

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

ORTADOĞU'DA YAYILIŞ GÖSTEREN
Apis mellifera L. (Hymenoptera: Apidae) ALTTÜRLERİNİN
GEOMETRİK MORFOMETRİ YÖNTEMLERİYLE ANALİZİ

Ayça ÖZKAN KOCA

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

ANKARA

2012

Her Hakkı Saklıdır

TEZ ONAYI

Ayça ÖZKAN KOCA tarafından hazırlanan “**Ortadoğu’da Yayılış Gösteren *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) Alttürlerinin Geometrik Morfometri Yöntemleriyle Analizi**” adlı tez çalışması 05/01/2012 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı’nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Prof. Dr. İrfan KANDEMİR
Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri :

Başkan : Prof. Dr. Kadriye SORKUN
Hacettepe Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Selim Sualp ÇAĞLAR
Hacettepe Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK
Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Nesrin ÖZSOY
Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. İrfan KANDEMİR
Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Prof. Dr. Özer KOLSARICI

Enstitü Müdürü

ÖZET

Doktora Tezi

ORTADOĞU'DA YAYILIŞ GÖSTEREN *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) ALTTÜRLERİNİN GEOMETRİK MORFOMETRİ YÖNTEMLERİYLE ANALİZİ

Ayça ÖZKAN KOCA

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. İrfan KANDEMİR

Bugüne kadar *Apis mellifera anatolica*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. meda*, *A. m. adami*, *A. m. syriaca*, *A. m. armeniaca* ve *A. m. pomonella* alttürlerinin dahil olduğu Ortadoğu'daki "O kolu" bal arısı alttürleri standart morfometrik ve genetik analizler ile ayırt edilmektedir. Bu tezin amacı, Landmark ve Outline metotlarına bağlı olarak geometrik morfometrik yaklaşımının kullanılması ile *A. m. adami*, *A. m. armeniaca* ve *A. m. syriaca* hariç Ortadoğu'daki "O kolu" bal arısı alttürlerinin ayırt edilmesidir. Tez içerisinde istatistiksel analizler için alttürlerin dağılım alanlarından (Türkiye, Kıbrıs, İran, Irak ve Kazakistan) toplam 495 koloni değerlendirilmiştir. Landmark metodu için ön kanat üzerinde tanımlanan landmarkların 2 boyutlu Kartezyen koordinatları elde edilmiştir. Landmarklar generalized procrustes algoritması kullanılarak üst üste bindirilmiş ve veri istatistiksel analizler için kullanılmıştır. Diğer taraftan Outline metodu için 7 kanat hücresinin şekil farklılıkları Eliptik Fourier Analizi (EFA) ile çalışılmıştır. Her bir kanat hücreğine ait Fourier katsayı setleri (FCs) tüm alttürlerin Ayırışım Fonksiyon Analizi (DFA) için kullanılmıştır. Landmark verisine bağlı olarak yapılan DFA'da tüm alttürlerin kolonileri birbirlerinden açık şekilde ayrılmıştır. Üç kanat hücresinin (2. submarginal hücre, 3. submarginal hücre ve 2. kübital hücre) EFA verilerinin kombinasyonuna bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. pomonella* ve *A. m. meda*'nın İran ve Irak'daki kolonileri birbirlerinden açık şekilde ayrılmıştır. *A. m. anatolica* kolonileri ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonileri örtüşen kümeler göstermiştir. Tüm hücrelerin şekil analizlerine göre, en iyi ayırt edici karakterler 1. Submarginal, 2. submarginal, 3. submarginal, 1. medial ve 2. kübital hücredir. Ortadoğu alttürleri arasındaki farklılıkları ayırmada kullanılan analizlerde, morfometrik kübital a ve b değerlerini içeren 3. submarginal hücrenin en ayırt edici karakter olduğu bulunmuştur. Sonuç olarak, Landmark metoduna bağlı bal arısı kanatlarının şekil analizi, bal arısı alttürlerinin ve populasyonlarının ayırt edilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Bal arılarında kanat hücrelerinin şekil analizi coğrafik varyasyonları, şekil farklılıklarını, populasyon yapısını veya taksonomik kategorizasyonu bulmak için düşük veya yüksek taksonomik düzeylerde kullanılabilir. Üstelik kanat ve kanat hücrelerinin geometrik morfometrik analizi standart morfometrik analizlerin üzerinde avantajlara sahip olabilir.

Ocak 2012, 166 sayfa

Anahtar Kelimeler: Geometrik morfometrik, *Apis mellifera* alttürleri, kanat şekli, landmark, eliptik fourier analizi

ABSTRACT

Ph.D. Thesis

ANALYSIS OF *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) SUBSPECIES DISTRIBUTED IN THE MIDDLE EAST BY USING GEOMETRIC MORPHOMETRIC METHODS

Ayça ÖZKAN KOCA

Ankara University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Biology

Supervisor: Prof. Dr. İrfan KANDEMİR

Until today, honey bee subspecies in the Middle East “O lineages” included the subspecies *Apis mellifera anatolica*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. meda*, , *A. m. adami*, *A. m. syriaca*, *A. m. armeniaca* and *A. m. pomonella* have been discriminated by standard morphometric and genetic analyses. The aim of this thesis is to discriminate honey bee subspecies except *A. m. adami*, *A. m. armeniaca* and *A. m. syriaca* in the Middle East “O lineages”, by using geometric morphometric approach based on Landmark and Outline methods. A total of 495 colonies from the distributional areas (Turkey, Cyprus, Iran, Iraq, Kazakhstan) of subspecies were evaluated for the statistical analysis in this thesis. For Landmark method, two dimensional x, y Cartesian coordinates of identified landmarks on forewing were obtained. Landmarks were superimposed by using a generalized procrustes algorithm and data were used for statistical analysis. On the other hand, for Outline method seven wing cell shape differences were studied by Elliptic Fourier Analysis (EFA). Set of Fourier coefficients (FCs) for each wing cell were used in order to Discriminant Function Analysis (DFA) of all subspecies. In DFA based on landmark data, colonies of all subspecies were clearly separated from each others. In DFA based on combined data of EFA of three wing cells (2nd submarginal cell, 3rd submarginal cell and 2nd cubital cell), *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. pomonella* and colonies of *A. m. meda* in the Iran and Iraq were clearly separated from each others. Colonies of *A. m. anatolica* and colonies of *A. m. meda* in the East and Southeast Anatolia showed overlapping clusters. According to shape analyses of all cells, the most distinguishable characters were 1st submarginal, 2nd submarginal, 3rd submarginal, 1st medial and 2nd cubital cells. In the analysis to distinguish the differences between Middle Eastern subspecies, 3rd submarginal cell having the morphometrical cubital a and b values was found to be the most distinguishable character. In conclusion, shape analysis of honey bee wings based on landmark method have been widely used discriminate honeybee subspecies and populations. Shape analysis of wing cells could be used in lower or higher taxonomic levels in order to find geographic variations, shape differences, population structure or taxonomic categorization in honey bees. Moreover, Geometric morphometric analysis of wing and wing cells may have advantages over standard morphometric analysis.

January 2012, 166 pages

Key Words: Geometric morphometric, *Apis mellifera* subspecies, wing shape, landmark, elliptic fourier analysis

TEŞEKKÜR

Tez çalışması sırasında, düşünce ve önerileri ile tezime yön veren ve bilim insanı olarak yetişmemde emeği olan danışman hocam Sayın Prof. Dr. İrfan KANDEMİR'e (Ankara Üniversitesi, Biyoloji Bölümü), tezimin dönemlik toplantılarında çalışmamın bilimsel olarak ilerlemesine yön veren ve akademik ortamda ilerlememde bana kazandırdıkları için tez çalışmamda jüri üyesi olarak yer alan aynı zamanda bir dönem danışmanlığımı yapan Sayın Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK'a (Ankara Üniversitesi, Biyoloji Bölümü), dönemlik tez toplantılarında bilimsel yönlendirmeleri ile tezin ilerleyişine önemli katkıları olan Sayın Prof. Dr. Selim Sualp ÇAĞLAR'a (Hacettepe Üniversitesi, Biyoloji Bölümü), bilimsel çalışmaların yanında manevi desteği ile katkılarından dolayı Sayın Prof. Dr. Reyhan ÇOLAK'a (Ankara Üniversitesi, Biyoloji Bölümü), *Apis mellifera pomonella* alttürüne ait örneklerin fotoğraflarını göndererek bu alttürü tez çalışmamın içinde değerlendirmemi sağlayan Sayın Prof. Dr. Steve SHEPPARD'a (Washington State Üniversitesi, Entomoloji Bölümü), İran ve Irak'da yayılış gösteren *A. m. meda* örneklerinin toplanmasındaki yardımlarından dolayı Doç. Dr. Mohammed MORADİ'ye (Zanjan Üniversitesi, Biyoloji Bölümü), diğer *A. mellifera* alttürlerine ait örneklerin toplanması sırasındaki yardımlarından dolayı Arı Yetiştiricileri Birlikleri'ne, TEMA Vakfı'na ve tüm Arı Yetiştiricileri'ne, tez çalışmamda haritaların oluşturulmasındaki yardımlarından dolayı Arş. Gör. Çağışan KARACAOĞLU'na (Hacettepe Üniversitesi, Biyoloji Bölümü), tez çalışmamdaki analizler için fikir paylaşımında bulunduğum Arş. Gör. Dr. Aslı DOĞAN'a (Ahi Evran Üniversitesi, Antropoloji Bölümü) ve Arş. Gör. Zeycan HELVACI'ya (Ankara Üniversitesi, Biyoloji Bölümü), laboratuarda birlikte çalıştığım ve her konuda yardımlarını esirgemeyen Arş. Gör. Gül OLGUN KARACAN'a (Ankara Üniversitesi, Biyoloji Bölümü) ve çalışma arkadaşlarıma içtenlikle teşekkür ederim.

Çalışmalarım süresince birçok fedakarlık göstererek beni destekleyen çocukları olmaktan onur duyduğum aileme ve tüm desteklerinden dolayı eşime sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Bu tez çalışması, bursiyer öğrenci olarak çalıştığım “Dünya Balarısı Alttürlerinin Geometrik Morfometrik Yöntemiyle Analizi-Proje No: 107T154” ve “Ortadoğu'da Yayılış Gösteren Bal Arısı Alttürlerinde Kanat Hücrelerinin Fourier Analizi-Proje No: 110T518” isimli projeler ile TÜBİTAK-TBAG tarafından desteklenmiştir.

Ayça ÖZKAN KOCA
Ankara, Ocak 2012

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
KISALTMALAR DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER	13
2.1 Batı Bal Arısı (<i>Apis mellifera</i> L.) ve Alttürleri	13
2.2 Ortadoğu (Oriental-O Kolu) Bal Arısı (<i>Apis mellifera</i> L.) Alttürleri ve Taksonomik Özellikleri	18
2.3 Geometrik Morfometri Yaklaşımında Kuramsal Temeller	21
2.3.1 Outline Metodu ve Fourier Analizi	23
2.3.1.1 Radyal Fourier Analizi	24
2.3.1.2 Eliptik Fourier Analizi	24
2.3.2 Landmark Metodu	25
3. MATERYAL ve YÖNTEM	32
3.1 Örneklerin Toplanması ve Kanatların Mikroskop Lamları Arasına Sabitlenmesi	32
3.2 Kanat Görüntülerinin Bilgisayar Ortamına Aktarılması ve Düzenlenmesi	40
3.3 Kanatta ve Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi	41
3.4 Landmark Metodu ile Kanatta Şekil Analizi	41
3.4.1 Landmarkların yerleştirilmesi	42
3.4.2 Landmark noktalarının üst üste bindirilmesi (Süperimposition)	44
3.4.3 İstatiksel analizler	45
3.5 Outline Metodu-Eliptik Fourier Analizi ile Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi	47
3.5.1 Kanat hücreleri üzerinde eğrilerin oluşturulması	48
3.5.2 Eliptik Fourier Analiz (EFA) ve istatiksel analiz	49
4. ARAŞTIRMA BULGULARI	54

4.1 Landmark Metodu ile Kanatta Şekil Analizi	54
4.1.1 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde kanatta şekil analizi	55
4.1.2 Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinde kanatta şekil analizi	62
4.1.3 İran bal arısı (<i>A. m. meda</i>) populasyonlarında kanatta şekil analizi	69
4.1.4 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde kanat şekli farklılıklarının deformasyon eğrileri ile karşılaştırılması	75
4.1.5 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde uzamsal otokorelasyon analizi	80
4.2 Outline Metodu-Eliptik Fourier Analizi ile Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi	85
4.2.1 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin kanat hücrelerinde şekil analizi	85
4.2.1.1 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	85
4.2.1.2 1. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	88
4.2.1.3 2. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	90
4.2.1.4 3. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	92
4.2.1.5 1. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	94
4.2.1.6 2. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analiz	96
4.2.1.7 2. Kübital hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	98
4.2.1.8 2. Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonuna bağlı olarak şekil analizi	100
4.2.2 Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin kanat hücrelerinde şekil analizi	101
4.2.2.1 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	104
4.2.2.2 1. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	106
4.2.2.3 2. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	108
4.2.2.4 3. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	110
4.2.2.5 1. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	112
4.2.2.6 2. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	114
4.2.2.7 2. Kübital hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi	116
4.2.2.8 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonuna bağlı olarak şekil analizi	118
4.2.3 İran bal arısı (<i>A. m. meda</i>) populasyonlarının kanat hücrelerinde şekil analizi	122

4.2.3.1	Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi	122
4.2.3.2	1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi	123
4.2.3.3	2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi	125
4.2.3.4	3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi	127
4.2.3.5	1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi	128
4.2.3.6	2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi	130
4.2.3.7	2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi	131
4.2.3.8	1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonuna bağlı olarak şekil analizi	133
4.2.4	Ortadoğu (O kolu) alttürlerinde ve <i>A. m. meda</i> populasyonlarında hücre alan büyüklükleri ve ekolojik veriler arası ilişki	136
5.	TARTIŞMA ve SONUÇ	139
5.1	Landmark Metodu ile Alttür ve Populasyonlarda Kanatta Şekil Analizi	139
5.1.1	Landmark metodu ile Ortadoğu (O kolu) alttürlerinde kanatta şekil analizi	139
5.1.2	Landmark metodu ile Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerde kanatta şekil analizi	141
5.1.3	Landmark metodu ile <i>A. m. meda</i> populasyonlarında kanatta şekil analizi	142
5.2	Outline Metodu-EFA ile Alttür ve Populasyonlarda Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi	144
5.3	Sonuçlar ve Öneriler	149
	KAYNAKLAR	151
	ÖZGEÇMİŞ	162

KISALTMALAR DİZİNİ

AFLP	Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi
ANOVA	Varyans analizi
CVA	Kanonikal variate analizi-Canonical variate analysis
DFA	Ayrışım fonksiyon analizi-Discriminant function analysis
DNA	Deoksiribonükleik asit
EDMA	Öklit uzaklık matriks analizi-Euclidian distance matrix analysis
EFA	Eliptik fourier analiz
FESA	Finite element scaling analysis
GPA	Generalized procrustes analysis
GLS	Generalized least squares
GRF	Generalized resistant fit
MANOVA	Multivariate analysis of variance
mtDNA	Mitokondri DNA'sı
nDNA	Çekirdek DNA'sı
PCA	Temel öğeler analizi-Principle component analysis
PW	Partial warp
RAPD	Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA
RFLP	Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi
RW	Relative warp
SNPs	Tek nükleotid polimorfizmleri

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1 M, C, A ve O kolları ile <i>A. mellifera</i> alttürlerinin 3 boyutlu fenogramları	2
Şekil 1.2 Morfometrik karakterlere bağlı olarak PCA ile <i>A. mellifera</i> alttürlerinin uzaysal konumlandırılması	3
Şekil 1.3 SNP genotiplemesi kullanılarak <i>A. mellifera</i> alttürlerinin evrimsel ilişkilerini gösteren Neighbour-joining ağacı	4
Şekil 1.4 Ön kanattaki landmark verileri ile DFA'ya bağlı olarak dört bal arısı kolunun dağılım grafiği, a. Bireylerin dağılımı, b. Kolonilerin dağılımı, c. Ön kanattaki landmark verileri ile DFA'ya bağlı olarak <i>A. mellifera</i> alttürlerinin dağılım grafiği (C)	10
Şekil 1.5 Ortadoğu "O kolu" alttürlerinin dağılımını gösteren harita	11
Şekil 1.6 Morfometrik karakterlere bağlı olarak PCA ile Ortadoğu "O kolu" alttürlerinin uzaysal konumlandırılması	11
Şekil 2.1 <i>A. mellifera</i> alttürlerinin Dünya üzerindeki dağılımı	17
Şekil 2.2 Kanat üzerinde üç farklı landmark tipi, ● = Tip I, ● = Tip II, ● = Tip III	26
Şekil 2.3 Generalized procrustes analizi (GPA)	27
Şekil 2.4 Üst üste bindirme (Süperimposition) işlemi	28
Şekil 2.5 Tanjant ve Kendall şekil uzayının matematiksel gösterimi	29
Şekil 3.1 Çalışma için toplanan <i>A. m. anatoliaca</i> , <i>A. m. carnica</i> , <i>A. m. caucasica</i> ve <i>A. m. cypria</i> örneklerinin toplandığı lokasyonlar ve kovan sayılarının dağılımına göre grafiklerin haritası	39
Şekil 3.2 Çalışma için toplanan <i>A. m. meda</i> ve <i>A. m. pomonella</i> örneklerinin toplandığı lokasyonlar ve kovan sayılarının dağılımına göre grafiklerin haritası	39
Şekil 3.3 Mikroskop lamalarına sabitlenen örneklere ait kanatlar	40
Şekil 3.4 Outline metodu için kanat görüntülerinin alınması	41
Şekil 3.5 TpsUtil ile tps dosyalarının oluşturulması	43
Şekil 3.6 Kanat üzerinde landmarkların pozisyonları	43
Şekil 3.7 TpsDig programı ile oluşturulan landmark noktalarının koordinatlarının tps dosyası	44

Şekil 3.8 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde kanat üzerinde yer alan landmark noktalarının üst üste bindirilmesi	46
Şekil 3.9 Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin kanat üzerinde yer alan landmark noktalarının üst üste bindirilmesi	46
Şekil 3.10 <i>A. m. meda</i> populasyonlarında kanat üzerinde yer alan landmark noktalarının üst üste bindirilmesi	47
Şekil 3.11 Ön kanattaki şekil analizi yapılan hücreler	48
Şekil 3.12 Kanat hücreleri üzerinde hücrenin şeklini belirleyen noktalardan oluşan eğriler (a. Marginal hücre, b. 1. Submarginal hücre, c. 2. Submarginal hücre, d. 3. Submarginal hücre, e. 1. Medial hücre, f. 2. Medial hücre, g. 2. Kübital hücre)	49
Şekil 3.13 Kanat hücrelerinde eğriyi oluşturan noktalara ait x, y koordinat verilerini içeren tps dosyası	50
Şekil 3.14 Kanat hücrelerinin EFA’sı için harmoniklerin belirlendiği ölçüm hatası (■) ve kümülatif gücü (◆)gösteren eğrilerin grafiği, (a. Marginal hücre, b. 1. Submarginal hücre, c. 2. Submarginal hücre, d. 3. Submarginal hücre, e. 1. Medial hücre, f. 2. Medial hücre, g. 2. Kübital hücre)	52
Şekil 4.1 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu bal arısı alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	59
Şekil 4.2 Landmark metodu ile analiz edilen Ortadoğu bal arısı alttürlerinin UPGMA fenogramı	62
Şekil 4.3 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	66
Şekil 4.4 Landmark metodu ile analiz edilen Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin UPGMA fenogramı	69
Şekil 4.5 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	72
Şekil 4.6 Landmark metodu ile analiz edilen <i>A. m. meda</i> populasyonlarının UPGMA fenogramı	73

Şekil 4.7 Ortadoğu alttürlerinden <i>A. m. caucasica</i> 'ya ait deformasyon gridlerinin diğer gruplar ile karşılaştırılması (a. <i>caucasica/anatoliaca</i> , b. <i>caucasica/meda1</i> , c. <i>caucasica/meda2</i> , d. <i>caucasica/cypria</i> , e. <i>caucasica/pomonella</i>)	75
Şekil 4.8 Ortadoğu alttürlerinden <i>A. m. cypria</i> 'ya ait deformasyon gridlerinin diğer gruplar ile karşılaştırılması (a. <i>cypria/anatoliaca</i> , b. <i>cypria/caucasica</i> , c. <i>cypria/meda1</i> , d. <i>cypria/meda2</i> , e. <i>cypria/pomonella</i>)	77
Şekil 4.9 Ortadoğu alttürlerinden <i>A. m. pomonella</i> 'ya ait deformasyon gridlerinin diğer gruplar ile karşılaştırılması (a. <i>pomonella/anatoliaca</i> , b. <i>pomonella/caucasica</i> , c. <i>pomonella/meda1</i> , d. <i>pomonella/meda2</i> , e. <i>pomonella/cypria</i>)	79
Şekil 4.10 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin landmark x, y kartezyen koordinat verilerine ait otokorrelogramları ($P < 0,05$), a. x1-y5'e ait; b. x6-y10'a ait; c. x11-y15'e ait; d. x16-y20'e ait; e. y4, y5, y6, y9, y16 ve y18'e ait klinal tip otokorrelogramlar	81
Şekil 4.11 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	86
Şekil 4.12 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	88
Şekil 4.13 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	90
Şekil 4.14 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	92
Şekil 4.15 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	94
Şekil 4.16 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	96
Şekil 4.17 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	98

Şekil 4.18 2. Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği	100
Şekil 4.19 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	104
Şekil 4.20 1. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	106
Şekil 4.21 2. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	108
Şekil 4.22 3. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	110
Şekil 4.23 1. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	112
Şekil 4.24 2. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	114
Şekil 4.25 2. Kübital hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	116
Şekil 4.26 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği	118
Şekil 4.27 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	123
Şekil 4.28 1. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	124
Şekil 4.29 2. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	126
Şekil 4.30 3. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	127
Şekil 4.31 1. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	129
Şekil 4.32 2. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	130

Şekil 4.33 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	132
Şekil 4.34 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA'da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği	134
Şekil 4.35 Ortadoğu "O kolu" alttürlerinde hücre alan büyüklükleri ve enlem verileri arasındaki ilişkiyi gösteren nokta yoğunluk grafikleri	137
Şekil 4.36 <i>A. m. meda</i> populasyonlarında hücre alan büyüklükleri ve enlem verileri arasındaki ilişkiyi gösteren nokta yoğunluk grafikleri	138

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1 Morfometrik çalışmalarda standart olarak kullanılan morfometrik karakterlerin listesi	5
Çizelge 2.1 Bal arılarının taksonomik sınıflandırılması	13
Çizelge 2.2 <i>A. mellifera</i> 'nın farklı bölgelere adapte olmuş alttürleri	16
Çizelge 3.1 Çalışma için toplanan bal arısı örneklerinin toplandığı bölgeler/eyaletler, lokasyonlar, konumları, Ortadoğu'daki (O) ve Türkiye'deki (T) bal arısı alttürleri ile <i>A. m. meda</i> (M) popülasyonlarının değerlendirildiği analizlerde kullanılan kovan sayıları (N)	33
Çizelge 4.1 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin Pairwise testi ile ikili karşılaştırılması	56
Çizelge 4.2 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin DFA'sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu	57
Çizelge 4.3 Landmark koordinat verileri ile yapılan Ortadoğu bal arısı alttürlerinin DFA'sında ilk 8 ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri, % eigen değerleri ve kümülatif % eigen değerleri	58
Çizelge 4.4 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Ortadoğu bal arısı alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	60
Çizelge 4.5 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Ortadoğu bal arısı alttürlerinin Çapraz Doğrulama testi sonuçları	61
Çizelge 4.6 Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin Pairwise testi ile ikili karşılaştırılması	63
Çizelge 4.7 Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin DFA'sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu	64
Çizelge 4.8 Landmark koordinat verileri ile yapılan Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin DFA'sında ilk 6 ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri, % eigen değerleri ve kümülatif % eigen değerleri	65
Çizelge 4.9 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	67

Çizelge 4.10 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin Çapraz Doğrulama testi sonuçları	68
Çizelge 4.11 <i>A. m. meda</i> populasyonlarının Pairwise testi ile ikili karşılaştırılması	70
Çizelge 4.12 <i>A. m. meda</i> populasyonlarının DFA’sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu	70
Çizelge 4.13 Landmark koordinat verileri ile yapılan <i>A. m. meda</i> populasyonlarının DFA’sında ilk 4 ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri, % eigen değerleri ve kümülatif % eigen değerleri	72
Çizelge 4.14 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile <i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	74
Çizelge 4.15 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile <i>A. m. meda</i> populasyonlarının Çapraz Doğrulama testi sonuçları	74
Çizelge 4.16 Ortadoğu bal arısı alttürlerini ayırmada kullanılan landmark koordinat verisi için Moran’s I katsayıları	83
Çizelge 4.17 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	87
Çizelge 4.18 1. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	89
Çizelge 4.19 2. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	91
Çizelge 4.20 3. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	93
Çizelge 4.21 1. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	95
Çizelge 4.22 2. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	97
Çizelge 4.23 2. Kübital hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	99
Çizelge 4.24 2. Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları	102

Çizelge 4.25 2. Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin Çapraz Doğrulama testi sonuçları	103
Çizelge 4.26 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	105
Çizelge 4.27 1. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	107
Çizelge 4.28 2. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	109
Çizelge 4.29 3. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	111
Çizelge 4.30 1. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	113
Çizelge 4.31 2. Medial hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	115
Çizelge 4.32 2. Kübital hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	117
Çizelge 4.33 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları	120
Çizelge 4.34 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin Çapraz Doğrulama testi sonuçları	121
Çizelge 4.35 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	123
Çizelge 4.36 1. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	125
Çizelge 4.37 2. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	126
Çizelge 4.38 3. Submarginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da <i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	128

Çizelge 4.39 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da	
<i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	129
Çizelge 4.40 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da	
<i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	131
Çizelge 4.41 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da	
<i>A. m. meda</i> populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	132
Çizelge 4.42 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA	
verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA <i>A. m. meda</i>	
populasyonlarının sınıflandırma sonuçları	135
Çizelge 4.43 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA	
verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA'da <i>A. m. meda</i>	
populasyonlarının Çapraz Doğrulama testi sonuçları	135

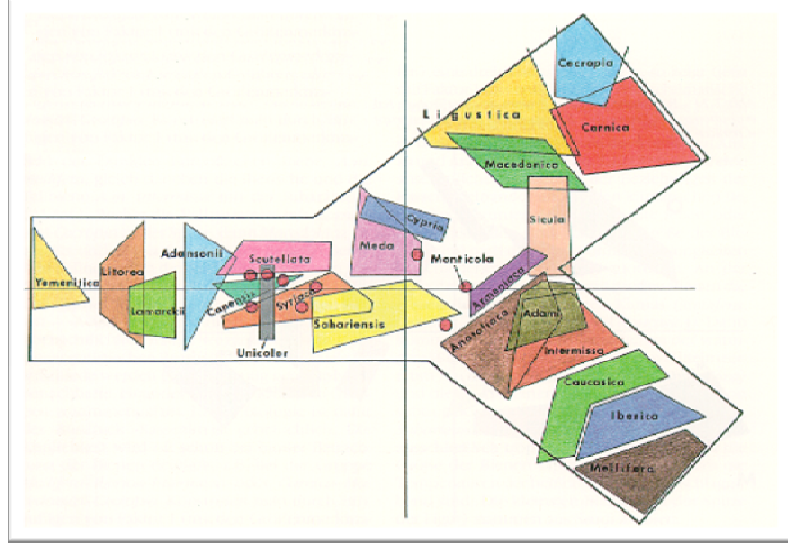
1. GİRİŞ

Batı bal arısı (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) Apidae familyası içerisinde yer alan morfolojik, fizyolojik ve davranışsal karakterler ile coğrafik dağılıma göre farklılık gösteren bal arısı türlerinden bir tanesidir (Otis 1996, Engel 1999). Bal arısı türleri içerisinde en fazla coğrafik varyasyona sahip olan *A. mellifera*'nın Dünya üzerinde, temelde 4 gruba ayrılan coğrafik olarak izole olmuş, 27 alttürü olduğu bilinmektedir (Ruttner 1992, Sheppard vd. 1997, Sheppard ve Meixner 2003). *A. mellifera*'nın doğal yayılış alanı Afrika ve Avrupa'nın hemen hemen hepsi ve Asya'nın batısıdır. Bu türe ait alttürler bulundukları coğrafyada hem yapay hem de doğal seleksiyonun ortak etkisi sonucu ortaya çıkmıştır. Zaman içerisinde meydana gelen ekolojik değişimler ile soğuma ve vejetasyon değişiminin birlikte etkisi, tür içinde yaygın olarak morfolojik ve davranış çeşitliliğine yol açmıştır (Arias ve Sheppard 2005). Bu tür, sahip olduğu genetik çeşitlilik, büyük coğrafik varyasyon ve ekonomik önem nedeniyle üzerinde çok fazla çalışma yapılan tür olmuştur.

