksektir ($R^2 = 0.35$).

Çap : Çap bakımından popülasyonlar birbirinden istatistik olarak farklı bulunmuştur ($p \leq 0.001$). Yenicedere deneme alanında en fazla çap artımını M, en az D popülasyonu yapmıştır (Çizelge 3.1.12, Şekil 3.1.21). Çap artımı bakımından K ve H popülasyonları arasında istatistik anlamda bir farklılık yoktur. Altıncı yaşta beşinci sırada yer alan alçak yükselti orijinli S popülasyonunun, Yenicedere gibi yüksek rakımlı bir deneme alanında ikinciliğe yükselmesi dikkat çekicidir. En kalın gövde

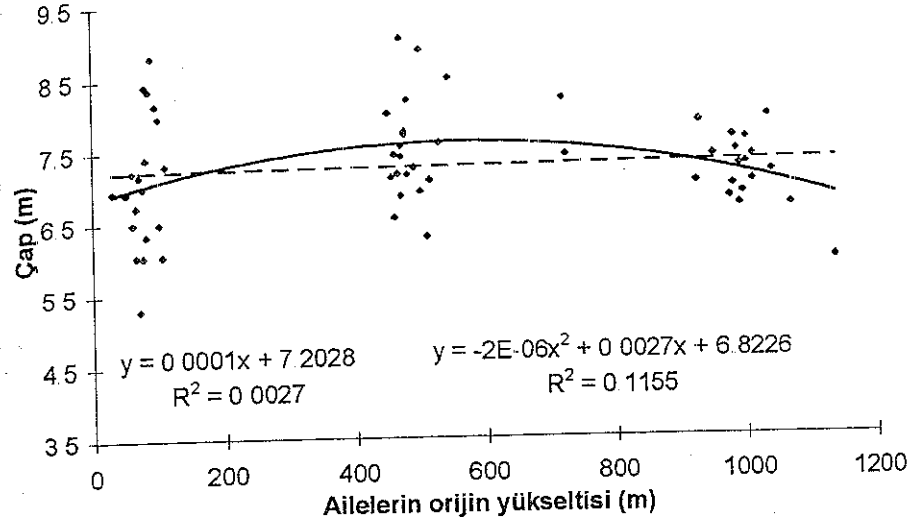
yapan M popülasyonunun deneme ortalamasına göre nispi çap farkı % 7, D'ye göre ise % 15 düzeyinde olmuştur

Çap bakımından popülasyon içi aileler arasındaki farklılık $p < 0.05$ olasılık düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 3.1.11). En kalın çap'ı M2 nolu aile (9.0 cm) yapmıştır. M2 nolu aile deneme alanına göre % 23, kendi popülasyonuna göre % 15 daha fazla çap yapmıştır. En kalın çaplı ilk onbeş aile arasında M ve S popülasyonlarından beşer aile girmiştir (Çizelge 3.1.13). S popülasyonuna ait ailelerin çap artımında başarılı oldukları gözlenmektedir.



Şekil 3.1.21 Yenicedere deneme alanında popülasyonların çap gelişimi bakımından karşılaştırılması. Çubukları kesen kesikli çizgi deneme (altı popülasyonun) ortalamasını göstermektedir

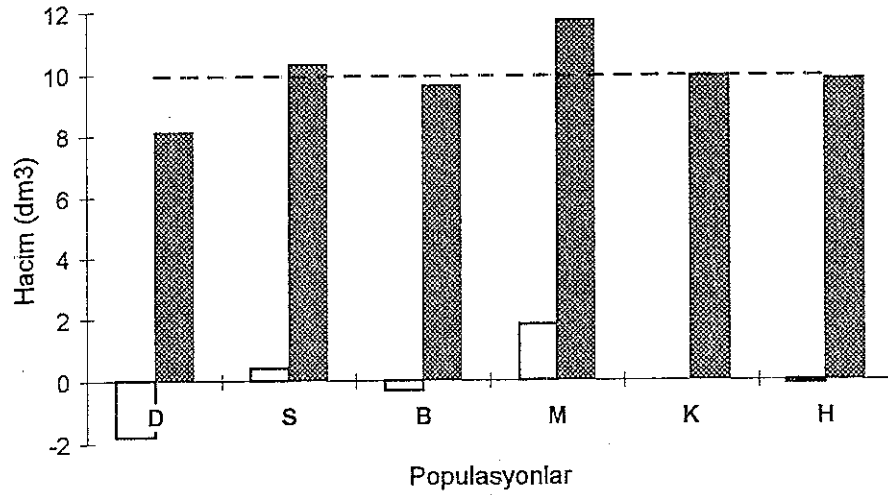
Yenicedere deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile çap arasındaki regresyon analizi sonuçları Şekil 3.1.22 verilmiştir. Aile orijin yükseltisi ile çap ilişkisi için denenen modellerden doğrusal model istatistik olarak önemsiz bulunmuş, ikinci derece regresyon modeli ise $p > 0.03$ olasılık düzeyinde önemli çıkmıştır (Şekil 3.1.22). Bağımsız değişken olarak alınan yükselti, çap karakterindeki değişimin ancak % 12'sini açıklamaktadır. Orta yükselti kuşağındaki aileler Yenicedere deneme alanında daha fazla çap artımı yapmaktadırlar



Şekil 3.1.22 Yenicedere deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile çap arasındaki ilişki (aile sayısı n=60)

Hacim : Hacim bakımından populasyonlar 0.001 olasılık düzeyinde farklı bulunmuştur (Çizelge 3.1.11) SNK testi sonuçlarına göre istatistiksel olarak en fazla hacim artımını M (11.7 cm^3), en az D (7.96 dm^3) yapmıştır. M ve D arasında kalan dört populasyon S, K, H ve B arasında önemli bir farklılık yoktur (Çizelge 3.1.12 ve Şekil 3.1.23). M populasyonu deneme ortalamasına göre % 18, en yavaş büyüyen D'ye göre % 46 daha fazla hacim yapmıştır. H populasyonu doğal yetiştirme ortamına en yakın olan bu deneme alanında dördüncü sıradadır ve kendisinden önce gelen K, B, ve S populasyonlarından anlamlı bir farklılığı yoktur. H'nin hızlı gelişen M ve deneme ortalaması ile oransal farkı diğer denemelere göre daha azdır. Yükselti arttıkça H'nin genetik potansiyelini daha iyi gösterdiği söylenilebilir.

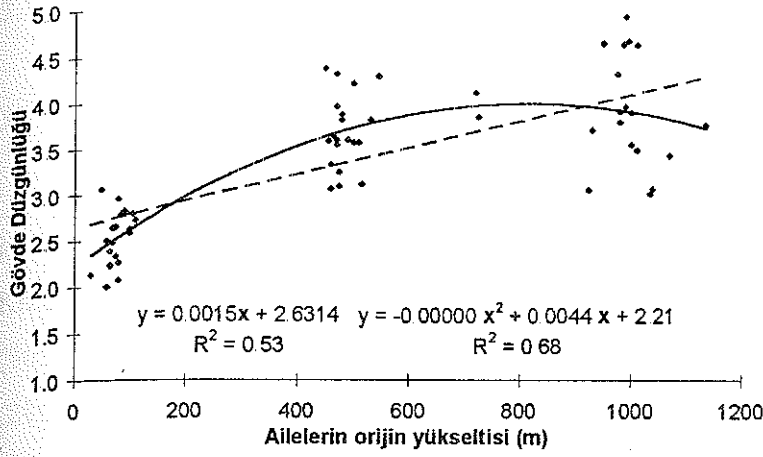
Yenicedere deneme alanında populasyon içi aileler arasında hacim bakımından önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 3.1.11). En hızlı büyüyen M populasyonuna ait M2 (15.26 dm^3) nolu aile ile yine kendi populasyonuna ait M5 (8.62 dm^3) nolu aile arasında hacim bakımından % 77 fark vardır. M2'nin deneme alanına göre oransal hacim farkı % 54, kendi populasyonuna göre farkı % 30 düzeyindedir. Hacim bakımından ilk onbeşe giren ailelerin beşi M'den, dördü aşağı rakımdan gelen S'ye aittir (Çizelge 3.1.13).



Şekil 3 1.23. Yenicedere deneme alanında altı populasyona ait hacim değerleri ve deneme alanı ortalamasından olan artı ve eksi yöndeki sapma miktarı

Gövde düzgünlüğü : Gövde düzgünlüğü bakımından populasyonlar ve aileler istatistiki olarak farklı bulunmuştur ($p \leq 0.001$) Diğer deneme alanlarında olduğu gibi en düzgün gövdeyi K populasyonu yapmaktadır. İkinci sıradaki M populasyonu istatistiksel olarak K ve diğer populasyonlardan farklıdır. Gövde düzgünlüğü bakımından son iki sırayı alçak rakımdan gelen S ve D yapmaktadır (Çizelge 3.1.12). Diğer deneme alanlarında olduğu gibi, K populasyonuna ait ailelerin gövde düzgünlüğü bakımından tartışmasız bir üstünlüğü gözlenmektedir. Aileleri gövde düzgünlüğü bakımından sıraladığımızda ilk onbeş aileden sekiz aile K populasyonundan gelmektedir (Çizelge 3.1.13)

Gövde düzgünlüğü indeksi-aile orijin yükseltisi ilişkisi Şekil 3.1.24'te verilmiştir. Regresyon analizi sonuçlarına göre aile orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü indeksi arasında güçlü ve pozitif yönde bir korelasyon ($r=0.73$) vardır. Diğer deneme alanlarında olduğu gibi ailelerin orijin yükseltisi arttıkça Yenicedere deneme alanında da daha düzgün gövde yapmaktadırlar. İkinci derece regresyon modeline göre gövde düzgünlüğündeki değişimin % 67'si, doğrusal modele göre ise % 53'ü ailelerin orijin yükseltisi ile açıklanmaktadır (Şekil 3.1.24).



Şekil 3.1 24. Yenicedere deneme alanında ailelerin orijin yükseltisi ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişkiler (aile sayısı, n=60)

Çizelge 3 1 13 Yenicedere deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından 18 yaşta ilk onbeşe giren aileler¹⁾

Sıra No	BOY		ÇAP	HCM	GF ²⁾	Sıra No
	6. yaş*	18. yaş				
1	M3	M3	M2	M2	K6	1
2	M2	M2	M10	M10	K3	2
3	K10	K7	S6	S6	K10	3
4	K7	M10	M13	M3	K7	4
5	B9	M13 (+)	S2	M13	K1	5
6	B2	K10	S4	S2	M3	6
7	M6	B2	B2	S4	M6	7
8	M10	M6	K12	B2	K9	8
9	B5 (-)	S6 (+)	S7	K12	M13	9
10	K3 (-)	S2 (+)	M3	H2	M10	10
11	M7 (-)	B9	S8	S7	K12	11
12	S4 (-)	K5	H13	M7	H5	12
13	S7 (-)	H2 (+)	H2	B9	B8	13
14	D9 (-)	M8 (+)	B9	K5	H4	14
15	K5	K6 (+)	M7	K7	K5	15

1) Aile ortalamaları için EK-8'de verilen çizelgelere bakınız.

* Işık vd'den (1987) alınmıştır

+ İlk onbeşe sonradan katılan aileler

- Altıncı yaşta ilk onbeşe arasında iken 18 yaşta sıralamaya giremeyen aileler

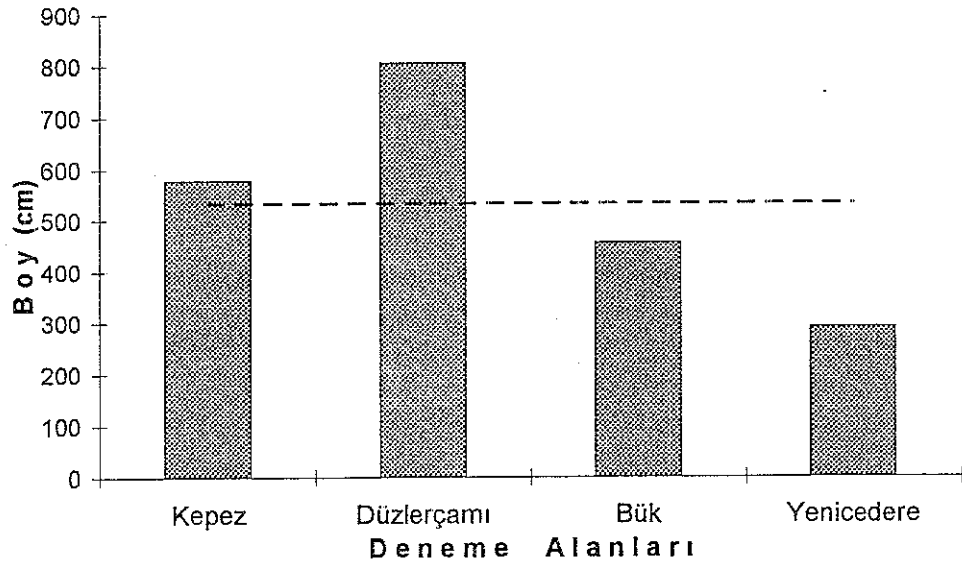
2) Gövde Düzgünlüğü

3.1.5 Deneme alanlarının toplu sonuçları

3.1.5.1 Deneme alanlarının karşılaştırılması

Varyans analizi sonuçlarına göre deneme alanları arasında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından önemli düzeyde farklılıklar vardır ($P < 0.001$) Kızılçam doğal populasyonları en fazla boy büyümesini Düzlerçamı deneme alanında (805 cm), en az boy büyümesini ise yüksek zondaki Yenicedere deneme alanında (290 cm) yapmıştır (Çizelge 3.1.15).

Deneme alanlarındaki boy büyümelerini görsel açıdan karşılaştırmak için Şekil 3.1.25 verilmiştir. Düzlerçamı deneme alanının ortalama boy değeri, ikinci sıradaki Kepez deneme alanına göre % 39, Yenicedere ortalamasına göre ise yaklaşık % 277 daha fazladır. Aynı deneme alanı genel ortalamaya göre % 53 daha fazla boy yapmıştır.



Şekil 3.1.25

Deneme alanlarının boy bakımından karşılaştırılması. Kesikli yatay çizgi dört deneme alanına ait genel ortalamadır

Çizelge 3.1.14. Dört denemenin birleştirilmiş varyans analizi sonuçları
(Çizelgede varyans değerleri verilmiştir)

V.K.	BOY	ÇAP	HACİM	GF ¹⁾
S	237 9 ***	686 4 ***	209828 ***	8 5084 ***
P	2 236 ***	92 33 ***	8210 ***	42 512 ***
SP	0 367 ***	15 98 ***	2251 ***	0 3985 ***
F(P)	0 226 ***	7 125 ***	626 7 *	0 4430 ***
SF(P)	0 075 ***	3 237 ***	398 8 ***	0 1302 ns
e	0 058	9969	224 14	0 1075
Hata s d.	4781	4781	4781	4772

*, **, *** 0 05, 0 01 ve 0 001 olasılık düzeyinde farklı

ns İstatistik olarak önemli değil

V.K. Varyasyon kaynağı

S Deneme alanları

SP Deneme alanı-populasyon etkileşimi

SF(P) Deneme alanı-aile etkileşimi

Diğer kısaltmalar için Çizelge 3 1.1'e bakınız

1) Gövde düzgünlüğü

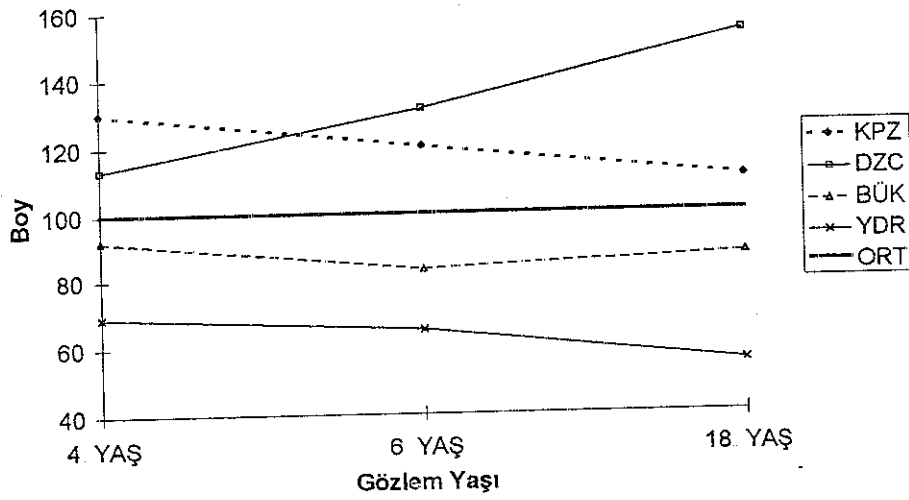
Çizelge 3.1.15. Deneme alanlarının boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü
bakımından karşılaştırılması*

Deneme alanı	BOY (cm)	ÇAP (cm)	HACİM (dm ³)	GF ¹⁾
Kepez	578 b	7 07 b	16 43 b	3 7 b
Düzlerçamı	805 a	9 98 a	39 68 a	4 2 a
Bük	455 c	6 70 c	12 48 c	3 5 c
Yenicedere	290 d	7 30 b	9 79 d	3 4 c
G. Ortalama	526	7 7	19 1	3 4

* Aynı harfi taşıyan deneme alanları bir sütundaki ilgili karakter için birbirinden farklı değildir (p=0 05)

1) Gövde düzgünlüğü

Deneme alanlarındaki boy büyümelerini yaşa bağlı olarak birbiriyle ve genel ortalama ile oransal olarak karşılaştırmak için Şekil 3 1.26 verilmiştir. Bunun için belirli bir yaşta her denemenin yaptığı boy genel ortalamaya bölünmüş, bulunan değer ilgili denemenin genel ortalamaya göre yaptığı nispi boy olarak alınmıştır. Örneğin 18. yaşta Kepez denemesinin nispi boyu yaklaşık $(578/526)100=110$, Yenicedere denemesinin yaptığı nispi boy $(290/526)100=55$ bulunmuştur. Her yaştaki genel ortalama boy ise 100 kabul edilmiştir.

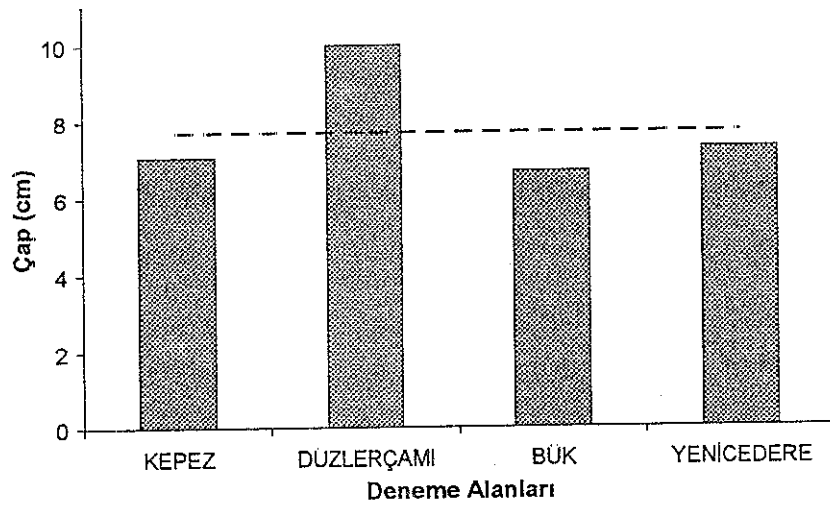


Şekil 3 1.26. Dört deneme alanına ait boy ortalamalarının 4, 6 ve 18. yaşlardaki genel ortalamalara göre nispi farkları. (Deneme alanlarına ait 4 ve 6. yaş boy ortalamaları Işık vd'den 1987 alınmıştır). KPZ=Kepez, DZC=Düzlerçamı (4, 6, ve 17. yaş), YDR=Yenicedere deneme alanları, ORT=Genel ortalama

Denemelerin yaşı arttıkça Düzlerçamı denemesinin genel ortalamaya ve diğer denemelere göre boy farkı artmaktadır (Şekil 3 1.26) Düzlerçamının tersine Kepez denemesinin ortalama boyu yaşa bağlı olarak azalarak genel ortalamaya yaklaşmaktadır. Örneğin 6. yaşta Kepez denemesinin ortalama boyu genel ortalamadan % 20 daha fazla iken, 18. yaşta bu fark % 10'a düşmüştür. Benzer bir eğilim Yenicedere deneme alanı için de gözlenmiştir. Bu deneme alanı 6. yaşta genel ortalamaya göre % 35 daha az boy değerine sahipken 18. yaştaki fark % 45'e çıkmıştır.

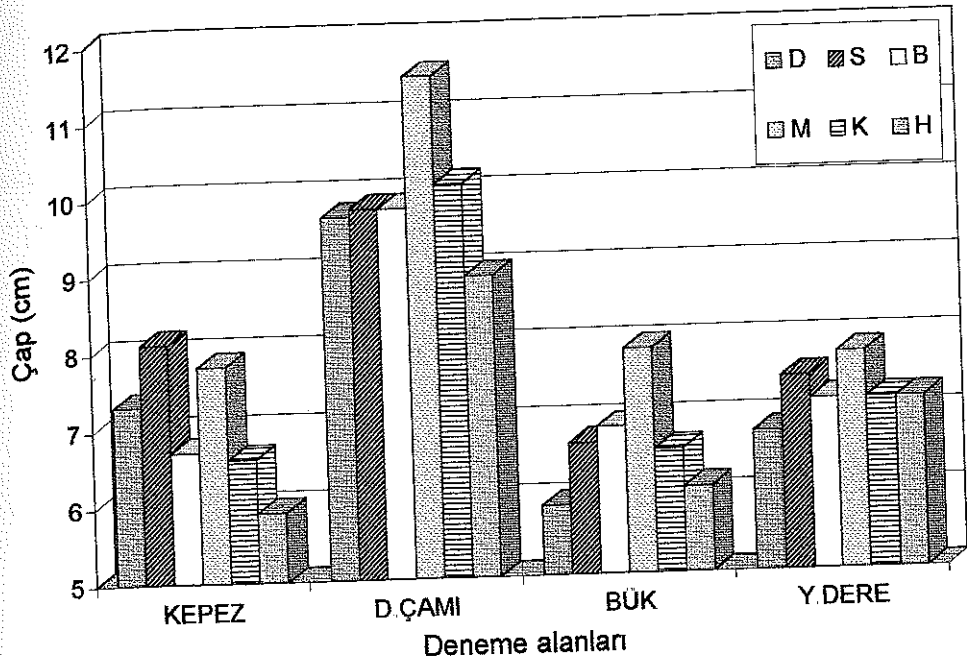
Deneme alanları arasında çap karakteri bakımından da önemli düzeyde farklılıklar gözlenmiştir (Çizelge 3.1.14). Kızılcam populasyonları en fazla çap artımını Düzlerçamı (9 98 cm) en az çap artımını ise Bük (6 70 cm) deneme alanında yapmıştır (Çizelge 3.1.15) İki deneme alanı arasındaki nispi farklılık % 49 dur. Düzlerçamı denemesi, genel çap ortalamasına göre % 30 daha fazla çap yapmıştır (Şekil 3.1.27 ve Şekil 3.1.28).

Deneme alanları arasında boy ve çap için gözlenen önemli düzeydeki farklılık bu iki boyutun karakterize ettiği hacim için de gözlenmiştir (Çizelge 3.1.14) Düzlerçamı deneme alanındaki ortalama hacim (39.68 dm³) diğer üç deneme alanının toplamından daha fazla olmuştur. Düzlerçamı deneme alanının, kendisine en yakın Kepez deneme alanına göre hacim farkı 2.5 kat, Yenicedere deneme alanına göre 4 kat daha fazladır (Çizelge 3.1.15) Bu deneme alanının genel hacim ortalamasına göre farkı iki kattan daha fazladır (Bkz Şekil 3.1.29).

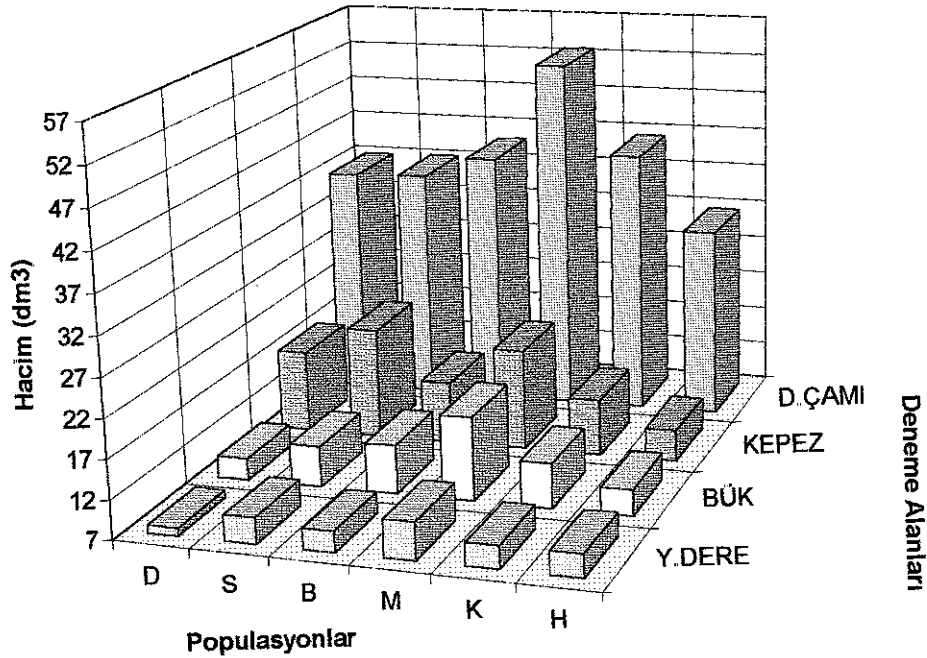


Şekil 3.1.27 Deneme alanlarının çap karakteri bakımından karşılaştırılması Kesikli çizgi çap karakterine ait 18 yaştaki genel ortalamadır

Deneme alanları arasında gövde düzgünlüğü bakımından da istatistik olarak önemli farklılıklar bulunmuştur (Çizelge 3.1.14). Gövde kalitesinin en düşük olduğu deneme alanları Bük ve Yenicedere'dir. Yenicedere'de kar baskısı, Bük denemesinde maki elemanlarının rekabeti, gövde düzgünlüğü indeksinin diğer denemelere göre daha düşük çıkmasının nedenleri arasında sayılabilir



Şekil 3.1.28 Deneme alanlarının ve her deneme alanı içinde populasyonların çap artımı bakımından karşılaştırılması



Şekil 3.1.29 Deneme alanlarının ve her deneme alanında populasyonların hacim artımı bakımından karşılaştırılması

3.1.5.2 Populasyon ve ailelerin karşılaştırılması

Boy : Dört deneme alanının toplu analizinde populasyonlar arasında boy bakımından istatistik olarak önemli farklar gözlenmiştir (Çizelge 3.1.14).

Dört deneme alanından elde edilen sonuçlara göre boy bakımından en fazla artımı M populasyonu yapmıştır. İkinci sırayı K, B, ve S, son sırayı D ve H populasyonları almaktadırlar (Çizelge 3.1.16, Şekil 3.1.30)

Çizelge 3.1.16. Dört deneme alanının toplu analizinde populasyonların boy çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından karşılaştırılması*

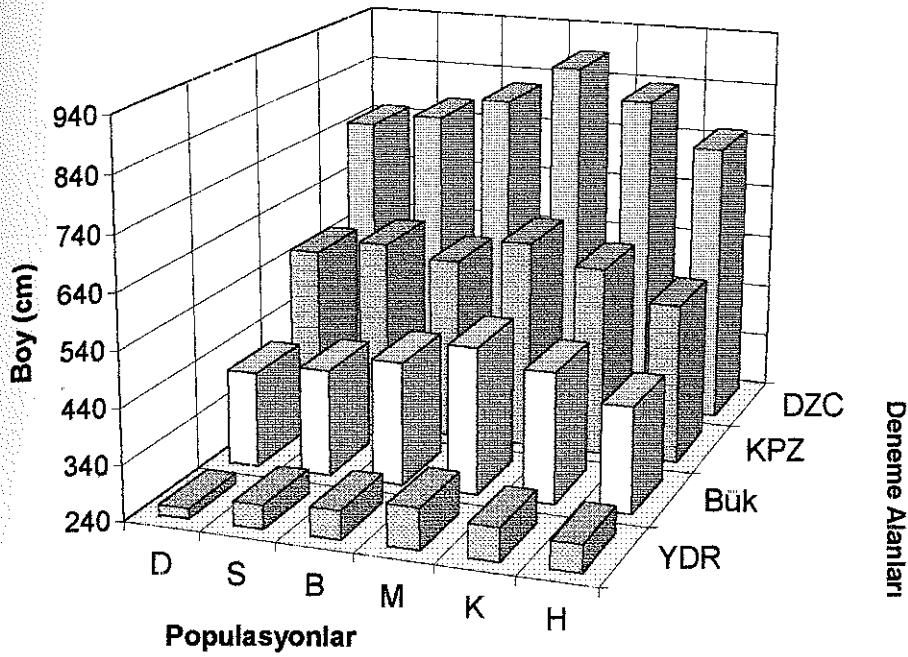
POP	BOY		ÇAP		HACİM		GF ¹⁾	
	(cm)	bs ⁺	(cm)	bs	(dm ³)	bs		bs
D	506	c 5	7.41	c 5	17.98	b 5	2.54	f 6
S	520	b 4	8.02	b 2	20.02	b 2	2.90	e 5
B	528	b 3	7.63	c 3	19.25	b 4	3.92	c 3
M	571	a 1	8.74	a 1	25.49	a 1	4.17	b 2
K	535	b 2	7.59	c 4	19.42	b 3	4.77	a 1
H	490	c 6	6.98	d 6	15.42	c 6	3.80	d 4
Genel Ort	525		7.73		19.60		3.68	

* Aynı harfi taşıyan populasyonlar bir sütundaki ilgili karakter için birbirinden farklı değildir p=0.05)

+ Sıra no

1) Gövde düzgünlüğü

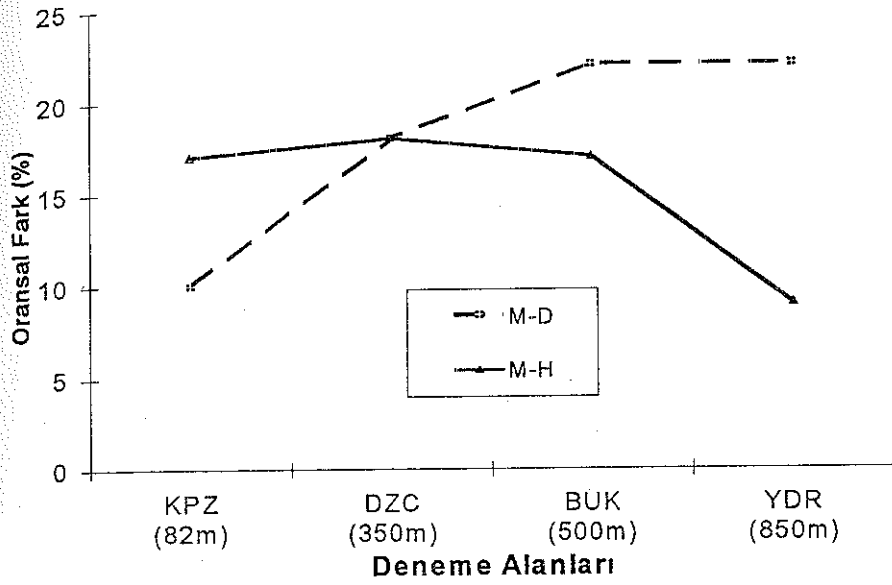
M populasyonu, genel boy ortalamasına göre % 9, en yavaş büyüyen H populasyonuna göre % 16 daha fazla boy yapmıştır. Populasyonlar arasındaki bu nispi farklılıklar her deneme alanı içindeki ikili karşılaştırmalarla paralellik içindedir. Örneğin M'nin her bir deneme alanında, kendi boy ortalaması ile bulunduğu deneme alanının ortalaması karşılaştırıldığında, Kepezde % 7, Düzlerçamında % 9, Bük'te % 10 ve Yenicederede % 8 daha büyük boy'a sahip olduğu görülmüştür



Şekil 3 1 30 Deneme alanlarının ve her denemede populasyonların boy (cm) bakımından karşılaştırılması Deneme alanları: YDR=Yenicedere, KPZ=Kepez, DZC=Düzlerçamı

Deneme alanlarının toplu değerlendirilmesinde boy karakteri için çevre x populasyon etkileşimi de istatistik olarak önemli çıkmıştır (Çizelge 3 1 14) Bazı populasyonlar her deneme alanında aynı başarı düzeyini göstermemişlerdir. Örneğin Kepez deneme alanında ikinci sırada yer alan S, diğer deneme alanlarında daha alt sıralara düşmektedir (Çizelge 3 1 16) Deneme alanının yükseltisi arttıkça yüksek orijinli H populasyonu sıralamada daha üst basamaklara tırmanmaktadır M ve K populasyonlarının istikrarlı, S ve H populasyonlarının daha istikrarsız oldukları söylenebilir

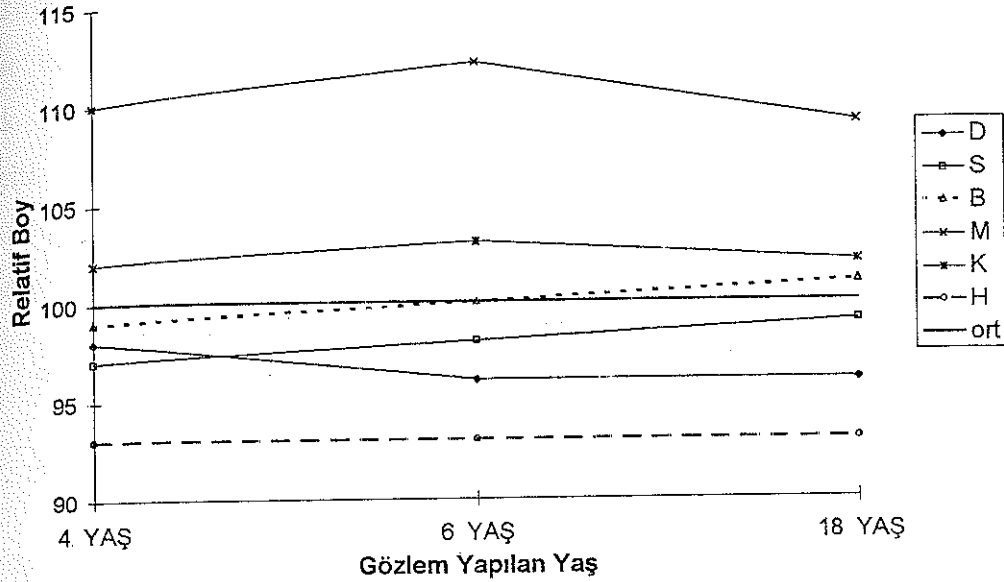
Populasyonların birbirine karşı olan oransal farklarının deneme alanlarına göre önemli düzeyde değişmesi de populasyon x deneme alanı etkileşimine katkıda bulunmaktadır (Şekil 3 1 31) Örneğin Kepez deneme alanında M ile H arasındaki oransal fark %17 iken (Çizelge 3 1 2), Yenicedere deneme alanında bu fark %9'a düşmüştür (Çizelge 3 1 12) Yine benzer şekilde hızlı gelişen M populasyonu ile alçak zon orijinli D arasındaki oransal boy farkı alçak zonda en az, yüksek zonda en fazladır (Çizelge 3 1 2 ve Çizelge 3 1 12)



Şekil 3.1.31. Deneme alanlarına göre M populasyonu ile alçak zon orijinli D ve yüksek zon orijinli H populasyonları arasındaki oransal boy farkı. Şekilde M-H=M populasyonunun H'ye göre oransal farkını, M-D=ise M'nin D'ye göre oransal farkını göstermektedir

M populasyonu ile H arasındaki en az nispi boy farkı Yenicedere (850 m), M ile alçak zon orijinli D arasındaki en az boy farkı Kepez (82 m) deneme alanında gözlenmiştir (Şekil 3.1.31). M, tüm deneme alanlarında boy bakımından en üstün populasyon olmasına rağmen, "kenar" deneme alanlarına doğru gidildikçe M'nin üstünlüğü lokal populasyonlara göre azalmaktadır. Bir diğer deyimle kenar populasyonlar, diğer deneme alanlarına kıyasla, kendi doğal ortamlarında boy bakımından daha başarılıdır.

Populasyonlar arasındaki oransal boy farkının yaşa bağlı değişimi ve populasyonların genel ortalamaya göre yaptıkları oransal boy farkları Şekil 3.1.32'de verilmiştir. Altıncı yaştan itibaren nispi boy farklarında önemli bir değişiklik gözlenmemiştir. M, K, ve B genel ortalamasının üstünde yer alırken, S, H ve D ise genel ortalamasının altında yer almaktadır. B ve S yaşa bağlı olarak yükselme eğilimi içindedirler



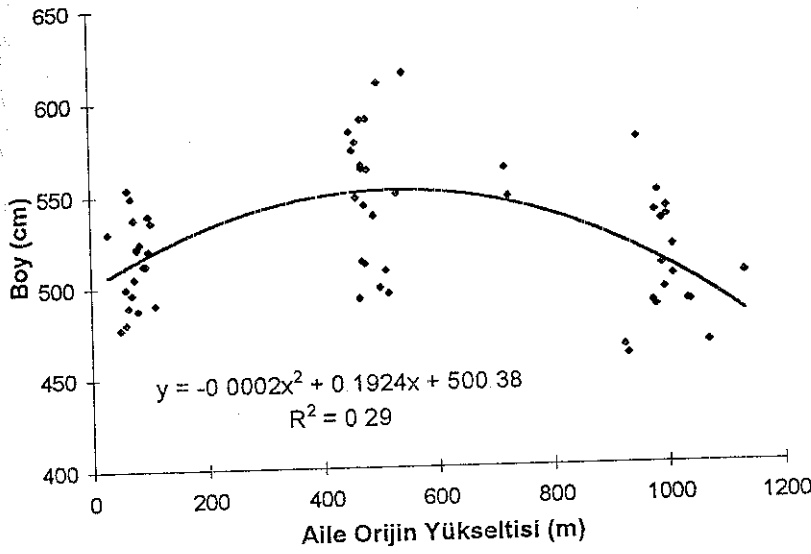
Şekil 3 1.32 Altı popülasyonun gözlem yapılan üç değişik yaşta genel ortalamaya göre yaptığı nispi boylar (4. ve 6 yaş boy ortalamaları Işık vd'den 1987 alınmıştır)

Deneme alanlarının ortak analizinde boy bakımından popülasyon içi aileler arasında da önemli düzeyde ($p > 0.001$) istatistik farklar belirlenmiştir (Çizelge 3.1.14). Dört deneme alanı ortalama verilerine göre en fazla boy artımını M13 nolu aile yapmıştır (Çizelge 3.1.17)

Dört deneme alanında en başarılı ilk onbeş aile içine yalnızca M13 ve M10 aileler girmektedir (Çizelgeler 3.1.3, 3.1.7, 3.1.10, 3.1.13). M10 nolu aile altıncı yaştan itibaren tüm deneme alanlarında boy büyümesindeki başarısını devam ettirmektedir. M13 nolu ailenin tüm deneme alanlarında hızla büyüyerek sıralamada yukarı tırmanması dikkat çekicidir. M ve K popülasyonlarına ait altı aile (M3, M2, M6, M8, K10, K7), üç deneme alanında da ilk onbeşe girebilmiştir. M popülasyonuna ait ailelerin tümü en az bir deneme alanında başarılı ilk onbeş aile içinde yer almaktadırlar. Kepez denemesinde ilk onbeşe giren ailelerin %

35'i, Düzlerçamında % 53'ü, Bük denemesinde % 47'si ve Yenicederede % 40 M populasyonuna aittir

Boy-yükselti ilişkisini irdelemek üzere tüm deneme alanlarından elde edilen veriler kullanılarak regresyon analizi yapılmıştır. Boy-yükselti ilişkisi görsel olarak Şekil 3 1 33'de verilmiştir. Regresyon analizi sonuçlarına göre boy-yükselti ilişkisini en iyi polinomial bir regresyon modeli tanımlamaktadır ($p < 0.0001$) Modele göre kızılçamda ailelerin geldiği orijin, boydaki değişimin yaklaşık % 29'unu açıklamaktadır



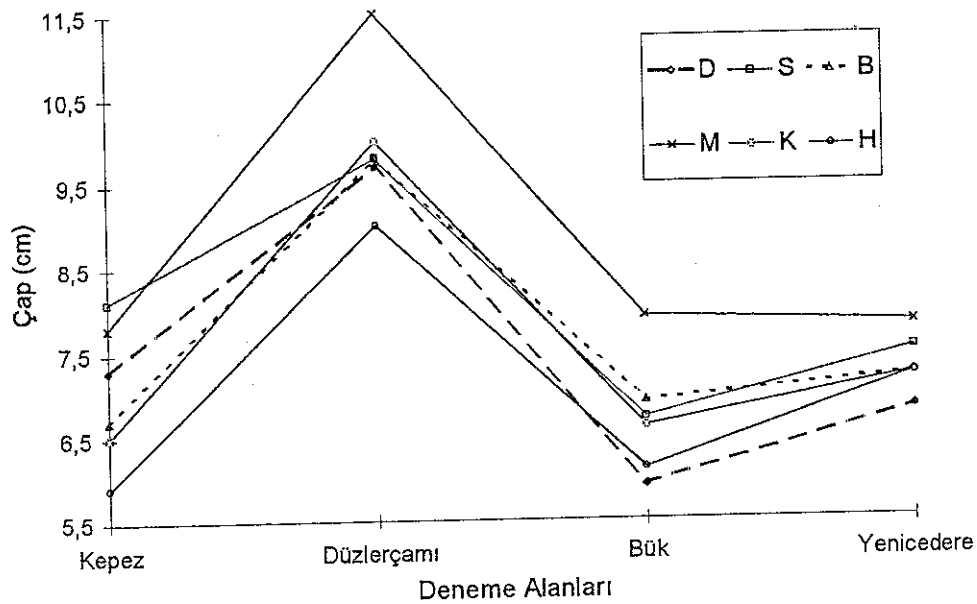
Şekil 3 1 33. Dört deneme alanının ortak regresyon analizinde, ailelerin orijin yükseltisi ile ailelerin ortalama boy ilişkisi (aile sayısı, $n=60$)

Denemelerde yer alan ailelerin orijin yükseltisi arttıkça ailelerin boy büyümesi de artmaktadır. Ancak yaklaşık 600 metreden sonra ilişki tersine dönmektedir. Toplu değerlendirme sonucu elde edilen boy-yükselti ilişkisi, her bir deneme için elde edilen bulgularla paralellik içindedir

Çap : Birleştirilmiş veriler üzerinde yürütülen varyans analizlerine göre altı populasyon arasındaki çap farkları istatistik olarak önemlidir (Çizelge 3 1 14) Hangi populasyonun diğerlerinden farklı olduğunu belirlemek için SNK testi uygulanmış ve sonuçlar Çizelge 3 1 16'te verilmiştir. M (8.74) populasyonu, boy

karakteri için gözleendiği gibi, çap bakımından da diğeri populasyonlardan ayrılmaktadır. M'nin genel ortalamaya göre çap farkı % 13, en az çap artımını yapan H populasyonuna göre farkı % 25 daha fazladır. M ile H arasındaki nispi çap farkı diğeri deneme alanlarında yaklaşık % 30 civarında iken, Yenicedere'de %8'e düşmektedir. Bu sonuçlar, ağaçlandırma için populasyon düzeyindeki bir seleksiyon ile çap bakımından önemli düzeyde (en az % 13) ek genetik kazanç sağlanabileceğini göstermektedir.

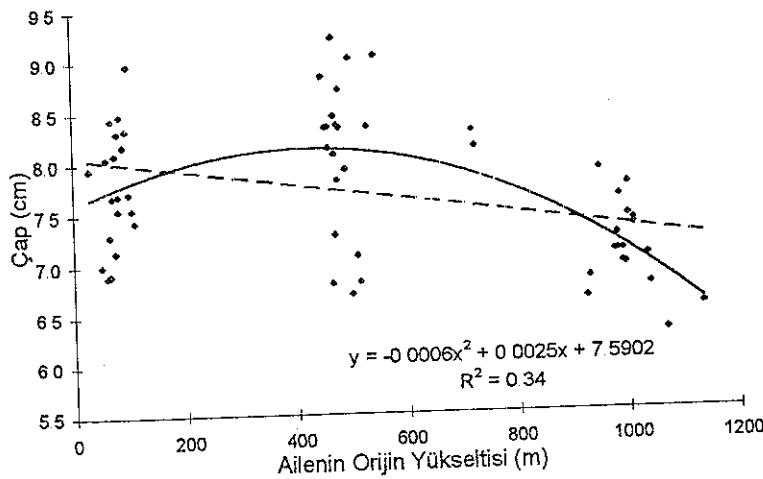
Çap için populasyon-deneme alanı etkileşimi istatistik olarak önemlidir (Çizelge 3.1.14) Çap karakterine göre Kepezde beşinci sırada olan K, Düzlerçamında ikinci, Bük'te dördüncü ve Yenicederede üçüncü sırada yer almıştır (Şekil 3.1.34). H populasyonu Kepezde altıncı ve son sırada iken, Yenicedere deneme alanında üçüncü sıraya yükselmiştir. Alçak zon populasyonları D ve S, yükselti arttıkça sıralamada daha aşağıya düşerek populasyon çevre-etkileşimi varyansına daha çok katkıda bulunmaktadırlar



Şekil 3.1.34 Populasyonların her bir deneme alanında yaptığı çap artımı ve populasyon-çevre etkileşimi. M hariç, diğeri populasyonların sırası deneme alanına göre farklı olabilmektedir

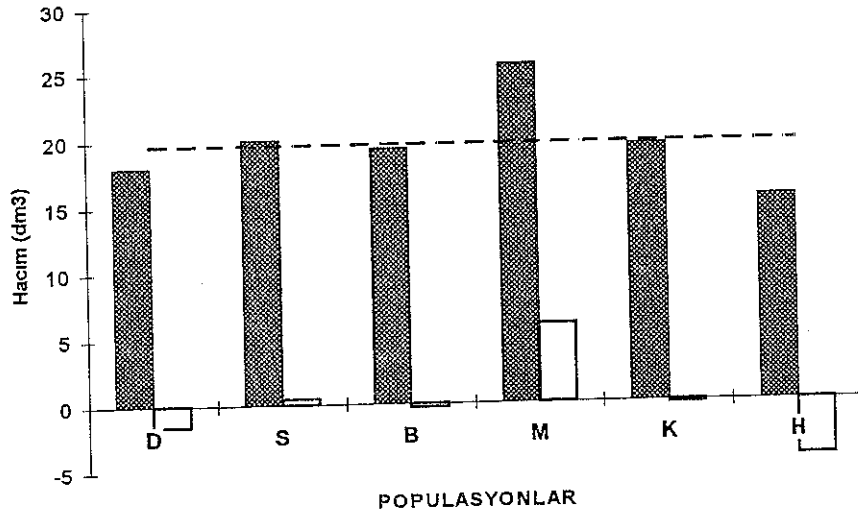
Populasyon içi aileler arası çap farkları istatistik olarak ($p > 0.001$) önemli çıkmıştır (Çizelge 3.1.14) M13 nolu aile her denemede en başarılı ilk onbeş aile içinde yer almıştır. Üç denemede en başarılı ilk onbeş aile içinde yer alan aileler arasına M populasyonundan dört aile (M10, M3, M2, M7), B (B9) ve S'den (S8) birer aile yer almıştır. Alçak zonda bulunan Kepez deneme alanında ilk onbeş ailenin % 73'ü S ve D populasyonlarına aittir. Çap artımında S populasyonundan S8 ve S4 nolu aileler dikkat çekicidir. Çap karakteri için S8 nolu aile iki denemede en başarılı ailedir (Çizelge 3.1.3 ve Çizelge 3.1.12). Ortak değerlendirmede bu aile ilk dört arasında yer almıştır. Alçak yükselti orijinli ailelerin çap karakteri bakımından nispi başarısı deneme alanının yükseltisi arttıkça azalmaktadır. Bu sonuçlar, lokal ırkların biyolojik olarak en iyi uyumu kendi doğal yetişme ortamlarına yaptıklarını göstermektedir.

Deneme alanlarının ortak regresyon analizi sonuçlarına göre ailelerin geldiği orijin yükseltisi ile ortalama çap değeri arasındaki ilişki önemlidir. Bağımsız değişken olarak alınan yükselti ile ortalama çap için elde edilen doğrusal ve ikinci dereceden regresyon modelleri sırasıyla ($p > 0.0023$) ve ($p > 0.0001$) olasılık düzeylerinde anlamlı çıkmıştır. İkinci dereceden regresyon modeli ilişkiyi daha iyi açıklamaktadır (Şekil 3.1.35). Ailenin orijin yükseltisi çaptaki değişimin % 34'ünü açıklamaktadır.



Şekil 3.1.35. Deneme alanlarının ortak regresyon analizinde, aile orijin yükseltisi-çap ilişkisi (aile sayısı, $n=60$)

Hacim : Birleştirilmiş veriler üzerinde yürütülen varyans analizi sonuçlarına göre populasyonlar ($p=0.001$) ve aileler ($p=0.05$) hacim farkı istatistik olarak önemlidir (Çizelge 3.1.14). M populasyonu diğer populasyonlardan daha fazla hacim artımı yapmıştır. M'nin genel (dört deneme alanı) ortalamaya göre hacim farkı % 30, en az gelişen H'ye göre ise % 65 daha fazladır. D, S, B ve K populasyonları arasındaki fark ise önemsizdir (Şekil 3.1.36). Dört deneme alanı ortalamasına göre en az hacim artımını ise H populasyonu yapmıştır (Şekil 3.1.36). M populasyonu her bir deneme alanı ortalamasına göre %18 ile %40 daha fazla hacim yapmaktadır

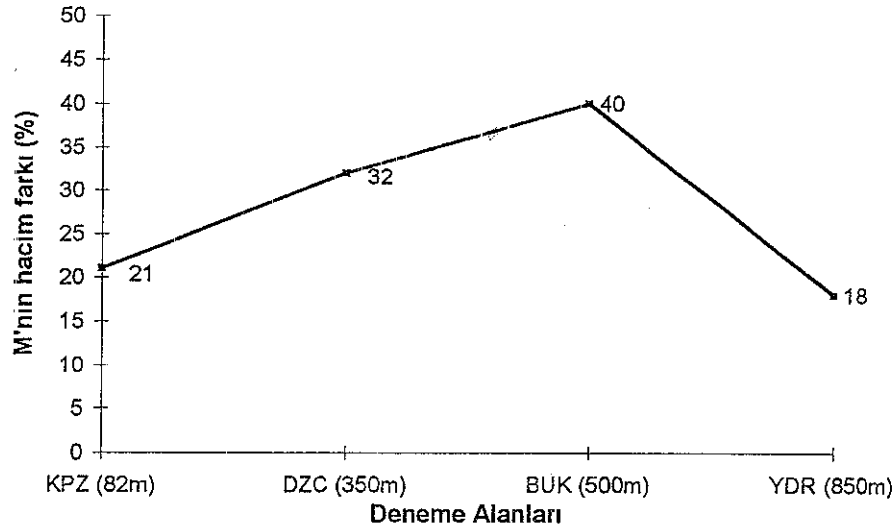


Şekil 3.1.36. Deneme alanlarının toplu analizinde populasyonların hacim (dm³) artımı. Çubukları kesen kesikli çizgi, deneme alanı ortalamasını, beyaz çubuklar ise populasyonun bu ortalamadan artı veya eksi yöndeki sapma miktarını belirtmektedir

Denemelerin ortak analizinde populasyon içi aileler arasında'da istatistik olarak önemli farklar bulunmuştur. Dört deneme alanından 18. yaşta elde edilen sonuçlara göre M populasyonundan M2 (27.3 dm³), M13 (27.1 dm³) ve M10 (26.8 dm³) seçildiği takdirde, genel ortalamaya göre %38 daha fazla hacim elde edilebilecektir.

