

T.C.
GEBZE TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

AKKAVAK (*Populus alba* L.) POPÜLASYONLARINDA
GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MOLEKÜLER BELİRTEÇLER İLE
TESPİTİ

BURCU UZAN EKEN

DOKTORA TEZİ
MOLEKÜLER BİYOLOJİ VE GENETİK ANABİLİM DALI

DANIŞMAN: PROF. DR. YELDA ÖZDEN ÇİFTÇİ

HAZİRAN 2024

T.C.
GEBZE TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

AKKAVAK (*Populus alba* L.) POPÜLASYONLARINDA
GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MOLEKÜLER
BELİRTEÇLER İLE TESPİTİ

BURCU UZAN EKEN

DOKTORA TEZİ
MOLEKÜLER BİYOLOJİ VE GENETİK
ANABİLİM DALI

DANIŞMAN: PROF. DR. YELDA ÖZDEN ÇİFTÇİ

HAZİRAN 2024

T.R.
GEBZE TECHNICAL UNIVERSITY
GRADUATE SCHOOL

**DETECTION OF GENETIC DIVERSITY IN WHITE
POPLAR (*Populus alba* L.) POPULATIONS BY
MOLECULAR MARKERS**

BURCU UZAN EKEN

**A THESIS OF DOCTORATE
DEPARTMENT OF MOLECULAR BIOLOGY AND
GENETICS**

ADVISOR: PROF. DR. YELDA ÖZDEN ÇİFTÇİ

JUNE 2024

DOKTORA JÜRİ ONAY FORMU

GTÜ Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Yönetim Kurulunun 03/06/2024 tarih ve 2024/30 sayılı kararıyla oluşturulan jüri tarafından 13/06/2024 tarihinde tez savunma sınavı yapılan Burcu UZAN EKEN'in tez çalışması Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalında DOKTORA tezi olarak kabul edilmiştir.

JÜRİ

ÜYE

(TEZ DANIŞMANI) : Prof. Dr. Yelda ÖZDEN ÇİFTÇİ

ÜYE

: Doç. Dr. Fatma AYDINOĞLU

ÜYE

: Doç. Dr. Mine GÜL ŞEKER

ÜYE

: Dr. Öğr. Üyesi Bahar SOĞUTMAZ ÖZDEMİR

ÜYE

: Prof. Dr. Ergun KAYA

ONAY

Gebze Teknik Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Yönetim Kurulunun

...../...../..... tarih ve/..... sayılı kararı.

İMZA/MÜHÜR



*Sevgili oğlum Tuna Alp
Eken'e*

ÖZET

Akkavak (*Populus alba* L.), abiyotik ve biyotik streslere toleransı yüksek olan ve hızlı büyüyen yapraklı bir ağaç türüdür. Bu tür, değişen iklimsel ve çevresel değişikliklere karşı dayanıklı olduğundan ağaçlandırma çalışmaları için iyi bir adaydır. Akkavak, genel olarak eşeyli olarak ürese de kök sürgünleriyle vejetatif olarak da üremektedir. Hatta bazı alanlarda klonal bireylerinin yoğun olarak bulunduğu bilinmektedir. Ayrıca, bu tür artan nüfusla birlikte uzun süreli insan müdahalesine maruz kalmaktadır. Dolayısıyla, türün genetik kaynakları doğal biyolojik olaylar ve antropojenik etkiler nedeniyle zarar görmektedir. Bu nedenle, tez çalışmasında Türkiye'deki akkavak popülasyonlarının genetik çeşitlilik yapısının değerlendirilmesi amaçlanmıştır. Bu kapsamda, 15 farklı popülasyonda yayılım gösteren 285 akkavak ağacından yaprak örnekleri alınıp, örneklerden genomik DNA izolasyonu yapılmış ve DNA örnekleri 10 SSR moleküler belirteci kullanılarak taranmıştır. Analizler sonucunda, akkavak popülasyonlarının genetik çeşitlilik seviyesinin nispeten yüksek düzeyde olduğu belirlenmiştir (H_o : 0.50, H_e :0.58). AMOVA analiziyle genetik varyasyonun %84.20'sinin popülasyon içinde olduğu tespit edilmiştir. Genel olarak popülasyonlar arası mesafe azaldıkça gen akışının (N_m) arttığı dolayısıyla genetik farklılığın azaldığı gözlemlenmiştir. PCA, structure ve filogenetik analiz verileri de bu sonuçları desteklemektedir. Fakat, en yüksek rakımda ve coğrafik olarak en uzakta bulunan üç popülasyonun (Erzurum-Oltu, Kayseri-Akköy ve Konya-Meram) diğerlerinden önemli oranda farklılaştığı tespit edilmiştir. Bu üç popülasyona ek olarak şehir merkezine yakın olan popülasyonlarda klonal üremenin yoğun olduğu gözlemlenmiştir. Nehir kenarı ve subasar ormanı ekosistemlerinden örneklenen akkavak popülasyonlarının ise daha yüksek genetik çeşitliliğe ve daha fazla özgün allele sahip olduğu belirlenmiştir. Bu genetik çeşitliliğin yok olmaması için Eskişehir-Porsuk Çayı, Edirne-Tunca Nehri ve Samsun-Bafra popülasyonlarının *in-situ* olarak korunması önerilmektedir. Çalışmamız, Türkiye'deki akkavak popülasyonlarının genetik çeşitliliği hakkında bilgi edinilmesini sağlamakta, böylece türün ıslahını ve korunmasını amaçlayan programların daha verimli ve rasyonel planlamasına katkı sunmaktadır.

Anahtar Kelimeler: Akkavak, *Populus alba* L., Genetik çeşitlilik, SSR belirteçleri.

ABSTRACT

White poplar (*Populus alba* L.) is a fast-growing deciduous tree species with high tolerance to abiotic and biotic stresses. This species is also a good candidate for afforestation studies, as it is resistant to changing climatic and environmental changes. Although white poplar generally reproduces sexually, it also reproduces vegetatively with root shoots. In fact, it is known that its clonal individuals are densely found in some areas. In addition, this species has been exposed to long-term human disturbance with the increasing population. Therefore, the genetic resources of the species are damaged due to natural biological events and anthropogenic effects. Hence, the thesis study aimed to evaluate the genetic diversity structure of white poplar populations in Turkey. In this context, leaves of 285 white poplar trees distributed in 15 different populations were collected, genomic DNA was isolated and isolated DNA was assessed using 10 SSR molecular markers. As a result of the analyses, it was determined that the genetic diversity level of white poplar populations was relatively high (H_o : 0.50, H_e : 0.58). By AMOVA analysis, it was found that 84.20% of the genetic variation was within the population. In general, it was observed that as the distance between populations decreased, gene flow (N_m) increased and thus genetic differentiation decreased. PCA, structural and phylogenetic analysis data also supported these results. However, it was determined that the three populations located at the highest altitude and geographically farthest (Erzurum-Oltu, Kayseri-Akkoy and Konya-Meram) were significantly different from the others. In addition to these three populations, it was observed that clonal reproduction is intense in populations close to the city center. It was found that white poplar populations sampled from riparian and floodplain forest ecosystems have higher genetic diversity and more unique alleles. In order not to lose this genetic diversity, it is recommended that the Eskisehir-Porsuk Stream, Edirne-Tunca River and Samsun-Bafra populations be protected in-situ. Our study provides information about the genetic diversity of white poplar populations in Turkey, thus contributing to more efficient and rational planning of programs aimed at breeding and conservation of the species.

Keywords: White poplar, *Populus alba* L., Genetic diversity, SSR markers.

TEŞEKKÜR

Doktora öğrenimim boyunca deneyimi ve bilgisi ile beni yönlendiren, sevgili hocam Prof. Dr. Yelda ÖZDEN ÇİFTÇİ'ye içten teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmam boyunca gösterdiği rehberlik, destek ve tavsiyelerden dolayı kendisinden çok şey öğrendiğim Sayın Ercan VELİOĞLU'na şükranlarımı sunarım.

Tez izleme ve değerlendirme süreçlerindeki destekleri ile jüri üyesi hocalarım Doç. Dr. Fatma AYDINOĞLU, Doç. Dr. Mine GÜL ŞEKER, Dr. Öğr. Üyesi Bahar SOĞUTMAZ ÖZDEMİR ve Prof. Dr. Ergun KAYA'ya çok teşekkür ederim.

Tez kapsamında yaptığım moleküler ve istatistiksel analizler konusunda çalışmama büyük katkısı olan Dr. Öğr. Üyesi Emrah KIRDÖK'e teşekkür ederim.

Bu tez çalışması İZT-411 (1611) nolu projeye Orman Genel Müdürlüğü'ne bağlı Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından finanse edilmiştir. Destekleri için Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne teşekkürlerimi sunarım.

Saha çalışmalarında yardımlarını esirgemeyen Sayın Gürkan GÖRE'ye ve ilgili Orman İşletme Müdürlükleri'ne teşekkür ederim.

Akademik hayatım boyunca kendisinden çok şey öğrendiğim, her zaman gurur ve sevgiyle hatırladığım dostum, merhum Dr. Muhammed Hamit EKİNCİ'ye teşekkür ederim. Ayrıca laboratuvar arkadaşlarıma dostlukları ve yardımları için minnettarım.

Hayatım boyunca sonsuz destek, teşvik ve sevgilerinden dolayı aileme ve eşime en derin şükranlarımı ve sevgilerimi sunarım.

Son olarak hayatıma kattığı neşe ve mutluluk için sevgili oğlum Tuna Alp EKEN'e çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖZET	vi
ABSTRACT	vii
TEŞEKKÜR	viii
İÇİNDEKİLER	ix
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	xi
ŞEKİLLER DİZİNİ	xiii
TABLolar DİZİNİ	xiv

1. GİRİŞ	1
1.1. Tezin Amacı, Katkısı ve İçeriği	2
2. LİTERATÜR TARAMASI	3
2.1. <i>Populus L.</i>	3
2.2. <i>Populus alba L.</i>	4
2.2.1. Ekolojik ve Biyolojik Özellikleri	4
2.2.2. Yayılışı	6
2.2.3. Kökeni	7
2.2.4. Önemi ve Kullanım Alanları	8
2.2.5. Türe Yönelik Tehditler	10
2.2.6. Popülasyon Genetiği ve Mikrosatelitler	11
2.2.7. Akkavak Üzerine Yapılan Popülasyon Genetiği Çalışmaları	12
3. MATERYAL VE YÖNTEMLER	19
3.1. Materyal	19
3.1.1. Bitki Materyali	19
3.1.2. Tez Çalışması Kapsamında Kullanılan Gereçler	20
3.2. Yöntem	22
3.2.1. DNA İzolasyonu	22
3.2.2. SSR Belirteçlerinin PZR ile Çoğaltılması	23
3.2.3. DNA Fragment Analizi	25
3.2.4. Popülasyonların Genetik Analizi	25
3.2.4.1. Klonların Tespiti	25
3.2.4.2. Null (Sessiz) Allel Varlığı	25
3.2.4.3. Popülasyonlarda ve Lokuslarda Hesaplanan Genetik Çeşitlilik Parametreleri	26
3.2.4.3.1. Heterozigotluk	26
3.2.4.3.2. F-istatistiği ve Gen Akışı (N_m)	27
3.2.4.3.3. Moleküler Genetik Verilerinin Varyans Analizi (AMOVA)	28
3.2.4.4. Popülasyonların Genetik Yapısı	28
3.2.4.4.1. Structure Analizi	28
3.2.4.4.2. Filogenetik Analiz	29
3.2.4.4.3. Temel Bileşenler Analizi	29

4. BULGULAR	30
4.1. DNA'ların Miktar ve Saflık Tayini	30
4.2. PZR Reaksiyonu	34
4.3. SSR Lokuslarına Ait Allel Büyüklüklerinin Belirlenmesi	35
4.4. Popülasyonlardaki Kayıp Veri Oranları	36
4.5. Lokuslara Ait Genetik Çeşitlilik Parametreleri	37
4.6. Hardy-Weinberg Dengesi (HWE)	38
4.7. Popülasyonlara Ait Genetik Çeşitlilik Parametreleri	39
4.8. Popülasyonlar Arasındaki Farklılaşmanın İncelenmesi	41
4.9. Popülasyonlar Arasındaki Gen Akışının İncelenmesi	41
4.10. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)	42
4.11. Popülasyonların Genetik Kümeleme Analizleri	43
4.11.1. Temel Bileşenler Analizi (PCA)	43
4.11.2. Filogenetik Analiz	44
4.11.3. Genetik Yapı Analizi (Structure)	45
5. TARTIŞMA	48
5.1. Kullanılan Mikrosatelit Lokuslarının Genetik Çeşitlilik Parametrelerinin Değerlendirilmesi	48
5.2. Akkavak Popülasyonlarının Genetik Çeşitlilik Parametrelerinin Değerlendirilmesi	50
5.3. AMOVA Analizi	52
5.4. Akkavak Popülasyonlarının Genetik Farklılaşması	52
6. SONUÇ ve ÖNERİLER	56
KAYNAKLAR	58
ÖZGEÇMİŞ	73
TEZ METNİNDEN TÜRETİLEN YAYINLAR/SUNUMLAR	74
EKLER	75

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

μg	: Mikrogram
μM	: Mikromolar
μl	: Mikrolitre
$^{\circ}\text{C}$	: Derece Santigrat
%	: Yüzde
Δ	: Delta
λ	: Lambda
AFLP	: Çoğatılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi
AMOVA	: Moleküler Varyans Analizi
Bç	: Baz Çifti
Cm	: Santimetre
cpDNA	: Kloroplast DNA
cpSSR	: Kloroplast Mikrosatelit
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
dNTP	: Deoksi Nükleotit Trifosfat
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
EtOH	: Etanol
EUFORGEN	: Avrupa Orman Genetik Kaynakları Programı
F	: F İstatistikleri
FAO	: Gıda ve Tarım Örgütü
F_{IS}	: Akrabalı Yetiştirme Katsayısı
F_{IT}	: Toplam Popülasyonun Hardy-Weinberg Genetik Dengesinden Sapma Değeri
F_{ST}	: Popülasyonlar Arasındaki Farklılaşma Değeri
GÖ	: Günümüzden Öncesi
GTÜ	: Gebze Teknik Üniversitesi
ha	: Hektar
H_e	: Beklenen Heterozigotluk
H_o	: Gözlenen Heterozigotluk
HWE	: Hardy-Weinberg Dengesi
IPC	: Uluslararası Kavak Komisyonu
ISSR	: Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm
Kg	: Kilogram
M	: Metre
MgCl_2	: Magnezyum Klorür
m^3	: Metre Küp
ml	: Mililitre
mm^2	: Milimetre Kare
mya	: Milyon Yıl Önce
N_a	: Allel Sayısı
ng	: Nanogram
N_m	: Popülasyonlar Arası Her Jenerasyon Göç Eden Birey Sayısı
n-SSR	: Nüklear mikrosatelit
OGM	: Orman Genel Müdürlüğü
P_a	: Özgün allel sayısı
PCA	: Temel Bileşenler Analizi
pH	: Hidrojenin Gücü

ppm	: Milyonda Bir
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RAPD	: Rastgele oęaltılmış Polimorfik DNA
RFLP	: Restriksiyon Fragmentlerinin Uzunluk Polimorfizmi
rpm	: Dakikada Dönüş Hızı
SD	: Serbestlik Derecesi
sn	: Saniye
SSR	: Basit Tekrarlı Diziler; mikrosatelit
TAE	: Tris Asetik Asit EDTA
TC	: Türkiye Cumhuriyeti
UPGMA	: Unweighted Pair-Group Method with Arithmetical Average (Aritmetik Ortalamaları ile Tartılı Olmayan Çift Grup Metodu)
UV	: Ultraviyole
Volt	: Volt



ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa</u>
Şekil 2.1.a: Akkavağın gövdesi.	6
Şekil 2.1.b: Akkavağın yaprakları.	6
Şekil 2.2: Akkavağın dünyadaki doğal yayılışı [Fenaroli and Gambi, 1976].	7
Şekil 2.3: Akkavağın Türkiye'deki doğal yayılış alanları [Saribaş, 1995'ten düzenlenmiştir].	7
Şekil 2.4: Akkavağın Avrupa'daki <i>in-situ</i> koruma alanları [Caudullo and Rigo, 2016].	10
Şekil 2.5: Dünya genelinde akkavak ıslah ve koruma programının bulunduğu ülkeler [Anonim, 2014].	10
Şekil 3.1: Örneklenen akkavak popülasyonlarının harita üzerindeki konumları.	20
Şekil 4.1: Edirne-Tunca Nehri popülasyonuna ait bireylerin DNA jel görüntüsü.	30
Şekil 4.2: Kullanılan SSR primerlerinin PZR sonrası örnek jel görüntüsü.	35
Şekil 4.3: Çalışmada kullanılan 4 farklı SSR lokusunun (WPMS15, WPMS16, WPMS17, WPMS20) elektroferogram örneği (Kutulardaki sayılar ilgili fragmentlerin boyutlarını göstermektedir).	36
Şekil 4.4: Akkavak popülasyonlarının incelenen lokuslardaki kayıp veri oranları.	36
Şekil 4.5: Popülasyonlara göre lokuslar bazında tahmin edilen HWE analizleri ($p \leq 0.05$).	39
Şekil 4.6: Popülasyonlar için tahmin edilen ikili F_{ST} değerleri.	41
Şekil 4.7: Popülasyonlar arasında tahmin edilen gen akışı (N_m) oranları.	42
Şekil 4.8: Akkavak bireyleri için tahmin edilen PCA gruplaması.	44
Şekil 4.9: 15 Akkavak popülasyonunun UPGMA dendrogramı.	45
Şekil 4.10: 15 Akkavak popülasyonu için tahmin edilen DeltaK ve K değerlerinin grafiği.	46
Şekil 4.11: 285 Akkavak genotipinin Structure analizi sonucunda elde edilen küme üyeliğinin grafiksel gösterimi (K değeri 3). Her renk farklı bir kümeyi temsil etmekte ve siyah çizgiler popülasyonları ayırmaktadır. Sa-Ne=Sakarya-Sakarya Nehri, Es-Po=Eskişehir-Porsuk Çayı, Ed-Tu=Edirne-Tunca Nehri, Te-Ma=Tekirdağ-Malkara, İst-Ba=İstanbul-Bahçeköy, Sa-Ba=Samsun-Bafra, Sa-Ge=Sakarya-Geyve, Bu-Ka=Bursa-Karacabey, Ka-Ak=Kayseri-Akköy, Ko-Me=Konya-Meram, Ka-Sa=Kastamonu-Samatlar, Bu-İz=Bursa-İznik, Ko-İz=Kocaeli-İzmit, Ba-Su=Balıkesir-Susurluk, Er-Ol=Erzurum-Oltu.	47

TABLÖLER DİZİNİ

	<u>Sayfa</u>
Tablo 3.1: Örneklenen akkavak popülasyonlarının lokasyon özellikleri ve örnek sayısı.	20
Tablo 3.2: Tez çalışması kapsamında kullanılan kimyasal maddelerin isimleri, alınan firmalar ve katalog numaraları.	21
Tablo 3.3: Tez çalışması kapsamında kullanılan cihazlar.	21
Tablo 3.4: Kullanılan SSR primerlerin özellikleri.	24
Tablo 4.1: İzole edilen DNA'ların miktarları ve 260/280 oranları.	30
Tablo 4.2: Lokuslarda gözlenen allel büyüklükleri.	35
Tablo 4.3: 10 SSR lokusuna ait hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.	37
Tablo 4.4: 15 Akkavak popülasyonuna ait hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.	40
Tablo 4.5: 15 Akkavak popülasyonu için elde edilen AMOVA analizi sonucu.	43

1. GİRİŞ

Anadolu; benzersiz coğrafi konumu, çeşitli topografyası ve değişken iklim özellikleriyle dünyanın belki de en avantajlı ülkelerinden biridir. Çünkü, bu özellikler; bölgeyi yüksek düzeyde biyolojik çeşitlilik ve endemizm merkezi haline getirmiştir [Erik ve Tarikahya, 2004]. Anadolu'nun zengin florasında, 700'den fazla odunsu bitki türü bulunduğu tahmin edilmekte ve bu türler genetik çeşitlilik açısından zengin bir kaynak sunmaktadır [Yaltırık, 1998]. Bu çeşitlilik, türlerin değişen çevre koşullarına uyum sağlaması ve uzun vadede hayatta kalması için kritik bir rol oynamakta, ekosistemlerin sağlıklı ve sürdürülebilir kalmasına yardımcı olmaktadır. Fakat, insan faaliyetleri, küresel ısınmaya yol açan iklim değişikliklerine neden olarak dünyadaki doğal dengeyi bozmaktadır. Bu değişiklikler, türlerin hayatta kalma mücadelesine yeni zorluklar yaratmaktadır. Türlerin değişen iklim koşullarında varlığını sürdürebilmesi için ise genetik tabanlarının korunması gerekmektedir [Dirik, 1994]. Bu kapsamda, doğal ekosistemlerin korunması ve restorasyonu için odunsu türlerin popülasyon genetiği üzerine yapılan araştırmalar büyük ilgi görmektedir [Ledig and Conkle, 1983; Işık, 1996; Hartl and Clark, 2007].

Küresel ısınmanın Türkiye'yi bekleyen en önemli sonuçlarından biri kuraklık ve çölleşmedir [T.C. Çevre ve Orman Bakanlığı, 2009]. Dolayısıyla, özellikle kuraklığa dayanıklı türlerin korunması hayati önem taşımaktadır. Akkavağın abiyotik ve biyotik streslere karşı dirençli olma ve hızlı büyüme gibi biyolojik özellikleri göz önüne alındığında, odunsu bitkiler arasında öne çıkan bir türdür [Muller-Starck et al., 1992]. Bu tür, Kuzey Afrika'nın çöl ikliminden Avrupa'nın taşkın ova ormanlarına ve Orta Asya'nın şiddetli kış donlarına kadar çok çeşitli habitatlarda yetişebilmektedir [Dickmann and Kuzovkina, 2008]. Ayrıca; diğer kavak türleri gibi kirlenmiş toprak, su ve havanın temizlenmesine, toprak erozyonunun önlemesine yardımcı olmakta fosil yakıtlara bağımlılığı azaltarak enerji üretimi için yenilenebilir enerji sağlarken, iklim değişikliğini hafifletmeye yardımcı olmak için karbonu ayrıştırmaktadır. Böylece, akkavak insan faaliyetlerinin olumsuz etkilerinin azaltılmasında da önemli rol oynamaktadır [Gordon, 2001]. Ancak; artan nüfus, azalan su kaynakları ve insan kaynaklı habitat tahribatı nedeniyle türün yayılış alanı daralmakta ve gen kaynakları kaybolmaktadır. Bu zorluklar karşısında türün çeşitliliğini sürdürmek için uygun boyut

ve yapıdaki popülasyonlar için koruma programları oluşturulmalıdır. Ayrıca, akkavağın ıslah programlarının geleceği de bugünkü koruma faaliyetlerinin başarısına bağlıdır [Legionnet and Lefevre, 1996]. Bu tez çalışması, Türkiye’deki akkavak bireylerinin genetik çeşitliliğini anlamak, türe yönelik koruma ve ıslah stratejileri oluşturmak için atılmış temel bir adımdır.

1.1. Tezin Amacı, Katkısı ve İçeriği

“Akkavak (*Populus alba* L.) Popülasyonlarında Genetik Çeşitliliğin Moleküler Belirteçler ile Tespiti” adlı bu tez çalışması, Gebze Teknik Üniversitesi ile Orman Genel Müdürlüğü’ne bağlı olan Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü’nün yaptığı iş birliği ile ortak yürütülmüş ve sonuçlandırılmıştır.

Akkavağın genetik kaynakları antropojenik baskılar nedeniyle tehlike altındadır. Bu nedenle, birçok ülkede akkavak türünün genetik çeşitliliği üzerine araştırmalar yapılarak *ex-situ* ve *in-situ* koruma alanları kurulmuştur [Tunçtaner, 1993; Gül ve Gezer, 2003; Isebrands and Richardson, 2014]. Türkiye’de ise bugüne kadar akkavağın genetik kaynaklarının tanımlanması ve korunmasına yönelik herhangi bir çalışma yapılmamıştır. Ancak, türün ekosistem için sağladığı değerli hizmetler göz önüne alındığında genetik çeşitliliğinin korunması ülkemiz için de büyük önem taşımaktadır. Bu nedenle, akkavağın Türkiye’deki geniş gen havuzuna sahip popülasyonlarının belirlenerek koruma programına bir an önce başlanması gerekmektedir. Bu tez kapsamında, Türkiye genelinde oldukça yaygın olarak bulunan akkavağın 15 farklı popülasyonundan yaprak örnekleri alınmıştır. Bu örnekler, genetik çeşitlilik analizi için 10 adet mikrosatelit (SSR) moleküler belirteci kullanılarak taranmıştır.

Bu çalışmanın amaçları;

- Türkiye’de yayılış gösteren akkavak popülasyonlarının genetik yapısının ve çeşitliliğinin SSR belirteçleri yardımıyla belirlenmesi,
- Bu çalışmadan elde edilen genetik verileri kullanarak akkavak türü için gen koruma programının geliştirilmesine yardımcı olunmasıdır.

2. LİTERATÜR TARAMASI

2.1. *Populus L.*

Dünyanın en önemli ağaç cinslerinden biri olan kavak (*Populus L.*), *Salicaceae* familyası içinde yer almaktadır. Bilimsel ve ekonomik açıdan önemli olan 29'dan fazla *Populus* türü bulunmakta ve bu türler *Turanga*, *Leuce*, *Aigeiros*, *Tacamahaca* ve *Leucoides* olmak üzere beş farklı seksiyona ayrılmıştır [Licht and Isebrands, 2005; Vande-Walle et al., 2007; Tunçtaner, 2008]. Ayrıca, kavakların tür içi ve türler arası çaprazlamaya yatkın olması doğal olarak oluşan veya yapay olarak üretilen birçok interspesifik melezlerinin ortaya çıkmasına neden olmuştur [Stettler et al., 1996]. Sonuç olarak, kavaklarda 100'den fazla tür, alttür, varyete ve sürekli olarak yenileri eklenen melez ve klonların bulunduğu zengin bir çeşitlilik mevcuttur [Gül ve Gezer, 2003; Tunçtaner, 2008].

Kavak türleri, $2n=38$ diploid yapılarıyla dikkat çeken ve görece küçük genom boyutlarına sahip olan odunsu bitkilerdir. Bu cinsin genomunun küçük olması, basit vejetatif üretim yeteneği, hızlı büyümesi ve *Agrobacterium* aracılığı ile gen transferine uygunluğu nedeniyle özellikle orman ağaçları üzerine yapılan moleküler araştırmalar için bir model olarak kabul edilmesine olanak tanımıştır [Ahuja, 1987; Leple et al., 1992; Bradshaw et al., 2000; Ellis et al., 2010]. Bu çerçevede, cinsin tam genomunu dizilemek amacıyla uluslararası bir çaba harcanmış ve *Populus cinsi* içinde yer alan *Populus trichocarpa*'nın genomunun tamamı yayınlanmıştır [Tuskan et al., 2004]. Bu durum, *Populus cinsi* üzerinde daha fazla araştırmanın önünü açmıştır [Tuskan et al., 2006; Jansson and Douglas, 2007]. Kavak türleri; sadece odun ve kâğıt endüstrilerinde değil, aynı zamanda enerji üretiminde de rol oynamalarıyla bilinmektedir. Bütün bu özellikleri, dünya genelinde plantasyon alanlarının yaygınlaşmasına öncülük etmiştir [Dickmann and Stuart, 1983; Stettler et al., 1996]. Ticari önemlerinin yanı sıra, kavaklar ekolojik olarak da önemli öncü türlerdir. Fitoremediasyon yeteneklerinden dolayı, tarımsal sıvı ve katı atık sahalarındaki besin ve toksik bileşiklerin temizlemesi için tercih edilmektedir [Bradshaw et al., 2000]. Kavak türleri, dünya genelinde fizyoloji, biyokimya, agronomi, biyoteknoloji, genetik mühendisliği ve genomik çalışmalarda giderek artan bir şekilde kullanılmaktadır [Rae et al., 2007]. Türkiye ise 1955'te Uluslararası Kavak Komisyonu (IPC)'na katılarak modern

kavakçılık tekniklerini benimsemeye başlamıştır. Ardından, 1962'de Kavakçılık Araştırma Enstitüsü'nün kurulmasıyla kavakçılık uygulamaları ülke çapında yaygınlaştırıldı [Tunçtaner, 2008]

Anadolu'da kavak ve kavakçılık, uzun süredir devam eden önemli bir kültür alışkanlığı haline gelmiştir. Anadolu insanı, yaşamının her aşamasında kavakla güçlü bir bağ kurmuştur. Örneğin, köylerimizde her doğan bebek için kavak dikme geleneği hala devam etmektedir. Bu gelenekte, bebeğin doğumuyla bir kavak ağacı dikilmekte ve dikilen ağaç bebekle birlikte büyümektedir. Böylece, çocuğun hayata atılacağı an geldiğinde kavak ağacı da ekonomik hedefleri gerçekleştirmek için hazır hale gelmektedir [Birler, 2010].

