

***PINUS PINEA* L. (FISTIK ÇAMI)'DE İZOENZİM ANALİZİ YARDIMIYLA GENETİK YAPININ BELİRLENMESİ**

Zeki YAHYAOĞLU¹, İbrahim TURNA¹

¹KTÜ, Orman Fakültesi, Orman Mühendisliği Bölümü, 61080, Trabzon, turna@ktu.edu.tr

ÖZET

Bu çalışma, ülkemizde doğal olarak bulunan 5 çam türünden biri olan, Fıstıkçamı (*Pinus pinea* L.) populasyonlarındaki genetik varyasyonun ortaya koyulması amacıyla gerçekleştirilmiştir. Başta Ege ve Akdeniz olmak üzere Marmara Karadeniz bölgelerinde yayılışını yapan Fıstık çamının doğal meşcerelerinden seçilen 10 populasyondan elde edilen karışık tohum örnekleri, izoenzim analizine tabi tutulmuştur. Çalışılan enzim sistemleri LAP ve GOT olup, materyal olarak kuru tohumun haploid (♀, n) olan endosperm dokusu kullanılmıştır.

Her populasyon için 80 adet tohumun endospermi kullanılmıştır. Denemeye sokulan endosperm dokusundan (♀, n) ekstrakte edilen çözülebilir enzim karışımları, “nişasta jeli zonal elektroforez” yardımıyla ayrılmış, histokimyasal boyama yöntemleri ile boyanarak enzimler (protein) bantlar halinde (zimogram) görünür hale getirilmiştir. Böylece, elde edilen izoenzim bantlarından hareketle allel frekansları % olarak hesaplanmış ve allel frekanslarına bağlı olarak da genetik mesafe belirlenmiştir.

Araştırma sonucunda, LAP enzim sisteminde LAP-A ve LAP-B olmak üzere 2 aktif zonda (2 enzim gen lokusunda) 5 allel, GOT enzim sisteminde ise GOT-A, GOT-B ve GOT-C olmak üzere 3 enzim gen lokusunda 9 allel tipi tespit edilmiştir. Başka bir ifade ile 2 enzim sistemi ile çalışma sonucunda 5 enzim gen lokusunda toplam 14 allel tipi belirlenmiştir.

Genel olarak GOT- sisteminde A2 ve C4 allelleri başat gözükmekte ve frekansları sıra ile 0.763-1.00 ve 0.38-1.00 arasında varyasyon göstermektedir. LAP- sisteminde ise A1 ve B2 allelleri başat olarak gözükmekte ve frekansları sıra ile 0.91-1.00 ve 0.85-1.00 arasında farklılık belirlenmiştir. Hesaplanan genetik mesafeler 0.02 ile 0.20 arasında değişiklik göstermektedir. Sonuç olarak, populasyonlar arasındaki farklılık ve benzerlikler ortaya konmuştur.

Anahtar sözcükler: Allel, Endosperm, Genetik varyasyon, İzoenzim, Lokus, *Pinus pinea* L., Populasyon.

DETERMİNING *PINUS PINEA* L.'S GENETIC CONSTRUCTION WITH ISOENZYM ANALYSIS

ABSTRACT

This research was conducted to determine the genetic variations of *pinus pinea* populations, one of the five *pinus* types endemic to our country. The mixed seed samples, picked from 10 different populations, were subjected to isoenzyme analysis. LAP and GOT are the the studied enzyme systems; haploid (♀, n) endosperm tissue of a dry seed used as test material.

80 seed endosperm's used for each population. The dissolvable enzyme blend that had been extracted from endosperm tissues, divided with the help of “starch gel regional electrophoresis”, painted with histochemical paints, enzymes (protein) became visible as strips (zimogram). Thus, based on the enzyme strips we obtained, allele frequencies are calculated as percentage (%) and genetic distance is determined depending on allele frequency.

As the result of the research, five allele types were located in two active zones (two enzyme gene locuses) in the LAP enzyme system; those zones being LAP-A and LAP-B, nine allele types were located in three enzyme gene locuses in the GOT enzyme system, those zones being GOT-A, GOT-B and GOT-C. In other words, after working on two enzyme systems, a total of 14 allele types were determined in five enzyme gene locuses.