Hacim için populasyon-çevre etkileşimi istatistiki olarak önemli çıkmıştır (Çizelge 3.1.14). Populasyonların hacim bakımından sıralanması deneme

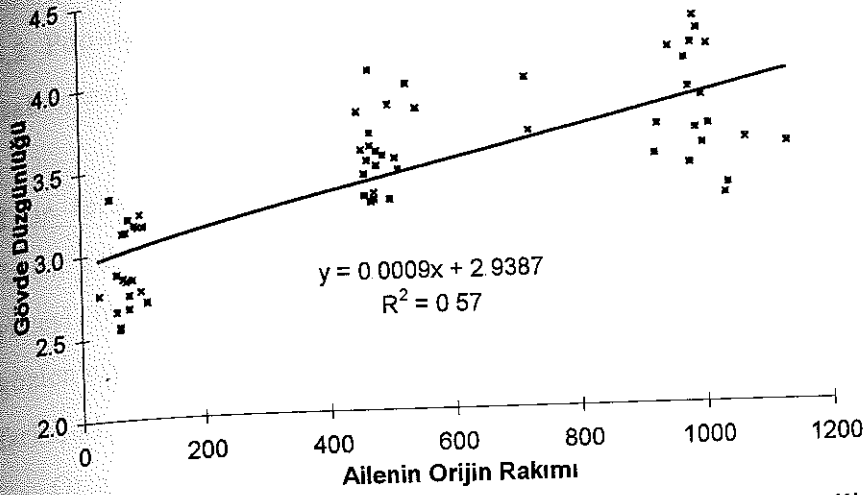
alanlarına göre deęişebilmektedir (Çizelgeler 3.1.2, 3.1.6, 3.1.9 ve 3.1.12). Örneęin Kepez deneme alanında başta gelen S populasyonu, Düzlerçamı deneme alanında beşinci sıraya düşmekte, Bük'te dördüncü ve Yenicederede ikinci sıraya yükselmektedir. Hacim bakımından en istikrarlı populasyon M'dir.



Şekil 3.1.37. M populasyonunun her bir deneme alanı ortalamasına göre yaptığı fazla hacim (%)

Gövde düzgünlüğü : Denemelerin ortak deęerlendirme sonuçlarına göre gövde düzgünlüğü bakımından populasyonlar arasında ve populasyon içi aileler arasında önemli düzeyde farklar vardır (Çizelge 3.1.14). K populasyonu gövde düzgünlüğü karakteri için her bir deneme alanında gözlenen üstünlüğünü ortak deęerlendirmede de göstermiştir. Ortak analizde yine gövde düzgünlüğü bakımından en düşük deęerleri alçak yükselti orijinli D ve S populasyonları almıştır. Aileleri gövde düzgünlüğü karakteri için sıraladığımızda en iyi gövde düzgünlüğüne sahip ilk onbeş aileden dokuzu K, altısı M populasyonuna aittir (Çizelge 3.1.17).

Gövde düzgünlüğü-ailelerin orijin yükseltisi arasındaki ilişki Şekil 3.1.38'de verilmiştir. Yükseltiyi bağımsız deęişken olarak aldığımızda, doğrusal regresyon model istatistik olarak 0.0001 olasılık düzeyinde önemli çıkmıştır. Model, gövde düzgünlüğü için gözlenen varyansın % 59'unu ailelerin orijin yükseltisi ile açıklamaktadır.



Şekil 3.1 38. Aile orijin yükseltisi ve gövde düzgünlüğü ilişkisi (aile sayısı, n=60)

Çizelge 3.1 17. Deneme alanlarının ortak değerlendirilmesinde boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından sıralamada ilk onbeşe giren aileler

Sıra No	BOY	ÇAP	HCM	GF ²⁾
1	M13 ¹⁾	M2	M2	K6
2	M10	M13	M13	K3
3	B2	M10	M10	K7
4	M2	S8	M3	K1
5	M3	M3	B5	K10
6	K10	M8	B6	K9
7	B6	S4	S8	M6
8	B5	M9	M9	K12
9	M9	D2	M8	M12
10	M6	M7	B2	K8
11	K12	B6	D2	K5
12	M8	M12	M12	M10
13	D7	S7	M7	M13
14	D2	B5	S4	M3
15	M12	B2	M6	M2

- 1) Aile ortalamaları için EK-8'de verilen çizelgelere bakınız
 2) Gövde düzgünlüğü

3.2 Populasyon ve Ailelerin Tepe Formu ve Dallanma Karakterleri Bakımından Karşılaştırılması

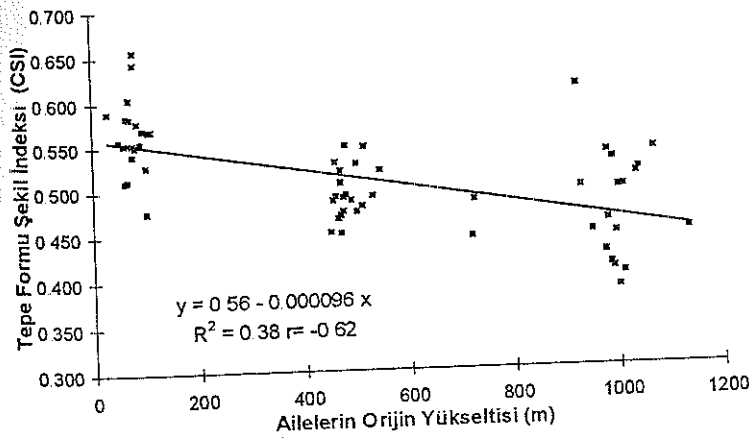
Tepe formu : Kızılçamda tepe genişliği (CRD), tepe uzunluğu (CRL), tepe formu şekil indeksi (CSI), tepe uzunluğu indeksi (RCL) ve fotosentetik tepe yüzeyi indeksi (CSA) bakımından populasyonlar arasında önemli farklılıklar gözlenmiştir (Çizelge 3 2 1). Tepe karakterleri bakımından aileler arası farklılıklar ise, istatistik olarak önemsizdir (Çizelge 3 2 1)

Orta zon orijinli M ve K populasyonları uzun tepe yapıları (CRL) ile diğer populasyonlardan ayrılmaktadırlar (Çizelge 3 2 2-B). Alçak zon orijinli S ve D, orta yükseltiden gelen B ve yüksek zon orijinli H populasyonları tepe uzunluğu bakımından farklı bulunmamıştır. Tepe genişliği (CRD) bakımından ise M, D ve S üst sırayı paylaşırken, en dar tepe yapısına H ve K populasyonları sahiptir. Hızlı büyüyen ve uzun bir tepe yapısına sahip olan bir populasyonun, tepe genişliğinin de büyük olması beklenen bir sonuçtur. Bu durum, özellikle M populasyonu için geçerlidir. Bu nedenle, bu sakıncayı ortadan kaldırmak için tepe şeklini bir indeks olarak incelememiz gerekir. Bu indekse göre, (yani $CSI=CRD/CRL$ oranına göre) hızlı büyüyen M populasyonunun, gerçekte, alçak zon populasyonlarına göre nispi olarak daha konik bir tepe şekline sahip olduğu görülmüştür. Tepe genişliğinin (CRD), tepe uzunluğuna (CRL) bölünmesi ile elde edilen tepe formu şekil indeksinin (CSI) değer olarak küçük olması, ağacın tepe yapısının relatif olarak daha dar ve konik olması anlamına gelmektedir. Ya da tersine, bu değer büyük olduğu, geniş ve kısa bir tepe şeklini ifade etmektedir. Altı kızılçam populasyonunu bu karakter bakımından karşılaştırdığımızda, K populasyonunun en konik ve en dar tepe şekli ile diğerlerinden farklı olduğu görülmüştür (Çizelge 3.2 2-B). M, B ve H populasyonları grup olarak K'yi izlemektedirler. Alçak zon orijinli D ve S ise yayvan ve kaba tepe şekilleri ile sıralamada son sırayı almaktadırlar. Örneğin K ve H sırasıyla 0.432 ve 0.512 tepe formu şekil indeksine (CSI) sahip iken, alçak zon populasyonları için bu değer (kaba tepe) (0.566 ve 0.557) daha büyük bulunmuştur (Çizelge 3.2.2-B). D populasyonu, deneme alanı ortalamasına göre % 18.5, en dar tepeli K'ya göre %24 daha geniş

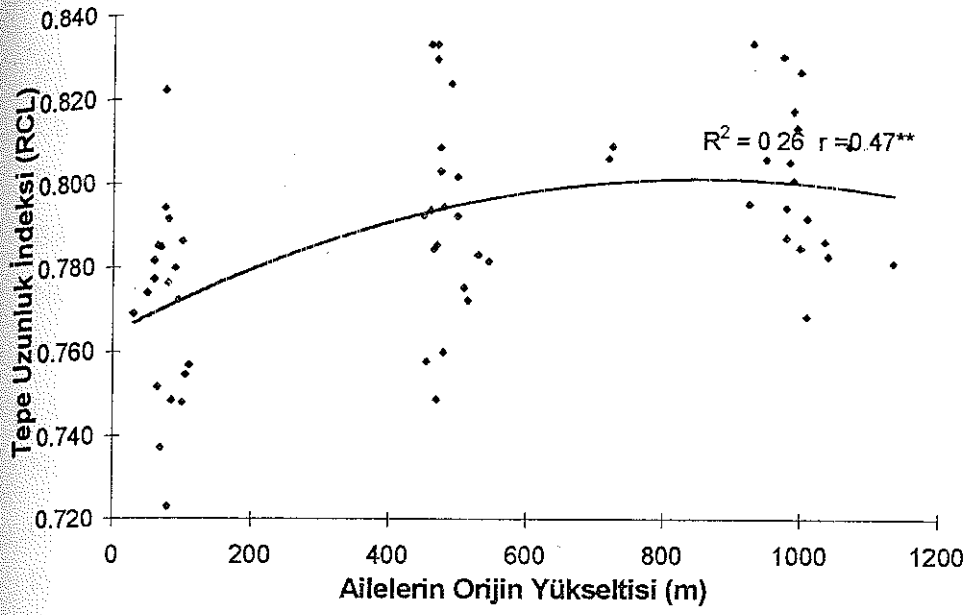
tepe yapmaktadır. Populasyonların tepe formu bakımından sıralanması, Düzlerçamı deneme alanında altıncı yaştaki sıralama ile paraleldir. Altıncı yaşta en uzun dalın ağaç boyu'na bölünmesi ile elde edilen indekse göre yine D en geniş, K ise en dar ve konik tepe formu özelliği göstermişlerdir (Işık vd 1987).

Populasyonların, fotosentetik tepe yüzeyi (CSA) bakımından sıralanması, tepe uzunluğu ve tepe genişliği ile paralellik göstermiştir (Çizelge 3 2 2-B). Fotosentetik tepe yüzeyi indeksi, tepe uzunluğu ve genişliğinin bir türevi olmasından dolayı bu beklenen bir sonuçtur. M populasyonu geniş fotosentetik yüzey alanı ile diğer populasyonlardan farklı bulunmuştur. Diğer beş populasyon arasında ise önemli bir farklılık gözlenmemiştir.

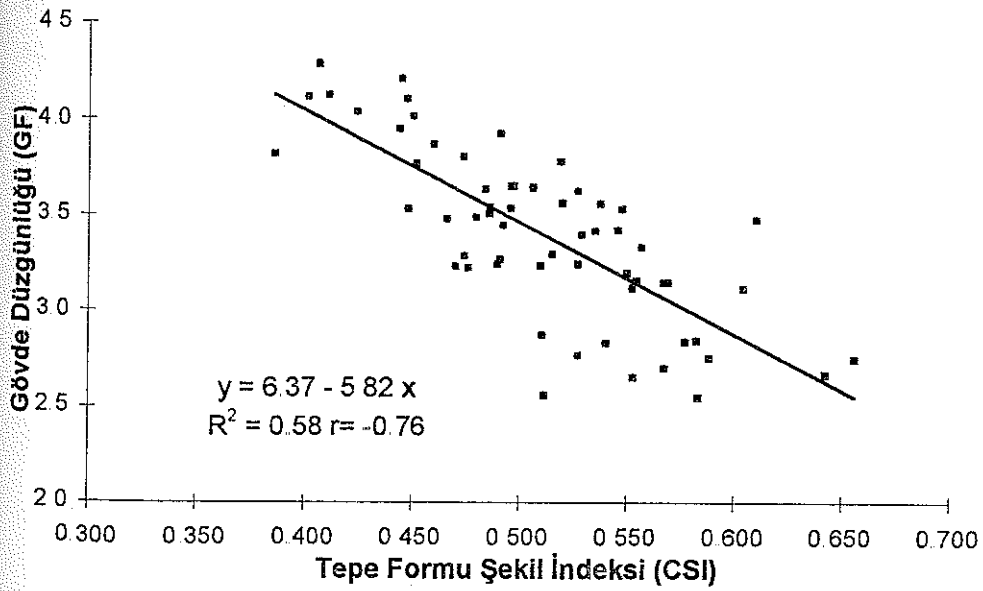
Tepe karakterleri ile ailelerin orijin yükseltisi arasındaki ikili ilişkileri irdelemek üzere regresyon ve korelasyon analizleri yapılmıştır. Düzlerçamı deneme alanında elde edilen sonuçlara göre, ailelerin orijin yükseltisi arttıkça, daha konik ve daha uzun tepe şekli oluşturmaktadırlar. Örneğin yükselti ile tepe formu şekil indeksi (CSI) arasındaki korelasyon ($r_p = -0.62^{***}$) negatif yönde ve güçlüdür (Şekil 3 2 1). Yine ailelerin orijin yükseltisi arttıkça, relatif olarak daha uzun tepe (RCL) yapmaktadırlar ($r = 0.47^{**}$) (Şekil 3 2 2.) Tepe genişliği (CRD) ile yükselti arasındaki korelasyon ise negatif yönde ($r = -0.40^{**}$) ve önemlidir. Denemenin altıncı yaşında tepe formu şekil indeksi ile ailelerin orijin yükseltisi arasındaki korelasyon ($r = -0.55$) bu çalışmada olduğu gibi negatif ve güçlüdür (Işık vd 1987). Bu ilişki yaşa bağlı olarak daha belirgin hale gelmiştir.



Şekil 3 2 1. Tepe formu şekil indeksi (CSI) ile ailelerin orijin yükseltisi arasındaki ilişki



Şekil 3.2.2 Ailelerin orijin yükseltisi ile tepe uzunluk indeksi (RCL) arasındaki ilişki



Şekil 3.2.3. Tepe formu şekil indeksi (CSI) ile gövde düzgünlüğü arasındaki ilişki

Çizelge 3 2.1. Düzlerçamı deneme alanında çalışılan tepe formu ve dallanma karakterlerine ait varyans analizi sonuçları (Çizelgede varyanslar verilmiştir)

Karakter ¹⁾	Varyasyon Kaynağı					$\bar{X} \pm S.E^2)$	
	P	F(P)	e	sd _e			
PRU	6894 58 ns	3256 4 **	2039 14	473	120 1±2 033		
BA6	513 802 **	111 374 *	80 0975	410	57 39±0 433		
BA7	710 9 **	154 505 ***	74 1033	464	53 98±0 410		
NGC	3 074 ***	0 58246 ***	0 28482	473	2 99±0 025		
NB6	109 103 ***	20 896 ***	10 7516	469	10 17±0 155		
LBR	18264 **	3886 8 **	2256 9	471	190.3±2 194		
NTB	116 618 ns	61 318 *	41 75	473	4 75±0 289		
CRL	128450 7 ***	20192 ns	15154 5	473	449 2±5 598		
RCL	0 021648 ***	0 004023 ns	0 003926	473	0 788±0 003		
CRD	21232 6 **	5023 2 ns	3929 92	473	222 8±2 806		
CSI	0 22218 ***	0 010947 ns	0 0105257	473	0 509±0 005		
CSA	3466464 **	1015502 ns	782681	473	1726±39 47		

ns
*,**,***
sd_e

İstatistik olarak önemsiz
Sırasıyla 0.05, 0.01, 0.001 olasılık düzeyinde önemli
Hata serbestlik derecesi,
Populasyon ve aile serbestlik dereceleri sırasıyla 5 ve 54

- 1) PRU Doğal budanma indeksi (Pruning)
BA6 6 yaş ana dal boğumlarındaki dal açıları (Branch Angle)
BA7 7 yaş ana dal boğumlarındaki dal açıları (Branch Angle)
NGC Bir ağaca ait ortalama sürgün sayısı (Number of Growth Cycle)
NB6 Bir yıllık sürgündeki dal sayısı (Number of Branches at one year growth)
LBR En uzun dal uzunluğu, (Longest Branch Length)
NTB Kalın (≥2 cm) dal sayısı (Number of Thick Branches, i e, ≥ 2 cm)
CRL Tepe uzunluğu, (Crown Length)
RCL Tepe uzunluğu indeksi, (Relative Crown Length)
CRD Tepe genişliği, (Crown Diameter)
CSI Tepe formu şekil indeksi, (Crown Shape Indeks)
CSA Fotosentetik tepe yüzeyi indeksi (Crown Surface Area)
2) $\bar{X} \pm S E$ Deneme alanı aritmetik ortalaması ve standart hatası

Çizelge 3.2.2

Populasyon ortalamalarının karşılaştırılması
A-Dallanma karakterleri¹

POP	BA6 (derece)	BA7 (derece)	NGC (sayı)	LBR (cm)	NB6 (sayı)	NTB (sayı)
D	52.1 b ⁺	48.0 b	2.9 b	213 a	9.4 bc	4.91 ab
S	58.4 a	54.6 a	2.9 b	191 bc	10.2 b	4.81 ab
B	57.8 a	55.2 a	3.0 b	184 bc	9.6 bc	4.20 ab
M	58.8 a	55.5 a	3.2 a	200 ab	11.5 a	6.06 a
K	57.7 a	53.3 a	3.2 a	181 c	11.4 a	5.23 a
H	59.1 a	56.3 a	2.7 b	175 c	8.7 c	2.84 b
Ort ²	57.4	53.9	2.99	190	10.2	4.75

B-Tepe formu karakterleri¹

POP	CRL (cm)	RCL	CRD (cm)	CSI	CSA (dm ²)	PRU (cm)
D	417 b	0.782 ab	234 ab	0.566 a	1712 b	120 ab
S	427 b	0.766 b	231 ab	0.557 a	1722 b	130 a
B	439 b	0.786 ab	213 b	0.496 b	1619 b	119 ab
M	502 a	0.799 a	244 a	0.494 b	2080 a	125 ab
K	490 a	0.802 a	209 c	0.432 c	1726 b	121 ab
H	417 b	0.800 a	207 c	0.512 b	1495 b	105 b
ort ²	449	0.788	223	0.509	1726	120

- 1) Karakter kısaltmalarının açılımı için Çizelge 3.2 1'e bakınız.
 - 2) Deneme alanı ortalaması
- + Bir sütunda aynı harfi taşıyan populasyonlar, ilgili karakter için, 0.05 olasılık düzeyinde istatistik olarak birbirinden farklı değildir.

Kızılcamda tepe formu şekil indeksi ile gövde düzgünlüğü arasında negatif ve önemli korelasyon ($r_p = -0.76$, $p < 0.001$) bulunmuştur (Şekil 3.2.3) Bu durumda konik tepeli fertler aynı zamanda daha düzgün gövde oluşturmaktadırlar. Diğer taraftan gövde düzgünlüğü (GF) ile ailelerin yükseltisi arasındaki ikili ilişkilerin pozitif ve yüksek olması (örneğin, Şekil 3.12), iki karakter için genetik çeşitliliğin değişiminin benzer şekilde yükseltiye paralel olduğunu göstermektedir.

Bu ilişkiler, kızılçamda tepe formu bakımından populasyonlar arasında bir çeşitlilik olduğunu göstermektedir. Ancak bu çeşitlilik, birden bire değil, yükseltiye bağlı olarak kesintisiz bir şekilde değişmektedir.

Dallanma karakterleri : Kızılcam populasyonları, dal açısı (BA6, BA7) dal sayısı (NB6), dal uzunluğu (LBR), Doğal budanma indeksi (PRU) ve sürgün sayısı (NGC) bakımından istatistik olarak farklı bulunmuşlardır (Çizelge 3.2.1). Kalın dal sayısı (NTB) bakımından ise populasyonlar arasında önemli bir farklılık gözlenmemiştir ($p < 0.07$). Populasyon içi aileler dallanma karakterlerinin tümü bakımından önemli düzeyde farklı bulunmuştur.

Bu çalışmada ağacın 11. yaş ana dal boğumundan başlayarak altıncı yaşta oluşan ana dal boğumuna kadar, her boğumdaki en kalın iki dalın açıları ölçülmüştür (Bakınız Bölüm 2.1.4) İki dalın ortalama açısı, ilgili yılın dal açısı olarak alınmıştır. Ağacın tepesinden alt kısmına doğru dal açıları artmaktadır. Yaşlı dallar daha geniş, genç dallar daha dar açı yapmaktadırlar. Çizelge 3.2.2'de, yalnızca en alttaki altıncı (BA6) ve yedinci (BA7) yaş ana dal boğumlarının dal açıları verilmiştir. Altı populasyon içinde en dar açılı dallanmayı alçak rakımdan gelen D populasyonu (BA6=52.11, BA7=47.97) yapmaktadır (Çizelge 3.2.2-A) Diğer populasyonlar dal açısı bakımından farklı bulunmamıştır. En dar açı yapan D ile en geniş açılıya sahip H populasyonu arasındaki fark % 14 düzeyindedir.

Doğal budanma yeteneği (PRU) yerden ilk yeşil dala kadar olan mesafe olarak ölçülmüştür. Kızılcamda aileler arasında bu karakter bakımından istatistik olarak önemli farklılıklar vardır (Çizelge 3.2.1). Ancak diğer karakterlerin

aksine, populasyonlar arasındaki farklılaşma çok belirgin değildir. Doğal budanma özelliğinin ileri yaşlarda, denemede kapalılığın oluşmasından sonra tekrar gözlenmesinde yarar vardır.

Populasyonlar ve populasyon içi aileler dal uzunluğu (LBR), ve dal sayısı (NB6) bakımından istatistik olarak farklı bulunmuşlardır (Çizelge 3.2.1). En uzun dalı D ve M (217 cm), en kısa dalı ise H (178) ve K (181 cm) populasyonları yapmaktadır (Çizelge 3.2.2-A). M'nin uzun dal yapması, hızlı büyüme ve büyük tepe yapısı nedeniyle beklenen bir sonuçtur. Rakım arttıkça daha kısa ancak daha çok dallanma gözlenmektedir (Çizelge 3.2.2-A). Diğer bir deyimle dal uzunluğu denizden yüksek rakımlara çıkıldıkça küçülmektedir. Kalın dal sayısı (NTB), çapı 2 cm'den büyük olan dalların sayısı olarak belirlenmiştir. Bu karakter bakımından populasyonlar arasında önemli bir farklılık gözlenmemiştir (Çizelge 3.2.1). Ancak, aileler $p < 0.05$ olasılık düzeyinde farklı bulunmuştur. Budanma özelliğinde olduğu gibi, dal kalınlığının da denemenin ileri yaşlarında gözlenmesi halinde farklı sonuçlar elde edilebilir. Bu çalışmada olduğu gibi, kalın dal sayısının belirlenmesi yerine, dal çaplarının doğrudan ölçülmesi, populasyonlar arasındaki dal kalınlığı farkını ortaya koymak bakımından daha etkin olabilir.

Kızılçam doğal populasyonları arasında ve populasyon içi aileler arasında sürgün sayısı (NGC) bakımından istatistik olarak önemli farklılıklar belirlenmiştir (Çizelge 3.2.1). M ve K populasyonları sırasıyla bir yılda ortalama 3.2 sürgün sayıları ile diğer populasyonlara göre daha fazla sürgün oluşturmuşlardır (Çizelge 3.2.2-A). M populasyonu deneme ortalamasına göre % 8, en az sürgün oluşturan H'ye göre % 18 daha fazla sürgün yapmıştır. Sürgün sayısı bakımından ulaşılan bu sonuçlar Işık vd (1987) ve Yıldırım'ın (1992) bulguları ile uyum içindedir. Aynı deneme alanında altıncı yaştaki gözlemlere göre yine M ve K populasyonları diğer populasyonlara göre daha fazla sürgün oluşturmuşlardır.

3.3. Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Dereceleri ve Genetik Kazanç

Düzlerçamı deneme alanında gözlenen dallanma ve tepe formu karakterlerinin analizi ve varyans bileşenlerinin tahmini için ANOVA 1 modeli kullanılmıştır (Çizelge 2.2.1). Her bir deneme alanının bağımsız analizinde ANOVA 2 modeli (Çizelge 2.2.2) ve deneme alanlarının ortak analizinde ANOVA 3 (Çizelge 2.2.3) modeli kullanılmıştır. Varyans bileşenleri kullanılarak genetik ve fenotipik parametreler elde edilmiştir. Her deneme alanı için bulunan genetik ve fenotipik parametreler ayrı başlıklar altında irdelenmiştir.

Genetik ve fenotipik varyanslar deneme alanı ortalamasından ve ölçme biriminin nitelik ve niceliğinden bağımsız değildirler (Stonecypher 1966, St Clair 1994, Cornelius 1994). Bu nedenle farklı karakterleri genetik çeşitlilik bakımından karşılaştırmak için genetik varyasyon katsayıları hesaplanmıştır. (Bölüm 2.2) Benzer şekilde birey ve aile düzeyindeki fenotipik varyanslar kullanılarak birey fenotipik varyasyon katsayısı (CV_{μ_s}) ve aile fenotipik varyasyon katsayıları (CV_{fm}) hesaplanmıştır.

Çalışılan karakterler için Bölüm 2.2'deki E 4 kullanılarak birey düzeyindeki kalıtım, ve E 5 kullanılarak aile düzeyi kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Kalıtım dereceleri standart hataları ile birlikte verilmiştir. Çizelgelerde her karakter için aritmetik ortalama ve gözlem sayıları da verilmiştir. Varyans bileşenlerinin hesaplanmasında logaritmik veya karekök gibi dönüşümlü değerleri kullanılan karakterlerin, aritmetik ortalamaları da dönüşümlü hali ile verilmiştir. Varyasyon katsayıları gibi bazı parametrelerin hesaplanmasında bu ortalamalar kullanılmıştır.

Her bir deneme alanı ve deneme alanlarının ortak analizi için Bölüm 2.2'deki E 8 kullanılarak aileler arası genetik kazanç hesaplanmış ve her deneme için ayrı çizelgelerde sunulmuştur. Her ne kadar genetik kazancın hesaplanmasında ıslah popülasyonlarının 300 ve daha fazla aileden oluşması arzu edilirse de, denememizde yer alan 60 ailenin bir ıslah popülasyonu olduğu varsayılmıştır. Bazı seleksiyon yoğunlukları için hesaplanan genetik kazanç oranları, görsel karşılaştırma yapabilmek amacıyla grafik olarak da sunulmuştur.

3.3.1. Kepez deneme alanı

Kepez deneme alanında boy için populasyonlar ve aileler arası genetik farklılıklardan kaynaklanan varyans oranları toplam varyansın sırasıyla % 5.2 ve % 6.1'i düzeyinde bulunmuştur (Çizelge 3.3.1). Çap karakteri için populasyon kaynaklı genetik varyans (% 12.7), aile kaynaklı genetik varyansa (% 5.8) göre daha yüksek bulunmuştur. Beklenildiği üzere, hacim için populasyon ve aile düzeyinde tahmin edilen varyans oranları çap ile çok yakın bir paralellik göstermiştir (Çizelge 3.3.1). Boy, çap ve hacim için toplam varyansın % 80'den % 86'ya kadar değişen bir oranını aile içi çeşitlilik oluşturmuştur. Aile içi çeşitlilik, aileyi oluşturan yarım kardeş bireyler arasındaki genetik farklılıkları ve deneysel hatayı kapsamaktadır (Falconer 1989).

Kepez denemesinde genetik olarak en büyük çeşitliliği hacim ($CV_g = \% 26.8$) karakteri göstermiştir. Gövde formu ($CV_g = \% 10.04$), hacimden sonra en fazla genetik çeşitliliğe sahip olan karakterdir. Boy ve çap karakterlerinin genetik çeşitliliği (sırasıyla % 4.54 ve % 3.33) nispeten daha düşüktür.

Ağacın gövde formu için tahmin edilen varyans bileşenlerinin dağılımı büyüme ile ilgili karakterlerden farklıdır. Şöyleki, gövde formu için varyansın önemli bir bölümü (% 33.6) populasyonlar arası genetik farklılıklardan ortaya çıkmıştır. Bu nedenle, bu karakter için populasyon düzeyinde yapılacak bir seleksiyon ile önemli oranda genetik kazanç sağlanabilecektir. Aileler arası genetik farklılıklar, gövde formu için gözlenen çeşitliliğin ancak % 0.2'sini oluşturmaktadır (Çizelge 3.3.1). Ancak aileler arası genetik farklılıklardan dolayı ortaya çıkan bileşenin diğer bileşenlere göre küçük olması, kalıtım derecelerinin düşük olması anlamına gelmemektedir. Çünkü kalıtım derecesini aileler arası genetik farklılıklar kadar, fenotipik varyansların büyüklüğü de belirlemektedir.

Kepez deneme alanında büyüme ile ilgili karakterler için tahmin edilen aile kalıtım dereceleri yüksek düzeyde $h_f^2 = 0.61$ (hacim) ile $h_f^2 = 0.66$ (çap) arasında değişmiştir. Birey düzeyindeki kalıtım dereceleri ise orta düzeyde bulunmuştur (Çizelge 3.3.1).

Çizelge 3 3.1 Kepez deneme alanında çalışılan karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa göre oranı (parantez içinde), bazı genetik ve fenotipik parametreler

Parametre*	BOY ^a	ÇAP ^a	HACIM	GF
σ^2_P (%)	0 3317648 (5.2)	0.01418968 (12.7)	13 677 (11.3)	0 781293 (33.6)
$\sigma^2_{F(P)}$ (%)	0.393035 (6.1)	0.00652124 (5.8)	6.5027751 (5.4)	0 046871 (2.0)
$\sigma^2_{RF(P)}$ (%)	0 1191325 (1.9)	0 0011234 (1.0)	2.3913 (2.0)	0 00426547 (0.2)
σ^2_e (%)	5 576286 (86.8)	0 0897469 (80.4)	98 92888 (81.4)	1.49229 (64.2)
σ^2_{fm}	0.6227	0 0099	10 6706	0 099
σ^2_μ	6 088	0.097	107 823	1.543
CV_μ	10.32	7.42	63.5	33.26
CV_{fm}	3 30	2.37	19 38	8 43
CV_g	4 54	3.33	26 82	10.04
$h_i^2 \pm S.E.$	0.194 ± 036	0.201 ± 037	0.181 ± 034	0.091 ± 017
$h_f^2 \pm S.E.$	0.631 ± 188	0.656 ± 188	0.609 ± 188	0.473 ± 189
\bar{x}	23 91	4.2	16 47	3 74
n	1762	1766	1762	1765

* Kısaltmaların açıklımı :

σ^2_P	Populasyonlar arası genetik varyans	$\sigma^2_{F(P)}$	Aileler arası genetik varyans
$\sigma^2_{RF(P)}$	Aile x blok etkileşimi	σ^2_e	Hata varyansı
σ^2_μ	Birey düz fenotipik varyans	CV_g	Genetik varyasyon katsayısı
σ^2_{fm}	Aile fenotipik varyansı	n	Gözlem sayısı
CV_μ	Fenotipik varyasyon katsayısı		
CV_{fm}	Aile ort. fenotipik varyasyon katsayısı		
$h_i^2 \pm S.E.$	Aile düzeyinde kalıtım derecesi ve standart hatası		
$h_f^2 \pm S.E.$	Birey düzeyinde kalıtım derecesi ve standart hatası		
Toplam varyans	$\sigma^2_P + \sigma^2_{F(P)} + \sigma^2_{RF(P)} + \sigma^2_e$		
\bar{x}	İlgili karaktere ait aritmetik ortalama		

Çizelge 2 2 2'deki ANOVA modelinde olupta Çizelge 3 3 1'de yer almayan varyasyon kaynakları için ya sıfır ya da eksi varyans elde edilmiştir.

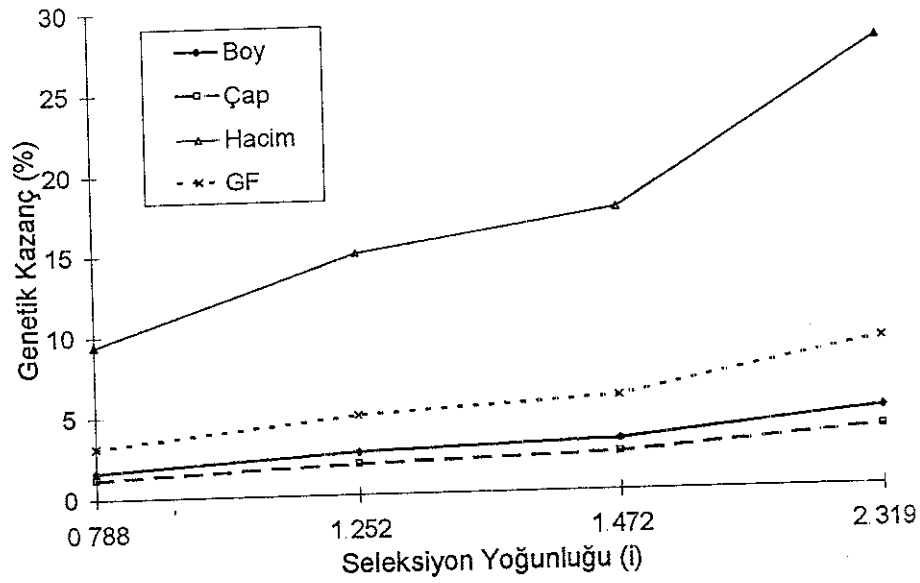
^{a)} Varyans bileşenlerinin hesabında boy karakteri için karekök, çap karakteri için logaritmik dönüşüm ile elde edilen değerler kullanılmıştır.

Kepez deneme alanında Bölüm 2' deki E 8 eşitlik kullanılarak boy, çap ve gövde formu karakterleri için aile düzeyinde genetik kazanç belirlenmiştir (Çizelge 3.3.2). Denemede yer alan 60 aileden sırasıyla 1/60, 10/60, 15/60, 30/60 aile seçildiği varsayılarak tahmin edilen genetik kazanç mutlak değer ve % olarak Çizelge 3.3.2' de verilmiştir.

Çizelge 3.3.2 Kepez deneme alanında farklı seleksiyon oranları için tahmin edilen genetik kazanç

S.O*	i*	BOY (cm)		ÇAP (cm)		HACİM (dm ³)		GF	
		Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
1/60	2.319	27.7	4.8	0.25	3.6	4.6	27.7	0.342	9.1
10/60	1.472	17.9	3.1	0.16	2.3	2.9	17.5	0.215	5.8
15/60	1.252	15.0	2.6	0.13	1.9	2.5	14.9	0.184	4.9
30/60	0.788	9.2	1.6	0.08	1.2	1.6	9.4	0.116	3.1

* S.O = Seleksiyon oranı, i = Seleksiyon yoğunluğu



3.3.1 Kepez denemesinde çeşitli seleksiyon yoğunluklarının (i) göre boy, çap, hacim ve gövde formu için tahmin edilen genetik kazanç (%)

Boy karakteri için en uzun boylu ailenin seçimi halinde 18. yaşta % 4.8 (28 cm) kadar genetik kazanç sağlanabilecektir. Diğer bir deyimle en hızlı boy artımı yapan ailenin (M13) ortalama boyu (670 cm) ile denemedeki 60 ailenin ortalama boyu arasındaki 93 cm'lik farkın yalnızca 28 cm'si seçilen ailenin genetik üstünlüğünden ortaya çıkmaktadır. Denemedeki 60 aileden en fazla boy artımı yapan ilk % 25'nin üretim popülasyonu (tohum bahçesi) için seçilmesi durumunda kazanç % 2.6 (15 cm) düzeyinde olacaktır. Deneysel popülasyondan seçilen aile sayısı arttıkça genetik kazanç azalmaktadır (Şekil 3.3.1)

Boy, çap ve hacim yaklaşık aynı büyüklükte aile kalıtım derecelerine sahiptir. Ancak hacim için daha yüksek genetik kazanç tahmin edilmiştir. Bunun nedeni, bu karakter için aile düzeyinde gözlenen yüksek fenotipik varyasyondur (Çizelge 3.3.1). Örneğin hacim ve boy için tahmin edilen aile fenotipik varyasyon katsayıları sırasıyla $CV_{fm}=3.30$ ve $CV_{fm}=19.38$ gibi oldukça farklıdır.

Gövde formu için tahmin edilen genetik kazanç oranları boy ve çap karakterlerine göre daha yüksektir. Deneysel popülasyonu oluşturan 60 aile içinde en düzgün ailenin seçimi halinde genetik kazanç % 9.1, ilk % 25 ailenin (en iyi 15 aile) seçimi durumunda % 5.8 oranında iyileştirme sağlanabilecektir (Çizelge 3.3.2)

Kepez deneme alanında verilen genetik kazanç oranları ilk bakışta düşük bulunabilir. Ancak bu oranlar yalnızca 60 aile içinden yapılan seleksiyona dayanmaktadır. Aile içi seleksiyonun eklenmesi ile yapılacak kombine seleksiyon ile bu oranlar daha fazla olacaktır.

3.3.2. Düzlerçamı deneme alanı

3.3.2.1. Büyüme ve gövde formu karakterleri

Düzlerçamı denemesinde 13. yaşta boy için gözlenen varyansın % 6.5'i popülasyonlar arası, % 3.3'ü aileler arası genetik farklılıklardan ortaya çıkmıştır (Çizelge 3.3.3). Çap için popülasyonlar ve popülasyon için aileler arası bileşenler sırasıyla % 5.6 ve % 4.4 düzeyinde ve boy için hesaplanan bileşenlere yakındır. Hacim için gözlenen varyans bileşenleri boy ve çap ile paralellik göstermektedir. Büyümeye ilişkin bu üç karakter için gözlenen varyansın % 90 gibi önemli bir bölümü aile içi yarım kardeşler arası farklılıklardan ortaya çıkmaktadır. Boy, çap ve hacim için 17. yaşta gözlenen varyans bileşenleri 13. yaştaki oranlar ile yaklaşık aynı düzeydedir. Örneğin boy için 17 yaşında gözlenen varyansın % 6.8'i popülasyonlar arası genetik farklılıklardan, % 4.1'i ise aileler arası farklılıklardan ortaya çıkmaktadır (Çizelge 3.3.4)

Gövde düzgünlüğü için hesaplanan varyansın varyasyon kaynakları arasındaki dağılımı büyümeyle ilişkin karakterlerden önemli farklılıklar göstermektedir. Bu karakter için varyansın önemli bir bölümü (% 33.9) popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklardan doğmuştur (Çizelge 3.3.4). Popülasyon içi aileler arası varyans bileşeni oranı (% 3.6), boy, çap ve hacim ile yaklaşık aynı düzeydedir.

Denemenin 13. yaşında en yüksek genetik çeşitlilik hacim için ($CV_g = 28.9$), en düşük boy için ($CV_g = 8.9$) karakteri için gözlenmiştir (Çizelge 3.3.3). Yaşa bağlı olarak çap ve hacim için gözlenen genetik varyasyon katsayılarında (CV_g) azalma, boy için CV_g değerinde artma gözlenmiştir (Çizelge 3.3.4). Gövde formu karakteri için hesaplanan genetik varyasyon katsayısı ($CV_g = 12.5$) boy ve çap ile yaklaşık aynı düzeydedir.

Denemenin 13. yaşında çalışılan karakterler için birey düzeyinde kalıtım dereceleri $h^2_i = 0.105$ ile (boy) $h^2_i = 0.139$ (çap) arasında değişmektedir. Aile düzeyi kalıtım dereceleri daha yüksek, $h^2_f = 0.503$ (boy) ile $h^2_f = 0.576$ (çap) arasında değişmektedir. Ancak aile kalıtım derecelerinin standart hataları daha

Çizelge 3.3.3 Düzlerçamı deneme alanında 13. yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa¹ göre oranı (parantez içinde), bazı genetik ve fenotipik parametreler

Parametre*	BOY	ÇAP	HACİM
σ^2_R	3.82223	2 155958	0 637511
%	(0.0)	(0.3)	(0.3)
σ^2_P	1702 068	48 798	12 99832
%	(6.5)	(5.6)	(5.8)
$\sigma^2_{F(P)}$	859 666	37 9964	7 69134
%	(3.3)	(4.4)	(3.4)
σ^2_e	23766 48	780 3706	204 8529
%	(90.3)	(89.8)	(90.6)
σ^2_{fm}	1710 9	65 95	15 04
σ^2_μ	24626 2	818 4	212 5
CV_μ	27 39	43 04	87 77
CV_{fm}	7 22	12 22	23 35
CV_g	8 9	16 1	28 9
$h^2_{i \pm S.E.}$	0 105 ± 02	0 139 ± 026	0 109 ± 020
$h^2_{f \pm S.E.}$	0 503 ± 188	0 576 ± 185	0 512 ± 183
\bar{x}	573	66 47	16 6
n	1677	1677	1676

* σ^2_R

Bloklardan kaynaklanan varyans.

Diğer kısaltmalar için Çizelge 3 3 1'e bakınız

1)

Toplam varyans = $\sigma^2_R + \sigma^2_P + \sigma^2_{F(P)} + \sigma^2_e$

Bazı varyasyon kaynakları için sıfır veya negatif varyans hesaplandığı için çizelgede verilmemiştir

Çizelge 3 3 4. Düzlerçamı deneme alanında 17. yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa¹ göre oranı (parantez içinde), bazı genetik ve fenotipik parametreler

Parametre*	BOY	ÇAP	HCM	GF
σ^2_R	0.0	0.0481743	4.1259	0.03
%	(0.0)	(0.4)	(0.5)	(1.2)
σ^2_{RP}	126.236	0.0	0.0	0.12627
%	(0.3)	(0.0)	(0.0)	(5.0)
σ^2_P	2484	0.6063852	44.7488	0.856269
%	(6.8)	(5.0)	(5.2)	(33.9)
$\sigma^2_{F(P)}$	1519.4	0.563043	30.2968	0.09189
%	(4.1)	(4.7)	(3.5)	(3.6)
$\sigma^2_{RF(P)}$	33.09	0.001512	3.40513	0.034594
%	(0.1)	(0.0)	(0.4)	(1.4)
σ^2_e	32625.5	10.89	776.5435	1.385855
%	(88.7)	(90.0)	(90.4)	(54.9)
σ^2_{fm}	3368.9	1.18	75.63	0.19
σ^2_μ	34178.0	11.45	810.25	1.51
CV_μ	32.26	33.91	71.18	29.25
CV_{fm}	10.13	10.86	21.75	10.30
CV_g	11.8	13.0	23.8	12.5
$h^2_{i \pm S.E.}$	0.133 ± 0.025	0.148 ± 0.027	0.112 ± 0.021	0.182 ± 0.034
$h^2_{f \pm S.E.}$	0.452 ± 0.190	0.479 ± 0.190	0.404 ± 0.191	0.506 ± 0.197
\bar{x}	805	9.98	40.0	4.2
n	1070	1070	1070	1065

*

σ^2_R

σ^2_{RF}

1)

Kısaltmaların açılımı :

Bloklardan kaynaklanan varyans

Blok x aile etkileşimi varyansı

Toplam varyans = $\sigma^2_R + \sigma^2_{RP} + \sigma^2_P + \sigma^2_{F(P)} + \sigma^2_{RF(P)} + \sigma^2_e$

Diğer kısaltmalar için Çizelge 3.3.1'e bakınız

yüksektir (Çizelge 3.3.3) Düzlerçamı deneme alanında yaşa bağlı olarak birey düzeyi kalıtım derecelerinde önemli bir değişiklik gözlenmemiştir. Örneğin boy ($h^2_i=0.133$) ve çap ($h^2_i=0.148$) için tahmin edilen kalıtım dereceleri 17. yaşta yine orta düzeyde bulunmuştur. Ancak 17. yaşta aile düzeyindeki kalıtım dereceleri 13. yaştaki değerlere göre biraz düşük bulunmuştur (Çizelge 3.3.4). Gövde formu için tahmin edilen birey düzeyinde kalıtım derecesi ($h^2_i=0.182$) diğer karakterlere göre daha yüksek bulunmuştur.

Düzlerçamı denemesindeki 60 ailenin bir ıslah popülasyonu olduğu varsayılmış ve bu popülasyondan farklı oranlarda üstün aileler seçilmiştir. Hesaplanan teorik genetik kazanç oranları 13. yaş için Çizelge 3.3.5'de, 17. yaş için Çizelge 3.3.6'de verilmiştir.

Çizelge 3.3.5 Düzlerçamı deneme alanında boy, çap, hacim ve gövde formu karakterleri için 13. yaşta tahmin edilen genetik kazanç

S O *	i *	BOY (cm)		ÇAP (mm)		HACİM (dm ³)	
		Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
1/60	2.319	47.7	8.3	10.7	16.2	4.6	27.4
10/60	1.472	30.0	5.2	6.8	10.2	2.9	17.3
15/60	1.252	25.7	4.5	5.9	8.7	2.5	14.8
30/60	0.788	16.2	2.8	3.6	5.5	1.5	9.3

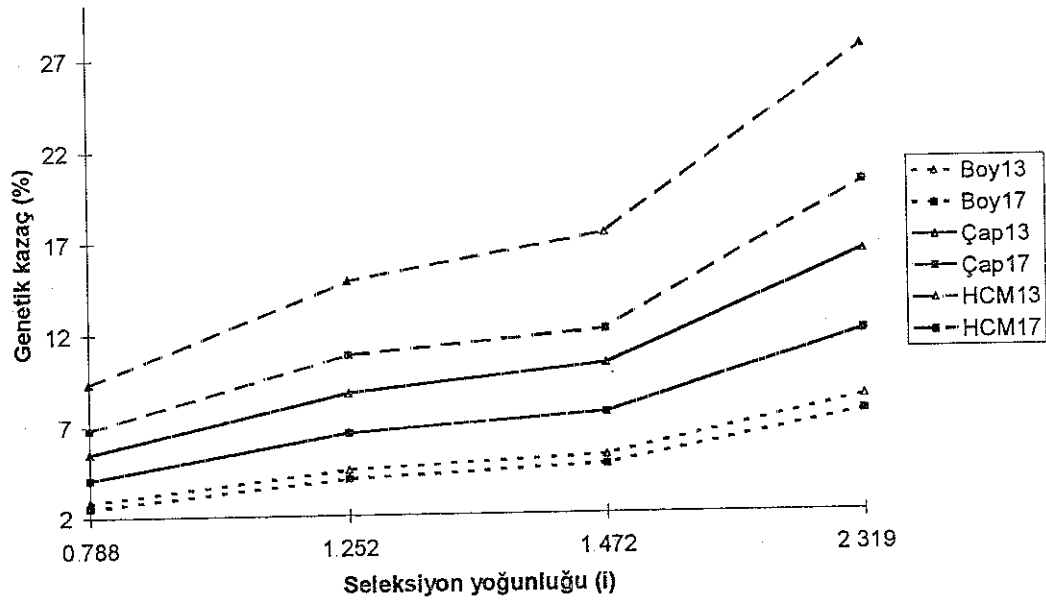
*S O Seleksiyon oranı,
i Seleksiyon yoğunluğu

Denemenin 13. yaşında en hızlı büyüyen ailenin seçilmesi durumunda boy karakteri için % 8.3 (47.7 cm) ek genetik kazanç sağlanacaktır. Denemedeki 60 aileden en fazla boy yapan ilk 10 ailenin seleksiyonu halinde genetik kazanç %5.2 kadar olmaktadır. Seçilen aile sayısı arttıkça genetik kazanç da düşmektedir (Çizelge 3.3.5). Aynı seleksiyon yoğunlukları uygulandığında 17. yaştaki genetik kazanç oranları daha düşük çıkmaktadır (Çizelge 3.3.6). Yaş ilerledikçe boy için genetik kazançta % 0.8 ile % 0.3 kadar bir düşme gözlenmiştir.

Çizelge 3 3 6 Düzlerçamı deneme alanında 17 yaşta boy, çap, hacim ve gövde formu karakterleri için tahmin edilen genetik kazanç

S.O*	i*	BOY (cm)		ÇAP (cm)		HACİM (dm ³)		GF	
		Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
1/60	2 319	60	7.5	1.19	11.9	8.0	20.0	0.48	11.5
10/60	1 472	38	4.7	0.75	7.51	5.0	12.6	0.30	7.3
15/60	1 252	32	4.0	0.64	6.52	4.3	10.8	0.26	6.2
30/60	0 788	20	2.5	0.40	4.05	2.7	6.8	0.16	3.9

*S.O. Seleksiyon oranı
i Seleksiyon yoğunluğu



Şekil 3 3 2. Düzlerçamı denemesinde boy, çap ve hacim için 13 ve 17 yaşında tahmin edilen genetik kazanç

Her iki yaşta çap karakteri için belirlenen genetik kazanç oranları boy karakterine göre daha yüksek bulunmuştur. En kalın çaplı ailenin seçimi ile, 13 yaşta deneme ortalamasına göre % 16.2 (10.7 mm) daha fazla ek kazanç sağlanabilecektir. Boy karakteri için gözlemlendiği gibi, yaş ilerledikçe çap için beklenen kazançta da azalma söz konusudur. Örneğin $i=2.319$ seleksiyon yoğunluğu için genetik kazançtaki azalma % 4.3 kadardır.

Düzlerçamı denemesinde gözlem yapılan yıllarda en fazla genetik kazanç hacim için bulunmuştur. Hacim bakımından en fazla artım yapan ($i=2.319$) ailenin seleksiyonu ile 13. ve 17. yaşlarda sırasıyla % 27.4 ve % 20.0 ek genetik kazanç elde edilebilecektir (Şekil 3.3.2).

Büyümeye ilişkin karakterler için 17. yaştaki genetik kazanç oranlarının 13. yaşa göre daha düşük çıkması, aile kalıtım derecelerinin azalmasından kaynaklanmış olabilir. Örneğin, boy için aile kalıtım derecesi 13. yaşta $h^2_f=0.503$ iken 17. yaşta $h^2_f=0.452$ 'ye düşmüştür.

Kepez deneme alanında olduğu gibi, hacim karakterinin kalıtım derecesi boy ve çap ile aynı düzeyde olmasına karşılık, bu karakter için daha yüksek genetik kazanç tahmin edilmiştir. Bu farklılık, yine hacim için aile düzeyinde gözlenen yüksek fenotipik çeşitlilikten ortaya çıkmaktadır.

Gövde formu için hesaplanan genetik kazanç, en iyi ailenin seçilmesi ($i=2.319$) durumunda % 11.5, en düzgün gövdeli ilk 10 ailenin seçimi ($i=1.472$) halinde % 7.3 düzeyinde olmaktadır (Çizelge 3.3.6). Gövde formu için populasyon düzeyinde seleksiyon ile birlikte, aileler arası seleksiyonun önemli düzeyde sonuç verebileceği gözlenmektedir. Ancak populasyonlar arası yüksek düzeydeki genetik çeşitlilik gözönüne alınarak gövde formunun ıslahında, populasyon düzeyinde seleksiyonun daha etkili olacağı söylenebilir.

3.3.2.2 Dallanma karakterleri

Dallanma ve tepe karakterleri için gözlenen varyans bileşenleri (mutlak değer ve oransal olarak), birey düzeyindeki fenotipik varyasyon katsayıları Çizelge 3.3.7'de, birey ve aile kalıtım dereceleri, genetik ve aile fenotipik varyasyon katsayıları ise Çizelge 3.3.8'de verilmiştir. Ayrıca her karakter için aileler arası ve aile içi kombine seleksiyon uygulanmıştır. Buna göre 60 aileden önce en iyi 10 ailenin seleksiyonu ile (seleksiyon yoğunluğu $i_1=1.47$) aileler arası genetik kazanç (Δ_1) hesaplanmıştır. Seçilen bu on ailenin her birinden en iyi iki birey seçilerek ($i_2=1.27$) aile içi genetik kazanç (Δ_2) bulunmuştur (Ayrıntılar için Bakınız EK-5). Genetik kazanç oranları yine Çizelge 3.3.8'de verilmiştir.

Çizelge 3.3 7. Dallanma ve tepe formu karakterlerine ait varyans bileşenleri ve varyans bileşenlerinin toplam varyansa¹⁾ göre oransal dağılımı

Karakter ²⁾	σ_p^2		$\sigma_{f(p)}^2$		σ_e^2		CV _{μ} ³⁾
	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%	
PRU	37 729	1.7	131 029	5.9	2045 428	92.4	38.8
BA6	5 3061	5.9	3 9903	4.5	80.0876	89.6	16.0
BA7	6.6538	7.4	9.1424	10.2	74.1341	82.4	16.9
NGC	0.02835	8.2	0.03351	9.7	0.28469	82.1	18.9
NB6	1.0177	7.9	1.1556	9.0	10.7416	83.1	32.2
LBR	156.180	6.0	177.477	6.8	2263.838	87.2	26.0
NTB	0.6530	1.5	2.2406	5.0	41.7208	93.5	139.5
CRL	1198.16	7.1	511.73	3.0	15207.75	89.9	27.9
RCL	0.0001762	4.3	0.0000102	0.3	0.0039269	95.4	7.9
CRD	178.03	4.1	117.69	2.9	3934.82	93.0	28.6
CSI	0.002275	17.7	0.0	0.0	0.010569	82.3	20.2
CSA	26887.9	3.2	24690.6	3.0	784111.8	93.8	52.1

1) Toplam varyans : $\sigma_T^2 = \sigma_p^2 + \sigma_{f(p)}^2 + \sigma_e^2$

2) Karakter kısaltmalarının açıklanması için Çizelge 3.2.1'e bakınız.