Türkiye, çeşitli kavak türlerine ev sahipliği yapan bu açıdan zengin bir ülkedir. Bu türler arasında; akkavak (*Populus alba* L.), titrek kavak (*Populus tremula* L.), boz kavak (*P. × canescens* (Aiton.) Sm.), fırat kavağı (*Populus euphratica* Oliv.), karakavak (*Populus nigra* L.) ve karakavağın iki alttürü (*Populus nigra* L. subsp. *nigra*, *Populus nigra* L. subsp. *caudina*) yer almaktadır. Ayrıca, bu türün alttürlerinden *Populus nigra* L. subsp. *nigra*'nın da *Populus nigra* subsp. *nigra* cv. 'Italica' ve 'Plantierensis' olmak üzere iki varyetesi Türkiye'nin doğal florasında bulunmaktadır. Asya selvi kavağı (*Populus afghanica*) ise Türkiye'de doğal olarak bulunmasa da geniş çapta yetiştirilmektedir [Eminağaoğlu vd., 2014]. Bu ağaç türleri, ekonomik değerleri ve çeşitli kullanım alanlarıyla birlikte, Türkiye'nin biyoçeşitliliği ve ormancılık geleneğinde önemli bir yer tutmaktadır.

2.2. *Populus alba* L.

2.2.1. Ekolojik ve Biyolojik Özellikleri

Akkavak olarak adlandırılan *Populus alba*, *Populus* cinsinin *Leuce* seksiyonuna ait ekolojik, ekonomik ve işlevsel açılarından önemli bir bitki türüdür [Eckenwalder, 1996; Tunçtaner, 1993; Gül ve Gezer, 2003; Isebrands and Richardson, 2014]. Diğer kavak türleri gibi, akkavak da iki evciklidir [Franco, 1993]. Çiçeklenme zamanı genellikle ilkbaharın başlangıcındadır [Mitchell, 1974]. Akkavağın üremesi temel olarak kökten sürgün vererek vejetatif olarak gerçekleşmekte ve ayrıca olgun ağaçların ürettiği tohumların ve polenlerin rüzgâr tarafından uzun mesafelere taşınmasıyla generatif

olarak meydana gelmektedir [Gucker, 2010; Remaley and Swearingen, 2005]. Köklerinden gelişen sürgünlerin hızlı bir şekilde çoğalması ve olgun ağaçların bol miktarda tohum üretmesiyle bulunduğu bölgede kolonileşebilen öncü bir türdür. Yaklaşık 300-400 yıl yaşayan, 30- 40 m boy ve 1 m çapa ulaşan akkavaklar, 20-38 m³ yıllık artım ve 20 yıllık rotasyon süresiyle işletilmektedir (Isebrands and Richardson, 2014). Özellikle, su tabakasındaki mevsimsel değişimin ekstrem olmadığı ovalık arazilerde mükemmel büyüme oranlarına ulaşabilmektedir. Geniş taç kısmı ve düzensiz şekilde yerleşmiş olan dalları ile çatallı ve yuvarlaktır [Praciak, 2013]. Akkavak, kabuğu üzerinde baklava dilimi şeklinde, büyük ve koyu renkli lentisel bölgeleri vardır. Genç ağaçlarda kabuk açık kül renginde parlak-beyaz ve düzdür; ancak yaşlı ağaçlarda kabuk siyaha döner, derin çatlaklı ve gövdelerin dip kısımları pulludur [Şekil 2.1.a; Mitchell, 1974]. Yapraklar morfolojik olarak değişkenlik gösterir, 3-5 loblu ve 6-12 cm uzunluğunda olabilmektedir [Rameau et al., 1989; Franco, 1993]. Yaprak üst yüzeyi parlak koyu yeşilken, alt yüzeyi, yaprak sapları, genç sürgünleri ve tomurcukları ipek gibi yumuşak, beyaz tüylerle kaplıdır; bu özellikleri nedeniyle tür "akkavak" olarak adlandırılmıştır [Şekil 2.1.b; Browicz and Yaltırık, 1982; Anşin ve Özkan, 1993; Yaltırık, 1993].

Akkavak (*Populus alba*), çeşitli yetişme ortamlarına uyum sağlayabilen bir türdür; asitli topraklardan alkali topraklara, sulak alanlardan kurak alanlara kadar geniş bir ekolojik aralıkta yetişebilmektedir. Ancak, orman kenarları ile güneşin bol olduğu açık alanları daha çok tercih etmektedir [Isebrands and Richardson, 2014; Caudullo and Rigo, 2016]. Bu tür; kuraklık, rüzgâr, tuzluluk ve yüksek sıcaklık gibi streslere karşı iyi bir adaptasyon sergilemektedir. Ancak, düşük sıcaklıklar ve don olaylarına karşı daha hassastır. Özellikle suyun bol olduğu ve besin açısından zengin olan nötr-alkali (7-14) pH'a sahip optimal sahalarda yüksek büyüme oranları göstermektedir. Bu nedenle, su kaynaklarına yakın alanlarda ve ekosistemlerde belirgin bir rol oynamaktadır [Caudullo and Rigo, 2016]. Ayrıca, akkavak *P. tremula* gibi yakından ilişkili türlerle sıkça melezleşmektedir ve doğal popülasyonlarda birçok doğal melez üretmektedir [Gül ve Gezer, 2003; Lexer et al., 2005; Van-Loo et al., 2008]. Örneğin, *Populus tremula* ile melezleşmesiyle farklı bir tür olarak kabul edilen ve ülkemizde de yayılış gösteren boz kavak (*P. × canescens*) ortaya çıkmaktadır [Muhle-Larsen, 1970; Eckenwalder, 1996]. Doğal melez olan boz kavağın bulunduğu bölgeler son zamanlarda biyolojik dinamiklerin merkezi olarak ekolojik ilgi odağı haline gelmiştir

ve çok sayıda organizma için evrimsel ve ekolojik hot spots olarak önemli bir rol oynamaktadır [Palancean et al., 2018]. Özellikle doğal melezlerin genetik bileşimini ve bu melezlerin popülasyon dinamiklerini belirlemek için çeşitli çalışmalar yapılmıştır [Fossati et al., 2004; Lexer et al., 2005; Van-Loo et al., 2008; Zizkova, 2015; Zeng et al., 2016].



Şekil 2.1.a: Akkavağın gövdesi.

Şekil 2.1.b: Akkavağın yaprakları.

2.2.2. Yayılışı

Akkavak; Türkiye, Kuzey Afrika, Avrupa, Kuzey Amerika, Orta ve Güney Rusya, Güney ve Batı Sibirya, Orta Asya gibi geniş coğrafyalarda deniz seviyesinden 1100 m'ye kadar değişen yüksekliklerde bulunabilmektedir [Şekil 2.2; Dickmann et al., 2001; Isebrands and Richardson, 2014; Caudullo and Rigo, 2016]. Yapılan envanter çalışmaları, Giresun ve Erzurum gibi bölgelerde 1800 m'ye kadar yüksekliklerde de bulunduğunu göstermektedir. Akkavak, ülkemizde özellikle yarı kurak bölgelerde, bozkırlarda ve meşe, bozardıç ve karaçam birliği mntıkalarında sıkça tercih edilen bir türdür [Gültekin, 2011]. Ayrıca, Türkiye’de doğal olarak birçok alanda yaygın bir şekilde bulunmaktadır [Şekil 2.3; Gül ve Gezer, 2003; Eminağaoğlu vd., 2014].



Şekil 2.2: Akkavağın dünyadaki doğal yayılışı [Fenaroli and Gambi, 1976].



Şekil 2.3: Akkavağın Türkiye'deki doğal yayılış alanları [Saribaş, 1995'ten düzenlenmiştir].

2.2.3. Kökeni

Populus cinsinin, Paleosen'den (66-55mya) itibaren günümüze kadar olan varlığı fosil yaprak kayıtları ile iyi bir şekilde belgelenmiştir. Kuzey Amerika'daki sulak alanlar ve nehir kıyısındaki ekolojik bölgelerden ortaya çıktığı düşünülmektedir [Collinson,

1992]. *Populus* türlerinin Bering ve Kuzey Atlantik Kara Köprüsü aracılığıyla Kuzey Amerika'dan Kuzey Yarımküre'nin geri kalanına yayıldığı varsayılmaktadır [Liu et al., 2017]. Daha sonra, *Populus* cinsi arktik altıdan tropik altı bölgeye kadar geniş bir yelpazedeki ekolojik bölgelerde yaşamaktadır [Eckenwalder, 1996]. Tür çeşitliliğinin en zengin olduğu merkezler Doğu Asya (14 tür) ve Kuzey Amerika'dır (9 tür), diğer çeşitlilik merkezleri ise Avrupa (3 tür), Orta Asya (2 tür) ve Afrika'dır (2 tür) [Hamzeh et al., 2006]. Ayrıca, Roiron ve arkadaşları (2004) tarafından Güney Fransa'daki travertenlerde Erken Holosen'e (yaklaşık 9000 GÖ) tarihlenen akkavağa ait yaprak izlerinin bulguları bildirilmiştir.

Kavaklarda polen kalıntılarına ait veriler ise düşüktür, çünkü polen tanesinin ekzin tabakasındaki düşük sporopollin içeriği onun korunmasını engellemektedir [Bittkau, 2002]. Bu durum kavakların buzul sığınaklarının araştırılmasını da engellemektedir. Düşük konsantrasyonlarda olmasına rağmen, Alplerin kuzeybatı kenarları boyunca yaklaşık günümüzden 9000 yıl öncesine kavak poleninin varlığına dair kanıtlar bildirilmiştir [Huntley and Birks, 1983]. Bu, kavakların Kuzey Alpenvorland'da güneydeki sığınaklarla birlikte hayatta kaldığına işaret etmektedir [Bittkau, 2002]. Fakat, polen verilerinin hangi kavak türüne ait olduğu ayırt edilememiştir [Franco-Múgica et al., 2001].

2.2.4. Önemi ve Kullanım Alanları

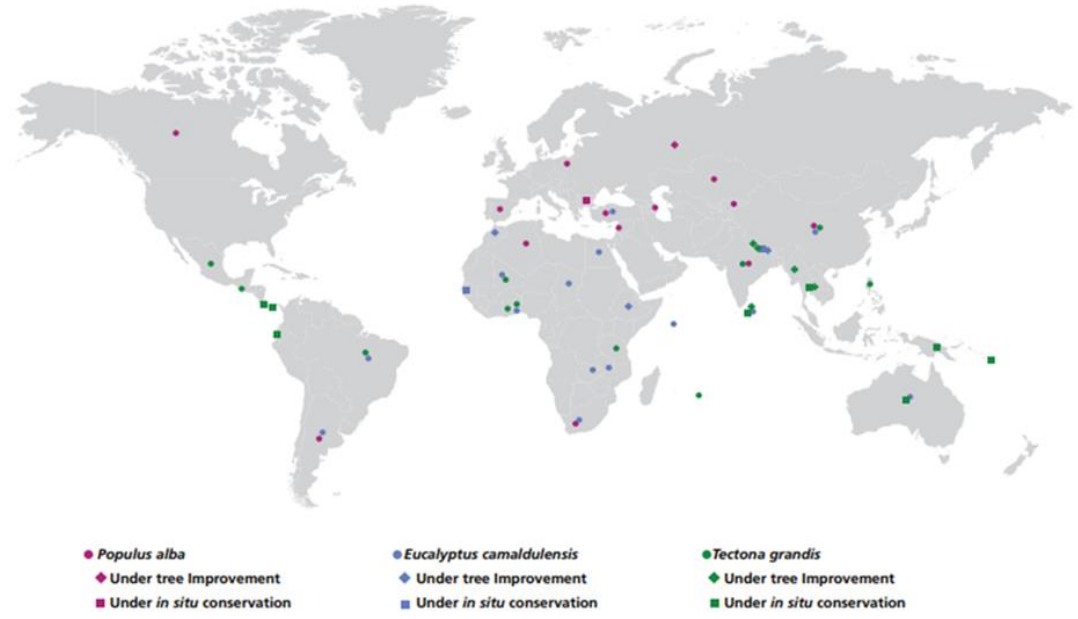
Akkavağın böcek ve patojenlere karşı mükemmel direnci [Mccown et al., 1991; Lapietra, 1992; Plett et al., 2010], tuz-su stresi toleransı [Sekawin, 1975; Li et al., 2009; Beritognolo et al., 2011; Samuilov et al., 2016] ve fitoremediasyon yeteneği [Doty et al., 2000; Shim et al., 2013; Marzilli et al., 2018] hızlı büyüme özelliğiyle birleştiğinde, onu gelecekteki iklimsel ve çevresel değişikliklere karşı dayanıklı ekim için iyi bir aday haline getirmektedir [Muller-Starck et al., 1992]. Bu özelliklerinden dolayı, bu tür bir dizi çalışmanın odak noktası olmuştur [Chen et al., 1997; Dix et al., 1997; Fung et al., 1998; Hukin et al., 2005; Ottow et al., 2005; Castiglione et al., 2007; Imada and Tamai, 2009; Ciadamidaro et al., 2013]. Ülkemizde ise *Populus alba*'nın hibridi olan *P. × canescens* ile benzer çalışmalar yapılmış ve farklı hibrid bireylerin tuz stresi [Bülbül, 2013] ve fitoremediasyon [Ağba, 2013] etkinliği değerlendirilmiştir.

Kuzey Amerika ve Kuzey Avrupa'da en yaygın kullanılan kavak türleri *Populus deltoides*, *Populus nigra*, *Populus trichocarpa* iken, Akdeniz bölgesinde *Populus alba* ve interspesifik hibritleri, hızlı büyüme ve farklı stres koşullarına uyumları nedeniyle daha fazla tercih edilmektedir [Kuzminsky et al., 1999; Sixto et al., 2006]. Tuzlu suya dayanıklı olan akkavak çorak-kuru arazilerin ağaçlandırılmasında önemli bir role sahiptir [Gül ve Gezer, 2003]. Ayrıca, akkavak toprak stabilizasyonu ile nehir kıyısı ekosistemlerinin su baskınlarını ve su kalitesini doğal bir şekilde kontrol etmeye yardımcı olmaktadır. Bu nedenle, riparian alanların sabitlenmesi için yapılan restorasyon çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır [Isebrands and Richardson, 2014)]. Ek olarak, bu tür Avrupa'da sanayi bölgelerindeki kirlenmiş toprak, su ve havanın temizlenmesi için de tercih edilmektedir [Palancean et al., 2018]. Akkavağın yaprak altı, gövdesi ve dalları beyaz renkte olduğu için çizgisel bir görünüme sahiptir ve bu durum diğer kavak türlerinden önemli ölçüde farklı ve dekoratif bir özellik sunmaktadır. Renk ve dokularının özelliği, akkavağı soliter veya gruplar halinde yol ağacı olarak kullanmak için kontrast oluşturmada avantaj sağlamaktadır [Gül ve Gezer, 2003]. Türün kerestesi dayanıklı olmasa da hızlı büyüme ve güçlü yenilenme yetenekleri nedeniyle biyokütle enerjisi, hamur ve pelet üretimi için tercih edilmektedir [Caudullo and Rigo, 2016]. Akkavağın etnobotanik yönü de bulunmaktadır. Odunundan kaşık, kürek, elek, beşik, kazma-kürek sapı, inşaatlık kereste, müzik aleti, meyve-sebze kasası gibi ürünler yapılmaktadır [Akan et al., 2013; Kocabaş vd., 2016; Kahveci vd., 2017; Palancean et al., 2018].

FAO'nun alt kuruluşu olan IPC (Uluslararası Kavak Komisyonu) raporuna göre, dünya genelinde tescil edilmiş 360 klonun 13'ü akkavağa aittir [Isebrands and Richardson, 2014]. Ayrıca; mevcut kaynakları ve yabani popülasyonlarının genetik yapısı hakkında sınırlı bilgi bulunan akkavak, 1999 yılında *Populus nigra* üzerine yapılan Avrupa Orman Genetik Kaynakları (EUFORGEN) toplantısında gündeme gelmiş ve İspanya, İtalya, Slovakya ve Romanya'da olmak üzere 9 adet *ex-situ* ve *in-situ* koruma alanı tescil edilmiştir [Şekil 2.4; Lefèvre et al., 2001; Isebrands and Richardson, 2014; Anonim, 2014].



Şekil 2.4: Akkavağın Avrupa'daki *in-situ* koruma alanları [Caudullo and Rigo, 2016].



Şekil 2.5: Dünya genelinde akkavak ıslah ve koruma programının bulunduğu ülkeler [Anonim, 2014].

2.2.5. Türe Yönelik Tehditler

Akkavak, suyun bol olduğu nehir kıyısı ve subasar ormanı ekosistemlerinin öncü türlerindendir [Lexer et al., 2005] Fakat, bu bölgeler en savunmasız ekosistemlerinden biridir ve Avrupa'daki nehir kıyısı ormanlarının %99'unun insan faaliyetleri sonucu yok olduğu tahmin edilmektedir [Lefèvre et al., 1998; Hughes and Rood, 2003]. Nehir

kıyısındaki ormanların özellikle tarıma ve diğer arazi kullanımlarına açık olması ya da sel baskınları gibi doğal olaylar, akkavağın da dahil olduğu ağaç türlerinin varlığını olumsuz etkilemektedir. Bu durum, akkavak popülasyonlarının boyutunu azaltmakta ve habitatlarının parçalanmasına neden olmaktadır [Richardson et al. 2014]. Ayrıca, su rejimi kontrolü, yeraltı su seviyesinin azalması, iklim değişikliği vb. gibi ekolojik koşulların değişmesi türün eşeyli üremesini engelleyip klonal üremesinin artmasına sebep olmaktadır [Vallejo-Marin et al., 2010]. Böylece, genetik çeşitlilikte ve buna bağlı adaptif potansiyelde kayıp riski oluşmaktadır. Akkavak bireylerinin şehir merkezlerindeki peyzaj çalışmaları ve nehir kıyısındaki orman ekosistemlerinin restorasyonu için kullanılması da türün genetik çeşitliliği için ek bir tehdit oluşturmaktadır [Palancean et al., 2018].

2.2.6. Popülasyon Genetiği ve Mikrosatelitler

Popülasyon genetiği, popülasyonların ve popülasyonlardaki bireylerin benzerlik ve farklılıklarını araştıran bilim dalıdır. Bir popülasyonun sahip olduğu genotip ve allel frekansı o popülasyonun genetik yapısını göstermektedir. Genetik yapı ise; doğal seçim, gen akışı, mutasyon ve genetik sürüklenme gibi evrimsel mekanizmalardan etkilenmekte, dolayısıyla popülasyon genetiği çalışmaları bu mekanizmalara odaklanmaktadır [Wright, 1965].

Türlerin genetik yapı analizi için morfolojik, biyokimyasal ve moleküler belirteçler kullanılmaktadır. Orman ağaçlarının popülasyon genetiği çalışmalarında ise en yaygın olarak moleküler belirteçler tercih edilmektedir. Moleküler belirteçler; genomdaki bir DNA parçasının farklılıklarını (eklenmeler, silinmeler, yer değiştirmeler, duplikasyonlar gibi) temsil etmektedir. Bu yöntemler, bize allel ve hatta nükleotid düzeyinde bilgi sağlamakta böylece ilgili organizmanın genetik yapısının anlaşılmasına yardımcı olmaktadır [Labate, 2000]. Ayrıca, bireyler arasındaki benzerlik ve farklılıkları belirleyerek genetik çeşitliliğin tayin edilmesini sağlarlar [Liu, 1998].

Genotipleri, popülasyonları veya türleri sınıflandırmak için çok sayıda moleküler teknik bulunmaktadır. Bunlar; hibridizasyona dayalı belirteçler (RFLP) ve polimeraz zincir reaksiyonuna (RAPD, AFLP, ISSR, SSR, SRAP, SCAR, CAPS vb.) dayalı belirteçler olarak iki ana gruba ayrılmaktadır [Staub et al.,1996]. Bunlardan RFLP'ler;

yüksek polimorfizme sahip, ko-dominant ve tekrarlanabilirliği yüksek belirteçlerdir ancak problemleri pahalı ve toksiktir. Ayrıca, şablon olarak oldukça yüksek kalite ve miktarda DNA kullanılması gerekmektedir. RAPD, AFLP ve ISSR belirteçleri için çalışmanın başında genom dizisi bilgisine ihtiyaç duyulmamakta dolayısıyla, genomu bilinmeyen organizmalara uygulanabilmektedir. Fakat, dominant belirteçler olmaları gibi çeşitli dezavantajları bulunmaktadır [Rungis et al., 2004]. SSR belirteçlerinin ise en büyük dezavantajı primerlerinin geliştirilmesinin zor ve pahalı olmasıdır. Fakat; SSR'lar; yüksek düzeyde polimorfizm, tekrarlanabilirlik, ko-dominant'lık, otomatik ve yüksek verimli genotiplemenin bir sonucu olarak popülasyon genetiği çalışmalarının temel taşı olarak kabul edilmektedir [Varshney et al., 2005; Parida et al., 2009].

Mikrosatellitler olarak da bilinen SSR'lar (basit dizi tekrarları) genom boyunca dağılmış, 1 ile 6 baz çifti uzunluğunda kısa nükleik asit motiflerinin değişken sayıda ardışık tekrarlıdır [Tautz and Renz, 1984; Field and Wills, 1998]. Genomda; genellikle kodlanmayan DNA bölgelerinde bulunmakta, kodlanan bölgelerde ise çok az bulunmaktadır. Ayrıca, bu belirteçler nükleer (nSSR) veya organel genomlarındaki (cpSSR, mtSSR) en değişken DNA dizisi türleri arasındadır [Provan et al., 2001; Rajendrakumar et al., 2007]. Şu anda, yeni yüksek verimli genotipleme teknikleri olmasına rağmen, SSR'ların genetik çeşitliliği değerlendirmek için yeterli veri oluşturması, genom çapında bol dağılımlı ve ucuz olmasından dolayı türlerin genetik çeşitlilik düzeyinin tahmini için hala yoğun olarak tercih edilmektedir [Kansu and Kaya, 2020; Gao et al., 2023; Patel et al., 2024]. Kavak türlerinin popülasyon genetiği ve koruma biyolojisi çalışmalarında da SSR'lar sıklıkla kullanılmıştır [Storme et al., 2004; Smulders et al., 2008; Liesebach et al., 2010; De Woody et al., 2015; Jiang et al., 2015; Jelic et al., 2015].

2.2.7. Akkavak Üzerine Yapılan Popülasyon Genetiği Çalışmaları

Akkavağın geniş ve değişik ekolojik koşullara uyum sağlayan birçok ekotipi bulunmakta ve farklı ülkelerde yapılan araştırmalarda bu ekotiplerden bireyler seçilerek seleksiyon ve ıslah çalışmaları yapılmaktadır [Şekil 2.5; Tunçtaner, 1993; Gül ve Gezer, 2003; Isebrands and Richardson, 2014; Anonim, 2014]. Örneğin, İtalya'da mevcut popülasyonları kapsayan bir tohum koleksiyonu kurularak, seleksiyon çalışmaları yapılmıştır. Çalışma sonucunda soğuk koşullara, hastalıklara ve

su stresine dayanıklı ayrıca iyi büyüme özellikleri gösteren klonlar seçilmiştir [Avanzo et al., 1992; Scarascia-Mugnozza et al., 1992]. Başka bir çalışmada, Çin’de elde edilen triploid akkavak klonlarının odun üretimlerinin normal *P. tomentosa* klonlarına göre iki kat daha fazla olduğu görülmüştür [Zhang et al., 2000]. Macaristan’da akkavak ve melezleriyle ilgili yapılan bir ıslah çalışmasında araştırmacılar, 2 klonun kurak ortamlarda diğerlerine göre daha kaliteli odun verdiğini tespit etmiştir [Redei et al., 2010].

Seksenli yılların sonlarından beri izozim ve RAPD belirteçleri, kavak cinsinin taksonomisinin ve evrimsel tarihinin araştırılmasında başarıyla kullanılmıştır [Rajora and Zsuffa, 1990]. Akkavağın genetik çeşitliliğini belirlemek için de ilk olarak izozimler tercih edilmiştir. Rajora ve Dancik (1992); 23 akkavak, 18 titreğ kavak ve 15 boz kavak bireyini genetik olarak karakterize etmek ve bu türler arasındaki ilişkileri belirlemek amacıyla izozim analizi gerçekleştirmiştir. Yapılan analizler neticesinde, 15 enzimi kodlayan 30 gen lokusu üzerinden toplamda 71 allel gözlemlenmiştir. *P. alba* bireyleri arasında 21 nadir multilokus genotipi belirlenmiştir. Ayrıca, Kanada’da alınan beş *P. alba* bireyinin genetik olarak birbirinden farklı olduğu tespit edilmiş, *P. tremula* ve *P. × canescens* bireylerinin her birinin benzersiz multilokus genotiplerine sahip olduğu gözlemlenmiştir. Lokus başına düşen ortalama allel sayısı ve gözlenen ortalama heterozigotluk oranları incelendiğinde, akkavak, titreğ kavak ve boz kavak için sırasıyla 1.86-0.085; 1.66-0.096; 1.86-0.157 değerleri elde edilmiştir. *Populus alba* ve *Populus tremula*, genetik benzerlik açısından farklı gruplarda yer alırken, *P. × canescens*’in bu iki tür arasında konumlandığı ancak genetik benzerlik açısından *Populus alba*’ya daha yakın olduğu bildirilmiştir. Bu sonuçlar, akkavak, titreğ kavak ve boz kavak türlerinin genetik çeşitliliği ve ilişkileri hakkında önemli bilgiler sunmaktadır.

Sabatti ve arkadaşları (2001) tarafından yürütülen çalışmada, İtalya’nın farklı coğrafi bölgelerinden toplanan akkavak (*Populus alba* L.) orijinleri arasındaki genetik varyasyon değerlendirilmiştir. Analizlerde 15 RAPD primeri kullanılmış olup, 57 tanesi polimorfik olmak üzere toplamda 71 fragment çoğalmıştır. Ayrıca, *Populus alba* bireylerinin UPGMA analizi sonucu, fenolojik özelliklerle uyumlu olarak üç farklı grupta kümelendikleri tespit edilmiştir.