Generally, in GOT- system; A2 and C4 allele's appear to be dominant and their frequency, in order, changes between 0.763-1.00 and 0.38-1.00. In LAP- system; A1 and B2 allele's appear to be dominant and their frequency, in order, changes from 0.91-1.00 and 0.85-1.00. Calculated genetic distance differs between 0.02 to 0.20. To sum up, the similarities and the differences between populations had put forth.

Keywords: Allele, Endosperm, Genetic variation, Isoenzyme, Locus, *Pinus pinea* L., Population.

1. GİRİŞ

Ülkemizde doğal olarak bulunan 5 çam türünden biri olan fıstık çamı (*Pinus pinea* L.), ada tarzında Antalya, Çanakkale, Kahramanmaraş, İzmir, Manisa, Bursa, Artvin ve Bartın'da yayılışını yapar. Başka bir ifade ile Karadeniz, Marmara, Ege ve Akdeniz bölgelerinde yayılış gösterir (Anşin 1994).

Dünyada yaşanan hızlı nüfus artışı doğal kaynakların aşırı kullanımına sebep olmakta, bu süreçten en fazla etkilenen doğal kaynakların başında da ormanlar gelmektedir. Nitekim dünyada her yıl milyonlarca ormanlık alan yok olmakta, ekosistem dengesi üzerinde yoğun baskı nedeniyle mevcut ormanlık alanlarda önemli değişikliklerin ortaya çıkmaktadır. Bunların başında nedeni birçok kez tam olarak bilinmeyen böcek, mantar, vb. zararlıların yanında kuraklık ve su stresine dayalı ölümler gelmektedir. Bu olumsuz sürecin önüne geçmek, ormanları alansal olarak artırmak ve nitelik olarak da iyileştirmek amacıyla yapılan çalışmalar arasında muhafaza altına alma, rehabilitasyon (iyileştirme), ağaçlandırma, doğal ve yapay gençleştirme gibi silvikültürel çalışmalar önem kazanmaktadır. Orman varlığını artırma amacına yönelik bu çeşit çalışmalar yapılırken doğaya uygun ormancılık esasları dikkate alınmakta, doğal dengenin sürdürülmesinde ekosistem tabanlı planlama ilkeleri doğrultusunda silvikültürel müdahalelerin yapılması önem kazanmaktadır. Planlama ilkeleri arasında özellikle biyolojik çeşitlilik ayrı bir önem taşımaktadır.

Biyolojik çeşitliliğin özüne inildiğinde genetik çeşitlilik kavramı ön plana çıkmış ve temel çalışma konularından birisi haline gelmiştir. Bilindiği gibi genetik çeşitlilik; bir türün gen havuzundaki kalıtsal bilgilerin zenginliğidir. Genetik çeşitlilik tür içi ve türler arası olabileceği gibi çeşitli türlerin oluşturduğu popülasyonlar içi ve popülasyonlar arasında da olabilir. Gerek tür içi gerekse türler arası varyasyonlar diğer bir ifadeyle genetik çeşitlilik değerlerindeki yüksek oranlar, değişen çevre şartlarına uyum, hastalıklara karşı direnç ve türün adaptasyon kabiliyetini belirlemektedir. Ekosistemin stabil kalması ve devamlılığında önemli bir göstergedir. Genetik çeşitlilik, aynı zamanda ıslah çalışmaları için şekillenecek bir hammaddestir. Bu nedenle, genetik çeşitlilik ile ilgili araştırmalar, orman ağaçları ıslahı programlarında öncelikli çalışma konuları arasındadır (Işık, 1998).

Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde çok çeşitli yöntemler kullanılmaktadır. Bunlar arasında morfolojik ve fizyolojik karakterler ile genetik karakterlerin belirlenmesi sayılabilir. Genetik karakterlerin belirlenmesinde izoenzim analizleri, DNA ve benzeri moleküler markerler vb. kullanılmaktadır. Bu çalışmalar laboratuvar ağırlıklı çalışmalardır. Kalıtsal faktörler kromozomlardaki genler tarafından kontrol edilir. Her kromozomda kalıtsal özellikler nakleden çok sayıda gen bulunur. Her bir özellik bir veya birden fazla gen tarafından kontrol edilir. Genler kontrol ettikleri özelliklere göre sınıflandırılabilir. Örneğin soğuğa dayanıklılığı sağlayan genler, hızlı büyümeyi sağlayan genler, vb.