σ_p^2 Populasyonlardan kaynaklanan genetik varyans,

$\sigma_{f(p)}^2$ Populasyon içi ailelerden kaynaklanan genetik varyans,

σ_e^2 Aile içi (hata) varyansı.

3) Birey düzeyindeki fenotipik varyasyon katsayıları

$$CV_{\mu} = \left(\sqrt{\sigma_{f(p)}^2 + \sigma_e^2} / \bar{X} \right) 100$$

Çizelge 3 3 8 Dallanma ve tepe formu karakterleri için tahmin edilen kalıtım dereceleri, varyasyon katsayıları ve genetik kazanç oranları

Karakter ¹	$h^2_i \pm SE^3)$	$h^2_f \pm SE^4)$	$CV_g^5)$	$CV_{fm}^6)$	Genetik Kazanç			
					$\Delta_1^7)$	$\% \Delta_1^8)$	$\Delta_2^9)$	$\% \Delta_I^*$
PRU	0 181± 095	0 362± 196	16.5	15 8	10 3	8.6	6.5	14 0
BA6	0 142± 099	0 280± 196	6.0	6 6	1 67	2.9	1.01	4 7
BA7	0 329± 125	0 491± 203	9.7	8 0	3 17	5.9	2.27	10 1
NGC	0 316± 114	0 511± 192	10.6	8 6	0 19	6.4	0 14	10 9
NB6	0 291± 112	0 486± 192	17.4	14 4	1 1	10.2	0 76	17 4
LBR	0 218± 101	0 409± 195	12.1	10 9	12 65	6.6	8 28	11 0
NTB	0 153± 091	0 323± 193	54.6	55 5	1 28	27 0	0 79	43 6
CRL	0 098± 082	0 230± 200	8 7	10 5	16 68	3 7	9 6	5 9
RCL	0 008± 067	0 023± 20	0 7	2 7	0 0008	0 1	0 0	0 1
CRD	0 087± 081	0 210± 197	8 4	10 6	7 67	3 4	4 35	5 4
CSI ²⁾	-	-	0 0	6 8	-	-	-	-
CSA	0 092± 082	0 218± 198	15 8	19 5	113 2	6 6	64 5	10 3

1) Karakter kısaltmalarının açılımı için Çizelge 3 2 1'e bakınız.

2) CSI için genetik varyans olmadığından, kalıtım dereceleri ve genetik kazanç hesaplanmamıştır

3) $h^2_i \pm SE =$ Birey düzeyinde kalıtım ve standart hatası

4) $h^2_f \pm SE =$ Aile kalıtım derecesi ve standart hatası

5) Genetik varyasyon katsayısı (CV_g), Bölüm 2 2'de verilen (E. 6) göre hesaplanmıştır

6) $CV_{fm} =$ Aile fenotipik varyasyon katsayısı $CV_{fm} = \left(\left(\sqrt{\sigma_{F(P)}^2 + \frac{\sigma_{\epsilon}^2}{k_1}} \right) / \bar{X} \right) 100$

7) $\Delta_1 =$ Aileler arası seleksiyon (10/60) ile elde edilen genetik kazanç (mutlak değer),

8) $\% \Delta_1 =$ Aileler arası seleksiyon ile elde edilen genetik kazanç (%)

9) $\Delta_2 =$ Aile içi seleksiyon (2/10) ile elde edilen genetik kazanç (Mutlak)

*) $\% \Delta_I =$ Aileler arası seleksiyona ek olarak, aile içi seleksiyon yapılırca elde edilen toplam genetik kazanç (%)

Kızılçam doğal populasyonları arasında dallanma karakterleri bakımından gözlenen çeşitliliğin %15 (NTB) ile %82'si (NGC) populasyonlar arası genetik farklılıklardan ortaya çıkmaktadır (Çizelge 3.3.7). Aileler arası genetik farklılıklardan ortaya çıkan varyans oranı ise %4.5 (BA6) ile %10.2 (BA7) arasında değişmektedir. Dal karakterleri için, birey (CV_{μ}) ve aile (CV_{fm}) düzeyinde en fazla fenotipik çeşitlilik kalın dal sayısı için, en az fenotipik çeşitlilik dal açıları için tahmin edilmiştir (Çizelge 3.3.7 ve Çizelge 3.3.8).

Dal karakterleri için yüksek düzeydeki aileler arası genetik çeşitlilik, kendisini, birey ve aile düzeyindeki kalıtım derecelerinin yüksek olması ile de göstermektedir. Dallenma karakterlerine ait birey düzeyindeki kalıtım dereceleri $h_i^2=0.142$ (BA6) ile $h_i^2=0.329$ (BA7) arasında, aile düzeyindeki katılım dereceleri ise $h_f^2=0.280$ (BA6) ile $h_f^2=0.511$ (NGC) arasında değişmektedir (Çizelge 3.3.8).

Aynı ağaç üzerinde bulunan iki ana dal boğumundaki dal açıları için varyansın dağılımı ve kalıtım dereceleri farklı bulunmuştur. Altıncı yaştaki dal boğumu açısının kalıtımı ($h^2_i=0.14$) orta düzeyde iken, yedinci yaştaki dal boğumu açısının kalıtımı ($h^2_i=0.33$) yüksek çıkmıştır. Altıncı yaştaki dal açısı için gözlenen fenotipik çeşitliliğin ve aile kalıtım derecesinin düşüklüğü nedeniyle, genetik kazanç da (%4.7) düşük bulunmuştur (Çizelge 3.3.8).

3.3.2.3 Tepe formu karakterleri

Tepe formu karakterlerinin populasyon kaynaklı varyans oranları %3.2 (CSA) ile %17.7 (CSI) arasında, aile kaynaklı varyans oranları %0.0 (CSI) ile %3.0 (CRL ve CSA) arasında değişmektedir (Çizelge 3.3.7). Dallenma karakterlerinin aksine, tepe formu karakterlerinde populasyon kaynaklı varyans oranları, aile kaynaklı varyans oranlarına göre daha yüksektir. Örneğin tepe formu şekil indeksi (CSI) için varyansın %17.7 gibi önemli bir oranı populasyonlar arası genetik farklılıklardan ortaya çıkarken, bu karakter için aileler arasında genetik çeşitlilik gözlenmemiştir. Gövde düzgünlüğünde olduğu gibi,

tepe formu şekil indeksi (CSI) için populasyon düzeyinde yapılacak bir seleksiyon ile önemli düzeyde iyileştirme sağlanabilecektir.

Tepe formu karakterleri için tahmin edilen kalıtım dereceleri, aileler arası genetik çeşitliliğe paralel bir şekilde, düşüktürler (Çizelge 3.3.8). Birey kalıtım derecesi $h_i^2=0.008$ (RCL) ile $h_i^2=0.098$ (CRL) arasında değişirken, aile kalıtım dereceleri kısmen daha yüksek, $h_f^2=0.023$ (RCL) ile $h_f^2=0.230$ (CRL) arasında değişmektedir (Çizelge 3.3.8). Bu çalışmada elde edilen birey ve aile düzeyi kalıtım derecelerine göre, tepe formu karakterlerinin birey ve aile düzeyindeki seleksiyona tepkisi düşük çıkmıştır (Çizelge 3.3.8, son sütun)

3.3.3. Bük deneme alanı

Bük deneme alanında 18. yaşta gözlenen varyanslar, fenotipik ve genetik parametreler Çizelge 3.3.9'de verilmiştir. Büyümeye ilişkin boy, çap ve hacim karakterler için gözlenen varyansın önemli bir oranı populasyonlar arası genetik farklardan ortaya çıkmıştır. Populasyon düzeyindeki bu oranlar, birbirine yakın düzeyde % 7.6- % 9.0 arasında değişmektedir. Bu karakterler için aileler arası genetik farklardan ortaya çıkan varyans oranları % 2.9 -% 1.5 düzeyinde, populasyon düzeyindeki oranlara göre daha düşüktür (Çizelge 3.3.9). Bük deneme alanında büyümeyle ilişkin karakterler için gözlenen çeşitliliğin %87.8 ile %88.8 gibi önemli bir oranı aile içi farklılıklardan kaynaklanmaktadır.

Gövde formu açısından varyansın önemli bir bölümü (%24.9) populasyonlar arası genetik farklardan ortaya çıkmaktadır. Bu karakter için aileler arası genetik farklardan ortaya çıkan varyans oranı ise (%0.3) oldukça düşüktür. Gövde formu karakteri için gözlenen varyans oranları, diğer deneme alanları için tahmin edilen oranlar ile paralellik içindedir.

Bük denemesinde çalışılan karakterler arasında en yüksek genetik çeşitliliği hacim ($CV_g=15.8$), en az genetik çeşitliliği gövde formu karakteri ($CV_g=1.9$) göstermiştir (Çizelge 3.3.9). Genetik varyasyon katsayısı, farklı birimlerle ölçülen karakterlerdeki genetik varyansı karşılaştıma açısından bir kriterdir. Ancak genetik varyasyon katsayısının yüksek olması, kalıtım derecesinin de

Çizelge 3.3.9 Bük deneme alanında 18 yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansa¹ göre oranı (parantez içinde), bazı genetik ve fenotipik parametreler

Parametre*	BOY	ÇAP	HACIM	GF ^a
σ^2_R	0.0	0.0	0.0	0.00002026
%	(0.0)	(0.0)	(0.0)	(0.01)
σ^2_P	1043.23	42.498	6.918187	0.039837
%	(9.0)	(7.6)	(8.6)	(24.9)
σ^2_{RP}	35.1579	3.19496	1.07437877	0.00057163
%	(0.3)	(0.6)	(1.3)	(0.4)
$\sigma^2_{F(P)}$	333.40	8.5268	1.363852	0.00038067
%	(2.9)	(1.5)	(1.7)	(0.3)
$\sigma^2_{RF(P)}$	0.0	8.208928	0.0	0.0
%	(0.0)	(1.5)	(0.0)	(0.0)
$\sigma^2_{e^*}$	10150.62	496.9559	70.89934	0.1191218
%	(87.8)	(88.8)	(88.3)	(74.5)
σ^2_{fm}	1144.8	50.9	7.03	0.01
σ^2_{μ}	10484	513.7	72.26	0.1
CV_{μ}	22.48	33.61	66.36	18.91
CV_{fm}	7.43	10.58	20.70	5.44
CV_g	6.9	7.5	15.8	1.9
$h_i^2 \pm SE$	0.095 ± 0.018	0.050 ± 0.010	0.057 ± 0.011	0.010 ± 0.002
$h_f^2 \pm SE$	0.291 ± 0.170	0.167 ± 0.195	0.194 ± 0.191	0.038 ± 0.184
\bar{x}	455.4	67.44	12.81	1.828
n	760	762	760	760

Kısaltmalar için Çizelge 3.3.1 ve Çizelge 3.3.4'a bakınız.

- 1) Toplam varyans = $\sigma^2_R + \sigma^2_P + \sigma^2_{RP} + \sigma^2_{F(P)} + \sigma^2_{RF(P)} + \sigma^2_e$
 a) Gövde formu için karekök dönüşümlü değerler kullanılmıştır

yüksek olmasını gerektirmemektedir. Örneğin hacim genetik varyasyon katsayısı ($CV_g=15.8$), boy genetik varyasyon katsayısının ($CV_g=6.1$) yaklaşık üç katı iken, iki karakterin kalıtım derecesi ($h^2_i=0.29$) daha yüksek bulunmuştur.

Bük deneme alanında boy ($h^2_i=0.095$), çap ($h^2_i=0.05$), hacim ($h^2_i=0.057$) ve gövde düzgünlüğü ($h^2_i=0.01$) için tahmin edilen kalıtım dereceleri düşük bulunmuştur. Aile düzeyindeki kalıtım dereceleri ise 0.167 (çap) ile 0.291 (boy) arasında değişmekte ve yine düşük düzeydedir. Bük deneme alanında kalıtım oranlarının düşük çıkması, bu karakterler için tahmin edilen genetik kazanç oranlarına da yansımıştır (Çizelge 3.3.10). Kalıtımın diğer denemelere göre daha düşük çıkmasının nedeni kalıtım tahmininde kullanılan fenotipik varyansların yüksekliği ile açıklanabilir. Örneğin Bük deneme alanında boy karakterine ait birey düzeyindeki fenotipik varyasyon katsayısı ($CV_\mu=22.48$) genetik varyasyon katsayısının ($CV_g=6.9$) yaklaşık üç katı iken, Kepez deneme alanında boy karakterine ait bu iki parametre ($CV_\mu=10.32$, $CV_g=4.5$) arasındaki fark çok daha küçüktür.

Bük deneme alanında boy ve çap karakterleri için tahmin edilen genetik kazanç oranları % 4.8 ile % 1.2 arasında değişmektedir. Bu oranlar Kepez denemesi için hesaplanan oranlara yakın düzeydedir, ancak Düzlerçamı denemesine göre düşüktür. Bük deneme alanında genetik kazancın en fazla olduğu karakter, diğer deneme alanlarında olduğu gibi hacim karakteridir (Çizelge 3.3.10, Şekil 3.3.3.) Ancak hacim için bulunan genetik kazanç oranları Kepez ve Düzlerçamı denemelerine göre düşüktür.

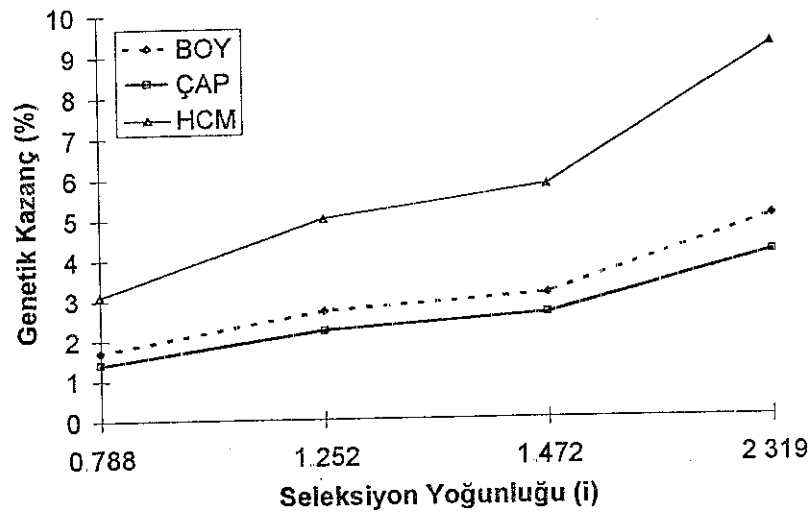
Çizelge 3.3.10 Bük deneme alanında farklı seleksiyon oranları için tahmin edilen genetik kazanç

S.O.*	i*	BOY (cm)		ÇAP (cm)		HACİM (dm ³)		GF	
		Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak ^a	%
1/60	2 319	23	5.0	27	4.1	1.18	9.2	6.289	0.48
10/60	1 472	14	3.1	17	2.6	0.74	5.8	3.959	0.30
15/60	1 252	12	2.7	15	2.2	0.64	5.0	3.385	0.26
30/60	0 788	8	1.7	09	1.4	0.40	3.1	2.136	0.16

*S.O. Seleksiyon oranı,

i Seleksiyon yoğunluğu

a) Mutlak değerler çok küçük olduğu için çizelgede 1000 ile çarpılmış değerler verilmiştir



Şekil 3.3.3. Bük deneme alanında boy, çap ve hacim için çeşitli seleksiyon yoğunlukları göre tahmin edilen genetik kazanç oranları. Gövde formu için elde edilen genetik kazanç % 1'den az olduğu için şekilde yer verilmemiştir

3.3.4. Yenicedere deneme alanı

Yenicedere deneme alanında çalışılan karakterler için tahmin edilen varyans bileşenleri mutlak değer ve toplam varyansa göre oran olarak, varyans bileşenleri kullanılarak elde edilen genetik ve fenotipik parametreler Çizelge 3.3.11'de verilmiştir.

Boy için, toplam varyansın % 5.2'si populasyonlar arası, % 2.9'u ise populasyon içi aileler arası genetik farklardan doğmaktadır. Aile içi varyans fenotipik varyansın % 91.2'sini oluşturmuştur. Çap için populasyon düzeyindeki varyans oranı (%1.3), populasyon içi aileler arası bileşene (%2.4) göre diğer deneme alanlarının aksine daha düşüktür. Hacim için tahmin edilen varyans oranları populasyonlar düzeyinde % 2.4, aileler düzeyinde % 1.9'dur. Çap ve hacim için aile içi varyans oranları sırasıyla % 94.5 ve %93.9'dur. Yenicedere deneme alanında büyümeye ilişkin karakterler için tahmin edilen aile içi varyans oranları Kepez, Düzlerçamı ve Bük denemeleri için bulunan aile içi varyans oranları ile karşılaştırıldığında daha yüksektir.

Öte yandan, gövde formu karakteri için toplam varyansın, populasyon, aile, aile içi ve etkileşimler arasındaki oransal dağılımı, diğer deneme alanları ile uyum içindedir. Bu deneme alanında toplam varyansın % 29.5 gibi önemli bölümü populasyonlar arası genetik farklardan ortaya çıkmıştır (Çizelge 3.3.11). Aileler arası varyans oranı % 4 düzeyindedir.

Yenicedere deneme alanında en fazla genetik çeşitlilik hacim için (% 16.5) ve daha sonra da gövde formu (% 13.2) için gözlenmiştir. Boy ve çap'ın genetik varyasyon katsayıları birbirine yakın olup, sırasıyla % 7.5 ve 9.1 düzeyindedir.

Yenicedere deneme alanında çalışılan karakterler için birey düzeyindeki kalıtım dereceleri $h_i^2=0.057$ (Hacim) ile $h_i^2=0.093$ (boy) arasında değişmektedir (Çizelge 3.3.11). Boy, çap ve hacim için tahmin edilen kalıtım oranları Düzlerçamı ve Kepez denemeleri için elde edilen kalıtım değerlerine göre düşük, Bük denemesi değerleri ile benzerdir. Gövde formunun birey düzeyindeki kalıtım derecesi ($h_i^2=0.169$), büyümeye ilişkin karakterlerin aksine orta düzeydedir.

Çizelge 3.3.11 Yenicedere deneme alanında 18. yaşta incelenen karakterlere ait varyans bileşenleri, varyans bileşenlerinin toplam varyansal göre oranı (parantez içinde), bazı genetik ve fenotipik parametreler

Parametre*	BOY	ÇAP	HACIM	GF
σ^2_P %	283.448 (5.2)	8.2127614 (1.3)	1.18444 (2.4)	0.5064607 (29.5)
$\sigma^2_{F(P)}$ %	159.254 (2.9)	14.749698 (2.4)	0.897977 (1.9)	0.06801079 (4.0)
$\sigma^2_{RF(P)}$ %	23.615 (0.4)	11.472144 (1.8)	0.8622908 (1.8)	0.0164957 (1.0)
σ^2_e %	4949.157 (91.4)	592.57996 (94.5)	45.651386 (93.9)	1.1289345 (65.6)
σ^2_{fm}	375.875	43.572	3.111	0.121
σ^2_μ	5132.03	618.80	47.41	1.21
CV_μ	43.2	29.3	22.1	7.1
CV_{fm}	6.7	9.1	17.8	10.2
CV_g	7.5	9.1	16.5	13.2
$h_i^2 \pm SE$	0.093 ± 0.018	0.072 ± 0.014	0.057 ± 0.011	0.168 ± 0.031
$h_f^2 \pm SE$	0.424 ± 0.189	0.339 ± 0.189	0.289 ± 0.188	0.561 ± 0.190
\bar{x}	455.4	6.74	12.8	3.49
n	1429	1429	1429	1429

* Kısaltmaların açılımı için Çizelge 3.3.1'e bakınız

1) Toplam varyans = $\sigma^2_P + \sigma^2_{F(P)} + \sigma^2_{RF(P)} + \sigma^2_e$

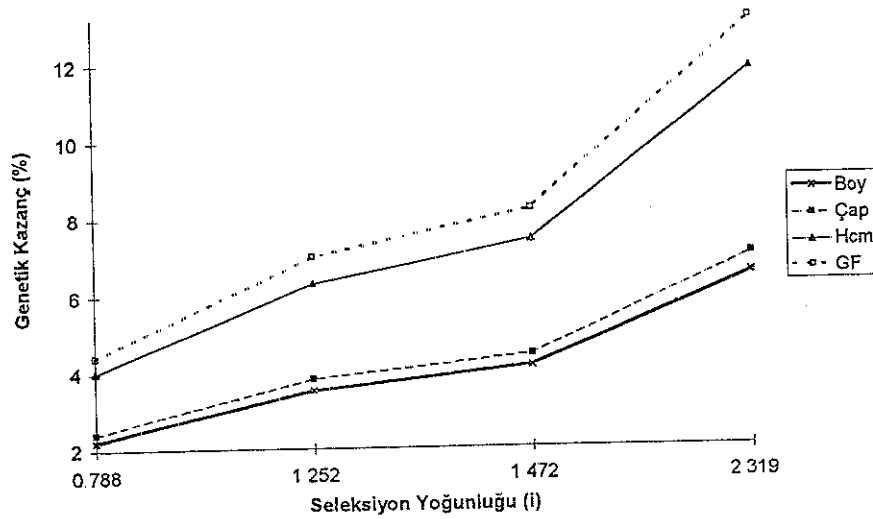
Çizelge 2.2.2'teki ANOVA modelinde olupta bu çizelgede verilmeyen varyasyon kaynakları için sıfır veya eksi varyans hesaplanmıştır

Çalışılan dört karakter için tahmin edilen aile düzeyi kalıtım dereceleri (h^2_f) orta düzeyde yüksektir. Aile düzeyinde yapılabilecek bir seleksiyonla bu karakterler için önemli oranda genetik kazanç elde edilebilecektir. Yenicedere deneme alanında dört farklı seleksiyon yoğunluğu için hesaplanan genetik kazanç, mutlak değer ve yüzde olarak Çizelge 3.3.12'te, görsel karşılaştırma amacıyla Şekil 3.3.5 'de verilmiştir.

Çizelge 3.3.12 Yenicedere deneme alanında farklı seleksiyon yoğunlukları için tahmin edilen genetik kazanç

S.O.*	i*	BOY (cm)		ÇAP (mm)		HACİM (dm ³)		GF	
		Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
1/60	2.319	18.7	6.5	5.1	7.0	1.2	11.8	0.45	13.1
10/60	1.472	11.9	4.1	3.2	4.4	0.7	7.4	0.28	8.2
15/60	1.252	10.2	3.5	2.8	3.8	0.6	6.3	0.24	7.0
30/60	0.788	6.4	2.2	1.7	2.4	0.4	4.0	0.15	4.4

*S.O. Seleksiyon oranı,
i Seleksiyon yoğunluğu



Şekil 3.3.4. Yenicedere deneme alanında, farklı seleksiyon yoğunluklarına göre boy, çap, hacim ve gövde formu için tahmin edilen genetik kazanç oranları

Yenicedere deneme alanında dört karakter için aynı seleksiyon yoğunlukları uygulandığında ($i=2\ 319, 1\ 472, 1\ 252$ ve $0\ 788$) en fazla genetik kazanç gövde formu için bulunmuştur (Çizelge 3.3.12) Gövde formu için nispeten yüksek aile kalıtım derecesi genetik kazanç oranına da yansımıştır. Boy ve çap için tahmin edilen genetik kazanç oranları da tatmin edici düzeyde ve diğer deneme alanlarına göre yüksektir. Örneğin $i=1\ 472$ seleksiyon yoğunluğuna göre Kepez deneme alanında boy için %3.1, Yenicedere deneme alanında %4.1 genetik kazanç tahmin edilmiştir.

Şekil 3.3.4'ten de görüleceği üzere seleksiyon yoğunluğu arttıkça genetik kazanç da artmaktadır. Seleksiyon yoğunluğunun artması ile gövde formu ile boy veya çap arasındaki genetik kazanç farkı da artmaktadır. Örneğin $i=0\ 788$ için gövde formu ve boy için bulunan genetik kazanç oranları arasındaki fark % 2.2 iken, $i=2\ 319$ için aradaki fark % 6.6'ya çıkmaktadır.

Yenicedere deneme alanında boy ve çap için daha düşük aile kalıtım derecelerine karşılık, Kepez denemesine göre daha fazla genetik kazanç tahmin edilmiştir. İki deneme arasındaki genetik kazanç farkı, Yenicedere denemesindeki aile fenotipik varyanslarının Kepez denemesine göre daha büyük olmasından kaynaklanmaktadır. Örneğin Yenicedere deneme alanında aile fenotipik varyasyon katsayısı $CV_{fm}=6\ 70$ iken, Kepez deneme alanında bu oran ($CV_{fm}=3\ 3$) Yenicedere deneme alanındakinin yarısı kadardır.

3.3.5. Deneme alanlarının ortak analizi

Deneme alanlarının ortak değerlendirilmesinde genetik parametrelerin hesabı için Bölüm 2.2'deki ANOVA modeli kullanılmıştır (Çizelge 2.2.3). Varyanslar, modeldeki EMS eşitliklerine göre bileşenlerine ayrılmış, her bir bileşenin toplam varyansa göre oranı Çizelge 3.3.13'da verilmiştir. Varyans bileşenleri kullanılarak elde edilen genetik ve fenotipik parametreler yine aynı çizelgede sunulmuştur. Daha kolay karşılaştırma amacıyla, her bir deneme alanı ve denemelerin ortak analizi için tahmin edilen kalıtım dereceleri, Çizelge 3.3.14'de verilmiştir.

Boy karakteri için varyansın % 1.2'si populasyon arası genetik farklardan, % 0.3'ü ise populasyon içi aileler arası genetik farklılıklardan doğmuştur. Bu karakter için varyansın % 74.3 gibi önemli bir bölümü, deneme alanları arasındaki çevresel farklardan ortaya çıkmıştır. Öte yandan, boy karakteri kadar olmasa da, çap (% 21.8) ve hacim (% 40.5) için gözlenen çeşitliliğin yine önemli bir nedeni çevreseldir. Diğer bir deyimle deneme alanları arasındaki yağış miktarı ve şekli, sıcaklık, erken ve geç donlar ve toprak özellikleri, büyümeye ilişkin karakterlerde gözlenen çeşitliliğin en önemli nedenidir. Bu oranlara göre, boy karakterinin, çap'a göre çevreden daha fazla etkilendiği söylenebilir. Çap ve hacim için populasyonlar arası genetik farklardan ortaya çıkan varyans oranları sırasıyla % 3.0 ve % 1.5 düzeyindedir. Bu iki karakter için aile kaynaklı varyans oranları daha düşük (% 1.4 ve % 0.4) bulunmuştur.

Deneme alanlarının ortak analizinde populasyon x deneme alanı, aile x deneme alanı etkileşim varyansları genel olarak yüksek bulunmuştur. Populasyon x deneme alanı etkileşim varyans oranları % 0.5 (boy) ile % 2.2 (çap ve hacim) arasında değişmektedir. Çap ve hacim için populasyon x deneme alanı etkileşim varyansları, populasyon kaynaklı varyansdan daha yüksektir. Bu etkileşimler her bir denemenin analizi için uygulanan doğrusal modelde (Bölüm 2.2, Çizelge 2.2.2 yer almadığından, her bir deneme alanı için ayrı ayrı tahmin edilen kalıtım dereceleri, gerçek değerlerinden daha fazla (biased) bulunmuş olabilir.

Gövde formu, varyansın dağılımı bakımından diğer üç karakterden farklı bir durum sergilemektedir. Her bir deneme alanının bağımsız analizinde olduğu gibi, deneme alanlarının ortak analizinde de gövde formu için populasyon düzeyindeki varyans oranı oldukça yüksek (%30) bulunmuştur (Çizelge 3.3.13). Bu bulgular, gövde formu karakterinin, büyümeye ilişkin karakterlere göre çevresel şartlardan daha az etkilenmektedir. Deneme alanlarında bu karakter için gözlediğimiz çeşitliliğin önemli bir nedeni populasyonlar arasındaki genetik farklardır. Bu durumda, kızılçamda gövde formunu ıslah etmek, diğer karakterlere göre daha kolay ve ekonomik olacaktır.

Çalışılan karakterleri genetik ve fenotipik çeşitlilik bakımından karşılaştırmak amacıyla varyasyon katsayıları (CV_g , CV_{fm}) hesaplanmıştır (Çizelge 3.3.13).

Çizelge 3.3.13. Deneme alanlarının ortak analizi ile elde edilen varyans bileşenleri, varyans bileşenlerin toplam varyansa¹ oranı (parantez içinde) ve bazı genetik-fenotipik parametreler

Parametre*	BOY	ÇAP	HACİM	GF
σ^2_s	46821	193 2696	170 4352	0 1087419
%	(74.3)	(21.8)	(40.5)	(4.9)
σ^2_p	734 011	26 5795	6 46464	0 6702955
%	(1.2)	(3.0)	(1.5)	(30.0)
σ^2_{sp}	300 803	19 1707	9 229069	0 0088277
%	(0.5)	(2.2)	(2.2)	(0.4)
$\sigma^2_{F(P)}$	175 932	12 6858	1 86101	0 0497386
%	(0.3)	(1.4)	(0.4)	(2.2)
$\sigma^2_{SF(P)}$	619 287	18 3624	9 233375	0 0124505
%	(1.0)	(2.1)	(2.2)	(0.6)
σ^2_e	14360 5	614 1168	224 1413	1 3808177
%	(22.8)	(69.5)	(53.2)	(61.9)
σ^2_{fm}	518 373	25 094	7 087	0 070
σ^2_μ	15155 7	645 16	235 24	1 44
CV_μ	23 4	33 0	80 3	32 4
CV_{fm}	4 33	6 51	13 94	7 12
CV_g	4 37	8 01	12 37	10 41
$h_i^2 \pm SE$	0 041 ± 008	0 058 ± 011	0 024 ± 005	0 096 ± 018
$h_f^2 \pm SE$	0 417 ± 264	0 517 ± 196	0 272 ± 207	0 694 ± 193
\bar{X}	526	77	19 1	3 71
n	5021	5021	5021	5012

* σ^2_s Deneme alanları arasındaki farklılıklardan ortaya çıkan varyans

σ^2_{sp} Deneme alanı x populasyon etkileşimi varyansı

$\sigma^2_{SF(P)}$ Deneme alanı x aile etkileşimi varyansı

Diğer kısaltmalar için Çizelge 3.1.1'e bakınız

Çizelge 2.2.3'teki 3 ANOVA modelinde olupta çizelgede yer almayan varyasyon kaynakları için sıfır yada eksi varyans elde edilmiştir.

1) Toplam varyans = $\sigma^2_s + \sigma^2_p + \sigma^2_{sp} + \sigma^2_{F(P)} + \sigma^2_{SF(P)} + \sigma^2_e$

Ortak değerlendirme sonucunda boy için elde edilen genetik varyasyon katsayısı ($CV_g=4.37$) her bir deneme alanına göre daha düşük bulunmuştur. Bu değer Kepez'de %4.54, Düzlerçamı'nda %11.8 ve Yenicedere denemesinde %7.5 bulunmuştur (Çizelge 3.36 ve 3.39). Ortak değerlendirmede genetik çeşitliliğin en fazla olduğu karakter % 12.37 ile hacim'dir. Her bir deneme alanının bağımsız değerlendirilmesinde olduğu gibi, çap karakterinde gözlenen genetik çeşitlilik, boy karakterine göre daha yüksektir.

Çizelge 3.3.14. Her bir deneme alanının ayrı analizi ve denemelerin ortak analizinde boy, çap, hacim ve gövde formu için elde edilen birey ve aile düzeyindeki kalıtım dereceleri ve standart hataları

b-Birey kalıtım dereceleri

Deneme alanı	Yaş	BOY	ÇAP	HACİM	GF
Kepez	18	0.194±0.036	0.201±0.037	0.181±0.034	0.091±0.017
Düzlerçamı	13	0.105±0.020	0.139±0.026	0.109±0.020	- ¹⁾
Düzlerçamı	17	0.133±0.025	0.148±0.027	0.112±0.021	0.182±0.034
Bük	18	0.095±0.018	0.050±0.010	0.057±0.011	0.010±0.002
Yenicedere	18	0.093±0.018	0.072±0.014	0.057±0.011	0.168±0.031
Ortalama		0.129	0.118	0.102	0.113
Ortak analiz		0.041±0.008	0.058±0.011	0.024±0.005	0.096±0.018

a-Aile kalıtım dereceleri

Deneme alanı	Yaş	BOY	ÇAP	HACİM	GF
Kepez	18	0.631±0.19	0.656±0.19	0.609±0.19	0.473±0.19
Düzlerçamı	13	0.503±0.19	0.576±0.19	0.512±0.18	- ¹⁾
Düzlerçamı	17	0.452±0.19	0.479±0.19	0.404±0.19	0.506±0.20
Bük	18	0.291±0.17	0.167±0.20	0.194±0.19	0.038±0.18
Yenicedere	18	0.424±0.19	0.339±0.19	0.289±0.19	0.561±0.19
Ortalama		0.46	0.44	0.40	0.39
Ortak analiz		0.417±0.26	0.517±0.196	0.272±0.207	0.694±0.193

¹⁾ Gövde formu Düzlerçamı deneme alanında 13 yaşta gözlenmemiştir

Deneme alanlarının ortak analizinde boy ($h^2_f=0.417$), çap ($h^2_f=0.517$) ve gövde formu ($h^2_f=0.694$) için tahmin edilen aile düzeyindeki kalıtım dereceleri orta düzeyde yüksek bulunmuştur. Hacim kalıtım derecesi hariç, ortak analiz sonucu elde edilen aile kalıtım dereceleri, deneme alanlarının ortalama kalıtım derecelerine paralellik göstermektedir (Çizelge 3.3.14). Hacim için kalıtım derecesi ($h^2_f=0.272$) düşüktür ve yüksek standart hata nedeniyle güvenilirlik düzeyi düşüktür. Ancak uygulamada hacim yerine genellikle doğrudan ölçülebilen boy veya çap gibi karakterler üzerinde seleksiyon yapılmaktadır. Aile kalıtım derecelerinin, birey kalıtım derecelerine göre daha yüksek olması, kızılcamda aile seleksiyonu ile daha fazla genetik kazanç sağlanabileceğini göstermektedir (Çizelge 3.3.15).

Ortak analiz sonucu boy için tahmin edilen birey kalıtım derecesi ($h_i^2=0.04$), her bir deneme alanı için bulunan kalıtım derecelerine göre daha düşük düzeydedir (Çizelge 3.3.14). Her bir deneme alanında çap için elde edilen kalıtım dereceleri ise $h_i^2=0.201-0.05$ arasında değişmektedir (Çizelge 3.3.14). Deneme alanlarının ortak analizinde çap için (0.058) elde edilen kalıtım derecesi yukarıda verilen sınırlar içinde kalmasına rağmen düşüktür.

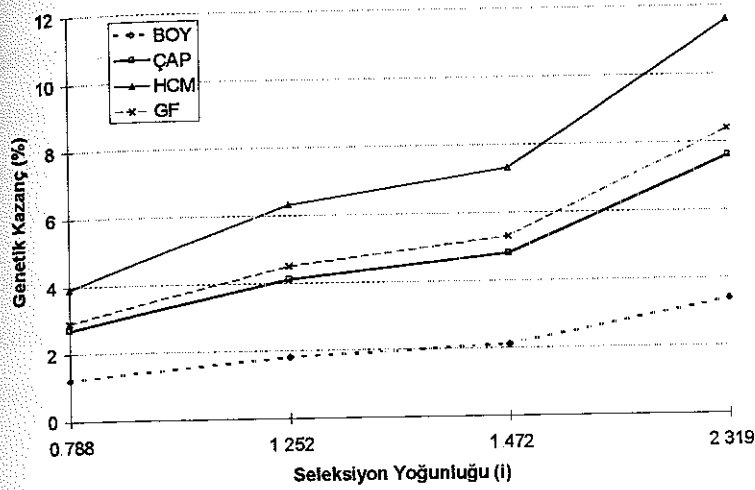
Çizelge 3.3.15. Deneme alanlarının ortak analizi için farklı seleksiyon yoğunlukları için tahmin edilen genetik kazanç

S.O*	i*	BOY (cm)		ÇAP (mm)		HACİM (dm ³)		GF	
		Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%	Mutlak	%
1/60	2.319	17.7	3.4	5.8	7.6	1.6	8.4	0.43	11.6
10/60	1.472	11.2	2.1	3.7	4.8	1.0	5.3	0.27	7.3
15/60	1.252	9.6	1.8	3.2	4.1	0.9	4.5	0.23	6.3
30/60	0.788	6.0	1.2	2.0	2.7	0.6	2.9	0.15	3.9

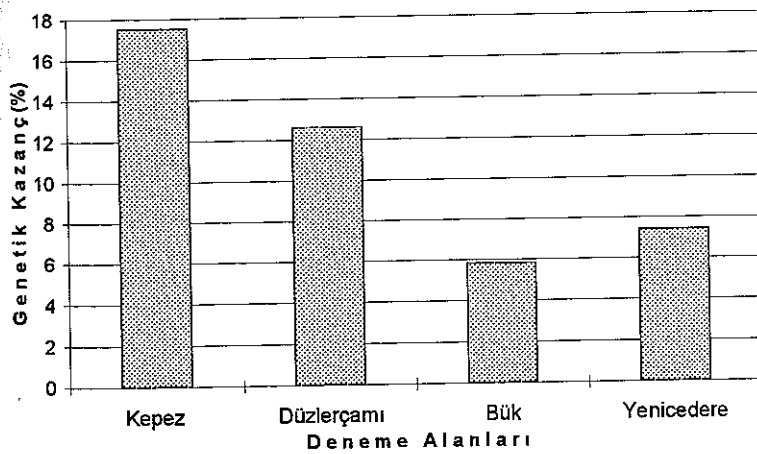
*S.O.=Seleksiyon oranı, i=Seleksiyon yoğunlukları

Deneme alanlarının ortak analizi ile elde edilen kalıtım dereceleri ve fenotipik varyanslar kullanılarak çeşitli seleksiyon yoğunlukları için genetik kazanç tahmin

edilmiştir (Çizelge 3.3.15). Genetik kazanç oranları görsel karşılaştırma amacıyla ayrıca Şekil 3.3.5.'de verilmiştir. Boy ve çap için tahmin edilen genetik kazanç oranları genel olarak her deneme için bulunan değerler ile paraleldir. Ancak hacim genetik kazanç oranları, aile fenotipik varyansı ve kalıtım derecesinin küçüklüğü nedeniyle diğer deneme alanlarına göre düşük bulunmuştur.



Şekil 3.3.5. Deneme alanlarının ortak analizi sonucu boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü için tahmin edilen genetik kazanç oranları



Şekil 3.3.6. Her bir deneme alanında en fazla hacim yapan ilk 10 ailenin seçilmesi halinde (10/60 seleksiyon oranına göre, i=1.472) hacim için tahmin edilen genetik kazanç oranları

3.4 Genetik ve Fenotipik Korelasyonlar

3.4.1 Boy, çap ve gövde düzgünlüğü karakterleri arasındaki korelasyonlar

Her bir deneme alanında ve ayrıca deneme alanlarının toplu değerlendirilmesinde boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü arasında fenotipik ve genetik korelasyonlar tahmin edilmiş (Çizelge 3 4 1).

Boy ile çap arasında genel olarak yüksek ve pozitif genetik korelasyonlar gözlenmiştir (Çizelge 3 4 1). İki karakter arasındaki genetik korelasyonlar deneme alanlarına göre $r_g=0.17$ (Bük) ile $r_g=0.92$ (Kepez) arasında değişmektedir. Fenotipik korelasyonlar yine pozitif ve yüksek bulunmuştur.

Hacim, çap ve boy karakterlerinin bir türevi olduğu için, bu karakter, beklenildiği üzere çap ve boy ile pozitif ve güçlü genetik ilişkiler göstermiştir. Hacim karakterinin gövde düzgünlüğü ile gösterdiği genetik ve fenotipik ilişkiler genellikle çap-gövde düzgünlüğü ilişkileri ile büyük bir paralellik göstermiştir.

Çap ile gövde düzgünlüğü genetik ilişkileri, negatif zayıf ($r_g= -0.10$) ile pozitif orta düzeyde yüksek ($r_g=0.59$) arasında değişmektedir. Deneme alanlarına göre oldukça farklı bulunan bu genetik korelasyonlara kısmen yüksek standart hatalar eşlik etmektedir. Benzer şekilde değişen genetik ilişkiler, boy ile gövde düzgünlüğü arasında da gözlenmiştir. İki karakter arasındaki genetik korelasyonlar pozitif yönde, mutlak değer olarak zayıf ($r_g=0.05$) ile yüksek ($r_g=0.98$) değer arasında değişmektedir. Çap ile gövde düzgünlüğü arasındaki fenotipik ilişkiler $r_p=0.0$ ile $r_p=0.30$ değişirken, boy-gövde düzgünlüğü fenotipik ilişkileri ise kısmen daha yüksektir (Çizelge 3 4 1).

Gövde düzgünlüğü ile boy veya gövde düzgünlüğü ile çap arasında genetik ilişkiler kızılçam için ilk kez bu çalışmada incelenmektedir. Kaya ve Işık (1997) kızılçamda bazı fidan karakterleri arasında yüksek genetik korelasyonlar bildirmekteydiler. Bazı iğne yapraklı orman ağacı türlerinde gövde düzgünlüğü ile boy arasında negatif genetik korelasyon gözlenmiştir (Woolaston vd 1990, Dean vd 1986). Diğer taraftan, Hodge ve White (1992) *P. elliottii*'de, St Clair (1994-a) Douglas göknarında pozitif güçlü genetik korelasyonlar bildirmekteydiler. *Pinus radiata*'da çap ile gövde düzgünlüğü arasında ortalama genetik korelasyon Yeni

Zelanda'da düşük ($r_g=0.12$), Avustralyada ($r_g=0.42$) orta düzeyde yüksek ve pozitif bulunmuştur (Cotterill ve Dean 1990)

Çizelge 3.4.1. Büyüme ve gövde formu karakterleri arasındaki genetik (diyagonalların sol alt kısmında) ve fenotipik (diyagonalların sağ üst kısmında) korelasyonlar

		BOY	ÇAP	HCM ¹⁾	SF ²⁾
a) Kepez	BOY	-	0.78	0.83	0.17
	ÇAP	0.92± 04	-	0.96	0.00
	HCM	0.98± 01	0.99± 00	-	0.01
	SF	0.10± 09	0.25± 09	0.23± 10	-
b) Düzlerçamı	BOY	-	0.80	0.86	0.30
	ÇAP	0.77± 06	-	0.94	0.21
	HCM	0.85± 04	0.90± 03	-	0.23
	SF	0.26± 10	-0.10± 12	0.08± 13	-
c) Bük	BOY	-	0.85	0.88	0.43
	ÇAP	0.17± 72	-	0.95	0.30
	HCM	0.44± 14	0.43± 15	-	0.34
	SF	0.98± 02	0.59± 29	1.82± 0.23	-
d) Yenicedere	BOY	-	0.78	0.83	0.17
	ÇAP	0.62± 24	-	0.96	0.00
	HCM	0.77± 16	0.98± 01	-	0.01
	SF	0.52± 23	-0.10± 33	0.07± 34	-
e) Deneme alanlarının birlikte analizi	BOY	-	0.78	0.83	0.17
	ÇAP	0.84± 03	-	0.96	0.00
	HCM	0.91± 02	0.99± 002	-	0.01
	SF	0.05± 12	0.06± 12	0.08± 14	-

Analizinde kullanılan karakter çifti sayısı : Kepez=1761, Düzlerçamı=1065, Bük=760, Yenicedere=1355, deneme alanlarının toplu analizinde=5022.

Serbestlik derecesi 500 ve daha yukarı için fenotipik korelasyon katsayısı; $r_{0.05} = 1.965$, $r_{0.01} = 2.586$, $r_{0.001} = 3.310$ olasılık düzeyinde önemlidir.

1) Hacim

2) Gövde düzgünlüğü

3.4.2 Tepe formu ve dallanma karakterleri arasındaki korelasyonlar

Kızılçamda büyümeye ilişkin karakterler ile tepe karakterleri ve dallanma karakterleri arasında tahmin edilen genetik ve fenotipik korelasyonlar Çizelge 3.4.2'da verilmiştir.

Çap ve boy karakterlerinin, tepe formu ve dallanma karakterleri ile olan ilişkisi aynı yönde ve değer olarak birbirine yakındır. Kızılçamda çap ile tepe genişliği (CRD) ($r_g=0.87$) ve çap ile tepe uzunluğu (CRL) arasında güçlü pozitif genetik ilişkiler ($r_g=0.90$) vardır (Çizelge 3.4.2). Uzun ve geniş bir tepe tacına sahip olan genotipler, genetik olarak daha kalın çap yapma eğilimindedirler. Ancak tepe formu şekil indeksi ile boy ($r_p=-0.36^{***}$) ve CSI ile ($r_p=-0.18^{**}$) çap arasındaki negatif fenotipik korelasyonlar, yayvan tepeli değil de, uzun ve konik olan genotiplerin daha hızlı büyüyen bireyler olduğunu göstermektedir.

Kızılçamda tepe formu ile hızlı büyüme arasındaki ilişkilere benzer ilişkiler, diğer bazı konifer türlerinde de gözlenmiştir. Örneğin, sarıçamda tepe formu şekil indeksi ile toprak üstü biyokitle üretimi arasında pozitif önemli fenotipik ilişki belirlenmiştir (Kuuluvainen vd 1988). Douglas göknarında yürütülen bir çalışmada konik tepe yapısına sahip genotiplerin daha hızlı büyüdüğü bildirilmektedir (St Clair 1994-2). Avrupa ladininde (*Picea abies*) yine dar ve konik tepeli fertlerin geniş tepeli fertlere göre hacim artımında daha etkin oldukları gözlenmiştir (Kuuluvainen 1988). Dar tepeli fertlerin gövde hacmindeki bu üstünlüğü, Avrupa ladini ve sarıçamda birim alana düşen ibre yoğunluğuna, dar ve konik tepenin horizontal olarak daha az yer tutmasına ve fotosentezle üretilen biyokitlenin daha çok gövdede birikimine bağlanmaktadır (Kuuluvainen 1988).

Dal açıları (BA6, BA7) dışında kalan diğer dallanma karakterleri ile büyüme karakterleri (boy ve çap) arasındaki genetik ve fenotipik ilişkiler pozitif yönde ve güçlüdür (Çizelge 3.4.2). Kızılçamda çap ile dal uzunluğu ($r_g=0.89$) ve çap ile dal sayısı ($r_g=1.11$) arasında pozitif ve güçlü genetik korelasyon vardır. Benzer şekilde kalın dal sayısı (NTB) ile büyümeye ilişkin karakterler arasında da güçlü

Çizelge 3.4.2: Dallanma ve tepe formu karakterleri arasındaki genetik korelasyonlar ve standart hataları (Diagonal alt kısmı) ile fenotipik korelasyonlar (diagonalın üst kısmı)

	HT	dbh	PRU	BA6	BA7	NGC
HT ¹		0.93	0.66	0.00	0.05	0.69
dbh	0.92±0.04		0.58	0.00	-0.04	0.45
PRU	1.00±0.01	0.99±0.00		0.10	-0.18	0.72
BA6	-0.49±0.25	-0.62±0.19	-0.41±0.29		0.81	0.04
BA7	-0.59±0.17	-0.58±0.15	-0.59±0.17	1.11±0.07		-0.01
NGC	0.90±0.29	0.78±0.09	0.72±0.12	-0.14±0.28	-0.12±0.20	
NB6	1.15±0.00	1.11±0.01	1.12±0.01	-0.27±0.79	-0.39±0.52	1.15±0.00
LBR	0.88±0.06	0.89±0.05	0.86±0.07	-0.72±0.15	-0.72±0.11	0.65±0.13
CRL	1.00±0.00	0.90±0.06	1.00±0.02	-0.53±0.29	-0.60±0.19	0.79±0.11
CRD	0.94±0.05	0.87±0.08	1.17±0.15	-0.57±0.32	-0.62±0.21	0.82±0.11

	NB6	LBR	CRL	RCL	CRD	CSI
HT	0.68	0.76	0.96	0.03	0.79	-0.36
dbh	0.65	0.83	0.90	0.03	0.77	-0.18
PRU	0.54	0.42	0.42	-0.71	0.34	-0.13
BA6	0.01	0.16	0.04	0.15	0.11	0.16
BA7	-0.05	-0.20	0.00	0.16	0.06	0.14
NGC	0.71	0.54	0.70	0.05	0.50	-0.29
NB6		0.47	0.62	-0.09	0.45	-0.25
LBR	0.82±0.19		0.76	0.14	0.82	0.02
CRL	1.17±0.01	0.89±0.07		0.29	0.74	-0.38
CRD	1.18±0.18	0.88±0.08	0.85±0.13	-		0.29

Fenotipik korelasyon katsayısı $r \geq 0.10$ ise $p=0.05$, $r \geq 0.15$ ise $p=0.01$ olasılık düzeyinde önemlidir.

¹⁾ Serbestlik derecesi karakter çiftine göre 440 ile 528 arasında değişmektedir

¹⁾ Kısaltmalar için Çizelge 3.4.1'e bakınız

ve pozitif genetik korelasyonlar gözlenmiştir (Çizelge 3 4 3) Hızlı çap artımı yapan genotipler genetik olarak aynı zamanda daha fazla, daha uzun ve daha kalın dal oluşturma eğilimindedirler. Sürgün sayısı ile çap arasındaki genetik ilişki ($r_g=0.78$) pozitif yönde ve güçlüdür. Daha fazla dal boğumu olan genotiplerin seçimi halinde, bu fertler aynı zamanda daha hızlı büyüyen genotipler olacaktır.

Kızılçamda çap veya boy ile dallanma karakterleri arasındaki fenotipik korelasyonlar, genetik korelasyonlara paralel bir şekilde pozitif ve yüksektir. Çalışılan karakterler içinde yalnızca dal açıları (BA6 ve BA7) diğer karakterlerle negatif genetik ilişkiler göstermişlerdir. Ancak dal açıları ile diğer karakterler arasındaki genetik korelasyonlara yüksek standart hataların eşlik etmesi, bu korelasyonların yorumunu güçleştirmektedir (Çizelge 3 4 2). Diğer bir deyimle boy veya çap için seleksiyon yapıldığı takdirde kızılçamda dal açısının ne yönde etkilenebileceğini tahmin etmek yanıltıcı olabilecektir.

Çizelge 3 4 3. Kalın dal sayısı (NTB) ile bazı karakterler arasındaki genetik (r_g) ve fenotipik (r_p) korelasyonlar.

	NTB	
	r_g	r_p ¹⁾
HT	0.86±0.27	0.68
DBH	0.89±0.30	0.80
SF	0.26±1.20	0.32
CRD	0.79±0.27	0.73
CSI	²⁾	0.00

1) Fenotipik korelasyonlar $r \geq 0.13$ ise 0.001 olasılık düzeyinde önemlidirler.

2) Türetilmiş bir karakter olan gövde düzgünlüğü şekil indeksi (CSI) ile NTB arasında genetik korelasyon tahmin edilmemiştir.

4. TARTIŞMA

4.1 Populasyonların ve Ailelerin Karşılaştırılması

4.1.1 Boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü

Kızılçamın doğal populasyonları arasında ve populasyon içi aileler arasında boy, çap, hacim ve gövde düzgünlüğü bakımından önemli düzeyde farklılıklar belirlenmiştir. Tür içinde gözlenen bu çeşitliliğin önemli bir kısmı genetik kontrol altındadır. Kızılçamda üstün populasyonların ve ailelerin seçilmesi ile önemli düzeyde genetik kazanç sağlanabilecektir.

Denemede kullanılan altı populasyon arasında boy artımı bakımından istatistiksel önemde farklar gözlenmiştir. Şöyleki, kızılçam doğal yayılışının orta yükselti kuşağından gelen populasyonlar ve aileler "kenar" (Peripheral) populasyonlara göre daha hızlı büyümektedirler. Örneğin her bir deneme alanında en fazla boy artımını, bir orta zon populasyonu olan M yapmıştır. Ancak M populasyonun yaptığı bu boy farkı, orta yükselti kuşağındaki deneme alanından daha yüksek ve daha alçak zonlardaki deneme alanlarına doğru gidildikçe azalmaktadır. Diğer bir deyişle, her populasyon, en fazla boy artımını kendi orijin yükseltisine en yakın deneme alanında yapmaktadır. Bir populasyonun kendi orijin yükseltisinden uzaklaşması ile, M'nin ona karşı yaptığı relatif fark da artmaktadır. Örneğin M'nin alçak rakımdan gelen D'ye (61 m) göre boy farkı, alçak rakımlı Kepez (82 m) deneme alanında % 9 iken, bu oran yüksek rakımlı Yenicedere'de (850 m) %22'ye çıkmıştır. Yine benzer şekilde M'nin yüksek rakımdan gelen H'ye göre boy farkı Yenicedere deneme alanında en az, Kepez deneme alanında en fazladır.