Fakat, izozimlerdeki düşük polimorfizm düzeyleri ve RAPD’in tekrarlanabilirlik sorunu bu belirteçlerin uygulanabilirliğini kısıtlamış ve kavaklarda SSR

tanımlamasına yönelik talep ortaya çıkmıştır [Powell et al., 1996]. Öncelikle, farklı kavak türleri için SSR belirteçleri karakterize edilmiş ve yapılan çalışmalarla bu belirteçlerin kavak genotipleri arasında tutarlı bir şekilde ayırım yaptığı, klonal kopyaları tanımladığı ve oldukça bilgilendirici olduğu kanıtlanmıştır [Dayanandan et al., 1998; Rahman et al., 2000; Schoot et al., 2000; Smulders et al., 2001]. Ayrıca, 2004 yılında kavak genomunun yayınlanması, yeni mikrosatelitlerin karakterizasyonuna olanak sağlamış ve kavak germplazmasının üzerine SSR tabanlı projelerde artış olmuştur [Tuskan et al., 2004, Isebrands and Richardson, 2014]. Başta SSR belirteçleri olmak üzere farklı moleküler belirteçler de kullanılarak akkavağın doğal popülasyonlarındaki varyasyon, melezlerinin tespiti, introgresyon ve hibridizasyon süreçleri gibi türün germplazmasının tanımlanmasına yönelik çeşitli genetik çalışmalar yapılmıştır.

Fossati ve arkadaşları (2004), *P. alba*'yı *P. tremula*'dan ayırt etmek ve *P. × canescens*'in hibrit kökenini doğrulamak için AFLP ve SSR belirteçlerini kullanmıştır. Bu belirteçler bahsedilen türlerde ilk defa kullanılmış ve üç kavak türünün arasında net bir ayırım yapılmasını sağlamıştır. Özellikle, WPMS12 ve WPMS20 lokuslarında *P. tremula*'yı *P. alba*'dan ayıran teşhis alelleri tespit edilmiştir. Ayrıca, bu belirteçler kullanılarak, Ticino nehri havzasındaki *P. alba* ağaçlarının doğal bir popülasyonu analiz edilmiş ve *P. alba* ağaçlarıyla karışmış *P. × canescens* bireyleri belirlenmiştir.

Lexer ve arkadaşları (2005) tarafından yapılan çalışmada *Populus* cinsinin iki üyesi arasındaki genetik geçişin kapsamı ve yönü araştırılmıştır. Tuna vadisinden örneklenen *P. × canescens*, *Populus alba* ve *Populus tremula* bireyleri 20 n-SSR ve 8 plastid belirteciyle incelenmiştir. Analiz sonuçlarına göre, *P. × canescens*'in oluşumu sırasında genetik geçişin *P. tremula* poleni ile *P. tremula*'dan *P. alba*'ya doğru olduğu gözlemlenmiştir. Beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri incelendiğinde, *P. tremula*'nın (0.512-0.492; 0.492-0.483), *P. alba*'dan (0.406-0.419; 0.368-0.341) daha yüksek olduğu görülmüştür. *P. × canescens*'nin ise (0.431-0.399) iki türün arasında olduğu belirlenmiştir. Yapılan genetik analizler sonucunda, yakın bağlantı ağaçları çizildiğinde *P. × canescens*'in akkavağa daha yakın olduğu bildirilmiştir. Allelik zenginlik oranı ise en yüksek *P. × canescens*'te (3.97) hesaplanmıştır.

Van-Loo ve arkadaşları (2007) tarafından Avusturya'nın Tuna Vadisi'ndeki *P. alba*, *P. tremula* ve *P. × canescens*'in bulunduğu büyük bir melez popülasyondan toplamda 407 birey örneklenmiştir. 19 n-SSR belirteci ile yapılan analizler sonucu; *P. alba*

popülasyonları için ortalama H_o ve H_e değerleri sırasıyla 0.366 ve 0.376 bulunmuşken, ortalama F_{is} değeri 0.027 olarak belirlenmiştir. *P. × canescens* ise ortalama H_o ve H_e değerleri sırasıyla 0.420 ve 0.466 olarak tespit edilmiştir. Ayrıca, *P. × canescens*'in *P. alba*'ya göre daha geniş alanlara yayılan daha büyük klonlar oluşturma eğiliminde olduğu bildirilmiştir. Klonal üremenin, hibrit bölgelerin zaman ve mekânda kalıcılığına katkıda bulunduğu bildirilmiştir.

Brundu ve arkadaşları (2008) tarafından Sardunya, Kuzey İtalya, İtalya referans koleksiyonu ve Akdeniz havzasındaki akkavak bireyleri üzerine yapılan çalışmada, türün genetik çeşitliliği nükleer ve kloroplast mikrosatelit belirteçleriyle değerlendirilmiştir. CpSSR (kloroplast mikrosatelit) analizlerinde Sardunya'da diğer popülasyonlarda bulunmayan 3 nadir haplotip tespit edilmiştir. Nükleer SSR analizleri sonucu, Sardunyalı akkavakların popülasyon çeşitliliği değerinin diğerlerine göre daha düşük (0.15) olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, beklenen heterozigotluk değeri 0.6 ve allelik zenginlik değeri ise 3.61 olarak belirlenmiştir. CpDNA haplotiplerinin benzersizliği, klonların varlığı ve sınırlı sayıda genetik kaydedilmesi Sardunyalı akkavakların adanın doğal bitki örtüsünün bir sonucu olabileceğini ve yayılmalarının çoğunlukla vejetatif ve insan faaliyetleri aracılığıyla gerçekleşmiş olabileceğini göstermiştir.

Castiglione ve arkadaşları (2010) tarafından İtalya'ya ait üç akkavak popülasyonundan toplanan 154 birey üzerinde yapılan çalışmada, 5 n-SSR ve 137 AFLP belirteci kullanılarak genetik analizler gerçekleştirilmiştir. Bu analizlerde 5 n-SSR belirtecinde toplamda 36 allel tespit edilmiş, beklenen ve gözlenen heterozigotluk oranları sırasıyla 0.463-0.611, 0.407-0.537 aralığında bulunmuştur. Ticino popülasyonunda en yüksek beklenen-gözlenen heterozigotluk oranının tespit edildiği ve AFLP analizlerinde polimorfik lokus oranının %72 ile en yüksek olduğu rapor edilmiştir. Popülasyonlar arasındaki düşük F_{ST} değeri ve yüksek N_m değeri, genetik benzerliğin ve hareketliliğin göstergesi olarak değerlendirilmiştir. Ayrıca, akrabalı yetiştirme katsayılarının (F_{IS}) her üç popülasyonda da önemli ölçüde pozitif olduğu belirlenmiştir.

Fussi ve arkadaşları (2010) tarafından, akkavak ve titrek kavak türlerinin buzul sığınakları ve buzul sonrası yeniden kolonizasyon yolları araştırılmıştır. Bu kapsamda; İspanya, İsveç ve Kuzey Afrika'dan alınan referans örnekler de dahil olmak üzere Orta ve Güneydoğu Avrupa'dan 26 popülasyondan toplamda 414 birey örneklenmiştir. Altı PZR-RFLP fragmanı kullanılarak toplamda 57 haplotip belirlenmiş ve bunlardan

dördünün geçmişte hibridizasyon olayları gösterdiği bildirilmiştir. Analizler sonucu, akkavakta filocoğrafik yapı gözlemlenmiştir. Akkavağın İtalya ve Orta Avrupa'daki popülasyonlarının Doğu Avrupa'daki popülasyonlarına göre daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu belirlenmiştir. Akkavak için İtalya ve Romanya'da iki ana sığınak belirlenmiştir. Orta Avrupa'daki türler arasında daha önce tanımlanan hibrit bir bölge, akkavağın güney ve doğu kloroplast soyları arasında bir temas bölgesi olarak yeniden tespit edilmiştir. Titrek kavakta ise filocoğrafik yapı tespit edilmemiş ve çalışılan popülasyonlardaki çeşitliliğin eşit bir şekilde dağıldığı gözlemlenmiştir. Ayrıca, titrek kavağın eski buz örtüsünün yakınındaki birkaç sığıntıktan yeniden kolonileştiği varsayılmıştır.

Fussi ve arkadaşları (2011) Malta popülasyonlarındaki akkavak ağaçlarının yerel durumunu belirlemek ve muhtemelen kökenlerinin izini sürmek için Malta ve çevresinden örneklenen akkavak bireylerini analiz etmişlerdir. Çalışmada, Malta'dan alınan 28 akkavak bireyi ile Akdeniz'den alınan 10 referans akkavak bireyi, kloroplast DNA analizi için PZR-RFLP yöntemiyle ve 15 n-SSR belirteciyle incelenmiştir. Nükleer mikrosatelit analizi sonucu, Malta'nın iki adasından örneklenen 28 ağacın tamamının bir klona ait olduğu belirlenmiştir. Kloroplast verileri ise Malta klonunun İtalyan *P. alba* örnekleriyle akrabalığını göstermiştir. Ancak nükleer veriler, Kuzey Afrika'dan gelen polenlerin de katkı sağladığını ortaya koymuştur. Araştırmacılar, mevcut arşiv ve paleontolojik kayıtları inceleyerek, bu klonun Malta'ya on altıncı yüzyılda insan girişi yoluyla ulaşmasının en olası açıklama olduğu sonucuna varmışlardır. Oto-vejetatif çoğalma ve tohum yoluyla varış gibi diğer olası senaryolar ise pek olası görülmemiştir.

Macaya-Sanz ve arkadaşları (2012) tarafından Pleistosen buzullaşmalarının genetik etkileri akkavak, karakavak ve boz kavak türlerinde incelenmiştir. Bu bağlamda, 44 akkavak, 13 karakavak ve 2 boz kavak popülasyonunun filocoğrafik yapısı cpSSR ve cpDNA dizileri kullanılarak analiz edilmiştir. Ayrıca, 4 akkavak ve 1 boz kavak popülasyonunun ince ölçekli uzamsal genetik yapısı ve klonalite derecesi n-SSR belirteci kullanılarak değerlendirilmiştir. Çalışma sonuçlarına göre, karakavağın akkavağa göre bölgesel çeşitliliğinin daha fazla olduğu ve daha düşük farklılaşma sergilediği tespit edilmiştir. Bu da onun soğuk toleransının daha yüksek olduğunu yansıtmaktadır. Kuzey nehir havzasındaki akkavak bireylerinin güney havzaya göre daha düşük genetik çeşitliliğe ve daha az özel haplotipe sahip olduğu ayrıca, daha

büyük klonal topluluklar oluşturduğu belirlenmiştir. Bu durum, kuzeydeki buzullaşmalardan dolayı akkavağın genetik varyasyonunun daha fazla etkilendiğini ve bu bölgedeki popülasyonların daha homojen olduğunu göstermektedir.

Dering ve arkadaşları (2015) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, 672 akkavak bireyi üzerinde 16 nükleer mikrosatelit (n-SSR) belirteci kullanılarak genetik analiz yapılmıştır. Bu analizler sonucunda, akkavak bireylerinde aşırı klonal üreme olduğu gözlemlenmiştir, bu durum ise oldukça düşük klonal çeşitlilikle sonuçlanmıştır. Yapılan genetik analizlerde incelenen lokusların, biri hariç, polimorfik olduğu tespit edilmiş ve lokus başına düşen allel sayısı 6.3 olarak belirlenmiştir. Lokuslar bazında ortalama F_{IS} değeri 0.075 olarak bulunmuştur. Ayrıca, ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.585 ve 0.622 olarak bulunmuştur.

Guarino ve arkadaşları (2015) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Sardunya Adası'nda yoğun vejetatif çoğalma gösteren kavak popülasyonları incelenmiştir. Toplam 83 akkavak ağacından alınan örnekler üzerinde yapılan metilasyona duyarlı amplifiye polimorfizm analizi, ağaçların genomik DNA'sındaki metilasyon durumlarını belirlemek ve epigenetik çeşitliliği araştırmak amacıyla gerçekleştirilmiştir. Çalışma, aynı juvenil evredeki yapraklardan elde edilen DNA örnekleri üzerinde yoğunlaşmıştır. Elde edilen analiz sonuçları, akkavakların genetik çeşitliliği sınırlı olsa da epigenetik moleküler çeşitliliğinin daha fazla olduğunu göstermiştir. Metilasyon durumunun popülasyon kümelenmesini etkileyip etkilemediği de araştırılmış ve bu konuda önemli bulgular elde edilmiştir. Çalışma, aynı klonun farklı coğrafi konumlarda bulunan rametlerinin metilasyon durumlarının farklılaştığını açıkça ortaya koymuştur. Özellikle vejetatif olarak üreyen bitki türleri üzerinde yapılan bu tür epigenetik çalışmalar, bitki biyoçeşitliliği araştırmalarının sadece genetik yönlerle sınırlı kalmaması gerektiğini vurgulamaktadır. Bitkiler arasındaki genetik ve epigenetik farklılıkların anlaşılması, türlerin adaptasyon yetenekleri ve evrimsel süreçleri hakkında daha kapsamlı bilgi sağlayabilir.

Zizkova (2015), boz kavağın (*P. × canescens*) Çek Cumhuriyeti'ndeki marjinal bir popülasyonunu incelemiştir. Bu marjinal popülasyonun korunması ve yayılması amacıyla, bireyler arasındaki genetik varyasyonun karakterizasyonu ve ebeveynler arasındaki gen introgresyonu izlenmiştir. Çalışma kapsamında Dyjákovice köyünden 31 birey *Populus alba*, 31 birey *Populus tremula* ve 90 birey de *P. × canescens* örneklenmiştir. Bu bireylerin genetik yapıları, 9 n-SSR belirteci kullanılarak

incelenmiştir. Yapılan genetik analizlerde, boz kavak popülasyonunda gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 1.0-0.518, akkavakta 0.30-0.38 ve titrek kavakta 0.522-0.457 olarak bulunmuştur. Ayrıca, ortalama allel sayısı boz kavak için 4.6, akkavak için 5.33 ve titrek kavak için 4.33 olarak hesaplanmıştır. *P. × canescens*'in doğal marjinal popülasyonu, heterozigot genotipli klonal bir genetik yapı ile karakterize edilmiştir. Bu çalışma, boz kavak popülasyonunun genetik özelliklerini anlamak ve koruma çabalarını yönlendirmek adına değerli bilgiler sunmaktadır.

Zeng ve arkadaşları (2016), Çin'in kuzeybatısında bulunan İrtiş Nehri üzerindeki akkavak, titrek kavak ve boz kavağa ait olan hibrit bir popülasyonu örneklemiştir. Bireylerin genetik yapısı hem n-SSR hem de plastid DNA'sında bulunan trnL-trnF dizisi kullanılarak analiz edilmiştir. Tüm lokuslarda boz kavak için hesaplanan H_e ve H_o değerlerinin (sırasıyla 0.678 ve 0.649), titrek kavak (0.586 ve 0.524) ve akkavaktan (0.360 ve 0.430) daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, titrek kavak popülasyonlarının genellikle akkavak popülasyonlarından daha yüksek çeşitliliğe sahip olduğu tespit edilmiştir. Analizler sonucunda, hibrit tür olan boz kavak iki ebeveyn türü arasında yer almış, ancak akkavağa titrek kavaktan daha yakın olduğu tespit edilmiştir. Ek olarak, boz kavak bireyleri en büyük genotipik varyasyonu göstermiştir. Üç türde trnL-trnF dizisi analizleri sonucunda yedi haplotip belirlenmiştir. Haplotiplerden ikisi (H1 ve H2) titrek kavakta diğer beşi (H3–H7) akkavakta tespit edilmiştir. Bu haplotiplerden beşinin (H1–H2, H3, H5, H6) ise hibrit boz kavakta olduğu belirlenmiştir.

Farklı ülkelerde yapılan koruma ve ıslah çalışmalarına rağmen, Türkiye'de akkavağın korunması ve ıslahına yönelik herhangi bir çalışma yapılmamıştır. Ancak odununun anatomik özelliklerine [Serdar ve Gerçek, 2007], çekme odununun incelenmesine [Doğu, 2009], etnobotanik yönünün araştırılmasına [Akan et al., 2013; Kocabaş vd., 2016; Kahveci vd., 2017], tuzlu topraklarda yaşama oranının değerlendirilmesine [Yıldız et al., 2017], ısıtma işlem uygulamasının odun sertliği [Gürleyen vd., 2017] ve termal iletkenlik özellikleri [Sahin et al., 2017] üzerine etkisine yönelik çalışmalar gerçekleştirilmiştir. Ayrıca, Türkiye'de akkavağın genetik çeşitliliğiyle ilgili henüz bir çalışma bulunmamaktadır. Ülkemizde kavak cinsine ait türlerden karakavağın ve fırat kavağının moleküler düzeyde genetik çeşitliliğini değerlendiren çalışmalar yapılmıştır [Ciftci et al., 2017; Kansu and Kaya, 2020; Nebioglu, 2021; Uluğ ve Özdemir-Değirmenci, 2023].

3. MATERYAL VE YÖNTEMLER

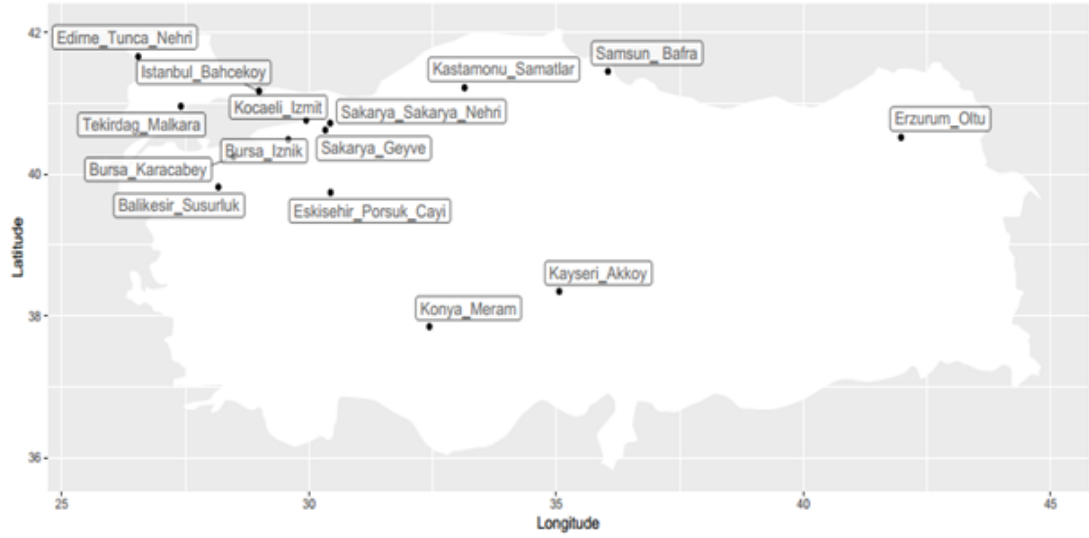
3.1. Materyal

3.1.1. Bitki Materyali

Tez kapsamında; Türkiye’de akkavağın en yoğun olduğu 15 farklı popülasyondan toplamda 285 birey örnekledi. Her bir popülasyon için örneklenen birey sayısı popülasyonun büyüklüğüne göre değişmekle birlikte 11 ile 20 arasındaydı. Örneklenen popülasyonların bulunduğu konumlar Şekil 3.1'deki Türkiye haritasında gösterilmiş ve özellikleri Tablo 3.1'de ayrıntılı olarak belirtilmiştir.

Örnekleme için saha çalışmaları; Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü ile yapılan iş birliğiyle 2018 yılı ilkbahar ve yaz mevsiminde yapıldı. Yaprak örnekleri alınırken, ağaçlar arasında en az 100 metre mesafe olmasına ve 300 metreden fazla yükselti farkı olmamasına dikkat edildi. Öncelikle her bir ağaç numaralandırıldı ve bu ağaçlardan alınan yaprak örnekleri ayrı ayrı torbalara konuldu. Daha sonra soğutucu çanta ve buz aküleri ile Gebze Teknik Üniversitesi’ne getirildi ve -80°C'de DNA izolasyonu yapılana kadar özenle saklandı.

Örnekleme; özellikle akkavağın yoğun olarak bulunduğu subasar ormanı (Samsun-Bafra ve Bursa-Karacabey) ve nehir kıyısı ekosistemlerinden (Sakarya-Sakarya Nehri, Sakarya-Geyve, Eskişehir-Porsuk Çayı, Edirne-Tunca Nehri, Balıkesir-Susurluk ve Kayseri-Akköy) yapıldı. Ayrıca; akkavağın orman dışı tek tek (Tekirdağ-Malkara, İstanbul-Bahçeköy, Kocaeli-İzmit, Bursa-İznik ve Konya-Meram) ve ormanda gruplar halinde bulunan (Erzurum-Oltu ve Kastamonu-Samatlar) popülasyonları da örnekledi. Bu popülasyonlardan bazıları (İstanbul-Bahçeköy, Kocaeli-İzmit, Bursa-İznik ve Konya-Meram) insan etkisinin yoğun olduğu şehir merkezine yakın olarak bulunmaktadır.



Şekil 3.1: Örneklenen akkavak popülasyonlarının harita üzerindeki konumları.

Tablo 3.1: Örneklenen akkavak popülasyonlarının lokasyon özellikleri ve örnek sayısı.

No	Popülasyon	Enlem	Boylam	Rakım (m)	Örnek Sayısı
1	Sakarya-Sakarya Nehri	40.7226	30.4244	34	20
2	Eskişehir-Porsuk Cayı	39.7438	30.4347	829	20
3	Edirne-Tunca Nehri	41.6616	26.5427	12	20
4	Tekirdag-Malkara	40.9600	27.4050	243	20
5	İstanbul-Bahcekoy	41.1761	28.9850	127	20
6	Samsun-Bafra	41.4533	36.0425	5	20
7	Sakarya-Geyve	40.6247	30.3263	201	20
8	Bursa-Karacabey	40.2475	28.4700	28	20
9	Kayseri-Akkoy	38.3475	35.0566	1178	19
10	Konya-Merem	37.8513	32.4316	1054	20
11	Kastamonu-Samatlar	41.2222	33.1425	582	20
12	Bursa-Iznik	40.4900	29.5780	118	20
13	Kocaeli-Izmit	40.7648	29.9394	3	20
14	Balikesir-Susurluk	39.8197	28.1633	101	15
15	Erzurum-Oltu	40.5213	41.9702	1320	11

3.1.2. Tez Çalışması Kapsamında Kullanılan Gereçler

DNA izolasyonu ve PZR çalışmaları sırasında kullanılan kimyasallar, enzimler ve kitler Tablo 3.2’de, cihazlar ise Tablo 3.3’te detaylı olarak listelenmiştir.

Tablo 3.2: Tez çalışması kapsamında kullanılan kimyasal maddelerin isimleri, alınan firmalar ve katalog numaraları.

Kimyasal Adı	Firma Adı	Katalog No
Etil alkol (%96)	Pro-Lab	-
i-genomik bitki DNA ekstraksiyon mini kit	İntron biotechnology	17371
Hazır 5x FIREPol® Master Mix (12.5 mM MgCl ₂)	Solis biodyne	04-12-00125
Agaroz	Sigma	T6066
Trizma base	Sigma	S3014
Asetik asit	Calbiochem	324503
EDTA	Applichem	A,11080,0100
Red safe dye	İntron biotechnology	21141
100 bç DNA belirteç (TrackIt™)	İntron biotechnology	32181
Jel Yükleme boyası	Sigma	372978
λ DNA-Hind III	AppliChem	A3461.1000
ExoSAP-IT PZR ürünü temizlik kit	Applied Biosystems	78201.1.ML
GeneScan 400HD ROX dye Size Standard	Applied Biosystems	402985
Hi-Di Formamide	Applied Biosystems	4311320

Tablo 3.3: Tez çalışması kapsamında kullanılan cihazlar.

Cihaz Adı	Cihaz Modeli	Firma
Hassas terazi	TP3030	Denver Instrument
Otoklav	HV-110L	Hirayama
Etüv	DIN 12880	Binder
Manyetik karıştırıcı	MR3001	Heidolph
Derin dondurucu (-20°C)	GS26DN13NE	Simens
Buzdolabı (4 °C)	RG 1380	İndesit
Derin dondurucu (-80°C)	DW-86L628AH	VWR
Sıvı azot tankı	ARPEGE 40	Dmc-airliquide
Havan	H 100 MM	İsolab
Sıcak su banyosu	D-77960	Julabo
Vorteks	AC230	VNR International
Mikrodalga fırın	MW71E	Samsung
Otomatik pipet	3862243	Eppendorf Research
Santrifüj	Universal 32	Hettich
Jel elektroforezi ve güç kaynağı	MP300	Claver Scientific
Jel görüntüleme cihazı	Universal Hood II	BIO-RAD
Termal döngü cihazı	PTC-200	MJ Research INC
3730xl DNA Analyzer	3730XL	Applied Biosystems

3.2. Yöntem

3.2.1. DNA İzolasyonu

Bitki örneklerine ait olan DNA'ların izolasyonu için *i-genomik Bitki DNA Ekstraksiyon Mini Kiti (intron biotechnology)* kullanıldı. Bu kitle yer alan protokole göre DNA izolasyonu gerçekleştirildi ve ilgili protokol aşağıda detaylandırılmıştır:

- -80 °C'de saklanan yaprak örneklerinden 5 mg ölçülerek, içerisinde 3 mm'lik bilye bulunan 1.5 ml'lik ependorf tüpe aktarıldı.
- Ependorf tüpler sıvı azot içerisine daldırıldı ve yaprak örnekleri donarak kırılgan hale getirildi. Ardından bitki parçaları bilyeler yardımıyla öğütücü makinesinde ezildi.
- Ezilmiş yaprak örneklerinin bulunduğu 1.5 ml'lik tüplere 390 µl Buffer PG (lisis tamponu), 7 µl Enhancer Solution (bağlayıcı güçlendirici tampon), 20 µl Proteinaz K, ve 5 µl Rnaz A eklenerek tüpler iyice karıştırıldı.
- Örnekler, 65 °C'ye ayarlanmış olan su banyosunda 30 dakika boyunca inkübe edildi. Bu süreçte tüpler 5-10 dakikada bir hafifçe çalkalandı.
- Su banyosundan sonra oda sıcaklığında bekletilen tüplerin içerisine 100 µl Buffer PPT (çökeltme tamponu) ilave edildi ve tüpler çalkalandıktan sonra 5 dakika boyunca buzda bekletildi.
- Daha sonra tüpler oda sıcaklığında 13000 rpm'de 5 dakika santrifüj edildi.
- Santrifüj olan örneklerin üst fazlarından 200 µl alınarak yeni bir 1.5 ml'lik ependorf tüpe aktarıldı.
- Aktarılan üst fazların üzerine 650 µl Buffer PB (bağlama tamponu) ilave edildi. Tüpler hafifçe çalkalandı.
- Elde edilen karışımdan 650 µl çekilerek içerisinde spin kolon bulunan 2 ml'lik koleksiyon tüpe aktarıldı ve 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

- Koleksiyon tüp içerisinde biriken sıvı dökülerek karışımdan kalan 200 µl'lik sıvı tekrar spin kolona aktarıldı, 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Ardından koleksiyon tüple birlikte biriken sıvı atıldı.
- Kullanılan spin kolon yeni bir 2 ml'lik koleksiyon tüp içerisine yerleştirildi ve spin kolona 700 µl Buffer PWA (yıkama tamponu) ilave edildi. 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Koleksiyon tüp içerisinde kalan sıvı dökülerek spin kolon aynı koleksiyon tüpe yerleştirildi.
- Spin kolona 700 µl Buffer PWB (yıkama tamponu) ilave edildi ve 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Koleksiyon tüp içerisinde biriken sıvı döküldü ve spin kolon aynı koleksiyon tüp içerisine yerleştirildi. Membranın iyice kuruması için tekrar 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Kalan sıvı koleksiyon tüple birlikte atıldı.
- Spin kolon yeni bir 1.5 ml'lik ependorf tüp içerisine yerleştirildi ve üzerine 100 µl Buffer PE (elüsyon tamponu) ilave edildi. Tüpler oda sıcaklığında 1 dakika bekletildikten sonra 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Böylece akkavak bireylerine ait DNA'ların 1.5 ml'lik ependorf tüp içerisine aktarılması sağlandı.
- Bu işlemin ardından elde edilen DNA'lar -20 °C'de muhafaza edildi.

