



Importance of marginal populations for conservation of forest gene resources

Murat ALAN *¹

¹ Karabük Üniversitesi Orman Fakültesi, Orman Mühendisliği Bölümü, Karabük, Turkey

Abstract

Evolutionary processes are affected by natural selection, gene flow, mutation, phenotypic plasticity and genetic drift. While mutation, genetic drift and natural selection increase differences among populations, phenotypic plasticity and genetic drift decrease it. On the other hand, genetic diversity increases within populations if gene flow surpasses inbreeding and genetic drift. High genetic diversity within and among populations enables effective artificial selection so that tree breeding activities are efficiently conducted to provide forest products and environmental services. In this context, genetic diversity is a raw material for tree breeding. Habitat destruction, deforestation for settlement, conversion for agriculture, over grazing and over exploitation are the common threats for forest gene resources. Because of those threats, the net decrease in global forest area between 2000 and 2005 was estimated to be 7.3 million hectares. Conserving genetic diversity is an essential component of sustainable forest management. The ability of trees and other forest plants to evolve to resist pests and adapt to changing climates depends upon genetic diversity within species. A broad gene pool (forest gene resources) may ensure to get various alternatives for changing human needs. In terms of adaptation, populations are considered as central and marginal. It is supposed that genetic drift is more effective in smaller and isolated marginal populations, therefore, marginal populations have lower genetic diversity than central populations. At the same time, marginal populations are more differentiated compared to central ones. In the point of gene conservation, to conserve different populations is very important for breeding and future of species. For that reason, different populations are sampled for conservation of genetic resources. Researches have been shown that marginal populations are very important in terms of adaptation of species. Therefore, besides central populations, marginal populations must be taken into consideration to sustain adaptation and survival of species in evolutionary process. Size and distribution of marginal populations can be used to determine methods for conservation of genetic resources.

Key words: adaptation of population, central population, natural selection, gene flow, genetic drift

----- * -----

Orman gen kaynaklarının korunmasında marjinal popülasyonların önemi

Özet

Evrimsel süreci doğal seleksiyon, gen akışı, mutasyon, fenotipik esneklik ve genetik kayma etkilemektedir. Mutasyon, genetik kayma ve doğal seleksiyon popülasyonlar arası farklılığın artmasına, fenotipik esneklik ve gen akışı ise popülasyonlar arası farklılığın azalmasına neden olmaktadır. Diğer yandan popülasyon içi genetik çeşitlilikteki artış, popülasyonda gen akışının, akrabalı eşleşme ve genetik kaymaya karşı baskın olması sonucunda ortaya çıkmaktadır. Popülasyonlarda genetik çeşitliliğin yüksek olması, yapay seleksiyonun etkinliğinin yüksek olmasını dolayısıyla orman ürünleri ile çevresel hizmetler için ıslahın etkin olarak yürütülmesini sağlamaktadır. Bu anlamda ıslahın hammaddesi genetik çeşitlilik olmaktadır. Habitat bozulmaları, yerleşimler sonucu ormansızlaşma, tarım için dönüştürme, aşırı otlama ve aşırı üretim dünya orman gen kaynaklarının tamamı için yaygın tehditler olarak sayılabilir. Sayılan tehditlerin etkisiyle 2000-2005 yılları arasında küresel olarak orman alanlarında net azalma miktarı 7.3 milyon hektar olmuştur. Orman gen kaynaklarının sürdürülebilir olarak kullanılması, değişen çevre koşullarında türün uyumunu ve yaşamasını evrimsel olarak güvenceye almakla sağlanabilir. Bu kapsamda zamanla değişen insan ihtiyaçları için de gen havuzunun (orman gen kaynakları) geniş olması, seçeneklerin fazla olmasını sağlayabilmektedir. Popülasyonlar uyum

* Corresponding author / Haberleşmeden sorumlu yazar: Tel.: +903704338300; Fax.: +903704338301; E-mail: muratalan@karabuk.edu.tr

© 2008 All rights reserved / Tüm hakları saklıdır

açısından, merkez ve kenar popülasyonlar olarak değerlendirilmektedir. Daha küçük ve daha yalıtılmış kenar popülasyonlarda, genetik kaymanın daha etkili olması beklendiği için kenar popülasyonların, merkez popülasyonlardan daha düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğu, merkez popülasyonlardan genetik olarak da farklılaştığı düşünülmektedir. Gen koruma açısından farklı popülasyonların korunması türün geleceği ve ıslah çalışmaları için önemlidir. O bakımdan gen kaynaklarının korunmasında farklı popülasyonlar örneklenmeye çalışılmaktadır. Yapılan araştırmalar kenar popülasyonların türün uyumunda oldukça önemli olduğunu göstermektedir. Bu bakımdan türün evrimsel süreç içinde uyum ve yaşamının sürdürülmesinde, merkez popülasyonlarla birlikte kenar popülasyonların da dikkate alınması gerekmektedir. Kenar popülasyonların büyüklüğü ve dağılımı ise gen kaynaklarının korunmasında izlenecek yöntemleri belirleyebilmektedir.

Anahtar kelimeler: Popülasyon uyumu, merkez popülasyon, doğal seleksiyon, gen akışı, genetik kayma

1. Giriş

Ormanlar karasal biyolojik çeşitliliğin en önemli kaynağı olmaktadır. Bu çeşitliliğin bir sonucu olarak da ormanlar, tüm dünya insanlarına geniş bir yelpazede ürün ve hizmet sağlayabilmektedir. Biyolojik çeşitliliğin en önemli bileşenlerinden birisi genetik çeşitlilik. Genetik çeşitlilik, ağaç ve çalıların çevrede oluşan hastalıklar yanında, iklim gibi değişikliklerin üstesinden gelmesini sağlamaktadır. Diğer yandan genetik çeşitlilik türün evrimi ile birçok bölge ve kullanım için ağaç ıslahında da bir fırsat oluşturabilmektedir. Bu anlamda genetik çeşitlilik ağaç ıslahın hammaddesi olmaktadır (Ledig, 1986; St. Clair ve Howe, 2011).