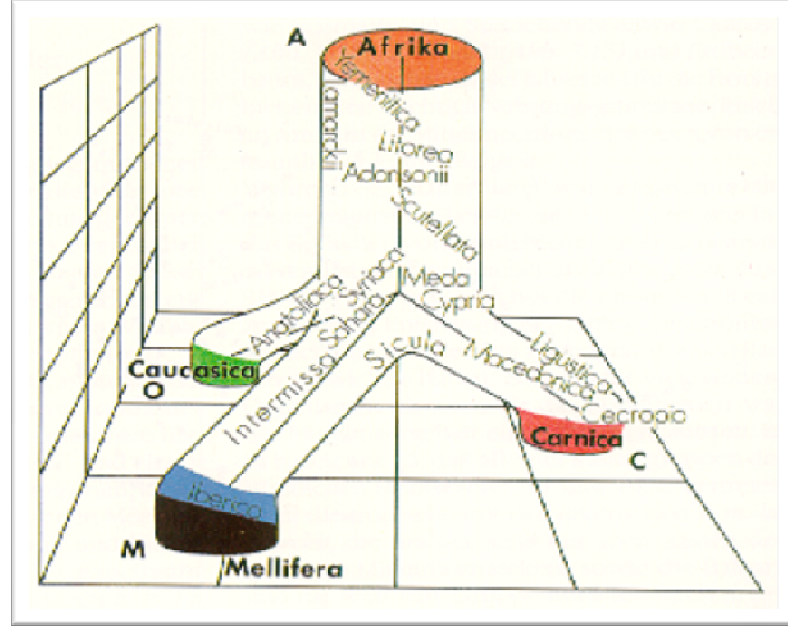
Apis mellifera'nın yaklaşık 1 milyon yıl önce üç farklı genetik soya ayrıldığı bilinmektedir (Garnery vd. 1992). *A. mellifera*'nın evrimi ve tüm Dünya üzerinde yayılışı ile ilgili üç farklı hipotez bulunmaktadır: Rothenbuhler vd. (1968)'ne göre *A. mellifera*'a Asya'nın güneydoğusu veya Hindistan'da ortaya çıkmıştır. Ruttner (1988) ise *A. mellifera*'nın Hazar Denizi'nin güney kıyılarında ortaya çıktığını ve Anadolu yolu ile Avrupa'ya, Arap Yarımadası boyunca Afrika'ya yayıldığını belirtmiştir. Wilson (1971) *A. mellifera*'nın Afrika'da ortaya çıktığını ve sonra Ortadoğu üzerinden Avrupa'ya yayıldığını ileri sürmektedir. Bu üçüncü hipotez, tek nükleotid polimorfizmleri (SNPs) kullanılarak yapılan çalışma ile desteklenmektedir (Whitfield vd. 2006).

Morfometrik karakterleri kullanarak Ruttner vd. (1978) *A. mellifera* türü için Dünya üzerindeki üç evrimsel kolun (M, A ve C kolları) varlığını ortaya koymuştur. Daha sonra Ruttner (1988, 1992) yaptığı Kümeleme Analizi-Cluster Analysis ve Temel Öğeler Analizi-Principle Component Analysis (PCA) ile *A. mellifera* türü içerisinde dört evrimsel kolun varlığını belirtmiştir: Batı Akdeniz ve Kuzey Afrika'da M kolu,

Afrika’da A kolu, Orta Akdeniz ve Güneydoğu Avrupa’da C kolu ve Batı Asya’da O kolu (Şekil 1.1). Yine morfometrik verilere dayanarak yaptıkları çalışma ile Kauhausen-Keller vd. (1997) bu dört kolun varlığını pekiştirici sonuçlar ortaya koymuştur (Şekil 1.2).

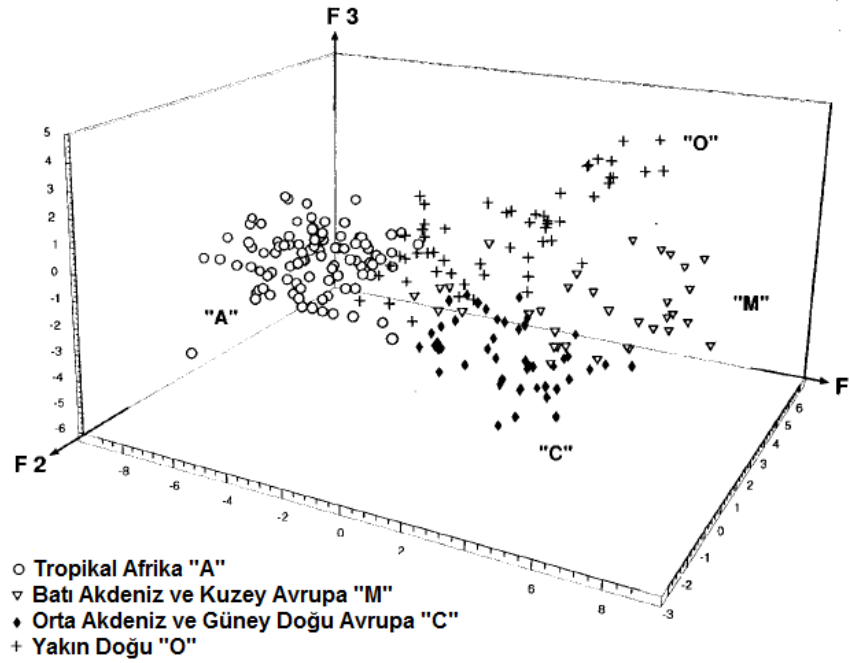


a



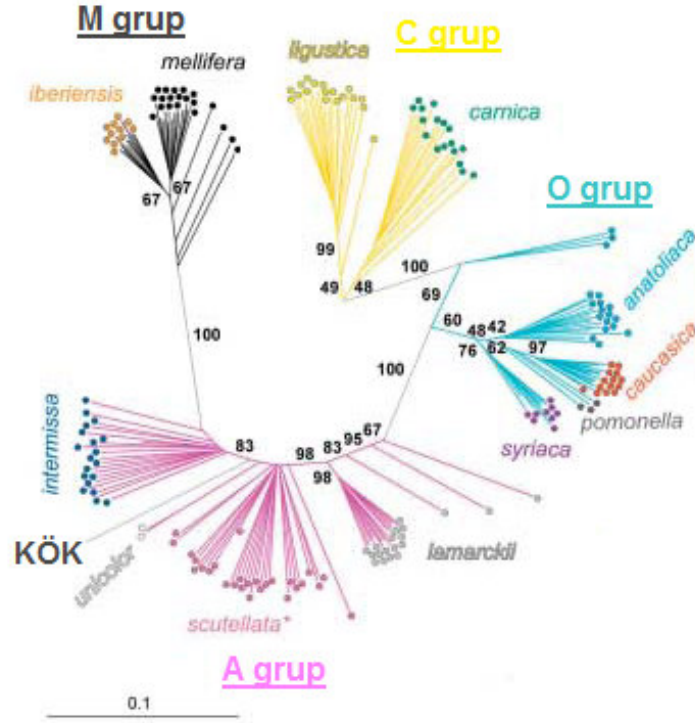
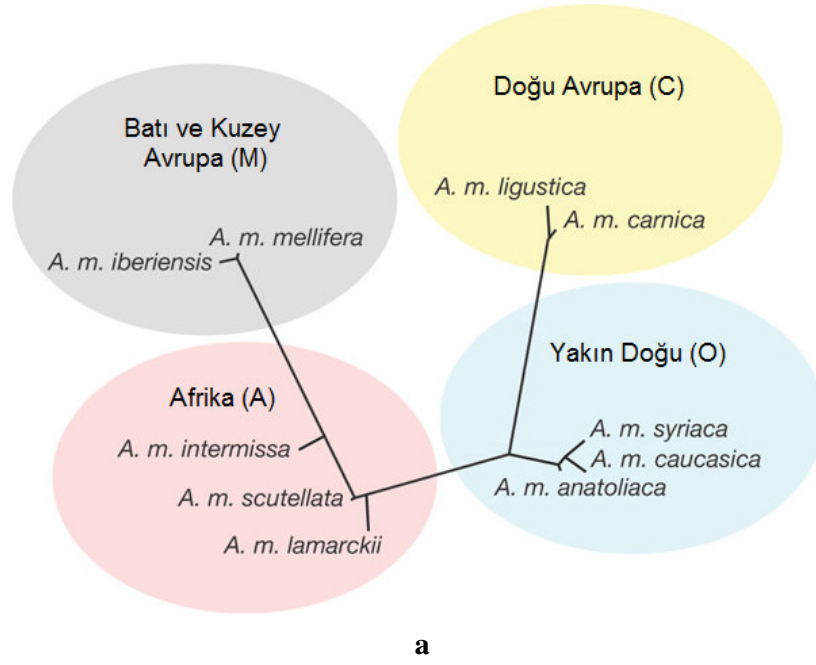
b

Şekil 1.1 M, C, A ve O kolları ile *A. mellifera* alttürlerinin 3 boyutlu fenogramları (Ruttner 1988)



Şekil 1.2 Morfometrik karakterlere bağlı olarak PCA analizi ile *A. mellifera* alttürlerinin uzaysal konumlandırılması (Kauhausen-Keller vd. 1997'den değiştirilerek alınmıştır)

Standart morfometrik karakterler kullanılarak Batı bal arısı kollarının veya alttürlerinin ayrımı ile ilgili çalışmalara ek olarak mitokondriyal DNA (mtDNA) belirteçleri (Smith 1991, Garnery vd. 1992, Arias ve Sheppard 1996, Palmer vd. 2000, Franck vd. 2000a, 2001, Kandemir vd. 2006a) ve tek nükleotid polimorfizmleri (SNPs) (Whitfield vd. 2006). kullanarak yapılan çalışmalarda, Ruttner (1988) ve Kauhausen-Keller vd. (1997) tarafından bildirilen 4 ana kolun varlığı ile ilgili paralel sonuçlar elde edilmiştir. Ancak bu çalışmalarda, bazı alttürlerin morfometrik karakterlere göre ayrıldıkları ana kollardan diğer kollara kaydıkları belirtilmiştir (Arias ve Sheppard 1996, Franck vd. 2000a, 2000b, 2001, Whitfield vd. 2006). Franck vd. (2001) yaptıkları çalışmada Etiyopya'dan alınan *A. m. yemenitica* örneklerinin Y kolu olarak adlandırılan yeni genetik kolu oluşturabileceğini ortaya koymuştur. Whitfield vd. (2006) SNP genotiplemesini kullanarak yaptıkları sınıflandırmada, 4 ana Batı bal arısı kolunu destekleyici sonucun yanı sıra Wilson'ın (1971) 40 yıl öncesine dayanan *A. mellifera* alttürlerinin Afrika kökenli olduğu ile ilgili hipotezini destekleyici sonuçlar elde edilmiştir (Şekil 1.3.a, Anonymous 2006; Şekil 1.3.b, Whitfield vd. 2006).



Şekil 1.3 SNP genotiplemesi kullanılarak *A. mellifera* alttürlerinin evrimsel ilişkisini gösteren Neighbour-joining ağacı (a. Anonymous 2006, b. Whitfield vd. 2006'den değiştirilerek alınmıştır)

Ruttner'in (1988, 1992) belirttiği dört evrimsel Batı bal arısı kolunu oluşturan *A. mellifera* alttürlerini tanımlamak ve sınıflandırmak için geçmişten günümüze klasik morfometri teknikleri yaygın bir şekilde kullanılmıştır (Alpatov 1929, Daly 1982, Ruttner 1988, Kauhausen-Keller vd. 1997). Ruttner (1988) bal arıları ile yaptığı çalışmalarda, *A. mellifera* alttürleri arasındaki evrimsel ilişkileri ortaya koymak ve bu ilişkilere göre Dünya üzerindeki Batı bal arısı kollarını belirtmek için çeşitli morfometrik karakter (uzaklıklar, açılar ve pigmentasyon sınıflandırması) kullanmış (Çizelge 1.1) ve Ruttner'in (1988) yaptığı çalışmalardan sonra bu karakterler standart morfometrik karakterler olarak kabul edilmiştir. Ruttner'in (1988) çalışmalarının devamında, birçok araştırmacı *A. mellifera* ile yaptıkları taksonomik ve sistematik çalışmalarda arıların çeşitli vücut parçalarını ve üzerindeki morfometrik karakterleri kullanmıştır. Bu karakterler genellikle birlikte kullanılarak ve çok değişkenli morfometrik analizler ile analiz edilmiştir.

Çizelge 1.1 Morfometrik çalışmalarda standart olarak kullanılan morfometrik karakterlerin listesi (Ruttner 1988)

Karakter Türü	Karakterler
Kıl	5. Tergit üzerindeki kıllar
	4. Tergit üzerindeki tomentumun genişliği
	Tomentumun posterior çizgisinin genişliği
Büyüklik	Proboscis uzunluğu
	Femur uzunluğu
	Tibia uzunluğu
	Metatarsus uzunluğu ve genişliği
	3. ve 4. Tergit uzunluğu
	3. Sternit uzunluğu
	3. Sternit mum aynalarının uzunluğu ve genişliği
	3. Sternit mum aynaları arasındaki uzaklık
	6. Sternit uzunluğu ve genişliği
Ön Kanat	Ön kanat uzunluğu ve genişliği
	Kübital A
	Kübital B
	Ön kanatta 11 açı: A4, B4, D7, E9, G18, I10, I16, K19, L13, N23, O26
Renk	2. 3. ve 4. Tergitte renklenme
	Scutellumda renklenme

A. mellifera alttürleri ile ilgili literatürde, alttürleri tanımlamak, sınıflandırmak, ayırt etmek ve alttürler arasındaki evrimsel ilişkileri tam olarak belirlemek için birçok farklı yöntem kullanılarak bu şekilde alttürler tanımlanmaya ve aralarındaki evrimsel ilişkiler ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır (Sheppard ve Smith 2000).

1970’li yılların sonlarında gelişen teknikler ile *A. mellifera* alttürlerinde allozim çalışmaları ile alttürler arasındaki ilişkiler ve *A. mellifera* alttürlerinin evrimi araştırılmıştır. Fakat allozim analizleri, tür içerisindeki düşük değişkenlik nedeniyle *A. mellifera* alttürlerinin evrimi ve populasyon yapısı hakkında çok az bilgi vermiştir (Pamilo vd. 1978, Packer ve Owen 1992). *A. mellifera* alttürleri arasındaki hibrit bölgelerin çalışılması açısından allozim çalışmaları önemli sonuçlar ortaya çıkartmıştır (Sheppard ve Smith 2000). Moleküler belirteçler arasında mitokondriyal DNA’daki (mtDNA) bölgelerde restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP) (Smith 1991, Arias ve Sheppard 1996, Franck vd. 2000a, Kandemir vd. 2006a, 2006b, Ferreira vd. 2009) ve nükleer DNA’da (nDNA) mikrosatellitlerin (Estoup vd. 1995, Franck vd. 2001, Bodur vd. 2007) *A. mellifera*’nın evrimini, *A. mellifera* alttürleri veya kolları arasındaki ilişkileri çözmekte çok yararlı belirteçler olduğu görülmektedir. mtDNA üzerine yapılan ilk çalışmalar üç evrimsel kolun (A, C ve M kolları) varlığını doğrulayarak alttür düzeyinde güçlü bir ayırıcı olmuştur (Smith 1991, Garnery vd. 1992, Arias ve Sheppard 1996). Bu üç kolun yanında dördüncü kolun (O kolu) varlığı daha sonraki mtDNA çalışmaları ile doğrulanmıştır (Franck vd. 2000a). Batı bal arısı kolları düzeyinde, aynı kol içerisindeki *A. mellifera* alttürleri arasındaki mtDNA polimorfizmleri birçok araştırmacı tarafından çalışılmıştır (Smith vd. 1989, Smith 1991, Garnery vd. 1993, 1995, Arias ve Sheppard 1996, Smith vd. 1997, Franck vd. 1998, Franck vd. 2000a, 2000b, Palmer vd. 2000, Kandemir vd. 2006a, 2006b, Ferreira vd. 2009). Evrimsel süreçte bal arısı kollarının varlığı ve kompozisyonu, mikrosatellitler kullanılarak da doğrulanmıştır (Estoup vd. 1995, Franck vd. 2001). Nükleer restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP), rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD), çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP) *A. mellifera* populasyonları ile ilgili yapılan populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan diğer belirteçlerdir (Hall 1990, Suazo vd. 1998, Suazo ve Hall 1999, Suazo ve Hall 2002, Hall ve Lee 2007).

Kullanılan bu belirteçlerin yanında, DNA dizi çalışmaları (gerek mtDNA, gerekse nDNA) gibi birçok moleküler teknik yukarıda bahsedilen çalışmalar ile beraber *A. mellifera*'nın populasyon genetiği ve filogenisi çalışmalarında geçerliliklerini gün geçtikçe devam ettirmektedir. Yapılan bu çalışmalar *A. mellifera* alttürlerinin tanımlanması, Dünya üzerindeki dağılımlarının belirlenmesi ve filogenetik ilişkilerin ortaya çıkarılması gibi birçok konuda oldukça faydalı ipuçlarının tespit edilmesine yardımcı olmuştur. Bu çalışmaların yanı sıra, *A. mellifera*'nın genom dizisi de ortaya çıkarılmıştır (Anonymous 2006). Whitfield vd. (2006) *A. mellifera* genomu içinde yer alan SNPs genotiplemesine dayanarak yaptıkları çalışmada, dört bal arısı kolunu destekleyici sonuçlar ile *A. mellifera* alttürlerinin Dünya üzerindeki yayılışının geçmişi ile ilgili önemli sonuçlar ortaya çıkarmıştır.

A. mellifera alttürlerinde standart morfometrik karakterler kullanılarak yapılan klasik morfometrik çalışmalarda, kanat şekli özellikle kanat üzerindeki hücreler arasındaki açılar ve damar uzunluklarının ölçümünün kullanımı ile karakterize edilmiştir (Ruttner 1988). Ruttner kanat damarlanmasının genetik ve taksonomik analizler için zengin bir kaynak olduğunu belirtmiştir. Filogenetik ve filocoğrafik çalışmalarda kanat açılarının kullanışlılığı Diniz-Filho vd. (2000) tarafından çok iyi bir şekilde gösterilmiştir. Son yıllarda *A. mellifera* alttürleri ile yapılan bu çalışmalara yeni yaklaşım olan “Geometrik Morfometri” yönteminin, kanatta damarların kesişim yerlerine yerleştirilen noktaların “Landmark”, kullanılması ile yapılan şekil varyasyonu ile ilgili çalışmalarda eklenmiştir (Tofilski 2008, Francoy vd. 2008, 2009a, Kandemir vd. 2011, Miguel vd. 2011). Böylece kanattaki damarlanma ile ilgili karakterler hem standart morfometrik hem de geometrik morfometrik analizlerde filogenetik kollar ve üyeleri ile ilgili problemleri çözmek için çok uygundur. Genel literatüre bakıldığında, biyolojik çalışmalarda geometrik morfometri yaklaşımının farklı uygulamaları mevcuttur. Biyolojik çalışmalarda geometrik morfometrinin Outline metotlarından Eliptik Fourier Analizi-EFA (Lestrel 1982) ilk başvuru metotlarından biridir. Daha sonra “Landmark Metodu” nun geliştirilmesi ve buna yönelik programların oluşturulması ile bu yöntem daha yaygın bir şekilde kullanılmıştır (Adams vd. 2004).

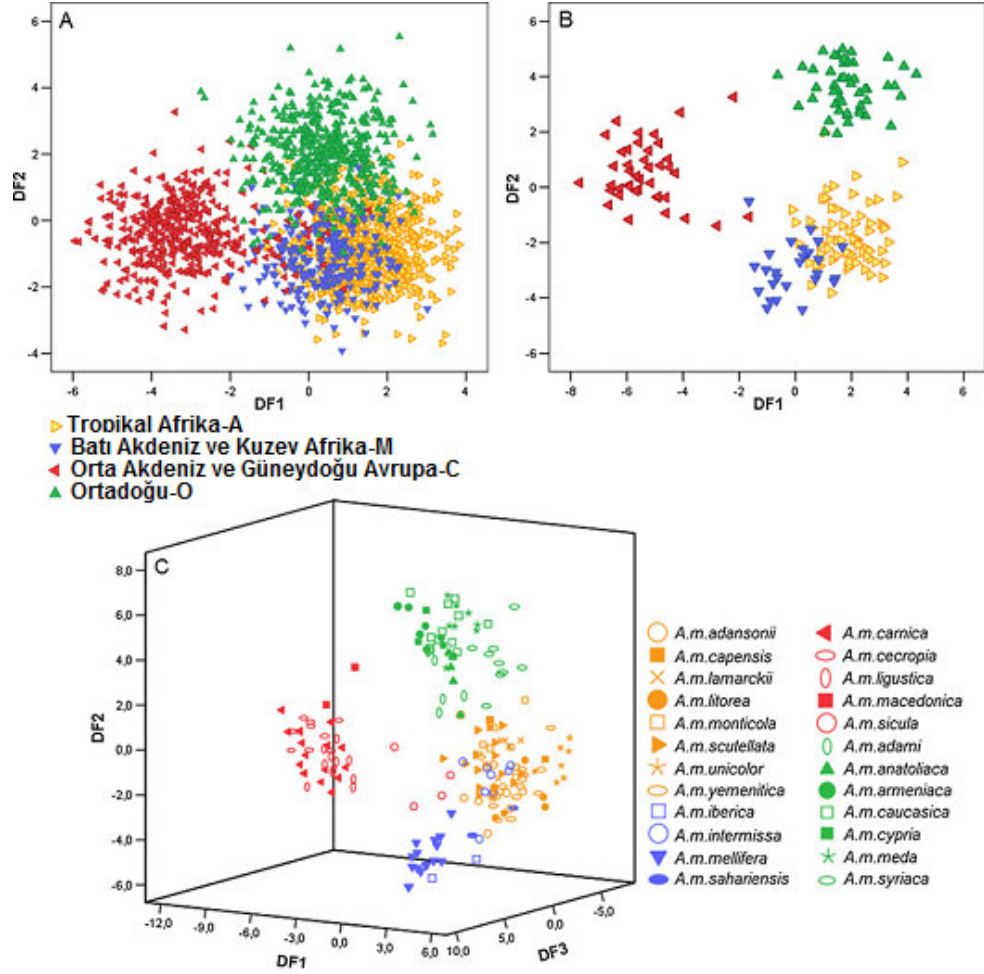
Geometrik morfometri yönteminin Landmark metodu böcek taksonomisinde, özellikle farklı taksonomik düzeylerdeki böceklerdeki kanat şekli varyasyonu için yaygın olarak kullanılmıştır (De La Riva vd. 2001, Monteiro vd. 2002, Moraes vd. 2004, Aytekin vd. 2007, Villemant vd. 2007, Francoy vd. 2008, Kandemir vd. 2009). Kanat şekli böceklerde fenotipin başlıca bileşenidir ve doğrudan böceğin uçuş karakteristiği ile ilgilidir. Bu nedenle tüm böceklerde olduğu gibi bal arılarında da kanat şeklinin kullanımı geometrik morfometrik çalışmalar için çok yararlı bir araç olmuştur. Bugüne kadar yapılan çalışmalarda şekil analizi temeline dayanan metotlardan sadece Landmark metodu kullanılarak *A. mellifera* alttürlerinde kanat şekli farklılıkları araştırılmıştır. Francoy vd. (2008) Afrika bal arılarını tanımlamak, Tofilski (2008) *A. m. mellifera*, *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica* alttürlerini ayırt etmek ve yine Francoy vd. (2009a) Amerika'nın tropik bölgelerinde Afrika kökenli arıları belirlemek için bu yaklaşımı kullanmıştır. Miguel vd. (2011) geometrik morfometri yöntemi ve mikrosatellit belirteçlerini birlikte kullanarak M evrimsel kolundaki *A. mellifera* alttürleri arasındaki farklılıkları değerlendirmiştir.

Kandemir vd. (2011) Almanya'daki Oberursel Enstitüsü'ndeki Morfometrik Veri Bankası'ndan alınan Dünya'daki 24 *A. mellifera* alttürlerine ait kanat fotoğrafları ile Landmark metodunu kullanarak bal arısı kolları ve alttürleri arasındaki kanat şekline bağlı farklılığı değerlendirmiştir. Bu şekilde geometrik morfometri yaklaşımının Landmark yönteminin ön kanatta uygulaması ile Ruttner (1988) ve Kauhausen-Keller vd. (1997)'in morfometrik verilere dayanarak ortaya çıkarttığı dört bal arısı kolunun varlığını pekiştirici sonuçlar ortaya koymuştur (Şekil 1.4.a, c).

Ruttner (1988) yaptığı morfometrik verilerin çok değişkenli analizi ile O “Ortadoğu-Oriental” evrimsel kolu içerisinde yer alan alttürleri, 7 alttür olarak değerlendirmiştir: *A. m. adami*, *A. m. cypria*, *A. m. syriaca*, *A. m. meda*, *A. m. caucasica*, *A. m. armeniaca* ve *A. m. anatoliaca* (Şekil 1.5). Kauhausen-Keller vd. (1997) Dünya alttürleri ile yaptığı çalışmada, morfometrik karakterlere bağlı olarak PCA ile “O kolu” alttürlerinin dağılımlarını göstermiştir. Bu dağılım grafiğinde, *A. m. syriaca*, *A. m. cypria*, *A. m. meda* gibi güneyde yer alan küçük alttürler ve en kuzeyde yayılış gösteren *A. m. caucasica* ayrı gruplar oluşturmuştur (Şekil 1.6). O evrimsel kolunda yer alan diğer bir

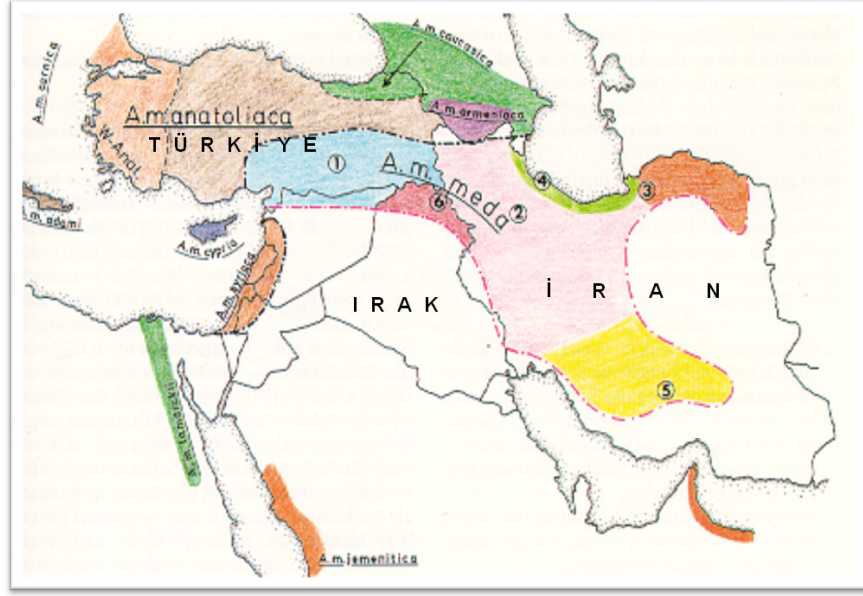
alttür Sheppard ve Meixner (2003) tarafından morfolojik karakterlerin ölçümü sonucu yapılan çok değişkenli istatistiksel yöntemler ile tanımlanan *A. m. pomonella*'dır. Ruttner (1988) ve Kauhausen-Keller vd. (1997) morfometrik karakterler kullanılarak yapılan çalışmalarda *A. m. pomonella* hariç 7 alttürü (*A. m. adami*, *A. m. cypria*, *A. m. syriaca*, *A. m. meda*, *A. m. caucasica*, *A. m. armeniaca* ve *A. m. anatoliaca*) O evrimsel kolunda değerlendirilmiştir. Franck vd. (2000a, 2000b, 2001) tarafından yapılan mtDNA çalışmaları ile *A. m. syriaca* hariç *A. m. cypria*, *A. m. syriaca*, *A. m. meda*, *A. m. caucasica*, *A. m. armeniaca* ve *A. m. anatoliaca*'nın C “Carnica” evrimsel kolu içerisinde değerlendirilebileceği ifade edilmiştir. Whitfield vd. (2006) SNPs kullanarak yaptıkları çalışmada da morfometrik karakterler ile yapılan çalışmalar ile O kolunda yer aldığı bilinen *A. m. syriaca*, *A. m. caucasica* ve *A. m. anatoliaca*'nın O evrimsel kolun üyesi olduğu onaylanmıştır.