İzole edilen DNA örneklerinin kalitesi λ /HindIII (AppliChem) belirteci ile mukayese edilmek suretiyle %1 agaroz konsantrasyonuna sahip jel elektroforez sisteminde 80 volt altında 30 dakika yürütülerek belirlendi. Ayrıca DNA örneklerinin miktar ve saflık dereceleri Nanodrop Spektrofotometre (Thermo Scientific™ NanoDrop Lite) cihazı ile 260/280 nm dalga boylarında okunarak ölçüldü. İzole edilen tüm DNA örnekleri, daha sonraki PZR amplifikasyonu aşamasında kullanılmak üzere 20 ng/µl konsantrasyonuna seyreltildi.

3.2.2. SSR Belirteçlerinin PZR ile Çoğaltılması

Akkavak popülasyonlarındaki genetik çeşitliliği incelemek için literatüre dayalı olarak 10 SSR primer çifti seçildi [Rahman et al., 2000; Schoot et al., 2000; Smulders et al., 2001; Tuskan et al., 2004]. Primelerin dizileri, tekrar motifleri ve her lokus için kullanılan bağlanma sıcaklıkları Tablo 3.4'te verilmiştir. Bu primerler, fragment

analizi sırasında PZR ürünlerinin ayırt edilebilmesi için farklı floresan renklere (FAM, HEX ve TAMRA) sahip boyalarla 5' uçtan etiketlenerek sentezlendi.

PZR amplifikasyonları 25 µl reaksiyon hacminde gerçekleştirildi. Kullanılan reaksiyon hacimlerinin her birinde 10-50 ng DNA kalıbı, 0.3 µM floresan işaretlenmiş ileri primer, 0.3 µM ters primer ve içinde 15 mM MgCl₂ bulunan 5 µl hazır 5x HOT FIREPol® Blend Master Mix Ready to Load (Solis BioDyne, Tartu, Estonia) solüsyonu kullanıldı.

Tablo 3.4: Kullanılan SSR primerlerin özellikleri.

Lokus	SSR Motifi	Baz Dizisi (5' _ 3')	Bağlanma Sıcaklığı
WPMS05	(GT) ₂₇	F: TTCTTTTCAACTGCCTAACTT R: TGATCCAATAACAGACAGAACA	50°C
WPMS06	(GT) ₂₄	F- GTATAACGATGACCCACGAAGAC R- TATAAATAAAGGCATGACCAGACA	60°C
WPMS14	(CGT) ₂₈	F- CAGCCGCAGCCACTGAGAAATC R- GCCTGCTGAGAAGACTGCCTTGAC	60°C
WPMS15	(CCT) ₁₄	F- CAACAAACCATCAATGAAGAAGAC R- AGAGGGTGTGTTGGGGTGACTA	60°C
WPMS16	(GTC) ₈	F- CTCGTACTATTTCCGATGATGACC R- AGATTATTAGGTGGGCCAAGGACT	55°C
WPMS17	(CAC) ₁₅	F- ACATCCGCCAATGCTTCGGTGTTT R- GTGACGGTGGTGGCGGATTTTCTT	60°C
WPMS18	(GTG) ₁₃	F- CTTACATAGGACATAGCAGCATC R- CACCAGAGTCATCACCAGTTATTG	60°C
WPMS20	(TTCTGG) ₈	F- GTGCGCACATCTATGACTATCG R- ATCTTGTAATTCTCCGGGCATCT	60°C
PTR 8	(A) ₁₁ (CT) ₈	F- TAGGCTAGCAGCTACTACAGTAACA R- TTAAGTGCGCGTATCCCAAAGA	60°C
ORPM312	(CCT) ₆	F- GTGGGGATCAATCCAAAAGA R- CCCATATCAAACCATTGAAAAA	50°C

DNA çoğaltımı için PZR programı:

- 95°C'de 12 dakika
 - 95°C'de 45 saniye
 - Bağlanma sıcaklığı 45 saniye
 - 72°C'de 105 saniye
 - 72°C'de 10 dakika şeklinde uygulandı [Smulders et al., 2001].
- 30 Döngü

SSR reaksiyon ürünlerinin varlığı %1.5 agaroz içeren jel üzerinde 80 voltta 30 dakika elektroforez edilerek doğrulandı ve doğru bç uzunluğunda çoğalıp çoğalmadıkları 100 bp DNA belirteci ile kontrol edildi.

3.2.3. DNA Fragment Analizi

Uygun olan PZR ürünleri, kapiler elektroforez ile fragment analizi yapılması için BM Yazılım Danışmanlık ve Laboratuvar Sistemleri Limited Şirketi'ne (Ankara) gönderildi. Fragment analizi, otomatik bir sıralayıcı olan Applied Biosystems 3730 XL DNA Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA, ABD) cihazı ve the GeneScan ROX etiketli 400HD size standart markör kullanılarak gerçekleştirildi. Fragmentlerin boyutları Peak Scanner Software v1.0 yazılımında (Applied Biosystems) manuel olarak kontrol edildi.

3.2.4. Popülasyonların Genetik Analizi

15 farklı akkavak popülasyonunun PZR analizleri sonucu elde edilen veriler, *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan çeşitli popülasyon genetiği yazılım paketleri kullanılarak incelendi [R Core Team, 2020]. Kullanılan yazılım paketleri: *ape* [Paradis et al., 2004], *hierfstat* [Goudet, 2005], *adegenet* [Jombart, 2008], *pegas* [Paradis, 2010], *vegan* [Oksanen et al., 2012], *diveRsity* [Keenan et al., 2013], *poppr* [Kamvar et al., 2014] ve *PopGenReport* [Adamack and Gruber, 2014]'tur.

3.2.4.1. Klonların Tespiti

Populus cinsinde yer alan türler kök emiciler yoluyla veya kırık dallar yardımıyla vejetatif olarak çoğalma özelliğine sahiptir [Tunçtaner, 1993]. Popülasyonlardaki genotipler arasında klonal çoğalma olup olmadığını belirlemek amacıyla elde edilen veriler *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan *poppr* yazılım paketi [Kamvar et al., 2014] ile analiz edildi.

3.2.4.2. Null (Sessiz) Allel Varlığı

Null aleller; mikrosatelit lokuslarının analizini etkileyen sorunlardan biridir. Null aleller; (i) primerlerin bağlanma bölgesindeki mutasyonlardan dolayı gerçek alellerin

amplifikasyonunun yapılamaması [Pemberton et al., 1995] (ii) DNA kalıbının kalitesine bağlı olarak kısa alellerin tercihli amplifikasyonu ve (iii) PZR amplifikasyonu sırasında DNA'nın kayması [Shinde et al., 2003; Chapuis and Estoup, 2007] gibi sorunlardan dolayı meydana gelmektedir. Beklenenden daha fazla homozigotluğa neden olurlar ve dolayısıyla null alellerin varlığı, genetik parametrelerin hatalı tahminine yol açabilir [Chapuis and Estoup, 2007]. Null aleller; *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan *PopGenReport* yazılım paketi [Adamack and Gruber, 2014] ile Brookfield tarafından belirtilen yöntem [Brookfield, 1996] kullanılarak tahmin edilmiştir.

3.2.4.3. Popülasyonlarda ve Lokuslarda Hesaplanan Genetik Çeşitlilik Parametreleri

Her bir SSR lokusu için; allel sayısı (N_a), beklenen (H_e) ve gözlenen heterozigotluk (H_o), F istatistiği tahminleri, gen akışı oranı (N_m) ve Hardy-Weinberg dengesi gibi genetik parametreler hesaplandı. Ek olarak; her bir popülasyon için ortalama allel sayısı, beklenen ve gözlenen heterozigotluk, özgün alel sayısı, ikili F_{ST} ve ikili N_m değerleri gibi genetik parametreler tahmin edildi. Ayrıca; popülasyonlardaki genetik varyasyonun dağılımı AMOVA analizi ile hesaplandı. Bu genetik parametreler *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan; *ape* [Paradis et al., 2004], *hierfstat* [Goudet, 2005], *adegenet* [Jombart, 2008], *pegas* [Paradis, 2010], *vegan* [Oksanen et al., 2012], *diveRsity* [Keenan et al., 2013], *poppr* [Kamvar et al., 2014] ve *PopGenReport* [Adamack and Gruber, 2014] yazılım paketleri kullanılarak elde edildi.

3.2.4.3.1. Heterozigotluk

Heterozigotluk derecesi, *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan *poppr* yazılım paketi [Kamvar et al., 2014] ile gözlenen (H_o) ve beklenen (H_e) heterozigotluk olmak üzere iki şekilde hesaplanmıştır. Gözlenen heterozigotluk; bir lokus için heterozigot olan bireylerin toplam birey sayısına olan oranıyla hesaplanmaktadır. Beklenen heterozigotluk (H_e) ise allel frekansı verileri kullanılarak belirlenmektedir [Nei, 1978]. Formül şu şekildedir;

$$H = 2N (1 - \sum x_i^2) / (2n - 1) \quad (3.1)$$

Burada N, birey sayısına eşittir ve x_i , bir SSR lokusundaki alel frekansına eşittir.

3.2.4.3.2. F-istatistiği ve Gen Akışı (N_m)

F istatistiği (F, fixation index); Hardy-Weinberg dengesinin beklenen heterozigotluk oranlarından homozigotlaşmaya doğru ne kadar sapma olduğunun derecesini ölçmektedir [Allendorf and Luikart, 2007]. F istatistik modeli; F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST} olmak üzere 3 parametreyi kapsamaktadır. 3 parametre arasındaki ilişki aşağıdaki gibi formüle edilmektedir [Nei, 1978; Hartl and Clark, 2007].

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) \cdot (1 - F_{ST}) \quad (3.2)$$

F_{IS} değeri, popülasyonlar içindeki rastgele olmayan çiftleşme nedeniyle bir bireyin beklenen heterozigotluğunun azalmasının ölçüsünü göstermektedir. F_{IT} değeri ise bir bireyin heterozigotluğunun toplam nüfusa göre azalmasının ölçüsünü göstermektedir. F_{ST} değeri, allel frekansları açısından popülasyonlar arasındaki farklılaşmanın derecesini göstermektedir [Allendorf and Luikart, 2007]. F istatistikleri; Weir ve Cockerham (1984) tarafından belirtilen yönteme göre *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan *pegas* yazılım paketi [Paradis, 2010] kullanılarak hesaplanmıştır [Weir and Cockerham, 1984].

Ek olarak, popülasyonların ikili olarak ne kadar farklılaştığını belirlemek için Nei tarafından geliştirilen yöntem ile ikili F_{ST} değerleri hesaplanmıştır [Nei, 1973]. Bu analiz için *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan *hierfstat* yazılım paketi [Goudet, 2005] kullanılmıştır.

Bir popülasyondaki bir bireyin başka bir popülasyona genetik faktör olarak ne kadar katkıda bulunduğu, gen akışı (N_m) değerinin analizi ile tahmin edilmektedir. N_m (gen akışı) değeri, Slatkin tarafından geliştirilmiş metod ile F_{ST} değerine bağlı olarak hesaplanmıştır [Slatkin, 1985].

$$Nm = \frac{\frac{1}{F_{ST}} - 1}{4} \quad (3.3)$$

3.2.4.3.3. Moleküler Genetik Verilerinin Varyans Analizi (AMOVA)

AMOVA analizi ile toplam genetik çeşitlilik, bileşenlerine ayrılarak genetik çeşitliliğin her bir faktörünün toplam varyasyondaki payı belirlenmiştir [Excoffier et al., 1992]. Popülasyonlardaki bireyler arasında, popülasyonlar arasında ve içinde

bulunan varyasyonunun dağılımı *R* istatistik programlama dili (3.3.2) üzerinde çalışan *poppr* yazılım paketi [Kamvar et al., 2014] ile tahmin edilmiştir.

3.2.4.4. Popülasyonların Genetik Yapısı

Örneklenen akkavak popülasyonlarının genetik yapısı ve kümelenme modelleri çeşitli analizlerle belirlenmiştir.

3.2.4.4.1. Structure Analizi

Structure analizi ile akkavak popülasyonlarını oluşturan bireylerin benzer grupları tespit edilmiştir. Bu analiz, model tabanlı bir Bayes kümeleme yaklaşımıdır. Modellemenin varsayımları, genotiplerin tek bir popülasyondan olup olmadığına ve ortak bir ataya sahip olup olmadıklarına veya karışık bir ataya sahip olup olmadıklarına dayanmaktadır [Pritchard et al., 2000]. Structure analizi, çok lokuslu genotiplerin bir koleksiyonundan genetik kümeler oluşturur ve birbirleriyle ilişkili olan bireylerin bulundukları kümelere doğru bir şekilde atamasını yapmaktadır [Pritchard et al., 2000; Rosenberg, 2004]. Küme sayısını (K) doğru tahmin etmek için özel bir istatistik yöntem (ΔK) kullanılmaktadır. K'nin gerçek değerine ulaşıldığında, ΔK net bir tepe noktası göstermektedir [Rosenberg, 2004].

Bu yöntemde ΔK 'yı hesaplamak için ilk olarak her bir K değeri için tekrarlama sayılarındaki ortalama olasılık $[L(K)]$ hesaplanmaktadır. Daha sonra K değerlerinin ardışık olabilirlik değerleri arasındaki ortalama fark $[L'(K)]$ tahmin edilip mutlak değer formülüyle hesaplanmaktadır. Bulunan bu değer, tekrarlama sayıları için hesaplanan $L(K)$ değerinin standart sapmasına bölünmektedir [Evanno et al., 2005].

$$L'(K) = L(K) - L(K - 1) \quad (3.4)$$

$$|L''(K)| = |L'(K + 1) - L'(K)| \quad (3.5)$$

$$\Delta K = m(|L''(K)|)/s[L(K)] \quad (3.6)$$

Popülasyonların genetik yapısını tanımlamak için Structure 2.3.4 bilgisayar paket programından yararlanılmıştır [Pritchard et al., 2010]. Programa veri girişinde kullanılan temsili dosya formatı Ek-A'da sunulmuştur.

3.2.4.4.2. Filogenetik Analiz

Akkavak popülasyonları arasındaki filogenetik ilişkiyi tahmin etmek için UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) [Sokal and Michener, 1958] yöntemi kullanılmıştır. UPGMA dendrogramı, *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan *poppr* yazılım paketi [Kamvar et al., 2014] kullanılarak çizilmiştir.

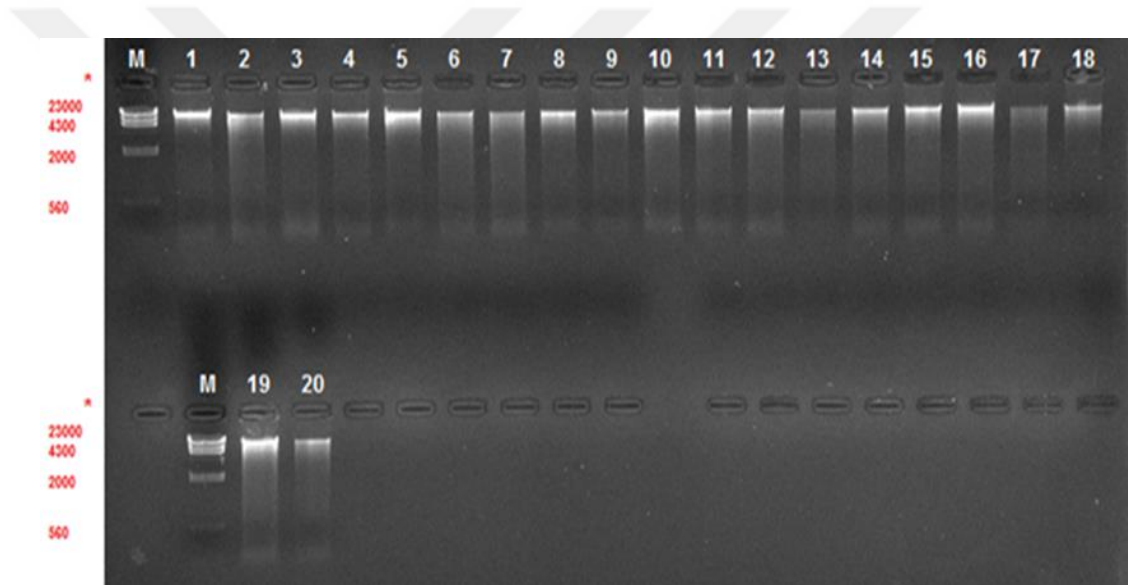
3.2.4.4.3. Temel Bileşenler Analizi

Akkavak popülasyonlarına ait bireylerin üç boyutlu düzlemdeki konumlarının belirlenmesi amacıyla PCA (Temel Bileşen Analizi) analizinden yararlanılmıştır. Bu analiz için yazılımdaki Simint modülü tarafından değişkenler arasındaki korelasyon matrisi hesaplanmaktadır. Yani, değişkenlere ait veriler kullanılarak çeşitli kombinasyonlar oluşturulmakta ve uygun bir koordinat sistemi seçilmektedir. PCA analizinde koordinat sistemi seçerken; verilerin en büyük değişiminde olan yön birinci eksen kabul edilmektedir. İkinci eksen olarak ise kalan verilerin en büyük değişiminde olan ve birinci eksene dikey olan yön seçilmektedir. Seçilen en büyük değişim yönleri temel bileşenler olarak adlandırılmaktadır [Dytham, 2003]. PCA analizi, *R istatistik programlama dili* (3.3.2) üzerinde çalışan *adeget* yazılım paketi [Jombart, 2008] ile yapılmıştır.

4. BULGULAR

4.1. DNA'ların Miktar ve Saflık Tayini

Akkavak bireylerinin DNA bantları agaroz jel elektroforez sisteminde çok net görüntülenmiştir. Edirne-Tunca nehri popülasyonuna ait DNA görüntüleri Şekil 4.1'de örnek olarak sunulmuştur. Ayrıca DNA'ların konsantrasyonları ve 260/280 nm dalga boylarındaki oranları spektrofotometre (*Thermo Scientific™ NanoDrop Lite*) ile belirlenmiş, PZR çalışmaları için yeterli miktarda ve saflıkta oldukları tespit edilmiştir (Tablo 4.1).



Şekil 4.1: Edirne-Tunca Nehri popülasyonuna ait bireylerin DNA jel görüntüsü. (*Belirteç: λ HindIII ile kesilmiş, M=Ladder.)

Tablo 4.1: İzole edilen DNA'ların miktarları ve 260/280 oranları.

Popülasyon: Samsun-Bafra					
Birey	DNA (ng/ μ L)	260/280	Birey	DNA (ng/ μ L)	260/280
1	109,1	2,01	11	99,4	1,82
2	87,7	1,97	12	127,4	2,00
3	131,5	2,07	13	281,5	2,06
4	134	2,02	14	286,7	2,07
5	189,5	2,03	15	161,6	2,00
6	137,2	2,00	16	122,9	2,01
7	162,4	2,02	17	184,4	2,03
8	171,1	2,00	18	103,9	1,99
9	391,2	2,07	19	280,4	2,06
10	298,1	2,09	20	304,3	2,04

Tablo 4.1: Devam.

Popülasyon: Balıkesir-Susurluk					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	153	1,94	9	149,2	2,00
2	124,5	1,90	10	109,8	1,96
3	234,2	2,01	11	213,5	2,06
4	279,6	2,07	12	183,1	1,99
5	182	2,02	13	140,8	1,95
6	144,2	2,00	14	68,5	1,84
7	109,5	1,97	15	121	2,05
8	112,1	1,84			
Popülasyon: Bursa-Karacabey					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	119,7	1,90	11	113,1	2,03
2	160	1,98	12	109,7	2,03
3	87,8	1,85	13	98,4	2,01
4	122,6	2,01	14	87,9	1,98
5	226,1	1,98	15	77,3	1,94
6	236,2	2,02	16	96,5	1,93
7	39,3	1,94	17	102,9	1,94
8	149	1,98	18	166,3	2,03
9	68,9	1,92	19	69,6	2,05
10	129	2,00	20	88,3	1,96
Popülasyon: Erzurum-Oltu					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	33,1	1,86	7	65,9	1,84
2	64,8	1,77	8	47,6	1,83
3	64,4	1,81	9	44,6	1,81
4	47,1	1,77	10	41,9	1,75
5	59	1,79	11	79,5	1,83
6	66,7	1,88			
Popülasyon: Eskişehir-Porsuk Çayı					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	584,4	2,08	11	269,6	2,03
2	715,8	2,05	12	136,7	2,01
3	155,9	2,02	13	408,8	2,09
4	207,5	1,90	14	235,2	1,98
5	264,9	2,01	15	238,6	2,26
6	406,9	2,02	16	186,6	1,81
7	132,4	2,03	17	122,6	2,15
8	193,8	1,91	18	448,6	2,07
9	164,5	1,99	19	175,4	1,93
10	154,8	2,04	20	510	2,02
Popülasyon: İstanbul-Bahçeköy					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	56	1,87	11	111,9	1,99
2	244,4	1,99	12	137,4	1,89
3	166,5	1,93	13	113,1	1,92

Tablo 4.1: Devam.

4	165	1,97	14	72,4	1,90
5	50,8	1,91	15	166,7	2,01
6	82,1	1,88	16	137,3	1,97
7	120,4	1,91	17	128,7	2,02
8	116,8	1,94	18	211,1	1,92
9	79,3	1,86	19	104,4	1,91
10	121,7	1,99	20	126,3	1,96
Popülasyon: Edirne-Tunca Nehri					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	82,5	1,81	11	65	1,81
2	75,2	1,80	12	89,1	1,78
3	100	1,83	13	40,1	1,85
4	61,7	1,80	14	67,9	1,79
5	98,2	1,84	15	72,2	1,78
6	72,4	1,81	16	117,7	1,82
7	58,4	1,79	17	58,3	1,81
8	69,7	1,79	18	51,9	1,78
9	44,6	1,80	19	103,6	1,79
10	95	1,84	20	44,5	1,82
Popülasyon: Kayseri-Akköy					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	40	1,86	11	132,4	1,92
2	67,3	1,90	12	59,1	1,89
3	79,1	1,86	13	70,6	1,86
4	62,8	1,77	14	81,7	1,95
5	80,9	1,89	15	62,3	1,94
6	75,2	2,00	16	52,1	1,83
7	31,4	1,83	17	86,7	1,99
8	92,8	1,98	18	36	1,83
9	64,6	1,87	19	85,3	1,90
10	82	1,97			
Popülasyon: Konya-Merem					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	79,7	1,95	11	146,9	1,97
2	92,3	2,02	12	141,3	2,00
3	111,4	1,91	13	247,8	2,01
4	237,6	2,00	14	117,3	1,99
5	105,6	1,79	15	272,1	2,04
6	92,2	1,68	16	130,5	2,00
7	156,9	2,02	17	208,4	2,08
8	74,5	1,82	18	140,6	2,00
9	135,3	1,93	19	73,1	1,91
10	200,4	2,02	20	218,4	2,08
Popülasyon: Sakarya-Geyve					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	146	2,03	11	261,3	2,07
2	78,4	2,04	12	164,1	2,03

Tablo 4.1: Devam.

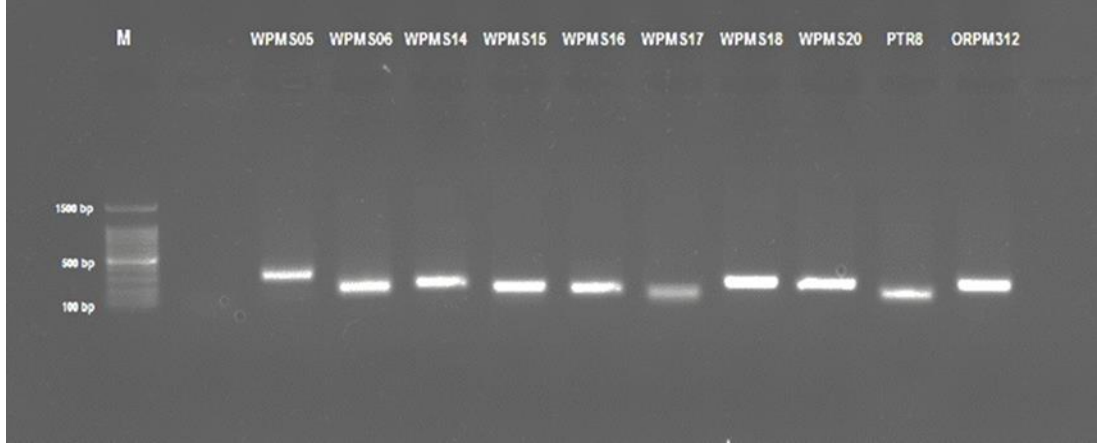
3	254	2,06	13	109,1	2,01
4	129	1,97	14	87,3	1,87
5	78,1	1,95	15	187,9	2,06
6	387,5	2,09	16	126,8	2,01
7	104,6	2,03	17	146,3	1,96
8	206,5	2,07	18	156,9	2,04
9	167,5	2,04	19	170,3	2,05
10	179,3	1,98	20	236,2	2,04
Popülasyon: Sakarya-Sakarya Nehri					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	76,2	1,77	11	89,7	1,75
2	83,9	1,75	12	81	1,73
3	91,7	1,77	13	101,7	1,83
4	44,1	1,70	14	74,4	1,73
5	92,4	1,81	15	62,6	1,73
6	78,4	1,68	16	91,6	1,78
7	65	1,89	17	129,2	1,83
8	114	1,78	18	76,2	1,83
9	51,5	1,81	19	69,3	1,80
10	84,2	1,67	20	121,7	1,93
Popülasyon: Tekirdağ-Malkara					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	99,7	1,80	11	96,6	1,78
2	73,3	1,80	12	124,4	1,79
3	97,7	1,79	13	50,4	1,74
4	64,3	1,76	14	103,8	1,80
5	95,2	1,82	15	88,9	1,70
6	155,2	2,00	16	98	1,79
7	98,1	1,80	17	130,3	1,73
8	102	1,80	18	187,3	2,01
9	63,3	1,76	19	38,5	1,73
10	77,8	1,80	20	77,2	1,71
Popülasyon: Bursa-İznik					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	58,8	1,78	11	131	2,08
2	48,1	1,76	12	112	2,07
3	116	1,90	13	61	1,92
4	120	1,95	14	237	2,00
5	63	2,08	15	78	1,88
6	120	2,10	16	94	1,90
7	54	1,98	17	45	1,91
8	78	1,96	18	51	2,15
9	125	1,75	19	76,4	1,91
10	110	1,96	20	69	1,79
Popülasyon: Kastamonu-Samatlar					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	116	2,02	11	298	2,03

Tablo 4.1: Devam.

2	53	2,00	12	187	1,99
3	78	2,02	13	233	2,04
4	78	2,07	14	344	2,01
5	92	2,16	15	152	2,01
6	100	1,96	16	380	2,06
7	39	2,21	17	203	2,06
8	112	1,96	18	112	1,99
9	188	2,06	19	128,5	2,06
10	298	2,02	20	208,5	2,03
Popülasyon: Kocaeli-İzmit					
Birey	DNA (ng/μL)	260/280	Birey	DNA (ng/μL)	260/280
1	114,9	1,94	11	74	1,85
2	154,9	2,03	12	131,1	2,14
3	40,2	1,85	13	63,3	1,82
4	81,6	1,84	14	173,2	1,99
5	77,5	1,86	15	127,4	1,92
6	104,9	1,90	16	76,9	1,93
7	147,2	1,95	17	319,7	2,06
8	148,6	2,08	18	241,9	2,05
9	71,3	1,89	19	230,2	2,05
10	46,6	1,86	20	73,3	2,13

4.2. PZR Reaksiyonu

Akkavak bireylerinin yapraklarından DNA izolasyonu yapıldıktan sonra metot aşamasında bahsedildiği gibi 10 SSR lokusuyla PZR analizleri yapılmıştır. PZR amplifikasyon ürünleri agaroz jel elektroforezi ile gözlemlenen net bantlar vermiş, böylece fragment analizine gönderilmeleri için doğru baz çifti aralığında ve yeterli miktarda oldukları belirlenmiştir. Kullanılan 10 SSR primerinin PZR ürününü gösteren temsili fotoğraf Şekil 4.2'de sunulmuştur.