Gen koruma değişen çevreye göre değişebilme yeteneği olan dinamiklerle türü muhafazaya almaktır. Bu kapsamda küçük popülasyonların yönetimi, taksonomik belirsizliklerin çözümü, tür içinde yönetim birimlerinin tanımlanması ve türün biyolojisini anlamak gen koruma çalışmalarının içinde yer almaktadır. Her tür, tür içindeki her popülasyon eşsiz bir evrimsel yapının ürünü olmaktadır. Diğer yandan popülasyonlar arasında popülasyon içinde (bireyler arasında) görülen genetik çeşitlilik geçmiş, şimdi ve gelecekteki genetik sürecin dinamikleri ile şekillenmektedir. Dolayısıyla gen korumanın amacı, bu etkilerin ışığında koruma stratejileri geliştirmek ve evrimsel potansiyeli sürdürmektir. Gen koruma için geliştirilecek stratejilerin belirlenebilmesi için ise popülasyonun genetik çeşitlilik anlamında güncel yapısını moleküler belirteçler ve/veya kantitatif özellikleri kullanarak araştırmayı, bu stratejilere ekolojik değişikliklerin yansımalarını değerlendirmeyi içermektedir. Genetik çeşitlilik, popülasyon içi ve arası genetik çeşitliliği farklı biçimlerde etkileyen mutasyon, seleksiyon, göç ve genetik kayma tarafından etkilenmektedir (Bower vd., 2011).

Genetik çeşitliliği sürdürmek ve uyum açısından genetik çeşitliliğin dağılımını bilmek ağaçlandırmalarda tohum hareketi veya uygun tohum transfer kuralları geliştirerek yapılan yenileme (restoration) projeleri için önemlidir (Bower vd., 2011). Bu açıdan bakıldığında orman ağaçlarında ıslah çalışmaları için gen havuzunun güvenceye alınması ve değişen çevre koşullarının üstesinden gelebilmek amacıyla orman gen kaynakları korumaya alınmaktadır. Türün merkez ve kenar yayılışları orman gen kaynaklarının korunmasında dikkate alınmaktadır. Kenar (marginal, peripheral) popülasyonlar uyum açısından özgün olmalarından dolayı gen kaynaklarının korunmasında özel bir öneme sahip olmaktadır.

2. Popülasyonlarda genetik çeşitlilik

Pek çok canlı için olduğu gibi orman ağaçlarında da genetik çeşitliliğin kaynağı evrimsel süreçlerdir. Bu süreçler tek tek etkili olduğu gibi etkileşimleri de genetik çeşitlilik için etkili olabilmektedir. Evrimsel süreç doğal seleksiyon, gen akışı, mutasyon, fenotipik esneklik ve genetik kayma ile oluşmaktadır (Eriksson, 1996).

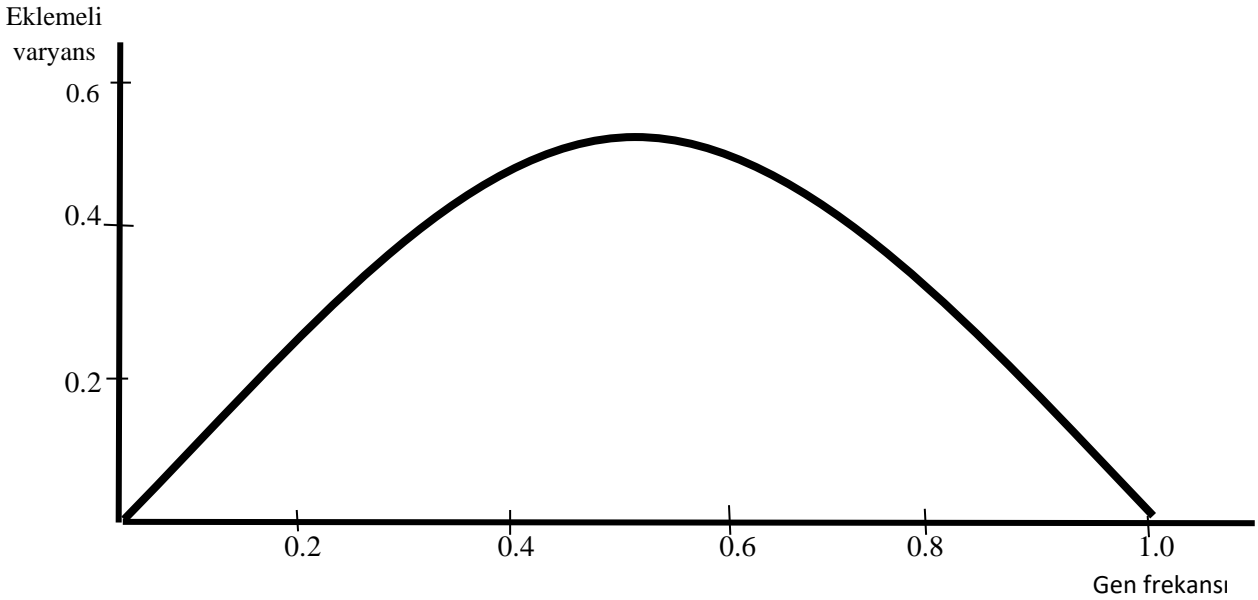
Mutasyon (mutation) genetik çeşitliliğin temel nedeni olmaktadır. Orman ağaçlarında da popülasyon içi genetik çeşitliliğin artmasının en önemli nedenlerinden birisi mutasyondur. Orman ağaçlarında farklı popülasyonlarda farklı mutasyonlar görülebilmektedir. Bireysel lokusta 10^{-5} oranında mutasyon görülmesi düşük mutasyon sayılırken, toplanmış mutasyon denilen ve bir özelliği etkileyen lokusta 10^{-2} ve 10^{-3} oranında görülebilen mutasyonlar daha yüksek kabul edilmektedir (Eriksson, 1996).