Ruttner (1988) kullandığı morfometrik karakterlerden elde ettiği verileri kullanarak çok değişkenli analizler ile Türkiye’de dört *A. mellifera* alttürünün varlığını göstermiştir: *A. m. anatoliaca* Orta Anadolu, Ege, Akdeniz boyunca ve Karadeniz bölgesinin büyük bir bölümünde bulunmaktadır. *A. m. caucasica* Kuzeydoğu Anadolu’da, *A. m. meda* Güneydoğu Anadolu’da ve *A. m. carnica* Trakya’da yayılış göstermektedir. Ruttner’in (1988) yaptığı bu çalışmalardan sonra, Türkiye’deki bal arılarının dağılımını ortaya çıkartmak için birçok lokasyondan bal arısı örnekleri, Dünya bal arıları ile yapılan çalışmalara paralel olarak klasik morfometri yöntemi (Karacaoğlu ve Fıratlı 1998, Gencer ve Fıratlı 1999, Güler ve Kaftanoğlu 1999, Kandemir vd. 2000, 2005, Güler vd. 2002, Adl vd. 2007), allozimler (Asal vd. 1995, Kandemir ve Kence 1995, Kandemir vd. 2000, 2005), mtDNA gen bölgeleri (Smith vd. 1997, Palmer vd. 2000, Kandemir vd. 2006a, Özdil vd. 2009) ve mikrosatellit analizleri (Bodur vd. 2007) ile geniş ölçüde çalışılmıştır. Kandemir ve Kence (1995) ile Palmer vd. (2000)’nin yaptığı çalışmalarda, Güneydoğu Anadolu’da Hatay çevresinde *A. m. syriaca* olmak üzere, Türkiye’de *A. m. anatoliaca*, *A. m. meda*, *A. m. caucasica* ve *A. m. carnica* alttürlerinin olduğu belirtilmiştir.

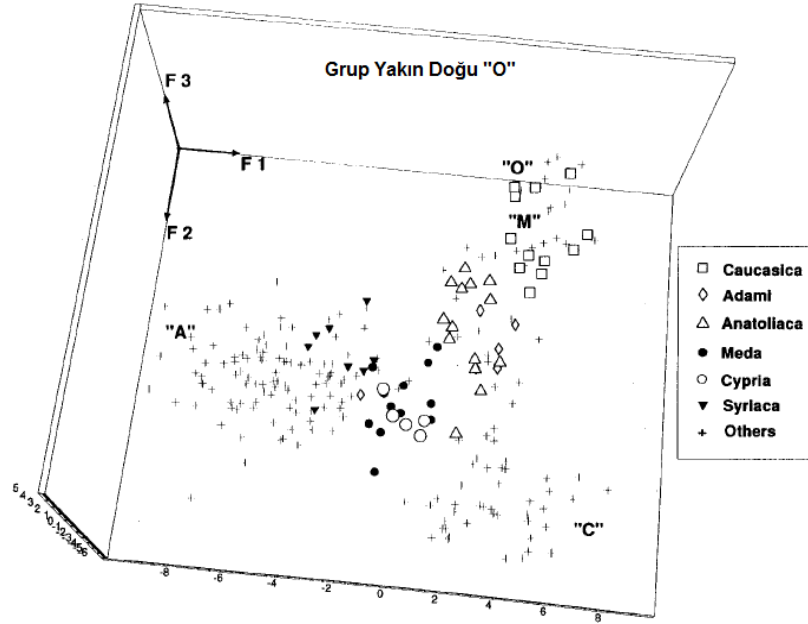


Şekil 1.4 Ön kanattaki landmark verileri ile DFA'ya bağlı olarak dört bal arısı kolunun dağılım grafiği, a. Bireylerin dağılımı, b. Kolonilerin dağılımı, c. Ön kanattaki landmark verileri ile DFA'ya bağlı olarak *A. mellifera* alttürlerinin dağılım grafiği (Kandemir vd. 2011'den değiştirilerek alınmıştır)

A. m. meda'nın Ruttner (1988) tarafından 6 farklı popülasyonu tanımlanmıştır. Bu popülasyonların bulunduğu bölgeler: 1-Güneydoğu Türkiye (Van Gölü'nün güneyinden Hatay'a kadar), 2-Orta ve Batı İran, 3-Kuzeydoğu İran (Meşhed), 4-Hazar Denizi'nin subtropikal alanları (Özellikle Mazanderan eyaleti), 5-Güneydoğu İran (Kerman eyaleti), 6-Irak'tır. Bu 6 farklı popülasyonun durumu ile ilgili daha ayrıntılı çalışma bulunmamaktadır. Kandemir vd. (2004) dağlık bölgelerdeki *A. m. meda* popülasyonları ile yaptığı çalışmada bu alttürdeki allozim varyasyonu ile ilgili çalışmıştır. Kence vd. (2009) İran'ın kuzey bölgelerindeki popülasyonlardaki morfometrik ve genetik varyasyonu değerlendirmiştir.



Şekil 1.5 Ortadoğu “O kolu” alttürlerinin dağılımını gösteren harita (Ruttner 1988’den değiştirilerek alınmıştır)



Şekil 1.6 Morfometrik karakterlere bağlı olarak PCA ile Ortadoğu “O kolu” alttürlerinin uzaysal konumlandırılması (Kauhausen-Keller vd. 1997’den değiştirilerek alınmıştır)

Bu tez çalışmasında geometrik morfometri yaklaşımının Landmark ve Outline metodu kullanılarak Ortadoğu’da yayılış gösteren *A. mellifera* alttürlerinin (*A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. meda* ve *A. m. pomonella*), Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin (*A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. carnica* ve *A. m. meda*) ve Ortadoğu grubu içerisinde yer alan *A. m. meda* alttürüne ait populasyonların ayırt edilmesi amaç edinilmiştir. Bu amaç doğrultusunda,

1. Geometrik morfometri yaklaşımının Landmark metodunun kanatta uygulaması ile kanat şekline bağlı olarak Ortadoğu’daki *A. mellifera* alttürleri, Türkiye’de yayılış gösteren alttürler ve Ortadoğu grubu içerisinde yer alan *A. m. meda* alttürüne ait populasyonları ayırt edilecektir.
2. Geometrik morfometri yaklaşımının Outline metodu kullanılarak kanat üzerinde bulunan her bir kanat hücresinin şekline bağlı olarak Ortadoğu’daki *A. mellifera* alttürleri, Türkiye’de yayılış gösteren alttürler ve Ortadoğu grubu içerisinde yer alan *A. m. meda* alttürüne ait populasyonlar ayırt edilecektir.
3. Outline metodunun tüm kanat hücrelerinde uygulaması ile alttürler için ayırt edici karakterdeki kanat hücreleri belirlenecektir.
4. *A. mellifera* alttürlerini ayırt etmede, geometrik morfometrik yaklaşımın farklı bir metodu olan Outline metodunun *A. mellifera* alttürlerini ayırt etmedeki gücü ortaya konulacaktır.
5. Eliptik Fourier analizi ile elde edilen hücrelerin alan (area) değerlerinden yararlanılarak toplam hücre alanlarının büyüklükleri ile alttürlerin ekolojik olarak dağılımı ilişkilendirilecektir. Sonuç olarak hücre alanlarının toplam büyüklüğü ve alttürlerin dağılım gösterdiği enlem veya boylamlara göre toplam büyüklük ile enlem-boylam verileri arasında ilişki ortaya çıkarılacaktır.

2. KURAMSAL TEMELLER

2.1 Batı Bal Arısı (*Apis mellifera* L.) ve Alttürleri

Birçok özelliği ile bilinen bal arıları, böceklerin *Hymenoptera* takımının sosyal böcekler olarak bilinen *Apidae* familyasında bulunmaktadır (Çizelge 2.1). Batı bal arısı (*Apis mellifera* L.), bu familyada içerisinde *Apis* cinsi içinde toplanmış olup bazı davranış özellikleri ile diğer *Apidae* üyelerinden ayrılmaktadır: İşçi arıların bal mumu salgıları ile yaptıkları, larva beslemek, bal ve polen depolamak için sürekli olarak kullandıkları çok fonksiyonlu altıgen hücrelerden oluşturdukları dikey petekler, bal ve polenden üretilen besin ile genç arılar tarafından larvaların sürekli beslenmesi, dışarıdan toplanan buharlaşan su ile yuvanın soğutulması ve özellikle yiyecek bulma ve dışarıdan gelen tehlikelere karşı yaptıkları haberleşme dansları ile karakterize olmaktadır (Ruttner 1988).

Çizelge 2.1 Bal arılarının taksonomik sınıflandırılması (Engel 1999)

Alem	Animalia	Hayvanlar
Şube	Arthropoda	Eklem bacaklılar
Sınıf	Insecta	Böcekler
Takım	Hymenoptera	Zar kanatlılar
Süper Familya	Apoidea	Arılar
Familya	Apidae	-
Alt Familya	Apinae	-
Cins	<i>Apis</i>	Bal arıları
Tür	<i>Apis mellifera</i> Linnaeus (1758)	Batı bal arısı
	<i>Apis cerana</i> Fabricius (1793)	Doğu bal arısı
	<i>Apis florea</i> Fabricius (1787)	Küçük bal arısı
	<i>Apis dorsata</i> Fabricius (1793)	Dev bal arısı

A. mellifera topluluk (koloni) halinde yaşayan sosyal böceklerdir. Bir koloni tek bir kraliçe (ana) arı, mevsime göre sayıları değişen erkek arılar ve işçi (dişi) arılardan

oluşmaktadır. Kolonideki toplam birey sayısı ilkbahar başlangıcında 5.000–10.000, en yoğun sezonda ise 20.000–50.000 arasında değişmektedir. Koloni içinde kraliçe, salgıladığı feromonlar ile koloniyi bir arada tutar ve yaşamı boyunca koloninin devamlılığını sağlamak için yumurta bırakır. İşçi arılar ise, yaşlarına bağlı olarak larvaların, genç erkeklerin ve kraliçenin beslenmesinden, kovanın temizlenmesinden ve havalandırılmasından, nektar, polen ve propolis toplanmasından, ayrıca erkek arı ihtiyacı olduğunda sadece erkek yumurta bırakmaktan sorumludur. Erkek arının tek görevi ise, kraliçe arıyı dölemektir. Bal arısı kolonilerinde haplo–diploid genetik sistem bulunmaktadır. Dişi arılar döllenmiş, erkek arılar ise döllenmemiş yumurtalardan meydana gelir. Bu sistemin sonucu olarak kraliçe ve işçi arılar $2n=32$ kromozoma, erkek arılar ise $n=16$ kromozoma sahiptir. Bal arıları bal, balmumu, propolis, arı sütü, arı zehirinin üretimini ve tozlaşmayı sağlayan önemli bir böcek türüdür. Birçok tarım bitkisi (*Gossypium*, *Helianthus*, *Citrullus*, *Cucurbita*, *Malus*, *Prunus* vb.) ve yabani bitkide (*Ranunculus*, *Rhododendron*, *Aesculus*, *Digistolis*, vb.) tozlaşmayı sağlayan bal arıları modern tarım ve doğa için çok önemlidir. Bal arıları ile tozlaşma gerçekleşmez ise özellikle tarım bitkileri olmak üzere birçok bitki türü yok olabilir. Bal arıları nektar toplama sırasında binlerce polen tanesini erkek organın tepeciğinden alarak vücudundaki kıllar ile aynı bitkinin farklı çiçeğine veya yeni bitkinin çiçeğine taşır. Bu olay ile bal arıları ürünlerin değerini yükseltir ve meyvelerin yüksek kaliteli olmasını sağlar. Bal arılarının tozlaşmadaki etkinliği, tüketilen besin maddelerinin üretimine katkı da sağlamaktadır.

Apis cinsi içinde morfolojik, fizyolojik ve davranışsal karakterler ile coğrafik dağılımlarına göre bugüne kadar tanımlanmış 10 tür (*Apis florea*, *Apis dorsata*, *Apis cerana*, *Apis mellifera*, *Apis nuluensis*, *Apis laboriosa*, *Apis koshevnikovi*, *Apis nigrocincta*, *Apis andreniformis* ve *Apis binghami*) bulunmaktadır (Otis 1996, Engel 1999). Bu *Apis* türleri taksonomik olarak tanımlanmış olmasına rağmen *Apis laboriosa*'nın taksonomik durumu tam olarak belirlenememiştir (Arias ve Sheppard 2005). Yakın zamanda iki yeni *Apis* türü tanımlanmıştır: Güney Hindistan'da *A. indicain* ve Filipinler'de *A. brevis* (Wongsiri 2011). Taksonomistler tarafından kaç tane *Apis* türünün olduğu tartışılmasına rağmen 4 farklı tür yaygın olarak tanımlanmaktadır: Avrupa, Afrika ve Asya'nın batısında Batı bal arısı (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758),

Asya’da Küçük bal arısı (*Apis florea* Fabricius, 1787), Dev bal arısı (*Apis dorsata* Fabricius, 1793) ve Doğu bal arısı (*Apis cerana* Fabricius, 1793). *A. florea* ve *A. dorsata* türleri, açık alanda tek bir petek üzerinde koloni kurarak yaşamaktadır. *A. florea* sıklıkla tropik ormanlarda, ağaçlık bölgelerde ve tarım alanlarında, çalı ve fundalıkların ince dallarında yerden 1-8 m. yükseklikte, *A. dorsata* ise ormanlık alanların yakınında veya içinde ağaç dallarında 3-25 m. yükseklikte koloni oluşturur. *A. cerana* ve *A. mellifera* çok sayıda petekten oluşan yuvalarını, doğada karanlık yerlerde (mağaralar taş oyukları ve ağaç gövdesindeki oyuklar) yerden 4-5 m. yükseklikte yapmaktadır. *A. cerana*’nın karanlıkta yuvalama özelliği, insanlar tarafından bunların kil, çömlek, kütükten yapılmış kovanlarda tutularak bal üretimine olanak sağlamıştır. Fakat sayıca güçlü olan bu kolonilerin küçük ve bal üretimini az olduğu görülmüştür. Cins içindeki çeşitlilik ilk olarak morfolojik karakterler (büyüklük, kanat damarlanması, çiftleşme organı), davranış özellikleri ve türlerin dağılımı ile belirlemiştir, özellikle üreme izolasyonu ile ilgili veriler (çiftleşme sezonu ve yerinin farklı olması, erkeklerin günlük çiftleşme periyodu farklılığı, çiftleşme işareti olarak salgılanan fenomen miktarı ve çiftleşme işaretinin farklılığı) tanımlanan tür sayısının artmasında anahtar rol oynamıştır (Ruttner 1988, Koeniger ve Koeniger 2000). Türler arasındaki en belirgin fark işçi arıların büyüklüğünde, yuva yapımı davranışında ve erkeklerin çiftleşme organının yapısında görülmektedir (Ruttner 1988).

Bu türlerden özellikle *A. mellifera*, *A. florea*, *A. dorsata* ve *A. cerana*’da önemli coğrafik varyasyonlar göstermekte olup en fazla coğrafik varyasyona sahip olan tür *A. mellifera*’dır. *A. mellifera* alttürleri sahip oldukları davranış ve fizyolojik özellikleri ve morfolojik farklılıkları ile ayırt edilebilmektedir (Ruttner 1988). *A. mellifera* alttürlerinin doğal yayılış alanı “Eski Dünya” olarak bilinen Afrika ve Avrupa’nın hemen hemen hepsi ve Asya’nın bir kısmı olarak bilinmektedir. *A. mellifera* alttürleri farklı habitatlara ve çevrelere adapte olarak inanılmaz geniş bir dağılıma sahip olmuş ve birçok lokal ekotip oluşmuştur (Ruttner 1988, 1992). *A. mellifera* Eski Dünya’ya özgü olmasına rağmen günümüzde Antartika kıtası hariç tüm Dünya’ya dağılmıştır. Dünya üzerinde, morfolojik özelliklerine göre ayırt edilen temelde 4 gruba ayrılan coğrafik olarak izole olmuş, 27 *A. mellifera* alttürü vardır (Çizelge 2.2, Şekil 2.1). Bu geniş

yayılış alanı içinde tür çöllerden tropikal ormanlara ve dağlık bölgelerden düzlüklere kadar değişen farklı ekolojik alanlarda bulunmaktadır.

Çizelge 2.2 *A. mellifera*'nın farklı bölgelere adapte olmuş alttürleri (Ruttner 1992, Sheppard vd. 1997, Sheppard ve Meixner 2003)

Alt türlerin adapte olduğu bölgeler	Alt türlerin isimleri
Ortadoğu (Oriental), (Doğu Akdeniz ve İran)	<i>Apis mellifera adami</i> Ruttner, 1975
	<i>Apis mellifera pomonella</i> Sheppard and Meixner, 2003
	<i>Apis mellifera cypria</i> Pollman, 1879
	<i>Apis mellifera syriaca</i> Buttel-Reepen, 1907
	<i>Apis mellifera meda</i> Skorikov, 1929
	<i>Apis mellifera caucasia</i> Gorbachew, 1916
	<i>Apis mellifera armeniaca</i> Skorikov, 1929
	<i>Apis mellifera anatoliaca</i> Maa, 1953
Afrika (Tropikal)	<i>Apis mellifera lamarkii</i> Cockerell, 1906
	<i>Apis mellifera yemenitica</i> Ruttner, 1975
	<i>Apis mellifera litorea</i> Smith, 1961
	<i>Apis mellifera adansonii</i> Latreille, 1804
	<i>Apis mellifera scutellata</i> Lepeletier, 1835
	<i>Apis mellifera monticola</i> Smith, 1961
	<i>Apis mellifera capensis</i> Escholtz, 1821
	<i>Apis mellifera unicolor</i> Latreille, 1804
Avrupa (Orta ve Doğu) ve Kuzey Akdeniz	<i>Apis mellifera macedonica</i> Ruttner, 1988
	<i>Apis mellifera ligustica</i> Spinola, 1806
	<i>Apis mellifera carnica</i> Pollman, 1879
	<i>Apis mellifera cecropia</i> Kiesenweiter, 1860
	<i>Apis mellifera sicula</i> Montagana, 1911
	<i>Apis mellifera ruttneri</i> Sheppard et. al., 1997
Avrupa (Batı ve Kuzey) ve Afrika (Kuzey)	<i>Apis mellifera mellifera</i> Linnaeus, 1758
	<i>Apis mellifera iberica</i> Goetze, 1964
	<i>Apis mellifera major</i> Ruttner, 1978
	<i>Apis mellifera sahariensis</i> Baldensperger, 1924
	<i>Apis mellifera intermissa</i> Buttel – Reepen, 1906



Şekil 2.1 *A. mellifera* alttürlerinin Dünya üzerindeki dağılımı (Franck vd. 1998'den değiştirilerek alınmıştır)

2.2 Ortadoğu (Oriental-O Kolu) Bal Arısı (*Apis mellifera* L.) Alttürleri ve Taksonomik Özellikleri

Ortadoğu bal arısı alttürleri Hazar Denizi kıyıları ve tüm İran coğrafyasından Karadeniz kıyıları, Kafkas Alpin bölgesi ve tüm Anadolu'yu içine alan bölge içerisinde yayılış göstermektedir. Bu bölge dışında, bu grupta yer alan iki ada alttüründen *A. m. adami*, Girit'te, *A. m. cypria* Kıbrıs'da yayılış göstermektedir.

Ruttner (1988) morfometrik verilerin çok değişkenli analizi ile Ortadoğu'daki bal arılarını 7 alttüre ayırmıştır: *A. m. adami*, *A. m. anatoliaca*, *A. m. armeniaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. meda* ve *A. m. syriaca*. Ortadoğu bal arısı alttürleri farklı karakteristik özelliklere sahiptir. Genel olarak kuzey bölgelerdeki alttürler büyük, siyah renkli ve uzun kıllı iken güneyde bulunanlar küçük, sarı vücut rengine sahip olup kısa kıllıdır. Bununla birlikte zoocoğrafik varyasyonda görülmektedir. *A. m. syriaca* ve *A. m. cypria* güneyde yer alan alttürlerdir, kuzeydeki alttürlerden daha küçüktür ve sarı vücut rengine sahiptir. *A. m. adami*'de güneyde yer alan bir alttür olmasına rağmen aynı enlemdeki *A. m. caucasica* kadar büyüktür (Ruttner 1988).

***Apis mellifera adami* Ruttner, 1975:** *A. m. adami* Akdeniz adalarına endemik olan alttürlerden biri olup Girit adasında bulunmaktadır. Bu alttürün davranış özellikleri arasında yıl boyunca larva besleme, oğula hazırlanırken çok sayıda kraliçe gözü oluşturma ve değişken savunma davranışı yer almaktadır. Morfolojik olarak bu alttür sarıdan koyu renge değişen renk skalası gösterir. Abdomeni geniş olup üzerinde orta uzunlukta kıllar vardır. Ayrıca *A. m. ligustica*'ya göre daha kısa ve dar kanatları vardır. Bu alttür bulunduğu coğrafik lokasyona rağmen morfolojik olarak Yunanistan'daki bal arılarından çok Türkiye'nin batısındaki ve Doğu Akdeniz'deki alttürlerle benzerlik göstermektedir.

***Apis mellifera cypria* Pollman, 1879:** Bu alttür de *A. m. adami* gibi ada alttürü olup Doğu Akdeniz'deki Kıbrıs adasında bulunmaktadır. Dikkate değer davranış ve arıcılık özellikleri, iyi kışlama kabiliyeti, ilkbahardan kışa kadar çok sayıda larva üretimi, oğula hazırlanırken çok sayıda kraliçe gözü oluşturma, hastalıklara karşı direnç gösterme ve yüksek düzeyde savunmasızlık gelir. Fakat uysal olan bu alttürün getirildiği diğer

lkelerde gl savunma reaksiyonu verdięi belirtilmektedir. *A. m. cypria* morfolojik olarak aynı grupta yer alan *A. m. anatoliaca*, *A. m. syriaca* ve *A. m. meda*'ya benzemektedir. Bu alttre en yakın *A. m. anatolica*'ya gre daha kk olup uzun bacaklı ve uzun dillidir. Vcuduna oranla kanatları kısa olup kbital indeks deęeri yksektir. Bu grup ierisinde en ince abdomene sahip olan yedir. Bu alttrn rengi olduka farklı olup Ruttner'in (1988) belirttięi gibi "parlak turuncu" renklidir.

***Apis mellifera syriaca* Buttel-Reepen, 1907:** Bu alttr Anadolu'da Gneydoęu Anadolu'da (Kandemir vd. 2000), İsrail, rdn, Lbnan ve Suriye'yi iine alan blgede yayılış göstermektedir. Bu alttrn davranış zellikleri, son derece savunmasız olması, soęuęa duyarlı olması, az propolis retimi ve oęul boyunca ok sayıda kralie gz oluřturması ve oluřan kralielerden bir tanesinin iftleřip yumurtlayıncaya kadar dięer gen kralielerin hayatta kalmasıdır. Bu alttr ok iyi nektar toplama zellięine sahiptir fakat ok agresif davranış göstermektedir (Ruttner 1988). *A. m. syriaca* Ortadoęu'daki kk bal arısı alttrlerinden birisidir. Belirgin morfolojik zellikleri, abdomeni rten kısa tyleri, dřk kbital indeksi ve parlak sarı pigmentasyonudur.

***Apis mellifera meda* Skorikov, 1929:** *A. m. meda* ilk kez Lbnan'da tanımlanmış olup Trkiye'nin gneydoęusu, Kuzey Irak ve İran bu alttrn yayılış alanını oluřurmaktadır. İlk tanımlanması dil uzunluęuna ve abdomenin altındaki sternitlerin řekline bakılarak yapılmıştır. Davranış zellikleri arasında iyi kışlama kabiliyeti ve gl oęul verme zellięi yer alır. Bununla beraber savunma davranışının deęişken olduęu belirtilmektedir. *A. m. meda* daha geniş metatarsi, hafife dar n kanatları ve geniş abdomene sahiptir. Scutellumun rengi sarıdan siyaha deęişmektedir (Ruttner 1988).

***Apis mellifera caucasica* Gorbachew, 1916:** *A. m. caucasica* arıcılar tarafından gri Kafkas daę arısı veya Kafkas arısı olarak bilinir. Bu alttrn doęal yayılış alanı, gney vadisini de iine alan Kafkas Daęları blgesi ile sınırlıdır. Kuzeydoęu Anadolu'da ve Azerbaycan'a kadar olan blgede yayılış göstermektedir. Ekonomik aıdan nemli bir alttr olduęu iin genel olarak morfolojik ve davranış zellikleri tm Dnya'da iyi bilinmektedir. Bu alttrn dikkate deęer davranış ve arıcılık zellikleri, kovanda sert

olması, sonbaharda orta büyüklükte koloni oluşumu, düşük oğul verme eğilimi, yüksek oranda propolis kullanma eğilimi ve nosema hastalığına dirençlilik olarak sıralanabilir. Bu alttür uzun dili, geniş abdomeni ve kısa örtücü kılları ile karakterize olmuştur. Genel olarak koyu pigmentasyonu, geniş gri tomentumu ve kısa gri kılları ile *A. m. carnica*'ya benzemektedir. Daha büyük vücudu ve bacakları, kısa kanatları, daha az olan örtücü kılları ve düşük kübital indeks değeri ile *A. m. carnica*'dan ayrılmaktadır. Kafkas bal arılarının erkekleri, Ruttner (1988) tarafından belirtilen tek özellikleri, torakslarında bulunan koyu siyah renkli yoğun kılları ile dikkati çekmektedir.

***Apis mellifera armeniaca* Skorikov, 1929:** İlk Sarı Ermeni arısı olarak tanımlanan bu alttür Ermenistan sınırları içerisinde yayılış göstermekte olup hakkında çok fazla bilgi bulunmamaktadır. Kovan içinde savunucu olması, iyi larva üretimi davranış özelliklerindendir. Yükseklerde bulunmasına karşılık iyi kışlama kabiliyeti yoktur ve oğul verme eğiliminde değildir. Morfolojik olarak *A. m. caucasica*'ya göre küçük vücut ölçülerine ve büyük kübital indekse sahiptir. Ayrıca *A. m. ligustica*'dan daha sarı vücut pigmentasyonu vardır. Ruttner'in (1988) yaptığı istatistiksel analizlere göre *A. m. anatoliaca*'ya yakın bir alttürdür.

***Apis mellifera anatoliaca* Maa, 1953:** Bu alttür Türkiye'de farklı coğrafik alanlarda Batı ve Orta Anadolu'da bulunmaktadır. *A. m. anatoliaca* benzer olarak görülen *A. m. ligustica*'dan daha büyüktür. Sarı arılar olarak kabul edilmesine rağmen turuncudan kahverengiye bir renk geçişi görülmektedir. Abdomenleri ve tarsileri daha geniştir; vücut büyüklüklerine nispeten küçük bacakları ve kanatları vardır. Besin bulma durumuna bağlı olarak larva besleme, soğuk koşullarda mükemmel kışlama kabiliyeti ve oğul verme eğilimi davranış özellikleri arasındadır. *A. m. caucasica* gibi bol propolis kullanan bu alttür onun kadar uysal değildir. Adam'a (1983) göre bu alttür uzun ve güç kış koşullarına dayanıklılığı ile karakterize olmaktadır.