Denemelerin altıncı yaşında elde edilen bulgular ile 13, 17 ve 18 yaşlarda yapılan bu çalışmanın sonuçları genel olarak paralellik göstermektedir (Işık vd 1987, Işık ve Kara 1997) Şöyleki; her iki gelişim çağında da populasyonların boy bakımından sıralanmasında önemli bir fark gözlenmemiştir. M, altıncı yaşta olduğu gibi 17 ve 18 yaşlarda da en hızlı boy artımı yapan populasyon olarak belirlenmiştir. Ancak M populasyonu ile lokal populasyonlar arasındaki boy farkında yaşa bağlı olarak küçük bir düşme gözlenmiştir. Örneğin Kepez denemesinde altıncı yaşta M ile

D arasındaki boy farkı % 14 iken (Işık vd 1987), 18. yaşta bu fark % 10'a düşmüştür. Ancak bu düşüş, popülasyonlar arasındaki farklılık düzeyinin düşmesi anlamına gelmemektedir. Ayrıca çap ve hacim bakımından da böyle bir düşüş olduğu söylenemez. Popülasyonlar arası boy farklılığı, altıncı yaşta olduğu gibi, 13, 17 ve 18. yaşlarda 0.001 olasılık düzeyinde önemli bulunmuştur. Popülasyon içi aileler arasındaki boy farklılık düzeyi ise yaşa bağlı olarak Düzlerçamı ve Bük deneme alanlarında azalmış, diğer deneme alanlarında değişmemiştir. Denemelerin altıncı yaşı ile 17 ve 18. yaşı arasındaki bu paralellik, üstün genotiplerin ve popülasyonların altıncı yaş gibi erken yaşlardan itibaren seçilebileceğini göstermektedir. Bu bulgu, kızılçam ıslah programının daha hızlı ilerlemesi için önemli katkısı olabilecek bir biyolojik özelliktir.

Çap ve hacim bakımından da popülasyonlar ve aileler arasında önemli farklar gözlenmiştir. Boy bakımından olduğu gibi her popülasyon en fazla çap artımını kendi orijin yükseltisine en yakın deneme alanında yapmıştır. Alçak zondaki Kepez deneme alanında en fazla çap ve hacim artımını yine alçak zon orijinli S popülasyonu yapmıştır. Kepez'de, bir başka alçak zon orijinli D popülasyonu, M'den sonra en fazla çap artımı yapan üçüncü popülasyondur. Kepez deneme alanında alçak zon orijinli ailelerin çap artımındaki başarısı, bu deneme alanı için elde edilen aile orijin yükseltisi ile çap arasındaki yüksek korelasyon ile de kendini göstermektedir. Öte yandan deneme alanının rakımı arttıkça S ve D sıralamada daha aşağı düşmekte, M ile birlikte K ve B gibi orta zon popülasyonları ise sıralamada öne geçmektedirler. Orta zondaki denemelerde çap-yükselti ilişkisi doğrusal olmayan (polynomial) bir şekil almaktadır. Bu ilişkiler, alçak zonlar için çap büyümesine dayalı olarak seleksiyon yapılırken, boy karakterinden farklı olarak, alçak yükselti orijinli doğal popülasyonlara daha fazla ağırlık verilmesi gereğine işaret etmektedir. Ancak üstün genotiplerin seçiminde, çap karakteri kendi başına bir ölçüt olarak ele alınmamalıdır. Çap ile birlikte; (i) aşağı yükselti (0-200 m) için ayrı bir ıslah programı yürütmek için yeteri kadar ağaçlandırma alanı olup olmaması, (ii) ıslah programında zonlamanın maliyeti ve teknik güçlüğü, (iii) seçilen genotipin gövde ve tepe kalitesi, boy artımı, dallanma özellikleri ve (iv) orijinin genetik uyumluluğu gibi ölçütler de gözönünde tutulmalıdır.

Akdeniz kıyı kuşağında endüstriyel plantasyonlar için yeterli büyüklükte, bütünlüğü olan alanlar sınırlıdır. Kepez deneme alanı ve benzeri bu sahalar için S yerine M'nin seçilmesi halinde, %4 çap kaybı, %6 hacim kaybı söz konusudur. Ancak, Antalya bölgesinde zonlama yapmadan, 60 m ile 850 m kuşağı için en hızlı büyüyen populasyonun (M) tohum kaynağı olarak seçilmesi halinde, % 30 daha fazla hacim artımı elde edilebilecektir. Diğer bir deyişle M populasyonu, Kepez deneme alanında S'ye göre daha az yaptığı küçük artım farkını diğer deneme alanlarında fazlasıyla telafi etmektedir. Genetik uyumsuzluğun ortaya çıkmayacağı varsayılarak M gibi populasyonların seçimi halinde, tohum transferi ve farklı ıslah zonlaması gibi daha çok ekonomik ve teknik girdi isteyen karmaşık sorunlar yaşanmayacaktır. Bundan başka M populasyonu daha fazla boy yapmakta, daha kaiteli gövde ve tepe şekli oluşturmaktadır. Bu avantajları nedeniyle M gibi orta zon populasyonlarının tohum kaynağı olarak seleksiyonu ile ekonomik getirinin daha fazla olacağı söylenebilir.

Kızılçamda boy ve çap karakterleri için denizden iç kesimlere doğru kesintisiz bir çeşitlilik gözlenmiştir. Bu çalışmadaki bulgular, kızılçamda daha önce yapılan genetik çeşitlilik ile ilgili çalışmaların sonuçlarını desteklemektedir (Işık 1986, Işık vd 1987, Calamassi vd 1988, Işık ve Kaya 1995, Işık ve Kara 1997). Ancak bu çalışmada büyüme ile yükselti arasında gözlenen ilişkiler doğrusal olmaktan çok, eğriseldir (polinomial). Boy için elde edilen polinomial regresyon modelleri, yükseltiye bağlı olarak varyasyonun %20'si ile %54'ünü açıklarken, doğrusal modellerin yükseltiye bağlı olarak boy karakterindeki çeşitliliği açıklama oranları daha düşük bulunmuştur. Örneğin Kepez deneme alanında doğrusal ve polinomial modeller için bulunan R^2 değerleri sırasıyla 0.06 ve 0.20 düzeyindedir. Kızılçam doğal populasyonları arasında istatistiksel önemdeki büyüme farklılıkları, bazı ülkelerde yürütülen kızılçam orijin denemelerinde de gözlenmiştir (Palmberg 1976, Fisher vd 1986, Weinstein 1989).

Gövde düzgünlüğü karakteri bakımından da populasyonlar ve aile arasında önemli düzeyde farklılık gözlenmiştir. Yüksek ve orta yükselti orijinli populasyonlar, alçak yükselti orijinli populasyonlara göre daha düzgün gövde yapmaktadırlar. K populasyonu, her bir deneme alanında gövde düzgünlüğü bakımından açık bir şekilde üstün özelliğe sahiptir. Alçak orijinli populasyonlar ise eğri gövde şekilleri ile belirgin

bir şekilde diğerlerinden ayrılmaktadırlar. Hem her bir deneme alanında, hem de toplu değerlendirilmede gövde düzgünlüğü ile ailelerin orijin yükseltisi arasında pozitif ve yüksek korelasyonlar belirlenmiştir. Her bir deneme alanı için elde edilen regresyon modellerine göre, gövde düzgünlüğündeki çeşitliliğin en az %60'ı ailelerin orijin yükseltisi ile açıklanmaktadır. Denizden daha izole bir yayılışı olan H analizlerden çıkarıldığında bu oran %86'ya çıkmaktadır.

Orta kuşak populasyonlarının hızlı büyümesi "liberal büyüme stratejisi" ile açıklanmaktadır (Işık vd 1987). Buna göre, kızılçamın optimum yayılışı olan orta kuşakta yer alan populasyonlar, kuraklık, ekstrem sıcaklıklar, erken ve geç donlar gibi doğal seleksiyon güçlerinden (kenar populasyonlara göre) nispeten daha uzaktırlar.

"Buradaki çevre faktörleri, türün fizyolojik kapasitesinin orta bölgesinde (normal sınırlar içinde) bulunmaktadır. Örneğin kızılçam türünde, sahile yakın populasyonlar büyüme mevsimi içinde yaz aylarının kuraklık faktörünün etkisi altındadır. Yüksek zonlardaki populasyonlar ise, geç ilkbahar ve erken sonbahar döngüsü içinde, don faktörünün baskısı ile karşılaşmaktadır. Başka bir deyişle, kenar bölgelerdeki çevre faktörleri, kızılçam türünün 'normal' fizyolojik kapasitesinin dışında, bu kapasiteyi zorlayıcı bölgelerde bulunmaktadır. Bu durumda, türün fizyolojik kapasitesinin zorlandığı kenar populasyonlarda, daha yavaş büyüme yapan 'tutucu' bir gelişim stratejisi ortaya çıkmıştır. Türün normal fizyolojik kapasitesinin en uygun zonunda yer alan merkezi populasyonlarında ise, 'liberal' bir gelişim stratejisi meydana gelmiştir. Yani, merkez populasyonların bulunduğu yörede, fiziksel etmenler (nem, sıcaklık...) bu tür için en uygun düzeyde olduğundan, tür daha uzun süre ve daha hızlı büyüme yapmaktadır. Bu optimal bölgede hızlı büyüyen bireyler, ışık, nem, toprak besin elementleri bakımından komşu bireylerle daha etkili ve çetin rekabet yapabilmekte; sonuç olarak da rekabeti kazanan bireyler, hızlı büyümeyi sağlayan genlerini bir sonraki kuşağa, yavaş büyüyen bireylere oranla daha çok sayıda verebilmektedir. Böylece oluşan yeni kuşaklar, daha hızlı büyüme özelliğine sahip olmaktadır" (Işık vd 1987, s 105).

Bu teori, Yıldırım'ın (1992) kızılçamda sürgün morfolojisi üzerinde yaptığı çalışma ile de desteklenmektedir. Şöyle ki; hızlı büyüyen orta kuşak populasyonları, aynı zamanda daha çok sayıda yaz sürgünü (free growth) oluşturmaktadırlar. Yaz sürgünlerinin fazla olması bu populasyonların yaz mevsiminde olabilecek periyodik yağışlara göre fırsatçı bir büyüme seyri izlediğini, ve bu özelliğin adaptif (uyum değeri yüksek) bir davranış şekli olduğunu göstermektedir (Kaya ve Işık 1997). Kenar populasyonlar ise Düzlerçamı deneme alanında daha az sürgün oluşturmuşlardır. Yüksek ve alçak yükseltelerde daha "tutucu" bir büyüme özelliği gösteren genotipler, bu özellikleri sayesinde çevre stresinden kaçınabilmektedirler. Benzer bulgular, Işık ve Kaya (1995) tarafından fidan düzeyindeki sürgün morfolojisi ve fenolojik karakterler için de bildirilmektedir. Fidanlık koşullarında dört farklı yükseltiden gelen populasyonların büyüme başlatmaları ve tomurcuk oluşturmaları farklı bulunmuştur. Populasyonun orijin yükseltisi arttıkça tomurcuk patlatma tarihi gecikmektedir. Yine aynı çalışmada orta yükselti kuşağından gelen populasyonların iki yaşında da daha fazla yaz sürgünü oluşturdukları gözlenmiştir (Kaya ve Işık 1997).

Farklı coğrafik ve ekolojik bölgelerde bulunan doğal populasyonlar, evrimsel süreç içinde, çevreye adaptasyon sonucu genetik olarak farklılaşırlar. Bu çalışmanın konusu olan populasyonlar üzerinde yürütülen moleküler düzeydeki çalışmalar, orta kuşakta yer alan populasyonlarda genetik çeşitliliğin daha yüksek olduğunu ortaya koymuştur (Işık ve Kara 1997, Kara vd 1997). Orta yükselti kuşağındaki populasyonlar, coğrafi konumları gereği hem alçak, hem de yüksek zondaki populasyonlar ile daha etkin gen alış verişi yapabilmektedirler. Bu populasyonlar ile kenar populasyonlar arasındaki gen göçü, alçak ve yüksek zondaki populasyonlar arasındaki göç miktarına göre daha etkin ve fazladır. Bu durum, orta yükselti kuşağında yeni gen kombinasyonları ile heterozigotluk düzeyini arttırmaktadır (Işık ve Kaya 1997). Sonuç olarak ortaya çıkan genotiplerin populasyon düzeyinde "melez gücü" (heterosis) göstermeleri olasılığı artmaktadır. İki farklı kenar populasyon arasındaki genetik farklılık (allel frekanslarının farklılığı) ne kadar fazla ise melez gücünün ortaya çıkması da fazla olacaktır (Falconer 1989). Kızılçamın optimum yayılışından uzaklaştıkça, erken ve geç donlar, kuraklık gibi doğal seleksiyon

kuvvetleri ve tarih boyunca süren insan müdahaleleri, doğal yayılışın alt ve üst sınırındaki populasyonlarda genetik çeşitliliği azaltmış olabilir (Işık ve Kara 1997). Bu çalışmada yer alan orta zon populasyonların daha alt ve daha üst zonalardaki deneme alanlarında daha üstün performans göstermeleri, buna karşılık kenar populasyonların kendi çevrelerinden uzaklaştıkça daha yavaş büyümeleri, genetik çeşitliliğin ve plastitenin orta zon populasyonlarında daha fazla olabileceğini göstermektedir

Antalya yöresi kızılçam populasyonlarında gövde düzgünlüğü bakımından gözlenen genetik farklılıkların oluşmasında, doğal seleksiyon güçleri yanında insan eliyle yürütülen menfi seleksiyonun (Disgenic selection) önemli rol oynadığı sanılmaktadır. Yüksek zonda kışın yağışın bazen kar şeklinde düşmesi, kalın dallı, eğri gövdeli ve kaba tepeli genotiplerin ayıklanmasına neden olmuştur. Gövde düzgünlüğü ile tepe formu şekil indeksi arasındaki yüksek fenotipik korelasyon (-0.46 , $p < 0.01$) da bu görüşü desteklemektedir. Son zamanlarda yürütülen arkeolojik araştırmalar, Akdeniz ekosistemlerindeki ormansızlaşmanın 8000 yıldan bu yana insan eliyle yürütüldüğünü, ve insan etkisinin sanıldığından daha fazla olduğunu ortaya koymuştur (Runnels 1995). Özellikle alçak zon orijinli populasyonların yerleşim yerlerine olan yakınlığı nedeniyle, menfi seleksiyondan daha fazla etkilendikleri düşünülebilir. Düzgün gövdeli fertlerin populasyonlardan kesilip ayıklanması, geriye kalan bireylerin oluşturduğu populasyonlarda gövde düzgünlüğünü olumsuz etkileyen allel frekanslarının artmasına neden olmuştur

Kızılçamda gövde düzgünlüğü bakımından populasyonlar arasındaki yüksek genetik çeşitlilik, bu karakterin ıslahının boy ve çap karakterlerine göre daha kolay ve çabuk sonuç alınabileceğini göstermektedir. Arzu edilen (uyum değeri, hızlı büyüme) diğer karakterler bakımından da üstün olmaları durumunda, K populasyonu gibi düzgün gövde düzgünlüğüne sahip orijinlerin tohum kaynağı olarak seçilmesi halinde, yeni kurulacak ağaçlandırmalarda kaliteli gövde sayısı önemli düzeyde artacaktır

Kızılçamda tepe formu karakterleri (tepe uzunluğu, tepe genişliği, tepe formu şekil indeksi) bakımından populasyonlar arasında istatistik olarak önemli düzeyde farklılıklar gözlenmiştir. Tepe karakterleri için aileler arasında ise önemli bir farklılık yoktur. Genetik çeşitlilik, deniz seviyesinden iç kesimlere doğru, yükselti arttıkça kesintisiz bir şekilde devam etmektedir. Kızılçamda tepe formu için gözlenen fenotipik farklılığın önemli bir oranı genetik kontrol altındadır. Selektif ıslah programları ile hızlı büyüme yanında, tepe şekli ve dallanma karakterlerini arzu edilen yönde ıslah etme olanağı vardır.

Kızılçamda tepe formu şekil indeksi için varyansın % 17.7 gibi önemli bir oranı populasyonlar arası genetik farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Bu durumda, dar tepeli genotipler için, yalnızca populasyon düzeyindeki bir seleksiyon bile önemli düzeyde sonuçlar verebilecektir. Diğer bir deyişle, tohum kaynağı olarak dar ve uzun tepe yapısına sahip populasyonların seçimi halinde, ağaçlandırmalardaki fertlerin önemli bir bölümü de aynı şekilde dar ve uzun tepeli olacaktır. Kızılçamda bazı tepe formu ve sürgün morfolojisi karakterleri için populasyonlar arası ve populasyon içi yüksek düzeydeki genetik çeşitlilik Işık vd (1987) ve Yıldırım (1992) tarafından da gözlenmiştir. Bu çalışmanın konusu olan denemelerin altıncı yaşıdaki değerlendirmelere göre, kızılçamda tepe formu için gözlenen çeşitliliğin, bu çalışmadaki bulgulara paralel bir şekilde yükseltiye bağlı olarak değişim gösterdiği bildirilmektedir (Işık vd 1987).

Bir türde tepe formu ve dallanma için yüksek düzeyde çeşitliliğin gözlenmiş olması, genetik ıslah uygulamalarına ek olarak, birim alandan daha fazla odun hammaddesi elde edilmesine de olanak sağlayabilmektedir. Birim alanda verimi arttırmanın bir başka alternatifi olan bu yöntemde, aynı genetik potansiyele sahip genotipler içinden, dar tepeli olanlar tercih edilerek, birim alana daha fazla fert dikilmektedir. Böylece ağaçlar arasındaki rekabet daha geç başlamakta ve işletme süresi sonunda birim alanda daha fazla fert yer alabilmektedir (Kuulivainen 1988, Cannell 1989, St. Clair 1994-2). Dar ve konik tepeli fertlerin tercihi halinde ağaçlandırmaların kuruluş ve bakım masrafları daha az olacak, verimlilik ise artacaktır. Bu tip ağaç ıslahı çalışmalarına "ideotype breeding" denmektedir (Cannell 1989) *Picea abies*'te yapılan bir çalışmada dar ve konik tepeli, sarkık dallı fertlerin,

normal forma sahip fertlere göre fotosentezle üretilen maddenin gövdede birikme oranının (harvest index) daha yüksek olduğu belirtilmektedir (Pulkkinen ve Pöykkö 1990). Kızılcıam doğal populasyonları arasında gözlenen genetik çeşitliliğin yüksek olması, ıslahçıya ve uygulamacıya bu şansı vermektedir. Örneğin K populasyonu için ortalama tepe tacı izdüşüm alanı 3.66 m^2 ve D için de 4.84 m^2 olarak bulunmuştur. K populasyonu, D'ye göre daha hızlı büyümektedir (Bakınız Bölüm 3.2, Çizelge 3.2.2). Bu nedenle, K'nın ağaçlandırma için seçilmesi halinde daha fazla genetik kazanç sağlanabilecektir. Bundan başka, K'nın dar bir tepe yapısı olduğu için, D populasyonu yerine K'nın tercih edilmesi halinde, 13 yaşındaki tepe tacı izdüşüm alanına göre, hektarda yaklaşık 666 daha fazla ağaç yer alabilecektir.

H populasyonu yüksek zon orijinli olmasına rağmen tepe formu (CSI) bakımından, orta zon populasyonlarından daha geniş tepeli, fakat alçak zon orijinli S ve D populasyonlarından daha dar tepelidir. Işık vd'nin (1987) belirttiği gibi H'nin geniş tepe yapısı göstermesi, nispeten daha kısa boylu olmasından kaynaklanmaktadır. Tepe Bu populasyonun erişilmesi daha zor olan orta zon populasyonlarına göre tarih boyunca menfi seleksiyondan daha fazla etkilenmiş olabileceği söylenebilir. İlginç olan bir diğer nokta ise, altıncı yaşta en uzun dal uzunluğunun ağaç boy'una bölünmesi ile elde edilen tepe formu indeksi ile bu çalışmada tepe genişliğinin tepe uzunluğuna bölünmesi ile elde edilen indeks arasındaki çok yakın paralellik olmasıdır. Örneğin D için altıncı yaştaki indeks 0.556, 13 yaşındaki indeks 0.566'dır. Aynı şekilde H için altıncı yaşta 0.511, 13 yaşta 0.512'dir ve farklı yaşlardaki bu değerler birbirine çok yakındır. Populasyonun altıncı yaştaki sırası denemenin 13 yaşında da değişmemiştir. Öyleyse populasyonların tepe formları, altıncı yaş gibi erken yaşlarda gözlenebilir ve seleksiyon yapılabilir. Böylece komşu ağaçlar arasında şiddetli rekabet başlamadan önce bu karakterler daha sağlıklı gözlenebilir.

Tepe uzunluğu ve tepe genişliği çevresel faktörlerden önemli düzeyde etkilenebilen karakterlerdir. Kapalılığın olduğu bir Douglas göknarı döl denemesinde, tepe formu ile ilgili karakterlerin bir ağaca özgü olmasından çok, meşçereye ait karakterler olduğu, diğer bir deyimle daha çok ağaçlar arasındaki rekabetin tepe uzunluğu ve genişliğini belirlediği bildirilmiştir (St. Clair 1994-2)

Kapalılığın oluştuğu ve dolayısıyla rekabetin üst düzeyde olduğu bir yaş için bu tespitler doğru olabilir. Ancak kızılçam için yürütülen bu çalışmada, kapalılığın henüz oluşmadığı bir yaşta (13 yaşında) tepe karakterleri gözlenmiştir. Kızılçamda tepe formu şekil indeksi için hesaplanan populasyon kaynaklı varyans oranının yüksek, hata varyansının ise nispeten düşük olması da bunu desteklemektedir.

Sonuç olarak, kızılçam doğal yayılış alanında tepe özellikleri için gözlenen çeşitliliğin önemli bir oranı populasyon düzeyinde genetik kontrol altındadır. Kızılçamda kaliteli yapacak odun üretimini amaçlayan ağaçlandırmalar için "ideal genotip", hızlı büyüme yanında, düzgün gövdeli, ince ve kısa dallı, uzun ve dar tepeli olmalıdır. Kızılçam doğal populasyonlarında gözlenen genetik çeşitliliğin düzeyi, arzu edilen tepe formu "ideotipi"ni seçme olanağı sunmaktadır.

4.1.3 Dallanma karakterleri

Kızılçamda dallanma karakterleri bakımından (dal açısı, dal uzunluğu, dal sayısı, sürgün sayısı, doğal budanma yüksekliği) populasyonlar ve aileler arasında önemli farklılıklar gözlenmiştir. Bu karakterler için tahmin edilen yüksek kalıtım dereceleri, dallanma karakterlerindeki bu çeşitliliğin önemli bir oranının genetik kontrol altında olduğunu göstermektedir. Böylece, selektif ıslah yöntemleri ile arzu edilen dallanma karakterlerine sahip genotipler seçilerek, daha kaliteli odun hammaddesi üretme olanağı vardır. Alçak zon populasyonları, daha uzun, ve gövde ile daha dar açılı dallanma yapmaktadırlar. Yüksek ve kısmen orta zon populasyonları ise daha kısa ve daha geniş açılı dallanma yapmaktadırlar. Ayrıca orta zon populasyonları daha çok sayıda dal yapmalarına rağmen bu dallar daha kısa ve nispeten daha incedirler. Orta zon populasyonlarının daha çok dal oluşturması, bu populasyonların bir büyüme mevsimi içinde daha çok sayıda tepe sürgünü (boğum sayısı) oluşturmasından ve daha hızlı büyümelerinden ileri gelmektedir. Kızılçam, ilkbahar sürgününe ek olarak birden fazla yaz sürgünü oluşturma özelliği ile serbest büyüme yapan *çok devirli* çam grubuna girmektedir (Lanner 1976, Işık 1990). Nitekim, Orta zon populasyonları olan M ve K bir büyüme mevsimi içinde en fazla sürgün oluşturan iki populasyondur. Düzlerçamı deneme alanında Yıldırım'ın (1992) 551 fert üzerinde yaptığı çalışmaya

göre, bu iki populasyonun diğerlerine göre daha hızlı büyümelerinin asıl nedeni, daha çok sayıda yaz sürgünü oluşturmaları ile açıklanmaktadır.

Dallanma özelliğinin odun kalitesi üzerine etkisi nedeniyle Yeni Zelanda'da *Pinus radiata*'da bazı şirketlerce budaksız iki metre uzunluğa ulaşabilen sürgünlere sahip genotipler geliştirilmiştir. Avustralya'da dalsız sürgüne sahip genotiplerin seçimi ile *Araucaria cunninghamii*'de özel klonlar elde edilmiştir (Dieters vd 1990).

Kızılçamda tepe ve dallanma karakterleri için populasyon düzeyinde gözlenen genetik farklılığın temel nedenini, doğal seleksiyon ve olumsuz seleksiyon (disgenic selection) olmak üzere iki teori ile açıklamak mümkündür. Yüksek rakımlarda yağışın bazen kar şeklinde düşmesi, geniş açılı, ince ve kısa dallanma yapan dar ve konik tepe tacına sahip genotipler lehine (dar açılı ve kaba dallanan geniş tepeli genotipler aleyhine) bir doğal seleksiyon basıncı oluşturmuştur. Böylece, evrimsel süreç boyunca kar baskısına dayanamayan kaba tepeli genotiplerin elenmesi ile, yüksek zon populasyonlarındaki frekansı azalmıştır. Aşağı rakımlarda ise geniş tepe yapısı, erken yaşlarda maki elemanlarını daha çabuk baskı altında tutmak için (ışık ve nem rekabeti açısından) bir avantaj olabilir (Işık vd 1987). Kaba tepeli fertler, diğer rekabetçi türleri geniş tepeleri sayesinde baskı altına alarak daha etkin rekabet etme olanağına sahiptirler. Bu olanağına sahip olmayan dar tepeli bireyler ise, alçak zonlarda elenerek büyük ölçüde ayıklanmışlardır.

Alçak zon populasyonlarında dar ve konik tepeli genotiplerin populasyondaki frekanslarının düşük olmasının bir diğer nedeni de düzgün gövdeli bireylere karşı insan eliyle yürütülen olumsuz seleksiyon olabilir. Çünkü, bu çalışmadaki genetik parametrelerden de görüldüğü gibi, dar ve konik tepeli fertler aynı zamanda düzgün gövde yapmaktadırlar.

Tepe ve dal karakterlerinin ayrı ayrı değerlendirilmesi, örnek sayısının yüksek olması halinde hem pahalı hem de zaman alıcıdır. Tepe tacının kalitesini belirleyen karakterlerin ayrı ayrı ölçülmesi yerine, gövde düzgünlüğünde olduğu gibi, görsel değerlendirmeye dayalı yöntemlerin geliştirilmesi uygun olabilir (Raymond ve Cotterill 1990). Ayrıca bu çalışmada görüldüğü gibi, bazı büyüme ve tepe formu karakterleri arasındaki genetik ve fenotipik korelasyonların yüksek olması, ölçme ve seleksiyon işlemlerinin bunlardan sadece biri veya birkaçı üzerinde yapılmasının

yeterli olacağını göstermektedir. Örneğin Ağaç boyu ile tepe uzunluğu arasındaki genetik (1.00) ve fenotipik korelasyonlar (0.96) pozitif ve yüksektir. Keza, boy ile tepe formu şekil indeksi arasındaki fenotipik korelasyon (-0.36, $p < 0.01$) negatif ve önemlidir.

Bu çalışmada regresyon analizi ile ailelerin orijin yükseltisine göre çalışılan karakterlerdeki varyasyonun değişimi irdelenmiştir. Kızılçamda ailelerin orijin yükseltisi ile boy veya çap artımı arasındaki ilişki doğrusal olmaktan çok, ikinci dereceden bir modeldir. Bu modeller, boy karakterindeki değişimin %20'si ile %37'sini, çap karakterindeki değişimin ise %12'si ile %54'ünü ailelerin orijin yükseltisi ile açıklamaktadırlar. Orta yükselti orijinli aileler deneme alanlarında daha fazla boy ve çap artımı yapmaktadırlar. İkinci dereceden regresyon modelleri büyümeye ilişkin karakterlerdeki değişimin önemli bir oranını ailelerin orijin yükseltisi ile açıklamaktadır. Ancak, R^2 değerlerinden de görüldüğü üzere, yükselti, tek başına kızılçamda boy veya çap karakterindeki değişimi açıklamaya yeterli değildir. Diğer taraftan gövde düzgünlüğü ve tepe formu şekil indeksi ile yükselti arasındaki ilişkileri en iyi doğrusal regresyon modelleri tanımlamaktadır. Bu karakterlerdeki değişimin %47'si ile %60'ı yükselti ile açıklanabilmektedir.

Tohum transferinde genel kural olarak daha iyi gelişen bir tohum kaynağı bulununcaya kadar "lokal" orijinin kullanılması önerilmektedir (Zobel ve Talbert 1984). Çünkü, lokal bir populasyon selektif güçler altında biyolojik olarak bir çevreye en iyi uyumu gerçekleştiren genotiplerden oluşmaktadır (Bradshaw 1972, Işık 1988-c). Ancak lokal populasyon aynı zamanda en hızlı büyüyen populasyon anlamına gelmemektedir. Bu çalışmada da orta kuşaktan gelen M populasyonu, Kepez'de lokal populasyon olan D'ye göre, Bük deneme alanında ise lokal bir orijin olan B'ye göre daha hızlı büyümektedir. Yine ABD'nin güney eyaletlerinde "dışarıdan" getirilen bazı orijinler lokal orijinlere göre daha hızlı büyüme göstermişlerdir (Zobel ve Talbert 1984). Bu durum "lokal populasyonların büyüme bakımından her zaman optimum olmadıkları" teorisine uymaktadır (Raymond ve Namkoong 1990).

Başarılı ağaç ıslahı programlarının, başlangıçta doğru orijinlerin kullanıldığı

programlar olduğu belirtilmektedir (Shelbourne 1972, Zobel ve Talbert 1984). Çünkü, ağaç ıslahı stratejileri, tür içindeki genetik çeşitliliğin dağılım şekli ve nedenleri bilindiği ölçüde sağlıklı bir şekilde geliştirilebilir (Libby 1973, Namkoong vd 1988). Örneğin bir türe ait doğal populasyonlar, genetik olarak bir karakter bakımından homojen ise, bu durumda orijin seçiminin fazlaca bir önemi olmayacaktır. Tersine, ilgi duyulan karakterler bakımından populasyon düzeyinde önemli genetik farklar varsa, uygun orijinlerin seçimi ile ıslah programı daha kârlı ve etkin olacaktır. Kızılçamda populasyon düzeyinde her bir karakter için gözlenen genetik çeşitliliğin yüksekliği, potansiyel plantasyon alanları için öncelikle uygun orijinlerin seçilmesi gereğine işaret etmektedir. Orta zon populasyonları, daha hızlı büyüme ve farklı çevre şartlarına daha iyi uyum göstermektedirler. Ayrıca bu populasyonlar daha kaliteli gövde düzgünlüğü oluşturmaktadırlar. Bu nedenle Antalya ve benzeri yörelerde kurulacak ağaçlandırmalar için ilk aşamada plus ağaç seçimi orta kuşakta yer alan bu üstün populasyonlarda yoğunlaştırılmalıdır. Kaliteli yapacak odun üretimi amacıyla kurulacak endüstriyel plantasyonlar için bozuk gövde formuna sahip alçak zon orijinli populasyonların tohum kaynağı olarak kullanılmasından kaçınılmalıdır.

Orman ağaçları ıslah programlarının asıl amacı ekonomik bir şekilde birim alandan en fazla hasılayı almaktır. Doğal olarak en yüksek genetik kazanç, her yöreye için üstün genotiplerin ayrı ayrı belirlenmesi ile elde edilebilecektir. Kızılçam yetişme kuşağında çevresel faktörlerin çok kısa mesafeler içinde değişmesi, her yöre için farklı ıslah programı oluşturulmasını ve dolayısıyla çok daha fazla yatırımı gerektirmektedir. Ancak, böyle "ideal" bir uygulama ıslah programlarını kârlı olmaktan çıkarabilecektir. Bu ıslah stratejisinin bir alternatifi ise birden fazla yörede başarılı olan genotiplerin belirlenmesi ve bunların ağaçlandırmalar için daha geniş alanlarda kullanılmasıdır. Bu durumda ıslah programları daha ekonomik ve uygulanabilir olabilecektir. Kızılçamda M13, M10, M3, M2, M7, B5, B6, K10 ve S8 gibi daha çok orta zondan gelen bazı ailelerin üstün olma özelliklerini birden fazla deneme alanında tekrarlamaları, bize, uygun genotipleri seçme ve bunları ağaçlandırmalar için değişik zonlarda kullanma olanağı vermektedir.

4.2 Deneme Alanlarının Karşılaştırılması

Deneme alanları arasında önemli düzeyde büyüme farkları olmasının temel nedeni, her deneme alanının farklı yetiştirme ortamına sahip olmasıdır (toprak derinliği ve yapısı, yağış miktarı ve diğer mikro-çevresel farklılıklar). Örneğin Düzlerçamı deneme alanında yıllık ortalama yağış 1055 mm'dir. Bu deneme alanına yakın olan, ancak Güllük dağı'nın "yağmur siperi" arkasında kalan Bük deneme alanında ise yıllık ortalama yağış yarıya (535) düşmektedir. Kepez ve Düzlerçamı deneme alanlarında toprak hazırlığı makina ile, Bük ve Yenicedere deneme alanlarında ise insan gücü ile yapılmıştır (Işık vd 1987). Denemelerin kuruluşundaki farklı toprak hazırlığı ve Düzlerçamında bir kez aralama yapılmış olması, deneme alanları arasındaki farklı büyümenin nedenleri arasında sayılabilir.

Yenicedere deneme alanında (850 m) kışın yağışlar bazen kar şeklinde düşmektedir. Kar baskısı, geniş tepe formuna sahip ve kaba dallı D ve S popülasyonlarına ait ağaçların fotosentetik tepe yüzeylerinin önemli bir bölümünü kaybetmelerine neden olmaktadır. Bu da alçak zon orijinli popülasyonların yüksek zondaki bu deneme alanında boylanma ve form yönünden olumsuz etkilenmelerine yol açmış olabilir. Deneme alanları arasındaki yetiştirme ortamı farkları, özellikle büyümeyle ilişkin karakterlerin şekillenmesinde önemli rol oynamaktadırlar. Nitekim denemelerin ortak analizinde, deneme alanları arasındaki farklılıklardan ortaya çıkan varyans oranı, boy karakteri için %74.3, çap için %21.8 ve hacim için %40.5 gibi yüksek bulunmuştur. Diğer taraftan, çevresel faktörlerin en az etkilediği karakter gövde düzgünlüğüdür. Bu karakter için deneme alanı etkisinden ortaya çıkan varyans oranı yalnızca %4.9 bulunmuştur.

Her deneme alanının farklılığına bağlı olarak altı popülasyonunun her birinin farklı tepki göstermesi beklenen bir olgudur. Nitekim bu durum, çalışılan karakterlerin istatistiksel düzeyde önemli Çevre(deneme alanı)xPopülasyon etkileşimi göstermesinden de anlaşılmaktadır.

Coğrafi mesafe olarak birbirine yakın olmasına karşılık, deneme alanları arasında dört kata kadar çıkan büyüme farklılıkları olması, endüstriyel ağaçlandırmalar için uygun sahaların belirlenmesinin önemini ortaya koymaktadır. Düzlerçamı ve benzeri düz ve kısmen verimli sahalar tarımsal kültür bitkileri açısından marjinal veya ikinci

derece sahalar olarak kabul edilebilirler. Ancak bu sahalar, endüstriyel ormancılık açısından önemli potansiyele sahiptirler. Kızılçam endüstriyel ağaçlandırmaları için Düzlerçamı gibi verimli sahalar seçildiği takdirde (dört deneme alanı ortalamasına göre) iki misli daha fazla hasıla elde edilebilecektir. Böylece, genetik ıslah çalışmaları ve uygun silvikültürel işlemler birlikte uygulandığı zaman, ağaçlandırmalar daha kârlı bir yatırım olacaktır. Sonuç olarak tohumun genetik yönden süper olması tek başına yeterli değildir. Birim alanda üretimin artırılması, ıslah edilmiş tohum kadar, arazinin verimliliğine ve makinalı toprak işleme, sürgün kontrolü gibi silvikültürel uygulamalara da bağlıdır.

4.3 Genetik Çeşitlilik ve Genotip-Çevre Etkileşimi

Genetik varyasyon katsayısı (CV_g), farklı karakterlerin genetik çeşitlilik düzeyini karşılaştırmak için kullanılan bir parametredir. Yine aynı parametre kullanılarak bir karakterin deneme alanlarına göre genetik çeşitlilik düzeyinin nasıl değiştiği belirlenmektedir. Kızılçamda boy için gözlenen genetik çeşitlilik düzeyi (CV_g) deneme alanlarına göre 4.5 ile 11.8 arasında, çap için 3.3 ile 13.0 arasında değişmektedir. Her bir deneme alanında bu iki karakter için gözlenen genetik varyasyon katsayıları birbirine paraleldir. Deneme alanlarının ortak analizinde ise çap karakteri için gözlenen genetik varyasyon katsayısı ($CV_g=8.01$), boy karakterine ($CV_g=4.37$) göre iki kat daha yüksek bulunmuştur. Çalışılan karakterler arasında genetik çeşitliliğin en fazla olduğu karakter hacim'dir. Bu karakter için tahmin edilen genetik varyasyon katsayısı 15.8 ile 28.9 arasında değişmektedir. Dallanma karakterleri için gözlenen genetik çeşitlilik yüksektir ve 6.6 ile 55.5 arasında değişmektedir. Gövde düzgünlüğü için genetik varyasyon katsayısı Bük deneme alanında çok düşük (1.9) iken diğer deneme alanlarında 10.4 ile 12.5 arasındadır. Bük deneme alanında fidan ölümlerinin fazla olması nedeniyle deneme alanında boşlukların oluşması, gövde düzgünlüğü için fenotipik varyansın daha yüksek çıkmasına neden olmuş olabilir. Kızılçam için bu çalışmada tahmin edilen genetik çeşitlilik düzeyi, diğer türler için verilen oranlar ile paraleldir. Cornelius'un (1994) çeşitli orman ağacı türlerine ait 67 çalışmadan derlediği bilgilere göre, en yüksek

genetik çeşitlilik hacim için (ortalama %20.3) gözlenmiştir. Aynı çalışmada boy ve çap için bildirilen genetik varyasyon katsayıları ise %15'in altındadır.

Kızılçamda, deneme alanlarına göre, boy için gözlenen toplam varyansın %5.2 ile %9.0'u populasyonlar arası genetik farklılıklardan, %2.9'u ile %6.1'i populasyonlar içi aileler arası genetik farklılıklardan ortaya çıkmaktadır. Denemelerin ortak analizinde ise populasyon (%1.2) ve aile (%0.3) kaynaklı varyans oranları daha düşük bulunmuştur. Populasyon ve aile kaynaklı varyans oranlarındaki bu düşüş, populasyonxçevre(deneme alanı) ve ailexçevre(deneme alanı) etkileşim varyanslarına yansımaktadır. Nitekim, boy karakteri için populasyonxçevre (0.5%) etkileşim varyansı, oran olarak populasyon kaynaklı varyansın (%1.2) kabaca yarısı kadardır. Ailexçevre etkileşim varyansı (%1.0) ise çok daha yüksek, aile kaynaklı varyans oranının (%0.3) yaklaşık üç katıdır. Çap için deneme alanlarına göre gözlenen varyansın dağılımı, populasyon düzeyinde %1.3 ile %12.7, aile düzeyinde %1.5 ile %5.8 arasında değişmektedir. Çap için ortak analizdeki populasyon (%3.0) ve aile (%1.4) kaynaklı varyans oranları yine düşüktür. Denemelerin altıncı yaşında boy için bildirilen populasyon (%4) ve aile (%3) kaynaklı varyans oranları bu çalışmadaki oranlar paraleldir (Işık ve Kara 1997). Boy ve çap için gözlenen genetik çeşitliliğin bu dağılım şekline göre, daha fazla genetik kazanç için, kitle seleksiyonunda populasyon ve ailelere eşit düzeyde ağırlık verilmesi gerekmektedir.

Gövde düzgünlüğü için varyansın dağılımı, diğer karakterlere göre önemli farklılıklar göstermiştir. Bu karakter için varyansın 24.9 ile %33.9 gibi önemli bir oranı populasyonlar arası genetik farklılıklardan ortaya çıkmaktadır. Aileler arası genetik farklılıklardan ortaya çıkan varyans oranı ise %0.3 ile %4.0 arasında değişmektedir. Gövde düzgünlüğü için populasyon kaynaklı varyans oranlarının yüksek olması, bu karakterin özellikle populasyon düzeyinde güçlü genetik kontrol altında olduğunu göstermektedir. Bunun uygulama açısından getirdiği önemli sonuç şudur: Kızılçamda gövde düzgünlüğünü ıslah etmek, büyümeye ilişkin karakterlere göre kolaydır. Yalnızca uygun orijinlerin (populasyon) seçilmesi halinde bile, bir generasyon sonra ağaçlandırmalardaki düzgün gövde düzgünlüğüne sahip fertlerin oranı önemli düzeyde artacaktır.

Dallanma ile ilgili karakterlerde aileler arası varyans, genel olarak populasyonlar arası varyansa göre daha yüksek bulunmuştur. Kızılçamda fidan karakterleri için yapılan bir çalışmada dal sayısı için populasyon kaynaklı varyans oranı (%3.4), aile kaynaklı orana (% 28.2) göre oldukça düşük bulunmuştur (Kaya ve Işık 1997).

Kızılçamda her bir deneme alanının analizinde incelenen karakterler için varyansın büyük bir bölümü (%64.2-%94.5) aile içi farklılardan ortaya çıkmaktadır. Yine Düzlerçamı deneme alanında dallanma ve tepe formu karakterlerinde aile içi yarım kardeşler arasındaki genetik farklılıklar ve çevresel varyans, toplam varyansın % 82.1 ile (NGC) ile % 95.4 (RCL) gibi önemli bir oranını oluşturmaktadır. Aile içi varyasyon, bir ailedeki yarım kardeşler arası genetik farklılıkları ve deneysel hatayı içerir (Namkoong vd 1966), ve aile içi yüksek düzeydeki çeşitlilik, genetik kazanç artırma bakımından bir potansiyeldir. İslah populasyonunda salt aile düzeyinde yapılan seleksiyon ile populasyonun genetik tabanı daralmaktadır. Bu da genetik çeşitliliği azalan plantasyonların veya ıslah populasyonunun karşılaşacağı riskleri arttırmaktadır (Wei 1995, Burdon 1988, Namkoong vd 1988). Bu bakımdan, aile içi seleksiyon, çeşitliliği korumak için gereklidir. Nitekim çalışılan dallanma ve tepe formu karakterleri için en iyi 10 ailenin seçilmesine ek olarak, bu 10 ailenin her birinden ikişer bireyin seçilmesi halinde genetik kazanç yaklaşık 1/3 oranında artmaktadır.

Genotip-çevre (environment) etkileşimi (gxe) genotiplerin farklı çevrelere farklı şekilde tepkisi olarak tanımlanmaktadır (Shelbourne 1972). İslah zonlarının belirlenmesi ve tohum transferi açısından taşıdığı önem nedeniyle bu konuda çok sayıda çalışma yapılmıştır (Shelbourne 1972, Burdon 1977, Raymond ve Lindgren 1990, Raymond ve Namkoong 1990, Hodge ve White 1992, Stonecypher vd 1996). Deneme alanlarının ortak analizinde, deneme alanı x aile ($\sigma^2_{SF(p)}$) ve deneme alanı x populasyon etkileşim varyansları (σ^2_{SP}), gövde düzgünlüğü dışındaki karakterler için yüksek bulunmuştur. Örneğin çap ve hacim için ailexçevre etkileşimi varyansı, aile arası varyanslardan ($\sigma^2_{F(p)}$) bile fazladır.

Ayrıca ailexçevre etkileşimi gibi, populasyonxçevre etkileşimi de istatistik düzeyde önemli çıkmıştır. Bunun başlıca nedeni şunlar olabilir: Denemeler için 30 metreden 1135 metreye kadar oldukça farklı yükseltilerden aileler seçilmiştir. Yine

deneme alanları arasında 800 m yükselti farkı ve yaklaşık 500 mm yıllık ortalama yağış farkı vardır. Bu iki olgunun ailexçevre ve populasyonçevre etkileşimlerinin yüksek çıkmasına önemli katkı sağladığı bilinmektedir. Hodge ve White (1992), bir *Pinus elliottii* döl denemesinde gxe'nin deneme alanları arasındaki önemli çevresel farklardan ortaya çıktığını belirtmektedir. Aynı çalışmada, endüstriyel plantasyon sahalarını temsil eden sahalar dışında, yetiştirme ortamı özellikleri farklı deneme alanları seçiminin, genetik parametrelerin güvenilirliğini azaltacağı bildirilmiştir. Populasyon-çevre etkileşimi varyansı, daha çok bazı populasyonların her bir deneme alanında çok farklı sırada yer almasından doğmaktadır. Kenar populasyonları, kendi yetiştirme ortamlarından uzaklaştıkça sıralamada daha alta düşmektedirler. Buna karşılık orta zon populasyonları, farklı deneme alanlarında sıralamadaki yerlerini korumaktadırlar. Populasyonçevre etkileşimi varyansının bir diğer nedeni ise populasyonların birbirine göre oransal büyüklüklerinin deneme alanlarına göre önemli oranda değişmesi olabilir (Işık vd 1987). Kepez deneme alanında M populasyonu H'ye göre % 33 daha fazla çap artımı yaparken, Yenicedere denemesinde aradaki fark % 8'e düşmüştür. Bu çalışmada populasyonçevre etkileşimine daha çok alçak (S ve D) ve yüksek zon orijinli (H) populasyonların katkıda buldukları gözlenmektedir. Bu durumda kızılçam için Akdeniz bölgesinde endüstriyel plantasyon kuşağı olarak kabul edilebilecek 200 ile 800 yükseltileri için yalnızca orta zon populasyonlardan plus ağaç seçimi yapıldığı takdirde, genotipçevre etkileşiminin daha düşük çıkması beklenir. Nitekim bu araştırmada yalnızca orta zon orijinli olan M, K ve B populasyonları ele alınınca (ya da S, D, ve H populasyonları dışlanınca), populasyonçevre etkileşimi, boy ve gövde düzgünlüğü için önemsiz bulunmuş, çap için F istatistiğinin olasılık düzeyi 0.001'den 0.05'e yükselmiştir. Populasyonçevre etkileşim varyans bileşeni, boy için %0.05'den %0.0'a, çap için %2.2'den %0.003'e düşmüştür. Aynı şekilde ailexdeneme alanı etkileşim oranları boy için %1.0'dan %0.009'a, çap için %2.1'den %0.02'ye ve gövde düzgünlüğü için %0.6'dan %0.0'a düşmüştür.

Shelbourne (1972) genotipçevre etkileşimi varyansının, eklemeli genetik varyansın yarısı kadar olduğu bir durumda, genetik kazancın bundan olumsuz etkilenebileceğini ve bunu gidermek için ıslah programında ıslah zonlarının

oluşturulmasını önermektedir. Bu çalışmada kullanılan populasyonların, ıslaha konu olan populasyonlar olduğu varsayılırsa, aile orijinli gxe varyans ile eklemeli genetik varyans birbirine yakın olmaktadır. Bu durum, ıslah programında aileler baz alındığında ıslah zonlarının belirlenmesini gerektirmektedir. Ancak, sadece orta zon populasyonları (Örneğin M, B, K) kullanıldığı zaman, gxe varyans oranı çok düşük olmakta ve populasyon düzeyinde zonlamaya gerek kalmadığı görülmektedir. Sonuç olarak, ıslah programı için seçilen genotipler, potansiyel ağaçlandırma sahalarında test edilmeden bu konuda sağlıklı karar verilemeyeceği bildirilmektedir (Shelbourne 1972, Zobel ve Talbert, Stonecypher vd 1996).

Her genotipin veya populasyonun farklı çevrelerde tepkisi aynı oranda olmayabilir (Shelbourne 1972). Kimi genotipler ve populasyonlar değişen çevre şartlarına daha fazla tepki gösterirler. Douglas göknarında yapılan bir çalışmada, genetik testlerde kullanılan ailelerin %20'sinden daha azının, genotipxçevre etkileşimine büyük oranda katkıda buldukları ortaya konmuştur (Stonecypher vd 1996). Buna karşılık hızlı büyüyen ailelerin önemli çoğunluğunun ise çok önemsiz oranda katkıda buldukları gözlenmiştir. Stonecypher vd (1996), Shukla (1972) yöntemi ile genetik testteki her genotipin genotipxçevre etkileşimine katkılarının ölçülebileceğini ve genotiplerin kararlılığının (stability) belirlenebileceğini bildirmektedir. Nitekim, bu araştırmada çalıştığımız altı populasyon için, altı yaşında iken yapılan çevresel uyum değeri (plastitesi) ve genotipik kararlılık değerleri populasyonlar için farklı bulunmuştur (Işık ve Kara 1997). Buna göre orta zondan gelen M, B, ve K populasyonları daha fazla boylanmalarına ek olarak, daha esnek uyum değeri ve daha üstün kararlılık (stabilite) göstermişlerdir. Bu üç populasyon, farklı yükseltilerdeki deneme alanlarında, kendilerine göre daha yüksek ve daha alçak orijinden gelen populasyonlara göre daha hızlı büyümüşlerdir. Bu çalışmadan elde edilen bulgular da, orta zon populasyonlarının daha esnek bir uyum yeteneğine sahip olduğunu göstermiştir. Sonuç olarak kızılçamda uyum değeri yüksek, birden fazla yetiştirme ortamında hızlı büyüeyebilen üstün populasyonlar ve aileler bulunmaktadır.

Bu orijin-döl denemeleri, doğrudan üstün populasyon ve ailelerin seleksiyon amacı ile değil, kızılçamda genetik çeşitliliği çalışmak amacıyla kurulmuştur. Bu çalışmada kullanılan genetik materyal, geniş bir yükselti kuşağını kapsayacak şekilde

örneklenmiş ve yine geniş bir aralığı kapsayan farklı yükseltelerde yetiştirilmiştir. Bu nedenle populasyonxçevre ve ailexçevre etkileşiminin yüksek çıkması beklenen bir durumdur. Bulgular, kızılçamda tohum transferine yönelik bazı bilgilerle birlikte, kızılçam ıslah stratejisi için belirleyici temel bilgileri ortaya koymaktadır. Diğer bir deyimle bu çalışmada gözlenen yüksek genotipxçevre etkileşiminin genellemesinden kaçınılmalıdır. Çünkü önemli olanın, genetik yönden üstün ve sınırlı genetik tabanı olan ıslah materyalinin aday plantasyon sahalarındaki tepkisidir. Bu çalışmada her ne kadar genotipxyaş ve populasyonxyaş etkileşimi ayrıntılı olarak irdelenmemişse de, hızlı gelişen populasyon ve ailelerin altıncı yaştan itibaren sıralamadaki yerlerini genellikle korumaları, kızılçamda seleksiyonun erken yaşlardan itibaren yapılabileceğini işaret etmektedir.

Türkiye milli ağaç ıslahı programında coğrafik ve iklim verileri esas alınarak kızılçam için Akdeniz bölgesinde üç alt ıslah zonu ayrılmıştır (Koski ve Antola 1993). Islah zonlarının oluşturulmasında ekocoğrafik bilgilere ek olarak "her genotipin kendi lokal yöresinde en iyi genetik uyumu yaptığı" varsayımı esas alınmıştır. Ancak bu çalışmada 18 yaşta elde edilen bulgular bu varsayımı desteklememektedir. Her populasyon en fazla büyümeyi kendi orijin yükseltisindeki deneme alanında yapmasına rağmen, orta zondan gelen populasyonlar (M, K ve B) çoğu zaman lokal populasyonlara göre daha hızlı büyümektedirler. Kızılçam ıslah programında her bir alt zon için (toplam dokuz alt zon) farklı ıslah programı yürütülmesi önerilmektedir. Mevcut olanaklar, programın bu şekliyle yürütülmesini olanaksız hale getirmektedir. Kızılçam ıslahında zonlamanın gerekip gerekmediği ve kapsamının ortaya konması için genotipxçevre etkileşimini araştırmaya yönelik bir araştırmanın yapılması gerekmektedir (Shelbourne 1995).