Kalıtım olaylarını belirleyen özelliklerin büyük bir grubu biyokimyasal ürünlerde (yağ, şeker, yumurta akı, vb.) bulunmaktadır. Bunlar bulundukları enzimleri veya izoenzimleri de içeren gruplardır.

Bu çalışmada kullanılan yöntem izoenzim analiz yöntemi olup elektroforetik tekniği kullanılmıştır. Yöntem bitkisel dokulardan izoenzimleri elektroforetik yöntemle izole etmek ve renklendirmek esasına dayanır.

İzoenzimler yüksek seviyede özellikleri olan ve organlarda cereyan eden madde değişim olaylarını katalize eden protein molekülleridir. Çeşitli madde değişim olaylarının ortaya çıkması için değişik enzimlerin devreye girmesi gerekir. Enzimler genler tarafından kontrol edilirler. Bitkiler tarafından oluşturulan enzimlerin şekil ve molekül yapıları değişmeden devamlı olarak kalırlar. Yani gözlenen varyasyonların büyük bir kısmı genetik varyasyondur, çevre varyasyonu değildir (Bergmann and Müller – Starck, 1985).

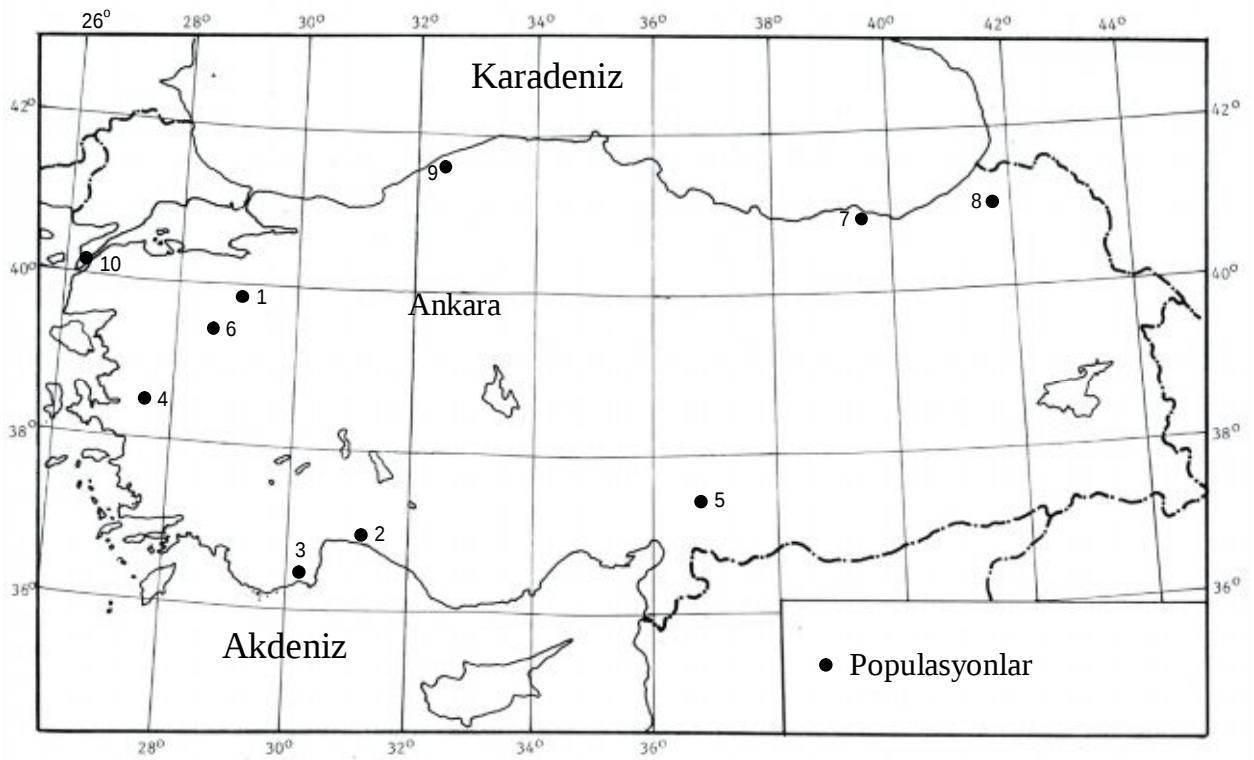
İzoenzim analizleri ile tohum kaynakları sınırlandırılabilir, klonlar belirlenebilir, tür ayırımı yapılabilir, yapay döllemenin başarılı olup olmadığı v.b. kontrol edilebilir. Ülkemizde diğer ülkelerde olduğu gibi genetik çalışmalar çoğunlukla konifer türler üzerinde yoğunlaşmıştır. Bunlar arasında başta kızılçam olmak üzere göknar, ladin, karaçam ve sedir türleri üzerinde yapılanlar sayılabilir. Örneğin göknar türlerimizde yapılan izoenzim araştırmalarında LAP, GOT, PGI, GDH, SKDH, DIA, PGM, DH ve G-PGDH'nın analizleri yapılmış olup, orijinler arasında bazı genetik farklılıklar bulunup ortaya konmuştur (Turna et.al. 2001, Şimşek 1992).