Bu tez çalışmasında Türkiye'de yayılış gösterdiği için yer verilen bir diğer alttür ise *A. m. carnica*'dır. C grubu üyesi olan bu alttür, Türkiye'de Trakya Bölgesi'nde yayılış gösterdiği için diğer Ortadoğu alttürleri ile birlikte değerlendirilmiştir.

***Apis mellifera carnica* Pollman, 1879:** *A. m. carnica* C kolu üyesi olup Türkiye’de Trakya’da yayılış gösteren bir alttürdür (Kandemir vd. 2000). Karniyol bal arısının doğal yayılış alanı Avusturya, Romanya, Macaristan, Hırvatistan, eski Yugoslavya sınırları ve Bulgaristan’dır. *A. m. carnica*’nın davranış özellikleri arasında hızlı sonbahar yapılanması, kovan içinde sert davranışı, soğuk iklimlerde mükemmel kışlama kabiliyeti sıralanabilir. Karniyol arıları, abdomeni örten kısa kahverengimsi-gri kılları, özellikle yüksek kübital indeksi ile büyük koyu renkli bal arılarıdır.

***Apis mellifera pomonella* Sheppard ve Meixner, 2003:** Bu alttür morfometrik analizler temel alınarak Orta Asya’da bulunan Tien Shan Dağları’na endemik bir alttür olarak tanımlanmıştır. Morfolojik karakterlerin ölçümü sonucu yapılan Temel Öğeler Analizi ve Ayrışım Fonksiyon Analizi ile bu arıların Ortadoğu evrimsel kolunda yer aldığı ve bu koldaki diğer alttürlerden farklı olduğu görülmüştür (Sheppard ve Meixner 2003). Sheppard ve Meixner’e (2003) göre *A. m. pomonella*, *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica*’dan çok az küçük olup büyük bir arıdır. Genel olarak *A. m. anatoliaca*’ya benzer, fakat daha geniş abdomen ve dar tomentuma sahiptir. Ruttner’in (1988, 1992) Ortadoğu bal arısı kolu üyeleri için tanımladığı gibi nispeten geniş tarsiye sahiptir. *A. m. caucasica* ve *A. m. armeniaca* ile karşılaştırıldığında, bu arının proboscisi nispeten kısadır. Abdomeni nispeten kısa tüyler ile kaplıdır ve pigmentasyonu *A. m. anatoliaca*’ya benzemektedir. *A. m. pomonella* tipik ılıman bal arısı özelliğine sahiptir. Arıcılık özellikleri tipik ılıman dağ bal arılarının sahip olduğu gibidir, oldukça uysal ve sakin arılardır.

2.3 Geometrik Morfometri Yaklaşımında Kuramsal Temeller

Organizmalar için şekil, fenotipin en göze çarpan özelliği olduğundan ayrıca genotip ve çevre arasındaki bağlantıyı sağladığından bilimsel olarak yüzyıllardır dikkat çekici bir özellik olmuştur. Yakın zamana kadar bal arıları da dahil birçok canlıda şekil varyasyonu, karakterler arasındaki uzaklık ölçüleri ve açı değerleri kullanılarak geleneksel morfometrik yöntemler ile ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır. Şekil varyasyonunu ortaya çıkarmak için bu yaklaşım, son zamanlarda yerini “Geometrik Morfometri” metoduna bırakmış olup (Rohlf ve Marcus 1993) farklı amaçlara yönelik

yapılan biyolojik çalışmalarda bu yöntem kullanılmaya başlamıştır. Matematiksel bir temele dayanan “Geometrik Morfometri” metodu, şekil analizi ile varyasyonun sebep olduğu çeşitliliği ve morfolojik dönüşümü ortaya koymaktadır (Zelditch vd. 2004). 1960 ve 1970’li yıllarda uzunluk ölçüleri kullanılarak ve bu ölçülerden elde edilen veriler çok değişkenli istatistiksel analizler ile değerlendirilerek grup içi veya gruplar arası şekil farklılıkları ortaya çıkarılmaktaydı. Morfolojik değişken setinin çok değişkenli istatistiksel analizler ile test edildiği bu yaklaşım günümüzde “Klasik Morfometri” (Marcus 1990) veya “Çok Değişkenli Morfometrik” olarak adlandırılmaktadır. Lineer uzaklık ölçüleri genellikle büyüklük ile yüksek korelasyon gösterdiği için büyüklük düzeltilmesi için metotlar geliştirmeye çalışılmıştır (Jungers vd. 1995). Büyüklük düzeltilmesi için birçok metot tasarlanmış, fakat bu metotlar birbirlerinden farklı sonuçlar verdiği için bu geliştirilen metotlar üzerinde fikir birliğine varılamamıştır. İkinci olarak birçok uzaklık (örneğin maksimum genişlik) birbirine benzer (homologous) noktalar ile tanımlanamadığı için lineer uzaklıkların homolojisini değerlendirmek oldukça zor olmaktadır. Bu zorluklardan dolayı, araştırmacılar morfolojik şekillerin niceliğini belirtmek ve bunları analiz edebilmek için alternatif metotlar araştırmıştır (Adams vd. 2004). David Kendall ve diğer istatistikçiler biyolojik şekillerde çok değişkenli istatistiksel metotların ve görsel olarak şekil farklılıklarının görüldüğü metotların birlikte kullanıldığı şekil analizi için istatistiksel bir teori geliştirmiştir (Kendall 1984). Bookstein vd. (1999) tarafından bu teori “Morfometrik Sentez” olarak adlandırılmış ve günümüzde geometrik morfometri olarak bilinen metot ortaya çıkmıştır (Adams vd. 2004). Geometrik morfometri metodunun farklı uygulamaları mevcuttur. Geometrik morfometri yaklaşımı içerisinde Öklit Uzaklık Matriks Analizi-Euclidian Distance Matrix Analysis (EDMA) (Lele ve Richtsmeier 1991, 2001) Eliptik Fourier Analizi (EFA) (Lestrel 1982) ilk başvurulacak metotlardır. Birçok geometrik morfometri yaklaşımı içerisinde Landmark Metodu (Procrustes Metot) en yaygın olarak kullanılan metottur ve en iyi bu metodun matematiksel ve istatistiksel özellikleri anlaşılmıştır (Bookstein 1996, Small 1996, Dryden ve Mardia 1998).

2.3.1 Outline Metodu ve Fourier Analizi

Outline metodu ilk olarak kullanılan geometrik morfometri metotlarından biridir. Bu metotta homolog olarak kabul edilen bölge veya yapıda, şekli belirleyen sınır boyunca noktalardan oluşan bir eğri (curve) çizilmektedir. Metotta bu noktalardan elde edilen x, y koordinat değerleri matematiksel fonksiyonlara dönüştürülerek fonksiyonların katsayıları (coefficient) şekil değişkenleri olarak kullanılarak eğriler karşılaştırılmaktadır. Bu şekli belirleyen eğrilerin karşılaştırılması ile şekil farklılıkları karşılaştırılmış olmaktadır (Lestrel 1997).

Kapalı eğrilerin fonksiyon katsayıları ile analizi için farklı fourier metotları bulunmaktadır. Her bir metodun etkinliği ve doğruluğu tam olarak belirlemek zordur, fakat Rohlf ve Archie (1984) tarafından bu metotların bazılarının karşılaştırılması yapılmıştır.

Bu metotlar:

1. Row Polar Metodu (Ehrlich ve Weinberg 1970)
2. Tangent Açısı Fonksiyonu (Zahn ve Roskies 1972)
3. Dual Axis Yaklaşımı (Moellering ve Rayner 1981)
4. Eliptik Formülasyon (Kuhl ve Giardina 1982)

Fourier analizi “Fourier Fonksiyonlar Modeli” ile açıklanmaktadır. Bir şeklin dalga şekilleri biçiminde analiz edildiği algoritmadır (Lestrel 1997). Periyodik fonksiyonlar (dalga şeklinde=waveforms) vasıtasıyla outline fonksiyonunun ortogonal analizi olarak ifade edilmektedir. Temeli, şekli belirleyen outline’nın radius fonksiyonuna dayanmaktadır. Bu fonksiyon aşağıdaki formül 1 ile açıklanmaktadır:

Formül 1-

$$r(\theta) = a_0 + \sum_{i=1}^p (a_i \cdot \cos(i\theta) + b_i \cdot \sin(i\theta))$$

$r(\theta)$ =outline’nın radius fonksiyonu

a_0 =büyüklük harmoniği

p =outline boyunca şekli belirleyen nokta sayısı

a_i ve b_i =fourier katsayılar

Bu fonksiyonda şekli oluşturan bileşenler harmonik olarak adlandırılır ve sinus ve cosinus fonksiyonunun şekli olarak ifade edilir. a_0 harmoniği büyüklük harmoniği olup izomerik büyüklük etkisini ortadan kaldırıp sadece şekil ile ilgili verilere yoğunlaşmak için diğer tüm fourier katsayıları standardize etmekte kullanılır. Fourier analizin iki farklı şekli bulunmaktadır:

2.3.1.1 Radyal Fourier Analizi

Bu analizde a_0 büyüklük harmoniğinden sonra gelen her harmonik 2 fourier katsayıya (A_n ve B_n) karşılık gelmektedir. Bu katsayılardan A_n değerleri eğriyi belirleyen noktaların x koordinat değerlerine karşılık gelirken B_n değerleri eğriyi belirleyen noktaların y koordinat değerlerine karşılık gelmektedir. Bu fonksiyon aşağıdaki formül 2 ile açıklanmaktadır:

Formül 2-

$$r(\theta) = a_0 + \sum_{i=1}^p (a_i \cdot \cos(i\theta) + b_i \cdot \sin(i\theta))$$

$r(\theta)$ =outline'nın radius fonksiyonu

a_0 =büyüklük harmoniği

p =outline boyunca şekli belirleyen nokta sayısı

a_i ve b_i =fourier katsayılar

2.3.1.2 Eliptik Fourier Analizi

Bu analizde her harmonik 4 fourier katsayıya (A_n , B_n , C_n ve D_n) karşılık gelmektedir. Bu katsayılardan A_n ve B_n değerleri eğriyi belirleyen noktaların x koordinat değerlerine karşılık gelirken, C_n ve D_n değerleri eğriyi belirleyen noktaların y koordinat değerlerine karşılık gelmektedir. Orijinal outline'na en uygun olan elipsi belirleyen ilk harmoniğin katsayıları, büyüklüğü standardize etmek ve oryantasyon için kullanılır. Ayrıca kapalı

bir outline düşünöldüğünde, x ve y eksenı boyunca varyasyon nedeniyle, ilk harmoniğın katsayıları bağımsız olarak değeriendirilmez, bu diğeri katsayıları da etkilemektedir. Bu fonksiyon aşğıdaki formöl 3 ile açıklanmaktadır (Kuhl ve Giardina 1982):

Formöl 3-

$$x(t) = a_0 + \sum_{i=1}^p (a_i \cdot \cos(it) + b_i \cdot \sin(it))$$

$$y(t) = c_0 + \sum_{i=1}^p (c_i \cdot \cos(it) + d_i \cdot \sin(it))$$

$r(\theta)$ =outline'nın radius fonksiyonu

a_0 =büyüklük harmoniğı

p =outline boyunca şekli belirleyen nokta sayısı

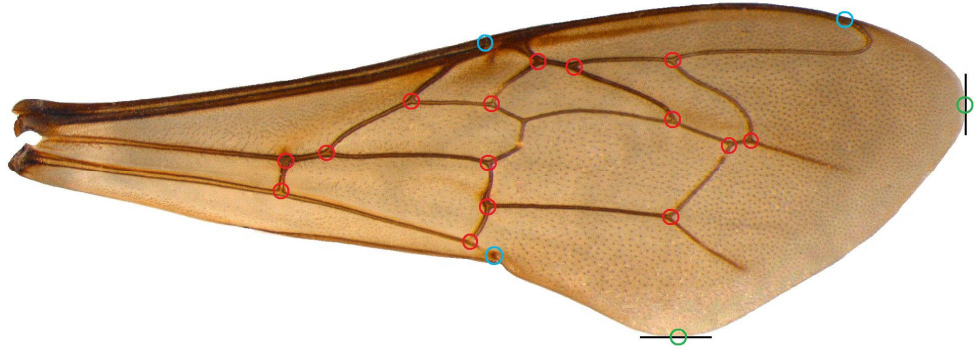
a_i, b_i, c_i ve d_i =fourier katsayılar

Yukarıdaki Fourier formölü ile açıklanan bir trigonometrik fonksiyondur. Bu fonksiyonda şekli oluşturan bileşenler harmonik olarak adlandırılan katsayı (Fourier coefficient) setleridir. Bu şekil bileşenleri kullanılarak çok değışkenli analizler ile şekil farklılıkları analiz edilmektedir.

2.3.2 Landmark Metodu

Landmark temeline dayalı geometrik morfometri metodunun başlangıcı biyolojik olarak tanımlanan landmarklara ait 2 veya 3 boyutlu koordinatlarının elde edilmesi ile başlamaktadır. Landmarklar biyolojik anlamı olan ve şekli tanımlamayı sağlayan homolog anatomik bölgeler olup diğeri landmarklara göre topoğrafik pozisyonu göreceli olarak değışmeyen güvenilebilir ve tekrarlanabilir aynı düzlemde bulunan referans noktalarıdır (Zelditch vd. 2004). Landmarklar Bookstein (1991) tarafından biyolojik şekil üzerinde bulundukları yerlere göre sınıflandırılmıştır. Bu sınıflandırmaya göre üç farklı landmark tipi vardır. Tip I landmark, homolojiye dayanan bir kriter ile yerleştirilen landmark tipidir (Örneğın, böcek kanadında üç damarın birleşim yerine yerleştirilen landmark). Tip II landmark biyolojik bir kriter yanında geometrik bir kriter

göz önüne alınarak yerleştirilen landmarktır (Örneğin, parçalı bir yaprakta parçaların girintileri ve en uç noktalarına yerleştirilen landmarklar). Tip III landmark sadece geometrik olarak tanımlanır ve bir eğri boyunca eğrinin uç noktalarına yerleştirilir (Örneğin, bir böcek kanadında kanadın uç kısmına yerleştirilen landmarklar) (Şekil 2.2). Bu eğri üzerinde eğri boyunca yer alan landmarklarda semilandmark olarak adlandırılır (Örneğin, bir böcek kanadında kanadın uç kısmı boyunca eğri üzerinde nokta serisi şeklinde yerleştirilen landmarklar).



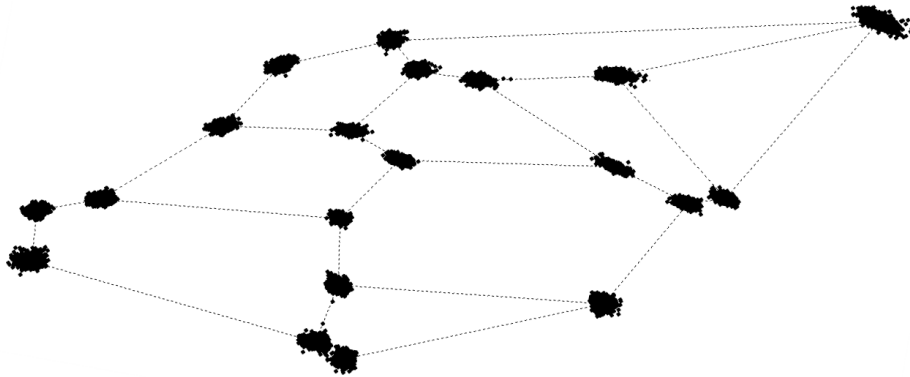
Şekil 2.2 Kanat üzerinde üç farklı landmark tipi, ○= Tip I, ○= Tip II, ○= Tip III

Landmark metodunda landmark koordinatları başlangıçta obje ile ilgili şekli yansıtmayan birçok bilgiyi (varyasyonu) barındırmaktadır. İlk önce bu şekil ile ilgili olmayan varyasyonu ortadan kaldırmak ve değişkenleri şekil değişkenleri haline dönüştürmek gerekmektedir. Ancak bu şekilde istatistiksel karşılaştırma ve grafiksel gösterim yapılabilmektedir. Obje üzerindeki şekil dışı varyasyonu elimine etmek için kullanılan metoda “Süperimposition Metodu – Üst Üste Bindirme Metodu” adı verilmekte olup farklı üst üste bindirme metotları bulunmaktadır (Adams vd. 2004). Bu metotların her birinin farklı bir protokolü ve optimizasyon kriteri vardır. Biyolojik objelerin orijinal koordinatları karşılaştırılamaz olduğundan sayısal geometrik morfometrik analizler referans noktalarının koordinat değerlerinin şekil değişkenleriyle yer değiştirmesiyle yapılabilmektedir. Bu amaçla örnekler, daha doğrusu landmark işaretlemesi ile matamatiksel verilere dönüştürülmüş olan örnekler öncelikle bağlantılı hale getirilir ve bu durumda çevirme, döndürme ve yeniden ölçeklendirme ile farklılıkların elimine edilmesini sağlar (Pavlinov 2001).

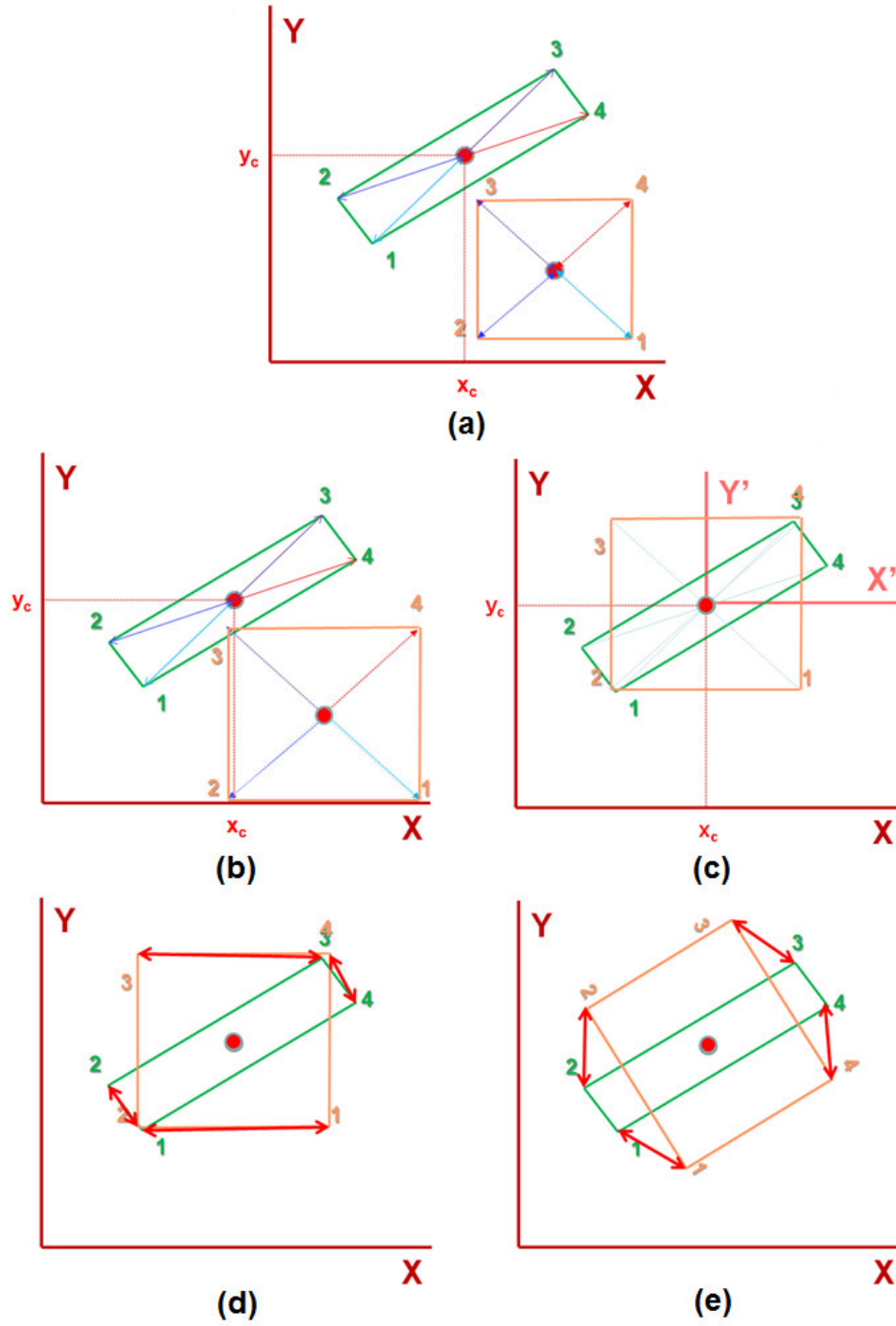
Bu metotlar:

1. Generalized Procrustes Analysis (GPA=Generalized Least Squares, GLS),
2. Two-point Registration (Bookstein's shape coordinates),
3. Generalized Resistant-Fit (GRF).

Two-point Registration (Bookstein's shape coordinates) metodu kısmen basit bir üst üste bindirme metodudur. Bu metodlardan en yaygın olarak kullanılanı Generalized Procrustes Analizi (GPA) veya daha önceki adı ile Generalized Least Squares (GLS)'dir (Adams vd. 2004). GPA çevirme ve döndürme parametreleri için en küçük kareler hesaplamasını kullanarak "Generalized Least-Square Algoritması" ile landmark konfigürasyonlarını üst üste bindirir (Şekil 2.3). İlk olarak her bir konfigürasyonun sentroidleri orjine çevrilir (Şekil 2.4.a). Konfigürasyonlar ortak bir birim büyüklüğü ile ölçeklendirilir (Şekil 2.4.b) ve sentroidleri üst üste getirilir (Şekil 2.4.c). Son olarak konfigürasyonlar landmarklar arasındaki öklid uzaklığını kareleri toplamı en az olacak şekilde döndürülür (Şekil 2.4.d, e). (Rohlf ve Slice 1990). Bu işlem ortalama şekil elde edilene kadar devam edilmektedir. Şekil varyasyonunun sadece çok az landmark ile sınırlandırıldığı durumlarda Generalized Resistant-Fit (GRF) metodu kullanılarak bu varyasyonun modeli görülebilmektedir (Rohlf ve Slice 1990). GRF metodu, en küçük kareler toplamı hesaplamasından çok üst üste bindirme parametrelerini median gibi hesaplar. GPA'de olduğu gibi bu işlem tekrarlanarak örneklerin üst üste binmesini sağlar. GPA'den farklı olarak bu analizden elde edilen veriler istatistiksel analizlerde değerlendirilemez.



Şekil 2.3 Generalized procrustes analizi (GPA)



Şekil 2.4 Üst üste bindirme (Süperimposition) işlemi (Adriaens 2008'den değiştirilerek alınmıştır)

a. Sendroidlerin orjine çevrilmesi, b. Ölçeklendirme, c. Sendroidlerin çakıştırılması, d-e. Döndürme

Analysis (FESA) gibi farklı yöntemlerde bulunmaktadır. Bu metotlar iç açılar temeline dayalı olarak şekil varyasyonunu ortaya çıkarmaktadır (Adams vd. 2004).

Bir objeden diğer bir objeye olan şekil deformasyonunun haritasını belirlemek için şekil farklılığını ortaya çıkarmada kullanılan diğer bir metot “Thin Plate Spline”dir (Bookstein 1991). Thin Plate Spline referans noktalarının konumunu bildiren haritalardır. Bir objenin veya grubun sahip olduğu referans noktalarının diğer obje veya grup ile karşılaştırılması imkanını sağlar. Bu metoda göre deformasyon gridleri üzerinde bir objeden diğer objeye doğru olan deformasyon bozuklukları görsel olarak görülmektedir ve bu bozuklukların hangi noktalarda olduğu belirlenebilmektedir. Bu deformasyonların tanımladığı parametreler (partial warp skorları) populasyonlar arasındaki veya içindeki şekil varyasyonlarının istatistiksel karşılaştırılmasında, şekil değişkenleri olarak kullanılabilir. Bu algoritma ile deformasyon gridleri üzerinde görsel olarak farklılıklar gösterileceği gibi Partial Warp (PW) Ayrışımı ve Relative Warp (RW) Analizi ile alttürler ayırt edilecektir. 1990’ların başında kabul gören önemli bir yaklaşım ise, Partial warp’ların PCA’sı olarak tanımlanan “Relative Warp Analizi”dir. Bu analiz PCA’dan farklı olarak eigen değerleri yerine “Singular Value Decomposition” kullanır. RW analizi dışında, PCA, DFA ve CVA gibi çok değişkenli analizler ile hem landmark verileri değerlendirilip gruplar, analizlerden elde edilen dağılım grafiklerinde ayırt edilebilir, hem de dağılım grafiğinde ayırt edilen gruplara ait farklılıklar görsel olarak deformasyon gridleri üzerinde görülebilir.

A. mellifera alttürlerini tanımlamak, sınıflandırmak ve ayırt etmek için birçok yöntem kullanılmıştır. Kullanılan bu yöntemlerden moleküler yöntemler kolay uygulanabilir değildir. Özellikle pahalı ekipman ve kimyasal malzemelere ihtiyaç bulunmaktadır. Morfometri bu yöntemlere göre daha kolay ve ucuz bir yöntemdir. Morfometrik çalışmalarda ilk olarak arıların çeşitli vücut yapıları el ile basit şekilde ölçülmüştür. Daha sonra teknolojik gelişmelere paralel olarak FABIS (Rinderer vd. 1986), ABIS, (Schröder vd. 1995), DrawWing (Tofilski 2008), Bee2 (Meixner ve Meixner 2004) gibi bilgisayar destekli sistemler geliştirilmiştir ve morfolojik karakterler otomatik veya yarı otomatik olarak ölçülmüştür. El ile ölçüm güvenilir ve ucuzdur, fakat bu işlem çok uzun bir zaman almaktadır. Diğer taraftan otomatik veya yarı otomatik ölçümler oldukça hızlı

ve hassastır. Bu ölçüm şeklinde sadece tarayıcı ve bilgisayara ihtiyaç vardır. Tüm bunlar değerlendirildiğinde, geometrik morfometri yöntemi uygulaması kolay, pratik, ucuz ve güvenilir bir yöntemdir (Francoy vd. 2008, Tofilski 2008).

3. MATERYAL ve YÖNTEM

Tez çalışması Türkiye'nin farklı coğrafik bölgelerinden, İran'ın 18 eyaletinden, Irak'ın Kuzey bölgesinden, Kuzey Kıbrıs Türk Cumhuriyeti'nden, Bozcaada ve Gökçeada'dan toplanan örnekler ve Amerika'da Washington State Üniversitesi'nden kanat resimleri temin edilen *A. m. pomonella* örnekleri kullanılarak yapılmıştır. Örnekleme yapılan bölgelerdeki Ortadoğu "O kolu" alttürlerinin geometrik morfometrik analizi için 265 kovan, Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin geometrik morfometrik analizi için 320 kovan ve *A. m. meda*'nın populasyonlarını değerlendirmek için 145 kovan ile çalışma gerçekleştirilmiştir. Şekil 3.1-3.2 ve Çizelge 3.1'de örneklerin toplandığı lokasyonlar ve çalışmalarda kullanılan kovan sayıları gösterilmiştir.

Çalışmada geometrik morfometri yönteminin farklı iki metodu (Landmark ve Outline metodu) kullanılarak Ortadoğu alttürlerinde kanat ve kanat hücrelerindeki şekil farklılıkları analiz edilmiştir. Her iki metot içinde toplanan örneklerin kanatları mikroskop lamaları arasına sabitlenmiştir, kanat görüntüleri bilgisayar ortamına aktarılacak her iki metodun uygulaması bilgisayar ortamında gerçekleştirilmiştir.