Doğal seleksiyon (natural selection) evrimsel süreçlere öncülük eden bir etki olarak düşünülmektedir. Doğal seleksiyon ıslah çalışmalarındaki gibi çok kuvvetli veya kendi doğal seyrinde zaman zaman daha zayıf da olabilmektedir. Popülasyonun uyum sağlamasına etki etmektedir. Eklemeli varyans doğal seleksiyonun anlaşılmasında önemli bir kavramdır. İki ya da daha çok lokusta alleller eklemeli olarak bir araya geldiklerinde, gen etkisi eklemeli olarak adlandırılmakta, bu durumda genotipik değer de her bir allelin etkisinin toplamı olmaktadır. Toplam varyans

içinde ekelemeli gen etkisinden kaynaklanan kısımda ekelemeli varyans olarak adlandırılmakta, doğal seleksiyon ve ıslahın temelini oluşturmaktadır (Eriksson vd., 2013). Eklemeli varyansın da gen frekansına bağlı olduğunun altı çizilmelidir. Bu anlamda düşük veya yüksek frekansa ulaşmış genler eklemeli varyansın uygun dağılımına ulaşmamaktadır. Gen frekansının 0.4-0.6 arasında olması eklemeli varyansın en yüksek noktada olmasını sağlamaktadır (Şekil 1) (Eriksson, 1996).

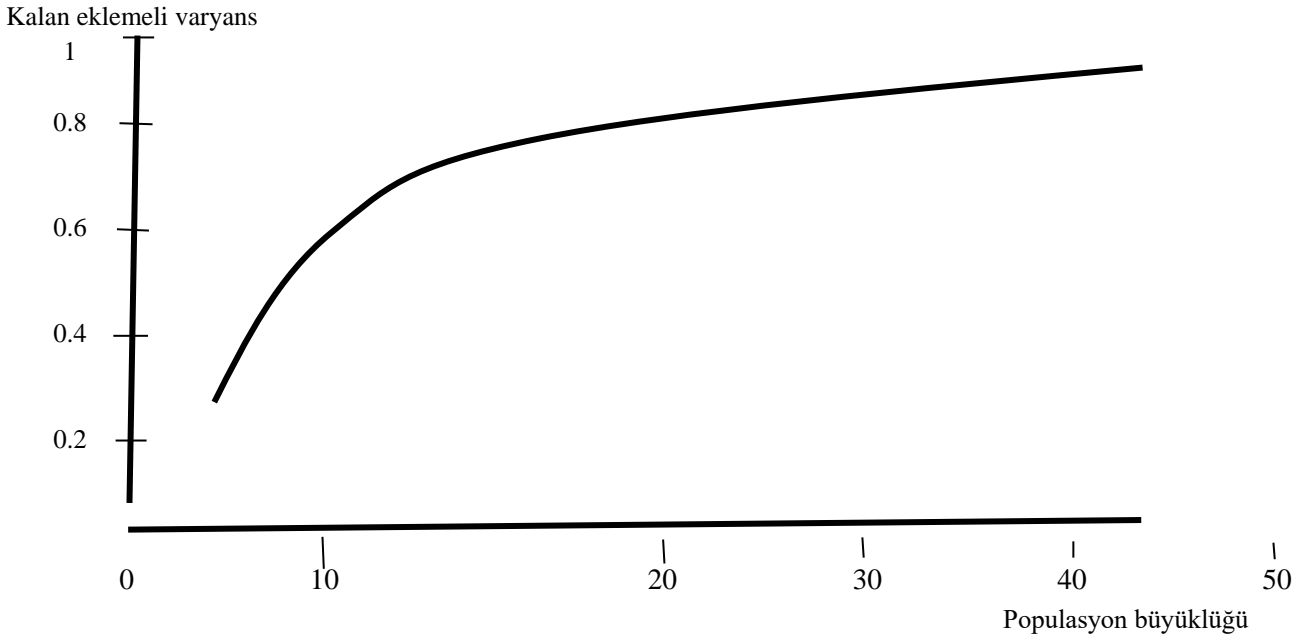
Fenotipik esneklik (phenotypic plasticity) genotipin biçim değiştirmiş hali olarak düşünülmektedir. Diğer bir deyişle fenotipik esneklik iki veya daha fazla çevrede görülen genotipin farklılığı anlamına gelmektedir. Bu durumda genotipler genetik yapıları değişmemesine karşın çevreye göre farklı gelişim gösterebilmektedir. Ağaçlar iklim koşullarındaki yıllık değişimin neden olduğu seleksiyona genetik olarak yanıt vermeyebilmektedir. Bunun yerine fenotipik esneklikle değişen koşullara göre fenotipini düzenleyerek, bu koşulların üstesinden gelmektedirler. Kısa ömürlü bitkiler genetik olarak seleksiyona yanıt verebilmekte, bu nedenle uzun ömürlü bitkiler kadar fenotipik esnekliğe sahip olmayabilmektedirler. Fenotipik esneklik doğal seleksiyonun tam olarak etkisini göstermesini engellemektedir. Diğer yandan genel olarak evrimsel etki olarak değerlendirilmeyebilmektedir.