Çam türlerimizden Kızılçam ve Karaçam'da yapılan izoenzim analizlerinde LAP ve GOT enzim sistemleri kullanılmıştır (Turna vd., 2006; Yahyaoğlu vd., 1993). Ayrıca Doğu Ladin'inde LAP ve GOT enzim sistemleri analize tabi tutularak populasyonlar arasındaki benzerlik ve farklılıklar ortaya konmaya çalışılmıştır (Turna and Yahyaoğlu 2002; Turna 1996).

2. MATERYAL VE YÖNTEM

2.1. Materyal:

Bu çalışmada kullanılan materyal, Karadeniz, Marmara, Ege ve Akdeniz bölgelerindeki Fıstık çamı meşcerelerinden 10 farklı popülasyondan toplanmış karışık tohum örnekleridir. Araştırmada kullanılan tohum örneklerinin alındığı popülasyonların yerleri Şekil 1'de, popülasyonlara ilişkin bazı özellikler ise Tablo 1'de verilmiştir.



Şekil 1. Araştırmada kullanılan Fıstık çamı popülasyonlarının dağılımı

Tablo 1: Çalışmalarda Kullanılan Fıstıkçamı Orijinlerine İlişkin Genel Bilgiler

Sıra No	Orijinler	Enlem	Boylam	Yükselti (m)
1	Bursa-Dumanlıdağ	38°32'49"	29°22'49"	500
2	Antalya-Belek	36°52'05"	31°01'15"	10
3	Antalya-Kumluca	36°17'05"	30°20'02"	5
4	İzmir-Kartal	39°12'55"	26°57'20"	460
5	K.Maraş-Elmacık	37°30'07"	36°47'38"	750
6	Manisa	38°38'00"	27°17'00"	25
7	Artvin	41°12'15"	41°47'30"	160
8	Trabzon	40°58'00"	39°30'00"	450
9	Bartın	41°40'20"	32°20'00"	150
10	Çanakkale-G.Y.Milli P.	40°11'45"	26°16'40"	20

2.2. Yöntem

Araştırma yöntemi izoenzim analiz yöntemi olup elektroforez tekniğine dayanır. Elektroforez tekniği değişik jel ortamlarında (nişasta, polycramid, agar agar, vb.) karışık protein ve enzim moleküllerinin araştırılması tekniğidir. Bu çalışmada nişasta jel elektroforez tekniği kullanılmıştır.

Materyal olarak kuru tohumun haploid olan endosperm dokusu kullanılmış olup tohumlar ön bir çimlenmeye tabi tutulmamıştır. Enzim ekstraksiyonunda değişik tampon çözeltiler kullanılmıştır. Bunlardan homojenizasyon tamponu olarak 100 ml su+ 970 mg Tris-HCl ve 1 mg PVP çözeltisi, pH 7.3, elektrod ve jel tampon çözeltilerinde ise daha farklı çözeltilerden yararlanılmıştır. Yöntemin esasında nişasta jel elektroforez tekniğine dayanmaktadır (Cheliak and Pitel, 1984).