4.4 Kalıtım Dereceleri

Kalıtım derecesi, eldeki bir genetik stoktan bir kuşak sonra elde edilebilecek genetik kazanç oranını belirleyen önemli parametrelerden biridir (Namkoong 1979). Kalıtım derecesi ve genetik çeşitliliğin tür içinde yapısı, çeşitli ıslah çalışmaları için büyük bir önem taşımaktadır. Kalıtım derecesine ve populasyondaki genetik çeşitliliğe bakarak, bir karakterin ıslah edilip edilemeyeceğine, ıslahına karar

verilmesi halinde en iyi ıslah şeklinin nasıl olacağına kolaylıkla karar verilebilir (Burdon vd 1992-3) Bu nedenle, genetik çeşitliliğe ek olarak, kalıtım oranlarının belirli güven sınırları içinde tahmini, ıslah çalışmalarının başlıca ilgi alanıdır.

Bu çalışma gerçekleşinceye kadar kızılçamda yalnızca fidan karakterleri için kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Daha önceki çalışmalara göre fidan karakterleri için tahmin edilen aile kalıtım oranları genellikle yüksektir. Örneğin, fidan boyu için 0.74 ile 0.70 arasında değişmektedir (Işık 1986, Işık ve Kaya 1995). Bu çalışmada 13 ve 18 yaşında birey düzeyinde tahmin edilen kalıtım dereceleri boy için 0.09 ile 0.19, çap için 0.05 ile 0.20 arasında değişmektedir. Aile kalıtım dereceleri, birey düzeyindeki kalıtım derecelerine paralel olarak daha yüksek bulunmuştur. Boy için aile kalıtım derecesi deneme alanlarına göre 0.29 ile 0.63 arasında, çap için 0.17 ile 0.66 arasında değişmektedir. Birey ve aile kalıtım derecelerinin gösterdikleri bu özellikler, kızılçam ıslah stratejileri konusunda önemli ipuçları vermektedir. Birey düzeyindeki kalıtım derecelerinin düşük, buna karşılık aile kalıtım derecelerinin yüksek olması, aile seleksiyonun daha fazla genetik kazanç sağlayacağını ortaya koymaktadır.

Genel olarak Bük deneme alanı için elde edilen kalıtım dereceleri düşük, Kepez deneme alanı için orta düzeydedir. Ortak analiz sonuçlarını da önemli ölçüde etkileyen Bük deneme alanının kendine özgü kurak koşulları vardır. Bük denemesinin kuruluşu sırasında, deneme için uygun büyüklükte bir alan bulunamadığı için her aile, bloklarda onar yerine yedişer yarım-kardeş fidan ile temsil edilmiştir (Işık vd 1987). Deneme yeri gerek eğim, gerekse toprak derinliği açısından diğer deneme alanlarına göre daha değişkendir. Ayrıca, yerel vejetasyonun, deneme ağaçları üzerindeki rekabet edici baskısının bu deneme alanında daha şiddetli olduğu gözlenmiştir. Yedinci yaşta ağaçların kök boğazı kısmına arız olan bir hastalığın (teşhis edilemeyen bir böcek zararı) yol açtığı ölümler, aile başına düşen fert sayısının düşmesine neden olmuştur. Bütün bu olgular fenotipik varyansların ve dolayısıyla kalıtım derecelerinin düşük olmalarının başlıca nedenleri olarak kabul edilebilirler. Yine benzer şekilde Yenicedere deneme alanında da vejetasyon rekabeti nedeniyle daha düşük kalıtım dereceleri bulunmuştur. Bu sonuçlar, çevre etkisinin daha zor kontrol edilebildiği

orman ağacı türlerinde, yalnızca tek bir deneme alanından tahmin edilen kalıtım derecelerinin yanıltıcı olabileceğini göstermektedir.

Kızılçamda iki farklı dal boğumu için farklı kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Bir ağaçta dal açıları için farklı kalıtım dereceleri Douglas göknarı için de bildirilmektedir (St Clair 1994-b). Bir ağaçta iki dal boğumu için farklı kalıtım derecelerinin nedeni bilinmemektedir. Bu çalışmada kızılçam için henüz genç denilebilecek bir yaşta (13 yaş) dal açıları çalışılmıştır. Kızılçamda dal açılarının gerçekte odun kalitesini nasıl etkilediği ve kalıtımı, denemelerin ileri yaşlarında tekrar ele alınmalıdır. Dallanma karakterlerinin gövde odunu kalitesini belirlemedeki önemlerinden dolayı, ıslahı yapılan bir çok türde dallanma karakterleri üzerinde durulmuştur. Douglas göknarında iki ana dal boğumu arasındaki dal sayısı için bildirilen fenotipik varyasyon katsayısı ($CV_p=0.33$) değeri (St Clair 1994-b) bu çalışmada kızılçam için tahmin edilen fenotipik varyasyon katsayısına çok yakın bulunmuştur. Ancak, sözkonusu çalışmada dal sayısı için bildirilen kalıtım derecesi daha düşüktür. Benzer şekilde dal sayısı için düşük kalıtım dereceleri *Pinus sylvestris* (Vellin ve Tigerstedt 1984) ve *Picea abies* (St Clair 1994-b) için de bildirilmektedir.

Tepe uzunluğunun (CRL) en yüksek CV_g değerine karşılık kalıtımın düşük olması, aile içi varyansın ve dolayısıyla çevresel faktörlerin bu karakter üzerinde daha etkili olmaları ile açıklanabilir. Diğer bazı çam türlerinde ve Douglas göknarında kalıtım ile CV_g katsayısı arasında yine önemli bir ilişki olmadığı ve tepe formu ve dallanma gibi morfolojik karakterlerde CV_g katsayısının % 15 altında olduğu belirtilmektedir (Cornelius 1994, St Clair 1994-b).

Kızılçam için tahmin edilen kalıtım dereceleri, genel olarak literatürde diğer türler için bildirilen sınırlar içinde kalmaktadır. Bir çok orman ağacı türünde, boy ve çap için bildirilen birey kalıtım derecelerinin %75 gibi önemli bir bölümü, 0.10-0.30 oranları arasında değişmektedir (Cornelius 1994). Boy için tahmin edilen kalıtım dereceleri *Pinus taeda*'da 0.14-0.44, *Pinus elliottii* ise 0.03-0.37 arasında değişmekte, *Pinus palustris*'te ise beşinci yaşta 0.18, yedinci yaşta 0.12 bulunmuştur (Zobel ve Talbert 1984).

Düzlerçamı denemesi diğer üç denemeye göre daha hızlı büyümüştür. Ancak hızlı büyüme, aileler arasındaki farklılaşmanın artmasına ve genetik varyansın daha

güvenilir ve yüksek bir şekilde tahmini anlamına gelmemektedir. Verimi yüksek bir deneme alanında hızlı büyüme ile birlikte çevresel varyans ve dolayısıyla fenotipik varyans da artarak, aile ortalamaları arasında artan farklılığı (genetik varyansı) dengelemektedir (Cotteril ve Dean 1988). Keza aynı şekilde *Pinus caribaea* var. *hondurensis* için deneme alanı verimliliği ile kalıtım arasında bir ilişki gözlenmemiştir (Woolaston vd 1990). Ancak döl denemelerinin verimi yüksek sahalarda kurulması, ekonomik önemi olan çap, gövde düzgünlüğü gibi karakterlerin seleksiyon süresinin daha erken yaşlarda olmasını sağlayacak ve birim yıla düşen genetik kazancı arttıracaktır (Woolaston vd 1990, Adams vd 1994). Bu nedenle kızılçamda döl denemeleri için az eğimli, verimi yüksek, homojen sahaların seçilmeleri ıslah programının başarısını arttıracaktır.

Bir çok konifer türü üzerinde yürütülen çalışmalarda ıslah çalışmalarının öncelikli hedefi olan boy ve çap karakterlerinin kalıtım dereceleri karşılaştırılmaktadır. Cornelius'un (1994) çeşitli orman ağacı türleri üzerinde yürütülen 67 yayından derlediği bilgilere göre, boy karakteri çap karakterine göre daha yüksek kalıtım dereceleri göstermektedir. Paul vd (1997) *Pinus taeda*'da yine boy karakterinin kalıtım derecesini çap karakterine göre daha yüksek bulmuştur. Ancak *Pinus caribaea*'da çapın kalıtım derecesinin daha fazla olduğu gözlenmiştir (Dean vd 1986). Kızılçamda çap ve boy için yukarıdaki gibi genel bir yargıya varacak sonuçlar elde edilmemiştir. Deneme alanlarının çoğunda çap için tahmin edilen kalıtım dereceleri daha yüksek olmasına rağmen, bu farklılık standart hatalar da gözönüne alındığında önemli düzeyde değildir. Yani, her iki karakter, seleksiyona benzer oranda tepki göstereceklerdir.

Yarım kardeş bir ailede yarım kardeşler arasındaki benzerlik (genetik kovaryans), teorik olarak aileler arası genetik varyansın $1/4$ ü olarak kabul edilmektedir (Shelbourne 1969, Namkoong 1979, Becker 1984, Falconer 1989). Bu katsayı, bir ağaçtan toplanan tohumların her birinin polen kaynağının farklı bir baba ağaç olduğu ve döllenmiş ağaç ile polen kaynağı ağaçların veya polen kaynağı ağaçların kendi aralarında bir akrabalık ilişkisi olmadığı varsayımına dayanmaktadır (Stonecypher vd 1973, Squillace 1974). Yine kalıtım tahmininde eklemeli olmayan gen etkilerinin (örneğin dominantlık) ihmal edilebileceği varsayımı kabul

edilmektedir. Ancak koniferler üzerinde yapılan arařtırmalar kendileme oranının % 2 ile % 20 arasında deęiřtięini ve bu nedenle katsayının 0.25 olarak alınması halinde, genetik varyansın olduęundan fazla tahmin edilebileceęini gstermiřtir (Bannister 1965, Fowler 1965, Sorensen ve Adams 1993) Burdon vd (1992) kalıtımın olduęundan daha fazla tahminindeki sapmayı gidermek, dominantlıęın ve rastlantısal olmayan eřleřmenin etkilerini azaltmak iin bazı dzeltmeler yapmıřlardır. Kızılamda genetik varyansın ve dolayısıyla kalıtımın tahmininde, yarım kardeřler arasındaki benzerlik derecesi ¼ yerine 1/3 alınarak bu sapma giderilmeye alıřılmıřtır. Kızılam iin bu alıřmada verilen kalıtım dereceleri dięer arařtırma sonuları ile karřılařtırılırken, bu olgu gznnde tutulmalıdır.

Bu alıřmada her bir deneme alanı iin ayrı ayrı yrtlen varyans analizlerinde genotip x evre (gx) veya populasyon x evre (px) etkileřimi modelde yer almamıřtır. Etkileřim varyansları, populasyonlardan ve ailelerden doęan bileřene katkıda bulunarak kalıtım derecelerinin olduęundan daha fazla (biased) tahmin edilmelerine neden olabilirler (Namkoong vd 1966, Hodge ve White 1992). Bu alıřmada elde edilen kalıtım derecelerinin yorumunda bu olgu gznnde tutulmalıdır.

4.5 Genetik Kazan

Kızılamda boy, ap ve zellikle gvde dzgnlę ve tepe formu iin populasyon dzeyinde yksek genetik eřitlilik gzlenmiřtir. Bu karakterler iin uygun orijinlerin seleksiyonu ile nemli oranda genetik kazan saęlanabilecektir. rneęin, bu arařtırmada drt denemenin ortak analizi sonularına gre boy iin %9, ap iin %13 ve hacim iin %30 daha byk deęer gsteren M populasyonunun seleksiyonu ile yksek genetik kazan elde edilebilecektir.

Bu alıřmada boy, ap, hacim ve gvde dzgnlę iin aileler arası teorik genetik kazan üzerinde durulmuřtur. Tepe ve dallanma karakterlerinde ise aileler arası ve aile ii kombine seleksiyon uygulanmıřtır. Kızılamda arařtırmamıza konu olan 60 aileden en iyi 10 ailenin seleksiyonu halinde elde edilebilecek genetik kazan, deneme alanlarına baęlı olarak, boy karakteri iin %2.1-%5.2, ap karakteri iin %2.3-%10.2 oranları arasında deęiřmektedir. Aynı seleksiyon yoęunluęu

uygulandığında, hacim için daha yüksek genetik kazanç oranları (%5.3 ile %17.5) tahmin edilmiştir. Tepe formu ve dallanma karakterleri için aileler arası seleksiyona ek olarak aile içi seleksiyon uygulandığında çeşitli karakterler için %4.7 ile %43.6 arasında daha fazla genetik kazanç elde edilmektedir.

Genetik kazancın hesaplanmasında kalıtım ve fenotipik çeşitlilik iki ana bileşendir (Becker 1984). Bu iki bileşenin yüksek olması, seleksiyon ile bu karakterleri belirli bir yönde değiştirmenin nispeten daha kolay olacağını işaret etmektedir. Sürgün sayısı (NGC) için yüksek düzeyde ($h^2_r=0.511$) aile kalıtım derecesi tahmin edilmiş olmasına rağmen, aile düzeyindeki fenotipik çeşitliliğin düşüklüğü nedeniyle, genetik kazanç ancak % 10.9 düzeyinde, diğer karakterlere göre nispeten düşük kalmıştır (Çizelge 3.3.8).

Kısaca belirtmek gerekirse, dallanma karakterleri için elde edilen populasyon ve aile kaynaklı varyans oranları ve kalıtım derecelerinin yüksekliği, bu karakterler için yapılacak selektif ıslah yöntemleri ile önemli düzeyde genetik kazanç sağlanabileceğini göstermektedir.

Deneme alanlarının ortak analizinde nispeten daha düşük kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Buna bağlı olarak, deneme alanlarında büyüme karakterleri için elde edilen genetik kazanç oranları da düşük görünmektedir. Ortak analizde genetik parametreler deneysel hatalardan daha çok arınmış ve daha güvenilir bir şekilde tahmin edilebildiği için (Gwaze vd 1997) ortak analizden elde edilen nispeten düşük genetik kazanç, bir özür (handikap) olarak görülmemelidir. Ayrıca bu denemelerin kuruluş amacı tür içi genetik çeşitliği irdelemek olduğu için, genetik kazanç oranlarının düşük çıkması beklenen bir sonuçtur. Çünkü : (i) Başlangıçta doğal populasyonlardan "üstün" aileler seçilmemiştir, diğer bir deyimle, populasyonu temsil eden anaç ağaçlar, üstün ağaç (plus ağaç) değildirler. (ii) Denemede yer alan aile sayısı ise nispeten azdır.

Bunlara rağmen kızılçam için tahmin edilen genetik kazanç oranları tatmin edici düzeydedir. Çünkü, bir ağaç ıslahı programında %2.5 ile %4.0 oranları arasındaki genetik kazanç, bir programı yürütmek için yeterli görülmektedir (Davis 1967'ye atfen Hodge ve White 1992, Zobel ve Talbert 1984).

Seleksiyon teorisine göre, seleksiyon yoğunluğunun artması ile genetik kazanç da artmaktadır (Lerner 1958). Buna karşılık, bir sonraki nesile döl verecek aile sayısı ise azaltılmaktadır. Örneğin 60 aileden en iyi % 50, en iyi % 25 ve en iyi % 16.6 oranındaki ailelerin seçilmesi durumunda bir sonraki nesile döl verecek aile sayısı sırasıyla 30, 15 ve 10'a düşmektedir. Aile sayısının azalması, bir yandan seleksiyon sonrası kuşakta genetik kazancın artmasını sağlarken, öte yandan ıslah popülasyonunun genetik tabanının daralmasına ve üretim popülasyonundan elde edilecek materyalde (tohum ve çelik) kendileme katsayısı F' 'nin artmasına neden olacaktır (Wei 1995). Bu nedenle hem optimal düzeyde genetik kazanç elde edilmesi ve hem de kendileme katsayısı F' 'nin belirli bir düzeyde tutulabilmesi (örneğin % 1) için "aile düzeyinde seleksiyon" ile birlikte "aile içi seleksiyon" üzerinde durulmalıdır. Örneğin Tepe formu ve dallanma karakterlerinde görüldüğü üzere, aileler arası seleksiyona ek olarak aile içi seleksiyonun yapılması ile genetik kazanç en az 1/3 oranında daha fazla olacağı beklenebilir.

Sonuç olarak, kızılçamda 'Genel Birleşme Yeteneği'ne göre yürütülecek selektif ıslah stratejisi ile önemli oranda genetik kazanç sağlanabilecektir. Kızılçamda potansiyel endüstriyel plantasyon sahaları için yürütülecek bir ıslah programında, optimal genetik kazanç için öncelikle "orijin" üzerinde durulmalı, orijin denemeleri sonucu belirlenen üstün popülasyonlarda aile seleksiyonu yoğunlaştırılmalıdır. Gövde düzgünlüğü ve bazı tepe formu karakterleri için yalnızca popülasyonların seleksiyonu bile başlangıçta yeterli genetik kazanç sağlanabilecektir.

4.6 Karakterler Arası Genetik İlişkiler

Bu çalışmaya kadar, fidan karakterleri dışında kızılçamda ekonomik önemi olan karakterlere ilişkin genetik korelasyonlar tahmin edilmemiştir. Kızılçam fidan karakterleri üzerinde yürütülen bir çalışmada iki yaşındaki fidan boyu ile dal sayısı ($r_g=0.74$) ve fidan boyu ile sürgün sayısı arasında ($r_g=0.71$) yüksek ve pozitif genetik korelasyonlar belirlenmiştir (Işık ve Kaya 1995). Ağaç boyu ile dal sayısı ve boy ile sürgün sayısı arasındaki genetik ilişkiler, bu çalışmada sırasıyla $r_g=1.15$ ve $r_g=0.90$ bulunmuştur. Douglas göknarında boy ile dal sayısı (0.26) ve boy ile dal kalınlığı (1.18) arasında yüksek genetik korelasyonlar gözlenmiştir. Aynı çalışmada ağaç

büyüklüğü ile (boylu ve kalın çaplı) dal açıları arasında yüksek ve negatif genetik (-1.07) korelasyonlar tahmin edilmiştir (St Clair 1994-b) Benzer şekilde, *Picea glauca*'da gövde yarıçapı ile dal yarıçapı arasında pozitif yüksek (0.66), gövde yarıçapı ile dal açısı arasında negatif zayıf (-0.04) genetik ilişkiler bildirmektedirler (Merill ve Mohn 1985).

Kızılcım için bu çalışmada boy ve çap arasında tahmin edilen yüksek genetik korelasyon değerlerine göre, boy veya çap karakterlerinden sadece biri için yapılacak bir seleksiyon (single trait selection), diğer karakterde de önemli düzeyde artışa yol açacaktır. Bu nedenle kızılcım için oluşturulacak seleksiyon indekslerinde boy veya çap karakterlerinden birine yer verilmesi yeterli olacaktır. Ancak büyümeye ilişkin bu iki karakterden biri için seleksiyon yapılması halinde gövde düzgünlüğünün bundan nasıl etkileneceğini, mevcut değişken korelasyonlara göre yorumlamak yanıltıcı olabilir. Eğer yürütülecek ıslah programlarında artım kadar gövde düzgünlüğü de önem taşıyorsa, bu durumda oluşturulacak seleksiyon indislerinde gövde düzgünlüğüne de ayrıca yer verilmelidir.

Çap ve boy ile dallanma karakterleri arasında yüksek ve pozitif genetik korelasyonlar bulunmuştur. Bunun anlamı, çap veya boy için seleksiyon yapılması ile, dolaylı olarak daha uzun, daha kalın ve daha çok dallı genotipleri de birlikte seçmiş olacağız. Bu ilişkiler, biyolojik olarak beklenen yöndedir. Çünkü, fazla dal sayısı ile fotosentez yapan yüzey alanı daha fazla olmakta, dolayısıyla daha hızlı büyüme beklenmektedir. Ancak, dallanma ile ilgili özellikler ağaçların ileri yaşlarındaki doğal budanma ve tepe formu gelişimine bağlı olarak değişebilecektir. Bu nedenle, bu konudaki kesin yorumları denemelerin ileri yaşlarında elde edilebilecek verilere göre yapmakta yarar vardır. Çalışılan karakterlerden yalnızca dal açıları ile diğer karakterler arasında negatif genetik korelasyonlar gözlenmiştir. Ancak bu korelasyonlar yüksek standart hatalar göstermektedirler. Bu nedenle boy veya çap ıslahına bağlı olarak, dal açılarında bir değişim olması olasılığı çok düşüktür. Genetik korelasyonlar, genetik kovaryanslar ve varyanslar kullanılarak tahmin edildikleri için genellikle yüksek standart hatalar gösterirler (Falconer 1989). Çünkü kovaryans ve varyansların tahmininde yapılan deneysel hatalar genetik korelasyonların tahminine de yansımaktadır. Denemedeki aile sayısının ve ailedeki fert sayısının nispeten az

olması ve bazı karakter çiftlerinin düşük kalıtım derecelerine sahip olması da standart hataların yüksek çıkmasına katkıda bulunmaktadır (Burdon vd 1992-d) Genetik korelasyonlar tıpkı kalıtım dereceleri gibi tahmin edildikleri populasyona özgüdürler. Bu nedenle, bu çalışmada standart hatası yüksek olan korelasyonların yorumunda dikkatli olunmalıdır.

Tepe ve dal karakterleri için yalnızca Düzlerçamı deneme alanında 60 aileyi oluşturan 554 ağaçta ölçme ve gözlemler yapılmıştır. Gerek denemelerin kuruluşunda, gerekse de değerlendirme aşamasındaki ekonomik ve fiziki güçlükler nedeniyle, her bir aile için örneklenen fert sayısı sınırlı (en fazla 10 ağaç) tutulmuştur. Bu nedenle kızılçam için tepe ve dallanma karakterleri için verilen bazı genetik korelasyonların yüksek standart hataları nedeniyle güvenilirlik düzeyi düşüktür.

Bu çalışmada büyüme ile dallanma arasında elde edilen genetik korelasyonlara göre, boy ve çap için seleksiyon yapılırken gövde odununun deforme olmaması için dallanma özelliklerini dikkate alan indis seleksiyonu uygulanmalıdır. Böylece Smith-Hazel seleksiyon indisleri ile hızlı büyüme için seleksiyon yapılırken, arzu edilmeyen bu karakterler belirli bir düzeyde tutulabilir (Cotterill ve Dean 1990).

4.7 Deneme Deseninin Kritiği

Kenetlenmiş petek deseni, sağladığı avantajlar nedeniyle bir çok ülkede uygulama olanağı bulmuştur (Burdon vd 1992-a). Desene göre fidanlar bir altıgenin altı kenarına ve ortasına dikilmektedir. Böylece her fidan için eşit büyüme alanı sağlanmış olmaktadır. Bir aileye ait fertler blok alanına tek tek, rastlantısal olarak dağıtıldığı için, çevresel varyasyon bileşenleri daha iyi ortaya çıkmaktadır. Bir genotipe ait fertlerin blok içinde tesadüfi olarak iyi veya kötü bir yere rast gelme olasılığı azaltılmaktadır (Işık 1988-b). Bloklar arası varyansın minimum düzeyde olması nedeniyle populasyonblok ve aileblok etkileşimi de en düşük düzeye inmekte, istenirse bunlar varyans analizi sırasında modelden atılmaktadır (Lambeth vd 1983, Libby ve Cockherham 1980). Nitekim bu çalışmada da her bir deneme alanındaki populasyon x blok ve aile x blok etkileşimlerin istatistik olarak önemsiz çıkması nedeniyle, etkileşimler varyans analizi modellerinden düşürülmüştür. Bu da desenin istatistiksel etkinliğini büyük oranda arttırmaktadır. Bu konuda diğer desenlerle

yapılan bir karşılaştırmada tek ağaç parselli desenlerin, klasik desenlere göre önemli avantaj sağladığı bildirilmiştir. Örneğin tek ağaç parselli 14 denemenin sadece altısında blok x aile etkileşimi önemli bulunmuşken, "sıra" parselli 14 denemenin 10 tanesinde etkileşim önemli çıkmıştır (Matheson 1989). Öte yandan kenetlenmiş petek deseni, alanın optimum bir şekilde kullanılmasını sağlamaktadır. Daha az tohum ve fidan, daha düşük kuruluş ve bakım masrafları desenin diğer avantajlarıdır (Işık 1988-b). Ağaçlar arasında rekabetin başlaması durumunda her aile için dengeli sayıda fert ve eşit büyüme alanı bırakılarak sistematik aralama yapılabilmektedir.

Yukarıda belirtilen avantajları yanında, desenin bazı dezavantajları da ortaya çıkabilir. Desenin araziye uygulaması ve veri toplanması diğer desenlere göre nispeten daha karmaşıktır, daha çok dikkat ve özen istemektedir. Akraba fertler aynı parselde büyümedikleri için aile içi seleksiyon sağlıklı olarak yapılamamaktadır (Matheson 1989). Tek ağaç parselli desenlerin uygulandığı denemelerde, ağaçların tepe taçlarının yakınlaşması ile rekabetin şiddetlendiği, sonuçta o ana kadar genetik potansiyelini ortaya koyamayan populasyonlar veya genotiplerin çevreden gelen baskıyla daha da geri kaldıkları bildirilmektedir (Burdon vd 1992-1). Örneğin Yeni Zelanda'da yürütülen bir *P. radiata* orijin-döl denemesinde, ibrelere arız olan bir mantar (*Dothistroma sp*) nedeniyle orijinin biri fazlaca etkilenmiştir. Bu orijine ait fertlerin komşularınca baskı altına alınması sonucunda, orijinler arasındaki fark abartılı çıkmıştır (Burdon vd 1992-1). Ancak kızılçamda yapılan bu çalışmada yaşa bağlı olarak populasyonlar arasındaki boy ve çap farklılıklarının artmadığı, tersine altıncı yaştaki farkların genel olarak nispeten azaldığı veya farkın değişmediği gözlenmiştir. Düzlerçamı denemesinde farkın artmamasında 13. yaşta yapılan aralamanın önemli payı olduğu düşünülebilir. Ancak müdahalelerin gecikmesi durumunda, özellikle denemelerin ileri yaşlarında benzer sorunlarla karşılaşabileceği göz önünde tutulmalıdır. Denemenin iyi aplane edilmesi, ölümlerin çok az olması ve denemede test edilen populasyonlar arasında çok fazla büyüme farkları olmaması, desenin etkinliğini arttırmıştır. Sonuç olarak kenetlenmiş petek deseni sağladığı avantajlar nedeniyle kızılçam döl denemeleri için kullanılabilir. Ancak deseni aplane temenin, veri toplamanın daha karmaşık ve zaman alıcı olduğu gözönüne alınmalıdır.

5. SONUÇ

1. Kızılçamın, çalıştığımız altı adet doğal popülasyonu arasında boy, çap, gövde formu, tepe formu ve dallanma karakterleri bakımından istatistik olarak önemli düzeyde farklılıklar gözlenmiştir. Her bir popülasyondan gelen aileler arasındaki farklılıklar (tepe karakterleri hariç) yine önemli düzeydedir.

2. Orta yükselti zonundan gelen popülasyonlar, 18. yaş sonuçlarına göre her bir deneme alanında genel olarak daha hızlı büyümektedirler. Örneğin orta zon orijinli M popülasyonu, tüm deneme alanları ortalamasına göre %13 daha fazla çap ve %9 daha fazla boy artımı yapmıştır. Dört deneme alanı ortalamasına göre en hızlı boy, çap ve hacim artımını yapan M'nin 100-850 m yükselti kuşağı için tohum kaynağı olarak seçilmesi halinde sıradan tohum kaynağına göre %30 daha fazla hasıla (hacim) elde edilebilecektir. Bu popülasyona ait ve hızlı büyüyen M2 nolu ailenin seçimi halinde bu oran %39'a çıkmaktadır.

3. Orta ve yüksek zondan gelen popülasyon ve aileler aynı zamanda daha düzgün gövde, daha dar ve konik tepe yapmaktadırlar. Alçak yükselti orijinli popülasyonlar ise eğri gövdeleri, geniş ve kaba tepe yapıları ile diğer popülasyonlardan farklıdırlar.

4. Araştırma sonuçları, lokal popülasyonların buldukları yöreye her zaman en iyi genetik uyumu yapmadıklarını göstermiştir. Çalışmada yer alan her popülasyon, kendi doğal orijin yükseltisine en yakın deneme alanında, başka deneme alanlarındaki başarısına göre relatif olarak daha hızlı büyüme yapmaktadır. Ancak M gibi kızılçamın optimumu sayılabilecek bir yükseltiden gelen bir popülasyon ve M2, M10, M13 gibi bazı aileler, lokal popülasyonlara veya ailelere göre genel olarak daha hızlı büyümektedirler.

5. Hızlı gelişen M ve K popülasyonlarının ve hızlı gelişen bazı ailelerin gözlem yapılan her iki gelişim çağında da sıralamadaki yerlerini korumaları, erken yaşlardan itibaren üstün genotiplerin seçilebileceğini göstermektedir. Bu çalışmada dördüncü ve beşinci maddelerde özetlenen bulgular 18. yaş verilerine dayanmaktadır ve yaş ilerledikçe sıralama değişebilecektir. Bu bulgular denemelerin 25-30 gibi daha ileri yaşlarında tekrar irdelenmelidir.

6. Kızılçamda çalışılan karakterler için gözlenen genetik çeşitliliğin önemli bir oranı populasyon ve aile düzeyinde genetik kontrol altındadır. Büyüme ve dallanma karakterlerinde populasyonlar arası ve aileler arası farklılıklardan doğan genetik varyans oranları birbirine yakındır ve genel olarak %10 düzeyinin altındadır. Ancak gövde formu ve tepe karakterlerindeki çeşitliliğin populasyon düzeyindeki oranı daha yüksek olup, gövde formu için bu oran ortalama olarak %30'a çıkmaktadır. Aile içi çeşitlilik ise çalışılan her karakter için, varyasyonun önemli ve büyük bir bölümünü oluşturmaktadır.

7. Kızılçamda populasyon düzeyinde tepe formu için gözlenen yüksek düzeydeki genetik çeşitlilik, aynı düzeyde hızlı büyüyen genotipler arasından konik ve dar tepeli olanları seçme olanağı sunmaktadır. Böylece genetik ıslah yöntemleri dışında birim alanda daha fazla fert yetiştirerek daha fazla hammadde elde etme olanağı ortaya çıkmaktadır.

8. Kızılçam ıslah stratejisinde kitle seleksiyonu yapılırken potansiyel plantasyon alanları için öncelikle uygun populasyonlar belirlenmeli ve plus ağaç seçimi bu populasyonlarda yoğunlaştırılmalıdır. Tepe ve gövde formu karakterleri için populasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik düzeyinin yüksekliği gözönüne alınarak bu karakterler için populasyon düzeyindeki bir seleksiyona başlangıçta daha fazla ağırlık verilmelidir. Yalnızca populasyon düzeyindeki bir seleksiyon sonucunda bile bu karakterler için önemli oranda genetik kazanç sağlanabilir.

9. Kızılçamda ekonomik önemi fazla olan boy, çap ve gövde formu gibi karakterler için orta veya düşük düzeylerde dar anlamlı kalıtım dereceleri tahmin edilmiştir. Boy için kalıtım dereceleri deneme alanına göre 0.09 ile 0.19, çap için 0.05 ile 0.20 arasında değişmektedir. Aile kalıtım dereceleri, birey düzeyindeki kalıtım derecelerine paralel olarak daha yüksektirler. Bu nedenle, boy ve çap için aile düzeyindeki bir seleksiyon ile daha fazla genetik kazanç sağlanabilecektir. Dallanma karakterleri için orta düzeyde veya yüksek (0.14-0.33), tepe karakterleri (0.01-0.10) için ise düşük dar anlamlı kalıtım dereceleri bulunmuştur. Kızılçamda optimal genetik kazanç ve kendilemenin belirli bir düzeyde tutulabilmesi için aileler arası ve aile içi kombine seleksiyonun uygulanması önerilebilir.

10. Denemede yer alan 60 aile içinden en hızlı gelişen ilk 10 ailenin ($i=1.472$ seleksiyon yoğunluğu) seçilmesi halinde, deneme alanlarına göre boy ve çap için tahmin edilen genetik kazanç oranları %2.3 ile %10.2 arasında değişmiştir. Kızılçamda çalışılan karakterler için gözlenen genetik çeşitliliğin yüksek olması ve elde edilen genetik kazanç oranları, genel birleşme yeteneği yüksek genotiplerin seleksiyonuna dayalı ıslah programlarının başarılı olacağını göstermektedir.

11. Büyümeye ilişkin karakterlerde (boy, çap ve hacim) populasyonxçevre ve ailexçevre etkileşimleri istatistik olarak önemli, gövde formuxçevre etkileşimi ise önemsiz bulunmuştur. Boy ve çap için genotipxçevre etkileşiminin önemli bulunması, kızılçam ıslah programında zonlamanın gereğine işaret etmektedir. Ancak, genotipxçevre etkileşimine daha çok alçak ve yüksek zon orijinli genotiplerin neden olduğu bulunmuştur. Bu nedenle, plus ağaç seçiminin yalnızca orta yükselti kuşağındaki (400-900 m) populasyonlardan yapılması halinde genotipxçevre etkileşiminin teorik ve pratik olarak önemsiz bir düzeye indiği gözlenmiştir. Bu çalışmada elde edilen bulgulara göre kızılçamda 100-850 m yükselti kuşağında hızlı büyüyen, arzu edilen gövde ve tepe kalitesine sahip genotipler mevcuttur. Buna göre, Akdeniz bölgesinde kızılçam ıslah programında önerilen üç alt ıslah zonu için hızlı büyüyen ve kararlı genotiplerden oluşan bir temel populasyon oluşturulması seçeneği gözönünde tutulmalıdır.

12. Bu çalışmada büyüme (boy ve çap) karakterleri ile dallanma, ve ayrıca büyüme karakterleri ile tepe formu karakterleri arasında pozitif ve güçlü korelasyonlar bulunmuştur. Bu nedenle, kızılçam ıslah programında boy veya çap için seleksiyon yapılırken, fazla ve kaba dallanma da birlikte seçilmiş olunacaktır. Ancak, dallanma özellikleri, doğal budanma ve tepe yapısı nedeniyle ileri yaşlarda değişecektir. Bu nedenle, dallanma ile büyüme karakterleri arasındaki genetik ilişkiler, denemelerin ileri yaşlarında tekrar gözlenmelidir. Büyüme karakterleri ile gövde formu arasındaki genetik ilişkiler ise zayıf bulunmuştur. Başka bir deyişle, bu iki karakterden biri için yapılacak bir seleksiyon diğerini önemli ölçüde etkilemeyecektir. Bu nedenle seleksiyon yapılırken gövde formu karakteri, büyüme karakterlerinden bağımsız olarak ele alınabilir.

13. Deneme alanları arasında 18 yaşta 2 kat ile 4.5 kat arasında değişen hacim farkı bulunmuştur. Aynı genetik materyal kullanılmış olmasına rağmen, deneme alanları arasındaki yüksek büyüme farkları, kızılçamda endüstriyel ağaçlandırma sahalarının seçiminin önemini ortaya koymaktadır. Bu nedenle, kızılçam ıslah programında bir yandan genetik olarak üstün genotipler belirlenirken, bir yandan da bu üstün genotiplerin dikileceği hedef plantasyon yerlerinin ve saha miktarının belirlenmesi gerekir. Birim alanda verimin artırılması, ıslah edilmiş tohum kadar, arazinin verimliliğine, toprak hazırlığı ve bakım gibi silvikültürel uygulamalara da bağlıdır.

14. Kızılçamda çalışılan karakterler için deniz seviyesinden iç kesimlere doğru kesintisiz bir çeşitlilik gözlenmiştir. Populasyonlar arasındaki çeşitlilik kesintili değil, daha çok tedrici olarak (continuous) ortaya çıkmaktadır. İkinci dereceden regresyon (polynomial) modelleri büyümeye ilişkin karakterlerdeki varyasyonun önemli bir oranını ailelerin orijin yükseltisi ile açıklamaktadır. Gövde formu ve tepe formu karakterlerinde aile orijin yükseltisine bağlı olarak görülen değişimi, en iyi doğrusal regresyon modelleri açıklamaktadırlar ($R^2 = \%47$ ile $\%60$). Populasyon düzeyinde genetik çeşitliliğin ortaya çıkışında, yükseltiye bağlı olarak değişen sıcaklık, yağış gibi çevre faktörleri seleksiyon basıncı oluşturarak önemli rol oynamışlardır. Kenar populasyonlardaki genetik çeşitliliğin yapılaşmasında çevre faktörleri ile birlikte binlerce yıl süren insan müdahalelerinin önemli etkisi olmuştur. Bu nedenle, kızılçamda genetik çeşitliliğin arzu edilen düzeyde korunarak daha sonraki kuşaklara da aktarılabilmesi için, her bir zon içinde belirli sayıda gen koruma alanlarının oluşturulması gerekmektedir.

15. Moleküler genetikteki hızlı gelişmeler, orman ağaçları ıslahı gibi uzun yıllar gerektiren ve nispeten daha pahalı ıslah çalışmalarına yeni olanaklar sunmaktadır. Kızılçamın ıslahında, selektif ıslah yoluyla yeni ve üstün genotipler buldukça, bulunan bu üstün genotipler üzerinde biyoteknolojik araştırmalar yapılmalıdır. Bu amaçla kızılçamda bazı melezleme ve kontrollü dölleme çalışmalarına bir an önce başlanılmalıdır.

ÖZET

Kızılçamda genetik çeşitliliği çalışmak amacıyla Antalya yöresinde 1979 yılında Prof. Dr. Kani Işık tarafından kızılçam orijin-döl denemeleri kurulmuştur. Bu çalışma, denemelerden 13, 17 ve 18. yaşlarında elde edilen verilere dayanmaktadır. Denemeler için Antalya'nın doğusunda ve batısında deniz seviyesinden iç kesimlere doğru iki kesit belirlenmiş ve her kesitte, birbirine denk yükseltilerde olacak şekilde alçak, orta ve yüksek zondan birer olmak üzere toplam altı populasyon örneklenmiştir. Antalya orman fidanlığında yetiştirilen fidanlar, farklı yükseltilerdeki dört ayrı ortak bahçe deneme alanlarına (Kepez, Düzlerçamı, Bük, Yenicedere) dikilmiştir. Denemelerin kuruluşunda üç yinelemeli kenetlenmiş petek deseni kullanılmıştır. Her bir deneme alanında, her populasyon, 10 yarım-kardeş aile ile, her aile ise 30 yarım-kardeş fidanla temsil edilmiştir.

Kepez, Bük ve Yenicedere deneme alanlarında 18 yaşta dikili ağaçlarda boy, çap ve gövde düzgünlüğü karakterleri ölçülmüştür. Daha hızlı gelişen Düzlerçamı deneme alanında ise 17 yaşta bütün ağaçlar üzerinde aynı karakterler ölçülmüştür. Ayrıca, Düzlerçamı deneme alanında, 13. ve 17. yaşlarda sistematik olarak aralamalar yapılmıştır. Aralamalar ile kesilen ağaçlar üzerinde boy, çap, gövde düzgünlüğü karakterlerine ek olarak dallanma (dal sayısı, dal açıları, sürgün sayısı, kalın dal sayısı, doğal budanma yüksekliği, dal uzunluğu) ve tepe formu (tepe genişliği, tepe uzunluğu, tepe formu şekil indeksi, tepe uzunluğu indeksi) karakterleri ölçülmüş veya gözlenmiştir.

Çalışılan karakterler bakımından populasyonları ve populasyon içi aileleri karşılaştırmak amacıyla varyans analizleri uygulanmıştır. Bir karakter için populasyonlar arasındaki farkın istatistik olarak önemli bulunması durumunda SNK testi uygulanarak hangi populasyonların birbirinden farklı olduğu bulunmuştur. Her karakter için gözlenen toplam varyans, bileşenlerine ayrılmış; varyansın oransal dağılımı, katılım dereceleri ve genetik varyasyon katsayıları tahmin edilmiştir. Regresyon analizleri yapılarak ekonomik önemi olan karakterler ile ailelerin orijin yükseltisi arasındaki ilişkiler irdelenmiştir. Ayrıca çalışılan karakterler arasında genetik ve fenotipik korelasyonlar hesaplanmıştır.

Doğal kızılçam populasyonları arasında boy, çap ve gövde düzgünlüğü bakımından istatistik olarak önemli farklılıklar bulunmuştur. Aileler arası farklılıklar (Bük denemesinde çap ve gövde düzgünlüğü hariç) yine önemli düzeydedir. Genel olarak orta zon populasyonları daha hızlı büyümektedir. Örneğin, orta zon orijinli M populasyonunun her bir deneme alanı ortalamasına göre yaptığı boy farkı %7 ile %11, çap farkı % 7 ile %18 ve hacim farkı %18 ile %40 arasında değişmektedir. Her populasyon diğer populasyonlara kıyasla relatif olarak en fazla boy ve çap artımını kendi orijin yükseltisine en yakın deneme alanında yapmıştır. Örneğin, en hızlı büyüyen M populasyonu ile yüksek zon orijinli H populasyonu arasındaki en az boy farkı, H populasyonun orijinine yakın olan yüksek zondaki Yenicedere deneme alanında en az düzeye inmiştir.

Orta ve yüksek zon populasyonları (M, B, K, H), dar ve uzun tepe, ince ve geniş açılı dallanma ve düzgün gövde formları ile diğer populasyonlardan ayrılmaktadırlar. Aşağı zondan gelenler (S ve D) ise, eğri gövdeleri ve kaba tepe yapıları ile dikkat çekmektedirler. Ailelerin orijin yükseltisi ile tepe formu ($r=-0.72$, $p<0.001$) arasındaki negatif ilişki de bunu doğrulamaktadır.

Her bir deneme alanı için en hızlı artım yapan ailenin seçilmesi durumunda boy bakımından %16 ile %23, çap bakımından %23 ile %32 ve hacim bakımından %29 ile %74 arasında daha fazla artım elde edilebilecektir. Burada verilen fazla artımın önemli bir oranı, populasyonlar ve aileler arasındaki genetik farklılıklardan ortaya çıkmaktadır. Kızılçamda 100-850 m yükselti zonundaki alanların ağaçlandırılması için en hızlı büyüyen M gibi bir populasyonunun seçilmesi halinde, sıradan tohum kaynağına göre %30 daha fazla hacim elde edilebilecektir. Bu populasyonun en hızlı büyüyen M13 ailesinin seçilmesi halinde, kazanç % 39 düzeyine çıkacaktır.

Boy ile ailelerin orijin yükseltisi arasındaki ilişkileri en iyi ikinci derece regresyon modelleri (polinomial) tanımlamaktadırlar. Bu modeller boy karakterindeki değişimin önemli bir oranını ($R^2=\%20$ ile $R^2=\%54$) ailelerin orijin yükseltisi ile açıklamaktadırlar. Buna göre orta yükselti orijinli aileler deneme alanlarında daha hızlı büyümekte, ailelerin orijin yükseltisi azaldıkça veya arttıkça, ilgili deneme alanındaki büyümesi de yavaşlamaktadır. Gövde düzgünlüğü ile ailelerin orijin yükseltisi arasındaki ilişki ise doğrusal olup (belirtme katsayısı $R^2=\%47$ ile $R^2=\%60$),

iki deęişken arasında pozitif ve güçlü korelasyonlar ($r=0.69$ ile $r=0.73$) bulunmuştur. Regresyon modelleri, kızılçam populasyonlarının yükseltiye göre deęişen çevre şartlarına baęlı olarak deęiştiiğini göstermektedir.

Türün optimum yayılış alanı olan orta zon orijinli populasyonların daha hızlı büyümesi, fırsatçı bir büyüme seyri izlemesi ile açıklanmaktadır. Buna göre orta zondaki populasyonlar kuraklık, erken ve geç donlar gibi doğal seleksiyon güçlerinden kenar populasyonlara göre nisbeten daha uzaktırlar. Kızılçam için bu zondaki uygun çevre koşulları, hızlı büyümeyi sağlayan genleri taşıyan genotipler lehine seleksiyon basıncı oluşturmaktadır. Böylece evrimsel süreç içinde hızlı büyüyenlerin frekansı artmıştır. Kenar populasyonlar ise, kuraklık, erken ve geç donlar gibi olumsuz çevre koşulları nedeniyle daha "tutucu" bir gelişme özellięi kazanmışlardır. Ayrıca, alçak zonda, çevresel faktörler yanında, binlerce yıl insan eliyle yürütölen olumsuz seleksiyonun da gövde düzgünlüğü ve tepe formu karakterlerini olumsuz etkiledięi söylenebilir.

Varyans analizleri sonuçlarına göre populasyonxçevre ($gxç$) ve ailexçevre ($gxç$) etkileşimleri istatistiksel düzeyde önemli çıkmıştır. Denemede kullanılan materyalin geniş bir yükselti kuşağından (70 m ile 1010 m arası) örneklenmesi ve yine aralarında 800 m yükselti ve 500 mm yıllık ortalama yağış farkı bulunan deneme alanlarında yetiştirilmesi nedeni ile $gxç$ varyansının yüksek çıkması beklenen bir durumdur. Ancak, $gxç$ etkileşimine daha çok kenar populasyonlar neden olmaktadır. Analizler, yalnızca en yüksek büyümeyi gösteren orta zon populasyonları (M, K, B) ile yapıldığında $gxç$ etkileşimi istatistik olarak önemsiz çıkmakta ya da $gxç$ varyansı, populasyon ve aile kaynaklı varyansa göre çok düşük oranda kalmaktadır. Genotipxçevre etkileşiminin yüksek çıktığı bir durumda $gxç$ etkileşimini en aza indirmenin ve genetik kazancı en yüksek düzeye çıkarmanın yolu, farklı yükselti kuşakları için farklı ıslah zonlarının oluşturulmasıdır. Ancak şuda varki ıslah zonu sayısı arttıkça, ıslah programı daha çok masrafi gerektirecektir. Ayrıca, kızılçamda zonlama yapılırken hızlı büyüme yanında gövde ve tepe kalitesi, genotiplerin birden fazla çevreye yaptığı uyum gibi dięer ölçütler de göz önüne alınmalıdır. Böyle bir durumda ıslah zonu sayısının en aza indirilmesi tercih edilir. Birden fazla deneme alanında hızlı büyüyen, çoğunlukla orta zon orijinli ailelerin varlığı, Akdeniz

bölgesinde 100-850 m yükselti kuşağı içinde zonlama yapmaya gerek kalmayabileceğini işaret etmektedir

Kızılçamda, deneme alanlarına bağlı olarak, büyümeye ilişkin (çap ve boy) karakterler için gözlenen varyasyonun %13 ile %12,7'si populasyonlar arası farklılardan, %1,5 ile %6,1'i aileler arası genetik farklılardan ortaya çıkmaktadır. Dallanma ile ilgili karakterlerde populasyon kaynaklı varyans oranı %1,5 ile %8,2, aile kaynaklı varyans oranı ise %4,5 ile %10,2 arasında değişmektedir. Gövde düzgünlüğü için ise populasyonlar arası genetik farklılardan ortaya çıkan varyansın oranı %24,9 ile %33,9, tepe formu için ise %17,7 gibi yüksek bulunmuştur. Varyansın bu dağılımına göre, büyüme ve dallanma karakterlerinde populasyon ve aile düzeyindeki seleksiyonun her ikisi de önem kazanmaktadır. Gövde düzgünlüğü ve tepe formu karakterleri için ise populasyon düzeyindeki bir seleksiyon ile daha fazla genetik kazanç sağlanabilecektir.

Çalışılan karakterler arasında en yüksek genetik çeşitliliği (genetik varyasyon katsayısı) kalın dal sayısı (% 55,5) ve hacim (% 15,2 - % 28,9) göstermiştir. Boy, çap ve gövde düzgünlüğü için gözlenen genetik çeşitlilik derecesi ise %3,3 ile %13,0 arasında değişmektedir. Deneme alanlarının ortak analizinde çap için bulunan genetik çeşitlilik düzeyi (%8,01) boy karakterine göre (%4,37) iki kat daha yüksek bulunmuştur.

Kızılçamda birey düzeyindeki kalıtım dereceleri, deneme alanlarına göre, boy için 0,09 ile 0,19 çap için 0,05 ile 0,20 ve gövde düzgünlüğü için 0,01-0,17 arasında değişmektedir. Aile kalıtım dereceleri, birey düzeyindeki kalıtım derecelerine paralel olarak daha yüksek bulunmuştur (Boy için 0,29-0,63, çap için 0,17-0,66 arasında değişmektedir). Dallanma karakterlerine ait birey kalıtım dereceleri 0,14 ile 0,33 arasında değişirken, tepe formu karakterleri için daha düşük kalıtım dereceleri (0,01 ile 0,10) bulunmuştur. Kalıtım için verilen düşük değerler, yaşayan fidan sayısının az olduğu Bük deneme alanından elde edilmiştir. Bük deneme alanı değerleri bir kenara bırakılırsa, çalışılan karakterler için tahmin edilen kalıtım dereceleri, literatürde diğer orman ağacı türleri için verilen sınırlar içinde kalmaktadır. Bu kalıtım derecelerine göre kızılçamda yürütülecek selektif ıslah programları ile büyüme, gövde düzgünlüğü

ve dallanma karakterleri bakımından önemli düzeyde iyileştirme sağlanabilecektir. Ancak tepe formu karakterlerinin seleksiyona tepkisi daha düşük olacaktır.

Denemedeki 60 aile içinde en iyi 10 ailenin seleksiyonu halinde boy (% 2.1-%5.2) ve çap için (%2.3-%10.2) önemli oranda genetik kazanç sağlanabilecektir. Aileler arası ve aile içi kombine seleksiyon uygulandığında genetik kazanç yaklaşık 1/3 oranında artmaktadır. Örneğin dal karakterleri için elde edilen oranlar bu durumda %4.7 ile %43.6 arasında değişmektedir. Bu çalışmada amaç, genetik çeşitliliği irdelemek olduğu için aile sayısı sınırlı tutulmuştur. Başlangıçta doğal popülasyonlardan örnekleme yapılırken üstün (plus) ağaçların seçimi yerine rastlantısal örnekleme yapılmıştır. Bunlara rağmen elde edilen genetik kazanç oranları kızılçamda selektif ıslah programlarının kârlı olacağını göstermiştir.

Boy ve çap arasında pozitif ve yüksek genetik korelasyonlar bulunmuştur. Diğer bir anlatımla, bu iki karakterden biri için seleksiyon yapılması durumunda, dolaylı olarak diğesinde de artış olacaktır. Dal sayısı ve uzunluğu gibi karakterler ile ağaç boyu arasındaki genetik ilişkiler yine pozitif yönde ve yüksektir. Hızlı büyüyen genotipler, aynı zamanda daha çok sayıda, uzun ve kalın dal oluşturmaktadırlar. Dallanma ile büyüme arasındaki genetik ilişkilerin daha kesin yorumu için denemelerin ileri yaşları beklenmelidir. Gövde düzgünlüğü ile boy arasındaki genetik korelasyonlar deneme alanlarına göre değişmektedirler. Bundan dolayı, boy veya çap için seleksiyon yapılması halinde, gövde düzgünlüğünün bundan nasıl etkileneceğini yorumlamak bu aşamada güçtür. Çalışılan karakterlerden yalnızca dal açısı diğer karakterler ile negatif genetik ilişkiler göstermiştir. Ancak, bu korelasyonlara yüksek standart hatalar eşlik etmektedirler. Kızılçamda hızlı büyümeye yönelik seleksiyon yapılırken, kalitenin belirli bir düzeyde tutulabilmesi için indis seleksiyonu uygulanmalıdır.

Sonuç olarak kızılçamda genel birleşme yeteneği yüksek genotiplerin seleksiyonuna yönelik bir ıslah programı ile önemli oranda genetik kazanç sağlanabilecektir. Uygun orijinlerle ıslah programına başlanması halinde programın etkinliği ve ekonomik getirisi daha yüksek olacaktır.

SUMMARY

A provenance-progeny trial of *Pinus brutia* TEN was established in the Antalya region of Turkey, in 1979. The overall goal of the study was to investigate the degree of genetic variation within the species for various economic traits. Six natural populations were sampled from two altitudinal transects extending from the coast to high elevations. Each transect had one low, one middle and one high elevation population. Seedlings were raised in Antalya Forest Nursery and planted on four experimental sites at different elevations as 1+0 bare root seedlings. The experimental design was single tree plots, randomised block design with three interlocked replications. Each population was represented with 10 open pollinated families, and each family was represented with 30 half sib trees at each test site.