Genetik kayma (genetic drift) küçük populasyonlarda çok kuvvetli bir evrimsel güç olmaktadır. Populasyonun çok küçülmesi sonucunda, önceki populasyonla genetik yapısı benzemeyen az sayıdaki bireyle yeni bir populasyon oluşabilmektedir. Bu duruma genetik kaymanın bir çeşidi olan kurucu etki (founder effect) denilmektedir (Barton, 1984; Ledig, 2000).



Şekil 1. Gen frekansını ve eklemeli varyans arasındaki ilişki (Eriksson, 1996)

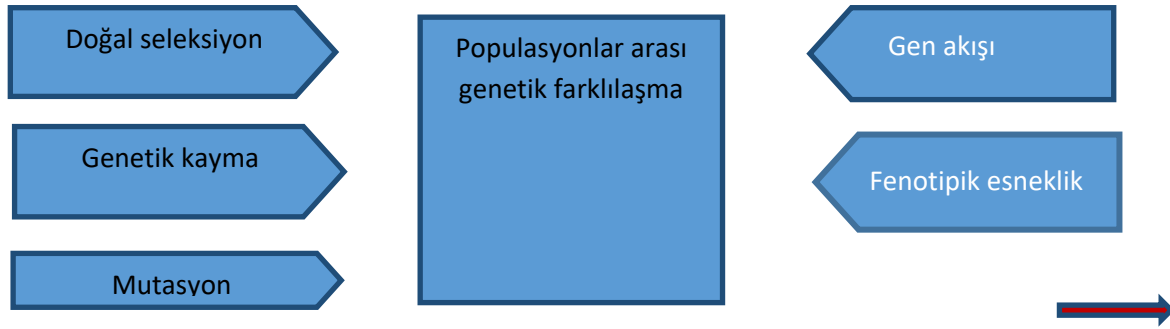
Genetik kayma eklemeli varyansın düşmesi ile ilgilidir. Yani eklemeli varyans küçük populasyonlarda düşük olmaktadır. Evrimsel etkilerin yokluğunda eklemeli varyanstaki kayıp oranı $1/2N_e$ (N_e =etkili populasyon büyüklüğü) olmaktadır (Şekil 2). Şekil 2'de etkili populasyon büyüklüğünün 20 ve üzeri olması durumunda genetik kaymanın etkisi sınırlı olmakta, ancak birey sayısı 10'un altına indiğinde eklemeli varyansta görülen düşüşün hızlı olacağı, birkaç yıl içinde populasyonda sabitlenmesi (fixation) olabileceği anlaşılmaktadır. Sabitlenme olması, allel frekanslarının sabitlenmesine, dolayısıyla populasyondaki genetik çeşitliliğin azalmasına ve yok olmasına kadar gidebilmektedir. Genetik çeşitliliği düşük populasyon ise kırılğan, yani olumsuz etkilere karşı dirençsiz populasyon anlamına gelmektedir (Eriksson, 1996).



Şekil 2. Eklemeli varyansın populasyon büyüklüğü ile 10 generasyon sonunda değişimi (Eriksson, 1996)

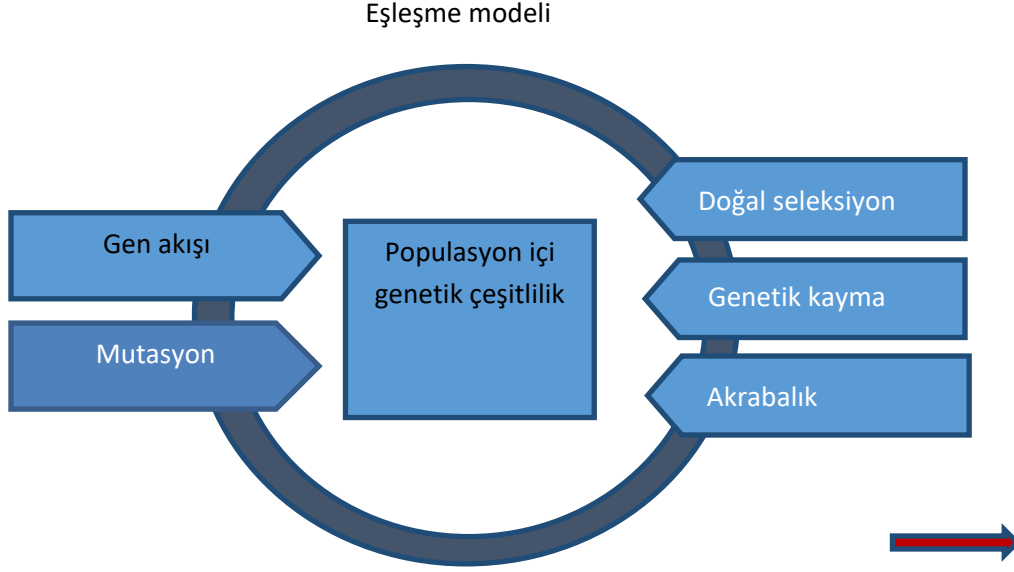
Gen akışı (gene flow, migration) populasyonlar arası gen hareketlerinin olması anlamına gelmektedir. Bu akış polen, tohum veya vejetatif üreme ile olabilir. Populasyonda yüksek gen akışı genetik çeşitliliğin artmasını sağlamaktadır. Gen akışı populasyonlar arası farklılığı azaltan yönde çalışmaktadır. Örneğin; iki populasyon arasında yüksek oranda gen akışı olursa iki farklı populasyon yerine bir populasyondan söz edilebilir.