3.1 Örneklerin Toplanması ve Kanatların Mikroskop Lamları Arasına Sabitlenmesi

Örnekler farklı aralıklar ziyaret edilerek kovanların uçuş deliği ve uçuş tablasından her kovandan 10-15 işçi arı örneği olacak şekilde toplanmıştır. Bu örnekler numaralandırılan şişelerde %70'lik etil alkol içerisinde laboratuara getirilerek çalışmalar için bu şekilde muhafaza edilmiştir. Kanatların mikroskop lamalarına sabitleme işlemi sırasında, arıların ön ve arka kanatları pens yardımı ile vücutlarından ayrılıp alkol yardımı ile iki mikroskop lamı arasına yerleştirilmektedir (Şekil 3.3). Kanat tarafından emilen alkol ile birlikte kanatlar düzgün bir şekilde lam üzerine yayılmıştır. Literatürde belirtildiği gibi her kovandan 10 işçi arı örneği olacak şekilde örnekler hazırlanmıştır ve bu örneklerle ait sol ön kanatlar çalışma için kullanılmıştır.

Çizelge 3.1 Çalışma için toplanan bal arısı örneklerinin toplandığı bölgeler/eyaletler, lokasyonlar, konumları, Ortadoğu'daki (O) ve Türkiye'deki (T) bal arısı alttürleri ile *A. m. meda* (M) populasyonlarının değerlendirildiği analizlerde kullanılan kovan sayıları (N)

Ülke- Bölge/Eyalet Kovan	Lokasyon	Enlem	Boylam	O	T	M
Türkiye- Trakya Bölgesi	N			-	45	-
	Abalar köyü-Edirne	41°32'N	26°44'E		4	
	Kurdu köyü-Edirne	41°18'N	26°34'E		5	
	Keşan-Edirne	40°51'N	26°38'E		6	
	Demirci Halil köyü-Kırklareli	41°48'N	27°18'E		2	
	Demirköy-Kırklareli	41°48'N	27°45'E		1	
	Dereköy-Kırklareli	41°49'N	27°45'E		9	
	Kapaklı köyü-Kırklareli	41°53'N	27°20'E		3	
	Koruköy-Kırklareli	41°51'N	27°19'E		2	
	Sislioba-Kırklareli	41°58'N	27°54'E		2	
	Malkara-Tekirdağ	40°53'N	26°54'E		11	
Türkiye- Marmara Bölgesi	N			15	45	-
	Dereköy-Gökçeada	40°8'N	25°46'E	1	11	
	Merkez-Gökçeada	40°11'N	25°54'E		2	
	Liman-Gökçeada	40°14'N	25°56'E	2	5	
	Tepeköy-Gökçeada	40°11'N	25°49'E	1	4	
	Ayazma mevkii-Bozcaada	39°49'N	26°0'E	1	3	
	Çayır mevkii-Bozcaada	39°50'N	26°2'E	1	3	
	Habbeli mevkii-Bozcaada	39°49'N	25°59'E	1	1	
	Sungurpaşa köyü-Bursa	40°10'N	29°29'E	4	8	
	Mustafa Kemal Paşa-Bursa	40°2'N	28°24'E	4	8	
Türkiye- Ege Bölgesi	N			15	45	-
	Kuşadası-Aydın	37°51'N	27°15'E	3	6	
	Nazilli-Aydın	37°54'N	28°19'E		1	
	Umurlu-Aydın	37°50'N	27°57'E		1	
	Gündoğan-Muğla	37°7'N	27°20'E	4	9	
	Hızırşah-Muğla	36°44'N	27°39'E	1	2	
	Marmaris-Muğla	36°51'N	28°16'E		1	
	Milas-Muğla	37°18'N	27°46'E	4	11	
	Cumalı köyü-Muğla	36°41'N	27°27'E	1	4	
	Sındı-Muğla	36°42'N	27°30'E		2	
	Yakaköy-Muğla	36°41'N	27°29'E	1	5	
	Yazıköy-Muğla	36°41'N	27°26'E	1	3	

Çizelge 3.1 Çalışma için toplanan bal arısı örneklerinin toplandığı bölgeler/eyaletler, lokasyonlar, konumları, Ortadoğu'daki (O) ve Türkiye'deki (T) bal arısı alttürleri ile *A. m. meda* (M) populasyonlarının değerlendirildiği analizlerde kullanılan kovan sayıları (N) (devam)

Ülke- Bölge/Eyalet Kovan	Lokasyon	Enlem	Boylam	O	T	M
Türkiye- Batı Karadeniz Bölgesi	N			15	45	-
	Sapanca-Adapazarı	40°44'N	30°18'E	3	4	
	Güzelcehisar köyü-Bartın	41°38'N	32°12'E		2	
	Hocaoğlu köyü-Bartın	41°26'N	32°18'E		4	
	Mamak köyü-Bartın	41°29'N	32°22'E	1	1	
	Aşağısoku mahallesi-Bolu	40°44'N	31°38'E	1	4	
	Merkez-Bolu	40°42'N	31°42'E	1	2	
	Rüzgarlar köyü-Bolu	40°43'N	31°48'E	2	4	
	Sarayyeri-Bolu	40°52'N	31°7'E	3	5	
	Sofçular köyü-Kastamonu	41°9'N	32°59'E	1	1	
	Şiringüney köyü-Kastamonu	41°10'N	32°58'E		1	
	Yukarıgüney köyü-Kastamonu	41°9'N	33°0'E	1	2	
	Uzungüney köyü-Zonguldak	41°22'N	31°41'E		1	
	Alaplı-Zonguldak	41°11'N	31°23'E		2	
	Karakavuz-Zonguldak	41°8'N	31°40'E		1	
	Ormanlı-Ereğli-Zonguldak	41°9'N	31°36'E		1	
	Merkez-Sinop	42°1'N	35°9'E	2	10	
Türkiye- İç Anadolu Bölgesi	N			20	45	-
	Akarlar-Ankara	39°44'N	33°6'E		1	
	Aşağıhacıbekir-Ankara	39°24'N	33°16'E		1	
	Aydoğan-Ankara	39°36'N	33°10'E	1	1	
	Çatalçeşme-Ankara	39°35'N	33°16'E	1	1	
	Ergin-Ankara	39°38'N	33°8'E	1	1	
	Esenyayla-Ankara	39°41'N	32°58'E	1	1	
	Günalan-Ankara	39°37'N	32°52'E	1	1	
	Kerişli-Ankara	39°41'N	33°6'E		1	
	Kömürcü-Ankara	39°46'N	32°59'E		1	
	Köseli-Ankara	39°39'N	33°4'E	1	1	
	Küçük Bayat-Ankara	39°37'N	33°14'E	1	1	
	Süleymanlı-Ankara	39°43'N	33°9'E		1	
	Tekke-Ankara	40°16'N	32°34'E	1	1	
	Yeniyapanşeyhli-Ankara	39°26'N	33°10'E	1	1	

Çizelge 3.1 Çalışma için toplanan bal arısı örneklerinin toplandığı bölgeler/eyaletler, lokasyonlar, konumları, Ortadoğu'daki (O) ve Türkiye'deki (T) bal arısı alttürleri ile *A. m. meda* (M) populasyonlarının değerlendirildiği analizlerde kullanılan kovan sayıları (N) (devam)

Ülke- Bölge/Eyalet Kovan	Lokasyon	Enlem	Boylam	O	T	M
Türkiye- İç Anadolu Bölgesi	Yukarıhacıbekir-Ankara	39°20'N	33°16'E	1	1	
	Merkez-Eskişehir	39°47'N	30°31'E	7	12	
	Develi-Kayseri	38°23'N	35°29'E	1	5	
	Kovalı Köyü-Kayseri	38°10'N	35°10'E	1	10	
	Yahyalı-Kayseri	38°6'N	35°21'E	1	3	
Türkiye- Doğu Karadeniz Bölgesi	N			45	50	-
	Posof-Ardahan	41°30'N	42°43'E	21	23	
	Macahel-Artvin	41°26'N	41°50'E	10	11	
	Merkez-Artvin	41°11'N	41°49'E	4	5	
	Camili-Artvin	41°28'N	41°53'E	4	4	
	Anzer-Rize	40°37'N	40°35'E	2	3	
	Çamlıhemşin-Rize	41°2'N	41°0'E	1	1	
	İkizdere-Rize	40°46'N	40°33'E	3	3	
Türkiye-Doğu ve Güneydoğu Anadolu Bölgesi	N			30	45	40
	Comba köyü-Hatay	36°22'N	36°19'E	5	5	4
	Dört Yol-Hatay	36°51'N	36°13'E	4	7	7
	Merkez-Hakkari	37°35'N	43°44'E	9	13	13
	Samandağ-Hatay	36°4'N	35°59'E	4	4	4
	Şemdinli-Hakkari	37°18'N	44°34'E	4	4	4
	Yüksekova-Hakkari	37°34'N	44°17'E	4	8	7
	Seldek köyü-Urfa	37°15'N	37°54'E		4	1
İran-Ardabil	N			3	-	5
	Ardabil	38°14'N	48°17'E			1
	Heyran	38°24'N	48°35'E	1		2
	Mishgin Shar	38°21'N	47°41'E	2		2
İran- Azerbaycan-e- Gharbi	N			3	-	6
	Bukan	36°31'N	46°12'E			1
	Kesyan	37°1'N	45°3'E	1		1
	Mahabad	36°45'N	45°43'E	1		1
	Oshnaviyeh	37°2'N	45°6'E	1		1
	Takab	36°24'N	47°6'E			1
	Urumiye	37°33'N	45°06'E			1

Çizelge 3.1 Çalışma için toplanan bal arısı örneklerinin toplandığı bölgeler/eyaletler, lokasyonlar, konumları, Ortadoğu'daki (O) ve Türkiye'deki (T) bal arısı alttürleri ile *A. m. meda* (M) populasyonlarının değerlendirildiği analizlerde kullanılan kovan sayıları (N) (devam)

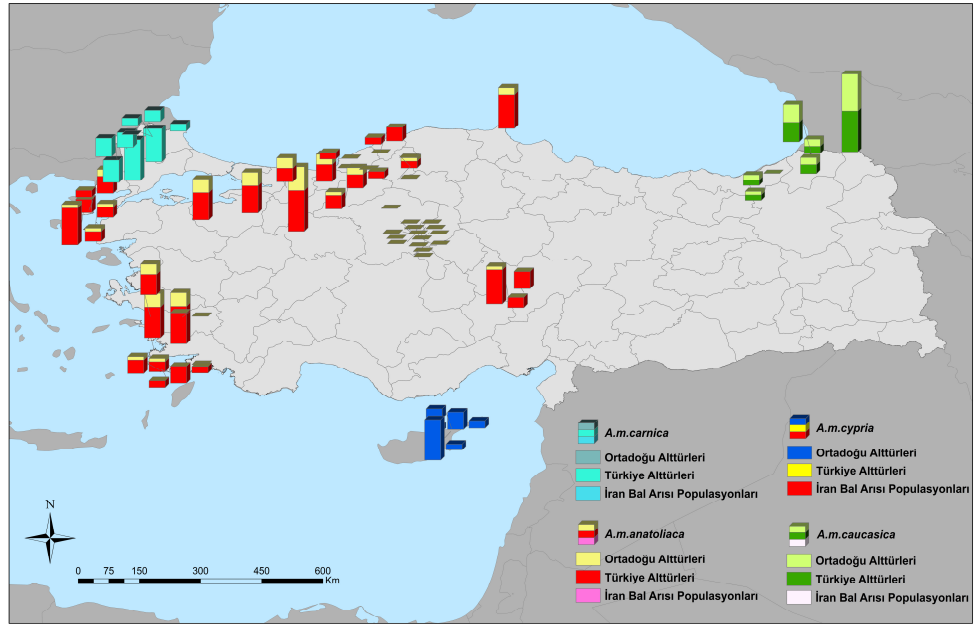
Ülke- Bölge/Eyalet Kovan	Lokasyon	Enlem	Boylam	O	T	M
İran- Azerbaycan-e- Sharqi	N			4	-	7
	Duzel	37°55'N	46°7'E	1		1
	Kordasht	37°51'N	46°50'E	1		1
	Maragheh	37°23'N	46°14'E			1
	Miyane	37°25'N	47°42'E	1		2
	Sarab	37°56'N	47°31'E			1
	Tebriz	38°7'N	46°10'E	1		1
İran-Esfahan	N			3	-	3
	Kasan	33°59'N	51°26'E	1		1
	Natanz	33°30'N	51°54'E	1		1
	Nejafabad	29°23'N	55°42'E	1		1
İran-Gilan	N			5	-	12
	Klardasht	36°39'N	51°25'E			2
	Lahijan	37°10'N	49°58'E	1		2
	Lushan	36°48'N	49°24'E	1		2
	Masal	37°19'N	49°3'E			1
	Manjil	36°44'N	49°24'E	1		2
	Reşt	37°17'N	49°34'E	1		1
	Talis	37°48'N	48°54'E	1		2
İran-Hamadan	N			1	-	1
	Hamedan	34°48'N	48°30'E	1		1
İran-Hormuzgan	N			2	-	-
	Bandar Abbas	27°11'N	56°16'E	1		
	Bandar Lenge	26°33'N	54°52'E	1		
İran-İlam	N			1	-	1
	Selah Abad	33°27'N	46°11'E	1		1
İran-Kermanshah	N			2	-	3
	Kirmanşah	34°18'N	47°3'E	1		2
	Ravansar	34°43'N	46°40'E	1		1
İran-Khorasan	N			10	-	25
	Bardaskan	35°15'N	57°57'E	1		1
	Bircand	32°52'N	59°12'E	1		1
	Cenaran	36°38'N	59°7'E			1

Çizelge 3.1 Çalışma için toplanan bal arısı örneklerinin toplandığı bölgeler/eyaletler, lokasyonlar, konumları, Ortadoğu'daki (O) ve Türkiye'deki (T) bal arısı alttürleri ile *A. m. meda* (M) populasyonlarının değerlendirildiği analizlerde kullanılan kovan sayıları (N) (devam)

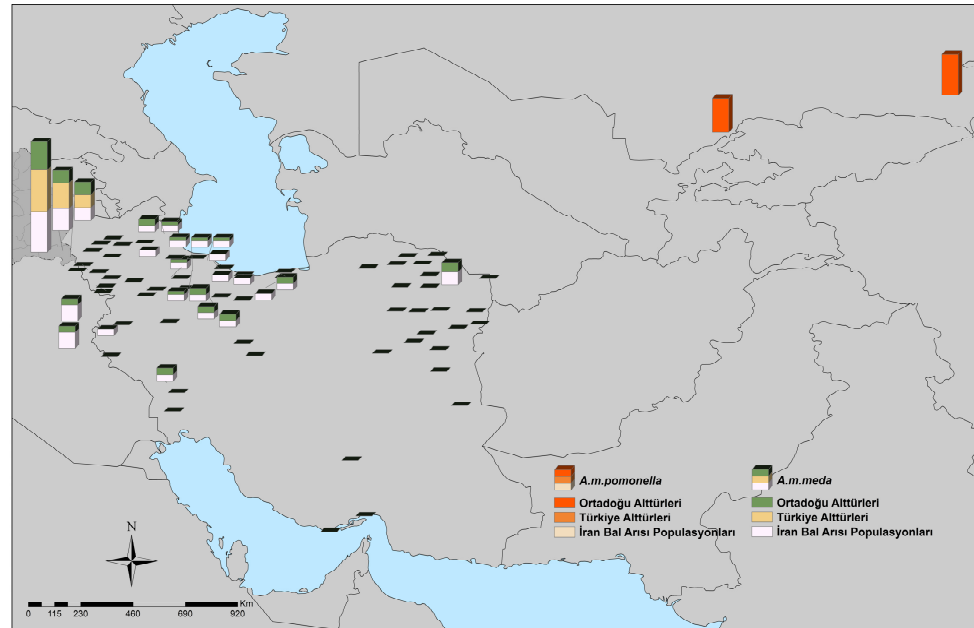
Ülke- Bölge/Eyalet Kovan	Lokasyon	Enlem	Boylam	O	T	M
İran-Khorasan	Daregaz	37°26'N	59°6'E			1
	Isfarayen	37°04'N	57°30'E			1
	Ferdows	34°1'N	58°10'E			1
	Gonabad	34°21'N	58°41'E			1
	Cacarm	36°57'N	56°22'E			1
	Khaaf	34°34'N	60°8'E	1		1
	Kasmar	35°13'N	58°27'E			1
	Meşhed	36°16'N	59°35'E	3		4
	Nehbandan	31°32'N	60°2'E			1
	Nisabur	36°11'N	58°48'E	1		1
	Qaen	33°43'N	59°10'E			1
	Kucan	37°6'N	58°30'E			1
	Sabzevar	36°12'N	57°40'E	1		1
	Serahs	36°32'N	61°9'E			1
	Sirvan	37°24'N	57°55'E			1
	Tabas	33°35'N	56°55'E			1
	Taybad	34°44'N	60°46'E	1		1
	Torbat Haydariye	35°16'N	59°13'E	1		1
	Torbat Cam	35°14'N	60°37'E			1
İran-Khuzestan	N			3	-	4
	Ahvaz	31°19'N	48°41'E			1
	Dezful	32°22'N	48°22'E	2		2
	Sustar	32°3'N	48°51'E	1		1
İran-Kordestan	N			2	-	2
	Baneh	38°59'N	45°53'E	1		1
	Bicar	38°52'N	47°35'E	1		1
İran-Markazi	N			-	-	2
	Arak	34°4'N	49°42'E			1
	Humeyn	33°38'N	50°4'E			1
İran-Mazenderan	N			5	-	8
	Calus	36°39'N	51°25'E	1		1
	Dodangeh	36°34'N	53°5'E			1
	Javaherdeh	36°51'N	50°28'E	1		2

Çizelge 3.1 Çalışma için toplanan bal arısı örneklerinin toplandığı bölgeler/eyaletler, lokasyonlar, konumları, Ortadoğu'daki (O) ve Türkiye'deki (T) bal arısı alttürleri ile *A. m. meda* (M) populasyonlarının değerlendirildiği analizlerde kullanılan kovan sayıları (N) (devam)

Ülke- Bölge/Eyalet Kovan	Lokasyon	Enlem	Boylam	O	T	M
İran- Mazenderan	Mazenderan	36°13'N	52°31'E	2		2
	Ramsar	36°54'N	50°40'E			1
	Sari	36°34'N	53°3'E	1		1
İran-Qazvin	N			5	-	6
	Alamut	36°26'N	50°35'E	1		2
	Buin Zahra	35°45'N	50°3'E	2		2
	Qazvin	36°16'N	50°0'E	2		2
İran-Qom	N			2	-	2
	Qom	34°39'N	50°53'E	2		2
İran-Tahran	N			2	-	4
	Demavend	34°43'N	52°3'E	1		2
	Kerec	35°49'N	50°58'E	1		1
	Tahran	35°41'N	51°25'E			1
İran-Zanjan	N			3	-	4
	Abhar	36°8'N	49°12'E	1		1
	Khançayı	36°55'N	48°58'E	1		1
	Tarum=Abbar	36°55'N	48°56'E	1		2
Irak	N			4	-	10
	Al khalis	33°50'N	44°31'E	2		5
	Tuzhurmatu	34°53'N	44°37'E	2		5
Kuzey Kıbrıs Türk Cumhuriyeti	N			45	-	-
	Ardahan-Gazi Magosa	35°21'N	33°53'E	21		
	Kantara	35°23'N	33°53'E	3		
	Kaplıca köyü	35°25'N	33°54'E	5		
	Mersinlik-Gazi Magosa	35°23'N	33°51'E	3		
	Taşlıca	35°28'N	34°12'E	4		
	Yedikonuk	35°26'N	34°1'E	9		
Kazakistan	N			20	-	-
	Jabagly	42°20'N	70°22'E	9		
	Tujuk	43°46'N	79°27'E	11		



Şekil 3.1 Çalışma için toplanan *A. m. anatoliaca*, *A. m. carnica*, *A. m. caucasica* ve *A. m. cypria* örneklerinin toplandığı lokasyonlar ve kovan sayılarının dağılımına göre grafiklerin haritası



Şekil 3.2 Çalışma için toplanan *A. m. meda* ve *A. m. pomonella* örneklerinin toplandığı lokasyonlar ve kovan sayılarının dağılımına göre grafiklerin haritası



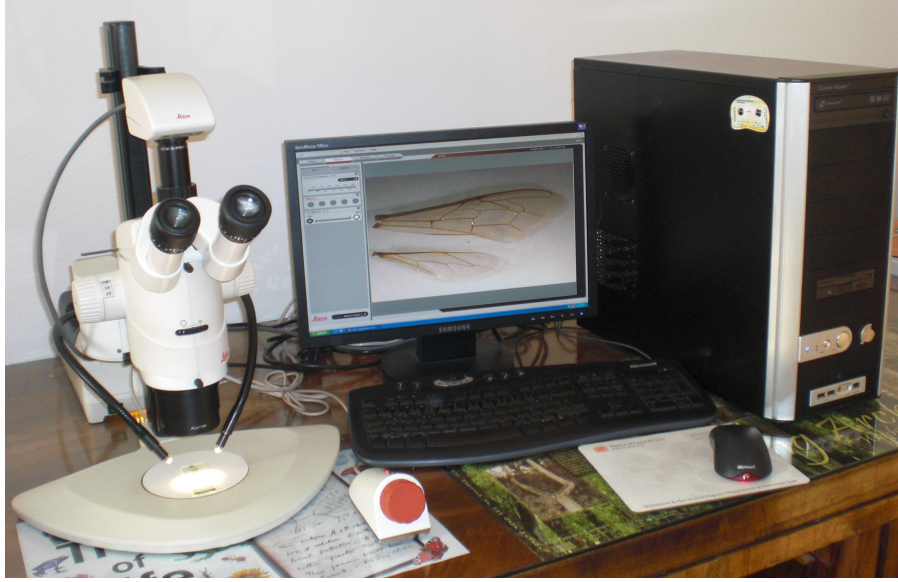
Şekil 3.3 Mikroskop lamalarına sabitlenen örneklere ait kanatlar

3.2 Kanat Görüntülerinin Bilgisayar Ortamına Aktarılması ve Düzenlenmesi

Landmark metodu için mikroskop lamalarına sabitlenen kanatların görüntüleri tarayıcı ile 1200 dpi çözünürlükte taranarak bilgisayar ortamına aktarılmıştır. Çalışma bilgisayar ortamında, geometrik morfometrinin uygulamaları için yazılmış programlar üzerinde yapılacağı için bilgisayara aktarılan kanat görüntüleri farklı gruplara veya alttürlerle ait olacak şekilde ayrı klasörler halinde bilgisayarda depolanmıştır. Kanat resimleri ACD foto editor 3.1 ile çalışma için uygun şekilde küçültülerek programlarda kullanılacak şekle dönüştürülmüştür. Farklı klasörler halinde düzenlenen resimler tek bir kod ile numaralandırılmış, programlarda kullanılmak üzere hazır hale getirilmiş ve bu resimler üzerinde landmarklar yerleştirilmiştir.

Outline metodu için mikroskop lamı arasına sabitlenen kanatların görüntüleri, LEICA MZ 16 Morfometri Analiz Sistemi kullanılarak diseksiyon 1.6X büyütme oranında fotoğraflanmış, bilgisayara aktarılmıştır (Şekil 3.4). Bilgisayara aktarılan kanat görüntüleri farklı gruplara veya alttürlerle ait olacak şekilde düzenlenerek ayrı ayrı

klasörler halinde bilgisayarda depolanmış ve programlarda kullanılmak üzere hazır hale getirilmiştir.



Şekil 3.4 Outline metodu için kanat görüntülerinin alınması

3.3 Kanatta ve Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi

Landmark metodu (Rohlf ve Marcus 1993) kullanılarak kanatta şekil analizi için kanat damarlarının kesişim bölgelerinde belirlenen noktalara landmarklar yerleştirilerek kanattaki şekil farklılıkları analiz edilmiştir. Outline metodu-Eliptik Fourier Analizi (Lestrel 1997) ile kanat hücreleri üzerinde eğriler (curve) çizilerek hücrelerin outline'ları belirlenmiş ve bu eğrilerden elde edilecek verilerin Fourier Analizi ile hücrelerdeki şekil farklılıkları araştırılmıştır. Her iki yöntem kullanılarak bal arısı grupları değerlendirilmiştir.

3.4 Landmark Metodu ile Kanatta Şekil Analizi

Kanatta şekil analizi geometrik morfometrinin Landmark metodu kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Landmark metodu ile şekil analizi üç aşamadan oluşmaktadır. İlk olarak şekli tanımlamayı ve şekle bağlı varyasyonu ortaya çıkarmayı sağlayan referans

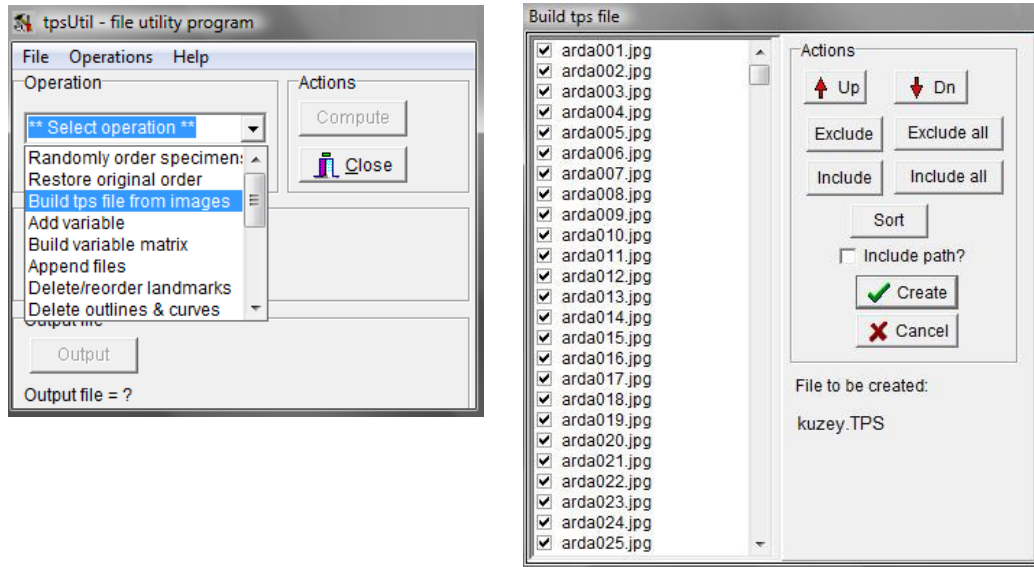
noktaları olan landmarkların belirlenmesi ve bu landmark noktalarının işaretlenmesi gerekmektedir. Referans noktalarının yani landmarkların x, y koordinat değerleri ise şekli yansıtan nümerik değerlerdir ve bu değerler istatistiksel analizler için kullanılan ham verilerdir. Koordinat verileri istatistiksel analizler ile değerlendirilmeden önce ikinci olarak landmark koordinatları üst üste bindirilerek (süperimposition) bu veriler bir nevi standardize (döndürme, çevirme ve ölçekleme işlemi ile) edilir (Bookstein 1991). Böylece şekil dışı varyasyonlar ortadan kaldırılır. Bu çalışmada verilerin üst üste bindirilmesi “Generalized Procrustes Analizi” ile gerçekleştirilmiştir. Bu şekilde örneklerin bireysel olarak döndürme, çevirme ve ölçeklendirilmesi ile landmark koordinatları genel koordinat sistemine aktarılmış, şekil konfigürasyonlarından ve büyüklükten kaynaklanan landmark koordinat farklılıkları, şekil dışı varyasyonlar geride bırakılmıştır.