At age 18 years, height, diameter, and bole straightness were observed at Kepez, Bük and Yenicedere test sites. At Düzlerçamı test site similar traits were observed at age 17 years. The growth of trees at Düzlerçamı test site was relatively faster and canopy of trees closed earlier than other sites. Trees at this site were systematically thinned at 13 and 17 years. On the cut trees, growth (height, diameter, volume), bole straightness, branching (number of branches, branch angles, number of thick branches, number of growth cycles, length of the longest branch, natural pruning index), crown traits (crown length, crown diameter, relative crown width, crown shape index, crown projection area) were observed.

Analysis of variance was used to detect the differences between and within populations. Individual and family heritabilities, coefficients of genetic variance and phenotypic variance, phenotypic and genetic correlations and genetic gains following selection were estimated. The relationship between altitudes of family origins and the various traits were investigated using standard regression analysis.

Populations were significantly different for all the traits at all the test sites. Families within populations did not differ for crown traits at the Düzlerçamı site, or for diameter and bole straightness traits at the Bük site. Each population performed the best at the site which was nearest to the altitude of its origin. Generally middle altitude populations were the best performers. For example, the relative height

difference between mean performance of population M and a given site mean ranged from 7% to 11%, diameter difference ranged from 7% to 18% and volume difference ranged from 18% to 40%. Middle and high altitude populations also showed desirable bole straightness, and narrower and longer crowns. Low altitude populations had bole forms, wider crowns with undesirable branching characteristics.

The study showed that there are genetically superior families within each population. If the best performing family at each site was selected, height difference between the family mean and site mean would be between 16% to 23%, diameter difference would be between 23% to 32% and volume difference would be 29% to 74%. If the best performing population across the four sites was selected, the volume gain would be 30%. Similarly, if the best family was selected based on its performance across the four test sites, then, the volume gain could attain 39%.

Strong and positive relationships ($r=0.73$) were detected between altitude of family origins and bole straightness. The relationship between height and altitude was polynomial rather than linear. The models explained 20% to 54% of the variation in height was due to altitude. That is, middle altitude families performed best at all sites, but as the altitude of families decreased or increased, they had less height increment.

The faster growth of middle altitude populations could be partly due to the optimal growth conditions and wider genetic base in their natural habitats. Suitable factors in the optimum distribution range might have favoured individuals who have developed a "liberal growth strategy". The slower growth of low altitude populations D and S could be explained by drought avoidance, measures including less growth in the summer months. Also, dysgenic selection by human has likely lessened the frequency of genotypes which had desirable crown form and straight stems in low altitude populations which were more easily accessible.

Population by site and family by site interaction variances were significant ($p < 0.001$) for growth traits, implying the necessity of delineation of breeding zones. This is not surprising, since the genetic material was sampled from very diverse environments (from the sea level up to 1000 m above the sea level), and transplanted to quite diverse experimental sites. The elevational difference between highest and

lowest sites was about 800 m, and annual rainfall difference between was 500 mm. Most of the interaction variances were contributed by populations and families coming from low and high altitudes. When those population were excluded from the analysis, genotype by environment interaction variances were not significant or were much less than the entry (population or family) variances.

The proportion of variation due to populations and families were in general less than 10% for growth and branching traits. Yet, the distribution of variation in bole straightness and crown shape index was clearly distinct, higher proportions accounted for the genetic differences between populations, i.e. 30% in bole straightness and 17.7% in crown shape index. Hence, it will be fairly rapid to improve bole straightness and crown shape by selecting the best populations.

Of the traits studied, the number of larger diameter branches was genetically the most variable character. The coefficient of genetic variation for this trait was 55.5%. The next most variable character was volume, coefficient of variation ranging from 28.9% to 15.8%. Genetic coefficients of variation for height, diameter, crown and other branching traits were in general less than 10.0.

Individual heritabilities for height and diameter were moderate, being weak at the Bük site (0.09 and 0.05 respectively). Family heritabilities were relatively higher than individual heritabilities, and ranged from 0.29 to 0.63 for height, 0.17 to 0.66 for diameter. Individual heritabilities were moderately high for the various branching characteristic and ranged from 0.14 to 0.33. Conversely, crown characteristics had weak individual heritabilities, and ranged from 0.01 to 0.10. Heritability estimates for *Pinus brutia* in this study were within the range of estimates reported elsewhere on other pine species.

If 10 out of the 60 families were selected, the expected gain, depending on the test site, ranged from 2.1% to 5.2% for height, 2.3% to 10.2% for diameter, 5.3% to 17.5% for volume and 0.03% to 7.3% for bole straightness. The lowest predicted gains were estimated at the Bük site probably due to the impact of heterogenous environment on the estimation of genetic variation at this site. If the estimates of Bük site are not taken into consideration, predicted gains are quite high. Furthermore, when the combined family and within family selection was applied, the

predicted gain would be 33% higher than predicted gain obtained from family selection alone.

Genetic correlations between height and dbh were in general high and positive and ranged (depending on the test site) from 0.62 to 0.98, implying that concurrent improvement of height and diameter will be relatively effective. However, genetic relationship between growth traits and bole straightness varied from -0.10 to +0.52, making the interpretation of correlations difficult. Genetic correlation between growth traits and crown traits were high and positive. Branching traits showed similar relationships with the growth traits with the exception of branch angles which had negative relationships with all the traits studied.

In conclusion, genetic variation between as well as within natural populations of *Pinus brutia* is high. This suggests that, considerable genetic gain can be realised for growth traits and bole straightness if recurrent selection is applied at the population, family and within family levels. A *Pinus brutia* tree improvement programme will be highly effective, provided that the programme is started with the best adapted seed sources.

KAYNAKLAR

- ADAMS, W. T , WHITE, T. L , HODGE, G. R. and POWEL, G. L. 1994. Genetic parameters for bole volume in longleaf pine : Large sample estimates and influences of test characteristics *Silvae Genetica*, 43 (5/6): 357-366
- ALEMDAĞ, Ş. 1962 Türkiyede kızılçam ormanlarının gelişimi, hasılatı ve amenajman esasları. Ormancılık Araştırma Enstitüsü, Ankara Yayın no 11, 160 ss
- ANDERSON, R. L. and BANCROFT T. A. 1952. Statistical theory in research McGraw-Hill Book Co , New York, 399 pp
- ANONİM, 1988 Ormancılık Ana Planı 1990-2009 Orman Genel Müdürlüğü yayın no: 3, Ankara, 176 ss
- ARBEZ, M. 1974. Distribution, ecology and variation of *Pinus brutia* in Turkey. *FAO Forest Genetic Resources Information*, 3: 21-23
- BANNISTER, M. H. 1965. Variation in the breeding system of *Pinus radiata*. In H. B. Baker and G. L. Stebbins (Editors) : The genetics of colonizing species. Academic press, Inc New York, 353-374
- BECKER, W. A. 1984. Manual of Quantitative Genetics. Fourth edition, Published by Academic Enterprises, Pullman, Washington, 190 pp.
- BIRLER, A. S. 1995. Ormanlarımızın korunması için endüstriyel plantasyonların önemi. T. E. M. A. (Türkiye Erozyonla Mücadele, Ağaçlandırma ve Doğal Varlıkları Koruma Vakfı) yayınları no:8, 28 ss
- BIROI, Y. and CRISIOPE, C. 1983. Genetic structures and expected gains from multi-trait selection in wild populations of Douglas-fir and Sitka Spruce: I. Genetic variation between and within populations. *Silvae Genetica*, 32: 141-151
- BOX, G. E. P., HUNIER, W. G., HUNIER, J. S. 1978. Statistics for Experimenters. John Wiley & Sons, 232-235
- BRADSHAW, A. D. 1972. Some of the evolutionary consequences of being a plant. In: Evolutionary Biology. Eds T. Dobzhansky, M. K. Hecht and W. C. Steere, Appl Century Crofts, New York, 25-47.
- BRIDGWATER, F. E. and MCKEAND, S. E. 1981. Tree improvement Short Course. N. C. State University, School of Forest Resources, Raleigh, N. C., 230 pp.
- BROWN, A. G. and DORAN, J. C. 1985. Variation in growth and branching characteristics of *Pinus attenuata*. *Silvae Genetica*, 34 (2/3): 100-104.
- BURDON, R. D. 1977. Genetic correlation as a concept for studying genotype-environment interaction in forest tree breeding. *Silvae Genetica*, 26 (5/6) :168-175
- BURDON, R. D. 1988. Recruitment for breeding populations: Objectives, genetics, and implementation. In : Weir, B. S., Eisen, E. J., Goodman, M. M. and Namkoong, G. (eds), Proc the second international conference on quantitative genetics, Sinauer, Sunderland, Mass., 555-572
- BURDON, R. D., BANNISTER, M. H., MADGWICK, H. A. I. and LOW, C. B. 1992-a. Genetic survey of *Pinus radiata* 1. Introduction, description of

- experiment and basic methodology *New Zealand Journal of Forestry Science*, 22 (2/3): 119-137
- BURDON, R D , BANNISTER M H , LOW C B 1992-b. Genetic survey of *Pinus radiata* 2 : Population comparisons for growth rate, disease resistance and morphology *New Zealand Journal of Forestry Science*, 22 (2/3): 138-159
- BURDON, R D , BANNISTER M H , LOW C B. 1992-c Genetic survey of *Pinus radiata* 3 : Variance structures and narrow-sense heritabilities for growth variables and morphological traits in seedlings. *New Zealand Journal of Forestry Science*, 22 (2/3) :160-186
- BURDON, R D , BANNISTER M H , LOW C B 1992-d Genetic survey of *Pinus radiata* 5: Between trait and age-age correlations for growth rate, morphology and disease resistance *New Zealand Journal of Forestry Science*, 22 (2/3): 211-227
- CALAMASSI, R , PUGLUSSI, S R , VENDRAMIN, G G 1988. Genetic variation in morphological and anatomical needle characteristics in *Pinus brutia* Ten *Silvae Genetica*, 37 (5/6):199-206
- CANNELL, M G R. 1989 Physiological bases of wood production: a review *Scandinavian Journal of Forest Research*, 4 : 459-490
- CARSON, M J. 1987. Improving log and wood quality: The role of Radiata pine improvement programme. *New Zealand Forestry*, 32 (2): 26-30.
- CORNELIUS, J 1994. Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees *Canadian Journal of Forest Research*, 24: 372-379
- COSSALIER, C 1989 Genetic conservation: A cornerstone of breeding strategies :Breeding Tropical Trees Population structure and gene improvement strategies in clonal and seedling forestry (Proc. IUFRO conference, Pattaya, Tailand, November 1988) Gibson, G I, Griffin, A R and Matheson, A C (Editors) Oxford Forestry Institute, Oxford, U K , : 28-38
- COTIERILL, P P , and DEAN, C A 1988. Changes in the genetic control of growth of radiata pine to 16 years and efficiencies of early selection *Silvae Genetica*, 37 (3/4) : 138-146
- COTIERILL, P P , and DEAN, C A 1990 Successful tree breeding with index selection. CSIRO Divison of Forestry and Forest Products, Australia, 80 pp.
- DEAN, C A , COTIERILL, P P and EISEMANN, R L. 1986 Genetic parameters and Gains expected from selection in *Pinus caribaea var hondurensis* in Northern Queensland, Australia *Silvae Genetica*, 35 (5/6): 229-236
- DICKMANN, D. T. 1985. The ideotype concept applied to forest trees In attributes of trees as crop plants Edited by M G R. Cannell and J. E Jackson Institute of Terrestrial Ecology, Penicuik, Scotland, 228-252
- DIEIERS, M J J , WOOLASTON, R R and NIKLES, D G 1990. Internode length of hope pine : Genetic parameters and prospects for developing a long-internode breed *New Zealand Journal of Forestry Science*, 20 (2): 138-147.

- EL-KASSABY, Y. A and PARK, Y. S 1993 Genetic variation and correlation in growth, biomass, and phenology of Douglas fir diallel progeny at different spacings. *Silvae Genetica*, 42 (6): 289-297.
- FALCONER, D. S. 1989 Introduction to Quantitative Genetics. Longman Scientific Technical, Longman Group U.K. Limited, 438 pp.
- FALUSI, M. 1982 Geographic variation and seed germination in *Pinus brutia*. *Annali, Academia Italiana di scienze forestali*, 31 :157-158.
- FISHER, J. T., NEUMAN R. W., and MEXAL J. G. 1986 : Performance of *Pinus halepensis/brutia* group in southern New Mexico. *Forest Ecology and Management*, 16 (1/4): 403-410.
- FOWLER, D. P. 1965 Effects of inbreeding in red pine (*Pinus resinosa*) Factors effecting natural selfing. *Silvae Genetica*, 14: 37-46.
- FRAMION, J. R. and D. L. ROCKWOOD 1983 Genetic variation in traits important for energy utilisation of Sand and Slash Pines. *Silvae Genetica*, 32 (1/2) :18-23.
- GRIFFITHS, A. J. F., MILLAR, J. H., SUZUKI, T. D., LEWONTIN, R. C., GELBART, M. W. 1993 An introduction to genetic analysis Fifth edition W. H. Freeman and Company, New York, 840 pp.
- GÜNAY, T. ve TACUNER, İ. A. 1993 Türkiyede mevcut kızılçam (*Pinus brutia* Ten.) fidanlıklarının genel ekolojik özellikleri ve üretilen fidanların fizyomorfolojik kaliteleri. In: Proceedings of international Symp on *Pinus brutia*, October 18-23, Marmaris, Turkey : 243-253.
- GWAZE, D. P., WOOLLIAMS, J. A., and KANOWSKI, P. J. 1997 Genetic parameters for height and stem straightness in *Pinus taeda* L. in Zimbabwe (Submitted to *Forest Genetics*)
- HARILE, D. L. 1981 A primer of population genetics. Sinauer Associates, Inc. Publishers Sunderland, Massachusetts, 191 pp.
- HICKS, C. R. 1964. Fundamental concepts in the design of experiments. Holt, Rinehart and Winston, Inc. New York, 293 pp.
- HODGE, G. R. and WHITE, T. L. 1992 Genetic parameter estimates for growth traits at different ages in slash pine and some implications for breeding. *Silvae Genetica*, 41 (4/5): 252-262.
- HUBER, D. A., WHITE, T. L. and HODGE, G. R. 1994 Variance component estimation techniques compared for two mating designs with forest genetic architecture through computer simulation. *Theoretical and Applied Genetics*, 88: 236-242.
- İŞİK, K. 1980 Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) populasyonlar arası ve populasyonlar içi genetik çeşitliliğin araştırılması I: Tohum ve fidan karakterleri. Doçentlik tezi, ODTÜ Biyolojik Bilimler Bölümü, 149 ss.
- İŞİK, K. 1986 Altitudinal variation in *Pinus brutia* Ten. : Seed and seedling characteristics. *Silvae Genetica*, 35 (2/3): 58-66.
- İŞİK, K., TOPAK, M., KESKİN, A. C. 1987 Genetic variation among and within six *Pinus brutia* stands in southern Turkey : Six year results at five common garden plantations. Forest trees and seeds improvement institute publication no: 3, Ankara, 139 ss.
- İŞİK, K. 1988-a. Orman ağacı türlerimizde lokal ırkların önemi ve genetik kirlenme sorunları. *Orman Müh. Dergisi*, 25 (11) :25-30.

- IŞIK, K. 1988-b Üç yinelemeli kenetlenmiş petek deseni ve kızılçamın (*Pinus brutia* Ten) bir populasyon genetiği araştırmasında uygulanması. *Doğa, Türk Tarım ve Ormancılık Der* 12 (3) :377-386
- IŞIK, K. 1988-c Orman ağacı türlerimizde lokal ırkların önemi ve genetik kirlenme sorunları *Orman Mühendisliği Dergisi*, 25 (11): 25-30
- IŞIK, K. 1990 Seasonal course of height and needle growth in *Pinus nigra* grown in summer-dry Cenral Anatolia *Forest Ecology and Management*, 35 :261-270
- IŞIK, F. and KAYA, Z. 1995 The pattern of genetic variation in *Pinus brutia* Ten populations sampled along the south to north transect in the Toros Mountains South West Anatolia Forest Research Institute, Technical bulletin no:2, 24 pp.
- IŞIK, K. and KARA, N. 1997 Altitudinal variation in *Pinus brutia* TEN and its implication in genetic conservation and seed transfers in southern Turkey *Silvae Genetica*, 46 (2/3): 113-119
- İKTÜEREN, Ş. 1977 Türkiye dağılışı içinde Kızılçam ve Fıstıkçamı orijin denemeleri I: Tohum ve fidanlık TÜBİTAK VI Bilim Kongresi Tebliği, 11-19.
- KALIPSIZ, A. 1981 İstatistik yöntemler İ Ü yayın no :2837, Orman Fakültesi yayın no:294, 558 ss
- KARA, N , KOROL L , IŞIK K and SCHILLER G 1997 Genetic diversity in *Pinus brutia* TEN : Altitudinal variation *Silvae Genetica*, 46 (2/3): 155-160
- KAYA, Z and TEMERII, A 1993 Magnitude and pattern of genetic variation in European black pine (*Pinus nigra* var. *pallasiana*) populations in Turkey. *Doğa, Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 17 : 267-279.
- KAYA, Z and IŞIK F 1997 The pattern of genetic variation in shoot growth of *Pinus brutia* TEN populations sampled from the Toros Mountains in Turkey *Silvae Genetica*, 46 (2/3): 73-81.
- KAYACIK, H. 1965 Orman ve park ağaçlarının özel sistematiği I gymnospermae. İ Ü Orman Fak Yayın no 98, Kutulmuş matbaası, İstanbul, 390 ss
- KAYACIK, H 1954 Pines in Turkey and an investigation on their geographic distribution. İ.Ü. *Orman Fakültesi Dergisi*, 4 (2/A): 44-64.
- KEEION, W. T. and GOULD, J L. 1993 Biological Science Fifth edition, Norton company, New York, 1194 pp.
- KOSKI, V and ANIOLA J 1993. National tree breeding and seed production programme for Turkey 1994-2003 Unpublished report. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Enstitüsü, Ankara, 49 pp
- KUULUVAINEN, T , KANNINEN, M , and SALMI, J P 1988 Tree architecture in young Scots pine : properties, spatial distribution and relationships of components of tree architecture. *Silvae Fennica*, 22 (2): 147-161
- KUULUVAINEN, T , 1988. Crown architecture and stem wood production in Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst) *Tree Physiology*, 4: 337-346
- LAMBEIH, C C., GLADSTONE, W T and STONECYPHER, R W 1983 Statistical efficiency of row and non-contiguous plots in genetics test of loblolly pine *Silvae Genetica*, 29 : 138-90

- LANNER R. M., 1976. Patterns of shoot development in *Pinus* and their relationship to growth potential. In: M. G. R. Cannell and F. T. Last (Eds.), *Tree Physiology and Yield Improvement* Academic Press, London, 223-243.
- LERNER, I. M. 1958. *The genetic basis of selection*. John Wiley & Sons, Inc. New York, 298 pp.
- LIBBY, W. J. 1973. Domestication strategies for forest trees. *Canadian Journal of Forest Research*, 2: 265-276.
- LIBBY, W. J. and COCKERHAM, C. C. 1980. Random non-contiguous plots in interlocking field layouts. *Silvae Genetica* 29 (5/6): 183-190.
- LIBBY, W. T. 1987. Do we really want taller trees? The H. R. Mac Millan lectureship in forestry, January 22, Univ. of British Columbia Press, Vancouver.
- LIN, C. Y. 1978. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. *Theoretical and Applied Genetics*, 52: 49-56.
- MAGNUSSEN, S. and SORENSEN, F. C. 1991. Outliers in forest genetics trials: An example of analysis with truncated data. *Scand. Journal of Forest Research*, 6: 335-352.
- MATHESON, A. C. 1989. Statistical methods and problems in testing large numbers of genotypes across sites. *Breeding Tropical Trees: Population structure and genetic improvement strategies in clonal and seedling forestry*. IUFRO working parties, 93-105.
- MCCRADY, R. L. and JOKELA, E. J. 1996. Growth phenology and crown structure of selected loblolly pine families planted at two spacings. *Forest Science*, 42 (1): 46-57.
- MERRILL, R. E. and MOHN, C. A. 1985. Heritability and genetic correlations for stem diameter and branch characteristic in white spruce. *Canadian Journal of Forest Research*, 15: 494-497.
- MEITLER, L. E. and GREGG, T. G. 1969. *Population genetics and evolution*. Prenticehall, Englewood cliffs, New Jersey, 212 pp.
- MULLIN, T. J., MORGENSIERN, E. K., PARK, Y. S. and FOWLER, D. P. 1992. Genetic parameters from a clonally replicated test of black spruce (*Picea mariana*). *Canadian Journal of Forest Research*, 22: 24-36.
- MULLIN, T. J., ADAMS, G. W., SIMPSON, J. D., TOSH, K. J. and GREENWOOD, M. S. 1995. Genetic parameters and correlations in tests of open-pollinated black spruce families in field and retrospective nursery test environments. *Canadian Journal of Forest Research*, 25: 270-285.
- MUONA, O. 1990. Population genetics in forest tree improvement. In: *Plant population genetics, breeding, and genetic resources*. Brown H. D., Clegg M. T., Kahler A. L., Weir B. S. (Editors) Sinauer Associates Inc Publishers, Sunderland, Massachusetts: 282-298.
- NAMKOONG, G., SYNDER, E. B. and STONECYPHER, R. W. 1966. Heritability and gain concepts for evaluating breeding systems such as seedling seed orchards. *Silvae Genetica*, 15 (3): 61-100.
- NAMKOONG, G. 1979. *Introduction to quantitative genetics in forestry*. USDA Forest Service Tech. Bull no: 1588, 342 pp.

- NAMKOONG, G , KANG, H C , and BROUARD, J S 1988 Tree breeding : Principles and strategies (Monographs on *Theoretical and Applied Genetics*. Edited by R Frankel, M Grossman, H F Linskens, and P Maliga) Springer Verlag, New York, 225 pp
- NAMKOONG, G 1989 System of gene management In :Breeding Tropical Trees: Population structure and genetic improvement strategies in clonal and seedling forestry (Proc IUFRO conference, Pattaya, Thailand, November 1988) Gibson, G I , Griffin, A R and Matheson, A C (Editors) Oxford Forestry Institute, Oxford, U K, : 1-8
- NEYİŞÇİ, T 1987 Kızılçamın ekolojisi El kitabı dizisi 2 (Editör: Erol Öktem) Ormancılık Araştırma Enstitüsü yayınları, Ankara, No : 52, 21-56.
- PALMBERG, C 1976 Geographic variation and early growth in south-eastern semi-arid Australia of *Pinus halepensis* Mill. and *Pinus brutia* Ten species complex *Silvae Genetica*, 24 (5/6): 150-160.
- PAUL, A D , FOSIER G S , CALDWELL, T , and MCRAE J 1997 Trends in genetic and environmental parameters for height, diameter, and volume in a multi-location clonal study with loblolly pine *Forest Science*, 34, (1) :87-98
- PSWARAYI, I Z , BARNES, R D , BIRKS, J S and KANOWSKI, P J 1996 Genetic parameters estimates for production and quality traits of *Pinus elliotti* ENGELM var. *elliotti* in Zimbabwe *Silvae Genetica*, 45 (4): 210-216.
- PULKKINEN, P and PÖYKKÖ, T 1990 Inherited narrow crown form, harvest index and stem biomass production in Norway spruce, *Picea abies* *Tree Physiology*, 6: 381-391
- ÖZDEMİR, T 1977 Antalya bölgesinde kızılçam (*Pinus brutia* Ten) ormanlarının tabii gençleştirilmesi olanakları üzerine araştırmalar *İ. Ü. Orman Fakültesi Dergisi*, Seri A, 27 (2) :239-285.
- RAYMOND, C A and COTIERILL, P P 1990 Methods of assessing crown form of *Pinus radiata*. *Silvae Genetica*, 39 (2) : 67-71
- RAYMOND, C A. and NAMKOONG, G 1990 Optimising breeding zones : Genetic flexibility or maximum value ? *Silvae Genetica*, 39 (3/4): 110-112.
- RAYMOND, C A and LINDGREN, D 1990 Genetic flexibility-A model for determining the range of suitable environments for a seed source *Silvae Genetica*, 39 (3/4): 112-115.
- RUNNELS, C N 1995 Environmental degradation in ancient Greece *Scientific American*, March 1995: 96-99
- SAS Inst. Inc. : SAS/STAT User's Guide, Release 6 03 edition, Cary, NC, (1988), 1028 pp
- SHELBOURNE, C J A 1969 Tree breeding methods New Zealand Forest Research Institute, Technical paper no:55, ODC :165 3/ 7, New Zealand
- SHELBOURNE, C J A 1972 Genotype-environment interaction : Its study and its implications in forest tree improvement Proc IUFRO Genetics-SABRAO Joint symposium, Tokyo, October New Zealand Forest Service reprint number No 683 :1-28

- SHELBOURNE, C. J. A. 1992 Genetic gain from different kinds of breeding Population and seed or plant production population Paper presented at the IUFRO symposium "Intensive Forestry: The Role of Eucalyptus", held in Durban, South Africa, in September 1991 : 49-65.
- SHELBOURNE, C. J. A. 1995 Some comments on : "National tree breeding and seed production programme for Türkiye" 1993-2003, By Veikko Koski and Jukka Antola, with suggestions for a future breeding strategy Unpublished report, 4 pp
- SHUKLA, G. K. 1972 Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability *Heredity*, 29: 237-245
- SNEDECOR, G. W. and COCHRAN, W. G. 1980 Statistical methods The Iowa State University Press Seventh edition, 507 pp
- SOKAL, R. R. and ROHLF, F. J. 1995 Biometry. Third edition, W. H. Freeman and Company, New York, 887 pp
- SORENSEN, F. C. and WHITE, T. L. 1988 Effect of natural inbreeding on variance structure in tests of wind pollinated Douglas-fir progenies *Forest science*, 34 (1) :102-118
- SORENSEN, F. C. and ADAMS, W. T. 1993 Self fertility and natural selfing in three Oregon Cascade populations of Lodgepole pine In: Dag Lindgren (editor), proceedings of 'Pinus contorta From untamed forest to domesticated crop' Symposium, Umea, August 24-28, 1992: 358-374
- SORENSEN, F. C. 1994 Frequency of seedling from natural self-fertilisation in Pacific Northwest Panderosa pine (*Pinus ponderosa* Dugl. ex laws) *Silvae Genetica*, 43 (2/3):100-107
- SQUILLACE, A. E. 1974 Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees *Silvae Genetica*, 23 (5) :149-156.
- ST CLAIR, J. B. 1993 Family differences in equations for predicting biomass and leaf area in Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var *menziesii*) *Forest Science*, 39: 743-755
- ST CLAIR, J. B. 1994-a. Genetic variation in tree structure and its relation to size in Douglas-fir. I Biomass partitioning, foliage efficiency, stem form and wood density *Canadian Journal of Forest Research*, 24: 1226-1235
- ST CLAIR, J. B. 1994-b Genetic variation in tree structure and its relation to size in Douglas-fir. II crown form, branch characters, and foliage characters *Canadian Journal of Forest Research*, 24: 1236-1247
- STONECYPHER, R. W. 1966 The Loblolly Pine Heritability Study. Technical Bulletin No 5 Southlands Experiment Forest, Bainbridge, Georgia, 128 pp
- STONECYPHER, R. W., ZOBEL, B. J. and BLAIR, R. 1973 Inheritance patterns of Loblolly pine from a nonselected natural population. N. Carolina Agricultural Experiment Station Technical bulletin no 220. N. C. State Univ. at Raleigh, 60 pp
- STONECYPHER, R. W., PIESCH, R. F., HELLAND, G. G., CHAPMAN, J. G. and RENO, H. J. 1996 Results from genetic tests of selected parents of Douglas-Fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb) Franco) in an applied tree

- improvement program. *Forest Science*, Monograph 32, Supplement to Volume 42, number 2, 35 pp.
- STRICKBERGER, M W 1968. *Genetics*. The Macmillan Company, New York 868 pp
- TULLUKÇU, M , TUNÇIANER K , TOPLU, F 1987. Marmara ve Batı Karadeniz bölgelerinde halepçamı ve kızılçam orijinlerinin karşılaştırılması üzerine araştırmalar. Kavak ve Hızlı Gel Yab. Tür Orman Ağaçları Araş. Enst. Teknik Bülten No : 137.
- USTA, H Z 1991. Kızılçam (*Pinus brutia* Ten) ağaçlandırmalarında hasılat araştırmaları. Ormancılık Araştırma Enstitüsü yayınları, teknik bülten no:219, 138 ss.
- VAN BUIJTENEN, J P 1992. Fundamental genetics principles. In Handbook of quantitative genetics. Fins, L , Friedman, S. T , Brotschol, J V (editors), 1992, Kluwer Academic Publisher :60-65
- VELLIN, P and TIGERSIEDI, P M A. 1984. Harvest index in a progeny test of Scots pine with reference to the model of selection. *Silvae Fennica*, 18 : 21-32
- WEI, R P 1995. Predicting genetic diversity and optimising selection in breeding programmes. Dissertation, Swedish University of Agricultural Sciences, Dept. of Forest Genetics and Plant Physiology, Umea, 64 pp
- WEINSTEIN, A. 1989-a. Provenance variation of *Pinus halepensis*, *P. brutia* and *P. eldarica* in Israel. *Forest Ecology and Management*, 26: 215-225
- WEINSTEIN, A. 1989-b. Geographic variation and Phenology of *Pinus halepensis*, *P. brutia* and *P. eldarica* in Israel. *Forest Ecology and Management*, 27: 99-108.
- WILCOX, M D. 1983. Inbreeding depression and genetic variances estimated from self and cross pollinated families of *Pinus radiata*. *Silvae Genetica* 32 (3/4) :89-95
- WILCOX, M D 1994. Towards clonal forestry with *Pinus radiata* in New Zealand. Asia-Pacific symposium on forest genetic improvement 19-22 October 1994. Beijing, China IUFRO S2.02.00
- WILLIAMS, E. R and MATHESON, A C 1993. *Experimental Design and Analysis for Use in Tree Improvement*. CSIRO Information Services, 314 Albert Street, Melbourne, Australia, 174 pp.
- WOOLASTON, R R, KANOWSKI, P J , NIKLES, D G 1990. Genetic parameter estimates for *Pinus caribaea* var *hondurensis* in coastal Queensland, Australia. *Silvae Genetica*, 39 (1): 21-28.
- YILDIRIM, T 1992. Genetic variation in shoot growth patterns in *Pinus brutia* Ten. A master's thesis (Unpublished). Middle East Technical University, Graduate School of Natural and Applied Sciences. Ankara, Turkey 53 pp.
- ZOBEL, B and TALBERI, J 1984. *Applied forest tree improvement*. John Wiley Sons, Inc. 505 pp.

E K L E R

EK 1 : ANOVA modellerine göre varyans bileşenleri için hesaplanan katsayılar.

KEPEZ (Anova 2)

	k ₁	k ₂	k ₃	k ₄	k ₅	k ₆	k ₇	k ₈	Q	k ₉	k ₁₀	k ₁₁
Boy	9.78	9.80	29.36	9.82	97.88	9.82	29.40	97.90	293.66	9.82	97.90	587.3
Çap	9.80	9.83	29.42	9.84	98.10	9.83	29.46	98.12	294.33	9.84	98.12	588.6
Hacim	9.78	9.80	29.36	9.82	97.88	9.82	29.40	97.90	293.66	9.82	97.90	587.3
GF	9.79	9.82	29.40	9.83	98.04	9.83	29.44	98.07	294.16	9.83	98.06	588.3

DÜZLERÇAMI (Anova 1) (13 yaş)

Karakter	k ₁	k ₂	Q
PRU	8.87	8.72	87.16
BA6	7.81	7.56	75.59
BA7	8.72	8.53	85.29
NGC	8.87	8.72	87.16
NB6	8.80	8.64	86.35
LBR	8.84	8.69	86.87
NTB	8.87	8.72	87.16
CRL	8.87	8.72	87.16
RCL	8.87	8.72	87.16
CRD	8.87	8.72	87.16
CSI	8.87	8.72	87.16
CSA	8.87	8.72	87.16

Karakter kısaltmalarının açılımı için Bölüm 3.2'deki Çizelge 3.2.1'e bakınız

DÜZLERÇAMI (Anova 2) (13 yaş)

	k ₁	k ₂	k ₃	k ₄	k ₅	k ₆	k ₇	k ₈	Q	k ₉	k ₁₀	k ₁₁
Boy	9.27	9.37	27.92	9.41	93.11	9.42	28.06	93.21	279.4	9.43	93.27	558.96
Çap	9.27	9.38	27.92	9.42	93.11	9.42	28.05	93.22	279.4	9.43	93.28	558.96
Hacim	9.27	9.37	27.90	9.41	93.05	9.42	28.04	93.16	279.3	9.42	93.22	558.63

DÜZLERÇAMI (Anova 2) (17 Yaş)

	k ₁	k ₂	k ₃	k ₄	k ₅	k ₆	k ₇	k ₈	Q	k ₉	k ₁₀	k ₁₁
Boy	8.56	8.95	17.80	9.04	89.10	9.05	18.01	89.19	178.9	9.06	89.23	534.77
Çap	8.86	8.95	17.80	9.04	89.10	9.05	18.01	89.19	178.9	9.06	89.23	534.77
Hacim	8.86	8.95	17.80	9.04	89.10	9.05	18.01	89.19	178.9	9.06	89.23	534.77
GF	8.81	8.91	17.72	9.01	88.69	9.02	17.93	88.77	177.5	9.02	88.81	532.29

BÜK (Anova 2)

	k ₁	k ₂	k ₃	k ₄	k ₅	k ₆	k ₇	k ₈	Q	k ₉	k ₁₀	k ₁₁
Boy	4.06	4.46	12.51	4.68	42.04	4.72	13.26	42.39	126.46	4.73	42.51	252.6
Çap	4.07	4.47	12.54	4.69	42.13	4.73	13.29	42.50	126.80	4.74	42.62	253.3
Hacim	4.06	4.46	12.51	4.68	42.02	4.72	13.26	42.39	126.46	4.73	42.51	252.6
GF	4.07	4.46	12.51	4.68	42.01	4.72	13.52	42.41	126.45	4.73	42.53	252.6

YENİCEDERE (Anova 2)

	k ₁	k ₂	k ₃	k ₄	k ₅	k ₆	k ₇	k ₈	Q	k ₉	k ₁₀	k ₁₁
Boy	7.82	8.06	23.71	8.25	79.12	8.28	24.34	79.48	237.76	8.32	80.07	475.7
Çap	7.82	8.06	23.71	8.25	79.12	8.28	24.34	79.48	237.76	8.32	80.07	475.7
Hacim	7.82	8.06	23.71	8.25	79.12	8.28	24.34	79.48	237.76	8.32	80.07	475.7
GF	7.82	8.06	23.69	8.24	79.06	8.28	24.32	79.41	237.58	8.32	80.04	475.4

DENEMELERİN ORTAK ANALİZİ (Anova 3)

	k ₁	k ₂	k ₃	k ₄	k ₅	k ₆	k ₇	k ₈	Q	k ₉	k ₁₀	k ₁₁
Boy	20.16	23.03	83.53	20.63	202.6	23.12	84.01	228.3	836.2	20.72	203.8	1218
Çap	20.16	23.03	83.53	20.63	202.6	23.12	84.01	228.3	836.2	20.72	203.8	1218
Hacim	20.16	23.03	83.53	20.63	202.6	23.12	84.01	228.3	836.2	20.72	203.8	1218
GF	20.12	23.01	83.38	20.58	202.2	23.09	83.85	228.0	834.7	20.69	203.4	1215

EK-2.**Uç Değerlerin ya da Sıradışı Verilerin Bulunması ve Dışlanması**

Bir veri grubu içinde yer alan sıradışı (outlier) veriler genel olarak hatalı ölçme, verinin bilgisayara yüklenmesinde hatalı okuma, veya zarar görmüş anormal bir bireyin ölçülmesinden ortaya çıkmaktadırlar. Sıradışı değerler ortalamayı, varyansı ve diğer istatistik parametreleri önemli ölçüde etkileyerek araştırmacıyı yanıltırlar (Sokal and Rohlf 1995) Veriler analiz edilmeden önce, sıradışı verilerin kontrolünün yapılmış ve dağılımın şeklinin incelenmiş olması gerekmektedir. Aşağıda SAS programı kullanılarak bu sıradışı verilerin kontrolünün nasıl yapıldığı bir örnekle açıklanmıştır.

Yazılan SAS programı :

```
*-----;
OPTIONS Pagesize=65 Linesize=76 Nodate;
libname fik 'c:\sas\phd';
data fik.A;
infile 'C:\SAS\PHD\buk.PRN' Irec1=9999 ;
input REP $ 1 pop $ 5 fam 9-10 ht 14-16 dbh 18-20 stf 24 frk 28 ;
* proc print data=fik.A(obs=32);
* title 'checking data of BUK';

----- CHECKING FOR OUTLIERS-----;
Proc univariate plot normal ;
var dbh ;
Title 'SIRADISI VERILERIN KONTROLU' ;
```

1) Programın italik yazılan kısmının çıktısı aşağıda verilmiştir :

```
SIRADISI VERILERIN KONTROLU
UNIVARIATE PROCEDURE

Variable=DBH

Moments

N              762    Sum Wgts          762
Mean           67.60105  Sum              51512
Std Dev        24.10224  Variance         580.9182
Skewness       0.335034  Kurtosis         1.769585
USS            3924344  CSS              42078.7
CV             35.65365  Std Mean        0.873132
```

T:Mean=0	77.42362	Prob> T	0.0
Sgn Rank	145351.5	Prob> S	0.0001
Num ^= 0	762		
W:Normal	0.985477	Prob<W	0.4212

Quantiles (Def=5)

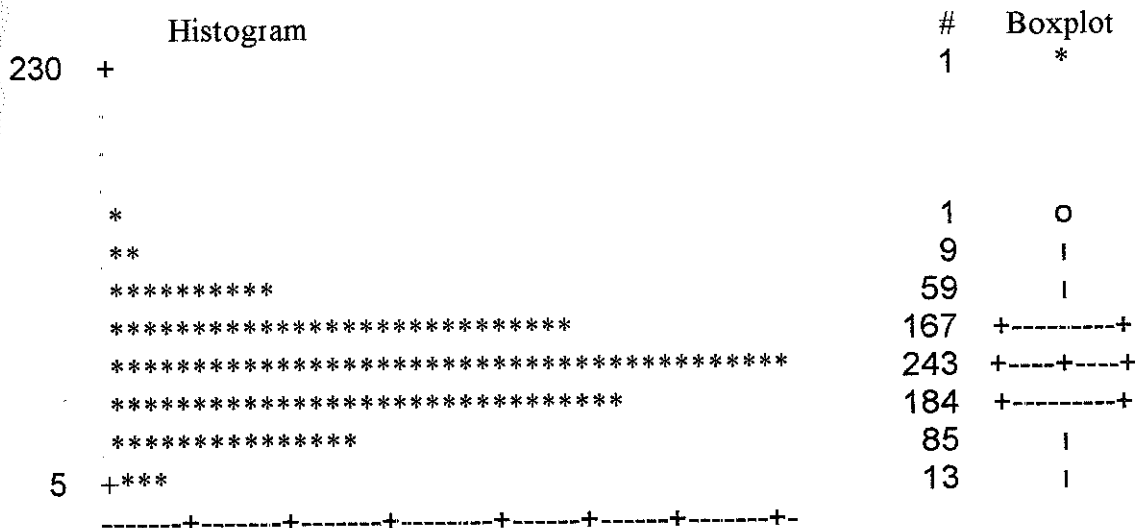
100%	Max	224	99%	124
75%	Q3	84	95%	105
50%	Med	69	90%	97
25%	Q1	52	10%	35
0%	Min	9	5%	27
			1%	16

Range	215
Q3-Q1	32
Mode	70

Extremes

Lowest	Obs	Highest	Obs
9	(18)	127	(627)
10	(373)	127	(737)
12	(591)	130	(647)
14	(696)	140	(137)
14	(58)	224	(82)

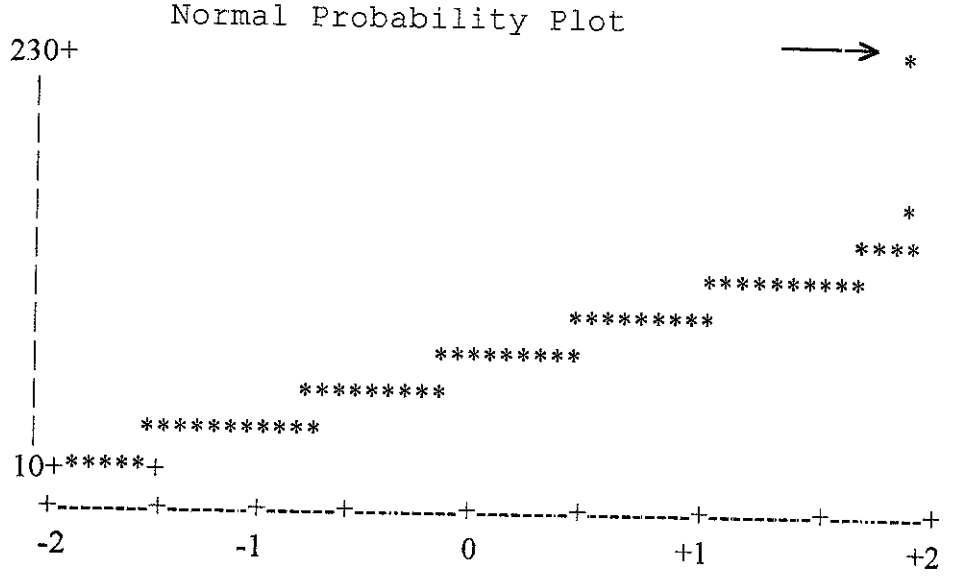
Şekil 1



* may represent up to 6 counts

Şekil 2

Variable=DBH



İlk tabloda görüldüğü üzere normal dağılım ile ilgili "moments" denilen bir çok istatistiksel parametre verilmektedir. Normal dağılım ile ilgili iki önemli parametre basıklık (kurtosis) ve çarpıklık (skewness) katsayılarıdır. Standart Normal dağılımında bu katsayılar sıfırdır (Sokal and Rohlf 1995). Histogramda basıklık ve çarpıklık arttıkça bu katsayılar negatif ve pozitif yüksek değerler alacaklardır. Program çıktısı, dağılımın şeklini bir histogramla vermektedir.

Sıradışı değerleri, en küçük ve en büyük ekstrem değerlerde görebiliriz. Örneğin bizim örneğimizde 82. sıradaki gözlem değeri (224) diğerlerinden farklıdır. Bu farklılık görsel olarak Şekil 2'de de açıkça görülmektedir. Program, standart deviate (SD) adında yeni bir değişken hesaplar. SD, grafiğin x ekseninde, gözlenen değerler ise y ekseninde gösterildiğinde bu iki değişkenin çakışma noktaları bir doğru üzerinde yer almalıdır (Sokal and Rohlf 1995, SAS/stat user guide 1988).

2) Sıradışı değerleri ayıklamak için bağımsız değişkene ait (bu örnekte çap) aritmetik ortalama ve standart sapma hesaplanmıştır.

proc means ;

var dbh ;
Title "Çap için ortalama ve standart sapma " ;

Çıktı :

Analysis Variable : DBH

N Obs	N	Minimum	Maximum	Mean	Std Dev
762	762	9.00	224.00	67.60	24.10

3) Sıradışı gözlem değerinin uzaklaştırılması ve univariate analizinin yeniden yapılması : Standart normal dağılımda gözlem değerlerinin % 99'u

$\bar{x} \pm (2.576 \times \text{Standart sapma})$ aralığında bulunur

Aşağıdaki örnekte bu iki limitin dışında kalan çap değerleri ekstrem değer olarak kabul edilmiştir

/*----- GETTING RID of OUTLIERS -----*/

First, the raw data was screened. Then the 99 % confidence limits of mean of each variable were calculated as follows :

$a = \text{std} \times 2.576$, $\text{mean} + a < \text{dbh} > \text{mean} - a$.

$\text{mean} + a = 129.6816$ $\text{mean} - a = 5.5184$.

data new ;

set fik.a ;

if dbh > 129.6816 then delete;

if dbh < 5.5184 then delete;

proc univariate plot normal ;

var dbh ;

Title "sıradışı değerlerin uzaklaştırılması" ;

RUN ;

Çıktı :

UNIVARIATE PROCEDURE

Variable=DBH

	Moments		
N	760	Sum Wgts	760
Mean	67.3	Sum	51148
Std Dev	23.30718	Variance	543.2248
Skewness	-0.02841	Kurtosis	-0.34805
USS	3854568	CSS	412307.6

CV	34.63177	Std Mean	0.84544
T:Mean=0	79.60348	Prob> T	0.0
Sgn Rank	144590	Prob> S	0.0001
Num ^= 0	760		
W:Normal	0.978418	Prob<W	0.0019

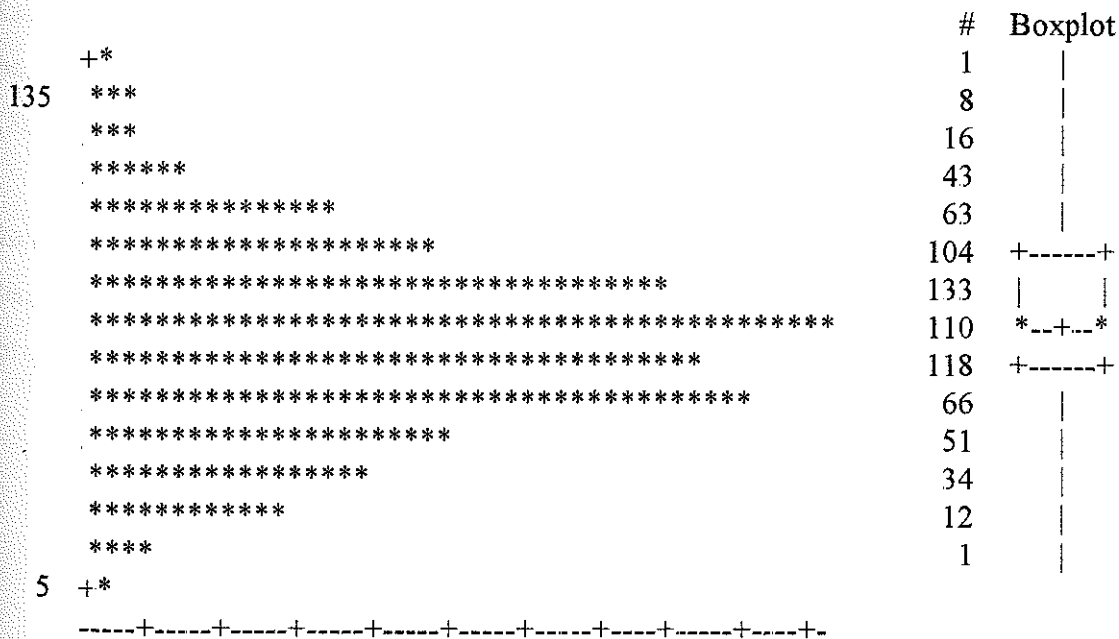
Quantiles (Def=5)

100%	Max	130	99%	120
75%	Q3	84	95%	105
50%	Med	69	90%	97
25%	Q1	52	10%	35
0%	Min	9	5%	27
			1%	16

Range	121
Q3-Q1	32
Mode	70

Extremes

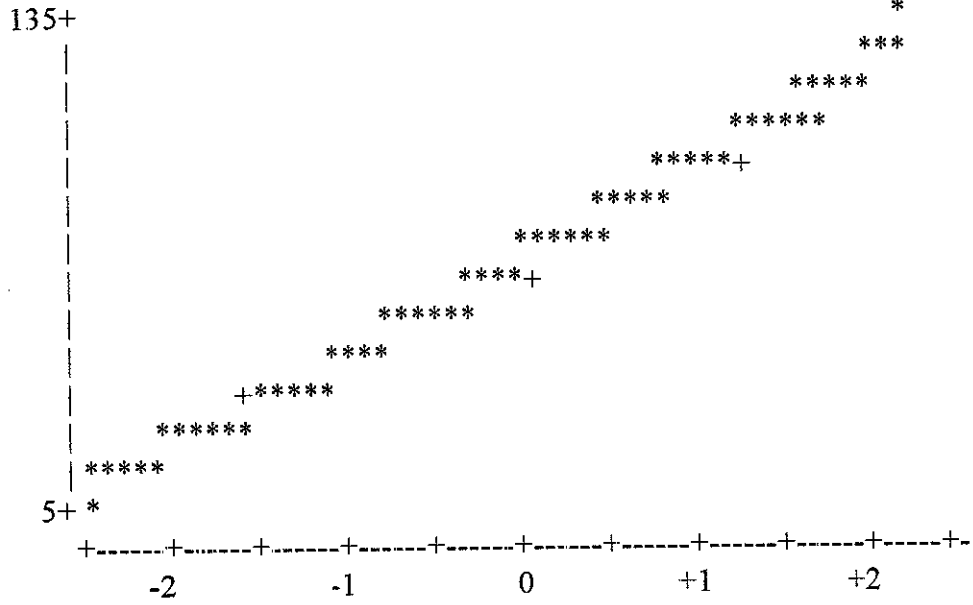
Lowest	Obs	Highest	Obs
9	(18)	125	(155)
10	(371)	125	(428)
12	(589)	127	(625)
14	(694)	127	(735)
14	(58)	130	(645)



-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 * may represent up to 3 counts

Variable=DBH

Normal Probability Plot



Yeni elde edilen çarpıklık (-0 02814) ve basıklık (-0 34805) katsayıları sıfıra çok daha yakındır. Sıradışı değerlerin uzaklaştırılması ile histogram düzelmiş, SD değişkeni ile çap arasındaki doğru çakışma noktalarına daha yakındır.

Kaba sıradışı gözlem değerleri dışındaki bazı değerlerin sıradışı olup olmadığına karar verebilmek için istatistik kitaplarında önerilen bazı istatistikler de hesaplanmaktadır. Daha ayrıntılı bilgi için başlıca istatistik yayınlara başvurulmalıdır (Sokal and Rohlf 1995 sayfa 406, Snedecor and Cochran 1980 sayfa 280-282)

Az sayıda veri ile çalışıldığında sıradışı verileri tespit etmek ve onları analize katmamak nispeten kolaydır. Ancak orijin denemeleri ve döl denemeleri gibi binlerce, bazen onbinlerce gözlem değeri söz konusu olduğunda yukardaki örneğe benzer programlar olmadan bunu başarmak çok zordur.

EK-3 : SAS/VARSTAB ile Transformasyonların Yapılması

VARSTAB, Yeni Zelanda Ormancılık Araştırma Enstitüsü uzmanı Michael Hong¹ tarafından yazılan bir makro SAS programıdır. SAS'ın komutları iyi bilindiği takdirde bir çok amaçlar için benzer makro programlar yazılabilir. VARSTAB programı iki amaçla kullanılabilir:

- 1) Farklı karakterlere ait varyansların standartlaştırılması,
- 2) Varyans analizinden önce transformasyona karar vermek

İslah programlarında bir generasyonda birden çok karakter kullanılarak seleksiyon indeksleri oluşturulmaktadır. Böylece ıslah programları daha etkin olmakta ve seleksiyonda birden fazla karakter dikkate alınarak genetik kazanç arttırılmaktadır. Ancak indekste yer alan karakterlerin her biri farklı bir birim ile ölçülmüş olabilir. Bu nedenle her karaktere ait varyans farklı olacak ve daha büyük birimlerle ölçülen karakterler indeksi daha fazla etkileyecektir. Bu sakıncayı gidermek için varyansların standartlaştırılması gerekmektedir.

VARSTAB'ın kullanıldığı bir diğer alan transformasyonlardır. Varyans analizi, normal dağılıma sahip bir populasyona uygulanmaktadır. Ölçülerek veya açı, yüzde, sayma ile elde edilen veriler için transformasyon gerekebilir. Bu bölümde bu programın nasıl kullanıldığı, varyans analizlerinden önce çalışılan karakterler için transformasyon gerekip gerekmediği, gerekiyorsa transformasyonların nasıl yapıldığı bir örnekle açıklanmıştır:

Değişken (çalışılan karakter) için transformasyon gerekip gerekmediği aşağıdaki hipotezle test edilmektedir (Box et al 1978):

t istatistiği için hipotez $H_0 : b=0$ dır. Regresyon katsayısı b için verilen p olasılık değeri $|T| > 0.05$ ise hipotez ($H_0 : b=0$) kabul edilir. Bu durumda transformasyona gerek yoktur. Olasılık değeri $|T| \leq 0.05$ ise hipotez red edilir ve transformasyona ihtiyaç vardır.