Her bir orijinden enzim sistemi analizleri için toplam 80 'er adet tohum kullanılmıştır. Enzim sistemleri olarak LAP (leucine amino peptidase) ve GOT (glutamate-oxaloacetate transaminase) araştırılmıştır. Endosperm dokusundan ekstrakte edilen çözünmüş haldeki enzimler jel elektroforez yardımıyla ayrılmış ve histokimyasal boyama yöntemi ile bantlar halinde (zimogram) görünür hale getirilmiştir (Cheliak and Pitel 1984). Daha sonra her orijinin allel frekansları hesaplanmıştır. Populasyonlar arasındaki genetik varyasyonları ortaya koymak için Gregorius (1974)'un geliştirdiği genetik mesafe formüllerinden yararlanılmıştır.

$$do = 0.5 \sum_{i=1}^K |X_i - Y_i| \quad (1)$$

d_0 = her lokus için hesaplanan (dar anlamda) genetik mesafe ($d_0 = 0$ ise populasyonlar genetik bakımdan benzer; $d_0 = 1$ ise populasyonlar genetik bakımdan tamamen farklı)

n = lokustaki allel sayısı

X_i ve Y_i = karşılaştırılması gerekli her iki populasyondaki i . allelin frekansları

$$D = \frac{1}{K} \cdot \sum_{i=1}^K do_{(i)} = K^{-1} \cdot \sum_{i=1}^K do_{(i)} \quad (2)$$

D = populasyonlardaki total genetik mesafe (geniş anlamda genetik mesafe)

d_0 = dar anlamda genetik mesafe

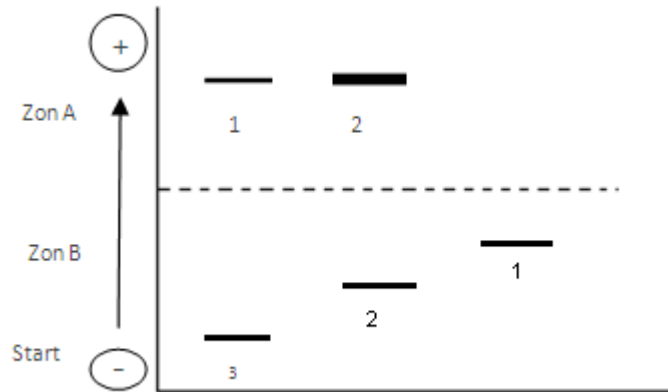
K = belirlenen lokus sayısı

3. BULGULAR VE TARTIŞMA

Bu araştırmada 10 farklı *Pinus pinea* L. populasyonlarında (orijin) izoenzim çeşitliliği elektroforetik yöntemlerle incelenmiş ve her bir populasyonda iki enzim sisteminde (LAP ve GOT) belirlenen 5 lokusta toplam 14 allel tipi tespit edilmiştir.

3.1. LAP Enzim Sistemine İlişkin Bulgular ve Tartışma

Denemeye alınan her bir populasyon için belirlenen enzim fenotipleri şematik olarak Şekil 2'de görülmektedir.



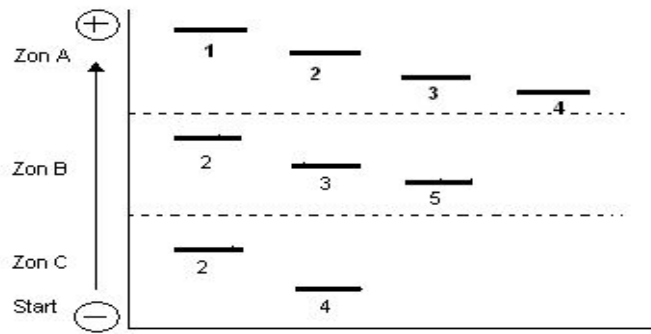
Şekil 2. LAP enzim sisteminde belirlenen enzim fenotipleri

Gen lokus (yer)'ları büyük harflerle, genler ise rakamlarla gösterilmektedir. LAP sistemi iki aktif zondan (gen lokusu) ibaret olup, iki gen lokusu tarafından (LAP-A ve LAP-B) kontrol edilmektedir. LAP-A 'da A₁ ve A₂ olmak üzere iki allel, LAP-B 'de ise B₁, B₂ ve B₃ olmak üzere üç allel tipi gözlenmiştir. Denemeye alınan 10 fıstık çamı orijini için belirlenen allel frekansları Tablo 2'de görülmektedir.