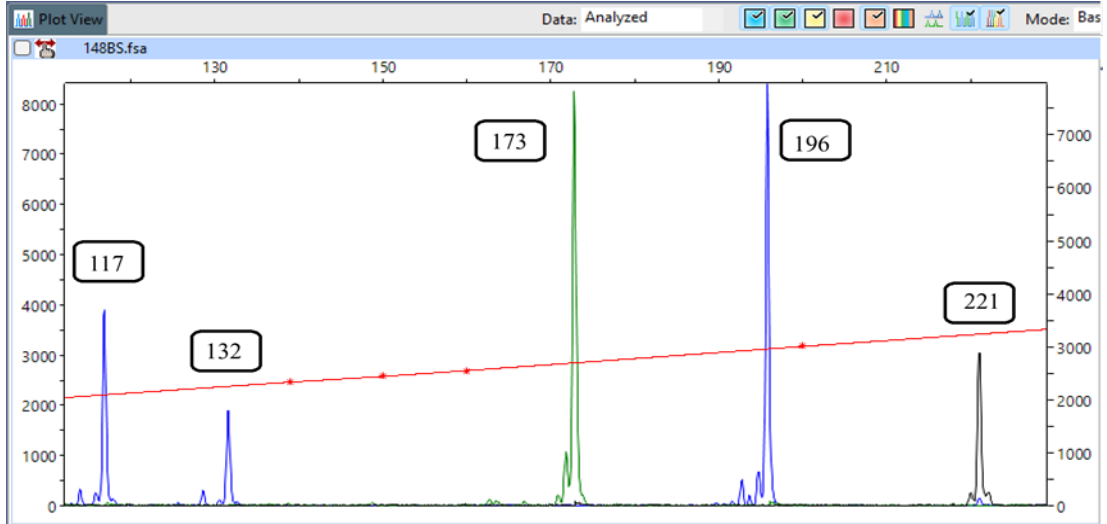
Şekil 4.2: Kullanılan SSR primerlerinin PZR sonrası örnek jel görüntüsü. (M=100bp DNA Marker.)

4.3. SSR Lokuslarına Ait Allel Büyüklüklerinin Belirlenmesi

Analiz sonuçlarına göre, lokuslar için tespit edilen aleller Tablo 4.2'de gösterilmiştir. WPMS05 lokusunda 298-315, WPMS06 lokusunda 166-176, WPMS14 lokusunda 206-245, WPMS15 lokusunda 184-211, WPMS16 lokusunda 167-197, WPMS17 lokusunda 108-163, WPMS18 lokusunda 215-230, WPMS20 lokusunda 221-229, PTR 8 lokusunda 132-142 ve ORPM312 lokusunda 229-245 baz çifti aralığında yer alan aleller belirlenmiştir. Kapiller elektroforez kullanılarak lokuslara özgü allel profilleri başarılı bir şekilde belirlenmiş ve her lokusa özgü homozigot ve heterozigot aleller saptanmıştır. Şekil 4.3'te gösterilen elektroferogram bu analize örnek olarak verilmiştir. Bu durum, tezin metodolojik aşamalarında etkili bir optimizasyonun gerçekleştirildiğini göstermektedir.

Tablo 4.2: Lokuslarda gözlenen allel büyüklükleri.

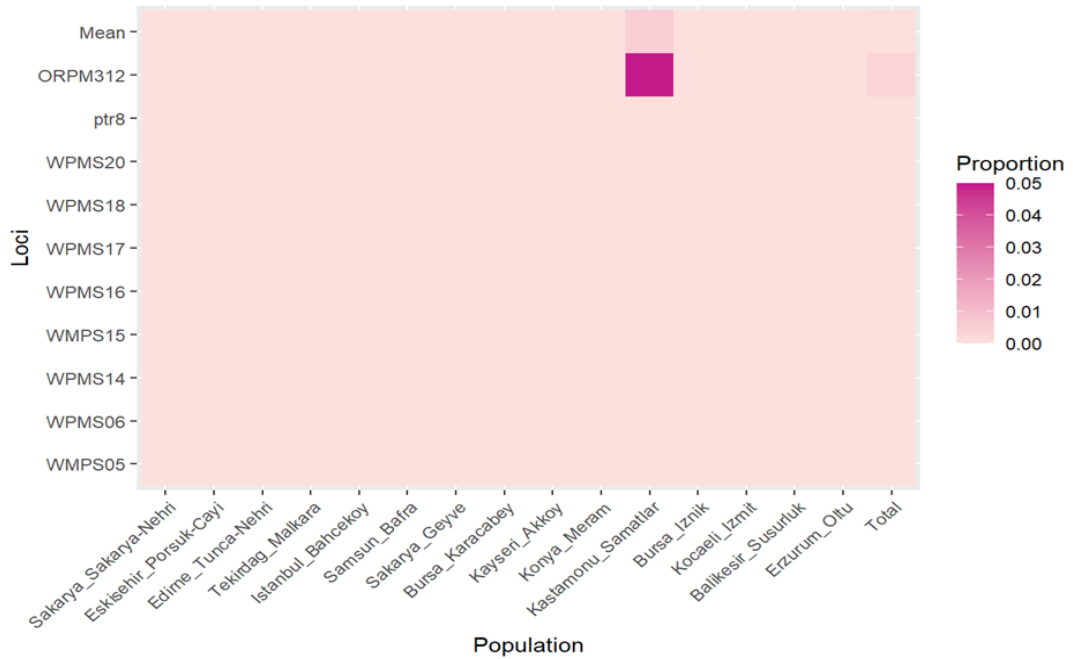
Lokuslar	Lokuslarda Bulunan Allel Büyüklükleri (bp)
WPMS05	298, 300, 302, 304, 306, 309, 311, 313, 315
WPMS06	166, 170, 172, 174, 176
WPMS14	206, 209, 212, 221, 224, 227, 230, 233, 236, 239, 245
WPMS15	184, 187, 190, 193, 196, 199, 202, 205, 211
WPMS16	167, 173, 179, 185, 197
WPMS17	108, 117, 120, 123, 126, 132, 138, 141, 163
WPMS18	215, 218, 221, 224, 227, 230
WPMS20	221, 227, 229
PTR 8	132, 134, 136, 138, 140, 142
ORPM312	229, 231, 233, 235, 237, 239, 241, 243, 245



Şekil 4.3: Çalışmada kullanılan 4 farklı SSR lokusunun (WPMS15, WPMS16, WPMS17, WPMS20) elektroferogram örneği (Kutulardaki sayılar ilgili fragmentlerin boyutlarını göstermektedir).

4.4. Popülasyonlardaki Kayıp Veri Oranları

15 akkavak popülasyonunda yalnızca Kastamonu-Samatlar popülasyonunun ikinci bireyinde ORPM312 lokusunda bir veri kaybı tespit edilmiştir. Şekil 4.4'te, akkavak popülasyonlarının incelenen lokuslardaki kayıp veri oranları gösterilmiştir.



Şekil 4.4: Akkavak popülasyonlarının incelenen lokuslardaki kayıp veri oranları.

4.5. Lokuslara Ait Genetik Çeşitlilik Parametreleri

Tez çalışmasında kullanılan SSR lokuslarına ait genetik çeşitlilik parametreleri; allel sayıları, gözlenen ve beklenen heterozigotluk oranları, sessiz (null) allel frekansları, N_m , F_{IT} , F_{ST} ve F_{IS} değerleri, Tablo 4.3'te sunulmuştur.

Tablo 4.3: 10 SSR lokusuna ait hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.

Lokus	Allel sayısı	H_o	H_e	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}	N_m	Null Allel
WPMS05	9	0.70	0.78	0.12	0.19	-0.09	1.04	0.06
WPMS06	5	0.47	0.65	0.29	0.20	0.12	1.03	0.16
WPMS14	11	0.65	0.73	0.12	0.20	-0.10	1.02	0.06
WPMS15	9	0.68	0.75	0.10	0.15	-0.05	1.44	0.05
WPMS16	5	0.25	0.28	0.14	0.37	-0.37	0.42	0.06
WPMS17	8	0.58	0.62	0.09	0.22	-0.16	0.90	0.04
WPMS18	6	0.57	0.61	0.07	0.15	-0.10	1.38	0.03
WPMS20	3	0.04	0.07	0.51	0.76	-1.00	0.08	0.32
PTR 8	6	0.45	0.51	0.13	0.28	-0.20	0.66	0.06
ORPM312	9	0.60	0.82	0.28	0.21	0.09	0.93	0.15
Ortalama	7.1	0.50	0.58	0.19	0.27	-0.19	0.89	0.10

Lokusların tanımlayıcı istatistiklerine göre 10 SSR lokusunun da polimorfik olduğu gözlemlenmiştir. Lokus başına düşen allel sayısı ortalama 7.1 olarak tespit edilmiştir. Allel sayısının en fazla olduğu lokus WPMS14 (11), en az olduğu lokus ise WPMS20 (3) olarak belirlenmiştir (Tablo 4.3).

Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk seviyeleri sırasıyla 0.50 ve 0.58 bulunurken, lokusların gözlenen heterozigotlukları 0.04 ile 0.70 ve beklenen heterozigotlukları 0.07 ile 0.82 değer aralığında değişmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı olan F_{IS} 'nin ortalama değeri -0.19 olarak belirlenmiş ve -1 ile 0.12 değerleri arasında değişim göstermiştir. Genel olarak F_{IS} değerlerinin negatif olması, popülasyonlardaki heterozigotluk fazlalığına işaret etmektedir. Ortalama F_{IS} değerinin -0.19 olması popülasyonlarda heterozigotların beklenenden %19 daha yüksek olduğunu göstermektedir. Ortalama F_{IT} değeri ise 0.19 olarak belirlenmiş, lokuslar incelendiğinde 0.07 ile 0.29 değerleri arasında olduğu belirlenmiştir. F_{ST}

değeri, lokuslar bazında bakıldığında ortalama 0.27 olarak bulunmuş ve böylece popülasyonlar arasındaki genetik farklılığın çok yüksek düzeyde olduğu tespit edilmiştir.

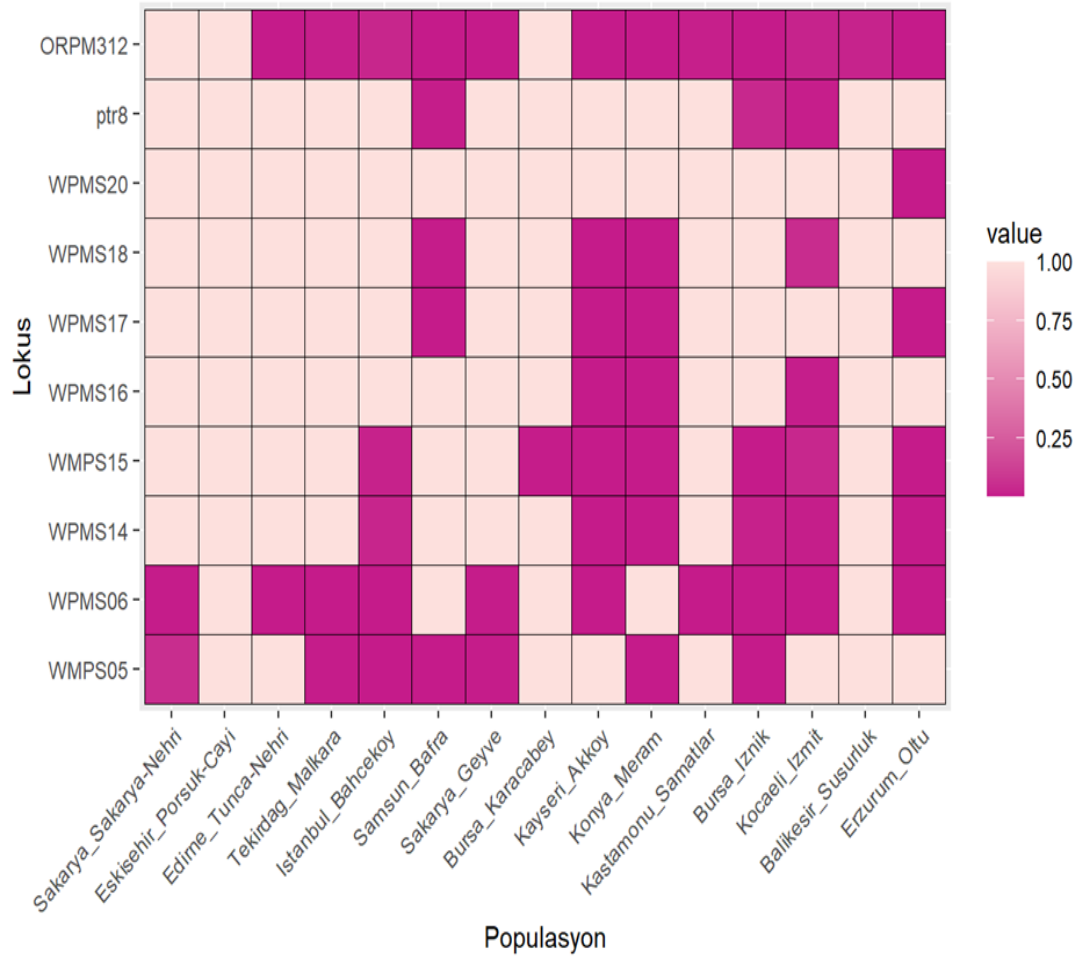
Gen akışını ifade eden N_m değeri, lokuslar bazında ortalama 0.89 olarak belirlenmiştir. Bu değer, her bir kuşakta yaklaşık olarak 1 bireyin göç ettiğini göstermektedir.

Null allel frekansları, 0.03 (WPMS18) ile 0.32 (WPMS20) değerleri arasında tespit edilmiştir. Tahmin edilen değerlere göre, Chapuis ve arkadaşları (2008) tarafından üst sınır olarak kabul edilen 0.19 değerinin üzerinde bir lokus bulunmuştur. Böylece, WPMS20 lokusunun null allel olduğundan şüphelenilmiştir ve bu lokus olmadan yapılan istatistik analizlerde sonuçların değişmediği gözlemlenmiştir. Dolayısıyla istatistik analizlere WPMS20 lokusu dahil edilmiştir.

4.6. Hardy-Weinberg Dengesi (HWE)

Popülasyonların hangi lokuslar bakımından Hardy-Weinberg dengesinden anlamlı bir şekilde sapma gösterdiği şema Şekil 4.5'te sunulmuştur. Eskişehir-Porsuk Çayı popülasyonunun incelenen bütün lokuslar için Hardy-Weinberg dengesinde olduğu tespit edilmiştir. Diğer popülasyonlarda ise incelediğimiz lokuslar bakımından en fazla sapma gösteren popülasyonlar şunlardır: Kayseri-Akköy (7), Konya-Meram (7), Kocaeli-İzmit (7), Erzurum-Oltu (6) ve Bursa-İznik (6).

Analiz sonuçlarına göre, genel olarak akkavak popülasyonlarının Hardy-Weinberg dengesinden anlamlı bir şekilde sapma eğiliminde olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.5: Popülasyonlara göre lokuslar bazında tahmin edilen HWE analizleri ($p \leq 0.05$).

4.7. Popülasyonlara Ait Genetik Çeşitlilik Parametreleri

Tez çalışmasında, örneklenen 15 farklı akkavak popülasyonu için popülasyonlar düzeyinde çeşitli genetik parametreler hesaplanmıştır. Bu parametreler; genotip sayısı, ortalama allel sayısı, özgün (private) allel sayısı ve beklenen-gözlenen heterozigotluk oranlarını içermektedir (Tablo 4.4).

Tablo 4.4: 15 Akkavak popülasyonuna ait hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri.

Popülasyon	Örnek sayısı	Genotip Sayısı	Ortalama Allel	H_e	H_o	Özgün Allel
Sakarya-Sakarya Nehri	20	20	4	0.50	0.49	0
Eskisehir-Porsuk Cayi	20	19	4	0.50	0.54	1
Edirne-Tunca Nehri	20	20	4.3	0.56	0.47	2
Tekirdag-Malkara	20	18	4.4	0.55	0.48	2
İstanbul-Bahcekoy	20	15	3.2	0.44	0.42	1
Samsun-Bafra	20	9	4.1	0.46	0.47	5
Sakarya-Geyve	20	20	3.7	0.46	0.48	0
Bursa-Karacabey	20	20	4	0.50	0.47	1
Kayseri-Akkoy	19	2	2	0.38	0.68	0
Konya-Meram	20	2	2.2	0.32	0.49	0
Kastamonu-Samatlar	20	20	3.3	0.45	0.41	1
Bursa-Iznik	20	7	3.3	0.49	0.53	2
Kocaeli-Izmit	20	11	3.6	0.48	0.46	0
Balikesir-Susurluk	15	12	3.5	0.53	0.57	0
Erzurum-Oltu	11	1	1.6	0.31	0.60	2
Ortalama	19	13	3.41	0.46	0.50	1.13

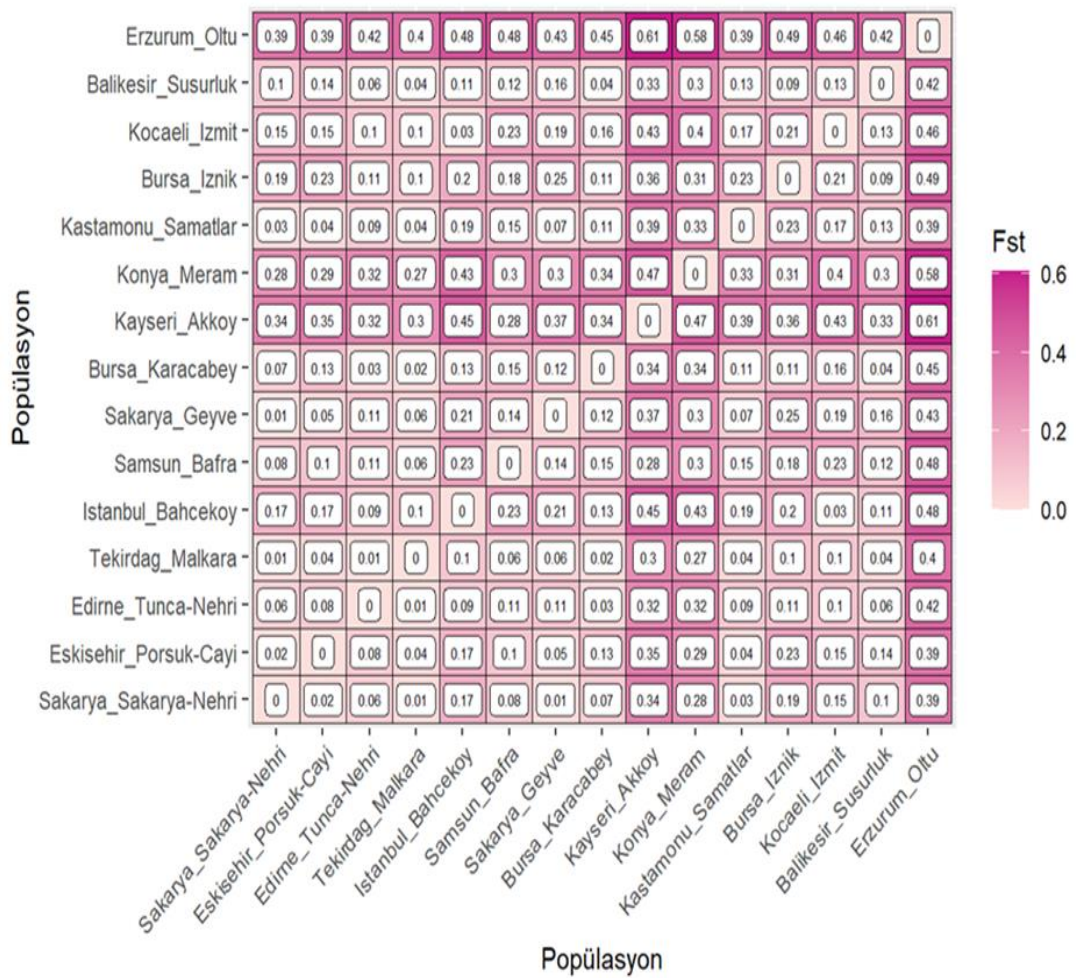
Popülasyonlar düzeyinde ilk olarak klon veri durumu incelenmiş ve bazı popülasyonlarda genotip sayısının düşük olduğu, dolayısıyla klon sayısının yüksek olduğu tespit edilmiştir. Bu popülasyonlar şunlardır: Erzurum-Oltu (1), Kayseri-Akköy (2), Konya-Meram (2), Bursa-İznik (7), Samsun-Bafra (9), Kocaeli-İzmit (11).

En yüksek ortalama allel sayısına sahip olan popülasyonlar Tekirdağ-Malkara (4.4) ve Edirne-Tunca Nehri (4.3) iken, en düşük ortalama allel sayısına sahip olan popülasyon ise Erzurum-Oltu (1.6) olarak bulunmuştur. Ayrıca, popülasyonlar için hesaplanan ortalama özgün allel sayısı ise 1.13 olup, en fazla özgün allel sayısı ise Samsun-Bafra (5) popülasyonunda gözlemlenmiştir.

Popülasyonlar bazında ortalama gözlenen (H_o) ve beklenen (H_e) heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.50 ve 0.46 olarak belirlenmiştir. H_o değeri; en düşük Kastamonu-Samatlar (0.41), en yüksek ise Kayseri-Akköy (0.68) popülasyonunda tespit edilmiştir. H_e değeri ise en düşük 0.31 değeri ile Erzurum-Oltu popülasyonunda, en yüksek ise 0.56 değeri ile Edirne-Tunca Nehri popülasyonunda bulunmuştur.

4.8. Popülasyonlar Arasındaki Farklılaşmanın İncelenmesi

Popülasyonlar arasında hesaplanan ikili F_{ST} değerleri Şekil 4.6’da sunulmuştur. Elde edilen sonuçlara göre; ikili F_{ST} değerlerinin 0.01 ile 0.61 aralığında değiştiği belirlenmiş ve en yüksek farklılaşmanın ise Erzurum-Oltu ile Kayseri-Akköy popülasyonları arasında (0.61) olduğu gözlemlenmiştir. Ayrıca Erzurum-Oltu, Kayseri-Akköy ve Konya-Merem popülasyonları diğer popülasyonlardan belirgin bir şekilde yüksek düzeyde farklılaşma sergilemiştir.

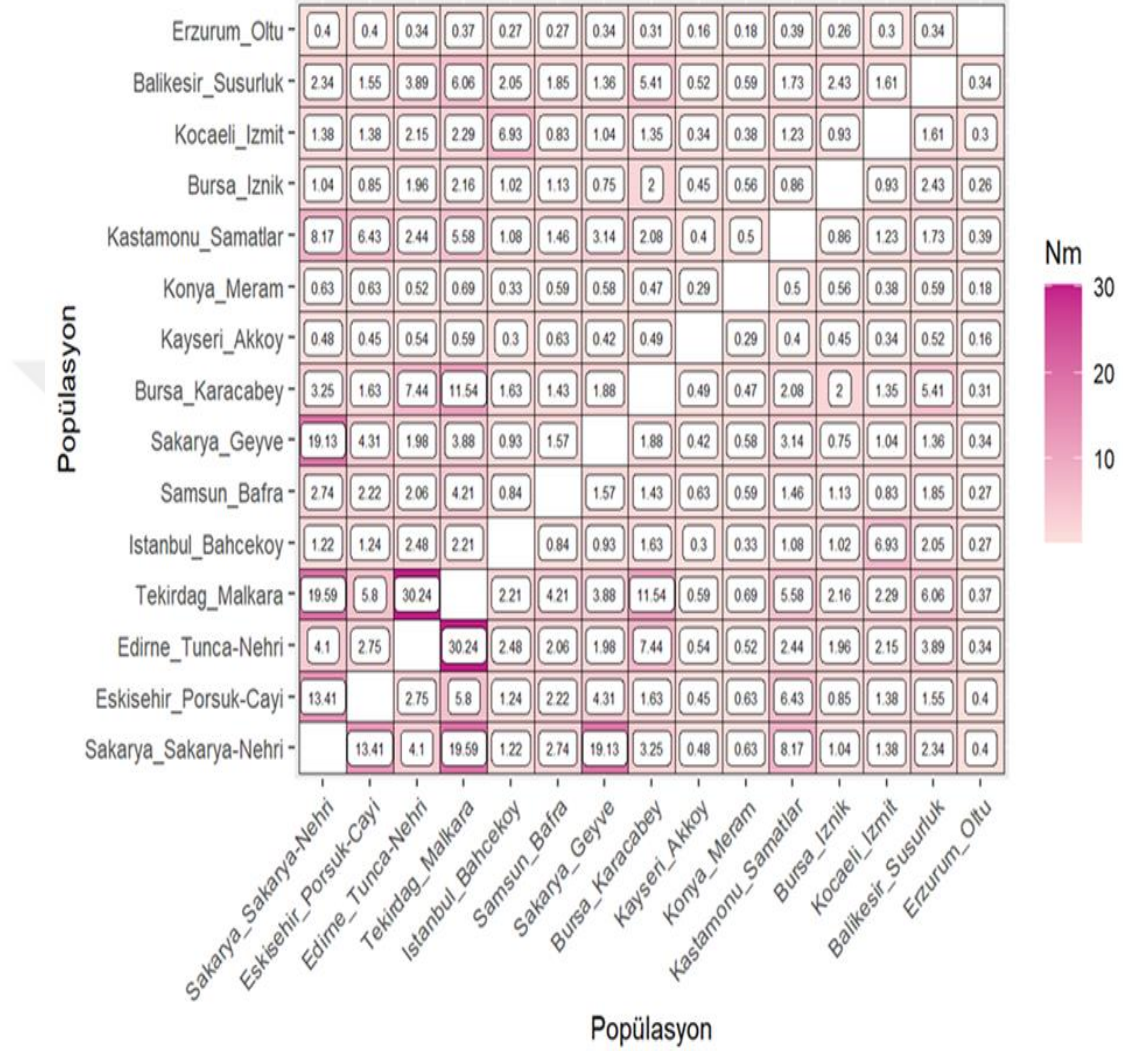


Şekil 4.6: Popülasyonlar için tahmin edilen ikili F_{ST} değerleri.

4.9. Popülasyonlar Arasındaki Gen Akışının İncelenmesi

Popülasyonlar arasındaki N_m değerleri incelendiğinde; en düşük Erzurum-Oltu ile Kayseri-Akköy popülasyonları arasında (0.16) ve en fazla ise Tekirdağ-Malkara ile

Edirne-Tunca Nehri popülasyonları arasında (30.24) olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.7). Genel olarak gen akış oranının coğrafi mesafesi yakın olan popülasyonlar arasında yüksek olduğu, uzak olan popülasyonlar arasında ise azaldığı tespit edilmiştir.



Şekil 4.7: Popülasyonlar arasında tahmin edilen gen akış (N_m) oranları.

4.10. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)

AMOVA analizine ait sonuç Tablo 4.5'te sunulmuştur. AMOVA sonuçlarına göre genetik varyasyonun %21.23'ü popülasyonlar arasında, %0'ı (-5.43) popülasyonlardaki bireyler arasında ve %84.20'si popülasyonlar içinde olduğu belirlenmiştir. Toplam genetik varyasyonun önemli bir kısmı popülasyonlar içinde olduğu görülmüştür.

AMOVA analizinde çalışma prensibi olarak rastgele değişkenler kullanılmakta ve bu nedenle popülasyonlardaki bireyler arasında olduğu gibi varyasyon yüzdesindeki hafif negatif değerler sıfır olarak kabul edilmektedir [Schneider et al., 2000].

Tablo 4.5: 15 Akkavak popülasyonu için elde edilen AMOVA analizi sonucu.