Evrimsel etkilerin birbirleri ile ilişkisi populasyon farklılaşmasını veya populasyon içi genetik çeşitliliği etkilemektedir. Seleksiyon, genetik kayma ve mutasyon populasyon farklılaşmasının artmasına yol açarken, gen akışı (göç) fenotipik esneklik ise populasyonlar arası farklılığı azaltmaktadır (Şekil 3).



Şekil 3. Doğal seleksiyon, genetik kayma ve mutasyon etkisi, gen akışı ve fenotipik esneklikten fazla ise populasyonlar arası fark artmaktadır (Eriksson, 1997)

Populasyon içinde ise gen akışı, populasyon içi genetik çeşitliliğin artmasına; doğal seleksiyon, genetik kayma ve akrabalık ise genetik çeşitliliğin azalmasına, hatta populasyonun sabit gen frekanslarına ulaşmasına (fixation) yol açmaktadır. Eşleşme modeli populasyon içinde gerçekleşen eşleşme olarak belirlenmekte, akrabalık ise populasyon büyüklüğüne bağlı olarak ortaya çıkabildiği için genetik kayma ile bağlantılı olabilmektedir (Şekil 4).



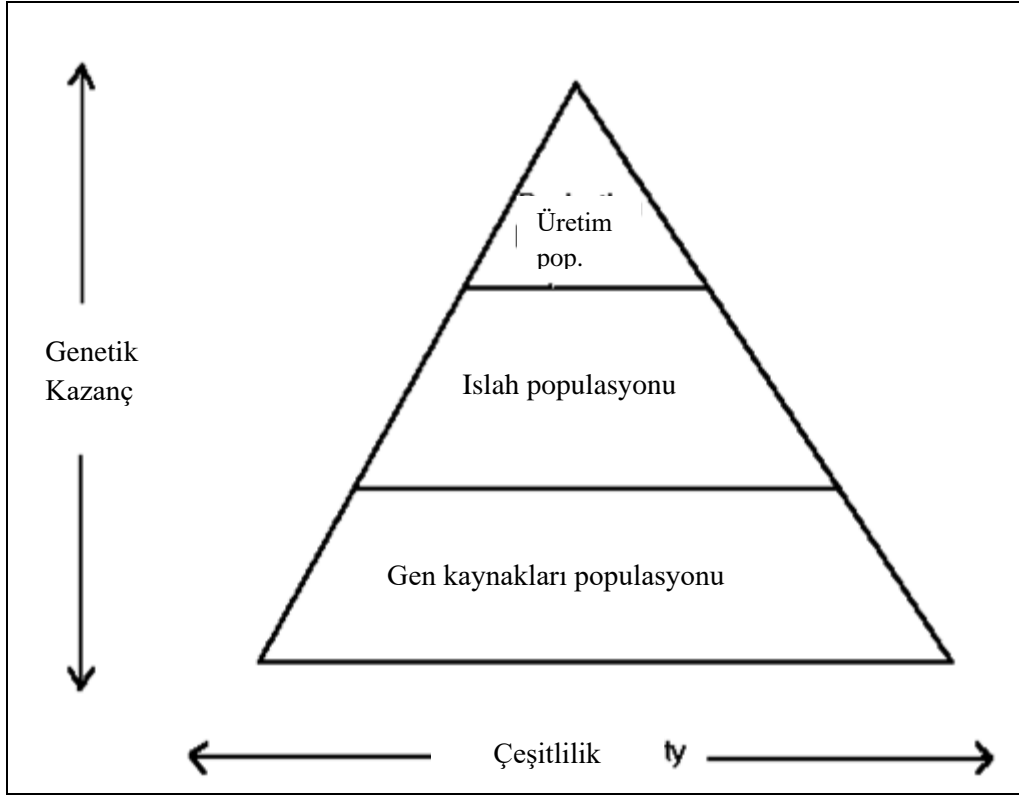
Şekil 4. Gen akışı ve mutasyon; doğal seleksiyon, genetik kayma ve akrabalık etkisinden fazla ise populasyon içi genetik çeşitlilik artmaktadır (Eriksson, 1997)

3. Orman gen kaynaklarının korunması ve kenar populasyonlar

Dünyada genetik çeşitliliği tehdit eden faktörler bulunmaktadır. Bu tehditler hem doğal hem de insan kaynaklı olabilmektedir. Bu tehditlerin bir sonucu olarak, küresel ölçekte net orman alanı kaybı 2000-2005 arasında 7.3 milyon ha olarak tahmin edilmiştir (FAO, 2006). Sakıcı ve Ayan (2016) ise 1990-2015 yılları arasındaki net orman kaybının 129 milyon ha olduğunu belirtmişlerdir. Orman gen kaynaklarının azalışının nedenleri arasında kentleşmeden dolayı ormansızlaşma ve habitat kayıpları, tarıma dönüştürme, aşırı otlama, aşırı üretim, doğal ormanların yerine, kaynağı bilinmeyen ve doğal olmayan materyallerle ağaçlandırmalar yapılması sayılabilir (St. Clair ve Howe, 2011).

Genetik çeşitliliğin korunması sürdürülebilir orman yönetimi için temel bileşenlerden birisi olmaktadır. Ağaçlar ve diğer orman bitkilerinin hastalıklara direnç konusunda evrimleşmesi ve değişen iklim koşullarına uyum (adaptasyon) göstermesi tür içi genetik çeşitliliğe bağlı olmaktadır. Genetik çeşitlilik yapay seleksiyon ve orman ürünleri ile diğer çevresel hizmetler için yapılan ıslah için de önemli olmaktadır (Şekil 5) (Johnson vd., 2001). Şekil 5'te de görülebileceği üzere ıslah çalışmalarının sonucunda, üretim için küçük populasyonlar kullanılmakta ve daha yüksek genetik kazanç elde edilmektedir. Diğer yandan hem oluşabilecek olumsuz koşullara karşı hem de gelecekte değişebilecek gereksinimlere karşı bir seçenek olmak üzere genetik çeşitliliği daha yüksek gen kaynakları populasyonları olması ıslah için bir güvence olmaktadır. Bu açıdan bakıldığında genetik çeşitliliği korumak aynı zamanda ahlaki bir zorunluluk olmaktadır. Çünkü; gelecekte hangi özelliğin öne çıkabileceği bugünden tahmin edilememektedir (St. Clair ve Howe, 2011).