A₂ alleli 4, 6 ve 9 nolu orijinlerde yokken, diğer orijinlerde 1,00 oranında yani %100 oranında gözlenmiştir. LAP-B'de belirlenen B₁, B₂ ve B₃ den B₃ 2,3, ve 5 nolu orijinlerde; B₁ ise 3, 6 ve 7 nolu orijinlerde rastlanılmıştır. Burada A₁ ve B₂ allelleri baskın olarak görülmekte ve frekansları sıra ile 0,913-1,000 ve 0,850- 1,000 arasında varyasyon göstermektedir.

3.2. GOT Enzim Sistemine İlişkin Bulgular

Denemeye alınan her popülasyonu için belirlenen enzim fenotipleri şematik olarak şekil 3' de verilmiştir.



Şekil 3. GOT enzim sisteminde belirlenen enzim fenotipleri

Bu sistemde de gen lokusları büyük harflerle ve genler sayılarla gösterilmektedir. GOT sistemi üç aktif zondan (lokus) oluşmakta, başka bir ifade ile üç gen lokusu (GOT-A, GOT-B, GOT-C) tarafından kontrol edilmektedir.

10 *Pinus pinea* L. orijinde yapılan çalışma sonucunda belirlenen allel frekansları Tablo 2'de verilmiştir.

A₁ alleli 1, 2, 5 ve 10 nolu orijinlerde belirlenirken diğer orijinlerde gözlemlenmiştir. A₃ alleli 5, 8, ve 10. Orijinde; A₄ alleli ise sadece 3. ve 7. orijinlerde belirlenebilmiştir (Tablo 2).

B₂ alleli 1, 3, 6 nolu orijinlerde varken diğer orijinlerde rastlanmamıştır. B₃ alleli bütün orijinlerde rastlanırken B₅ alleli sadece 1, 3, 6 ve 10. orijinlerde gözlenmiştir. C₄ allelleri tüm orijinlerde varken, C₂ alleli sadece 4 nolu orijinde rastlanılmamıştır. Genel olarak A₂, B₃ ve C₄ allelleri baskın (dominant) görülmekte ve frekansları sıra ile 0,763-1,000; 0,913- 1,000 ve 0,375-1,000 arasında varyasyon göstermektedir.

Tablo 2: LAP ve GOT Enzim Sistemlerinde Belirlenen Enzim Gen Lokuslarına İlişkin Allel Frekansları

Gen Lokusları	Allel	Populasyonlar									
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
GOT-A	1	0.237	0.050	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038
GOT-A	2	0.763	0.950	0.863	1.000	0.913	1.000	0.925	0.925	1.000	0.913
GOT-A	3	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.075	0.000	0.050
GOT-A	4	0.000	0.000	0.137	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.000
GOT-B	2	0.025	0.000	0.038	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000
GOT-B	3	0.938	1.000	0.925	1.000	1.000	0.913	1.000	1.000	1.000	0.982
GOT-B	5	0.038	0.000	0.038	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.013
GOT-C	2	0.462	0.337	0.062	0.000	0.275	0.013	0.013	0.137	0.625	0.250
GOT-C	4	0.538	0.663	0.938	1.000	0.725	0.988	0.988	0.863	0.375	0.750
LAP-A	1	0.938	0.925	0.913	1.000	0.988	1.000	0.962	0.925	1.000	0.938
LAP-A	2	0.062	0.075	0.087	0.000	0.012	0.000	0.038	0.075	0.000	0.062
LAP-B	1	0.000	0.000	0.087	0.000	0.000	0.087	0.150	0.000	0.000	0.000
LAP-B	2	1.000	0.988	0.888	1.000	1.000	0.888	0.850	1.000	1.000	1.000
LAP-B	3	0.000	0.012	0.025	0.000	0.000	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000

Denemelerde analize tabi tutulan enzim sistemleri; gen lokusları ve allel sayıları aşağıdaki Tablo 3’de verilmiştir.