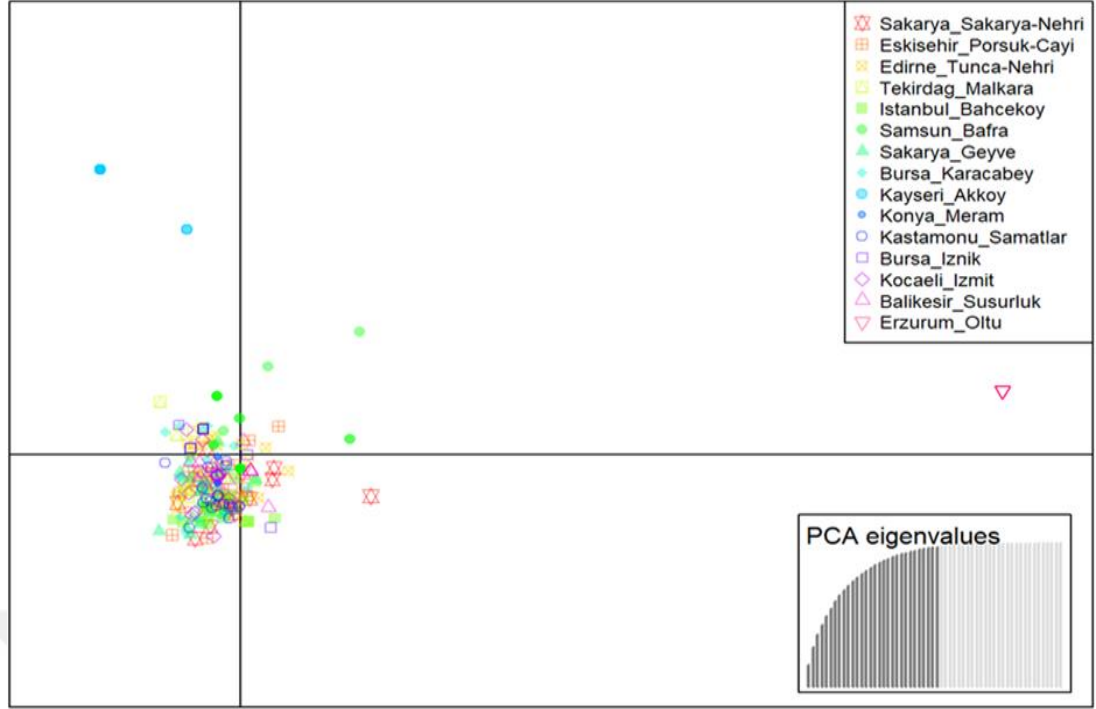
Varyasyon kaynağı	df	Kareler toplamı	Kareler ortalaması	Sigma	Toplam varyasyon (%)
Popülasyonlar arasında	14	728.3424	52.02446	1.2563881	21.23
Popülasyonlardaki bireyler arasında	270	1171.7052	4.339649	-0.3215882	-5.43
Popülasyonlar içinde	285	1420.1052	4.982825	4.9828254	84.20
Toplam	569	3320.1529	5.835067	5.9176252	100

df serbestlik derecesi. Permutasyon sayısı = 1000. $p < 0.05$

4.11. Popülasyonların Genetik Kümeleme Analizleri

4.11.1. Temel Bileşenler Analizi (PCA)

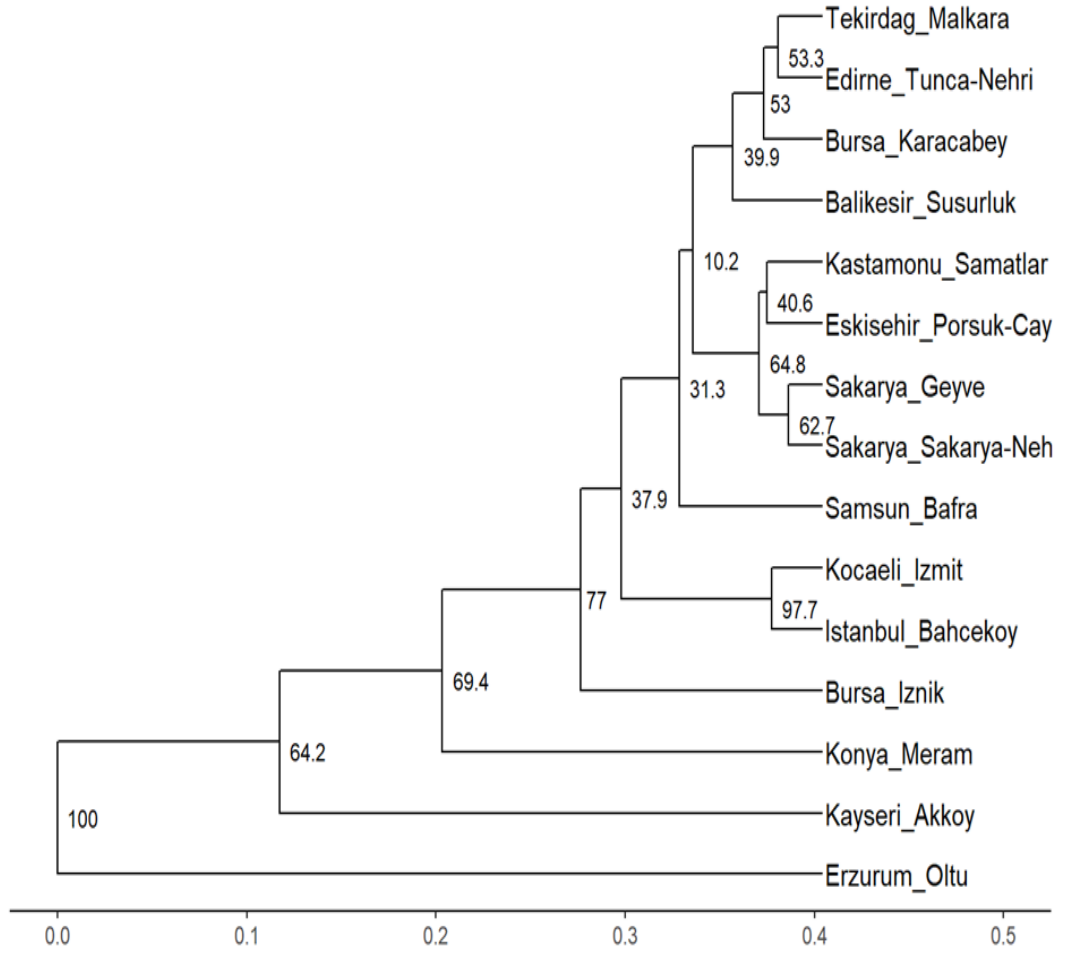
Akkavak bireylerinin analizi ile elde edilen PCA analizine ait grafik, Şekil 4.8'te sunulmuştur. PCA analizi sonuçlarına göre, Erzurum-Oltu ve Kayseri-Akköy popülasyonlarına ait bireylerin diğerlerinden uzakta gruplandığı belirlenmiştir. Geriye kalan popülasyonlar ise birbirlerine yakın gruplanmıştır. Ancak, Samsun-Bafra popülasyonuna ait bazı bireylerin ve Sakarya-Sakarya Nehri popülasyonuna ait bir bireyin kalan popülasyonlardan biraz daha uzakta konumlandığı tespit edilmiştir.



Şekil 4.8: Akkavak bireyleri için tahmin edilen PCA gruplaması.

4.11.2. Filogenetik Analiz

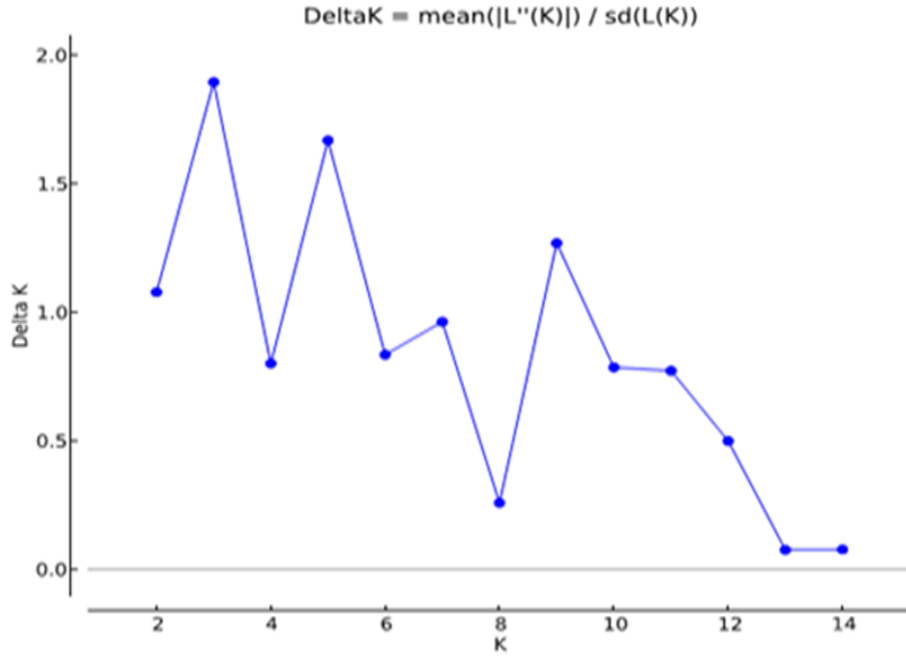
UPGMA sonuçlarına göre dendrogram üzerinde iki ana küme oluşmuştur (Şekil 4.9). Erzurum-Oltu popülasyonunun %100 oranıyla diğer popülasyonlardan ayrı bir grup oluşturduğu belirlenmiştir. Dendrogramın ikinci dalı incelendiğinde; birinci kümede Kayseri-Akköy popülasyonunun %61.1, ikinci kümede Konya-Meram popülasyonunun %67.9, üçüncü kümede Bursa-İznik popülasyonunun %78.5 ve dördüncü kümede Kocaeli-İzmit ve İstanbul-Bahçeköy popülasyonlarının %37.3 oranıyla diğer popülasyonlardan ayrı bir grup oluşturduğu gözlemlenmiştir. Kalan popülasyonlar incelendiğinde ise genel olarak coğrafik olarak yakın olan popülasyonların beraber kümelandikleri tespit edilmiştir.



Şekil 4.9: 15 Akkavak popülasyonunun UPGMA dendrogramı.

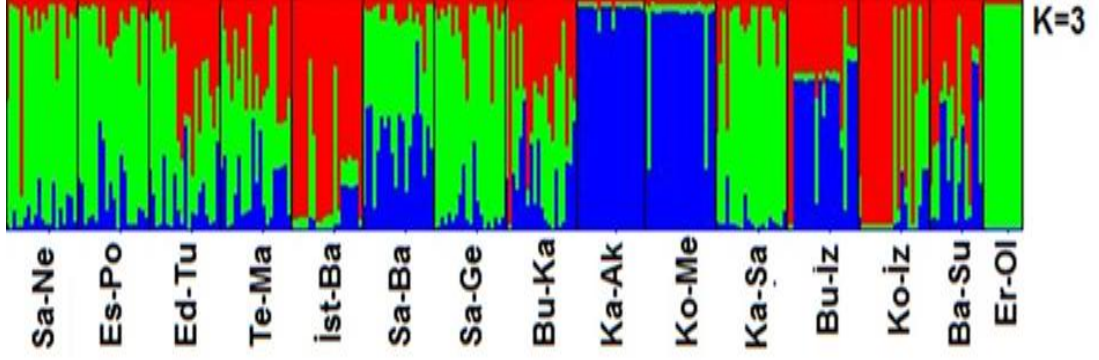
4.11.3. Genetik Yapı Analizi (Structure)

Örneklenen akkavak popülasyonlarını temsil eden genetik küme sayısı, gerçek popülasyon yapısını anlamak için popülasyonlarla ilgili ön bilgi verilmeden tahmin edilmiş ve popülasyonları en iyi ayıran K değeri 3 olarak belirlenmiştir (Şekil 4.10).



Şekil 4.10: 15 Akkavak popülasyonu için tahmin edilen DeltaK ve K değerlerinin grafiği.

K=3'teki popülasyon yapısı incelendiğinde, Erzurum-Oltu popülasyonunun diğerlerinden farklı ve homojen bir genetik yapıya sahip olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, Konya-Meram ve Kayseri-Akköy popülasyonlarının benzer bir genetik yapıyı temsil ettiği belirlenmiştir. Popülasyonların kümelenme oranlarına göre, Bursa-İznik popülasyonunun da diğer popülasyonlardan farklı genetik yapıda olduğu tespit edilmiştir. İstanbul-Bahçeköy ve Kocaeli-İzmit popülasyonları 3 farklı kümeden köken almış olsa da ikisinde de benzer genetik yapıyla kırmızı renkli kümenin daha baskın olduğu gözlemlenmiştir. Ayrıca Tekirdağ-Malkara, Edirne-Tunca Nehri, Bursa-Karacabey ve Balıkesir-Susurluk popülasyonlarının benzer üyelik değerleriyle aynı genetik yapıyı temsil ettiği belirlenmiştir. Sakarya-Sakarya Nehri, Sakarya-Geyve, Eskişehir-Porsuk Çayı ve Kastamonu-Samatlar popülasyonlarının ise benzer ve Samsun-Bafra popülasyonunun da bu popülasyonlara yakın genetik yapıya sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu gruplaşmaları gösteren şema Şekil 4.11'de sunulmuştur.



Şekil 4.11: 285 Akkavak genotipinin Structure analizi sonucunda elde edilen küme üyeliğinin grafiksel gösterimi (K değeri 3). Her renk farklı bir kümeyi temsil etmekte ve siyah çizgiler popülasyonları ayırmaktadır. Sa-Ne=Sakarya-Sakarya Nehri, Es-Po=Eskişehir-Porsuk Çayı, Ed-Tu=Edirne-Tunca Nehri, Te-Ma=Tekirdağ-Malkara, İst-Ba=İstanbul-Bahçeköy, Sa-Ba=Samsun-Bafra, Sa-Ge=Sakarya-Geyve, Bu-Ka=Bursa-Karacabey, Ka-Ak=Kayseri-Akköy, Ko-Me=Konya-Meram, Ka-Sa=Kastamonu-Samatlar, Bu-İz=Bursa-İznik, Ko-İz=Kocaeli-İzmit, Ba-Su=Balıkesir-Susurluk, Er-Ol=Erzurum-Oltu.

5. TARTIŞMA

5.1. Kullanılan Mikrosatelit Lokuslarının Genetik Çeşitlilik Parametrelerinin Değerlendirilmesi

Bu çalışmada, 15 akkavak popülasyonunun genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla 10 SSR lokusu (WPMS05, WPMS06, WPMS14, WPMS15, WPMS16, WPMS17, WPMS18, WPMS20, PTR8, ORPM312) kullanılmıştır. Seçilen lokusların tamamı çalışılan popülasyonlarda polimorfik özellik göstermiştir. *Populus alba*'nın 285 bireyinde yapılan analizler, ortalama allel sayısının 7.1 olduğunu ortaya koymuştur. Literatürde yapılan çalışmalara bakıldığında zaman lokus başına düşen ortalama allel sayısının 4.5-6.3 aralığında değerler aldığı görülmüştür [Lexer et al., 2005; Brundu et al., 2008; Castiglione et al., 2010; Fussi et al., 2011; Dering et al., 2015]. Bu değer diğer çalışmalardan daha yüksek olması daha geniş örnekleme alanı ile ilişkilendirilebilir.

En yüksek allel sayısı WPMS14 (11) lokusunda en az ise WPMS20 (3) lokusunda tespit edilmiştir. Ayrıca, bireylerin çoğunluğunun WPMS20 lokusunda tespit edilen 221 bç boyutundaki bir allel için homozigot olduğu gözlemlenmiştir (istisnalar: Erzurum-Oltu). WPMS20 lokusunun homozigot olma hali, akkavakla ilgili yapılan önceki genetik çalışmalarda da tespit edilmiştir [Brundu et al., 2008-219bç; Fussi et al., 2011-235bç]. Ek olarak, WPMS20 lokusunun *P. deltoides* ve *P. tremuloides* için tür spesifik allel oluşturduğu bildirilmiştir [Fossati et al., 2003; Liesebach et al., 2010]. Bu durum, WPMS20 lokusunun *Populus alba* için de tür spesifik allel oluşturma ihtimalini düşündürmektedir ve bahsedilen hipotezi desteklemek üzere ek çalışmalar yapılabilir.

Heterozigotluk değeri, genetik çeşitliliğin önemli bir ölçüsüdür [Slatkin and Barton, 1989]. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk seviyeleri sırasıyla lokuslar bazında 0.50 ile 0.58 olarak bulunmuştur. Bu sonuçlara göre, örneklenen akkavak popülasyonlarının genetik çeşitlilik seviyesinin nispeten yüksek düzeyde olduğu belirlenmiştir. Söğütgiller familyasındaki tüm türlerin dioik olmaları ve rüzgarla tozlaşmalarının etkisi, yüksek düzeyde heterozigotluk gözlenmesine yol açmaktadır [Cortan et al., 2016; Uluğ ve Özdemir-Değirmenci, 2023]. Ayrıca; bu durum incelenen tür için bir avantajdır. Çünkü; doğal seleksiyonlarda heterozigot bireyler homozigot

bireylere göre daha fazla hayatta kalma şansına sahiptir [Allendorf and Luikart, 2007]. Önceki çalışmalarda genel olarak bizim sonuçlarımızdan daha düşük polimorfizm seviyeleri bildirilmiştir, bu değerler sırasıyla H_e için 0.368-0.552 ve H_o için 0.341-0.479 aralığındadır [Lexer et al., 2005; Van-Loo et al., 2008; Santos Del Blanco, 2013; Castiglione et al., 2010; Zeng et al., 2016]. Ancak, akkavak ile ilgili yapılan bazı çalışmalarda ise daha fazla heterozigotluk değerleri bulunmuş ve dolayısıyla daha yüksek genetik çeşitlilik seviyeleri bildirilmiştir. Brundu ve arkadaşları (2008) tarafından 159 akkavak bireyi 5 mikrosatelit lokusuyla analiz edilmiş, ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.70 ve 0.60 olarak bulunmuştur. Dering ve arkadaşları (2015) Polonya'daki Vistula nehrinden örneklediği 672 akkavak bireyi için gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerlerini sırasıyla 0.585 ile 0.622 olarak bildirmiştir.

15 popülasyon için hesaplanan ortalama F_{IS} değeri, akkavakla ilgili yapılan diğer çalışmalardan farklı olarak negatif bulunmuştur [F_{IS} :-0.19; Van-Loo et al., 2008; Castiglione et al., 2010; Dering et al., 2015; Zeng et al., 2016]. Avusturya Tuna Vadisi'ndeki büyük bir orta Avrupa popülasyonundan örneklenen 222 akkavak bireyi, 19 n-SSR primeriyle değerlendirilmiş ve ortalama F_{IS} değeri 0.027 olarak belirlenmiştir [Van-Loo et al., 2008]. İtalya'da üç akkavak popülasyonundan toplanan 154 birey ile yapılan çalışmada, 5 n-SSR primeri kullanılmış ve ortalama F_{IS} değeri 0.149 olarak tespit edilmiştir [Castiglione et al., 2010]. Polonya'da 672 akkavak bireyi 16 n-SSR belirteci kullanılarak değerlendirilmiş ve ortalama F_{IS} değeri 0.075 olarak belirlenmiştir [Dering et al., 2015]. Çin'deki İrtiş Nehri'nden örneklenen 139 akkavak bireyi 11 n-SSR belirteciyle analiz edilmiş ve ortalama F_{IS} değeri 0.104 olarak bulunmuştur [Zeng et al., 2016]. Ülkemizde ise karakavak (F_{IS} :-0.42) ve fırat kavağı (F_{IS} : -0.348) üzerine yapılan moleküler çalışmalarda sonuçlarımıza paralel olarak negatif F_{IS} değerleri gözlemlenmiştir [Nebioglu, 2021; Uluğ ve Özdemir-Değirmenci, 2023]. Tez çalışması sonucunda bulunan negatif F_{IS} değeri, örneklenen akkavak popülasyonlarındaki bireylerin benzer genotipler arası değil daha çok farklı genotipler arası döllenme yaptıklarına işaret etmektedir. Bu durum, popülasyonlardaki allel çeşitliliğini arttırarak heterozigot bireylerin yüksek oranda bulunmasına ve farklı genotipte bireylerin ortaya çıkmasına katkı sağlamaktadır [Garza and Williamson, 2001].

F_{ST} değeri, popülasyonlar arasındaki genetik farklılığı göstermekte ve 0 ile 1 arasında değerler almaktadır. F_{ST} değeri; 0-0.05 arasındaysa düşük, 0.05-0.15 arasındaysa orta, 0.15-0.25 arasındaysa yüksek ve 0.25'ten büyükse çok yüksek seviyede genetik farklılığın olduğunu göstermektedir [Hartl and Clark, 2007]. Lokuslarda belirlenen 0.27 ortalama F_{ST} değeri ile popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın çok yüksek düzeyde olduğu tespit edilmiştir. Yapılan çalışmada akkavak popülasyonları, deniz seviyesinden 1320 m'li yükseltilere kadar farklı rakımlardan ve konumları ile büyüme ortamları dikkate alınmadan Türkiye'nin her yerinden dolayısıyla uzak coğrafik mesafelerden örneklenmiştir. Yüksek genetik farklılaşma değeri, popülasyonlar arasındaki coğrafi engellerden kaynaklanan önemli üreme izolasyonu ile açıklanabilir. Farklı kavak türlerinde yapılan çalışmalarda ise daha düşük farklılaşma değerleri bildirilmiştir [Gebhardt et al., 2002, $F_{ST}=0.053$ *P. nigra*; Cole, 2005, $F_{ST}=0.045$ *P. tremuloides*; Hall et al., 2007, $F_{ST}=0.015$ *P. tremula*; Castiglione et al., 2010, $F_{ST}=0.085$ *Populus alba*; Politov et al., 2015, $F_{ST}=0.058$ *Populus tremula* L.].

Göçmen sayısı olan N_m , F_{ST} değerine bağlıdır ve F_{ST} değeri arttıkça N_m oranı azalmaktadır. Çünkü popülasyonlar arasındaki farklılaşmanın yüksek olması, daha düşük düzeyde gen akışı anlamına gelir. Ayrıca, N_m oranı 1'den büyükse popülasyonlar arasında sabit bir gen akışı olduğu anlamına gelmektedir [Perdereau et al., 2014]. Lokuslar için hesaplanan ortalama N_m oranı 1'den düşük bulunmuştur ve bu değer popülasyonlar arasında düşük gen akışının olduğu göstermektedir.

5.2. Akkavak Popülasyonlarının Genetik Çeşitlilik Parametrelerinin Değerlendirilmesi

Yapılan tez çalışmasında ağaçlar örneklenirken tüm önlemler alınmış olmasına rağmen bazı popülasyonlarda yoğun klonal üreme tespit edilmiştir. Klonal üreme, *Populus* cinsi üyelerinde yaygın olarak görülen bir özelliktir [Arens et al., 1998; Barsoum et al., 2004; Storme et al., 2004; Suvanto and Latva-Karjanmaa, 2005]. Örneğin, tek bir *Populus tremuloides* klonunun 47.000 rametten oluştuğu ve 43 hektarlık bir alanı kapladığı bildirilmiştir [Kemperman and Barnes, 1976]. Türkiye'de, karakavak ve fırat kavağı üzerine yapılan genetik çalışmalarda da klonal üremenin yaygın olduğu bildirilmiştir [Ciftci et al., 2017; Kansu and Kaya, 2020]. Ek olarak, *Populus alba*'nın kök sürgünleri tarafından klonal olarak yoğun bir şekilde ürediği,

farklı moleküler çalışmalarla kanıtlanmıştır [Van-Loo et al., 2008; Santos Del Blanco, 2013; Dering et al., 2015]. Hatta, Sardunya ve Malta adalarında çok geniş bir alanda örneklenen akkavağın devasa monoklonal meşcereler oluşturduğu belirlenmiştir. Bu durum, otovejetatif yayılma yerine insan etkisi ile açıklanmıştır [Brundu et al., 2008; Fussi et al., 2011]. Ayrıca, Guarino ve arkadaşları (2015) tarafından, Sardunya adasındaki klonal akkavak bireylerinin coğrafi konumlarına göre farklı metilasyon durumu gösterdiği bildirilmiştir. Bu bölgedeki akkavakların genetik çeşitliliği oldukça sınırlı olsa da muhtemelen epigenetik çeşitlilikleri sayesinde çok geniş alanlarda yetiştikleri düşünülmüştür.

Allel çeşitliliği ve özgün allel sayısı, popülasyonlardaki genetik çeşitliliği değerlendirmede önemli iki parametredir [Kalinowski, 2004]. Ortalama allel sayısı en yüksek Tekirdağ-Malkara (4.4) ve Edirne-Tunca Nehri (4.3) popülasyonlarında bulunmuştur. Popülasyonlardaki allel sayısı ne kadar fazlaysa genetik çeşitlilik de o kadar fazla görülmektedir. Hatta çeşitli kaynaklarda, koruma çalışmaları için allel sayısının fazla olması heterozigotluk değerinin yüksek olmasından daha önemli olduğu belirtilmiştir [Mousadik and Petit, 1996]. Ayrıca, 9 akkavak popülasyonunda özgün alleller tespit edilmiş, ancak en fazla Samsun-Bafra popülasyonunda bulunmuştur ($P_a=5$). Popülasyonlardaki özgün allellerin varlığı, koruma ve ıslah programları için kritik bir öneme sahiptir. Bu durum, ekolojik koşullara daha iyi uyum sağlamış, dirençli genlere sahip bireyleri seçme fırsatı sunmaktadır [Funk et al., 2007]. Tekirdağ-Malkara ile Edirne-Tunca Nehri'nde ortalama allel ve Samsun-Bafra'da özel allel sayısının fazla olması, diğer popülasyonlara göre genetik tabanlarının daha geniş olduğuna işaret etmektedir. Dolayısıyla, bu popülasyonlar gelecekteki iklimsel ve çevresel değişikliklere karşı daha yüksek adaptasyon kapasitesine sahiptir ve yapılacak koruma çalışmaları için iyi bir genetik kaynak adaydır.

Popülasyonlardaki ortalama heterozigotluk oranları incelendiğinde, gözlenen heterozigotluk değerinin beklenen heterozigotluk değerinden daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Bu durum ise mevcut popülasyonlardaki bireylerin homozigottan daha fazla heterozigot olduğunun göstergesidir. Ayrıca, genotip sayısı oldukça düşük olan Kayseri-Akköy, Konya-Meram ve Erzurum-Oltu popülasyonlarında gözlenen heterozigotluk oranının beklenen heterozigotluk oranından oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu popülasyonlardaki gözlenen heterozigotluk oranının fazlalığı; heterozigot ağaçların doğal veya insan aracılığıyla seçimi olabilir. Hatta daha

muhtemel senaryo, büyüme performansı yüksek ve dayanıklı gövde formlarına sahip olan heterozigot genotipli ağaçların yöre halkı aracılığıyla yıllar içerisinde çoğaltılıp dağıtılmış olmasıdır. Benzer bir durum, Türkiye’de karakavağın genetik çeşitliliği üzerine yapılan bir çalışmada tespit edilmiş ve incelenen lokusların çoğunda heterozigot olan bir ağacın kopyalanarak tüm Türkiye’ye dağıtıldığı bildirilmiştir [Ciftci et al., 2017].

Eskişehir-Porsuk Çayı hariç incelenen tüm popülasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapma eğiliminde olan bir ya da birkaç lokus tespit edilmiştir. Fakat, bazı popülasyonlarda (Kayseri-Akköy, Konya-Meram, Kocaeli-İzmit, Erzurum-Oltu ve Bursa-İznik) bu lokusların daha fazla olduğu belirlenmiştir. Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların nedeni, habitatlar üzerindeki antropojenik baskılar olabilir. Tarım için habitat tahribatı, kentleşme, türün peyzajda kullanımı gibi insan kaynaklı uygulamalar türün doğal yaşam alanının parçalanmasına, etkili popülasyon büyüklüğünün azalmasına ve rastgele olmayan çiftleşmeye sebep olmaktadır.