Genellikle orman gen kaynaklarının korunmasında ağ yaklaşımı uygulanmaktadır. Bu kapsamda türün doğal yayılış alanı düşünülerek in situ ve ex situ yaklaşımlar bir araya getirilerek, gen koruma birimlerinden oluşan bir ulusal ağ oluşturulmaktadır (Teissier du Cros, 2004). Ulusal ağlar, EUFORGEN gibi uluslararası ağlara da dönüşebilmektedir (EUFORGEN, 2015). Bunun nedeni hem türlerin yayılışının idari sınırlara uymaması, hem de bilgi birikimi ve deneyimlerin paylaşılmasıdır. Ağ oluşturulurken eğer koşullar uygunsa orman gen kaynaklarının genetik yapısının ortaya konulması ve buna göre gen koruma birimleri oluşturulması tercih edilmektedir. Bunun için ya çevresel koşullardan bağımsız olarak moleküler belirteçler veya çevresel koşullarla daha ilişkili olan ortak bahçe (common garden) testleri kullanılabilir (Bower vd., 2011). Moleküler veya ortak bahçe çalışmaları yoksa iklim koşulları, coğrafik yapı ve yayılış dikkate alınarak gen koruma birimleri örneklenmeye çalışılmaktadır (Eriksson, 1997).



Şekil 5. Ağaç ıslahı ve orman gen kaynakları ilişkisi (Johnson vd., 2001)

Gen kaynaklarının korunması konusunda, hatta koruma biyolojisinde kullanılan bir yaklaşım merkez-marjinal (center-marginal) hipotezi olmaktadır. Bu hipoteze göre; “genetik kaymanın, daha küçük ve yalıtılmış (*isolated*) popülasyonları, daha büyük ve daha az yalıtılmış popülasyonlardan daha çok etkileyebildiği” varsayılmaktadır (Channel, 2004; Vakkari vd., 2009). Böyle yaklaşıldığında marjinal ve kenar popülasyonların kırılğan olduğu, yani değişen koşullara karşı uyum açısından zorluklarla karşılaşacağı ve kenar popülasyonların dirençsiz olduğu algılanmaktadır. Ancak, merkez-kenar varsayımının geçerli olmayabileceği yönünde araştırma sonuçları bulunmaktadır.

Kuşlarda yapılan bir çalışmada merkez-kenar hipotezi için yapılan 145 ayrı testten yalnızca 56 (%39) adedinde bu hipoteze (merkez-kenar) uygun sonuçlar elde edilmiştir. Yine aynı makalede 45 tür (kapalı tohumlular, açık tohumlular, omurgalılar ve omurgasızlar) üzerinde yapılan araştırmaların derlemesinde, 27 (%60) türde merkez ve kenar popülasyonlarda genetik çeşitlilik açısından anlamlı farklılık görülmemiş, türlerin çoğunluğunda merkez popülasyonlar daha yüksek genetik çeşitlilik göstermemiştir (Channel, 2004).

Fagus sylvatica türünün üç kenar ve dört merkez popülasyonun uyum (adaptation) açısından karşılaştırıldığı ortak bahçe testinde, kenar popülasyonların kış ve ilkbahar donlarına karşı daha dayanıklı olduğu görülmüş, bu bulgunun da uyum açısından don ve kış sürecinin ekolojik, evrimsel önemini gösterdiğini öne sürmüşlerdir (Kreyling vd., 2014). Bu çalışma zor koşullara uyum açısından kenar popülasyonların daha başarılı olduğunu göstermiştir.

Thuja occidentalis için merkez ve kenar popülasyonlarda yapılan moleküler çalışmada merkez popülasyonların kenar popülasyonlardan daha yüksek allelik zenginlik, etkili popülasyon büyüklüğü ve düşük farklılaşma gösterdiği, ancak benzer heterozigotluk derecesi gösterdiği, bu sonuçlara göre de merkez popülasyonlarda in situ korumanın yeterli olabileceği, ancak kenar popülasyonlarda etkili popülasyon büyüklüğü için *ex situ* yöntemlerin devreye sokulması gerektiğini belirtmişlerdir (Pandey ve Rajora, 2012). Dolayısıyla kenar popülasyonların korunmasında ek koruma önlemlerinin devreye sokulması ile merkez popülasyonların işlevine yaklaştırılabileceği anlaşılmaktadır.

Fagus sylvatica'da kuraklık açısından merkez ve kenar popülasyonların karşılaştırılmasında morfolojik, fizyolojik ve fenolojik fidan özellikleri açısından kenar popülasyonlar merkez popülasyonlarla eşit veya daha yüksek biyokitle üretmiştir (Rose vd., 2009). Kuraklık koşullarında daha yüksek biyokitle üretimi de daha yüksek uyum anlamına gelmektedir.

Quercus suber'in 18 (10 kenar ve sekiz merkez) popülasyonunda yapılan karşılaştırmada hem kenar hem merkez popülasyonlar içinde farklı düzeyde çeşitlilik bulunduğu, bazı kenar popülasyonların merkez popülasyonlar

kadar varyasyona sahip olduğu, bu nedenle bu kenar populasyonların gen koruma ve ıslah programlarına dahil edilmesi gerektiği belirtilmiştir (Jimenez vd., 1999).