Tablo 3: Denemelerde Araştırılan Orijin Sistemlerinin Özeti

Enzim Sistemleri	Gen Lokusları	Allel Sayıları
LAP	LAP-A	2
	LAP-B	3
GOT	GOT-A	4
	GOT-B	3
	GOT-C	2

Alleller arasındaki farklı frekans dağılımı, genetik mesafe değerlerinde de kendisini göstermektedir (Tablo 4).

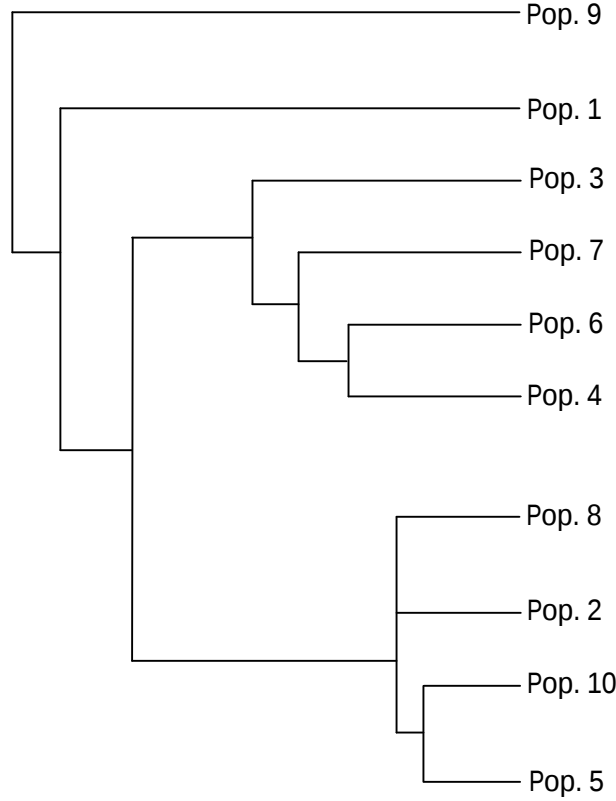
Tablo 4: LAP ve GOT enzim sistemlerine göre *Pinus pinea* L. populasyonları arasında belirlenen genetik mesafe değerleri

Orj.No	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0.000									
2	0.080	0.000								
3	0.157	0.120	0.000							
4	0.165	0.095	0.095	0.000						
5	0.105	0.042	0.123	0.075	0.000					
6	0.178	0.128	0.057	0.042	0.112	0.000				
7	0.185	0.118	0.060	0.055	0.105	0.052	0.000			
8	0.128	0.057	0.082	0.057	0.043	0.095	0.078	0.000		
9	0.105	0.085	0.195	0.125	0.090	0.162	0.175	0.127	0.000	
10	0.093	0.035	0.105	0.082	0.022	0.115	0.103	0.035	0.107	0.000

Denemede analize tabi tutulan enzim sistemlerine ilişkin gen havuzu (genpool) mesafeleri (geniş anlamda genetik mesafe) 0,022-0,195 arasında varyasyon göstermektedir (Tablo 4).

Genpool mesafelerine göre yapılan kümeleme (cluster) analizi sonucu oluşan gruplamalar dendrogramında görülmektedir (Şekil 4).

Yapılan kümeleme analizine göre 2, 5, 8, 10 nolu orijinler bir grup (küme) oluştururken, 3, 4, 6 ve 7 nolu orijinler ayrı bir küme oluşturmaktadırlar. 1. ve 9. Populasyonlar ise ayrı ayrı bağımsız olarak grup oluşturmuşlardır.



Şekil 4. Total genetik mesafelere göre kümeleme analizi ile elde edilen dendrogram

4. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışma sonucunda LAP ve GOT enzim sistemlerinde LAP enzimi 2 enzim gen lokusunda toplam 5 allel tipi ile, GOT enzim sistemi ise 3 enzim gen lokusunda toplam 9 allel tipi ile tespit edilmiştir.