3.4.1 Landmarkların yerleştirilmesi

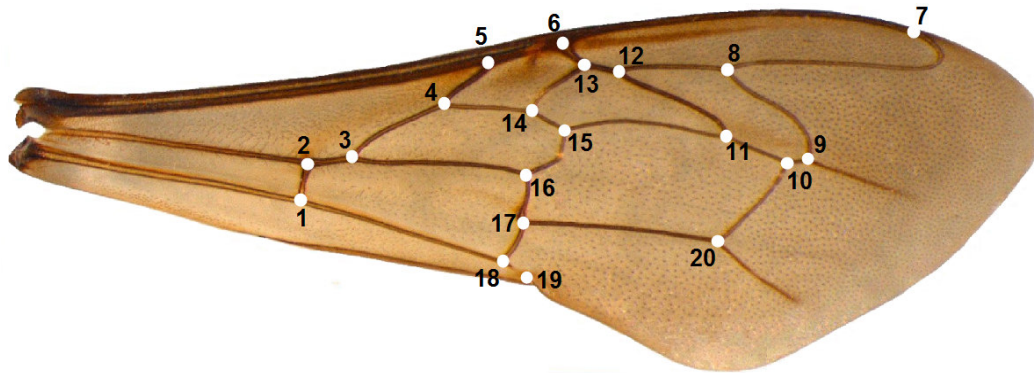
Landmark metodu için örneklere ait kanat resimleri üzerinde landmarklar yerleştirilmiş daha sonra kullanılmak üzere x, y koordinat verilerinden oluşan dosyalar hazırlanmıştır. Landmark metodunda resimler üzerinde landmarkların konulması için Rohlf vd. (2011) tarafından hazırlanmış olan Tps adlı program serisi kullanılmıştır (<http://life.bio.sunysb.edu/morph/>). Landmark metodunun başlangıç aşamasında örneklerin bulunduğu dosyaların bu programa tanıtılması gerekmektedir. Programa tanıtma işlemi için Tps programının alt modülü olan TpsUtil 1.40 (Rohlf 2008a) ile gerçekleştirilmiş (Şekil 3.5) ve resimlerin tanıtıldığı tps dosyası oluşturulmuştur (Şekil 3.7).

tpsDig 2.12 (Rohlf 2008b) alt modülü kullanılarak her bir örnek üzerinde kanat damarlarının birleşim yerlerinde homolog bölgelere 20 noktada landmark işaretlemesi yapılmıştır (Şekil 3.6) ve böylece daha sonra istatistiksel analizler için kullanılacak olan x, y kartezyen koordinatları belirlenmiştir. Bu işlem her bir örnek için tekrarlanmıştır ve tüm örneklerin landmark koordinatlarını içeren tps dosyası oluşturulmuştur (Şekil 3.7). Bu dosyalar analizlerde kullanılmak üzere bilgisayarda depolanmıştır.

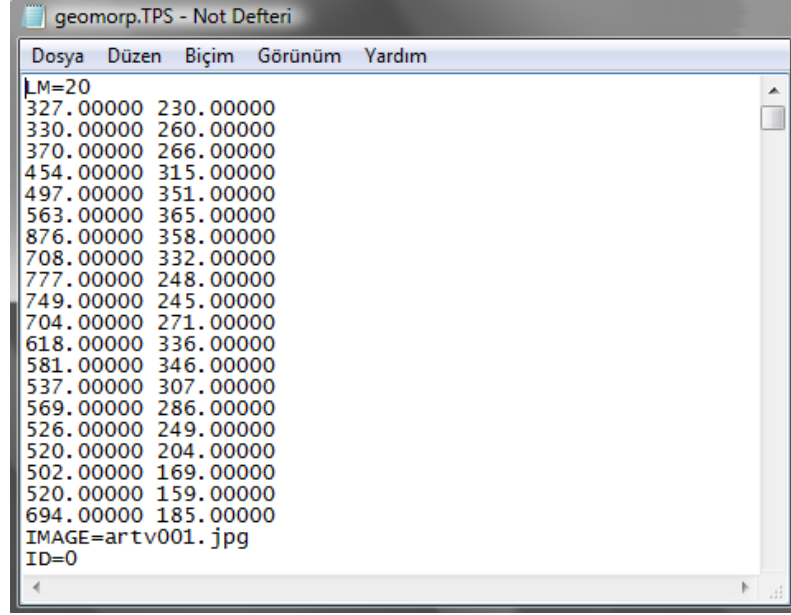
tpsSmall 1.40 (Rohlf 2008c) alt modülünde landmarklara ait x, y koordinatlarını içeren tps dosyaları açılarak tanjant uzayındaki uzaklıkları (y koordinat sistemi) ile ve Kendall şekil uzayındaki Procrustes uzaklıkları (x koordinat sistemi) arasındaki serpilme grafiği değerlendirilmiştir. Raporda procrustes uzaklıkları ve tanjant uzaklıkları arasındaki korelasyon ve slope değerleri incelenmiş, elde edilen raporda Procrustes uzaklıklarının Tanjant uzaklıklarına olan yakınlığı ve slope değeri incelenerek serpilme grafiğinde kümelenmeden uzakta kalan bireyler çalışmanın güvenilirliği açısından tekrar kontrol edilmiştir.



Şekil 3.5 TpsUtil ile tps dosyalarının oluşturulması



Şekil 3.6 Kanat üzerinde landmarkların pozisyonları



Şekil 3.7 TpsDig programı ile oluşturulan landmark noktalarının koordinatlarının tps dosyası

3.4.2 Landmark noktalarının üst üste bindirilmesi (Süperimposition)

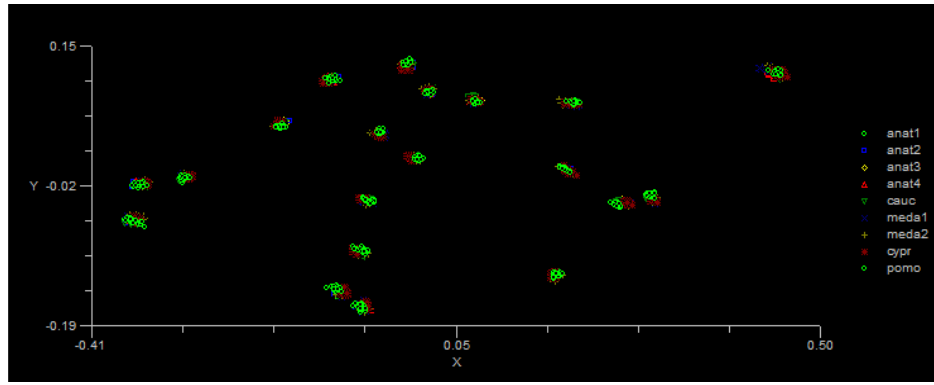
Geometrik morfometri yöntemi ile elde edilen landmarklar şekli tanımlamayı ve şekle bağlı varyasyonu ortaya çıkarmayı sağlayan referans noktalarıdır. Referans noktalarının koordinatları ise şekli yansıtan nümerik değerlerdir ve bu değerler istatistiksel analizler için kullanılan verilerdir. Koordinat verilerinin istatistiksel analizler ile değerlendirilmeden önce landmark koordinatları üst üste bindirilerek (süperimposition) bu veriler bir nevi standardize (döndürme, çevirme ve ölçekleme işlemi ile) edilir (Bookstein 1991). Çalışmada da tpsDig alt modülünden elde edilen x, y koordinat verilerini içeren tps dosyası Morpheus (Slice 2002) programına aktarılarak landmark koordinatları genel koordinat sistemine aktarılmıştır. Generalized Procrustes metodu ile landmark noktaları üst üste bindirilmiş olup (Şekil 3.8-3.10) değişik şekil konfigürasyonlarından kaynaklanan landmark koordinat farklılıkları geride bırakılmıştır.

3.4.3 İstatiksel analizler

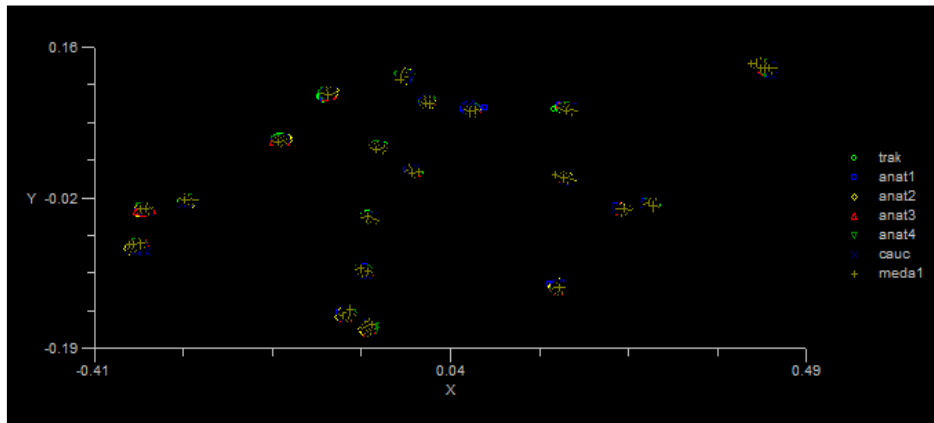
Üst üste bindirme işleminden sonra MANOVA (Multivariate Analysis of Variance) ile alttűrler arası farklılıklar belirlenmiş ve Pairwise Testi ile kanat şekline bağlı olarak alttűrler arası farklılıklar ikili olarak karşılaştırmıştır. Bu gibi istatiksel analizler dışında, farklı gruplar veya alttűrler arasındaki kanat şekil farklılığını ortaya çıkarmanın bir diğer yolu da görsel olarak deformasyon gridleri (eğrileri) üzerinde Thin Plate Spline (Bookstein 1991) ile bu şekil farklılığının görsel olarak ortaya çıkarılmasıdır ve bu farklılığın hangi landmark noktalarından kaynaklandığının belirlenmesidir. Bu deformasyon gridleri üzerindeki görsel gösterim için Morpheus (Slice 2002) programı kullanılarak alttűrler arası bu farklılık belirlenmiştir. Landmark metodu ile alttűrlerin veya populasyonların dağılımlarını görmek için DFA ve CVA yapılmıştır. Ortadoğu ve Türkiye alttűrlerinin ayrıca *A. m. meda* populasyonlarının DFA ve CVA'sı için GPA sonrasında elde edilen Morpheus programından alınan veri seti kullanılmıştır ve belirlenen grupların doğruluğu Çapraz-Doğrulama Testi (Cross Validation Testi) ile test edilmiştir.

Çok yönlü ayrışım analizi olarak da bilinen DFA'da karakterler arasındaki korelasyona bağlı olarak grupların dağılımını ortaya çıkarır. Bu analizde, gruplar arasındaki farklılık yükseltirken grup içi farklılık düşürülür. Bu şekilde yeni uzayda lineer düzlemde korelasyon göstermeyen eksenler bulunur yada eigen vektörler normalize edilir ve grupların uzayda dağılımları incelenir. Analiz sonucu 2 veya 3 boyutlu düzlemde grupların dağılımı görülür. DFA ve CVA birbirlerine benzer analizler gibi değerlendirilse de grupları ayırmada kullanılan fonksiyonların katsayılarının hesaplanmasında başvurulan yöntemlerde farklılıklar göstermektedir. CVA varyans-kovaryans matrisine (pooled varyans-kovaryans) gereksinim duyar ve bu matrislerden yararlanarak Wilks Lamda değerini hesaplar. Ayrıca her kümeleme sonucunda gruplar arasındaki farklılığın derecesini değerlendirmeye yarayan bir uzaklık matrisi olan Mahalanobis Uzaklık Matrisi'ni hesaplar. Bu matristen yararlanarak uzaklıklara bağlı kümeleme analizi yapılabilmektedir. Çok değişkenli istatiksel analizler (DFA ve CVA) için SPSS 13.0 (Anonymous 2004) ve PAST 1.99 (Hammer 2001) programları kullanılmıştır. Kanat şekline bağlı olarak alttűrler veya

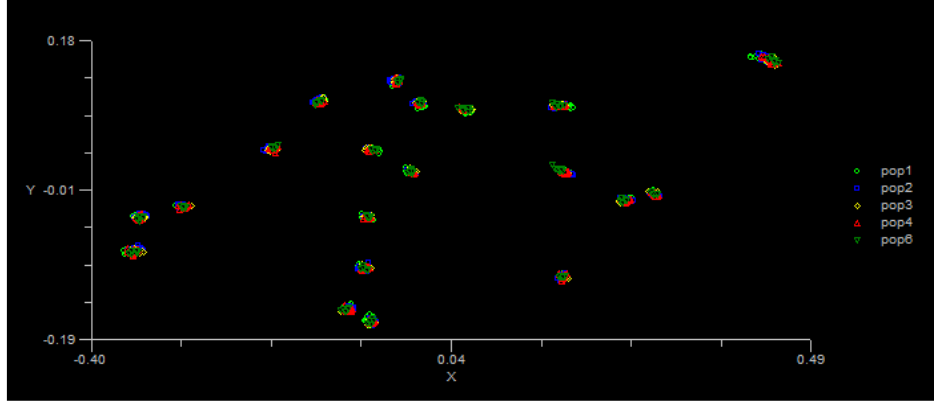
populasyonlar arasındaki ilişkiyi görmek için CVA'dan elde edilen Mahalanobis uzaklığı ile NTSYS pc 2.2 (Rohlf 2004) programı kullanılarak UPGMA Kümeleme Analizi yapılmıştır. Ortadoğu bal arısı alttürleri arasındaki kanat şekline bağlı olarak coğrafya ile ilişkili varyasyonu görmek için SAAP programı (Wartenberg 1989) kullanılarak Uzamsal Otokorelasyon Analizi yapılmıştır. Uzamsal korrelogramlar Moran's I coefficient değerine göre tanımlanmıştır (Sokal ve Oden 1978) ve bu korrelogramların önemlilikleri Bonferroni kriterine göre yapılanmaktadır (Oden 1984).



Şekil 3.8 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde kanat üzerinde yer alan landmark noktalarının üst üste bindirilmesi (anat1-anatoliaca1, anat2-anatoliaca2, anat3-anatoliaca3, anat4-anatoliaca4, cauc-caucasica, cypr-cypria, pomo-pomonella)



Şekil 3.9 Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin kanat üzerinde yer alan landmark noktalarının üst üste bindirilmesi (trak-carnica, anat1-anatoliaca1, anat2-anatoliaca2, anat3-anatoliaca3, anat4-anatoliaca4, cauc-caucasica)



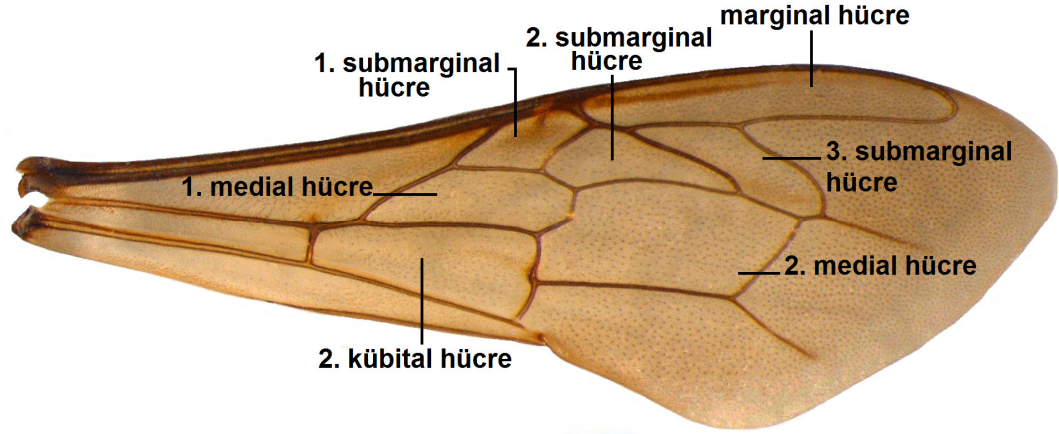
Şekil 3.10 *A. m. meda* populasyonlarında kanat üzerinde yer alan landmark noktalarının üst üste bindirilmesi (pop1-populasyon1, pop2-populasyon2, pop3-populasyon3, pop4-populasyon4, pop5-populasyon5, pop6-populasyon6)

3.5 Outline Metodu- Eliptik Fourier Analizi ile Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi

Outline metodunun Radyal Fourier Analiz ve Eliptik Fourier Analiz olmak üzere farklı uygulamaları vardır. Tez çalışmasında alttürler için kanat hücrelerindeki şekil farklılıkları araştırılmak ve hangi kanat hücrelerinin grupları ayırmada daha başarılı olduğu değerlendirilmek için Eliptik Fourier Analizi (EFA) uygulanmıştır (Kuhl ve Giardina 1982). EFA ile kanat hücrelerinin genel şekli çok az değişken kullanılarak çok kolay bir şekilde tanımlanmıştır. Şekil analizi 4 temel aşamada gerçekleştirilmiştir.

1. Kanat hücreleri üzerinde, hücrelerin şeklini belirleyecek biçimde noktalardan oluşan eğri (curve) çizilerek outline'nın belirlenmesi.
2. Bu outline boyunca yerleştirilen noktalardan elde edilen x, y koordinat verileri ile EFA.
3. EFA sonucu elde edilen harmonik olarak adlandırılan matematiksel ifadelerin DFA ile belirlenen şekil farklılığına bağlı olarak grupların ayırt edilmesi.

Şekil analizi ön kanat üzerinde bulunan tüm kapalı kanat hücreleri için uygulanmıştır. Ön kanatta bulunan ve alttürler arasındaki şekil farklılıkları araştırılan kanat hücreleri (Marginal hücre, 1., 2. ve 3. Submarginal hücre, 1. ve 2. Medial hücre ve 2. Kübital hücre) (Michener 2007) Şekil 3.11'de görülmektedir.



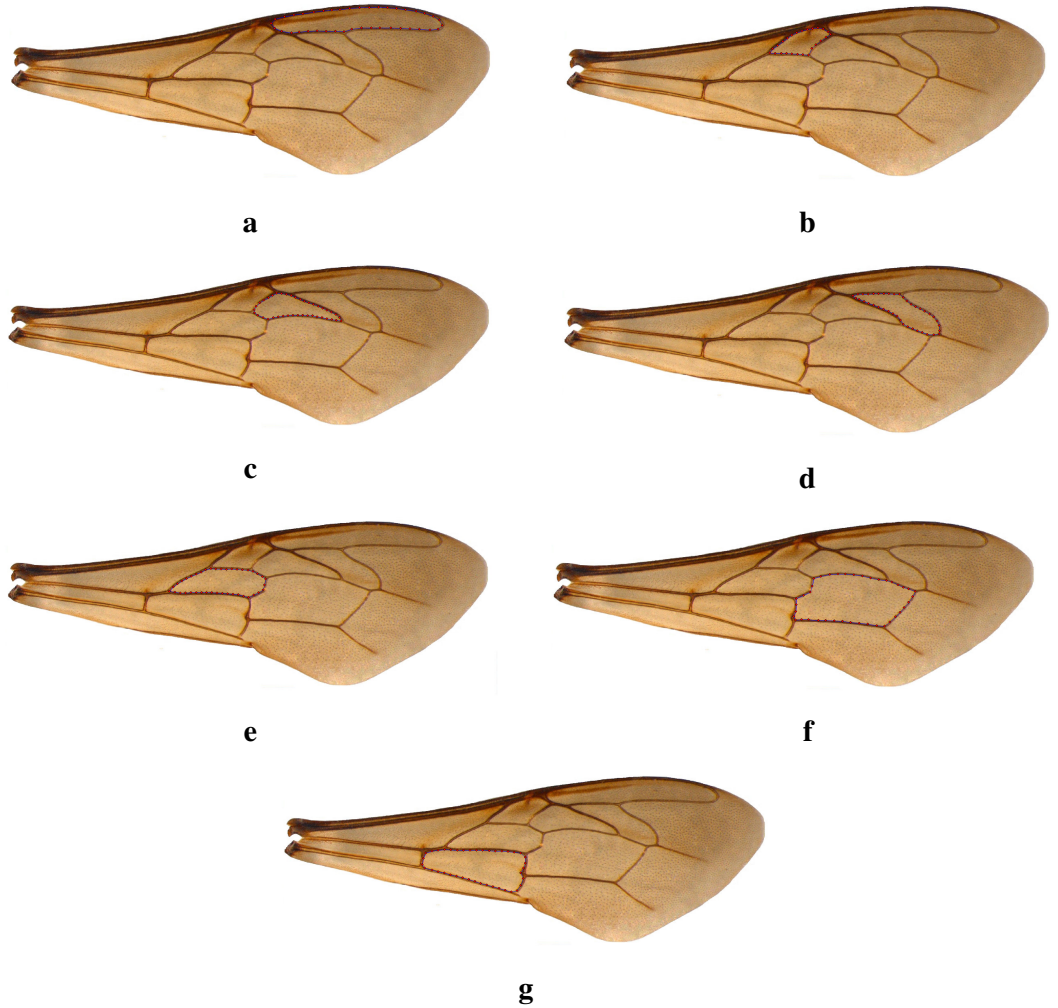
Şekil 3.11 Ön kanattaki şekil analizi yapılan hücreler

3.5.1 Kanat hücreleri üzerinde eğrilerin oluşturulması

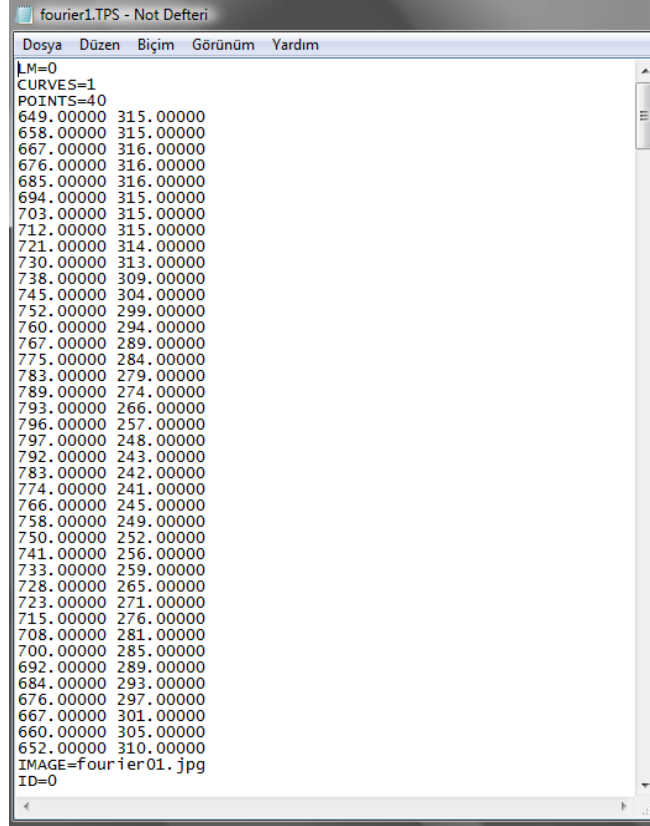
Outline metodu da Landmark metodunda olduğu gibi bilgisayar tabanlı bir yöntemdir. Yapılan çalışmada kanat hücreleri üzerinde eğriler (curve) çizilerek outline'nın belirlenmesi için Landmark metodunda olduğu gibi en yaygın olarak kullanılan Rohlf vd. (2011) tarafından hazırlanmış ücretsiz olarak erişimi olan Tps adlı program serisinin (<http://life.bio.sunysb.edu/morph/>) tpsDig 2.12 alt modülü kullanılmıştır. Bu şekilde outline'ların belirlenmesi için ilk olarak dosyalar Landmark metodunda olduğu gibi tpsUtil 1.40 alt modülü ile programa tanıtılmıştır. tpsDig modülü ile Şekil 3.12.a, g'de görüldüğü gibi hücrelerin outline'larının belirlenmesi amacı ile her hücre için seçilen belli bir başlangıç noktasından başlanarak hücrelerin çevresinde eşit aralıklı noktalardan oluşan saat yönünde eğri çizilerek eğriyi belirleyecek noktalar sabitlenmiştir. Bu nokta sayıları 1. submarginal hücre hariç diğerleri için 40 olarak belirlenmiştir. 1. submarginal hücre için ise 25 nokta ile sabitlenmiştir. Bu outline boyunca eşit olarak yerleştirilen noktalardan elde edilen x, y koordinat verileri EFA için kullanılmıştır (Şekil 3.13).

3.5.2 Eliptik Fourier Analiz (EFA) ve istatistiksel analiz

Alttürler arasında kanat hücrelerinde şekil farklılıklarını görmek için tpsDig'de hücrelerin çevrelerine işaretlenerek elde edilen noktaların x, y koordinat verileri kullanılarak Fourier dönüşümü ile EFA yapılmıştır. EFA, Ferson vd. (1985) tarafından tanımlandığı gibi büyüklük, pozisyon ve şekli belirlenen hücrenin başlangıç noktasının etkilerinin kaldırıldığı EFAwin (M. Isaev) programı ile yapılmıştır.



Şekil 3.12 Kanat hücreleri üzerinde hücrenin şeklini belirleyen noktalardan oluşan eğriler (a. Marginal hücre, b. 1. Submarginal hücre, c. 2. Submarginal hücre, d. 3. Submarginal hücre, e. 1. Medial hücre, f. 2. Medial hücre, g. 2. Kübital hücre)



Şekil 3.13 Kanat hücrelerinde eğriyi oluşturan noktalara ait x, y koordinat verilerini içeren tps dosyası

İlk olarak, noktalara ait koordinatlardan, her bir noktanın outline'nın ağırlık merkezine olan uzaklığına karşılık gelen 6 hücre için (1. submarginal hücre hariç) 40 radii, 1. submarginal hücre için 25 radii hesaplanmıştır. Hücrelere göre kullanılan bu 40 veya 25 radii setlerine Fourier dönüşümü yapılmıştır (Bookstein vd. 1982, Kuhl ve Giardina 1982, Rohlf 1990, Slice vd. 1996). Böylece Fourier formülü ile açıklanan trigonometrik fonksiyon elde edilmiştir (Formül 4). Bu fonksiyonda şekli oluşturan bileşenler harmonik olarak adlandırılan katsayı setleri (Fourier coefficient) elde edilmiştir. Kanat hücrelerinin şekline bağlı olarak alttürlerin dağılımını görmek için harmoniklerden oluşan katsayı setleri, SPSS 13.0 (SPSS 2004) programı kullanılarak DFA'ya tabi tutulmuştur.

Her bir kanat hücresinin analizinde, "Ters Fourier Dönüşümü" kullanılarak Fourier katsayıları ile ilgili outline'nın yeniden yapılanması gerçekleştirilmiştir (Rohlf ve

Archie 1984). Bu dönüşüm ile tüm hücreler için analizlerde kullanılacak fourier katsayı setlerini oluşturacak en düşük harmonik sayıları belirlenmiştir. Ölçüm hatası ratgele seçilen bir örneğin 10 kez tekrarlı ölçümü ile hesaplanmıştır (Şekil 3.14.a, g) ve harmonik genliğinin varyasyon katsayısı olarak ifade edilmiştir. Ölçüm hatası, 10 kez ölçümü yapılan bir örneğin harmonik genliğinin varyasyon katsayısı olarak belirtilmektedir.