Çap değerleri ölçülerek elde edilmiş olmasına rağmen bu değişken için ANOVA'dan önce transformasyona ihtiyaç duyulup duyulmadığı bir örnek olarak test edilmiştir. Program çıktısı aşağıda verilmiştir :

report for DBH

Model: MODEL1
 Dependent Variable: SD

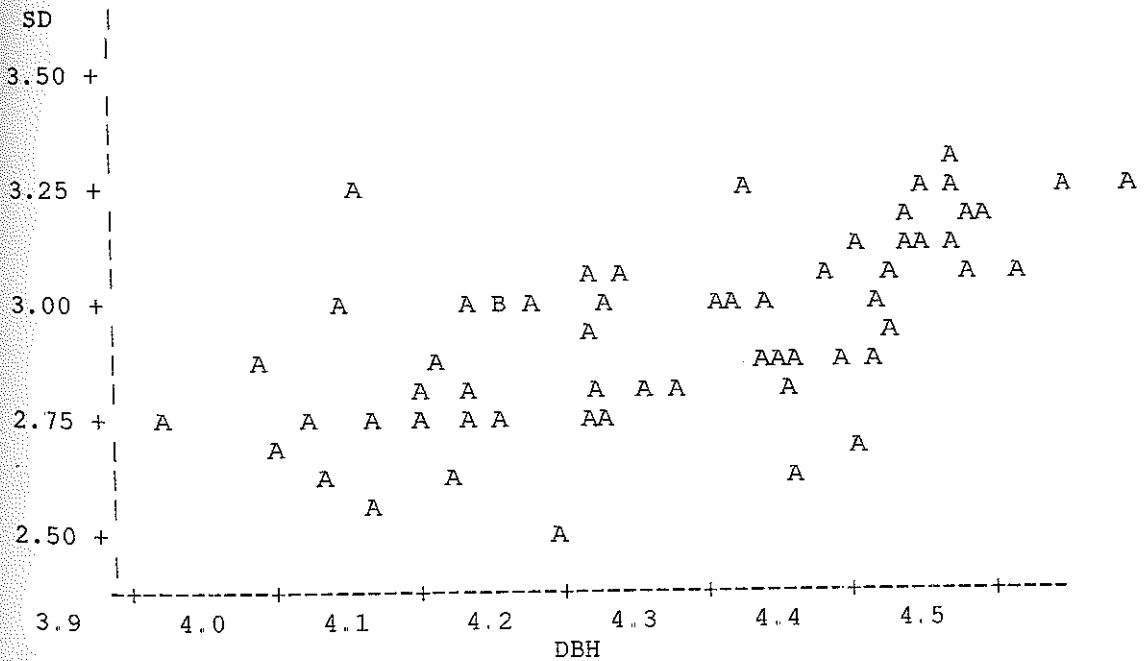
Analysis of Variance

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Prob>F
Model	1	0.80005	0.80005	29.303	0.0001
Error	58	1.58357	0.02730		
C Total	59	2.38362			
	Root MSE	0.16524	R-square	0.3356	
	Dep Mean	2.94444	Adj R-sq	0.3242	
	C.V.	5.61179			

Parameter Estimates

Variable	DF	Parameter Estimate	Std Error	T for H0: Parameter=0	Prob> T
INTERCEP	1	-0.47379	0.631821	-0.750	0.4564
DBH	1	0.80478	0.148670	5.413	0.0001

Plot of SD*DBH. Legend: A = 1 obs, B = 2 obs, etc.



¹ Programı kullanmama izin verdiği için Dr Michel Hong'a teşekkür ederim Forest Research Institute, Private Bag 3020, Rotorua, New Zealand

Program çıktısından görüleceği üzere regresyon katsayısı $b=0.80478$ için verilen olasılık değeri 0.05 olasılık değerinden küçük olduğu için ($\text{Prob}>|T|=0.001$) hipotez ($H_0:b=0$) red edilir. Bu durumda varyans analizinden önce uygun bir transformasyonun yapılması gerekmektedir. Regresyon katsayısı b 'nin sıfırdan farklı olmadığı, programın hesapladığı değişken SD (Standard Deviate) ile çap değerleri kullanılarak elde edilen grafikte de gösterilmiştir (Şekil 1). Grafikte regresyon katsayısının sıfıra eşit olmadığı, SD ile çap değerleri arasında bir ilişki olduğu gözlenmektedir. Çap arttıkça SD değişkeni de artmaktadır.

Transformasyonun yapılması

Regresyon katsayısı b kullanılarak lamda (λ) hesaplanır ($\lambda=1-b$) ve lamda değerine göre transformasyonun nasıl yapılacağına karar verilir (Çizelge 1):

$$\lambda=1-b=1-0.80478=\underline{0.19572} \quad (\lambda).$$

Çizelge 1 : Transformasyonun nasıl yapılacağını gösteren λ değerleri (Box et al 1978)

Lamda (λ)	Transformasyon şekli
-1	$1/x$
-0.5	$\frac{1}{\sqrt{x}}$
0	$\ln(x)$ (Doğal logaritma)
0.5	\sqrt{x}
1	transformasyon gerekmez

Bizim örneğimizde lamda değeri sıfıra yakın bir değer olduğu için yürütülmesi gereken transformasyon logaritmik transformasyondur ($TDBH = \log(DBH)$)

Transformasyon sonucu elde edilen yeni çap değerleri için yürütülen program çıktısı aşağıda verilmiştir. Yeni değişken için VARSTAB yürütüldüğünde yeni SD ile TDBH arasında bir ilişki gözlenmemektedir (Şekil 2). Yani regresyon katsayısı b istatistik olarak sıfırdan farklı değildir.

report for TDBH

Model: MODEL1

Dependent Variable: SD3

Analysis of Variance

Source	DF	Squares	Sum of Square	Mean F Value	Prob>F
Model	1	0.09363	0.09363	2.487	0.1202
Error	58	2.18370	0.03765		
C Total	59	2.27733			

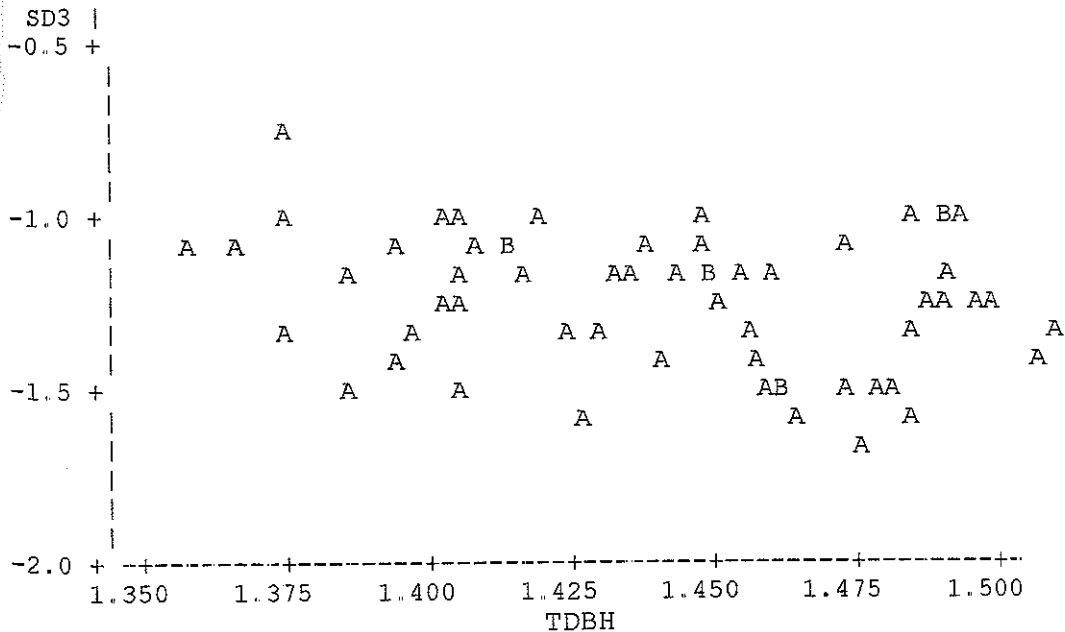
Root MSE	0.19404	R-square	0.0411
Dep Mean	-1.23785	Adj R-sq	0.0246
C.V.	-15.67519		

Parameter Estimates

Variable	DF	Parameter Estimate	Standard Error	T for H0: Parameter=0	Prob> T
INTERCEP	1	0.379421	1.02588211	0.370	0.7128
TDBH	1	-1.126236	0.71418950	-1.577	0.1202

Şekil 2 : Yeni SD ile transformasyonla elde edilen çap değerleri (TDBH) arasında bir ilişki gözlenmemektedir

Plot of SD*TDBH. Legend: A = 1 obs, B = 2 obs, etc..



VARSTAB (SAS-MACRO PROGRAM) :

options ls=75 ps=60 pageno=1 nodate;

data fikret1;

infile kızılçam.dat lrecl=9999;

input pop fam dbh;

%let mflist=pop fam ; /* Bağımsız değişkenler F I*/

%let mvlist=dbh ; /* Bu eşitlikten sonra istenildiği kadar karakter yazabilir F I */

/* Programı kullanmanız için yalnızca yukarda verilen italik kısmın değiştirilmesi yeterli olacaktır Programı bir kez yazdıktan sonra, istediğiniz programlarınız altına kopya da edebilirsiniz F I */

/* wordcnt is a macro programme to count the number of variables in the mvlist. */

%macro wordcoun(string);

%local word ;

%global cnt;

%let cnt=1;

%let word=%scan(&string, &cnt);

%do %while(&word ne);

%let cnt=%eval(&cnt+1);

%let word=%scan(&string, &cnt);

%end;

%let cnt=%eval(&cnt-1);

%mend wordcoun;

%wordcoun(&mvlist) /* the macro call of wordcnt */

%macro namelst(vname, vnum);

%local i;

%do i=1 %to &vnum;

&vname&i

%end;

%mend namelst;

/* The macro namelst creates a list of new variable by calling as follows; e.g. sd1 sd2 sd2and so on */

%let mslist=%namelst(sd, &cnt);

%let mimlist=%namelst(mim, &cnt);

%let mislist=%namelst(mis, &cnt);

%macro varistab; /* A macro to do variance stability test */

proc summary nway ;

class &mflist;

var &mvlist;

output out=macrmset mean= std=&mslist ;

proc univariate noprint data=macrmset;

var &mvlist &mslist;

output out=mactemp min=&mimlist &mislist ;

proc transpose data=mactemp prefix=minv out=mindata;

data mindat1 mindat2;

set mindata;

if _n_ <=&cnt then output mindat1;

```

else output mindat2;
data _null_;
set mindat1;
call symput('sym' || left(_n_), minv1);
data _null_;
set mindat2;
call symput('sys' || left(_n_), minv1);
data macrmset;
set macrmset;
%do i=1 %to &cnt;
if symget('sym' || left(&i))=0 or symget('sys' || left(&i))=0 then
do;
%scan(&mvlist, &i)=log(%scan(&mvlist, &i)+1);
%scan(&mslist, &i)=log(%scan(&mslist, &i)+1);
end;
else do;
%scan(&mvlist, &i)=log(%scan(&mvlist, &i));
%scan(&mslist, &i)=log(%scan(&mslist, &i));
end;
%end;
drop _TYPE_;
title;

%do i=1 %to &cnt;
proc reg data=macrmset ;
model %scan(&mslist, &i)=%scan(&mvlist, &i) ;
title "report for %scan(&mvlist, &i) ";
proc plot;
plot %scan(&mslist, &i)*%scan(&mvlist, &i)/vpos=20 hpos=65 ;
run;
%end;
title;
%mend varistab;
%varistab /* the macro call */
run;
quit;

```


EK 4:

Varyans, kovaryans ve korelasyon analizleri için yazılan SAS programları

1. Bir deneme alanının analizinde kullanılan SAS programı

```
/*  
This program named ---Ydere.SAS--- was written for analysing  
P. brutia data collected from YENİCEDERE test site in 1996.  
The program was developed for descriptive statistics,  
analyses of variance, analyses of covariance and simple  
correlations.*/
```

```
OPTIONS Pagesize=65 Linesize=76 Nodate;  
libname fik 'c:\sas\phd';  
data fik.A;  
infile 'C:\SAS\PHD\Ydere.PRN' lrecl=9999 ;  
input rep $ 1 pop $ 7 fam 11-12 ht 14-16 dbh 18-20 stf 24;  
* proc print data=fik.A(obs=32);  
* title 'Ydere data';  
%let mvlist=ht dbh stf ;
```

```
*----- CHECKING FOR OUTLIERS-----;  
proc univariate plot normal ;  
var &mvlist ;  
title 'checking for outliers and odd values, row data';
```

```
/*----- GETTING RID of OUTLIERS -----  
First, the raw data was screened. The mean and standard  
deviation of the caharacter were estimated. Then the 99 %  
confidence limits of mean of each variable were calculated as  
follows :
```

```
a=std x 2.576, mean+a < dbh >mean-a.  
mean+a =129.6816 mean-a=5.5184.
```

```
-----*/
```

```
Data fik.b ;  
Set fik.a ;  
if dbh > 129.6816 then delete;  
if dbh < 5.5184 then delete;  
dbhcm=(dbh/10);  
htm=(ht/100) ;  
Vol=(0.125247)*(dbhcm**1.676818)*(htm**0.845096);  
tstf=Sqrt(stf);
```

```
%let mflist = pop fam;  
%let mvlist1= ht dbh vol stf;  
%let mvlist2= ht dbh vol tstf;
```

```
/*----- DESCRIPTIVE STATISTICS -----  
In this section simple statistics of populations and families  
were estimated. Then, families or populations were sorted for  
the variable. "Noprint" will supresses the output.  
-----*/
```

```
proc means data=fik.b maxdec=2 mean n cv std;  
class=&mflist;
```

```
var =&mvlist1;  
output out=Fmean mean= ;  
title "Ailelere ait temel istatistikler" ;
```

```
Proc sort data=fmean ;  
  by descending ht ;  
DATA ht2; SET fmean ;  
  if _TYPE_ ne 3 then delete ;  
DATA ht3; SET ht2 ;  
  keep pop fam ht ;  
PROC PRINT ;  
title "Ranking the families for HT (cm)";
```

```
Proc SORT data=fmean ;  
  by descending dbh1 ;  
DATA db; SET fmean ;  
  if _TYPE_ ne 3 then delete ;  
DATA db2; SET db ;  
  keep pop fam dbh1 ;  
PROC PRINT ;  
title "Ranking the families for DBH1 (cm)";
```

```
PROC SORT data=fmean ;  
  by descending vol ;  
DATA vol; SET fmean ;  
  if _TYPE_ ne 3 then delete ;  
DATA vol2; SET vol ;  
  keep pop fam vol ;  
proc print ;  
title "Ranking the families for VOLUME (dm3)";
```

```
Proc sort data=fmean ;  
  by descending stf ;  
DATA stf1; SET fmean ;  
  if _TYPE_ ne 3 then delete ;  
DATA stf2; SET stf1 ;  
  keep pop fam stf ;  
proc print ;  
title "Ranking the families for STEM FORM ";
```

```
*----- DESCRIPTIVE STATISTICS OF POPULATIONS -----;
```

```
proc means data=fik.b maxdec=2 mean std min max cv;
```

```
class pop ;
```

```
var= &mvlist1 ;
```

```
output out=Pmean mean= ;
```

```
proc print ;
```

```
title 'population means ';
```

```
RUN ;
```

```
/*-----ANALYSES OF VARIANCE AND COVARIANCE-----  
If interactions are NOT significant use TYPE II SS, otherwise  
use TYPE III SS. If interactions are proved to be negligible  
then, they can be dropped from the model.  
if the data is not balanced prefer GLM instead of ANOVA.  
-----*/
```

```
PROC GLM data=fik.b;
```

```

class &mflist ;
MODEL &mvlist1= rep pop rep*pop fam(pop)/ss3 ;
Title "HT, VOL, DBH and STF icin varyans analizi sonuclari";
means pop / snk duncan;
Title "Comparison of populations";
RANDOM rep rep*pop fam(pop)/test;
/*---
Test procedure after the Random statement perform all the necessary
F tests. So the following line is not necessary to perform F test:
TEST h=pop e=fam(pop) /htype=3 etype=3 ;
---*/

/*---
The ANOVA assumptions can be checked by plotting the predicted
values with residuals for each variable.
---*/
OUTPUT OUT=asump PREDICTED=pHT pDBH pVOL pSTF RES=residual;
PROC plot ;
plot residual*pHT ;
plot residual*pDBH ;
plot residual*pVOL ;
plot residual*pSTF ;
Title "plot of residuals and expected values" ;

PROC sort data=RES ;
by descending ;
var pop fam pHT residual ;

MANOVA h=fam(pop) /printh printe ; /*ccovariance matrixes*/
Title3 "Manova sonuclari" ;

RUN ;

/*----- VARIANCE COMPONENTS-----*/
model ht dbh1 vol stf= pop rep rep*pop fam(pop)/fixed=1;
Burada olduğu gibi populasyonun sabit olması halinde,
populasyon için varyans bileşeni hesaplanmaz.
-----*/

proc varcomp data=fik.b Method=REML;
class &mflist ;
model &mvlist= pop rep rep*pop fam(pop);
Title 'Results of varcomp based on individual observations';
Title2 "All classes are Random" ;

*----- CORRELATION COEFFICIENTS -----;
proc corr data=fik.b nosimple;
var &mvlist ;
Title "Pearson Correlation coefficients " ;

RUN ;

```

2- Dört denemenin toplu analizi için yazılan program

```
/*=====
This program named ---ALLSITES.SAS--- was written for
analysing P. brutia data collected in 1994 and 1995.
=====*/

OPTIONS Pagesize=65 Linesize=76 Nodate;
libname fik 'c:\sas\phd';

*----- Kepez, three reps -----;
  Data site1 ;
  infile 'C:\SAS\PHD\kepez.PRN' lrecl=9999 ;
  Input REP $ 1 pop $ 5 fam 12-13 ht 17-19 dbh 22-24 stf 29 ;
  site=1 ;
  Proc sort ;
  by site ;

*-----Duzlercamı, two reps -----;
Data site2;
  infile 'c:\sas\phd\95bc2.prn' lrecl=9999 ;
  Input rep $ 14 pop $ 21 fam 28-29 ht 34-37
  dbh1 42-45 stf 62;
  site=2 ;
  dbh=dbh1*10 ; drop dbh1 ;
  Proc sort ;
  by site ;

*-----BUK three reps -----;
Data site3 ;
  infile 'C:\SAS\PHD\buk.PRN' lrecl=9999 ;
  Input REP $ 1 pop $ 5 fam 9-10 ht 14-16 dbh 18-20 stf 24 ;
  site=3 ;
  Proc sort ;
  by site ;

*-----YENİCEDERE three reps ----- ;
Data site4 ;
  infile 'C:\SAS\PHD\Ydere.PRN' lrecl=9999 ;
  Input REP $ 1 pop $ 7 fam 11-12 ht 14-16 dbh 18-20 stf 24;
  site=4 ;
  Proc sort ;
  by site ;

*-----MERGING the data sets=Allsites----- ;
DATA allsites ;
Merge site1 site2 site3 site4 ;
  by site ;
  if ht<100 then delete ; if dbh<3 then delete ;
  tht=log(ht) ;
  tdbh=sqrt(dbh) ;
  tstf=sqrt(stf) ;
  * proc print data=allsites(obs=25) ;
  * ID site ;
title "Data Allsites" ;
```

```

*----- CHECKING FOR OUTLIERS -----;
Proc univariate plot normal ;
  var ht dbh stf;
Title 'checking for outliers and odd values, row data';

%let mflist=site rep pop fam;
%let mvlist= tht tdbh tstf ;

*----- CALCULATION of VOLUME -----;
DATA all ; SET allsites;
  dbhcm=dbh/10;  htm=ht/100;
  Vol=(0.125247)*(dbhcm**1.676818)*(htm**0.845096);
  Keep site rep pop fam ht tht dbh tdbh dbhcm vol stf tstf;
/*proc print data=all(obs=10);
  ID site ;
  var rep pop fam ht dbhcm vol stf ;
Title 'Estimation of Volume (dm3), height=m, dbh=cm' ;
title2 ' Hacim formulu : Usta, H. Z. 1991.';*/

%let mflist=site rep pop fam ;
%let mvlist=stf ht dbh vol ;

/*---- The blow section was written for -----
calculating plot means and doing ANOVA on PLOT MEANS
-----*/
proc means data=all maxdec=2  mean n noprint;
  class site pop fam rep;
  var ht dbhcm vol stf;
  output out=Fmean mean= ;
title 'family means' ;

Proc sort data=fmean ;
  by site pop fam rep ;
  data xx; set fmean ; if _TYPE_ ne 15 then delete ;
  data xx1; set xx ; keep site pop rep fam ht dbhcm vol stf;
proc print ;
Title ;

/*----- DESCRIPTIVE STATISTICS OF FAMILIES -----;
proc means data=all maxdec=2  mean n cv std noprint;
  class pop fam rep;
  var ht dbhcm vol stf;
  output out=Fmean mean= ;
title 'family means' ;

Proc sort data=fmean ;
  by descending ht ;
  data ht2; set fmean ; if _TYPE_ ne 3 then delete ;
  data ht3; set ht2 ; keep pop fam ht ;
proc print ;
Title "Ranking the families for HT (cm)";

Proc sort data=fmean ;
  by descending dbhcm ;
  data db; set fmean ; if _TYPE_ ne 3 then delete ;
  data db2; set db ; keep pop fam dbhcm ;
proc print ;

```

```

Title "Ranking the families for DBHcm (cm)";

Proc sort data=fmean ;
  by descending vol ;
  data vol; set fmean ; if _TYPE_ ne 3 then delete ;
  data vol2; set vol ; keep pop fam vol ;
Proc print ;
Title "Ranking the families for VOLUME (dm3)";

Proc sort data=fmean ;
  by descending stf ;
  data stf1; set fmean ; if _TYPE_ ne 3 then delete ;
  data stf2; set stf1 ; keep pop fam stf ;
Proc print ;
Title "Ranking the families for STEM FORM ";

*----- DESCRIPTIVE STATISTICS OF POPULATIONS -----;
Proc means data=all maxdec=2  mean std min max cv ;
  class pop ;
  var ht dbhcm vol stf ;
  output out=Pmean mean= ;
Title 'population means ' ;

/*----- ANALYSES OF VARIANCE -----
if interactions are NOT significant use TYPE II,
otherwise use TYPE III sum of squares.
if interactions are proved to be negligible then, they can
be dropped from the model. In case of unbalanced data
prefer GLM.
----- */
PROC GLM data=All;
  Class &mflist ;
  Model &mvlist=site rep(site) pop fam(pop) site*pop /ss3;
  title "HT, VOL, DBH and STF icin varyans analizi ";
  * Means site pop / snk;
  * title "Comparison of populations";
  random site rep(site) fam(pop) site*pop /test;
MANOVA h=fam(pop) /printhe printe ;
Title3 "Manova sonucları" ;

/*----- VARIANCE COMPONENTS----- ;
PROC VARCOMP data=all Method=REML;
  class &mflist ;
  model &mvlist=site pop rep(site) site*pop fam(pop)
        site*fam;
Proc varcomp data=all Method=REML;
  class &mflist ;
  model ht stf=site pop rep(site) site*pop fam(pop) fam*site;
Title 'Results of varcomp based on ind. observations' ;
Title2 "All classes are Random" ;

*----- Pearson correlation analyses ----- ;
PROC CORR data=all ;
  var ht dbh vol stf ;
Title "Pearson Correlation coefficients " ;

RUN ;

```

3- Bazı genetik parametrelerin hesaplanması için yazılan SAS programı

```
/*=====
This program (heritab.sas) was written for calculation
of individual and family heritabilities and some other genetic
parameters.
DATA = Duzlercamı experiment, 1995
=====*/
OPTIONS PAGESIZE=65 LINESIZE=75 NODATE;

Data A;
  Input  traits $ pop fam popsite error mean;
  Cards ;

  HT      861.735    341.929    332.203    14768.818    532
  DBH     17.9473   17.6350    18.9906    625.98837   7.76
  vol     7.68057   4.32829    9.61118    229.88519   19.59
  stf     0.0       0.024688   0.68140    1.4116526   3.35 ;

data b ;
set a ;

/*-----individual and family heritabilities-----*/
h2ind=(3*fam)/(fam+error);
h2fam=fam/(fam+error/83.4) ;

/*-----estimation of variance components and CVg-----*/
TOTvar=(pop+fam+popsite+error);
pctpop=(pop/ TOTvar)*100;
pctps=(popsite/ TOTvar)*100;
pctfam=(fam/ TOTvar)*100;
pcterr=(error/ TOTvar)*100 ;
CVg=SQRT(((3*fam)/mean)*100) ;

/*----- SE of heritability*-----*/
t=fam/(fam+error) ;
divisor=(5021-60)*59*(83**2);
SEh2=3*(SQRT(((2*5020*(1-t)**2)*((1+(9*t))**2))/divisor));

Proc print ;
  ID traits ;
  var h2ind SEh2 h2fam varphen pctpop pctps
  pctfam pcterr cvg cvp;
  Title "ESTIMATED NARROW SENSE AND FAMILY HERITABILITIES" ;
  Title2 "S.E. of heritabilities and of variance components";

RUN;
```

EK 5 :

Yarım-Kadeş Ailelerde Genetik Kazancın Hesaplanması

Seleksiyon; esas itibariyle bir sonraki generasyona gamet verecek genotiplerin belirlenmesi işlemidir. Doğal populasyonlarda genotiplerin bir sonraki kuşağa olan gametik katkısı adaptasyon ile orantılıdır. Ancak, yapay seleksiyon ile arzu edilen özelliklere sahip genotiplerin bir sonraki generasyonu oluşturması amaçlanmaktadır (Lerner 1958)

Seleksiyon ya bir karakter (örneğin ağaç boyu) için veya birden fazla karakter (örneğin boy, çap ve gövde formu) için yapılır.

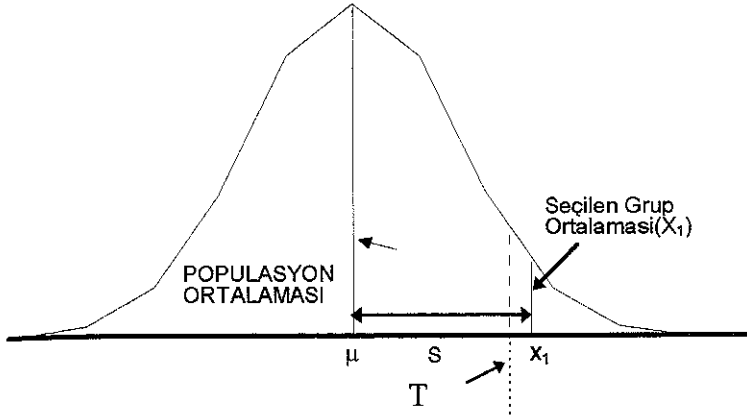
Bir karakter için yapılan başlıca seleksiyon yöntemleri aşağıda özetlenmiştir (Cotterill ve Dean 1990):

1. *Bireysel seleksiyon* (Mass Selection, Individual Selection): Rastgele eşleşmenin olduğu bir populasyonda, bireylerin yalnızca fenotipine göre yapılan seleksiyondur. Basit, ucuz ve çabuk sonuç alınabilen bir yöntemdir. Ancak genetik kazanç genellikle düşüktür.
2. *Aile seleksiyonu* (Family Selection): Aile ortalamalarına göre yapılan seleksiyondur. Kardeşlere ait gözlem değerleri yalnızca aile ortalamalarının hesaplanmasında kullanılır. Ailelerin çok sayıda kardeş ile temsil edilmeleri durumunda etkilidir ve kalıtımın düşük olduğu karakterler için tercih edilir.
3. *Aile içi seleksiyon* (Within Family Selection) : Aile ortalamasının yüksek olup olmaması dikkate alınmadan yalnızca her ailedeki en iyi bireyin seleksiyonudur.
4. *Kombine indeks seleksiyonu* (Combine family+within family selection): Ailelere ve aile içindeki bireylere farklı ağırlıklar verilerek yapılan seçimdir. Genetik kazancın en fazla olduğu yöntemdir.

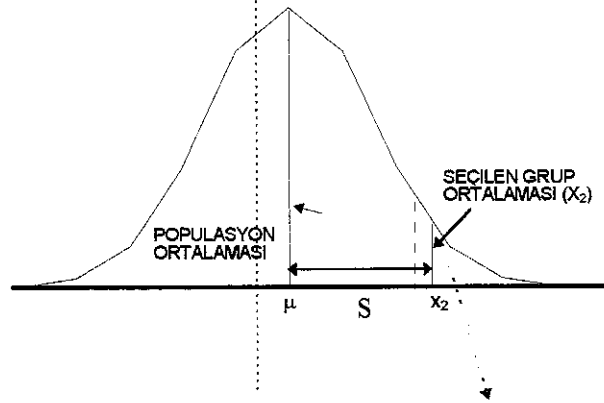
Orman ağaçlarında, çoğu zaman bir karakter için değil, gövde düzgünlüğü, odun yoğunluğu gibi birden fazla karakter bakımından üstün olan genotiplerin seleksiyonu amaçlanır. Bu durumda, bir bireye ait fenotipik değerle birlikte, kardeşlerine, ebeveynlerine ve hatta ikinci derece akrabalarına ait bilgiler kombine edilerek bir tek ıslah değeri elde edilir. Ya da birden fazla karaktere ait fenotipik gözlem değerleri kullanılarak "toplam ıslah değeri" (aggregate breeding value) tahmin edilir (Zobel ve

Şekil 1: Seleksiyonun şematik olarak gösterilmesi

1. KUŞAKTA YAPILAN SELEKSİYON $S_1 = \mu_1 - X_1$



2. KUŞAKTA SELEKSİYON $S_2 = \mu_2 - X_2$



3. KUŞAĞA DÖL VERECEK
AİLELERİN SEÇİMİ

S Seleksiyon farklılığı,

μ Seleksiyon yapılacak populyasyonun ortalaması,

T Kesim noktası (Bu noktadan sonraki bireyler bir sonraki generasyona döl verecektir)

X_1, X_2 Seçilen bireylere ait ortalama

Talbert 1984, Falconer 1989, Cotterill ve Dean 1990, Hodge ve White 1992). Çoklu karakter seçiminin bir diğer önemli yararı, ikili karakterler arasındaki negatif genetik ilişkilerin olumsuz etkilerini gidermektir. Eğer iki karakter arasında negatif genetik korelasyon varsa (bir çok çam türünde odun yoğunluğu ile hızlı büyüme arasında olduğu gibi), yalnızca biri için seleksiyon yapılması diğerini olumsuz etkiler. Sonuçta bir karakter için iyileştirme sağlanırken diğerinde arzu edilmeyen bir değişim ortaya çıkar. Çoklu karakter seleksiyonu ile amaç, bir ıslah programında birden fazla karakter için ortalamanın üzerinde genlere sahip bireyleri seçmektir. Başlıca üç farklı yöntem olduğu bildirilmektedir (Zobel ve Talbert 1984, Cotterill ve Dean 1990)

1. *Ardışık seleksiyon* (Tandem Selection) : Bir karakter bir veya birden fazla generasyon boyunca ıslah edilerek belirli bir düzeye getirilir, daha sonra ikinci bir karakterin ıslahına geçilir.
2. *Bağımsız ayıklama* (Independent Culling): Bir generasyonda bir karakter için (örneğin çap) seçim yapılır ve daha sonra seçilenlerin içinden bu sefer ikinci bir karakter için (gövde düzgünlüğü) seleksiyon yapılır.
3. *İndeks seleksiyonu* (Index Selection): Birden fazla kaynağa (aile, ikinci derece akrabalar, kardeşler gibi) veya karaktere ait bilgiler kombine edilerek her birey için tek bir ıslah değeri hesaplanır ve buna göre seleksiyon yapılır. En etkili seleksiyon yöntemidir.

Yukarıda kısaca değinilen yapay seleksiyon yöntemlerinden beklenen genetik kazanç; (i) fenotipik varyansın büyüklüğü, (ii) ıslah edilen karakterin kalıtım derecesi ve (iii) seleksiyon farklılığı olmak üzere temelde üç etkene bağlıdır (Namkoong 1979, Zobel ve Talbert 1984, Falconer 1989). Başka bir deyişle genetik kazanç, seleksiyon farklılığı ile kalıtım derecesinin bir fonksiyonu olarak aşağıdaki eşitlikte görüldüğü gibi ortaya çıkmaktadır (Falconer 1989)

$$G = h^2_i S \quad (E 1)$$

Formülde;

G =Genetik kazanç,

h^2_i =Kalıtım derecesi,

S = Seleksiyon farklılığıdır.

Seleksiyon farklılığı (S), seçilen grubun ortalaması ile deneysel populasyonun ortalaması arasındaki farktır (Şekil 1) Örneğin bir genetik testte 60 ailenin olduğunu ve deneme sonunda bunlardan en boylu ilk 10 aileyi seçtiğimizi varsayalım Populasyona ait boy ortalaması ile seçilen 10 ailenin boy ortalaması arasındaki fark seleksiyon farklılığıdır. Seleksiyon farklılığı, çalışılan populasyonun ilgili karakterinin fenotipik standart sapmasına (σ_μ) bölünerek standart hale getirilmekte ve elde edilen parametreye seleksiyon yoğunluğu (i) denilmektedir. Seleksiyon farklılığı, normal dağılımlı bir populasyondan seçilen ailelerin populasyon ortalamasından ortalama olarak $i\sigma_\mu$ kadar sapma gösterdiği varsayılarak dolaylı olarak da hesaplanabilir (E.2) Seleksiyon yoğunluğu (i), populasyondan seçilen bireylerin oranı olan p değerine bağlıdır. Seleksiyon oranına bakarak seçilen bireylerin ortalamalarının, populasyon ortalamasından ne kadar sapma gösterdiğini bu amaçla düzenlenen standart tablolardan elde edilebilir (Becker 1984, Falconer 1989).

Genetik kazancı seleksiyon yoğunluğu birimiyle hesaplırsak 2 nolu eşitlik (E.2) elde edilir (Falconer 1989):

$$\begin{aligned} S/\sigma_\mu &= i \quad \text{veya} \\ S &= i \sigma_\mu \\ \Delta G &= i \sigma_\mu h_i^2 \end{aligned} \quad (E.2)$$

Kalıtım derecesi, eklemeli genetik varyansın fenotipik varyansa oranı olduğuna göre, genetik kazanç eşitliği aşağıdaki gibi düzenlenebilir (Namkoong vd 1966, Shelbourne 1992)

$$\Delta G = i \sigma_\mu \frac{k \sigma_A^2}{\sigma_\mu^2} = i \frac{k \sigma_A^2}{\sigma_\mu} \quad (E.3)$$

Eşitlikte, k =Eklemeli genetik varyans oranıdır. Bu katsayı, yarım-kardeş ailelerde $\frac{1}{4}$, tam kardeş ailelerde $\frac{1}{2}$ 'dir. Diğer bir deyişle, $\frac{1}{4} \sigma_A$ değeri, yarım-kardeşler

arasındaki kovaryanstır. Bu da yarım-kardeş aileler arası genetik varyansın kendisidir (Namkoong vd 1966). Eşitlikte görüleceği üzere bir seleksiyon işleminden beklenen genetik kazanç, seleksiyon yoğunluğu (i), genetik varyans (σ^2_A) ve fenotipik standart sapmanın ($\sigma^2_{\bar{m}}$) bir fonksiyonudur.

Yukarıdaki (E 3) genel formül, çeşitli ıslah ve üretim popülasyonları için değiştirilerek kullanılmaktadır. Örneğin yarım-kardeş aileler arası genetik kazancın hesaplanmasında aşağıdaki eşitlik kullanılır (Shelbourne 1992).

$$\Delta G_1 = i_1 \frac{\frac{1}{4} \sigma_a^2}{\sigma_{\bar{m}}^2} = i_1 \frac{\sigma_{f(p)}^2}{\sigma_{\bar{m}}^2} \quad (E.4)$$

$$\% \Delta G_1 = \left(\frac{(\bar{\mu} + \Delta G_1)}{\bar{\mu}} 100 \right) - 100 \quad (E.5)$$

i_1 = Populasyondan seçilen aile sayısı için verilen seleksiyon yoğunluğudur.

$\sigma_{\bar{m}}^2$ = Aile ortalamaları fenotipik standart sapmasıdır. Bu değer, uygulanan ANOVA modeli ve genetik materyalin akrabalık derecesine göre farklı bir şekilde hesaplanmaktadır.

ΔG_1 = Aileler arası genetik kazanç

$\% \Delta G_1$ = Aileler arası genetik kazanç oranı

$\bar{\mu}$ = Bir karakter için denemedeki tüm ailelere ait genel ortalama

Aile içi seleksiyon yapılması halinde genetik kazancın hesaplanması (Shelbourne 1992):

$$\Delta G_2 = i_2 \frac{\frac{3}{4} \sigma_A^2}{\sigma_w^2} \quad (E.6)$$

Toplam genetik kazanç (%):

$$\% \Delta G = \left[\left(\frac{(\bar{\mu} + \Delta G_1 + \Delta G_2)}{\mu} \right) 100 \right] - 100 \quad (E.7)$$

Not : Ailelerin tam kardeş olması, veya materyalin klon olması, formüllerdeki 1/4 veya 3/4 gibi katsayıların farklı olmasını gerektirecektir.

Örnek :

Genetik parametrelerin hesaplanmasında Bölüm 2.2 ve Çizelge 2.2.1'de verilen ANOVA modeli kullanılmıştır. Denemede 60 yarım-kardeş aile bulunmaktadır. Bunlardan en kalın çaplı ilk 10 tanesinin tohum bahçesi için seçildiğini varsayalım. Seleksiyon oranına ($10/60=0.17$) göre aileler arası seleksiyon yoğunluğu $i_1 = 1.47$ olacaktır (Bu bölüm sonundaki Çizelge)

Genetik ve fenotipik parametreler

$$\sigma_e^2 = 780.37 \quad (\text{Hata varyansı})$$

$$\sigma_{f(p)}^2 = 37.996 \quad (\text{Aileler arası genetik varyans})$$

$$\sigma_A^2 = 4 \times 37.996 = 151.98 \quad (\text{Eklemeli genetik varyans})$$

$$3/4 \sigma_A^2 = 113.99 \quad (\text{Aile içi genetik varyans})$$

$$\sigma_w^2 = \frac{n-1}{n} \times \frac{3}{4} \sigma_A^2 + \sigma_e^2 \quad (\text{Aile içi fenotipik varyans})$$

$$n = 28 \quad (\text{Aile başına düşen fert sayısı})$$

$$\sigma_w^2 = \frac{28-1}{28} \times (113.99 + 780.37) = 862.42$$

$$\sigma_w = \sqrt{862.42} = 29.367$$

$$\sigma_{fm}^2 = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{\frac{3}{4} \sigma_A^2 + \sigma_e^2}{n} = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{\sigma_w^2}{n} \quad (\text{Aile ortalamaları arası fenotipik varyans})$$

$$\sigma_{fm}^2 = 37.996 + (862.42/28) = 68.8$$

$$\sigma_{fm} = \sqrt{68.8} = 8.29 \quad (\text{Aileler arası fenotipik standart sapma})$$

$$\bar{\mu} = 66.47 \text{ mm,} \quad \text{Denemenin genel çap ortalaması}$$

$$X_s = 81.0 \text{ mm,} \quad \text{En kalın çaplı ilk 10 ailenin çap ortalaması}$$

Gerçek (actual) genetik kazanç miktarını E.1'e göre hesaplayalım:

$$S = 81.0 - 66.47 = 14.5 \text{ mm,} \quad (\text{Seleksiyon farklılığı})$$

$$h^2 = 0.576 \quad (\text{Aile kalıtım derecesi})$$

$$G = h^2 \cdot S = 14.53 \times 0.576 = 8.4 \text{ mm} \quad (\text{Gerçek genetik kazanç})$$

$$\Delta G = \% 12.6 \quad (\text{Aileler arası seleksiyona göre gerçek genetik kazanç \%})$$

Seçilen en kalın çaplı ilk 10 ailenin ortalama çapı ile populasyon ortalaması arasındaki fark 14.5 mm'dir. Ancak kalıtım derecesine göre (0.576) bunun yaklaşık 8.4 mm'si genlerin eklemeli (additive) etkisi ile ortaya çıkmaktadır. Düzlerçamı döl denemesinde altıncı yaşta en kalın çaplı 10 ailenin tohum bahçesi için seçilmesi halinde, kızılçamda % 10 genetik kazanç elde edilebilecektir. Bir diğer deyişle tohum ihtiyacı bu 10 aileden karşılandığı takdirde, ağaçlandırmaların 13 yaşındaki ortalama çapı, 60 ailenin ortalama çap kalınlığına göre 8.4 mm daha fazla olacaktır.

Aileler arası teorik genetik kazanç

Populasyonun standart sapması bilindiği takdirde, seleksiyon yapmadan ne kadar genetik kazanç sağlanabileceği E.2 ve E.3. nolu eşitlikler yardımıyla tahmin edilebilir.

$$\Delta G_1 = 147 \times \frac{37.996}{8.29} = 6.7 \text{ mm} \quad (\text{Aileler arası teorik genetik kazanç})$$

$$\% \Delta G_1 = \left[\left(\frac{66.47 + 6.7}{66.47} \right) \times 100 \right] - 100 = \% 10.0$$

Aile içi teorik genetik kazanç (E.6)

$i_2 = 1.829$ (28 yarım-kardeşten oluşan aileden en kalın iki bireyin seleksiyonu)

$$\Delta G_2 = i_2 \frac{\frac{3}{4} \sigma^2}{\sigma_w} = 1.829 \times (113.99/28) = 7.5 \text{ mm} \quad (\text{Aile içi genetik kazanç})$$

Seçilen her bir aileden en kalın iki yarım-kardeşin seçimi halinde, aileler arası genetik kazanç ek olarak, 7.5 mm ek genetik kazanç elde edilebilecektir.

Toplam genetik kazanç

$$\Delta G = 6.7 + 7.5 = 14.2 \text{ mm}$$

$$\% \Delta G = \left[\left(\frac{66.47 + 14.2}{66.47} \right) \times 100 \right] - 100 = \% 21$$

Denemedeki en kalın çaplı ilk 10 ailenin ve her bir aileden en kalın çaplı iki bireyin seçimi halinde genetik kazanç 13. yaşta 14.2 mm (% 21) daha fazla olacaktır.

Çok sayıda seleksiyon yoğunlukları için genetik kazanç hesaplandığında, işlemler zaman alıcı olmakta ve hata yapma olasılıkları artmaktadır. Küçük çaplı programlar yardımıyla bu tip hesaplamalar kolaylıkla yapılabilmektedir. Bu çalışmada Dr Luis GEA¹ tarafından Microsoft Excel'de yazılan bir program, bazı değişiklikler yapılarak kızılçam için kullanılmıştır.

¹New Zealand Forest Research Institute, Private Bag : 3020, Rotorua, New Zealand

Seleksiyon Yoğunlukları Tablosu

Çizelgedeki değerler, N büyüklüğündeki bir populasyondan n sayıda bireyin (ailenin) seçilmesi halinde elde edilen seleksiyon yoğunluğu (i) değerleridir. Daha kapsamlı tablolar için Becker 1984'e bakınız. Örnek : 60 aileden oluşan küçük bir populasyondan en iyi 10 ailenin seçimi halinde seleksiyon farklılığı $i=1/472$ olacaktır (Kaynak : Falconer 1989)

n	N (Populasyon büyüklüğü)									n
	2	3	4	5	6	7	8	10	12	
1	0.564	0.846	1.029	1.163	1.267	1.352	1.424	1.539	1.629	1
2	-	0.423	0.663	0.829	0.954	1.055	1.138	1.270	1.372	2
3	-	-	0.343	0.553	0.704	0.821	0.916	1.065	1.179	3
4	-	-	-	0.291	0.477	0.616	0.725	0.893	1.019	4
5	-	-	-	-	0.253	0.422	0.550	0.739	0.877	5
6	-	-	-	-	-	0.225	0.379	0.595	0.748	6
7	-	-	-	-	-	-	0.203	0.457	0.627	7
8	-	-	-	-	-	-	-	0.318	0.509	8
9	-	-	-	-	-	-	-	0.171	0.393	9
10	-	-	-	-	-	-	-	-	0.274	10

n	N (Populasyon büyüklüğü)									n
	14	16	18	20	25	30	40	50	60	
1	1.703	1.766	1.820	1.867	1.965	2.043	2.161	2.249	2.319	1
2	1.456	1.525	1.585	1.638	1.745	1.829	1.957	2.052	2.127	2
3	1.271	1.347	1.412	1.469	1.584	1.674	1.810	1.911	1.990	3
4	1.119	1.201	1.271	1.332	1.455	1.550	1.694	1.799	1.882	4
5	0.986	1.075	1.150	1.214	1.345	1.446	1.596	1.705	1.792	5
6	0.866	0.962	1.042	1.110	1.248	1.354	1.510	1.624	1.713	6
7	0.755	0.858	0.943	1.016	1.161	1.271	1.434	1.552	1.644	7
8	0.650	0.760	0.851	0.928	1.081	1.196	1.365	1.487	1.582	8
10	0.447	0.577	0.681	0.767	0.936	1.061	1.242	1.372	1.472	10
15	-	0.118	0.282	0.405	0.624	0.777	0.991	1.139	1.252	15
20	-	-	-	-	0.336	0.530	0.782	0.951	1.076	20

n	N (Populasyon büyüklüğü)									n
	70	80	100	150	200	250	300	350	400	
1	2.377	2.427	2.508	2.649	2.746	2.819	2.878	2.927	2.968	1
2	2.189	2.242	2.328	2.478	2.580	2.657	2.718	2.769	2.813	2
3	2.055	2.111	2.201	2.357	2.463	2.543	2.607	2.660	2.705	3
4	1.950	2.008	2.101	2.363	2.372	2.455	2.520	2.574	2.621	4
5	1.862	1.922	2.018	2.185	2.297	2.382	2.449	2.504	2.552	5
6	1.786	1.848	1.947	2.118	2.233	2.320	2.388	2.445	2.493	6
8	1.659	1.724	1.828	2.007	2.127	2.217	2.288	2.346	2.396	8
10	1.553	1.621	1.730	1.916	2.040	2.132	2.206	2.266	2.317	10
15	1.342	1.417	1.536	1.738	1.871	1.970	2.084	2.112	2.166	15
20	1.175	1.257	1.386	1.601	1.742	1.846	1.928	1.995	2.051	20
25	1.032	1.121	1.259	1.488	1.636	1.745	1.830	1.900	1.958	25

EK :6

Kalıtım derecesinin ve varyans bileşenlerinin standart hatalarının hesabı

Çalışılan bir bitki veya hayvan karakteri için gözlenen genetik varyanslar, hata varyansları ve kalıtım dereceleri istatistiksel olarak "tahmin" edilmektedirler. Bu nedenle literatürde bu parametreler genellikle standart hataları ile birlikte verilmektedirler. Standart hatası verilmeyen bir parametrenin güvenilirlik düzeyi bilinmeyeceği için yorumlanması güç olacaktır. Örneğin kızılçamda boy için dar anlamlı kalıtım derecesinin (\pm standart hata) 0.25 ± 0.15 , çap için 0.19 ± 0.02 olduğunu varsayalım. Boy için tahmin edilen kalıtım derecesi, çap için tahmin edilen kalıtım derecesine göre daha büyüktür. Ancak çap karakterinin kalıtım derecesi daha güvenilir bir parametredir. Çünkü, boy karakterine ait kalıtım derecesi 0.10 ile 0.40 arasında, herhangi bir yerde olabilir.

Kullanılan deneme deseni ve materyale bağlı olarak varyans analizi modeli ve dolayısıyla parametrelerin hesaplanma şekli farklı olacaktır. Burada bir örnek olarak Prof. Dr. Kani Işık tarafından kızılçam için Antalya yöresinde kurulan bir orijin döl denemesi ele alınmıştır. Deneme için kenetlenmiş petek deseni kullanılmıştır. Desene uygun düşen doğrusal varyans analizi modeli aşağıda verilmiştir:

$$Y_{jkm} = \mu + P_j + F(P)_{k(j)} + e_{m(jk)} \quad (E.1)$$

Eşitlikte :

Y_{jkm} = m . ağaca ait fenotipik değer (j populasyon, k . aileye ait m ağaç).

μ = Deneysel populasyonun genel ortalaması

$P_j = j$ Populasyonun etkisinden kaynaklanan sapma. Denemede altı populasyon bulunmaktadır ($j = 1, 2, 3, 4, 5, 6$),

$F(P)_{k(j)} = j$ Populasyon içindeki k Ailenin etkisiyle olan sapma. Denemede her populasyondan onar aile yer almıştır ($k = 1, 2, 3, \dots, 10$),

$e_{m(ijk)}$ = Deneysel hata Aile içinde yarım-kardeşler arasındaki genetik farklılık, her ferdin mikroçevresinden doğan farklılığı, ölçme ve değerlendirme hataları yüzünden olan sapmadır.

Varyans Analizi Tablosu

V.K.	s.d.	K.O.	Beklenen Kareler Ortalaması (EMS)
P_j	$p-1$	KO_p	$\sigma_e^2 + k_2 \sigma_{F(P)}^2 + QV_P^2$
$F(P)_{k(j)}$	$p(f-1)$	$KO_{f(P)}$	$\sigma_e^2 + k_1 \sigma_{F(P)}^2$
$e_{m(jk)}$	$pf(n-1)$	KO_e	σ_e^2
Toplam	$pf(n-1)$		

K O Kareler ortalaması,
s d. Serbestlik derecesi,
P Populasyon ($p=6$),
F(P) Populasyon içi aile ($f=10$),
n Bir ailedeki birey sayısı ($n=10$),
 k_1, k_2 Varyans bileşenlerine ait katsayılar,
Q Populasyona ait katsayı,
 σ_p^2 Populasyonlardan kaynaklanan genetik varyans bileşeni.
 $\sigma_{F(P)}^2$ Ailelerden kaynaklanan genetik varyans Bu bileşen ANOVA tablosundaki EMS sütununa göre aşağıdaki gibi hesaplanmıştır:

$$\sigma_{F(P)}^2 = \frac{K O_{f(P)} - K O_e}{k_1}$$

σ_e^2 Hata varyansı

$\sigma_{f(P)}^2$, bir populasyonda aileler arası genetik farklılıklardan ortaya çıkmaktadır. Bu değer aynı zamanda teorik olarak bir aileyi oluşturan yarım kardeşler arasındaki benzerliğin (kovaryans) ölçüsüdür (Becker 1984, Falconer 1989) Buna göre :

$$\sigma_{f(P)}^2 = COV_{HS} = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{1}{16} \sigma_{AA}^2 + \frac{1}{64} \sigma_{AAA}^2 + \dots$$

İlk terim olan $1/4\sigma^2$ 'den sonraki terimler küçük katsayıları nedeniyle ihmal edilebilirler. Böylece yarım-kardeşler arasındaki kovaryans eklemeli genetik varyansın (yani σ^2_A) dörtte birine eşittir.

$$\sigma_{f(p)}^2 = COV_{HS} = \frac{1}{4} \sigma_A^2 \quad (E 2)$$

Eğer bir aileyi oluşturan bireyler tam kardeş ise, aileler arası genetik varyans eklemeli genetik varyansın $1/2$ 'sine eşit olur. Çeşitli akrabalık derecelerine bağlı olarak bu katsayı farklı olacaktır. Hata varyans bileşeni, geri kalan tüm genetik varyans ve çevresel varyanstır (Becker 1984, Falconer 1989).

Varyans bileşenlerinin standart hata formülleri :

Varyans bileşenlerinin standart hatası aşağıdaki genel formülle hesaplanmaktadır (Becker 1984, sayfa 47-52; Brewbaker 1994, sayfa 71-72):

$$\text{Var} (\sigma_g^2) = \frac{2}{k_1^2} \sum_g \frac{MS_g^2}{d.f._g + 2} \quad (E 3)$$

$$\text{S E} (\sigma_g^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_g^2)} \quad (E 4)$$

$\text{Var}(\sigma_g^2)$ =Belirli bir varyans bileşeninin tahmin olunacak varyans değeri,

$\text{SE}(\sigma_g^2)$ =Sözkonusu varyans bileşeninin standart hatası,

k =Varyans bileşeninin varyans modelindeki katsayısı,

MS_g = İlgili varyans bileşenine ait kareler ortalaması,

$d f_g$ = İlgili kareler ortalamasına ait serbestlik derecesi.