Genetik mesafe değerlerine bakıldığında her iki enzim sisteminde de populasyonlar arasında benzerliklerin olmadığı, önemli derecede farklılıkların olduğu anlaşılmaktadır.

Etkili bir ağaç ıslahı programı için, doğada mevcut orman ağaçlarının genetik yapılarının bilinmesi gereklidir. Bu sayede her türlü amaca yönelik üstün bireylerin belirlenmesi ve buna yönelik çalışmaların yapılması kaçınılmazdır. Zira ekonomikliğin çok önemli olduğu bir dönemde gereksiz çalışmalardan kaçınılması, amaca yönelik çalışmaların yapılması bakımından mevcut yapının iyi bilinmesi şarttır.

Elektroforetik yöntemlerle gen envanterinin yapılması, populasyonların (orijinlerin) sınırlandırılması, ağaçlandırmalarında genetik yapısı bilinen tohum (sertifikalı tohum) kullanılması v.b. olanaklı hale gelmektedir. Böylece genetik çeşitlilik belirlenerek tipik populasyonlar gelecekte gen kaynağı olarak kullanılmak üzere koruma altına alınmalı ve

gen koruma ormanları oluşturulmalıdır. Yerinde korumanın (in-situ) mümkün olmadığı yada olamayacağı durumlarda ise ex-situ koruma önlemlerine (tohumların muhafazası, ağaçlandırma yapılması, tohum bahçelerinin tesisi vb.) başvurulması gerekmektedir. Ayrıca gelecek nesiller için var olan GENETİK MİRAS mutlaka korunmalı, genetik çeşitlilik generasyondan generasyona aktarılmalıdır.

5. KAYNAKÇA

- Anşin, R. (1994). Tohumlu Bitkiler Gymnospermae I. Cilt II. Baskı. KTÜ Orman Fakültesi Genel Yayın No. 122, Fakülte Yayın No : 12. KTÜ Basımevi, Trabzon, 262 s.
- Bergmann, F. Und Müller-Starck, G. (1989). Nachweis von Isoenzymen bei Waldbäumen, Göttingen.
- Cheliak, W.M., Pitel, J.H. (1984). Techniques for Starch Gel Electrophoresis of Enzym es from Forest Tree Species. Environ. Can. Forest Serv. Inf.Rep.PI-X-2. Petawa.
- Gregorius, H.-R.(1974). Genetischer Abstand zwischen Populationen I.Zur Konzeption der gentischen Abstansmessung. Silvae Genetica 23, 22-27,.
- Işık, F. (1998) Kızılçamda (*Pinus brutia* Ten.) Genetik Çeşitlilik, Kalıtım Derecesi ve Genetik Kazancın Belirlenmesi, Batı Akdeniz Araştırma Enstitüsü, Teknik Bülten No:7, Antalya.
- Şimşek, Y.(1992). Türkiye Orijinli Gökmar Türlerinin Genetik Yapıları Üzerine Araştırmalar. OAEY. Teknik Bülten No: 221, Ankara.
- Turna, İ. , Yahyaoğlu, Z. (2002). Allozyne Variations in some Populations of Oriental Spruce (*Picea orientalis* (L.) Link.) in Turkey. Pb. Un. Res. Bull (Sci) Vol: 52 pp 119-125.
- Turna, İ., Yahyaoğlu, Z. Yüksek, F., Ayaz F. A. and Güney, D. (2006). Morphometric and electrophoretic analysis of 13 populations of Anatolian black Pine in Turkey, J. Of Environmental Biology 27 (3) 491-497.
- Turna, İ. , Üçler, A.Ö. and Yahyaoğlu, Z. (2001). Genetic Analysis of Isoenzyme Variations in Cilian Fir (*Abies Cilicia* Carr.), Pb. Un. Res. Bull (Sci) Vol. 51, pp. 99-107.
- Yahyaoğlu, Z. , Ayaz, F.A., Genç, M. (1993). Kızılçam (*Pinus brutia* Ferr.) da İzoenzim Analizleriyle Orijin Ayırımı, Uluslar arası Kızılçam Sempozyumu, 18-23 Ekim, Marmaris,Türkiye.