5.3. AMOVA Analizi

AMOVA testi, toplam moleküler varyasyonun %21.23’ünün popülasyonlar arasında ve %84.20’sinin popülasyon içinde olduğunu göstermiştir. Akkavak popülasyonlarında mikrosatelit analizi ile gözlenen popülasyon içi yüksek genetik çeşitlilik seviyesi, kavak türlerinde genellikle yaygın olarak gözlemlenen ve literatürde tahmin edilen değerler arasında yer almaktadır [Cole et al., 2005; Lexer et al., 2005; Guarino et al., 2015; Politov et al., 2015]. Popülasyon içi genetik çeşitliliğin fazla olması aynı zamanda toplam genetik çeşitliliğin de yüksek olduğunu göstermektedir. Türlerin değişen çevre koşullarına uyum sağlaması ve biyotik-abiyotik zararlılara karşı dayanıklı olması için genetik çeşitliliklerinin yüksek olması gerekmektedir. Ayrıca popülasyon içi genetik çeşitliliğin yüksekliği, türün ağaç ıslahına yatkın olduğuna da işaret etmektedir [Işık ve Kaya, 1995].

5.4. Akkavak Popülasyonlarının Genetik Farklılaşması

İkili F_{ST} değerleri incelendiğinde; özellikle en yüksek rakımda ve coğrafik olarak en uzakta bulunan Kayseri-Akköy, Konya-Meram ve Erzurum-Oltu popülasyonlarının diğer popülasyonlardan çok yüksek düzeyde bir farklılaşmayla ayrıldıkları tespit

edilmiştir. Ayrıca; PCA, Structure ve UPMGA analizleri sonucunda da genetik yapı olarak bu popülasyonların diğerlerinden önemli ölçüde farklı olduğu belirlenmiştir. Yüksek rakım, popülasyon yapısında önemli bir rol oynamakta ve gen akışını sürdürmek yerine adaptasyon için seçilim baskısı oluşturarak popülasyon farklılaşmasını hızlandırabilmektedir [López-Gartner et al., 2009]. Ayrıca, bu popülasyonlardaki akkavak bireyleri dar bir alanda yayılım göstermektedir. Genetik düzeyde, dar bir alanda yayılmış ve etkili popülasyon büyüklüğü düşük olan parçalanmış popülasyonlarda, diğer popülasyonlardan gen akışı azalmaktadır. Bu da popülasyonlardaki allelik zenginlik oranının dolayısıyla genetik çeşitliliğin azalmasına ve genetik farklılaşmanın artmasına neden olmaktadır [Lowe et al., 2005]. İkili N_m oranları incelendiğinde, bu popülasyonlarla diğer popülasyonlar arasındaki genetik akışın çok düşük olduğu belirlenmiş, hatta genetik geçişinin kritik N_m değeri olan 0.5'in altında olduğu saptanmıştır [Hamrick, 1989]. Bu popülasyonlara akkavak tohumlarının rüzgar veya insan faaliyetleri aracılığıyla taşındığı ve burada akkavak bireylerinin yoğun vejetatif yayılım ile koloni oluşturduğu düşünülmektedir. En olası açıklama ise bu üç popülasyonda insan etkisinin olduğudur. Tahminen bu bölgelerde yaşayan insanlar, bu türü ıslah edip, o coğrafi şartlarda en iyi yetişen genotipi seçerek çoğaltmış ve bulundukları bölgede tek bir klonun yayılmasına neden olmuşlardır. Bu popülasyonlarda gözlemlenen yoğun klonal üreme bu durumu desteklemektedir. Örneğin, Erzurum-Oltu popülasyonunda genotip sayısı (1), örnekleme sayısından çok aşağıda bulunmuştur. Ülkemizdeki tescilli kavak klonları Erzurum yöresinde don çatlağına maruz kaldığından, yöre halkı henüz hiç ıslah programına alınmamış fakat soğuk koşullara ve dona dayanıklı bir tür olarak akkavağı tercih etmektedir. Muhtemelen iyi gelişim gösteren ve dona dayanıklı bireyler halk tarafından belirlenip birbirlerine önerilmiş ve alınan çelikle çoğaltılarak geleneksel olarak dikilmiştir. Dolayısıyla türün ıslahı yapılmış, yani halk diktiği kavaktan verim alacak şekilde “klon” geliştirmiş olabilir.

Structure ve UPMGA analizleri sonucunda; kent merkezine yakın olan Bursa-İznik, İstanbul-Bahçeköy ve Kocaeli-İzmit popülasyonlarının coğrafi yayılımına uygun bir şekilde gruplanmadığı gözlemlenmiş ve özellikle Bursa-İznik popülasyonunun daha farklı kümelendiği belirlenmiştir. İkili F_{ST} değerleri incelendiğinde ise genel olarak diğerlerinden yüksek derecede farklılaştıkları bulunmuştur. Ayrıca, bu popülasyonlarda klonal bireylerin nispeten yoğun olarak bulunduğu tespit edilmiştir.

Akkavak türü, iki renkli yaprakları nedeniyle peyzaj bitkisi olarak park ve bahçelerde yaygın olarak kullanılmaktadır [Gül ve Gezer, 2003]. Örneğin, Bursa-İznik Gölü çevresinde peyzaj için kullanılan ana ağacın akkavak olduğu gözlemlenmiştir. Hatta, Bursa-İznik gölü çevresindeki akkavaklardan bir tanesi “Künye kavak” adıyla anıt ağaç olarak tescil edilmiştir [Güneş ve Önder, 2022]. Yine insan faaliyetlerinin yoğun olduğu İstanbul-Bahçeköy ve Kocaeli-İzmit popülasyonlarındaki akkavak bireylerinin şehir peyzajına katkı olarak dikildiği gözlemlenmiştir. Dolayısıyla, söz konusu popülasyonlarda insan etkisinin yoğun olması popülasyonlardaki genotip sayısını azaltmış ve coğrafi mesafeye uygun bir gruplaşma olmamasına neden olmuştur.

Kalan popülasyonlar incelendiğinde ise Structure ve UPMGA analizleri sonucunda coğrafi olarak birbirlerine yakın olan popülasyonların genetik olarak daha benzer olduğu tespit edilmiştir; Edirne-Tunca Nehri, Tekirdag-Malkara, Bursa-Karacabey ve Balıkesir-Susurluk popülasyonları birarada, Sakarya-Sakarya Nehri, Sakarya-Geyve, Eskişehir-Porsuk Cayı ve Kastamonu-Samatlar popülasyonlarının ise beraber ve Samsun-Bafra popülasyonunun onlara yakın gruplandığı belirlenmiştir. Popülasyonların ikili F_{ST} değerleri incelendiğinde de benzer sonuçlar bulunmuştur. Çünkü; coğrafi yakınlık popülasyonlar arasında yüksek oranda gen akışı olmasını sağlamış ve böylece genetik olarak birbirlerine daha yakın kümelenmişlerdir. Akkavağın polenleri rüzgarla 100 km'lik mesafelere taşınabilmekte yine tohumları rüzgarla ve suyla dağılabilmektedir. Ayrıca, nehir kıyısındaki akkavak bireylerinden kopan kök ve dal parçaları gibi bitki materyalleri akıntıya kapılarak uzak mesafelere taşınabilmektedir [Remaley and Swearingen, 2005]. Böylece uzak mesafelere gen akışı olmakta ve bu durum kavak popülasyonlarında sıklıkla görülmektedir [Imbert and Lefevre, 2003; De Woody et al., 2015]. Ayrıca, bu popülasyonlardaki genotip sayısı genel olarak yüksek bulunmuştur. Bu da bireylerin benzer genotipler arası değil farklı genotipler arası döllenme yaptıklarına işaret etmektedir [Allendorf and Luikart, 2007]. Sonuç olarak, akkavağın genetik çeşitliliğinin korunmasında gen akışının önemli bir rol oynadığı ve türün yoğun olarak klonal üreme sorununun özellikle nehir kıyısı popülasyonlarında gözlemlenmediği tespit edilmiştir. Ancak, bu ekosistemlerdeki akkavak bireylerinin risk altında olması nedeniyle, ıslah ve koruma çalışmalarına doğallıklarını kaybetmeden başlanması gerekmektedir.

Akkavağın Türkiye'deki durumunu değerlendirdiğimizde, bu tür ile ilgili yapılan eski çalışmalara benzer olarak, bazı popülasyonlarda insan faaliyetleri etkisiyle klonal olarak üremenin yoğun olduğu belirlenmiştir. Böylece, popülasyonların genetik yapısının bozulduğu ve genetik taban daralması yaşadığı gözlemlenmiştir. Bu sonuçlar, insan faaliyetlerinin genetik yapıyı ne ölçüde değiştirebileceğini bize net olarak göstermektedir. Ancak, yine de genetik taban daralması benzer çalışmalarda bildirildiği kadar yoğun değildir [Brundu et al., 2008; Fussi et al., 2011; Macaya-Sanz et al., 2012]. Özellikle nehir kıyısı ve subasar ormanı ekosistemlerindeki akkavak popülasyonlarının yüksek genetik çeşitliliğe ve genotip sayısına sahip olduğu tespit edilmiştir. Benzer şekilde, Polonya'daki Vistula Nehri'nde yapılan bir çalışmada akkavak türünün genetik çeşitliliğinin yüksek olduğu bildirilmiştir [Dering et al., 2015]. Yine, İtalya'daki Ticino Nehri'nde yapılan bir çalışmada örneklenen akkavak bireylerinin genetik çeşitliliğinin yüksek olduğu tespit edilmiştir [Castiglione et al., 2010]. Kavaklarla ilgili yapılan genetik çalışmalar, su varlığı açısından sorun olmayan bölgelerde genotipik zenginliğin daha yüksek olduğunu ortaya çıkarmıştır [Slavov et al., 2010; Vonlanthen et al., 2010]. Çünkü bu bölgelerde bitkinin suya ulaşımı daha kolay olduğundan, büyümesi için de daha stressiz bir ortam oluşmakta ve üreme verimliliği artmaktadır [Gonzalez et al., 2010].

6. SONUÇ ve ÖNERİLER

Bu çalışma, Türkiye ormanlarındaki çeşitli faktörler nedeniyle sayısı giderek azalan akkavak türünün korunması, devamının sağlanması ve ıslahı için önemli bir aşamayı temsil etmektedir. Çünkü bu çalışma, Türkiye'deki akkavak popülasyonlarının genetik çeşitliliğine dair ilk rapor olma özelliği taşımaktadır. Elde edilen veriler kullanılarak, genetik çeşitlilik seviyesi yüksek olan popülasyonların hem *in-situ* olarak korunması hem de değişik coğrafik koşullara uyum sağlamış farklı akkavak genotiplerinin seçilerek bir klon bankasında *ex-situ* olarak koruma altına alınması önerilmektedir.

Çalışılan popülasyonların 9 tanesinde özgün allel bulunmuştur. Ortalama özgün allel sayısı 1.3 olmasına karşın Samsun-Bafra popülasyonunda 5 özgün allel hesaplanmıştır. Subasar nitelikte olan bu popülasyonun korunması yararlı olacaktır. Çünkü, türün gelecekteki çevresel değişikliklere uyum sağlama potansiyelini sürdürmesi için sahip olduğu özgün allelleri korumak çok önemlidir [Allendorf and Luikart, 2007]. Ek olarak, Porsuk çayı üzerinde örneklenen Eskişehir popülasyonunun koruma programına alınması önerilebilir. Burada yapılan sintaksonomik bir çalışmada 62 familya, 106 cins ve 411 takson bulunduğu 10 bitki birliği tespit edilmiştir [Özdeniz, 2016]. Tespit edilen 10 bitki birliğinden biri de “*Populetum albae* Br.-Bl. ex Tchou 1948” olarak tanımlanmıştır. Bu birlik ülkemizde ilk defa tanımlanmış olup, baskın türü akkavaktır. Bu alan korunduğunda akkavağın yanında birçok tür barındıran riparian alanda korunmuş olacaktır. Ayrıca, genetik çeşitlilik seviyesi ve genotip sayısı yüksek olan Edirne-Tunca Nehri popülasyonunun da korunması önerilmektedir. Çünkü, türün adaptasyon kabiliyeti için korunacak alanların genetik tabanının geniş olması önem taşımaktadır.

Özellikle popülasyon içi genetik çeşitliliğin yüksekliği, akkavak ıslahı konusunda ümit vericidir. Erzurum-Oltu popülasyonu örneğinde olduğu gibi akkavak türü ıslah programına alınıp bu tür için istenilen özelliklere sahip klon geliştirilmeli ve kontrollü tozlaşma çalışmalarına da başlanılmalıdır. Ayrıca, kent ekosisteminde peyzaj tasarımı konu olan ağaçlarda büyük bir genetik taban daralması olduğu bu çalışmamızda da ortaya çıkmıştır. Kentlerde dikilen ağaçlar birçok tehditle karşı karşıya olduklarından, olabildiğince genetik çeşitliliği muhafaza edecek sayıda ağaçtan toplanan fidanlarla peyzaj çalışmalarının yapılması yerinde olacaktır.

Bu alıřmanın bulgularının gnmzde ve gelecekte orman aalarının genetiėi zerine yrtlecek benzer kapsamlı alıřmalara ıřık tutacaėı umulmaktadır. Bu tr arařtırmalar, orman ekosistemlerinin genetik eřitliliėinin anlařılması, korunması ve srdrlebilirliėi aısından byk nem tařımaktadır.



KAYNAKLAR

- Adamack A. T., Gruber B., (2014), “PopGenReport: simplifying basic population genetic analyses in R”, *Methods in Ecology and Evolution*, 5, 384–387.
- Ağba T., (2013), “Metal Stresindeki *Populus tremula* L. (Titrek Kavak) x *Populus alba* L. (Akkavak) 717-1b4 de Ekofizyolojik Araştırmalar”, Yüksek Lisans Tezi, İstanbul Üniversitesi.
- Ahuja M. R., (1987), “*In vitro* Propagation of Poplar And Aspen”. In: J. M. Bonga, D. J. Durzan, Editors, “Cell and Tissue Culture in Forestry”, Martinus Nijhof, Dordrecht.
- Akan H., Balos M., Aslan M., (2013), “An ethnobotanical research on handmade musical instruments in Şanlıurfa, South East Anatolia”, *Biological Diversity and Conservation*, 6 (1), 93-100.
- Allendorf F. W., Luikart G., (2007), “Conservation and the genetics of populations”, 2th Edition, Blackwell Publishing.
- Anonim, (2014), “The State of The Worlds Forest Genetic Resources”, Comission on Genetic Resources for Food and Agriculture, FAO, Rome.
- Anşın R., Özkan Z. C., (1993), “Tohumlu bitkiler (*Spermatophyta*), odunsu taksonlar”, KTÜ Orman Fakültesi Dergisi, 167 (19), 512.
- Arens P., Coops H., Jansen J., Vosman B., (1998), “Molecular genetic analysis of black poplar (*Populus nigra* L.) along Dutch rivers”, *Molecular Ecology*, 7, 11–18.
- Avanzo E., Anselmi N., Cellerino G. P., Sabatti M., Scarascia-Mugnozza G., (1992), “Natural populations of *Populus alba* in Italy. Sampling strategy and preliminary observations on growth habits, cold and rust susceptibility”, *Proceedings, 19th Session of the International Poplar Commission*, 1, 457-458, Zaragoza, Spain.
- Barsoum N., Muller E., Skot L., (2004), “Variations in levels of clonality among *Populus nigra* L. stands of different ages”, *Evolutionary Ecology*, 18, 601–624.
- Beckmann J. S., Soller M., (1990), “Toward a unified approach to genetic mapping of eukaryotes based on sequence tagged microsatellite sites”, *Biotechnology*, 8, 930–932.
- Beritognolo I., Harfouche A., Brilli F., (2011), “Comparative study of transcriptional and physiological responses to salinity stress in two contrasting *Populus alba* L. Genotypes”, *Tree Physiol*, 31, 1335–1355.
- Birler A. S., (2010), “Türkiye’de kavak yetiştirme, Fidanlık- Ağaçlandırma- Koruma-Hasılat- Ekonomi- Odun özellikleri”, T. C. Çevre ve Orman Bakanlığı, Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Çeşitli Yayınlar Serisi, 22.
- Bittkau C., (2002), “Charakterisierung der genetischen Variation europäischer Populationen von *Acer* spp. und *Populus tremula* auf der Basis der Chloroplasten-

DNA: Rückschlüsse auf die postglaziale Ausbreitung und Differenzierung forstlicher Provenienzen”, Dissertation, Technical University of Munich (Germany).

Bradshaw H. D., Ceulemans R., Davis, J., Stettler R., (2000), “Emerging model systems in plant biology: Poplar (*Populus*) as a model forest tree”, *J Plant Growth Regul*, 19, 306–313.

Brookfield J. F., (1996), “A simple new method for estimating null allele frequency from heterozygote deficiency”, *Molecular ecology*, 5, 453–455.

Browicz K., Yaltirik F., (1982), “The *Populus* L”. In: P. H. Davis, Editors, “Flora of Turkey and the East Aegean Islands”, Edinburgh University Press.

Brundu G., Lupi R., Zapelli I., (2008), “The origin of clonal diversity and structure of *Populus alba* in Sardinia: evidence from nuclear and plastid microsatellite markers”, *Annals of Botany*, 102, 997–1006.

Bülbül S., (2013), “Tuz Stresindeki *Populus tremula* L.x *Populus alba* L. 717-1b4'de proteomik araştırmalar”, Yüksek Lisans Tezi, İstanbul Üniversitesi.

Castiglione S., Franchin C., Fossati T., Lingua G., Torrigiani P., Bondi S., (2007), High zinc concentrations reduce rooting capacity and alter metallothionein gene expression in white poplar (*Populus alba* L. cv. Villafranca), *Chemosphere*, 67 (6), 1117–1126.

Castiglione S., Cicatelli A., Lupi R., Patrignan G., Fossati T., Brundu G., Sabatti M., Van-Loo M., Lexer C., (2010), Genetic structure and introgression in riparian populations of *Populus alba* L”, *Plant Biosystems*, 144 (3), 656-668.

Caudullu G., De Rigo D., (2016), “*Populus alba* in Europe: Distribution, Habitat, Usage And Threats”. In: J. San-Miguel-Ayanz, D. De Rigo, G. Caudullo, T. Houston Durrant, A. Mauri, Editors, “European Atlas of Forest Tree Species”, Luxembourg: Publications Office of the EU.

Chapuis M. P., Estoup A., (2007), “Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation”, *Molecular Biology and Evolution*, 24, 621–631.

Chapuis M., Lecoq M., Michalakakis Y., Loiseau A., Sword G. A. et al., (2008), “Do outbreaks affect genetic population structure? A worldwide survey in *Locusta migratoria*, a pest plagues by microsatellite null alleles”, *Molecular Ecology*, 17, 640–653.

Chen S., Wang S., Altman A., Huttermann A., (1997), “Genotypic variation in drought tolerance of poplar in relation to abscisic acid”, *Tree Physiol*, 17, 797–803.

Ciadamidaro L., Madejon E., Puschenreiter M., Madejon P., (2013), “Growth of *Populus alba* and its influence on soil trace element availability”, *Science of The Total Environment*, 454-455, 337-347.

- Ciftci A., Karatay H., Kucukosmanoglu F., Karahan A., Kaya Z., (2017), “Genetic differentiation between clone collections and natural populations of European black poplar (*Populus nigra* L.) in Türkiye”, *Tree Genetics & Genomes*, 13, 69.
- Cole C. T., (2005), “Allelic and population variation of microsatellite loci in aspen (*Populus tremuloides*)”, *New Phytologist*, 167 (1), 155–164.
- Collinson M. E., (1992), “The early fossil history of *Salicaceae*: a brief review”, *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh, Section B: Biological Sciences*, 98, 155-167.
- Cortan D., Schroeder H., Sijacic-Nikolic M., Wehenkel C., Fladung M., (2016), “Genetic structure of remnant black poplar (*Populus nigra* L.) populations along biggest rivers in Serbia assessed by SSR markers”, *Silvae Genetica*, 65 (1), 12–19.
- Dayanandan S., Rajora O. P., Bawa, K. S., (1998), “Isolation and characterization of microsatellites in trembling aspen (*Populus tremuloides*)”, *Theoretical and Applied Genetics*, 96, 950–956.
- De Woody J., Trewin H., Taylor G., (2015), “Genetic and morphological differentiation in *Populus nigra* L: Isolation by colonization or isolation by adaptation”, *Molecular Ecology*, 24 (11), 2641-2655.
- Dering M., Chybicki I. J., Raczka G., (2015), “Clonality as a driver of spatial genetic structure in populations of clonal tree species”, *Journal of Plant Research*, 128, 731-745.
- Dickmann D. I., Stuart K. W., (1983), “The Culture of Poplar in Eastern North America”, Department of Forestry, Michigan State University.
- Dickmann D. I., Isebrands J. G., Eckenwalder J. E., Richardson J., (2001), “Poplar Culture in North America”, NRC Research Press, Ottawa, Ontario, Canada.
- Dickmann D., Kuzovkina Y. A., (2008), “Poplars and Willows in the World”, Technical Report No: IPC/9-2, FAO, Rome, Italy.
- Dix M. E., Klopfenstein N. B., Zhang J. W., Workman S. W., Kim M. S., (1997), “Potential Use of *Populus* For Phytoremediation of Environmental Pollution in Riparian Zones”. In: N. B. Klopfenstein, Y. W. Chun, M. S. Kim, M. R. Ahuja, Editors, “Micropropagation, Genetic Engineering, and Molecular Biology of *Populus*”, Gen. Tech. Rep., Fort Collins, CO, US Department of Agriculture, Forest Service, Rocky Mountain Research Station, USA.
- Dirik H., (1994), “Genetik çeşitlilik ve orman gen kaynaklarının korunması”, *İ.Ü. Orman Fakültesi Dergisi, Seri B*, 44 (3-4), 113-121.
- Doğu D. A., (2009), “Çekme odununun makroskopik ve mikroskopik yöntemle tespiti.”, *Anadolu Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 10 (1), 151-159.

Doty S. L., Shang Q. T., Wilson A. M., Tangen J., Westergreen A., Newman L. A., Strand S. E., Gordon M. P., (2000.), “Enhanced metabolism of halogenated hydrocarbons in transgenic plants containing mammalian P450 2E1”, Proceedings of the National Academy of Sciences, 97, 6287–6291.

Dytham C., (2003), “Choosing and using statistics: A biologist’s guide”, Blackwell Publishing Company, 3rd Edition, Wiley-Blackwell.

Eckenwalder J. E., (1996), “Systematics and evolution of *Populus*”. In: R. F. Stettler, H. D. Bradshaw, P. E. Heilman, T. M. Hinckley, Editors, “Biology of *Populus* and its Implications for Management and Conservation”, NRC Research Press, Montreal, Canada.

Ellis B, Jansson S., Strauss S. H., Tuskan G. A., (2010), “Why and How *Populus* Became a Model Tree”. In: S. Jansson, R. Bhalerao, A., Groover, Editors, “Genetics and Genomics of *Populus*”, Springer, NewYork.

Eminağaoğlu Ö., Avcı M., Ok T., Aksoy N., (2014), “*Populus* L. (Kavaklar)”. In: Ü. Akkemik, Editors, “Türkiye’nin Doğal-Egzotik Ağaç ve Çalıları”, II. Orman Genel Müdürlüğü Yayınları, Türkiye.

Erik S., Tarikahya B., (2004), “Türkiye florası üzerine”, Kebikeç İnsan Bilimleri İçin Kaynak Araştırmaları Dergisi, 17, 139-163.

Excoffier L., Smouse P. E., Quanttro J. M., (1992), “Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data”, Genetics, 131, 479-491.

Evanno G., Regnaut S., Goudet J, (2005), “Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study”, Molecular Ecology, 14, 2611–20.

Fenaroli L., Gambi G., (1976), “Alberi: Dendroflora Italica”, Museo Tridentino di Scienze Naturali, Trento, Italy.

Field D., Wills C., (1998), “Abundant microsatellite polymorphism in *Saccharomyces cerevisiae*, and the different distributions of microsatellites in eight prokaryotes and *S. cerevisiae*, result from strong mutation pressures and a variety of selective forces”, Proc Natl Acad Sci, 95, 1647–1652.

Fossati T., Grassi F., Sala F., Castiglione S., (2003), “Molecular analysis of natural populations of *Populus nigra* L. intermingled with cultivated hybrids”, Molecular Ecology, 12, 2033–2043.

Fossati T., Patrignani G., Zapelli I., Sabatti M., Sala F., Castiglione S.. (2004), “Development of molecular markers to assess the level of introgression of *P. tremula* into *P. alba* natural populations”, Plant Breeding, 123, 382-385

Franco J. A., (1993), “*Populus*”. In: T. G. Twitin et al., Editors, “Flora Europaea, Psilotaceae to Platanaceae”, 2nd. Edition, Cambridge University Press, Cambridge.

Franco-Múgica F., García-Antón M., Maldonado-Ruiz J., Morla-Juaristi C., Sainz-Ollero H., (2001), “The Holocene history of *Pinus* forests in the Spanish Northern Meseta”, *The Holocene*, 11, 343-358.

Fung L. E., Wang S., Altman A., Huttermann A., (1998), “Effect of NaCl on growth, photosynthesis, ion and water relation of four poplar genotypes”, *For Ecol Manage*, 107, 135–146.

Funk W. C., Mullins T. D., Haig S. M., (2007), “Conservation genetics of snowy plovers (*Charadrius alexandrinus*) in the Western Hemisphere: population genetic structure and delineation of subspecies”, *Conservation Genetics*, 8 (6), 1287–1309.

Fussi B., Lexer C., Heinze B., (2010), “Phylogeography of *P. alba* (L.) and *Populus tremula* (L.) in Central Europe: secondary contact and hybridisation during recolonisation from disconnected refugia”, *Tree Genetics and Genomes*, 6, 439–450.

Fussi B., Bonello J., Calleja E., Heinze B., (2011), “Combining the use of molecular techniques and archival documentary evidence to trace the origin of *Populus alba* in a Central Mediterranean archipelago”, *European Journal of Forest Research*, 131, 347–354.

Gao X., Li J., Song J., Guo Q., (2023), “The SSR genetic diversity of wild red fruit lycium (*Lycium barbarum*) in Northwest China”, *Forests*, 14, 1598.

Garza J. C., Williamson E. G., (2001), “Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci”, *Molecular Ecology*, 10 (2), 305–318.

Gebhardt K., Pohland A., Vornam B., (2002), “Genetic Inventory of Black Poplar Population in the Upper Rhine Floodplains: Conclusion For Conservation of An Endangered Plant Species”. In: B. C. van Dam, S. Bordacs, Editors, “Towards the Generic Diversity in River Populations of European Black Poplar: Implications For Riparian Ecosystem Management”. Proceedings of an international symposium held Csiszár Nyomda, 145-156, Hungary.

Gordon J. C., (2001), “Poplars: trees of the people, trees of the future”, *The Forestry Chronicle*, 77, 217-219.

Gonzalez E., Antonio-Comín F., Muller E., (2010), “Seed dispersal, germination and early seedling establishment of *Populus alba* L. under simulated water table declines in different substrates”, *Trees-Structure and Function*, 24, 151-163.

Goudet J., (2005), “HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics”, *Molecular Ecology Notes*, 5, 184–186.

Guarino F., Cicatelli A., Brundu G., Heinze B., Castiglione S., (2015), “Epigenetic diversity of clonal white poplar (*Populus alba* L.) populations: Could methylation support the success of vegetative reproduction strategy?”, *PLoS ONE*, 10, e0131480.

Gucker C. L., (2010), “*Populus alba* and Hybrids”. In: Fire Effects Information System, [Online]. U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Rocky Mountain Research Station. <http://www.fs.fed.us/database/feis/> Erişim Tarihi:01.04.2020.

Gül A., Gezer A., (2003), “Kavak taksonlarının peyzaj planlama ve tasarım açısından kullanılması”, TMKK 11. Olağan Kurulu, 40-47, İzmit, Türkiye, 8-9 Nisan.

Gültekin H. C., (2011), “Kurak ve yarı kurak mntıklar için fidan üretim teknikleri”, Kurak ve Yarı Kurak Alan Yönetimi Çalıştayı, Türkiye, 5-8 Aralık.