Dar anlamlı kalıtım derecesinin standart hatası

Her ailenin eşit sayıda bireye sahip olması halinde Becker (1984, sayfa 48) tarafından önerilen aşağıdaki eşitlik kullanılabilir:

$$S E (h^2) = 4 \sqrt{\frac{2(1-t)^2 [1 + (k-1)t]^2}{k(k-1)(s-1)}} \quad (E 5)$$

$$t = \frac{\sigma_{f(p)}^2}{\sigma_{f(p)}^2 + \sigma_e^2} \quad (E 6)$$

Eşitlikte: t=Sınıflararası korelasyon değeri, k=Bir ailedeki fert sayısı, s= Aile sayısı

Aile başına fertlerin eşit olmaması halinde aşağıda gösterilen formül kullanılabilir (Becker 1984, sayfa 52)

$$S E (h^2) = 4 \sqrt{\frac{2(n-1)(1-t)^2 [1 + (k-1)t]^2}{(n-s)(s-1)k^2}} \quad (E 7)$$

n = Populasyondaki toplam fert sayısı ($n_1 + n_2 + n_3 + \dots + n_f$)

Karekök dışındaki 4 katsayısı yine akrabalar arasındaki yakınlık derecesine göre değişecektir. Örneğin tam kardeş durumunda bu değer iki olacaktır

Aile kalıtım derecesinin standart hatası için Anderson ve Bancroft (1952) tarafından önerilen eşitlik kullanılabilir:

$$S E (h_{fm}^2) = \frac{S E (\sigma_{F(P)}^2)}{\sigma_{fm}^2} \quad (E 8)$$

Eşitlikte ; $SE(\sigma_{F(P)}^2)$ =Aile varyans bileşeninin standart hatasıdır Bu değer yukarıda verilen 3 ve 4 nolu eşitliklere göre hesaplanabilir. σ_{fm}^2 =Aile ortalamaları fenotipik varyansı. Bu değer verilen ANOVA modeline göre aşağıdaki eşitlikle hesaplanır:

$$\sigma_{fm}^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \frac{\sigma_e^2}{k_1} \quad (E 9)$$

ÖRNEK ÇÖZÜM:

Bu çalışmada Prof Dr. Kani Işık tarafından Antalya yöresinde kurulan kızılçam orijin-döl denemelerinden elde edilen verilere göre katılım derecesi ve varyans bileşenlerinin standart hatalarının hesaplanması bir örnek olarak verilmiştir:

Çizelge : Varyans analizi sonuçları

V.K.	s.d.	K.O.	Beklenen Kareler Ortalaması (EMS) Bileşenleri
P_j	5	129009	
$F(P)_{k(j)}$	54	35879	$\sigma_{f(p)}^2 = \frac{35879 - 20137}{8.68} = 1813.6$
$e_m(jk)$	465	20137	$\sigma_e^2 = 20137$

Boy karakteri için varyans bileşenlerinin ve kalıtım derecesinin standart hatasını hesaplayalım Verilen parametreler:

$$\sigma_{f(p)}^2 = 1813.6$$

$$\sigma_e^2 = 20137$$

$$h_i^2 = 0.24$$

$$h_{fm}^2 = 0.44$$

$$n = 525$$

$$s = 60$$

$$k_1 = 8.68$$

Hata varyansının (σ_e^2) standart hatası (E3 ve E4'e göre):

$$\text{var}(\sigma_e^2) = \frac{2}{8.68^2} \times \frac{(MS_e)^2}{d \cdot f_e + 2} = \frac{2 \times (20137)^2}{465 + 2} = 200070$$

$$S.E.(\sigma_e^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_e^2)} = \sqrt{200070} = 447.29$$

Aileler arası varyans bileşeninin standart hatası (E3 ve E4'e göre):

$$\text{var}(\sigma_{f(p)}^2) = \frac{2}{k_1^2} \sum \left(\frac{(MS_e)^2}{d \cdot f_e + 2} \right) + \left(\frac{(MS_{f(p)})^2}{d \cdot f_{f(p)} + 2} \right) =$$

$$\frac{2}{(8.68)^2} \sum \frac{(20137)^2}{465+2} + \frac{(35879)^2}{54+2} = 633265$$

$$S.E.(\sigma_{f(p)}^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_{f(p)}^2)} = \sqrt{633265} = 795.8$$

Dar anlamlı kalıtım derecesinin standart hatası :

Her aile için eşit sayıda yarım kardeş birey olduğu kabul edilmiş ve 5 nolu eşitlik (E. 5) kullanılmıştır.

$$t = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2} = \frac{1813.6}{1813.6 + 20137} = 0.082621887$$

$$S.E.(h^2) = 3 \sqrt{\frac{2(1-t)^2(1+(10-1)t)^2}{10(10-1)(60-1)}} = \sqrt{\frac{5.117}{5310}} = 0.032$$

$$S.E.(h^2) = 0.032$$

Aile kalıtım derecesi standart hatasının hesaplanması :

Aileler arası varyans bileşeninin standart hatası yukarıda hesaplanmıştı (795.8). Aile düzeyi fenotipik varyansının bulunmasında 9 nolu eşitliği (E. 9) uygularsak:

$$\sigma_{fm}^2 = \sigma_{F(P)}^2 + \frac{\sigma_e^2}{k_1} = 1813.6 + \frac{20137}{8.68} = 4133.5$$

$$S.E.(h_{fm}^2) = \frac{S.E.(\sigma_{F(P)}^2)}{\sigma_{fm}^2} = \frac{795.6}{4133.5} = 0.19$$

Aile kalıtım derecesi ve standart hatası = 0.44 ± 0.19

Standart hata, varyans bileşeninin yarısından küçük ise, varyans bileşeni istatistik olarak önemli kabul edilmektedir (Mullin vd 1992). Standart hatanın daha büyük olması halinde hesaplanan parametrenin %95 güven sınırları geniş olacaktır.

EK 7 :

Genetik korelasyonların hesaplanması

İki karakter arasındaki benzerliğin veya farklılığın nedeni, çevresel ve/veya genetikdir. Eğer bir gen aynı anda, hızlı büyümeyi ve selüloz oranını etkiliyorsa (pleotropi) veya bu iki karakteri kodlayan genler aynı kromozom üzerinde birbirine yakın iki lokusta bulunuyorlarsa (linkage), iki karakter arasındaki genetik korelasyon oranı önemli olabilir. Diğer bir deyimle genetik korelasyonun yüksek olmasının nedeni, belirli genlerin her iki karakteri de kodlaması ve/veya bu karakterleri ayrı ayrı kodlayan lokuslar arasında aynı veya ters yöndeki etkileşimdir (Lerner 1958) Genetik korelasyon, iki karakterin ıslah değerleri arasındaki ilişki olarak da tanımlanmaktadır (Fins vd 1992).

Islah popülasyonundan hızlı büyüyen genotipleri seçerken, acaba bu genotiplerle kurulacak ağaçlandırmalarda ağaçların odun yoğunluğu nasıl değişecektir ? Hızlı büyüyen genotipler seçilirken, acaba seçilen bu genotipler odun yoğunluğu bakımından istenmeyen özelliklere mi sahip olacaktır ? Islah araştırmalarında buna benzer soruların yanıtlanması için karakterler arası genetik korelasyonların bilinmesine ihtiyaç vardır. Eğer yeni kuşakta hacim artarken, odun kalitesi azalıyorsa, hesapladığımız genetik kazancı yeniden gözden geçirmemiz gerekecektir. İki karakter arasındaki genetik ilişki pozitif yönde önemli ise bizim odun kalitesi için endişelenmemize gerek kalmayacaktır. Çünkü bir karakter üzerinde ıslah yapılırken diğer bir karakterde de iyileştirme gerçekleşecektir.

Fenotipik korelasyonlarda olduğu gibi genetik korelasyonlar da -1.0 ile +1.0 arasında değişmektedir. Korelasyon katsayısı mutlak olarak 1.0'e yaklaştıkça genetik ilişki o oranda güçlü olmaktadır. Genetik korelasyonların bitki ıslahındaki başlıca uygulama alanları aşağıdaki gibi özetlenebilir :

- Bitki ve hayvan ıslahında bir karakterde yapılan seleksiyonun, diğer bir karakteri nasıl etkilediğinin belirlenmesinde (correlated response),

- Bir kuşakta yalnızca bir karakter için (örneğin en hızlı büyüyenlerin seçimi gibi) seleksiyon yapmak yerine, birden fazla karakteri aynı anda ele alarak seleksiyon yapmak için uygulanan seleksiyon indekslerinin oluşturulmasında,
- Karakter-çevre etkileşiminin tahmininde (B tipi genetik korelasyon): Bu yöntemle farklı çevrelerde yetiştirilen bir genotipe ait bir karakter, iki farklı karaktermiş gibi işleme sokularak çevre farklılığından etkilenme oranı, diğer bir deyişle genotipxçevre etkileşimi belirlenmektedir (Burdon 1977)
- Genç yaşta seçilen bir karakterin ileri yaşlardaki tepkisini belirlemede (Juvenile-mature correlation) kullanılmaktadırlar

Genetik korelasyonların hesaplanmasında aşağıdaki formül kullanılmaktadır (Falconer 1989):

$$r_g = \frac{Cov_{xy}}{\sqrt{\sigma_x^2 \sigma_y^2}}$$

Formülde : r_g = genetik korelasyon, COV_{xy} = x ve y karakterleri arasındaki genetik kovaryans, σ_x^2 = x karakterine ait genetik varyans, σ_y^2 = y karakterine ait genetik varyanstır

İki karakter arasındaki genetik korelasyonun hesaplanma şekli aşağıda bir örnekle açıklamalı olarak verilmiştir:

Prof. Dr Kani Işık tarafından Antalya yöresinde kurulan kızılçamda orjindöl denemesinde tek ağaç parselli bir deneme deseni kullanılmıştır (Işık K. ve ark.1987) Denemede altı populasyon 10 yarım kardeş aile ile temsil edilmektedir Kızılçamda göğüs yüksekliğindeki (1.3 m) çap bakımından üstün ailelerin tohum üretim populasyonu için seçildiğini varsayalım Acaba kalın çaplı ailelerin seleksiyonu, dal sayısını nasıl etkilemektedir ? Eğer çap ve dal sayısı arasında pozitif yönde ve güçlü genetik bir ilişki varsa, ağaçlandırmalardan elde edeceğimiz gövdeler çok dallı olacak ve dolayısıyla kaliteyi azaltacaktır

Genetik korelasyonların hesabı için varyansın ve kovaryansın genetik bileşenlerine ihtiyaç vardır Bu bileşenleri hesaplamak için bir çok program

kullanılabilir. Burada yaygın olarak kullanılan SAS programı ile ilgili bir örnek verilmiştir. Deneme desenine göre varyans ve kovaryans analizi modeli aşağıda verilmiştir :

Varyans Analizi Modeli

V. Kaynağı	s.d	KT (SS)	KO (MS)	BKO (EMS)
Populasyonlar	5	SS_p	MS_p	$\sigma_e^2 + k_2 \sigma_{f(p)}^2 + QV_p^2$
Aileler (pop)	54	$SS_{f(p)}$	$MS_{f(p)}$	$\sigma_e^2 + k_1 \sigma_{f(p)}^2$
Aile içi	406	SS_e	MS_e	σ_e^2

KT (SS)	Kareler toplamı,
KO (MS)	Kareler ortalaması,
BKO (EMS)	Beklenen kareler ortalaması.
s d	serbestlik derecesi
σ_e^2	Hata varyansı,
$\sigma_{f(p)}^2$	Ailelerden kaynaklanan genetik varyans,
V_p^2	Populasyonlardan kaynaklanan genetik varyans.
k_1, k_2, Q	Varyans bileşenlerinin katsayıları

Kovaryans Analizi Modeli

Kov. Kaynağı	s.d.	ÇT (CP)	KOV	BÇO (EMCP)
Populasyonlar	5	CP_p	KOV_p	$KOV_e + k_2 KOV_{f(p)} + QKOV_p$
Aileler (pop)	54	$CP_{f(p)}$	$KOV_{f(p)}$	$KOV_e + k_1 KOV_{f(p)}$
Aile içi	406	CP_e	KOV_e	KOV_e

ÇT (CP)	Çarpanlar toplamı,
KOV	Kovaryans,
BÇO (EMCP)	Beklenen çarpanlar ortalaması.

1) *Kovaryansların hesaplanması* : Çarpanlar toplamı (ÇT) ve kareler toplamı (KT) matrisini elde etmek için ya SAS'ın GLM (General Linear Model) işlemi ile birlikte MANOVA seçeneği kullanılabilir (aşağıdaki a programı), ya da korelasyon analizinde kovaryansların hesaplanması istenebilir (aşağıdaki b programı). Örnek olarak çap, dalsayısı (dalsay) ve dal açısı (dala) ele alınmıştır:

```

a) Proc GLM data=pine;
   Class pop fam ;
   Model dalsay cap dala= Pop fam(pop) /ss3 nouni ;
   Random fam (pop) ;
   MANOVA h=fam(pop) /printh printe ;
   Title "kovaryansların Hesaplanması";
   RUN ;

b) Proc corr data=pine cov out=Covout;
   var dalsay cap dala;
   Proc print data=Covout ;
   Title "Korelasyon ve Kovaryans Matrisleri";
   RUN;

```

a programının çıktısı aşağıda verilmiştir :

OUTPUT General Linear Models Procedure

```

Source      Type III Expected Mean Square

POP          Var(Error) + 7.4638 Var(FAM(POP) + Q(POP)
FAM(POP)     Var(Error) + 7.7392 Var(FAM(POP)
k1=7.7392, k2=7.4638

```

H=Type III SS&CP Matrix for FAM(POP)

	dalsay	cap	dala
dalsay	755.3	5621.3	-18.0
Cap	5621.3	72681.9	-4420.7
Dala	-18.0	-4420.7	6148.5

E=Error SS&CP Matrix

	Dalsay	cap	dala
Dalsay	2531.4	20366.8	466.7
Cap	20366.8	282524	4212.99
Dala	466.7	4212.99	32246.5

Matriksin diyagonalında yer alan koyu değerler, ilgili karaktere ait kareler toplamıdır (KT) Diğerleri ise ikili karakterler arasındaki çarpanlar toplamıdır (ÇT) veya kovaryanstır Program (a), her karakter için varyans analizi sonuçlarını, Beklenen Kareler Ortalaması eşitliklerini (BKO), ailelere (printh) ve hataya (printe) ait kovaryansları (ÇT) ve kareler toplamı (KT) matrikslerini verir. Program, bunlar dışında karakterler ile ilgili temel istatistik parametreleri de vermektedir.

2) *Genetik kovaryansın hesaplanması* : (a) programı çıktılarını kullanarak Dal sayısı ve Gövde çapı arasındaki genetik kovaryansı hesaplayalım:

Gövde çapı - Dal sayısı genetik kovaryansı :

$$KOV_f = \frac{\text{ÇT}_f}{54} = \frac{5621.3}{54} = 104.1$$

$$KOV_e = \frac{\text{ÇT}_e}{406} = \frac{20366.8}{406} = 50.16$$

$$KOV_{g(xy)} = \frac{(\text{ÇT}_f - \text{ÇT}_e)}{k_1} = \frac{(104.1) - (50.16)}{7.7392} = 6.969$$

$$KOV_{g(xy)} = 6.969 \text{ (iki karakter arasındaki genetik kovaryans)}$$

3) *Genetik varyanslar*: SAS'ın VARCOMP seçeneği kullanılarak kolaylıkla elde edilebilir. Aşağıdaki programda daha güvenilir sonuçlar veren REML (Restricted Maximum likelihood) metodu ile varyans bileşenleri hesaplanmıştır.

```
Proc varcomp data=kızılcam Method=REML;
class pop fam ;
Model dalsay cap dala = pop fam(pop) ;
Title "Varyans Bileşenlerinin Hesaplanması";
RUN ;
```

Programın çıktısı ailelere ait genetik varyansı ve hata varyanslarını vermektedir :

Genetik varyanslar, 1. madde çıktısında gösterildiği üzere KT (SS) ve ÇT (CP) matrikslerinden de elde edilebilir. İlgili karaktere ait kareler toplamı (KT), ailelere ait serbestlik derecesine bölünerek önce varyans elde edilir. Bulunan değer, Beklenen Kareler Ortalamasındaki (EMS) eşitliğe göre bileşenlerine

ayrılarak genetik varyans hesaplanır İki yöntemle elde edilen genetik varyansların eşit olması için hata serbestlik dereceleri aynı olmalıdır

Gövde çapı genetik varyansı :

$$KO_f = KT_f/54 = 72681.9/54 = 1345.96$$

$$KO_e = KT_e/406 = 282524/406 = 695.87$$

$$\sigma^2_f = (KO_f - KO_e) / k_1 = (1345.96 - 695.87) / 7.7392$$

$$\sigma^2_{f(x)} = 83.999$$

Dal sayısı genetik varyansı :

$$KO_f = KT_f/54 = 755.3/54 = 13.987$$

$$KO_e = KT_e/406 = 2531.4/406 = 6.235$$

$$\sigma^2_f = (KO_f - KO_e) = (13.987 - 6.235) / 7.7392$$

$$\sigma^2_{f(y)} = 1.001662$$

Genetik korelasyonun hesaplanması :

$$= KOV_{g(xy)} / \sigma^2_{f(x)} \sigma^2_{f(y)} = 6.969 / (83.999 \times 1.001662)$$

$$r_g = 0.76 \pm 0.17$$

Onyediyedi yaşındaki kızılçam için dal sayısı ile gövde çapı arasında güçlü bir genetik ilişki vardır Yani dal sayısı çok olan bireyler, genetik olarak daha kalın çaplı olmaktadır Dal sayısını kontrol eden genler ile çapı kontrol eden genler arasında aynı yönde pozitif olarak çalışan bir ilişki vardır

Genetik korelasyon ilgili populasyona özgüdür; yaşa, deneme desenine ve genetik materyale göre değişiklikler gösterecektir Genetik korelasyonların daha ayrıntılı yorumu için Falconer (1989), Becker (1984), Lerner (1958), Burdon (1977) ve Van Buijtenen 'e (1992) bakınız

4) *Genetik korelasyonların standart hatası* : Büyük örneklerle çalışılmadığı sürece genetik korelasyonların standart hatası genellikle yüksek çıkmaktadır (Burdon 1992-d, Fins vd 1992). Kalıtım derecesinin düşük olduğu durumlarda korelasyonun güvenilirlik düzeyi daha da az olmaktadır (Burdon 1992-d).

Genetik korelasyonun standart hatası yaklaşık olarak aşağıdaki formülle hesaplanabilir (Falconer 1989):

$$\sigma_{r_g} = 1 - r_g^2 \sqrt{\frac{\sigma_{h_x^2} \sigma_{h_y^2}}{h_x^2 h_y^2}}$$

Formülde, r_g^2 = Genetik korelasyonun karesi,

$\sigma_{h_x^2}$ = x karakterine ait kalıtım derecesinin standart hatası,

h_x^2 = x'in kalıtım derecesi,

$\sigma_{h_y^2}$ = y karakterine ait kalıtım derecesinin standart hatası,

h_y^2 = y'nin kalıtım derecesi.

$$SE(r_g) = (1 - 0.57608) \sqrt{((0.13 \times 0.14) / (0.29 \times 0.037))}$$

$$SE(r_g) = 0.17$$

5) Genetik korelasyonların ve standart hatalarının hesap makinası ile 3. ve 4. maddelerde gösterildiği gibi hesaplanması yorucu ve zaman alıcıdır. Büyük haneli rakamlarla uğraşıldığı için hata yapma olasılığı da artmaktadır. Bunun yerine herhangi bir program kullanılarak aritmetik işlemler yapılabilir. Aşağıda SAS içinde yazılan küçük bir program ile 3. maddedeki hesaplamalar yapılmıştır

```
Data gencov ;
Input traits ÇTf ÇTe  $\sigma^2_{f(x)}$   $\sigma^2_{f(y)}$  ;
Cards ;
1.1 461879.4 1735670 154.966 1911.86
1.2 85767.38 286830 154.966 83.9998
... ..
13.14 14837107 83153652 2414.60 37144.37 ;

Data A ; set gencov ;
KOVf = ÇTf / 54 ;
KOVe = ÇTe / 406 ;
```

```
KOVg=(KOVf-KOVe)/7.7319 ;  
rg =KOVg/sqrt(σ2f(x)*σ2f(y)) ;  
Proc print ;  
Title ;  
RUN ;  
/*Definition of the traits :1.1=pruning 1.2=height ...*/
```

Benzer şekilde 1. maddedeki ailelere ve hataya ait matrislerden kareler toplamı (SS) değerleri alınarak program yardımıyla her iki karakter için varyansın genetik bileşeni hesaplanabilir SAS terimlerinin iyi bilinmesi durumunda SAS içinde Makro programlar da yazılabilmekte, ve genetik parametrelerin hesaplanması daha kolaylıkla yapılmaktadır

EK 8 : Deneme Alanlarına Göre Aile Ortalamaları

<u>Deneme Alanı</u>	<u>Gözlem Tarihleri</u>	<u>Yaşı</u>
KEPEZ	Şubat 1996	(18 yaş)
DÜZLERÇAMI	Aralık 1991-Şubat 1992 Şubat-Mart 1995	(13 yaş) (17 yaş)
BÜK	Mart 1996	(18. yaş)
YENİCEDERE	Mart 1996	(18. yaş)

Tablolardaki Karakterlerin Açıklanması :

POP	Populasyon adı
fam	Aile no
HT	Boy (cm)
dbh	1 30 m. deki çap (cm)
VOL	Hacim (dm ³)
SF	Gövde düzgünlüğü (6 düzgün-1 iki taraflı eğri)
PRU	Doğal budanma yüksekliği (cm)
NBR	Bir ağaca ait ortalama dal sayısı
NB6	Yalnızca altıncı yaş sürgünündeki dal sayısı
NTB	Kalın dal sayısı
BRA	Ortalama dal açısı (Derece)
BRA6	Altıncı yaş dal boğumundaki en kalın iki dalın dal açısı (Derece)
BRA7	Yedinci yaş dal boğumundaki en kalın iki dalın dal açısı (Derece)
NGC	Ortalama sürgün sayısı
LBR	En uzun dl uzunluğu (cm)
CRL	Tepe tacı uzunluğu (cm)
CPA	Tepe tacı izdüşüm alanı indeksi
CSI	Tepe tacı şekil indeksi (Tepe uzunluğu/tepe genişliği)
CRD	Tepe tacı çapı (cm)

KEPEZ DENEME ALANI 18. YAŞ AİLE ORTALAMALARI

OBS	POP	FAM	HT cm	DBH cm	VOL dm3	GF
1	B	1	630	7.4	18.9	4.2
2	B	2	602	7.5	18.1	4.0
3	B	5	626	7.8	20.2	4.4
4	B	6	602	7.3	16.7	3.9
5	B	8	552	6.4	13.0	4.2
6	B	9	523	6.3	12.4	3.5
7	B	11	527	5.8	10.1	4.0
8	B	12	522	5.6	10.7	3.8
9	B	13	551	6.3	13.1	3.9
10	B	14	588	7.0	15.5	3.6
11	D	2	635	8.5	23.5	2.4
12	D	3	567	8.2	21.4	2.4
13	D	4	594	7.9	20.2	3.0
14	D	6	526	6.6	13.8	2.7
15	D	7	607	7.1	18.1	2.2
16	D	9	612	8.0	20.7	2.2
17	D	12	518	6.5	13.0	3.0
18	D	13	570	8.0	19.6	2.6
19	D	15	524	6.7	13.1	2.1
20	D	16	494	5.7	11.2	2.2
21	H	2	536	6.1	11.8	3.9
22	H	3	496	5.1	8.5	3.9
23	H	4	531	5.9	11.1	3.8
24	H	5	549	6.2	12.1	3.9
25	H	9	510	5.4	8.8	4.0
26	H	11	504	5.4	9.3	3.9
27	H	12	539	5.9	11.2	3.9
28	H	13	516	5.6	9.7	3.6
29	H	14	547	6.5	13.5	4.0
30	H	15	587	6.5	13.9	4.2
31	K	1	557	6.1	12.2	5.2
32	K	3	551	6.2	12.9	5.3
33	K	5	560	5.7	10.8	4.7
34	K	6	601	6.3	13.5	5.0
35	K	7	543	6.1	11.6	4.9
36	K	8	609	7.1	16.7	4.8
37	K	9	537	6.3	11.8	4.9
38	K	10	643	7.2	17.8	5.1
39	K	11	611	7.2	16.7	4.7
40	K	12	638	7.3	17.8	5.0
41	M	2	600	7.8	19.3	3.5
42	M	3	599	7.7	18.6	4.5
43	M	5	641	7.9	21.0	3.5
44	M	6	602	7.2	16.8	4.6
45	M	7	597	7.6	18.0	3.9
46	M	8	656	8.7	24.5	4.1
47	M	9	615	7.7	19.1	4.2
48	M	10	653	8.3	23.0	4.4
49	M	12	566	7.1	15.5	4.5
50	M	13	670	8.2	23.5	4.6
51	S	1	609	8.0	21.5	2.2
52	S	2	636	8.8	25.7	3.3
53	S	3	630	8.3	23.3	2.6
54	S	4	574	7.8	19.6	2.8
55	S	6	542	7.6	17.5	3.0
56	S	7	557	7.8	18.0	3.3
57	S	8	615	9.3	27.0	3.3
58	S	9	605	8.2	21.9	2.9
59	S	10	605	8.1	20.9	3.5
60	S	11	557	7.2	16.1	2.5

DÜZLERÇAMI DENEME ALANI 13. YAŞ AİLE ORTALAMALARI

OBS	Pop	fam	HT cm	dbh cm	VOL dm ³	GF	CRL cm	RCL	CSI	CRD	CPA
1	B	1	601	7.5	19.6	4.0	486	0.82	0.49	236	473
2	B	2	578	6.5	17.1	4.4	425	0.79	0.49	203	372
3	B	5	649	8.1	25.8	4.1	521	0.79	0.49	221	396
4	B	6	646	8.0	22.6	3.4	473	0.79	0.49	228	429
5	B	8	577	6.2	14.9	3.3	403	0.75	0.51	199	349
6	B	9	568	6.5	16.9	3.1	471	0.82	0.48	212	380
7	B	11	539	5.8	11.6	3.8	415	0.78	0.47	186	294
8	B	12	532	5.2	10.1	3.3	390	0.80	0.55	205	352
9	B	13	551	6.3	16.0	4.1	442	0.79	0.46	203	346
10	B	14	509	5.2	9.9	3.6	415	0.77	0.55	213	384
11	D	2	582	7.7	20.3	2.4	443	0.78	0.58	252	534
12	D	3	545	7.5	20.5	2.4	460	0.74	0.59	259	562
13	D	4	493	5.2	10.7	2.8	409	0.82	0.54	223	430
14	D	6	593	7.5	20.9	3.0	478	0.79	0.64	293	683
15	D	7	530	5.6	11.4	2.4	431	0.80	0.58	242	495
16	D	9	526	6.0	11.8	2.5	364	0.77	0.59	209	363
17	D	12	485	6.0	13.0	2.5	401	0.79	0.56	202	358
18	D	13	552	6.6	16.1	3.0	412	0.78	0.51	207	434
19	D	15	525	6.0	14.0	2.1	470	0.79	0.54	233	462
20	D	16	515	6.0	13.6	2.0	345	0.78	0.55	191	319
21	H	2	463	4.8	8.8	3.4	434	0.84	0.52	209	363
22	H	3	489	4.9	9.6	1.8	310	0.80	0.61	178	259
23	H	4	526	5.8	12.5	3.1	415	0.79	0.54	218	449
24	H	5	584	6.2	14.1	3.3	460	0.82	0.53	224	408
25	H	9	577	5.9	12.8	4.2	428	0.78	0.45	187	297
26	H	11	479	4.5	7.3	3.7	369	0.81	0.54	192	308
27	H	12	490	5.3	8.8	3.4	383	0.78	0.52	197	312
28	H	13	533	5.9	11.7	3.0	432	0.79	0.51	217	383
29	H	14	599	6.5	15.8	3.4	429	0.77	0.50	206	363
30	H	15	592	7.1	18.5	4.7	462	0.83	0.50	228	422
31	K	1	635	7.7	20.5	4.2	506	0.79	0.40	199	329
32	K	3	566	6.4	15.1	4.7	473	0.81	0.44	203	350
33	K	5	640	7.4	20.6	4.2	481	0.81	0.40	186	294
34	K	6	587	6.6	16.9	4.0	509	0.82	0.44	209	352
35	K	7	635	7.3	18.6	4.3	513	0.80	0.41	208	353
36	K	8	589	6.4	15.2	4.3	505	0.79	0.46	229	430
37	K	9	553	6.3	17.0	4.3	509	0.85	0.42	202	377
38	K	10	596	6.8	17.3	4.6	479	0.81	0.45	211	357
39	K	11	604	7.0	17.9	4.0	419	0.81	0.48	202	358
40	K	12	606	7.1	17.2	4.2	516	0.82	0.45	221	403
41	M	2	681	8.6	27.5	4.0	568	0.83	0.47	259	552
42	M	3	722	9.4	31.9	4.5	622	0.83	0.44	275	626
43	M	5	587	6.8	17.7	3.4	465	0.85	0.53	242	500
44	M	6	661	7.7	21.8	4.6	503	0.79	0.45	224	407
45	M	7	618	7.7	20.6	3.8	483	0.80	0.49	235	472
46	M	8	625	7.9	23.9	3.8	537	0.78	0.55	288	688
47	M	9	599	6.9	18.8	3.0	417	0.81	0.52	225	416
48	M	10	677	8.3	25.7	4.2	525	0.80	0.47	242	482
49	M	12	625	8.0	22.9	3.4	438	0.78	0.49	215	387
50	M	13	622	7.6	20.8	4.8	452	0.78	0.52	222	403
51	S	1	491	5.3	9.9	1.4	306	0.75	0.66	195	307
52	S	2	566	6.6	16.0	2.9	495	0.78	0.55	271	601
53	S	3	539	6.5	13.9	2.6	446	0.79	0.55	243	481
54	S	4	624	7.7	20.1	3.2	505	0.75	0.58	289	676
55	S	6	517	6.3	13.3	1.6	361	0.78	0.55	198	321
56	S	7	540	6.0	13.7	2.7	378	0.79	0.59	210	387
57	S	8	590	7.3	19.3	3.0	465	0.75	0.48	220	414
58	S	9	570	6.4	16.2	3.4	455	0.79	0.53	235	470
59	S	10	508	5.6	11.7	3.2	372	0.75	0.57	209	375
60	S	11	524	5.9	13.8	2.9	442	0.76	0.57	225	439

DUZLERÇAMI DENEME ALANI 13 YAŞ AİLE ORTALAMALARI

OBS	POP	FAM	LBR	BRA6	BRA7	BRA	NGC	PRU cm	NBR	NTB	NB6
1	B	1	215	55.8	55.3	51.6	3.1	112	11.4	8.4	11.6
2	B	2	161	59.7	58.1	53.7	3.1	104	10.6	5.4	10.3
3	B	5	191	57.9	55.7	51.1	3.2	148	12.9	4.6	10.1
4	B	6	191	61.9	60.0	57.2	3.0	130	10.5	2.3	9.6
5	B	8	159	57.5	53.3	54.4	2.5	129	8.9	1.9	8.9
6	B	9	187	61.0	56.9	52.8	3.1	112	11.9	5.3	10.0
7	B	11	188	55.3	53.9	50.9	3.0	111	9.7	3.0	8.7
8	B	12	177	54.4	50.8	51.3	2.4	103	8.4	1.3	7.3
9	B	13	178	55.3	50.5	53.9	3.0	128	10.6	3.0	10.2
10	B	14	171	62.3	61.0	57.3	2.8	121	9.7	3.3	8.3
11	D	2	248	56.3	52.2	45.9	3.1	114	10.8	8.0	10.9
12	D	3	232	46.4	42.8	42.9	3.5	162	12.0	6.0	12.6
13	D	4	196	52.5	50.3	47.3	2.8	91	9.1	4.1	8.7
14	D	6	258	56.3	47.1	46.7	3.1	131	9.8	7.8	9.0
15	D	7	200	53.9	47.8	49.1	2.7	117	9.9	3.0	8.4
16	D	9	181	53.3	48.5	48.0	2.5	111	9.3	2.4	8.1
17	D	12	197	47.2	47.8	42.4	2.8	113	10.1	4.0	9.8
18	D	13	190	49.2	46.7	45.5	2.6	99	10.3	2.6	9.7
19	D	15	220	53.9	50.9	47.9	3.0	154	10.5	6.4	8.9
20	D	16	191	54.1	50.6	47.5	2.7	98	8.4	3.6	6.6
21	H	2	167	60.7	56.4	51.4	2.5	90	9.7	3.7	8.9
22	H	3	137	60.0	60.8	57.6	2.5	77	8.2	0.7	7.2
23	H	4	167	67.9	65.8	63.8	2.9	106	10.2	7.8	8.3
24	H	5	181	60.8	57.5	55.2	2.8	106	9.6	2.3	9.4
25	H	9	172	56.6	56.7	53.9	2.7	114	9.2	1.8	8.4
26	H	11	165	57.9	56.3	55.8	2.4	92	8.4	1.5	7.2
27	H	12	160	59.3	53.8	51.9	2.6	107	10.0	0.2	7.9
28	H	13	206	51.9	45.5	46.9	2.5	119	8.9	2.6	8.6
29	H	14	179	63.6	59.2	57.0	2.8	124	9.8	3.8	9.6
30	H	15	191	58.3	55.5	52.6	3.3	97	12.5	3.2	10.3
31	K	1	166	57.1	55.3	53.1	3.5	132	13.7	7.4	13.3
32	K	3	176	58.8	54.4	53.8	3.2	107	12.1	4.4	11.1
33	K	5	160	57.8	53.6	51.1	3.4	137	13.6	2.7	13.0
34	K	6	188	62.2	55.0	49.5	3.0	131	12.3	5.0	11.7
35	K	7	187	59.7	52.2	51.8	3.1	126	12.0	5.9	11.8
36	K	8	185	59.2	56.3	53.6	3.2	142	12.9	7.9	12.0
37	K	9	177	57.0	50.0	46.1	3.0	104	11.4	4.8	9.5
38	K	10	181	54.8	51.8	50.2	3.2	117	11.5	3.5	10.8
39	K	11	168	55.9	53.8	52.6	2.9	94	9.7	4.8	8.4
40	K	12	198	60.6	56.1	53.8	3.0	122	12.1	5.6	10.8
41	M	2	208	66.3	60.5	57.5	3.4	110	13.1	8.4	11.7
42	M	3	221	60.3	55.3	52.9	3.2	159	13.9	10.4	12.1
43	M	5	184	60.9	61.7	57.4	3.1	96	11.7	3.8	9.0
44	M	6	180	61.9	57.5	54.2	3.4	144	14.6	1.9	14.2
45	M	7	211	56.4	53.6	51.3	3.3	117	12.3	8.0	11.1
46	M	8	231	61.1	53.8	50.9	3.3	167	13.2	10.4	12.2
47	M	9	185	57.5	54.3	52.3	2.7	87	10.1	2.0	8.9
48	M	10	203	54.2	51.7	48.8	3.3	125	12.1	5.8	11.3
49	M	12	177	55.0	53.3	50.0	2.8	122	9.8	2.3	9.7
50	M	13	192	57.2	55.8	52.8	3.4	127	12.9	6.0	12.3
51	S	1	146	66.7	65.0	63.2	2.6	124	9.6	2.3	8.4
52	S	2	228	57.0	51.8	51.6	3.3	144	12.3	6.6	12.2
53	S	3	197	56.7	54.3	52.4	2.8	121	11.0	5.1	9.3
54	S	4	227	55.8	50.5	49.9	3.2	167	12.2	11.4	12.9
55	S	6	167	65.0	64.4	60.8	2.5	105	9.4	2.6	7.8
56	S	7	160	58.1	53.6	51.9	2.9	108	9.0	1.8	9.9
57	S	8	209	49.4	45.3	44.9	3.0	154	10.4	8.4	10.0
58	S	9	167	56.3	57.0	54.4	3.3	120	11.7	2.5	11.1
59	S	10	179	59.1	55.8	52.1	2.7	119	9.6	3.3	9.1
60	S	11	192	60.0	53.8	53.9	3.0	131	11.6	3.0	10.5

DUZLERÇAMI DENEME ALANI 17. YAŞ AİLE ORTALAMALARI

OBS	fam	HT	dbh	VOL	GF	CRL	CPA	CDR	CSI
		cm	cm	dm3		cm			
1	B 1	785	10.3	56.4	4.7	646	1401	416	0.67
2	B 2	852	10.3	67.8	4.8	535	1133	368	0.70
3	B 5	916	11.7	87.0	5.1	699	1978	492	0.71
4	B 6	929	12.0	86.1	4.4	723	2113	500	0.72
5	B 8	799	9.4	51.0	5.1	614	1361	407	0.68
6	B 9	867	10.8	71.0	4.2	672	2123	509	0.76
7	B 11	760	8.2	38.8	4.9	637	1987	492	0.77
8	B 12	762	8.1	39.0	4.8	552	1230	390	0.71
9	B 13	795	9.6	57.9	4.8	645	1366	406	0.63
10	B 14	681	6.9	25.7	3.5	547	877	330	0.64
11	D 2	815	11.0	69.0	2.7	534	1499	423	0.81
12	D 3	654	10.4	55.1	1.9	509	2314	513	1.01
13	D 4	685	7.5	37.2	3.9	487	1173	380	0.77
14	D 6	639	11.1	73.3	3.2	632	2287	526	0.83
15	D 7	739	8.5	41.2	3.6	538	2172	504	0.98
16	D 9	765	9.5	49.2	2.5	535	1431	424	0.82
17	D 12	678	8.7	42.6	2.6	474	1272	388	0.86
18	D 13	812	10.7	62.7	2.7	592	1881	473	0.79
19	D 15	790	9.7	58.7	2.7	620	2000	484	0.79
20	D 16	772	10.1	59.7	2.9	537	1504	426	0.81
21	H 2	626	7.3	28.9	3.7	614	1597	449	0.75
22	H 3	745	8.9	47.6	3.7	556	1122	370	0.68
23	H 4	746	8.7	40.9	5.0	543	1003	352	0.67
24	H 5	773	9.1	47.5	4.1	640	1462	425	0.67
25	H 9	818	9.6	50.9	4.4	632	1436	424	0.68
26	H 11	705	7.5	31.4	4.4	611	1066	358	0.59
27	H 12	706	8.3	38.3	4.0	573	1195	383	0.70
28	H 13	752	9.2	46.7	4.0	575	1422	412	0.75
29	H 14	781	9.5	53.7	4.3	633	1816	462	0.73
30	H 15	842	10.8	69.9	4.6	560	1130	368	0.69
31	K 1	865	10.9	67.3	5.7	694	1321	404	0.62
32	K 3	758	8.6	43.2	5.2	639	1205	388	0.63
33	K 5	899	10.6	69.4	5.2	717	1739	461	0.65
34	K 6	790	9.1	54.0	5.2	571	875	328	0.59
35	K 7	898	10.5	63.8	5.3	705	1722	457	0.65
36	K 8	814	8.7	46.4	5.4	644	1507	433	0.67
37	K 9	789	9.7	62.4	5.5	574	1151	370	0.65
38	K 10	830	10.0	63.2	5.2	623	966	343	0.55
39	K 11	853	11.5	71.8	5.4	751	1822	470	0.62
40	K 12	843	10.6	62.9	5.2	679	1366	411	0.60
41	M 2	933	12.2	89.3	5.1	764	1850	481	0.61
42	M 3	941	12.7	94.1	5.2	707	2102	500	0.72
43	M 5	838	10.7	66.6	4.3	649	1771	464	0.71
44	M 6	924	11.4	77.7	4.6	746	1731	461	0.63
45	M 7	857	11.1	70.5	4.7	741	2231	522	0.70
46	M 8	779	10.8	61.9	5.0	605	1275	394	0.66
47	M 9	906	11.6	83.5	4.7	767	1795	468	0.62
48	M 10	921	10.8	74.2	5.0	679	1296	391	0.57
49	M 12	886	12.2	81.6	4.0	695	1635	454	0.69
50	M 13	909	11.6	79.3	5.2	734	1480	420	0.59
51	S 1	753	9.5	49.1	2.5	562	1301	395	0.70
52	S 2	683	9.6	40.4	3.3	566	1550	436	0.77
53	S 3	754	9.6	49.3	2.4	586	1439	418	0.71
54	S 4	837	11.5	73.2	3.8	633	1539	432	0.70
55	S 6	796	10.1	56.2	2.9	563	1442	414	0.75
56	S 7	784	9.9	57.0	3.6	598	1919	476	0.81
57	S 8	800	9.7	56.9	3.3	582	1106	370	0.64
58	S 9	818	10.1	63.3	3.7	624	1493	414	0.67
59	S 10	737	8.6	44.1	3.7	515	1137	369	0.75
60	S 11	783	9.3	51.6	3.5	621	1531	418	0.67

ALPERÇAMI DENEME ALANI 17. YAŞ AİLE ORTALAMALARI

S	fam	RBT	BRTH	PRU cm	BRA	LBR cm	NBR	NGC
B	1	0.23	2.6	203	53.5	222	9.6	3.0
B	2	0.25	2.4	229	57.5	186	9.5	3.0
B	5	0.23	3.0	213	51	254	10.3	3.3
B	6	0.22	3.0	201	60.3	257	9.6	3.3
B	8	0.25	2.6	173	57.2	212	8	2.7
B	9	0.25	3.1	189	53.6	266	9.4	3.2
B	11	0.24	2.7	172	49.4	257	7.6	2.7
B	12	0.26	2.3	205	56	204	6.3	2.5
B	13	0.23	2.3	186	58.6	210	9.4	2.8
B	14	0.27	2.3	203	62.2	175	7.2	2.6
D	2	0.27	2.8	206	60.3	217	8.9	2.8
D	3	0.26	2.6	159	45.3	260	7.3	2.6
D	4	0.27	2.2	183	51.7	199	7	2.6
D	6	0.22	2.6	220	55.6	278	7.6	2.7
D	7	0.25	2.2	193	52.9	257	6.8	2.4
D	9	0.21	2.3	231	50.6	215	7.7	2.7
D	12	0.27	2.2	160	51.3	205	8.1	2.5
D	13	0.28	3.0	195	52.1	255	8.1	2.8
D	15	0.24	2.5	159	48.8	248	6.4	2.3
D	16	0.27	2.6	175	55.9	225	6.8	2.7
H	2	0.25	2.4	139	56.9	240	7.8	2.8
H	3	0.23	2.3	200	63.2	191	7.8	2.8
H	4	0.23	2.3	165	61.9	187	7.3	2.6
H	5	0.23	2.7	153	57.5	214	7.4	2.6
H	9	0.25	2.8	177	55.8	219	7.6	2.5
H	11	0.26	2.2	169	56.3	183	6.3	2.4
H	12	0.26	2.6	178	56.5	201	8	2.5
H	13	0.21	2.2	145	53.6	214	6.6	2.1
H	14	0.25	2.8	169	55.3	240	6.9	2.3
H	15	0.27	2.6	186	55.6	189	8.6	3.3
K	1	0.20	2.6	220	54.1	212	10.9	3.3
K	3	0.22	2.6	172	55	200	8.8	2.8
K	5	0.20	2.7	214	49.4	238	9.6	3.3
K	6	0.23	2.3	211	53.3	173	9.4	3.1
K	7	0.21	2.6	203	52.8	237	9.1	3.0
K	8	0.24	2.6	175	51.1	223	9.7	3.0
K	9	0.25	2.4	165	48.2	189	8.5	2.8
K	10	0.23	2.3	138	51.3	176	9.4	3.0
K	11	0.22	3.1	175	53.9	243	9.3	3.4
K	12	0.24	2.8	169	55.5	215	9.5	3.1
M	2	0.19	2.8	222	58.8	247	10.2	3.2
M	3	0.23	3.3	191	57.8	258	8.3	2.7
M	5	0.23	2.9	218	60.3	242	10.3	3.1
M	6	0.22	2.8	193	51.4	239	11.8	3.6
M	7	0.20	2.9	186	51.6	270	10.2	3.1
M	8	0.22	2.4	158	53.5	207	9.7	2.8
M	9	0.22	3.0	189	54.3	243	9.9	3.1
M	10	0.23	2.4	193	49	204	9.1	3.0
M	12	0.22	2.7	184	55	237	10.5	3.5
M	13	0.20	2.6	188	61.3	224	10.0	3.3
S	1	0.21	2.1	184	53.2	207	7.6	3.0
S	2	0.27	2.7	186	61.1	224	8.1	2.7
S	3	0.21	2.4	197	56.3	216	9.9	2.9
S	4	0.25	3.0	189	60.3	225	8.9	2.9
S	6	0.26	2.6	195	51.9	213	7.7	2.6
S	7	0.26	3.0	207	55.8	245	7.6	2.9
S	8	0.24	2.6	213	51.9	192	8.8	2.9
S	9	0.24	2.6	182	56.3	213	8.4	2.8
S	10	0.26	2.3	174	51.1	189	7.3	2.3
S	11	0.25	2.6	180	55.6	218	9.1	3.0

YENİCEDERE DENEME ALANI 18. YAŞ AİLE ORTALAMALARI

OBS	fam	HT cm	dbh cm	VOL dm ³	STF
1	B 1	293	7.2	9.3	3.6
2	B 2	323	8.2	12.1	3.9
3	B 5	297	7.1	10.0	3.6
4	B 6	302	7.4	10.4	3.0
5	B 8	280	6.8	9.0	4.0
6	B 9	310	7.7	10.9	3.2
7	B 11	290	7.2	9.4	3.6
8	B 12	284	6.9	9.1	3.6
9	B 13	270	6.3	7.7	3.6
10	B 14	271	7.1	8.7	3.1
11	D 2	294	7.2	10.1	2.5
12	D 3	227	5.3	4.4	2.0
13	D 4	239	6.0	5.7	2.3
14	D 6	268	7.4	9.5	2.1
15	D 7	254	6.0	6.5	2.4
16	D 9	255	6.9	8.0	2.1
17	D 12	270	6.9	8.8	3.1
18	D 13	252	7.2	8.8	2.5
19	D 15	259	6.7	8.0	2.2
20	D 16	236	6.5	6.4	2.0
21	H 2	309	7.8	11.7	3.7
22	H 3	283	7.0	9.5	3.0
23	H 4	303	7.6	10.6	3.9
24	H 5	298	7.2	10.4	4.0
25	H 9	274	5.9	6.5	3.8
26	H 11	274	6.7	8.2	3.4
27	H 12	281	7.1	9.6	3.0
28	H 13	275	7.9	10.1	3.0
29	H 14	303	7.4	9.7	3.5
30	H 15	285	7.3	9.8	3.5
31	K 1	291	7.0	9.3	4.6
32	K 3	295	6.8	9.3	4.7
33	K 5	310	7.6	10.9	3.9
34	K 6	307	6.7	8.7	4.9
35	K 7	335	7.4	10.8	4.6
36	K 8	271	7.0	8.9	3.8
37	K 9	269	6.8	8.1	4.3
38	K 10	324	7.4	10.7	4.6
39	K 11	288	7.4	10.5	3.8
40	K 12	301	8.2	11.8	4.1
41	M 2	335	9.0	15.3	3.5
42	M 3	357	8.0	13.5	4.4
43	M 5	288	6.5	8.6	3.3
44	M 6	317	7.4	10.6	4.3
45	M 7	282	7.7	11.2	3.1
46	M 8	307	7.1	9.8	3.8
47	M 9	296	7.5	10.5	3.6
48	M 10	328	8.9	14.9	4.2
49	M 12	301	7.6	10.4	3.8
50	M 13	325	8.5	13.5	4.3
51	S 1	254	6.3	7.2	2.3
52	S 2	311	8.4	12.6	2.9
53	S 3	279	7.0	9.2	2.7
54	S 4	301	8.3	12.3	2.8
55	S 6	314	8.8	14.2	2.8
56	S 7	275	8.1	11.7	2.8
57	S 8	275	8.0	10.7	2.6
58	S 9	283	6.5	8.0	2.6
59	S 10	247	6.0	6.7	2.8
60	S 11	271	7.3	8.8	2.7

DENEME ALANLARININ ORTAK ANALİZİNDE AİLE ORTALAMALARI

OBS	POP	FAM	HT	dbh	VOL	STF
			cm	cm	dm ³	
1	B	1	537	7.9	19.5	4.1
2	B	2	589	8.3	23.3	4.1
3	B	5	572	8.3	24.8	4.2
4	B	6	577	8.3	24.1	3.7
5	B	8	512	7.3	16.5	4.3
6	B	9	511	7.8	19.1	3.5
7	B	11	492	6.8	13.6	4.0
8	B	12	498	6.7	14.0	3.8
9	B	13	507	7.1	16.8	4.0
10	B	14	495	6.8	13.1	3.5
11	D	2	549	8.4	23.1	2.5
12	D	3	496	7.7	19.9	2.3
13	D	4	505	7.1	16.4	3.0
14	D	6	488	7.5	18.8	2.5
15	D	7	553	6.9	17.1	2.6
16	D	9	530	7.9	19.2	2.3
17	D	12	477	7.0	15.4	2.9
18	D	13	499	8.1	19.5	2.6
19	D	15	489	7.3	16.5	2.2
20	D	16	480	6.9	16.1	2.4
21	H	2	459	6.8	12.7	3.7
22	H	3	464	6.6	13.6	3.5
23	H	4	486	7.1	14.2	4.1
24	H	5	508	7.1	16.0	3.9
25	H	9	503	6.5	14.2	4.0
26	H	11	466	6.3	11.5	3.9
27	H	12	488	6.7	13.7	3.5
28	H	13	489	7.0	14.8	3.5
29	H	14	503	7.3	16.3	3.9
30	H	15	535	7.7	19.8	4.0
31	K	1	518	7.4	18.0	5.0
32	K	3	495	6.9	15.2	5.0
33	K	5	539	7.4	18.6	4.5
34	K	6	532	7.0	16.3	5.0
35	K	7	548	7.6	18.5	4.9
36	K	8	537	7.2	16.7	4.6
37	K	9	438	7.1	16.1	4.7
38	K	10	577	7.9	21.1	4.9
39	K	11	546	8.1	21.2	4.4
40	K	12	562	8.3	21.1	4.7
41	M	2	589	9.2	27.3	3.9
42	M	3	582	8.8	26.4	4.5
43	M	5	547	8.1	21.7	3.7
44	M	6	563	8.1	21.7	4.5
45	M	7	543	8.4	22.1	3.8
46	M	8	562	8.7	23.4	4.2
47	M	9	564	8.4	23.8	4.0
48	M	10	609	9.0	26.8	4.5
49	M	12	549	8.3	22.5	4.1
50	M	13	614	9.0	27.1	4.6
51	S	1	522	7.7	18.7	2.3
52	S	2	521	8.3	19.6	3.1
53	S	3	537	8.1	20.4	2.6
54	S	4	524	8.5	22.0	3.0
55	S	6	512	8.2	19.8	2.9
56	S	7	512	8.3	20.4	3.2
57	S	8	533	9.0	23.3	3.1
58	S	9	520	7.7	20.2	2.8
59	S	10	535	7.5	18.5	3.2
60	S	11	490	7.4	15.5	2.7

ÖZGEÇMİŞ

Fikret IŞIK, 1961 yılında Muş'a bağlı Varto ilçesinin İçmeler köyünde doğdu. Bir felaket (1966 Varto depremi), onun eğitim ve öğretimi yönünde bir nimetin başlangıcı oldu. İlk (Hatay-Reyhanlı), orta (Şereflikoçhisar) ve lise (Akşehir Öğretmen Lisesi) öğrenimini devlet yatılı okullarında tamamladı.

İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi'nden Orman Mühendisi olarak mezun oldu (1982). Aynı üniversitede Silvikültür (Orman Yetiştirme) Yüksek Lisans Programını tamamladı (1985) Kısa dönem askerlik görevini Balıkesir'de yaptıktan sonra, 1987 yılında Orman Bakanlığı, Elmalı Orman İşletmesine Ağaçlandırma Şefi olarak atandı. Daha sonra (1989) kendi isteği ile Antalya, Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsünde görevlendirildi.

The British Council bursunu kazandı ve İngiltere'de Oxford Forestry Institute tarafından düzenlenen üç aylık "Ormancılıkta Araştırma Yöntemleri" kursuna devam etti (Haziran-Eylül 1992)

Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde Doktora Programına kaydoldu (1993 Eylül). Dünya Bankası tarafından finanse edilen Tarımsal Araştırma Projesi kapsamında Yeni Zelanda ve Avustralya'da "ağaç ıslahı" konusundaki eğitim ve teknik gezi programına katıldı (Eylül-Aralık 1995).

Dünya Bankası tarafından desteklenen GEF projesi (Genetik Çeşitliliğin Yerinde Korunması) çerçevesinde Amerika Birleşik Devletlerinde (Kalifornia, Oregon ve Washington eyaletleri) ağaç ıslahı çalışmaları ve genetik çeşitliliğin korunması konularında incelemelerde bulundu (Haziran 1996)

The British Council bursu ile İngiltere'ye ikinci kez giderek Edinburgh'da (Forestry Commission Northern Research Station) bir ay süren araştırmalar yaptı (Temmuz 1997)

Evli ve bir çocuk sahibi olan Fikret IŞIK, 1994 yılından beri Antalya, Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü'nde Ağaç Islahı Bölüm Başmühendisi olarak çalışmaktadır.