Formül 4-

$$x(t) = a_0 + \sum_{i=1}^p (a_i \cdot \cos(it) + b_i \cdot \sin(it))$$

$$y(t) = c_0 + \sum_{i=1}^p (c_i \cdot \cos(it) + d_i \cdot \sin(it))$$

a_i, b_i, c_i ve d_i =fourier katsayılar

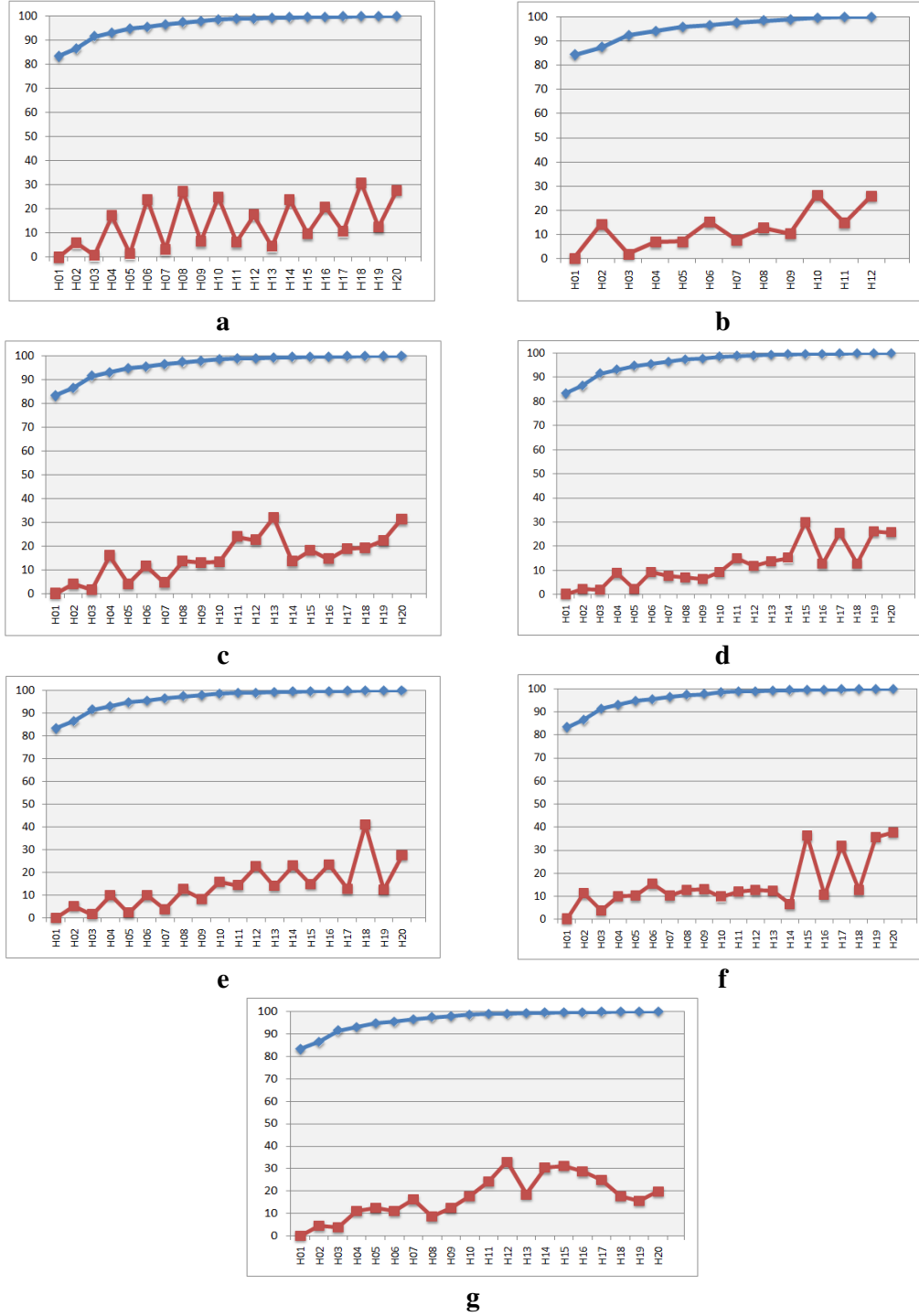
Şekil 3.14.a, g’de görüldüğü gibi tüm hücreler için her harmonik tarafından eklenen bilginin içeriği “Kümülatif Güç-Cumulative Power” kullanılarak hesaplanmıştır (Crampton 1995) (Formül 5).

Formül 5-
$$= \frac{(A_n^2 + B_n^2 + C_n^2 + D_n^2)}{2}$$

n=harmonik sayısı

A, B, C, D=n. harmoniğin fourier katsayıları

Her bir hücre için hücrenin şeklini belirleyen minumum harmonik, toplam gücün %95’in üzerinde olduğu değerlerden seçilmiştir. Bu değerler ölçüm hatası grafiğinde ilk pik görülen harmoniğin üzerindeki değerler olarak belirmektedir. 1.Submarginal hücre için 11, marginal ve 2. kübital hücreler için 13, 2. submarginal hücre için 14, 2. medial ve 3. submarginal hücreler için 16, 1. medial hücre için 19 olacak şekilde hücrelerin şeklini belirleyen en küçük harmonikler belirlenmiştir (Şekil 3.14.a, g).



Şekil 3.14 Kanat hücrelerinin EFA'sı için harmoniklerin belirlendiği ölçüm hatası (■) ve kümülatif gücü (◆)gösteren eğrilerin grafiği (a. Marginal hücre, b. 1. Submarginal hücre, c. 2.Submarginal hücre, d. 3.Submarginal hücre, e. 1.Medial hücre, f. 2. Medial hücre, g. 2. Kübital hücre)

Kanat hücrelerinin şekil analizi için fourier dönüşümü ile EFA'nın yapıldığı EFAwin programından aynı zamanda bireylerin hücrelerinin alan (area) değerleri elde edilmiştir. Bu şekilde EFAwin programından elde edilen hücrelerin alan büyüklüklerinden tüm hücrelerin toplam hücre alan büyüklükleri hesaplanmıştır. Toplam hücre alanlarının büyüklükleri ile alttürlerin ekolojik olarak dağılımlarını ilişkilendirmek için örneklerin toplandığı lokasyonlar için boylam ve enlem verileri ile hücre alan büyüklükleri arasındaki ilişki MYSTAT 12 (Anonymous 2007) istatistik programı kullanılarak nokta yoğunluk grafiği “dot density graph” ile gösterilmiştir.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

Bu çalışmada kanat ve kanat hücrelerinin şekline bağlı olarak Ortadoğu bal arısı alttürlerinin, Türkiye'deki yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin ve İran, Kuzey Irak ve Türkiye'nin doğusunda yayılış gösteren Ortadoğu grubu içerisinde yer alan *A. m. meda* populasyonlarının geometrik morfometrik analizi gerçekleştirilmiştir. Geometrik morfometrinin iki farklı metodu ile Ortadoğu ve Türkiye'deki bal arısı alttürleri ve *A. m. meda* populasyonları ayırt edilmeye çalışılmıştır.

Çalışmanın birinci kısmında, alttürlerin ve populasyonların Landmark metodu ile kanat şekline bağlı olarak ikinci kısımda ise, alttürlerin ve populasyonların Outline metodu-EFA ile kanat hücrelerinin şekline bağlı olarak geometrik morfometrik analizi yapılmıştır. Her iki metot uygulanırken Ortadoğu bal arısı alttürleri, Türkiye'de yayılış gösteren alttürler ve *A. m. meda* alttürüne ait populasyonlar olarak üç farklı şekilde alttürler veya populasyonlar gruplandırılarak değerlendirilmiştir. Bu gruplandırma ve değerlendirme özellikle, Ruttner (1988), Kauhausen vd. (1997) tarafından morfometrik karakterlere bağlı olarak yapılan analizler doğrultusunda yapılmıştır. Subspesifik değerlendirmede ve populasyonların değerlendirmesinde analizlerde koloni ortalamaları kullanılmıştır.

4.1 Landmark Metodu ile Kanatta Şekil Analizi

Landmark metodu kullanılarak kanatta şekilsel farklılıkların analizinde, alttürlerinin ve *A. m. meda* populasyonlarının karşılaştırılması Multivariate Analysis of Variance (MANOVA) ve Pairwise testi ile değerlendirilmiştir. Alttürlerin ve *A. m. meda* populasyonlarının dağılımları DFA ve CVA ile ortaya konulmuştur. Fenetik ilişkiler Mahalanobis uzaklıklarına bağlı olarak UPGMA fenogramı ile özetlenmiştir. Ortadoğu bal arısı alttürlerinin kanat şekil farklılıkları deformasyon gridleri üzerine yansıtılarak alttürler arasında görsel olarak kanat şekil farklılıkları değerlendirilmiş ve farklılıkların hangi landmark noktalarında yoğunlaştığı ortaya çıkarılmıştır. Ortadoğu bal arısı alttürleri arasındaki kanat şekline bağlı olarak coğrafya ile ilişkili varyasyonu görmek için Uzamsal Otokorelasyon Analizi yapılmıştır.

4.1.1 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde kanatta şekil analizi

Kanat şekline bağlı olarak Landmark metodu ile Ortadoğu bal arısı alttürleri arasındaki farklılık MANOVA ile test edilmiştir. Ortadoğu bal arısı alttür grupları arasındaki farklılığın istatistiksel olarak anlamlı olduğu bulunmuştur ($P<0,001$). Pairwise testi ile grupların ikili olarak karşılaştırılması sonucu Çizelge 4.1’de özetlenmiştir. *A. m. anatoliaca* alttürünün İç Anadolu grubu ile *A. m. anatoliaca* alttürünün Marmara, Ege ve Batı Karadeniz grupları arasında; *A. m. anatoliaca* alttürünün Batı Karadeniz grubu ile *A. m. anatoliaca* alttürünün Marmara ve Ege grupları arasında; *A. m. anatoliaca* alttürünün Ege ve Marmara grupları arasında istatistiksel olarak bir farklılık görülmemiştir ($P<0,001$).

Ön kanattaki 20 landmark noktasının x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu, tüm landmarklara ait koordinatların, Ortadoğu bal arısı alttür grupları ile yapılan analizlerde bal arısı gruplarını ayırmada istatistiksel olarak anlamlı olduğunu göstermiştir ($P>0,05$) (Çizelge 4.2).

Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait kolonilerin DFA’sına göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %43,3’ünü, %29,3’ünü ve %12,5’ini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır (Çizelge 4.3). Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait kolonilerin ön kanat şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları ayrı kümeler oluşturmuştur (Şekil 4.1). *A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. meda* alttürlerine ait koloniler birbirlerine yakın konumlanırken *A. m. pomonella* ayrı yerde kümelenmiştir. *A. m. anatoliaca* alttürünün İç Anadolu, Batı Karadeniz, Marmara ve Ege grupları birbirleri içerisinde bir küme oluştururken *A. m. meda* alttürünün İran ve Kuzey Irak grubu ile Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubu bir küme içerisinde ayrı iki grup oluşturarak kümelenmiştir.

Çizelge 4.1 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin Pairwise testi ile ikili karşılaştırılması

Alttür	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	-								
<i>anatoliaca</i> ege	0,043	-							
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	0,059	0,344	-						
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	0,002	0,007	0,018	-					
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-				
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-			
<i>meda</i> iran-kuzey irak	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-		
<i>cypria</i>	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-	
<i>pomonella</i>	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-

Çizelge 4.2 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin DFA'sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu

X ve Y Koordinatları	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
x1	0,742	11,104	8	256	0,000
y1	0,498	32,266	8	256	0,000
x2	0,580	23,213	8	256	0,000
y2	0,663	16,256	8	256	0,000
x3	0,718	12,588	8	256	0,000
y3	0,537	27,646	8	256	0,000
x4	0,618	19,819	8	256	0,000
y4	0,536	27,660	8	256	0,000
x5	0,596	21,669	8	256	0,000
y5	0,810	7,504	8	256	0,000
x6	0,541	27,101	8	256	0,000
y6	0,581	23,082	8	256	0,000
x7	0,567	24,452	8	256	0,000
y7	0,836	6,273	8	256	0,000
x8	0,424	43,479	8	256	0,000
y8	0,785	8,785	8	256	0,000
x9	0,671	15,711	8	256	0,000
y9	0,469	36,272	8	256	0,000
x10	0,369	54,706	8	256	0,000
y10	0,534	27,934	8	256	0,000
x11	0,899	3,610	8	256	0,001
y11	0,808	7,599	8	256	0,000
x12	0,686	14,619	8	256	0,000
y12	0,447	39,586	8	256	0,000
x13	0,722	12,341	8	256	0,000
y13	0,503	31,638	8	256	0,000
x14	0,666	16,046	8	256	0,000
y14	0,647	17,443	8	256	0,000
x15	0,511	30,676	8	256	0,000
y15	0,551	26,060	8	256	0,000
x16	0,568	24,293	8	256	0,000
y16	0,560	25,102	8	256	0,000

Çizelge 4.2 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin DFA'sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu (devam)

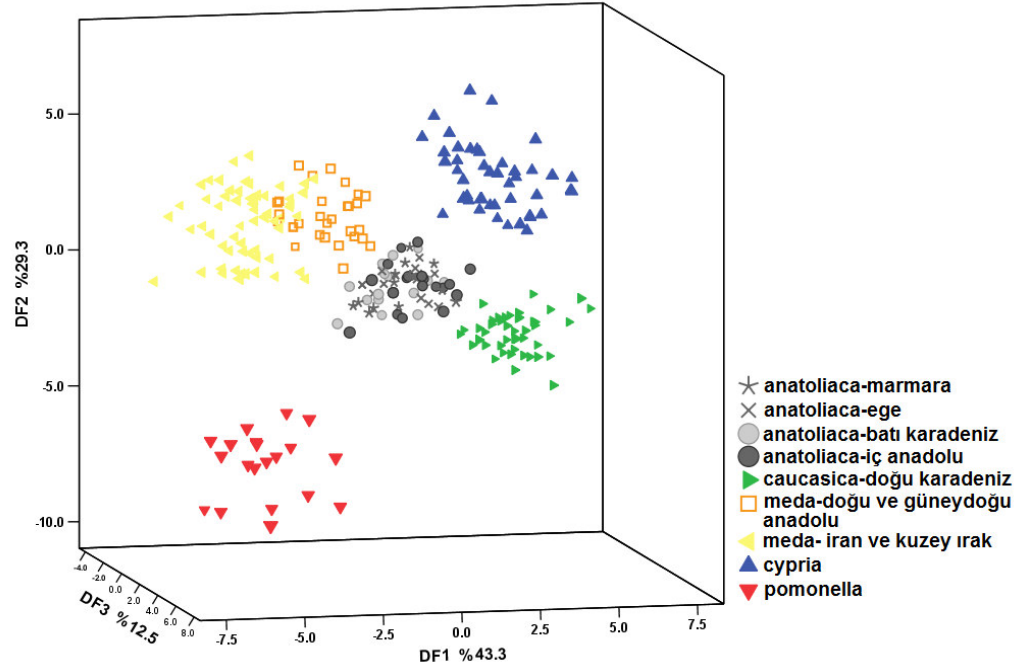
X ve Y Koordinatları	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
x17	0,669	15,805	8	256	0,000
y17	0,681	14,985	8	256	0,000
x18	0,523	29,182	8	256	0,000
y18	0,655	16,884	8	256	0,000
x19	0,789	8,558	8	256	0,000
y19	0,896	3,697	8	256	0,000
x20	0,739	11,310	8	256	0,000
y20	0,581	23,113	8	256	0,000

Çizelge 4.3 Landmark koordinat verileri ile yapılan Ortadoğu bal arısı alttürlerinin DFA'sında ilk 8 ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri, % eigen değerleri ve kümülatif % eigen değerleri

Fonksiyon	Eigen değeri	% Varyans	% Kümülatif varyans	Kanonikal korelasyon
1	11,859	43,3	43,3	0,960
2	8,012	29,3	72,6	0,943
3	3,408	12,5	85,1	0,879
4	2,209	8,1	93,1	0,830
5	1,049	3,8	97,0	0,715
6	0,440	1,6	98,6	0,553
7	0,238	0,9	99,4	0,438
8	0,157	0,6	100,0	0,368

Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%94,7). *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. meda* ve *A. m. pomonella*'ya ait koloniler %100 kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m. anatoliaca*'nın farklı gruplarına ait koloniler birbirleri içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.4). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %89,1'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır. Alttürlerle ait grupların sınıflandırma sonuçlarında olduğu gibi *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. pomonella*'ya ait koloniler %100 kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m.*

anatoliaca'nın farklı gruplarına ait koloniler yine birbirleri içerisinde yer almıştır. *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonileri %100 kendi grupları içerisinde yer alırken İran ve Kuzey Irak kolonilerinin %98,3'ü kendi grubu içerisinde yer almıştır. *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak kolonilerinin %1,7'si Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubu içerisine kaymıştır (Çizelge 4.5).



Şekil 4.1 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

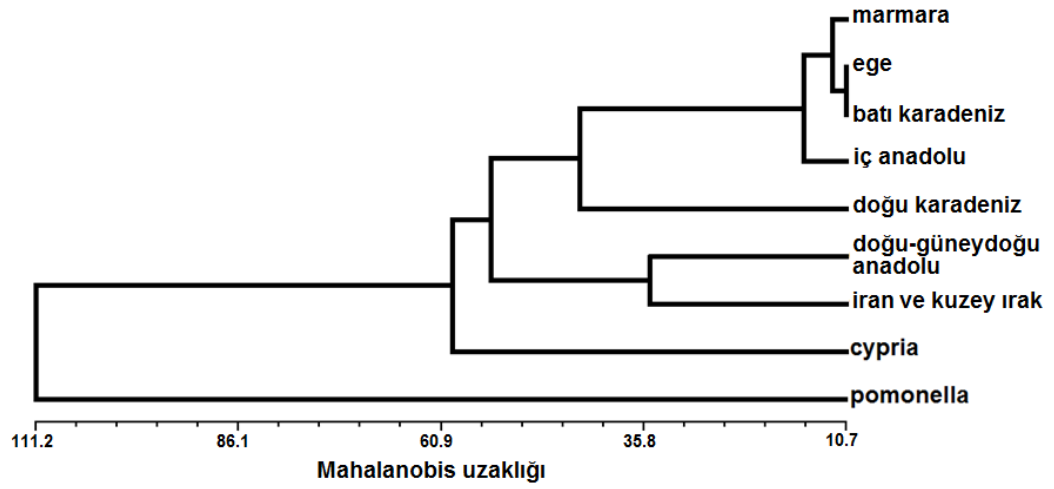
Ortadoğu bal arısı alttürlerinin ön kanattaki landmark verilerine bağlı olarak yapılan CVA'dan elde edilen uzaklık matrisi ile oluşturulan UPGMA fenogramında başlıca iki kol görülmektedir (Şekil 4.2). Bu kollardan birini *A. m. pomonella* alttürü oluşturmaktadır, diğer kol iki alt gruba ayrılmaktadır. Bu alt gruplardan birinde *A. m. cypria* alttürü ayrılmaktadır. Diğer grupta *A. m. meda* alttürüne ait gruplar (İran ve Kuzey Irak ile Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonileri), *A. m. caucasica* ve *A. m. anatoliaca*'nın Marmara, Ege, Batı Karadeniz ve İç Anadolu grubu yer almaktadır. *A. m. meda*, *A. m. caucasica* ve *A. m. anatoliaca*'nın bulunduğu alt grupta da bu üç alttür birbirinden ayrılmış ve üç farklı grup olarak görülmektedir.

Çizelge 4.4 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Ortadoğu bal arısı alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran- kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	12 (80,0)	2 (13,3)	1 (6,7)	-	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	1 (6,7)	13 (86,7)	1 (6,7)	-	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	1 (6,7)	1 (6,7)	12 (80,0)	1 (6,7)	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	2 (10,0)	1 (5,0)	3 (15,0)	14 (70,0)	-	-	-	-	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	-	-	-	-	45 (100,0)	-	-	-	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	-	-	-	-	30 (100,0)	-	-	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	-	-	60 (100,0)	-	-
<i>cypria</i>	45	-	-	-	-	-	-	-	45 (100,0)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	-	-	-	-	-	-	20 (100,0)

Çizelge 4.5 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Ortadoğu bal arısı alttürlerinin Çapraz Doğrulama testi sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran- kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	7 (46,7)	5 (33,3)	2 (13,3)	1 (6,7)	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	2 (13,3)	10 (66,7)	3 (20,0)	-	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	4 (26,7)	2 (13,3)	7 (46,7)	1 (6,7)	-	1(6,7)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	2 (10,0)	2 (10,0)	3 (15,0)	13 (65,0)	-	-	-	-	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	-	-	-	-	45 (100,0)	-	-	-	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	-	-	-	-	30 (100,0)	-	-	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	-	1 (1,7)	59 (98,3)	-	-
<i>cypria</i>	45	-	-	-	-	-	-	-	45 (100,0)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	-	-	-	-	-	-	20 (100,0)



Şekil 4.2 Landmark metodu ile analiz edilen Ortadoğu bal arısı alttürlerinin UPGMA fenogramı

4.1.2 Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinde kanatta şekil analizi

Kanat şekline bağlı olarak Landmark metodu ile Türkiye’de yayılış gösteren alttürler arasındaki farklılık MANOVA ile test edilmiştir. MANOVA testi sonucu, Türkiye’deki bal arısı alttür grupları arasındaki farklılığın istatistiksel olarak anlamlı olduğu bulunmuştur ($P<0,001$). Pairwise testi ile grupların ikili olarak karşılaştırılması sonucu Çizelge 4.6’da görülmektedir. *A. m. anatoliaca* alttürünün Batı Karadeniz grubu ile Marmara ve Ege grupları arasında; *A. m. anatoliaca* alttürünün Ege ve Marmara grupları arasında; *A. m. anatoliaca* alttürünün İç Anadolu ve Batı karadeniz grupları arasında istatistiksel olarak bir farklılık görülmemiştir ($P<0,001$).

Ön kanattaki 20 landmark noktasının x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu, 37 kartezyen koordinatlarının (x11, x16 ve y19 hariç) Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürü grupları ile yapılan analizde bal arısı gruplarını ayırmada istatistiksel olarak anlamlı olduğunu göstermiştir ($P>0,05$) (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.6 Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin Pairwise testi ile ikili karşılaştırılması

Alttür	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu-güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	-						
<i>anatoliaca</i> marmara	0,001*	-					
<i>anatoliaca</i> ege	0,001*	0,007	-				
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	0,001*	0,023	0,013	-			
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	0,001*	0,001*	0,001*	0,004			
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-		
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-

Çizelge 4.7 Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin DFA’sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu

X ve Y Koordinatları	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
x1	0,888	6,548	6	313	0,000
y1	0,644	28,859	6	313	0,000
x2	0,874	7,518	6	313	0,000
y2	0,757	16,757	6	313	0,000
x3	0,893	6,239	6	313	0,000
y3	0,673	25,377	6	313	0,000
x4	0,881	7,066	6	313	0,000
y4	0,742	18,111	6	313	0,000
x5	0,716	20,726	6	313	0,000
y5	0,669	25,780	6	313	0,000
x6	0,669	25,840	6	313	0,000
y6	0,928	4,059	6	313	0,001
x7	0,796	13,331	6	313	0,000
y7	0,797	13,322	6	313	0,000
x8	0,519	48,386	6	313	0,000
y8	0,904	5,571	6	313	0,000
x9	0,794	13,501	6	313	0,000
y9	0,872	7,659	6	313	0,000
x10	0,623	31,559	6	313	0,000
y10	0,802	12,894	6	313	0,000
x11	0,984	0,860	6	313	0,525
y11	0,843	9,744	6	313	0,000
x12	0,776	15,032	6	313	0,000
y12	0,536	45,144	6	313	0,000
x13	0,820	11,485	6	313	0,000
y13	0,756	16,867	6	313	0,000
x14	0,888	6,602	6	313	0,000
y14	0,923	4,371	6	313	0,000
x15	0,804	12,717	6	313	0,000
y15	0,723	20,022	6	313	0,000
x16	0,961	2,120	6	313	0,051
y16	0,732	19,145	6	313	0,000

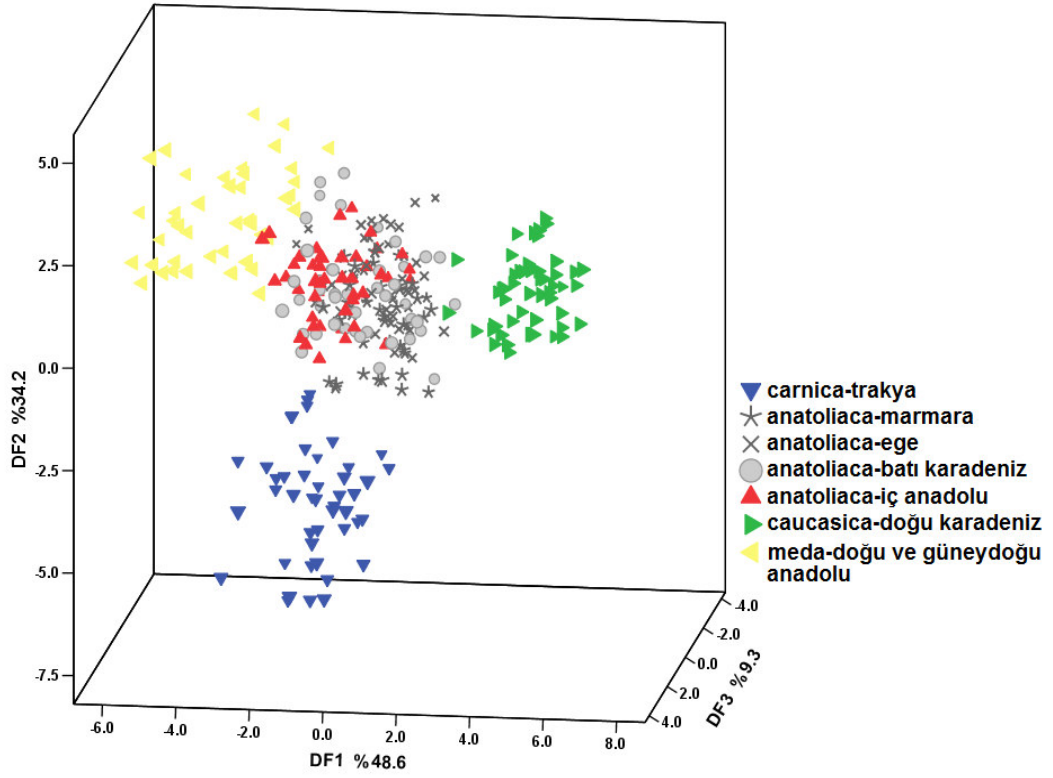
Çizelge 4.7 Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin DFA’sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu (devam)

X ve Y Koordinatları	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
x17	0,923	4,345	6	313	0,000
y17	0,839	9,988	6	313	0,000
x18	0,871	7,740	6	313	0,000
y18	0,951	2,690	6	313	0,015
x19	0,902	5,688	6	313	0,000
y19	0,966	1,863	6	313	0,087
x20	0,752	17,211	6	313	0,000
y20	0,849	9,309	6	313	0,000

Çizelge 4.8 Landmark koordinat verileri ile yapılan Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin DFA’sında ilk 6 ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri, % eigen değerleri ve kümülatif % eigen değerleri

Fonksiyon	Eigen değeri	% Varyans	% Kümülatif varyans	Kanonikal korelasyon
1	5,616	48,6	43,3	0,921
2	3,961	34,2	82,8	0,894
3	1,076	9,3	92,1	0,720
4	0,412	3,6	95,7	0,540
5	0,296	2,6	98,2	0,478
6	0,204	1,8	100,0	0,412

Ön kanat şekline bağlı yapılan Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait kolonilerin DFA’sında birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla % 48,6’sını, %34,2’sini ve %9,3’ünü açıklamıştır ve toplam varyasyon ilk 6 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. DFA dağılım grafiğinde, Türkiye’de yayılış gösteren alttür grupları ayrı kümeler oluşturmuştur (Şekil 4.3). *A. m. anatoliaca* ve *A. m. meda*’ya ait koloniler birbirlerine yakın konumlanırken *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica* ayrı yerlerde kümelenmiştir. *A. m. anatoliaca* alttürünün farklı gruplarına ait koloniler bir arada gruplanmıştır.



Şekil 4.3 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürü gruplarına ait kolonilerin %84,7’si kendi orijinal grupları içinde doğru olarak sınıflandırılmıştır. Bu gruplardan *A. m. carnica*, *A. m. caucasica* ve *A. m. meda*’ya ait koloniler %100 kendi grubu içerisinde yer almıştır. *A. m. anatoliaca*’nın farklı gruplarına ait koloniler yine birbirleri içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.9). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürü gruplarının %76,9’u doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır. Alttürlerine ait grupların sınıflandırma sonuçlarında olduğu gibi *A. m. caucasica*’ya ait koloniler %100 kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m. meda*’ya ait kolonilerin % 97,8’i, *A. m. carnica*’ya ait kolonilerin %96,6’sı kendi grubu içerisinde yer almıştır. *A. m. carnica* kolonilerinin %2,2’si *A. m. anatoliaca* alttürünün Marmara grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.10).