Bu çalışmalar kenar populasyonların, yerel seleksiyon ve düşük gen akışı nedeniyle farklılaştığını, bunun sonucunda da bulunduğu çevreye uyum sağlayabildiğini göstermektedir. Bu bakımdan kenar populasyonların türün yayılışını taşımak açısından, özellikle iklim değişikliğinde önemi büyük olmaktadır (Vakkari vd., 2009). Diğer bir anlatımla kenar populasyonların küresel iklim değişikliği sonucu türün daha kuzey enlemlere ve daha yükseklere doğru yayılışının genişletilmesinde bir liman olarak kullanılabilmesi düşünülmektedir. Bu düşüncede kenar populasyonların zor koşullara uyum sağlayabilmiş olması etkili olmaktadır. Kenar populasyonların yerel uyum (local adaptation) konusunda daha başarılı olduğuna dair bulgulara ulaşılmıştır (Kreyling vd., 2014). Bu durumun kenar populasyonların, özellikle doğal seleksiyonun etkisiyle, evrimsel süreçlerini buldukları yöreye göre belirlemelerinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Bu bakımdan kenar populasyonlara, türün yayılışının oluşturduğu eşsiz (unique) ortamlara (kenar bölgelere) uyum sağlamasından dolayı, gen koruma açısından yüksek öncelik verilmesi gerektiği belirtilmektedir (St. Clair ve Howe, 2011).

Kenar populasyonlar genelde küçük hacimli populasyonlardır. Populasyon büyüklüğü aslında ıslah ve gen koruma bakımından gen frekanslarının oranı nedeniyle önem kazanmaktadır. Değişik büyüklükte populasyonlarda bulunabilecek gen frekansları Tablo 1’de verilmiştir (Johnson vd., 2001). Tablo 1’de örneğin %50 oranında allellerin bulunabileceği populasyon büyüklüğü 5-18 birey arasında değişebilmektedir. Oysa %1 oranında bulunan allellerin bulunabileceği populasyon büyüklükleri ise 269-754 birey olabilmektedir. Diğer yandan %5 oranında allellerin bulunduğu populasyonlar 59-117 birey arasında örneklenebilmektedir. Yukarıda da değinildiği gibi 20 bireyle 10 generasyon sonunda eklemeli varyansta azalma çok fazla olmamaktadır. Eklemeli varyans da doğal seleksiyon ve dolayısıyla uyum için önemli olmaktadır. Kenar populasyonlarda birey sayısının düşük olduğu varsayılabilir bile uyum açısından önemli bir problem oluşmayacağı görülmektedir. Bu bakımdan kenar populasyonlar özellikle uyum açısından öncelikle değerlendirilmesi ve orman gen kaynaklarının korunmasında dikkate alınması düşünülmelidir. Diğer yandan birçok küçük populasyon, eğer olanaklar elveriyorsa bir tohum bahçesinde veya yapay bir meşcerede bir araya getirilerek allel frekansları, dolayısıyla genetik çeşitliliğin artırılması da düşünülebilecek bir seçenek olabilir.

Tablo 1. Allel frekansına göre belirlenmiş populasyon büyüklükleri (Johnson vd., 2001)

Allel Frekansı*	Kang (1979)	Gregorius (1980)	Namkong (1988)	Frankel et al. (1995)
0.5	18	6		5
0.2	31	21		14
0.1	49	51		29
0.05	79	117	117	59
0.01	269	754	597	299

*Allel frekansı ve populasyon büyüklüğünde yazarlar farklı yöntem ve yaklaşımlar kullanmışlardır.

4. Sonuç

Habitat ve orman alanı kayıplarının yaşandığı günümüzde, orman gen kaynaklarının korunması ağaç ıslahı çalışmaları ve değişen koşullara uyum açısından bir güvence oluşturmaktadır. Orman gen kaynaklarının korunmasında evrimsel sürece uygun bir yaklaşım izlenmesi, evrimsel süreçlerin birbirleri ile etkileşiminin de dikkate alınması gerekmektedir. Bunun için de orman gen kaynaklarının korunmasında gen koruma birimlerinden oluşan bir ağ oluşturulması, türün tüm yayılışının dikkate alınmasını ve evrimsel sürecin türün tüm yayılışında sürdürülmesini sağlayabilecektir. Bu anlamda orman ağaçlarının pek çoğunun yayılışının uluslararası düzeyde olduğu dolayısıyla gen koruma ağının da uluslararası düzeyde oluşturulması evrimsel sürecin bir gereği olmaktadır.

Türün uyum ve yaşamının sürdürülmesinde kenar populasyonlar önem taşımaktadır. Araştırmalardan kenar populasyonların özellikle uyum açısından merkez populasyonlardan bazı üstün yönlerinin olduğu da anlaşılmıştır. Diğer yandan kenar populasyonların türün yayılışının oluşturduğu eşsiz kenar ortamlara uyum sağlama, kenar populasyonlara türün evrimsel süreci açısından çok önemli bir işlev kazandırmaktadır. Hatta iklim değişimi sonucu türün yeni alanlara yayılmasında kenar populasyonların adeta bir liman oluşturabileceği öngörülmektedir. Bu bakımdan merkez populasyonlar yanında kenar populasyonların korunması, orman gen kaynaklarının korunmasında mutlaka dikkate alınmalıdır. Gen koruma açısından kenar populasyonların değeri ise içerdiği allel frekanslarına (0.5, 0.1, 0.01 gibi) göre değerlendirilebilir.