Gürleyen T., Güler C., Ünsal Ö., (2017), “Bazı ağaç türlerine uygulanan janka sertlik direncinde ısıt işlemin (thermowood) etkisi”, 4. International furniture and decoration congress, 19-21 october, Düzce, Turkey.

Güneş C., Önder S., (2022), “Konya ili Meram ilçesinde bulunan anıt ağaçların incelenmesi ve koruma statüsünün belirlenmesine yönelik bir çalışma”, Ulusal Çevre Bilimleri Araştırma Dergisi, 5 (2), 100-111.

Hall D., Luquez V., Garcia V. M., St Onge K. R., Jansson S., Ingvarsson P. K., (2007), “Adaptive population differentiation in phenology across a latitudinal gradient in European Aspen (*Populus tremula*, L.): A comparison of neutral markers, candidate genes and phenotypic traits”, Evolution, 61, 2849–2860.

Hamrick J. L., (1989), “Isozymes and The Analysis of Genetic Structure in Plant Populations”. In: D. E. Soltis, P. S. Soltis, T. R. Dudley, Editors, “Isozymes in Plant Biology”, 1st ed. Dordrecht: Springer.

Hamzeh M., Périnet P., Dayanandan S., (2006), “Genetic relationships among species of *Populus* (*Salicaceae*) based on nuclear genomic data”, The Journal of the Torrey Botanical Society, 133 (4), 519-527.

Hartl D. L., Clark A. G., (2007), “Principles of Population Genetics”, 4th Edition, Sinauer Associates.

Hughes F. M. R., Rood S. B., (2003), “The allocation of river flows for the restoration of woody riparian and floodplain forest ecosystems: a review of approaches and their applicability in Europe”, Environmental Management, 32, 12–33.

Hukin D., Cochard H., Dreyer E., Le-Thiec D., Bogeat-Triboulot M. A., (2005), “Cavitation vulnerability in roots and shoots: does *Populus euphratica* Oliv., a poplar from arid areas of Central Asia, differ from other poplar species?”, J Exp Bot, 56, 2003–2010.

Huntley B., Birks H. J. B., (1983), “An atlas of past and present pollen maps of Europe: 0-13000 years ago”, Cambridge University Press, Cambridge; UK

Imada S., Tamai N. Y. S., (2009), “Effects of salinity on the growth, Na partitioning, and Na dynamics of a salt-tolerant tree, *Populus alba* L.”, Journal of Arid Environments, 73, 245-251.

Imbert E., Lefevre F., (2003), “Dispersal and gene flow of *Populus nigra* (Salicaceae) along a dynamic river system”, *Journal of Ecology*, 91, 447–456.

Isebrands J. G., Richardson J., (2014), “Poplars and willows: Trees for Society and the Environment”, Wallingford, UK: CAB International and FAO.

Işık K., (1996), “Biyolojik Çeşitlilik ve Orman Gen Kaynaklarımız”, Orman Bakanlığı, Yayın no:13, Ankara.

Işık F., Kaya Z., (1995), “Toroslarda güney–kuzey doğrultusunda örneklenen kızılçam populasyonlarında genetik çeşitliliğin yapısı”, *Batı Akdeniz Ormancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 1, 20-54.

Jansson S., Douglas C. J., (2007), “*Populus*: a model system for plant biology”, *Annu Rev Plant Biol*, 58, 435–458.

Jelic M., Patenkovic A., Skoric M., Misic D., Kurbalija Novicic Z., Bordacs S., Varhidi F., Vasic I., Benke A., Frank G., Siler B., (2015), “Indigenous forest of European black poplar along the Danube River: genetic structure and reliable detection of introgression”, *Tree Genet Genomes*, 11:89.

Jiang D., Wu G., Mao K., Feng J., (2015), “Structure of genetic diversity in marginal populations of black poplar (*Populus nigra* L.)”, *Biochemical Systematics and Ecology*, 61, 297-302.

Jombart T., (2008), “Adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers”, *Bioinformatics*, 24, 1403–1405.

Kahveci E., Malkoçoğlu S., Yeşilkaya M., İnce-Kahveci S., (2017), “Tokat il merkezi ve ilçelerinde yetişen bazı odunsu bitkilerin etnobotanik özellikleri”, *Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi (GBAD)*, 6 (2), 62-75.

Kalinowski S. T., Taper M. L., Marshall T. C., (2007), “Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment”, *Molecular Ecology*, 16 (5), 1099–1106.

Kamvar Z. N., Tabima J. F., Grunwald N. J., (2014), “Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction”, *PeerJ*, 2, e281.

Kansu C., Kaya Z., (2020), “Genetic diversity of marginal populations of *Populus euphratica* Oliv. from highly fragmented river ecosystems”, *Silvae Genetica*, 69 (1), 139–151.

Keenan K., McGinnity P., Cross T. F., Crozier W. W., Prodohl P. A., (2013), “DiveRsity : An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors”, *Methods in Ecology and Evolution*, 4, 782–788.

Kemperman J. A, Barnes B. V., (1976), "Clone size in American aspens", Canadian Journal of Botany, 54, 2603–2607.

Kocabaş Y. Z., Çömlekçioğlu N., İlçim A., (2016), "Bazı odunsu bitki türlerinin kahramanmaraş il merkezi ölçeğinde etnobotanik yönleri", Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi Dergisi, 12, 60-69.

Kuzminsky E., Sabatti M., Scarascia-Mugnozza G. E., (1999)", Growth and physiology of different poplar genotypes under saline stress. In: Proceedings of 2nd international poplar symposium, vol. 1, Orleans, France.

Labate J. A., (2000), "Software for population genetic analyses of molecular marker data", Crop Science, 40: 1521-1528.

Lapietra G., (1992), "Pricipales características de los mas conocidos clones de chopo seleccionados en italia", Proceedings, 19 th session of rke international poplar commission, Zaragoza.

Ledig F. T., Conkle M. T., (1983), "Gene diversity and genetic structure in a narrow endemic, torrey pine (*Pinus torreyana*)", Evolution, 37 (1), 79-85.

Lefèvre F., Legionnet A., De-Vries S., Turok J., (1998), "Strategies for the conservation of a pioneer tree species, *Populus nigra* L., in Europe", Genetics Selection Evolution, 30, 181–196.

Lefèvre F., Barsoum N., Heinze B., Kajba D., Rotach P., (2001), "EUFORGEN Technical Bulletin. *In situ* conservation of *Populus nigra*", International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Legionnet A., Lefevre F., (1996), "Genetic variation of the riparian pioneer tree species *Populus nigra* L. I. Study of population structure based on isozymes", Heredity, 77, 629-637.

Leple J. C., Brasileiro A. C. M., Michel M. F., Delmotte F., Jouanin L., (1992), "Transgenic poplars: expression of chimeric genes using. four different constructs", Plant Cell Reports, 11, 137–41.

Lexer C., Fay M. F., Joseph J. A., Heinze B., Sorin M. S., (2005), "Barrier to gene flow between two ecologically divergent *Populus* species, *Populus alba* (white poplar) and *P. tremula* (European aspen): the role of ecology and life history in gene introgression", Molecular Ecology, 14, 1045–1057.

Li Y. L., Su X. H., Zhang B. Y., Huang Q. J., Zhang X. H., (2009), "Expression of jasmonic ethylene responsive factor gene in transgenic poplar tree leads to increased salt tolerance", Tree Physiol, 29, 273–279.

Licht L. A., Isebrands J. G., (2005), "Linking phytoremediated pollutant removal to biomass economic opportunities", Biomass and Bioenergy, 28, 203–218.

Lieseback H., Schneck V., Ewald E., (2010), “Clonal fingerprinting in the genus *Populus* L. by nuclear microsatellite loci regarding differences between sections, species and hybrids”, *Tree Genetics & Genomes*, 6 (2), 259–269.

Liu X., Wang Z., Shao W., Ye Z., Zhang J, (2017), “Phylogenetic and taxonomic status analyses of the Abaso section from multiple nuclear genes and plastid fragments reveal new insights into the North America origin of *Populus* (*Salicaceae*)”, *Frontiers in Plant Science*, 7, 2022.

López-Gartner G., Cortina H., Mccouch S., Moncada M., (2009), “Analysis of genetic structure in a sample of coffee (*Coffea arabica* L.) using fluorescent SSR markers”, *Tree Genetics & Genomes*, 5, 435–446.

Lowe A. J., Boshier D., Ward M., Bacles C. F. E., Navarro C., (2005), “Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees”, *Heredity*, 95, 255–273.

Macaya-Sanz D., Heuertz M., Lopez-De-Heredia U., De-Lucas A. I., Hidalgo E., (2012), “The Atlantic-Mediterranean watershed, river basins and glacial history shape the genetic structure of Iberian poplars”, *Mol Ecol*, 21, 359323609.

Marzilli M., Santo P. D., Palumbo G., Maiuro L., Paura B., Tognetti R., Coccozza C., (2018), “Cd and Cu accumulation, translocation and tolerance in *Populus alba* clone (Villafranca) in autotrophic in vitro screening”, *Environmental Science and Pollution Research*, 25, 10058–10068.

Mousadik A. E., Petit R. J., (1996), “High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco”, *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 92 (7), 832-839.

Mccown B. H., McCabe D. E., Russell D. R., Robison D. J., Barton K. A., Raffa K. F., (1991), “Stable transformation of *Populus* and incorporation of pest resistance by electric discharge particle acceleration”, *Plant Cell Rep*, 9, 590–594.

Mitchell A. F., (1974), “A field guide to the trees of Britain and northern Europe”, William Collins and Sons, London.

Muhle-Larsen C., (1970), “Recent advances in poplar breeding”, *Int. Rev. For. Res.*, 3, 1–67.

Muller-Starck G., Baradat P., Bergmann F., (1992), “Genetic variation within European tree species”, *New Forests*, 6, 23–47.

Nebioglu N., (2021), “Genetic diversity pattern in female and male trees of *Populus euphratica* populations sampled from göksu river basin”, Master of Science in Biology, Middle East Technical University.

Nei M., (1973), “Analysis of gene diversity in subdivided populations”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70, 3321–3.

Nei M., (1978), “Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals”, *Genetics*, 89, 583– 590.

Oksanen J., (2012), “Constrained ordination: Tutorial with R and vegan. *R-Package*”, *Vegan*, 1–10.

Ottow E. A., (2005), “Molecular and Ecophysiological Responses of *Populus euphratica* (Oliv.) and *Arabidopsis thaliana* (L.) to Salt Stress”, Thesis, University of Göttingen.

Özdeniz E., (2016), “Porsuk Çayı Riperian Vejetasyonunun Sintaksonomik Analizi (Eskişehir-Kütahya)”, Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi.

Palancean I., Alba N., Sabatti M., De Vries S. M., (2018), “White Poplar, *Populus alba*: Technical Guidelines For Genetic Conservation and Use”, Technical Report No: ISBN 978-952-5980-44-8, European Forest Institute, Germany.

Paradis E., Claude J., Strimmer K., (2004), “APE: Analyses of phylogenetics and evolution in R language”, *Bioinformatics Applications Note*, 20, 289–290.

Paradis E., (2010), “Pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach”, *Bioinformatics*, 26, 419–420.

Parida S. K., Kalia S. K., Sunita K., Dalal V., Hemaprabha G., Selvi A., Pandit A., Singh A., Gaikwad K., Sharma T. R., Srivastava P. S., Singh N. K., Mohapatra T., (2009), “Informative genomic microsatellite markers for efficient genotyping applications in sugarcane”, *Theor Appl Genet*, 118, 327-338.

Patel R., Memon J., Kumar S., Patel D. A., Sakure A. A., Patel M. B., Das A., Karjagi C. G., Patel S., Patel U., et al., (2024), “Genetic diversity and population structure of maize (*Zea mays* L.) inbred lines in association with phenotypic and grain qualitative traits using ssr genotyping”, *Plants*, 13 (6), 823.

Pemberton J. M., Slate J., Bancroft D. R., Barrett J. A., (1995), “Nonamplifying alleles at microsatellite loci: a caution for parentage and population studies”, *Molecular Ecology*, 4, 249–252.

Perdereau A. C., Kelleher C. T., Douglas G. C., Hodgkinson T. R., (2014), “High levels of gene flow and genetic diversity in Irish populations of *Salix caprea* L. inferred from chloroplast and nuclear SSR markers”, *BMC Plant Biology*, 1, 202.

Plett J. M., Wilkins O., Campbell M. M., Ralph S. G., Regan S., (2010), “Endogenous overexpression of *Populus* MYB186 increases trichome density, improves insect pest resistance, and impacts plant growth”, *The Plant Journal*, 64, 419–432.

Politov D. V., Belokon M. M., Belokon Y. S., Polyakova T. A., Shatokhina A. V., Mudrik E. A., Azarova A. B., Filippov M. V., Shestibratov K. A., (2015), “Application of microsatellite loci for molecular identification of elite genotypes, analysis of clonality, and genetic diversity in Aspen *Populus tremula* L. (*Salicaceae*)”, *Int J Plant Genomics*, 2015, 1–11.

Powell W., Morgante M., Andre C., Hanafey M., Vogel J., Tingey S., Rafalski A., (1996), "The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis", *Molecular Breeding*, 2, 225–238.

Praciak A., (2013), "The CABI encyclopedia of forest trees", CABI, Oxfordshire, UK.

Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P., (2000), "Inference of population structure using multilocus genotype data", *Genetics*, 155, 945–59.

Pritchard J. K., Wen X., Falush D., (2010), "Documentation for structure software: Version 2.3.4". <http://dendrome.ucdavis.edu/resources/tooldocs/structure/readme.pdf>.

Provan J., Powell W., Hollingsworth P. M., (2001), "Chloroplast microsatellites: new tools for studies in plant ecology and systematic", *Trends Ecol Evol*, 16, 142–147.

R Core Team, (2020), "R: A language and environment for statistical computing. R foundation for statistical computing", Vienna, Austria. Website: <https://www.R-project.org/>.

Rae A. M., Street N. R., Rodriguez–Acosta M., (2007), "Populus Trees". In: K. Chittaranjan, Editors, "Forest Trees Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants", Forest Trees, Springer.

Rahman M. H., Dayanandan S., Rajora O. P., (2000), "Microsatellite DNA markers in *Populus tremuloides*", *Genome*, 43, 293–297.

Rajendrakumar P., Biswal A. K., Balachandran S. M., Srinivasarao K., Sundaram R. M., (2007), "Simple sequence repeats in organellar genomes of rice: frequency and distribution in genic and intergenic regions", *Bioinformatics*, 23, 1–4.

Rajora O. P., Dancik B. P., (1992), "Genetic characterization and relationships of *Populus alba*, *P. tremula* and *P. × canescens*, and their clones", *Theor. Appl. Genet.*, 84, 291–298.

Rajora O. M. P., Zsuffa L., (1990), "Allozyme divergence and evolutionary relationships among *Populus deltoides*, *P. nigra*, and *P. maximowiczii*", *Genome*, 33, 44–49.

Rameau J. C., Mansion D., Dume G., (1989), "French Forest Flora". In: Plains and hills. IDF, Paris, ENGREF, Nancy, p 1785 (in French).

Rathmacher G., Niggemann M., Kohnen M., Ziegenhagen B., Bialozyt R., (2010), "Short-distance gene flow in *Populus nigra* L. accounts for small-scale spatial genetic structures: implications for in situ conservation measures", *Conserv Genet*, 11, 1327–1338.

Redei K., Keseru Z., Szulcsan G., (2010), "Early evaluation of promising white poplar (*Populus alba* L.) clones in Hungary", *Acta Silvatica Lignaria Hungarica*, 6, 9–16.

Remaley T., Swearingen J. M., (2005), “Fact sheet-white poplar (*Populus alba*)”, Plant Conservation Alliance, Alien Plant Working Group, <http://www.nps.gov/plants/alien/>
Eriřim Tarihi: 14.04.2024

Richardson J., Isebrands J., Ball J., (2014), “Ecology and physiology of poplars and willows”. In: J. G. Isebrands, J. Richardson, Editors, “Poplars and Willows: Trees for society and the environment”, CABI and FAO.

Riron P., Ali A. A., Guendon J. L., Carcaillet C., Terral J. F., (2004), “Evidence of the indigenous status of *Populus alba* L. in the western Mediterranean Basin”, *Comptes Rendus Biologies*, 327: 125-132.

Rosenberg N. A., (2004), “DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure”, *Molecular Ecology Notes*, 4, 137-138.

Rungis D., Berube Y., Zhang J., Ralph S., Ritland C. E., Ellis B. E., Douglas C., Bohlmann J., Ritland K., (2004), “Robust simple sequence repeat markers for spruce (*Picea* spp.) from expressed sequence tags”, *Theoretical and Applied Genetics*, 109, 1283-1294.

Sabatti M., Dovidio R., Tanzarella O. A., Scarascia-Mugnozza G. E., (2001), “Assessment of geographic variation by RAPD markers among Italian open-pollinated progenies of *Populus alba* L”, *Genetic Resource Crop Evolution*, 4, 423–428.

Sahin S., Unsal O., Gurler C., Gurleyen T., Gurleyen L. I., Ayata U., (2017), “13th International IUFRO Wood Drying”, Istanbul, Turkey. 13-16 September.

Samuilov S., Lang F., Djukic M., Diunisijevc-Bojovc D., Rennenberg H., (2016), “Lead uptake increases drought tolerance of wild type and transgenic poplar (*Populus tremula* x *P. alba*) overexpressing gsh 1”, *Environment Pollution*, 216, 773–785.

Santos Del Blanco L., De-Lucas A. I., Gonzalez-Martinez S. C., Sierra-De-Grado R., Hidalgo E., (2013), “Extensive clonal assemblies in *Populus alba* and *P. × canescens* from the Iberian Peninsula”, *Tree Genetics & Genomes*, 9, 499–510.

Sarıbař M., (1995), “Türkiye’de doęal olarak yetişen kavakların yayılıřları üzerine arařtırmalar”, *Kavak ve Hızlı Geliřen Tür Orman Aęaçları Arařtırma Müdürlüğü Arařtırma Dergisi*, 22, 1-24.

Scarascia-Mugnozza G., Sabatti M., Caprioli C., Pomare B., (1992), “Water stres effects on different clones of *Populus alba* grown in controlled environment”, 19th Session of the International Poplar Commission, 1, 558-559, Zaragoza.

Schneider S., Roessli D., Excoffier L., (2000), “Arlequin: A Software for Population Genetics Data Analysis”, Geneva, Switzerland: Genetics and Biometry Lab, Dept. of Anthropology, University of Geneva.

Schoot J., Pospiskova M., Vosman B., Smulders M., (2000), “Development and characterization of microsatellite markers in black poplar (*Populus nigra* L.)”, *Theoretical and Applied Genetics*, 101, 317–322.

- Sekawin M., (1975), "Genetics of *Populus alba* L.", *Annale Forestales*, 6, 157–189.
- Serdar B., Gerçek Z., (2007), "Kavak (*Populus* L.) odunlarının anatomik özelliklerinin anatomik olmayan faktörlere bağlı varyasyonları", *Ormancılık Dergisi*, 3 (1), 76-89.
- Shim D., Kim S., Choi Y. I., Song W. Y., Park J., Youk E. S., Jeong S. C., Martinoia E., Noh E. W., Lee Y., (2013), "Transgenic poplar trees expressing yeast cadmium factor 1 exhibit the characteristics necessary for the phytoremediation of mine tailing soil", *Chemosphere*, 90, 1478–1486.
- Shinde D., Lai Y. L., Sun F. Z., Arnheim N., (2003), "Taq DNA polymerase slippage mutation rates measured by PCR and quasilikelihood analysis: (CA/GT)(n) and (A/T)(n) microsatellites", *Nucleic Acids Research*, 31, 974–980.
- Sixto H., Aranda I., Grau J. M., (2006), "Assessment of salt tolerance in *Populus alba* clones using chlorophyll fluorescence", *Photosynthetica*, 44, 169–73.
- Slatkin M., (1995), "A measure of population Subdivision based on microsatellite allele frequencies", *Genetics*, 139, 457–462.
- Slatkin M., Barton N. H., (1989), "A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow", *Evolution; International Journal of Organic Evolution*, 43 (7), 1349–1368.
- Slavov G. T., Zhelev P., (2010), "Salient biological features, systematics, and genetic variation of *Populus*,". In: S. Jansson, R. P. Bhalerao, A. T. Groover, Editors, "Genetics and Genomics of *Populus*", Springer Science+Business Media.
- Smulders M., Schoot J., Arens P., Vosman B., (2001), "Trinucleotide repeat microsatellite markers for black poplar (*Populus nigra* L.)", *Molecular Ecology Notes*, 1, 188–190.
- Smulders M. J. M., Cottrell J. E., Lefevre F., Van Der Schoot J., Arens P. et al., (2008), "Structure of the genetic diversity in black poplar (*Populus nigra* L.) populations across European river systems: Consequences for conservation and restoration", *Forest Ecol Manag*, 255 (5), 1388–1399.
- Sokal R. R., Michener C. D., (1958). "A statistical method for evaluating systematic relationships", *University of Kansas Science Bulletin*, 38, 1409–1438.
- Staub J. E., Sequen F. C., Gupta M., (1996), "Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding", *Hortscience*, 31 (5): 729-739.
- Stettler R. F., Szuffa L., Wu R., (1996), "The Role of Hybridization in The Genetic Manipulation of *Populus*". In: R. F. Stettler, H. D. Bradshaw, P. E. Heilman, T. M. Hincklay, Editors, "Biology of *Populus*, and Its Implications for Management and Conservation", National Research Council of Canada.

Storme V., Broeck A., Ivens B., Halfmaerten D., Slycken J., Castiglione S. et al., (2004), “*Ex situ* conservation of black poplar in Europe: genetic diversity in nine gene bank collections and their value for nature development”, Theoretical and Applied Genetics, 108, 969–981.

Suvanto L. I., Latva-Karjanmaa T., (2005), “Clone identification and clonal structure of the European aspen (*Populus tremula* L.)”, Molecular Ecology, 14, 2851–2860.

Tautz D., Renz M., (1984), “Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryote genomes”, Nucleic Acids Res, 12, 4127-4138.

T.C. Çevre ve Orman Bakanlığı, (2009), “AGM Faaliyetleri”, Ağaçlandırma ve Erozyon Kontrolü Genel Müdürlüğü Yayınları, Ankara, Türkiye.

Tunçtaner K., (1993), “Türkiye’de kavak ve söğütlerde gen kaynaklarının korunması ve değerlendirilmesi”, Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Çeşitli Yayınlar Serisi, 3, 51.

Tunçtaner K., (2008), “Kavaklarda Genetik İslah ve Seleksiyon”, 1st edition. Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü, İzmit.

Tuskan G. A., Gunter L. E., Yang Z. K., Yin T. M., Sewell M. M., Difazio S. P., (2004), “Characterization of microsatellites revealed by genomic sequencing of *Populus trichocarpa*”, Canadian Journal of Forest Research, 34, 85–93.

Tuskan G. A., Difazio S., Jansson S., Bohlmann J., Grigoriev I., et al., (2006), “The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa*”, Torr. & Gray, Science, 313, 1596–1604.

Uluğ A., Özdemir-Değirmenci F., (2023), “Aras Nehri boyunca yayılış gösteren karakavak populasyonlarının genetik yapısı”, Turkish Journal of Forestry, 24 (2), 80-84.

Weir B., Cockerham C., (1984), “Estimating F-Statistics for the analysis of population structure”, Evolution, 38, 1358–1370.

Wright S., (1965), “The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating”, Evolution, 395-420.

Vallejo-Marín M., Dorken M. E., Barrett S. C. H., (2010), “The ecological and evolutionary consequences of clonality for plant mating”, Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 41,193-213.

Vande-Walle I., Van-Camp N., Van De Castele L., Verheyen K., Lemeur R., (2007), “Short-rotation forestry of birch, maple, poplar and willow in Flanders (Belgium) II. Energy production and CO₂ emission reduction potential”, Biomass and Bioenergy, 31, 276–283.

Van-Loo M., Joseph J. A., Heinze B., Fay M. F., Lexer C., (2008), “Clonality and spatial genetic structure in *P. × canescens* and its sympatric backcross parent *P. alba* in a Central European hybrid zone”, *New Phytologist*, 177, 506–516.

Varshney R. K., Graner A., Sorrells M. E., (2005), “Genic microsatellite markers in plants: features and applications”, *Trends in Biotechnology*, 23 (1): 48-55.

Vonlanthen B., Zhang X. M., Bruehlheide H., (2010), “Clonal structure and genetic diversity of three desert phreatophytes”, *American Journal of Botany*, 97, 234-242.

Yaltırık F., (1993), “Dendroloji I, (*Gymnosperniae*) (Açık Tohumlular)”, 1st Edition, İstanbul Üniversitesi Yayını.

Yaltırık F., (1998), “Dendroloji II (*Angiosperma*)”, 1st Edition, İstanbul Üniversitesi Yayını.

Yıldız O., Altundag E., Cetin B., Guner S. T., Sarginci M., Toprak B., (2017) “Afforestation restoration of saline-sodic soil in the Central Anatolian Region of Turkey using gypsum and sülfür”, *Silva Fennica*, 51 (1), 1579.

Zeng Y. F., Zhang J. G., Duan A. G., Abuduhamiti B., (2016), “Genetic structure of *Populus* hybrid zone along the Irtysh River provides insight into plastid-nuclear incompatibility”, *Scientific Reports*, 6, 28043.

Zhang T., Chengshe W., Xiaoli H., (2000), “Tissue culture on Triploids of Chinese White Poplar.” Technical Report No: NC-215, 21st Session Poplar Commission, USDA.

Zizkova E., (2015), “Natural genetic variability of a marginal population of *P. × canescens*”, Forestry and Game Management Research Institute, Prague, Czech Republic.

ÖZGEÇMİŞ

Burcu UZAN EKEN, 2006 yılında Uludağ Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü'nde lisans eğitimine başlamış ve 2011 yılında mezun olmuştur. Mezun olduktan sonra 2013 yılında KPSS sınavıyla OGM-Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne biyolog kadrosuyla atanmıştır. Buradaki görevi halen devam etmektedir. 2014 yılında Gebze Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı'nda yüksek lisans eğitimine başlamıştır. 2017 yılının güz döneminde buradan mezun olduktan sonra 2018 yılının bahar döneminde Gebze Teknik Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı'nda doktora eğitimine başlamıştır.



TEZ ÇALIŞMASI KAPSAMINDA YAPILAN YAYINLAR

Uzan-Eken B., Kirdok E., Velioglu E., Özden-Ciftci Y., (2024), "Genetic variation in white poplar (*Populus alba* L.) populations as characterized by SSR markers", Turkish Journal of Botany, 48, 1-13.



EKLER

Ek-A: Structure 2.3.4 Programının Dosya Formatı-TXT Dosyası

```
WPMS05 WPMS06 WPMS14 WPMS15 WPMS16 WPMS17 WPMS18 WPMS20 ptr8 ORPM312
1 1 311 170 206 196 173 117 224 221 136 231
1 1 313 170 224 199 173 120 227 221 136 239
2 1 306 174 206 199 173 117 224 221 134 235
2 1 313 174 227 199 173 120 224 221 136 235
3 1 300 174 224 190 173 117 224 221 136 235
3 1 313 174 224 196 173 120 224 221 136 235
4 1 311 172 221 193 173 117 224 221 136 235
4 1 311 174 221 199 173 120 227 221 136 239
5 1 306 170 221 193 173 120 224 221 136 231
5 1 311 170 224 202 173 123 227 221 136 231
6 1 313 174 224 196 173 117 224 221 136 235
6 1 313 174 236 196 173 120 224 221 136 235
7 1 300 172 224 190 173 117 224 221 134 235
7 1 300 174 224 193 173 120 224 221 136 241
8 1 300 172 221 190 173 117 224 221 136 231
8 1 311 172 224 190 173 120 224 221 136 235
9 1 311 174 224 196 173 120 224 221 136 235
9 1 311 174 224 196 173 120 227 221 136 239
10 1 311 172 221 196 173 120 227 221 136 237
10 1 313 174 230 199 173 120 227 221 136 237
```