Kaynaklar

- Barton, N. H. 1984. Genetic revolutions, founder effects, and speciation. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 15:133-64.
- Bower, A. D., McLane, S. C., Eckert, A., Jorgensen, S., Schoettle, A., Aitken, S. 2011. Conservation genetics of high elevation five-needle white pines. In: Keane, Robert E.; Tomback, Diana F.; Murray, Michael P.; and Smith, Cyndi M., eds. The future of high-elevation, five-needle white pines in Western North America: Proceedings of the High Five Symposium. 28-30 June 2010; Missoula, MT. Proceedings RMRS-P-63. Fort Collins, CO: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Rocky Mountain Research Station. 376 p. (Online at http://www.fs.fed.us/rm/pubs/rmrs_p063.html):98-117.
- Channell, R. 2004. The Conservation value of peripheral populations: the supporting science. T.D. Hooper, editor. Proceedings of the Species at Risk 2004 Pathways to Recovery Conference. 1 March 2–6, 2004, Victoria, B.C. Species at Risk 2004 Pathways to Recovery Conference Organizing Committee, Victoria, B.C.
- Eriksson, G. 1996. Evolutionary genetics and conservation of forest tree genetic resources. Turok, J., G. Eriksson, J. Kleinschmit, S. Canger compilers, Noble Hardwoods Network, Report of first meeting 24-27 March 1996, Escherode, Germany. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy:159-167.
- Eriksson, G. 1997. Sampling for genetic resources population in the absence of genetic knowledge. Turok, J., E. Collin, B. Demesure, G. Eriksson, J. Kleinschmit, M. Rusanen, R. Stephan compilers, Noble Hardwoods Network, Report of second meeting 22-25 March 1997, Lourizan, Spain. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy :61-75.
- Eriksson, G., Ekberg, I., Clapham, D. 2013. Genetics applied to forestry an introduction. Elanders Sverige AB, Sweden.
- EUFORGEN 2015. (<http://www.euforgen.org/about-euforgen/scope/>).FAO 2006. Global Forest Resources Assessment 2005: Progress towards sustainable management. FAO Forestry Paper 1147. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Frankel, O.H., Brown, A. H. D., Burdon, J. J. 1995. The conservation of plant biodiversity. Cambridge University Press, Cambridge.
- Gregorius, H. R. 1980. The probability of losing an allele when diploid genotypes are sampled. *Biometrics* 36: 643-652.
- Jimenes, P., Agundez, D., Alia, R., Gil, L. 1999. Genetic variation in central and marginal populations of *Quercus suber* L. *Silvae Genetica* 48(6): 278-284.
- Johnson, R., St. Clair, B., Lipow, S. 2001. Genetic conservation in applied tree breeding programs. In: Thielges, B., ed. Proceedings, international conference on ex situ and in situ conservation of commercial tropical trees. Yogyakarta, Indonesia: Faculty of Forestry, Gadjah Mada.
- Kang, H. 1979. Designing a tree breeding system. In: Proceedings Seventeenth Meeting Canadian Tree Improvement Association. Gander, Newfoundland. August 27-30 1979. pp 51-66.
- Kreyling, J., Buhk, C., Backhaus, S., Hallinger, M., Huber, G., Lukas, H., Jentsch, A., Konner, M., Thiel, D., Wilmsking, M., Beierkuhnlein, C. 2014. Local adaptations to frost in marginal and central populations of the dominant forest tree *Fagus sylvatica* L. as affected by temperature and extreme drought in common garden experiments. *Ecology and Evolution* 4 (5):594-605
- Ledig, F. T. 1986. Conservation strategies for forest gene resources. *Forest Ecology and Management* 14:77-90.
- Ledig, F. T. 2000. Founder effects and genetic structure in coulter pine. *Journal of Heredity* 91(4): 307-315.
- Namkoong, G. 1988. Sampling for germplasm collections. *HortScience* 23: 79-81.
- Pandey, M., Rajora, O.P. 2012. Higher fine-scale genetic structure in peripheral than in core populations of a long-lived and mixed-mating conifer - eastern white cedar (*Thuja occidentalis* L.), Pandey and Rajora *BMC Evolutionary Biology* 2012, 12:48 <http://www.biomedcentral.com/1471-2148/12/48>.
- Rose, L., Leuschner, C., Köckemann, B., Buschmann, H. 2009. Are marginal beech (*Fagus sylvatica* L.) provenances a source for drought tolerant ecotypes? *Eur J Forest Res*, 128:335–343. DOI 10.1007/s10342-009-0268-4.
- Sakıcı, O. E., Ayan, S. 2016. Türkiye, Azerbaycan ve Orta Asya Türk Devletlerinin orman varlıkları bakımından karşılaştırılması, Türk Dünyası'nda İlimi Araştırmalar Sempozyumu Bildirileri, 29-31 Mayıs, 2016, s.728-737, Celalabat, Kırgızistan.
- St. Clair B. J., Howe, G. T. 2011. Strategies for conserving forest genetic resources in the face of climate change. *Turkish Journal of Botany* 35:403-409.
- Teissier du Cros, E. 2004. Management and conservation of forest genetic resources: Roles of IUFRO and France on the international scene and need for long-term monitoring of genetic diversity in conservation networks. In: Beaulieu, J. (ed.). *Silviculture and the Conservation of Genetic Resources for Sustainable Forest Management*. Proceedings of the Symposium of the North American Forest Commission, Forest Genetic Resources and Silviculture Working Groups and the International Union of Forest Research Organizations (IUFRO), 21 September 2003, Quebec City, Canada, Information Report LAU-X-128, pp. 9–19
- Vakkari, P., Rusanen, M. & Kärkkäinen, K. 2009. High genetic differentiation in marginal populations of European white elm (*Ulmus laevis*). *Silva Fennica* 43(2): 185–196.

(Received for publication 07 September 2015; The date of publication 15 August 2017)