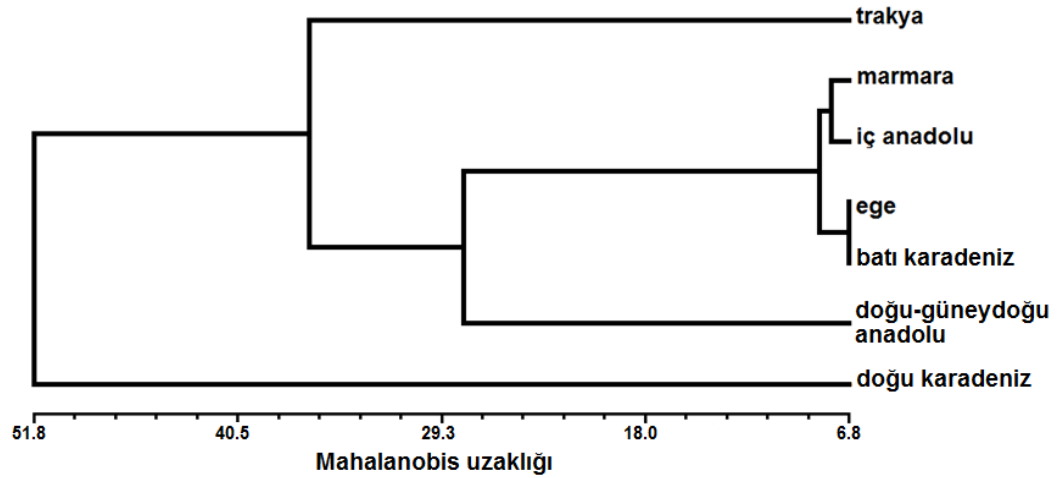
Çizelge 4.9 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu-güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	45 (100,0)	-	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> marmara	45	-	32 (71,0)	4 (8,9)	8 (17,8)	1 (2,2)	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	45	-	2 (4,4)	34 (75,6)	6 (13,3)	3 (6,7)	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	-	4 (8,9)	4 (8,9)	32 (71,1)	4 (8,9)	-	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	-	1 (2,2)	2 (4,4)	8 (17,8)	33 (73,3)	-	1 (2,2)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	-	-	-	-	50 (100,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	-	-	-	-	-	-	45 (100,0)

Çizelge 4.10 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin Çapraz Doğrulama testi sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu-güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	43 (96,6)	2 (4,4)	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> marmara	45	1 (2,2)	27 (60,0)	4 (8,9)	10 (22,2)	3 (6,7)	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	45	-	5 (11,1)	29 (64,4)	8 (17,8)	3 (6,7)	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	-	7 (15,6)	5 (11,1)	23 (51,1)	8 (17,8)	-	2 (4,4)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	-	4 (8,9)	2 (4,4)	8 (17,8)	30 (6,7)	-	1 (2,2)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	-	-	-	-	50 (100,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	-	-	-	-	1 (2,2)	-	44 (97,8)

Türkiye’deki bal arısı alttürlerinin ön kanattaki landmark verilerine bağlı olarak yapılan CVA’dan elde edilen uzaklık matrisi ile oluşturulan UPGMA fenogramında başlıca iki kol görülmektedir (Şekil 4.4). Bu kollardan birini *A. m. caucasica* alttürü oluşturmaktadır, diğer kol iki alt gruba ayrılmaktadır. Bu alt gruplardan birinde *A. m. carnica* alttürü ayrılmaktadır. Diğer grupta *A. m. anatoliaca* alttürüne ait gruplar (Marmara, Ege, Batı Karadeniz ve İç Anadolu grubu) ve *A. m. meda*’nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubu yer almaktadır. *A. m. carnica*, *A. m. meda* ve *A. m. anatoliaca*’nın bulunduğu alt grupta da bu üç alttür birbirinden ayrılmış ve üç farklı grup olarak görülmektedir.



Şekil 4.4 Landmark metodu ile analiz edilen Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin UPGMA fenogramı

4.1.3 İran bal arısı (*A. m. meda*) populasyonlarında kanatta şekil analizi

Kanat şekline bağlı olarak Landmark metodu ile İran bal arısı (*A. m. meda*) populasyonları arasındaki farklılık MANOVA ile test edilmiştir. *A. m. meda* populasyonları arasındaki farklılığın istatistiksel olarak anlamlı olduğu bulunmuştur ($P < 0,001$). Pairwise ile *A. m. meda* populasyonlarının ikili karşılaştırılması sonucu 3. ve 4. populasyon hariç populasyonlar arası farklılık istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ($P < 0,001$). Sadece 3. ve 4. populasyon arasında farklılık görülmemiştir (Çizelge 4.11).

Çizelge 4.11 *A. m. meda* populasyonlarının Pairwise testi ile ikili karşılaştırılması

Alt tür	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	-				
<i>meda</i> populasyon2	0,001*	-			
<i>meda</i> populasyon3	0,001*	0,001*	-		
<i>meda</i> populasyon4	0,001*	0,001*	0,016	-	
<i>meda</i> populasyon6	0,001*	0,001*	0,001*	0,001*	-

Ön kanattaki 20 landmark noktasının x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu, 39 kartezyen koordinatlarının (y15 hariç) *A. m. meda* populasyonları ile yapılan analizde populasyonları ayırmada istatistiksel olarak anlamlı olduğunu göstermiştir ($P>0.05$) (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.12 *A. m. meda* populasyonlarının DFA'sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu

X ve Y Koordinatları	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
x1	0,713	14,088	4	140	0,000
y1	0,797	8,942	4	140	0,000
x2	0,777	10,056	4	140	0,000
y2	0,808	8,340	4	140	0,000
x3	0,889	4,377	4	140	0,002
y3	0,907	3,576	4	140	0,000
x4	0,764	10,831	4	140	0,000
y4	0,868	5,329	4	140	0,001
x5	0,804	8,548	4	140	0,000
y5	0,813	8,073	4	140	0,000
x6	0,707	14,510	4	140	0,000
y6	0,672	17,071	4	140	0,000
x7	0,583	25,050	4	140	0,000
y7	0,804	8,511	4	140	0,000

Çizelge 4.12 *A. m. meda* populasyonlarının DFA'sında x, y kartezyen koordinatlarının ANOVA sonucu (devam)

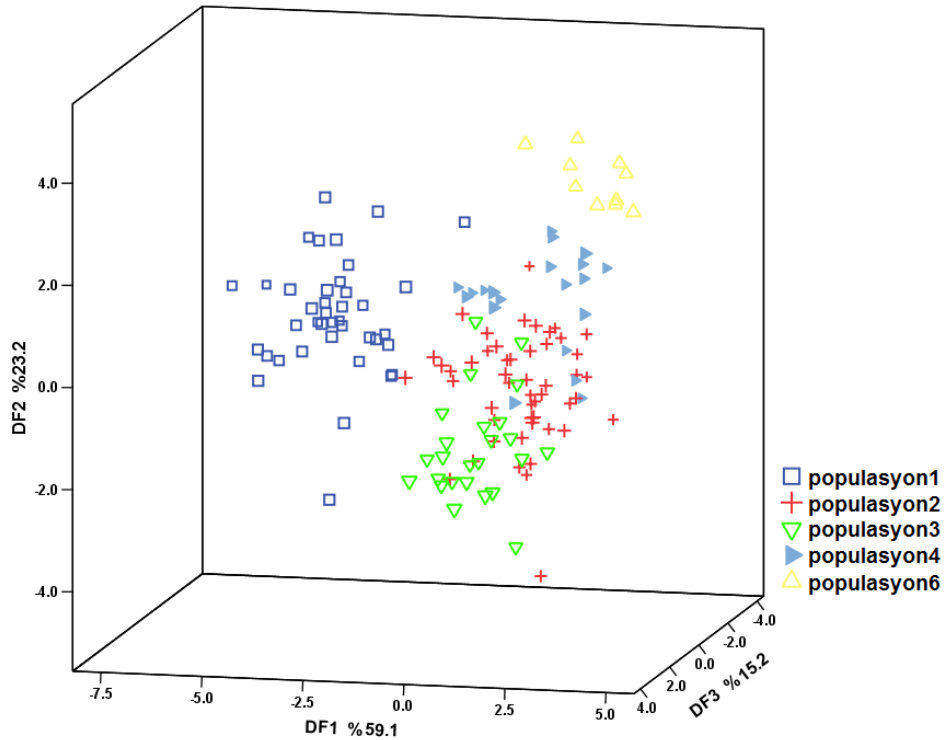
X ve Y Koordinatları	Wilks' Lambda	F	df1	df2	Sig.
x8	0,598	23,521	4	140	0,000
y8	0,755	11,331	4	140	0,000
x9	0,910	3,480	4	140	0,010
y9	0,848	6,264	4	140	0,000
x10	0,695	15,348	4	140	0,000
y10	0,792	9,178	4	140	0,000
x11	0,760	11,066	4	140	0,000
y11	0,774	10,232	4	140	0,000
x12	0,873	5,109	4	140	0,001
y12	0,545	29,217	4	140	0,000
x13	0,843	6,535	4	140	0,000
y13	0,432	46,068	4	140	0,000
x14	0,632	20,357	4	140	0,000
y14	0,896	4,051	4	140	0,004
x15	0,810	8,221	4	140	0,000
y15	0,936	2,404	4	140	0,053
x16	0,809	8,240	4	140	0,000
y16	0,882	4,685	4	140	0,001
x17	0,858	5,773	4	140	0,000
y17	0,887	4,441	4	140	0,002
x18	0,784	9,623	4	140	0,000
y18	0,894	4,153	4	140	0,003
x19	0,891	4,300	4	140	0,000
y19	0,805	8,474	4	140	0,000
x20	0,921	2,995	4	140	0,021
y20	0,733	12,721	4	140	0,000

A. m. meda populasyonlarına ait kolonilerin DFA'sında toplam varyasyon 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır ve sırası ile birinci eksen varyasyonun %59,1'ini, ikinci eksen %23,2'sini, üçüncü eksen %15,2'sini ve dördüncü eksen %2,5'ini açıklamıştır (Çizelge 4.13). DFA dağılım grafiğinde, Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon, Irak kolonilerinden oluşan 6. populasyon,

İran’da yayılış gösteren 2. 3. ve 4. populasyonlar birlikte, ayrı üç küme oluşturmuştur (Şekil 4.5). İran’da yayılış gösteren populasyonlardan Batı ve Orta İran kolonilerinin oluşan 2. populasyon ortada kümelenirken İran’ın kuzeyinde bulunan 4. populasyon bu kümenin bir tarafında, kuzeydoğusunda yer alan 3. populasyon diğer tarafında kümelenmiştir.

Çizelge 4.13 Landmark koordinat verileri ile yapılan *A. m. meda* populasyonlarının DFA’sında ilk 4 ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri, % eigen değerleri ve kümülatif % eigen değerleri

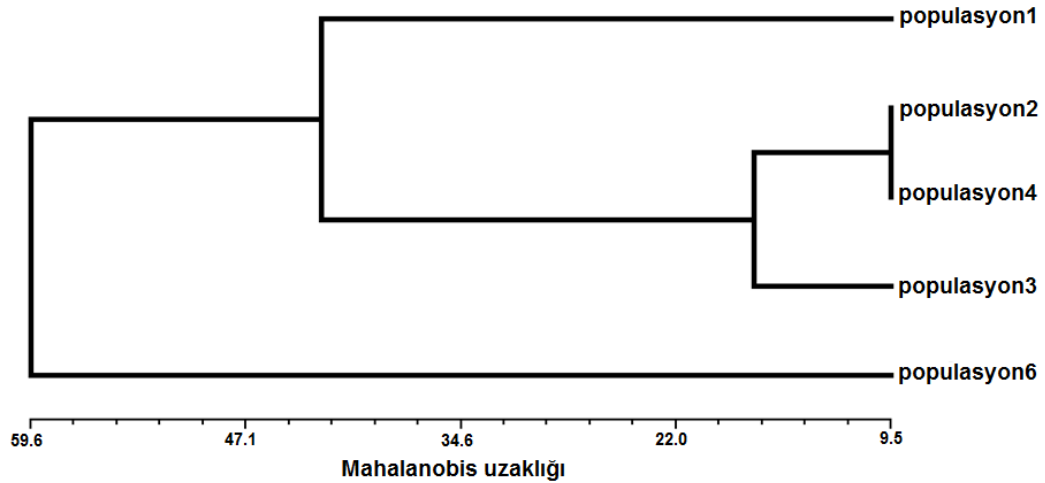
Fonksiyon	Eigen değeri	% Varyans	% Kümülatif varyans	Kanonikal korelasyon
1	4,752	59,1	59,1	0,909
2	1,865	23,2	82,3	0,807
3	1,218	15,2	97,5	0,741
4	0,205	2,5	100,0	0,412



Şekil 4.5 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA’da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

A. m. meda populasyonlarına ait koloniler yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%89). Bu populasyon gruplarından 6. populasyona ait koloniler %100 kendi grubu içerisinde yer alırken 1. populasyona ait kolonilerin % 97,5'i, 3. populasyona ait kolonilerin % 96'sı, 2. populasyona ait kolonilerin % 86'sı ve 4. populasyona ait kolonilerin % 65'i kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.14). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarına ait koloni gruplarının %82,8'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır. Bu populasyon gruplarından yine 6. populasyona ait koloniler %100 kendi grubu içerisinde yer alırken 1. populasyona ait kolonilerin % 97,5'i, 2. populasyona ait kolonilerin % 82'si, 3. populasyona ait kolonilerin % 80'i ve 4. populasyona ait kolonilerin % 50'si kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.15).

A. m. meda populasyonlarının ön kanattaki landmark verilerine bağlı olarak yapılan CVA'dan elde edilen uzaklık matrisi ile oluşturulan UPGMA fenogramında başlıca iki kol görülmektedir (Şekil 4.6). Bu kollardan birini Irak kolonilerinden oluşan 6. populasyon oluşturmaktadır, diğer kol iki alt gruba ayrılmaktadır. Bu alt gruplardan birinde Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon ayrılmaktadır. Diğer grupta Batı ve Orta İran kolonilerinin oluşturduğu 2. populasyon ve İran'ın kuzey ve kuzeydoğusunda yer alan 4. ve 3. populasyonlar yer almaktadır.



Şekil 4.6 Landmark metodu ile analiz edilen *A. m. meda* populasyonlarının UPGMA fenogramı

Çizelge 4.14 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

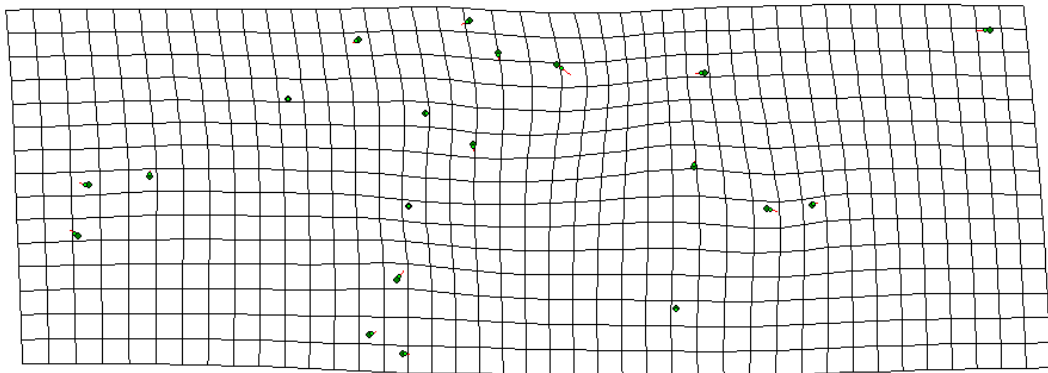
Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	39 (97,5)	-	-	1 (2,5)	-
<i>meda</i> populasyon2	50	1 (2,0)	43 (86,0)	1 (2,0)	5 (10,0)	-
<i>meda</i> populasyon3	25	-	1 (4,0)	24 (96,0)	-	-
<i>meda</i> populasyon4	20	-	5 (25,0)	1 (5,0)	13 (65,0)	1 (5,0)
<i>meda</i> populasyon6	10	-	-	-	-	10 (100,0)

Çizelge 4.15 Landmark metoduna bağlı olarak yapılan DFA ile *A. m. meda* populasyonlarının Çapraz Doğrulama testi sonuçları

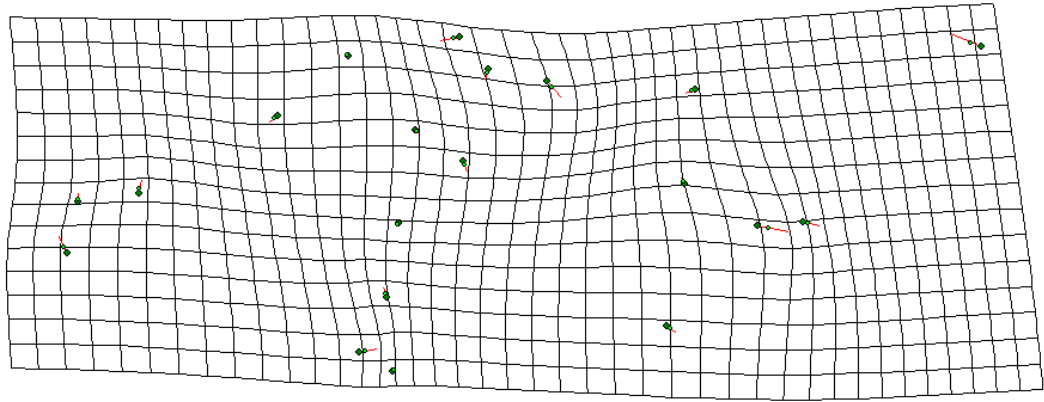
Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	39 (97,5)	-	-	1 (2,5)	-
<i>meda</i> populasyon2	50	1 (2,0)	41 (82,0)	2 (4,0)	6 (12,0)	-
<i>meda</i> populasyon3	25	-	5 (20,0)	20 (80,0)	-	-
<i>meda</i> populasyon4	20	-	8 (40,0)	1 (5,0)	10 (50,0)	1 (5,0)
<i>meda</i> populasyon6	10	-	-	-	-	10 (100,0)

4.1.4 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde kanat şekli farklılıklarının deformasyon eğrileri ile karşılaştırılması

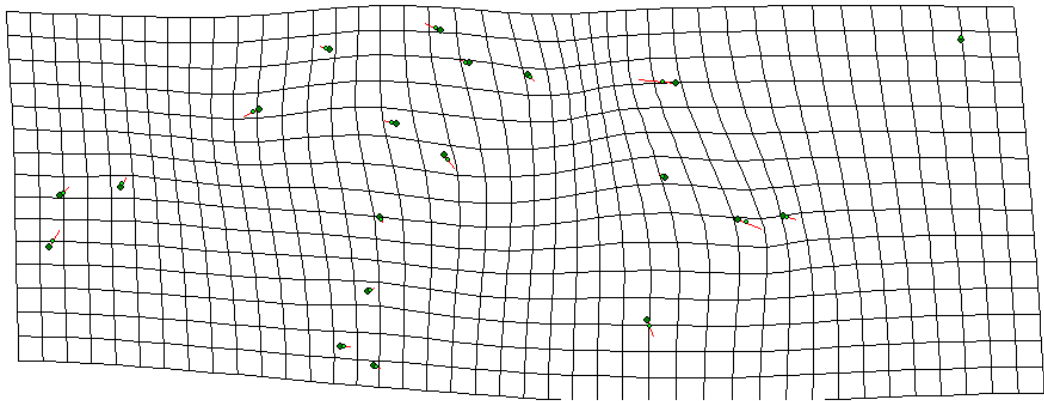
Ortadoğu alttürleri arasında kanat şekli farklılıkları, Thin Plate Spline Analizi ile deformasyon gridleri üzerine yansıtılarak görsel olarak ikili karşılaştırmalar yapılmıştır. Analiz sonucu elde edilen görüntüler X3'lük büyütme ile verilmiştir. Yapılan bu analiz ile diğer alttürlerin *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. pomonella* ile olan eşleşmelerinde şekilsel farklılık en fazla görülmüştür (Şekil 4.7-4.9). *A. m. caucasica*'nın *A. m. anatoliaca*, *A. m. meda*, *A. m. cypria* ve *A. m. pomonella* ile olan karşılaştırmalarında, şekilsel farklılığın farklı landmark noktalarından kaynaklanan farklı yönlerde bir değişim şeklinde olduğu görülmektedir (Şekil 4.7.a, e). *A. m. caucasica* ile yapılan karşılaştırmada en az şekilsel farklılık *A. m. anatoliaca* ile yapılan karşılaştırmada gözlenmiştir (Şekil 4.7.a). Benzer şekilde, *A. m. cypria*'nın *A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. meda* ve *A. m. pomonella* ile olan karşılaştırmalarında, şekilsel farklılığın farklı landmark noktalarından kaynaklanan farklı yönlerde bir değişim şeklinde olduğu görülmektedir (Şekil 4.8.a, e). *A. m. cypria* ile yapılan karşılaştırmada en fazla şekilsel farklılık *A. m. pomonella* ile yapılan karşılaştırmada gözlenmiştir (Şekil 4.8e). Özellikle tüm alttür gruplarının *A. m. pomonella* ile olan karşılaştırmalarında, çok fazla şekilsel değişimin olduğu ve bu şekilsel değişimde hemen hemen tüm landmark noktalarının rol oynadığı görülmektedir (Şekil 4.9.a, e). Bu şekilsel değişim Şekil 4.9.a, e'de, kanadın orta kısmında, 2. medial hücre çevresindeki landmarklardaki değişim ile kanadın dışa doğru bombelenmesi biçiminde görülmektedir.



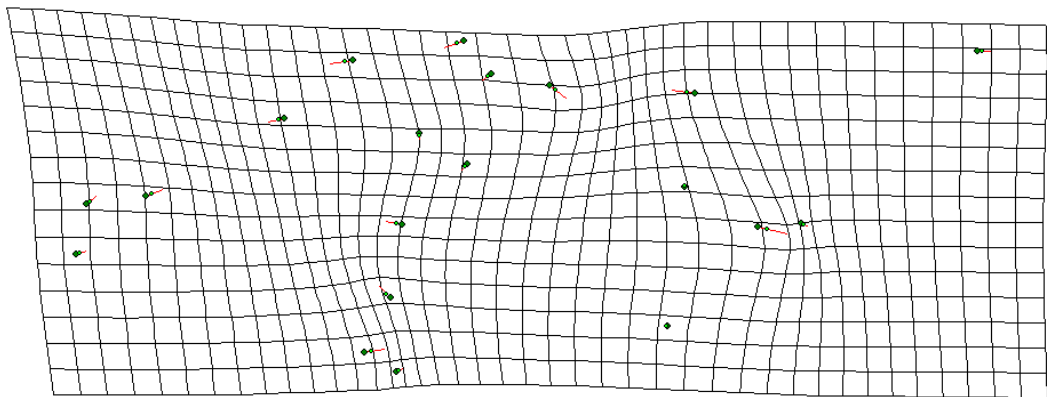
a



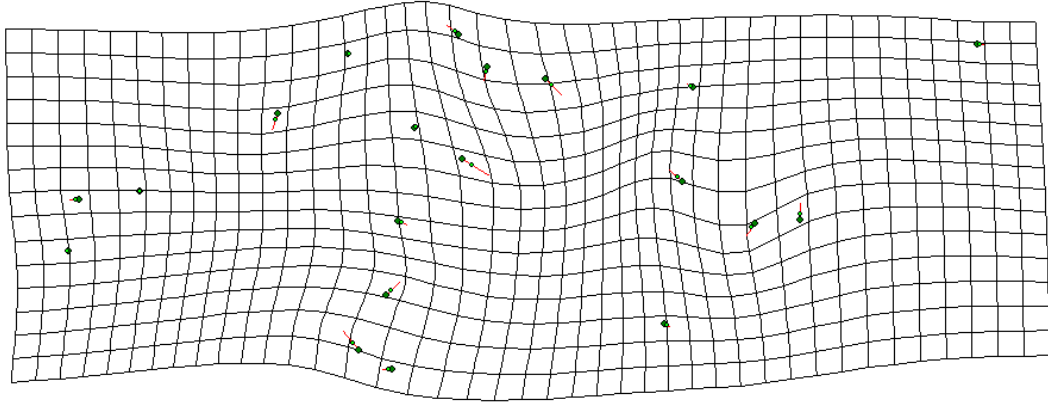
b



c

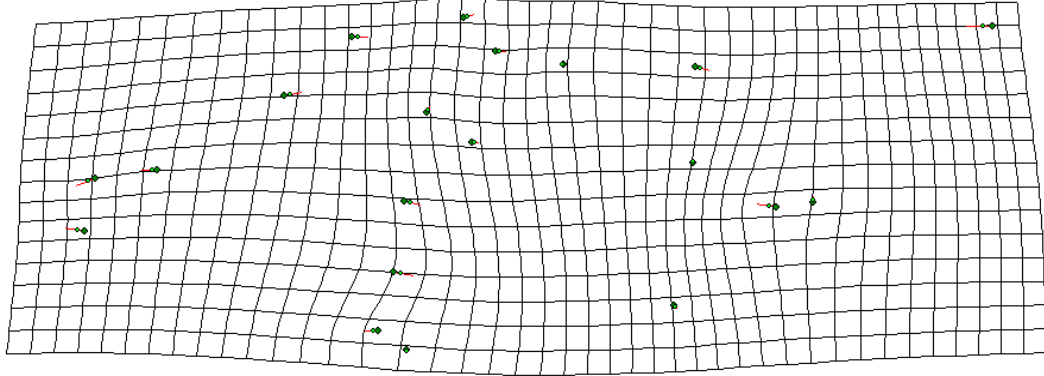


d

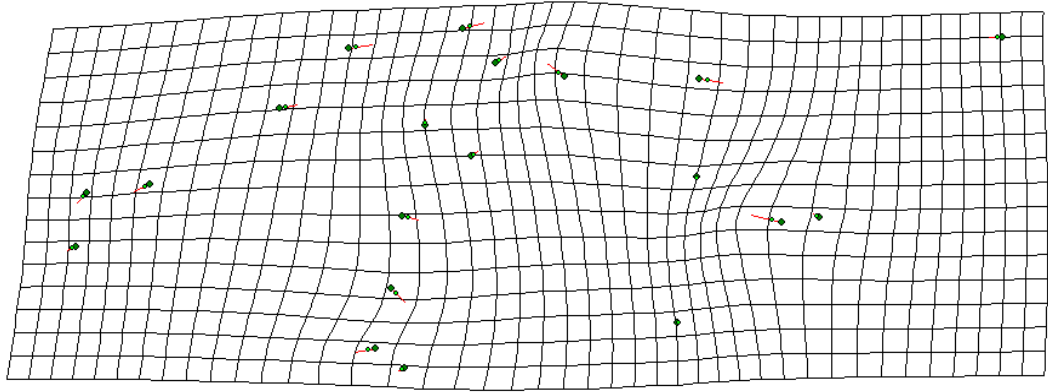


e

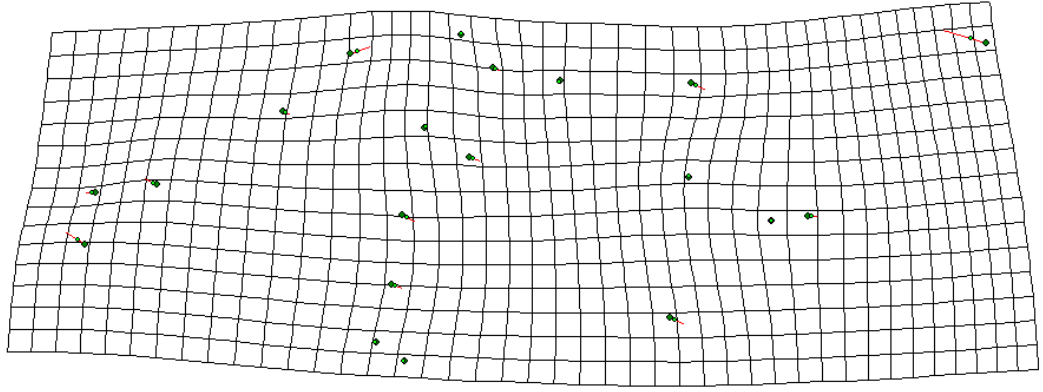
Şekil 4.7 Ortadoğu alttürlerinden *A. m. caucasica*'ya ait deformasyon gridlerinin diğer gruplar ile karşılaştırılması (a. *caucasica/anatoliaca*, b. *caucasica/meda1*, c. *caucasica/meda2*, d. *caucasica/cypria*, e. *caucasica/pomonella*)



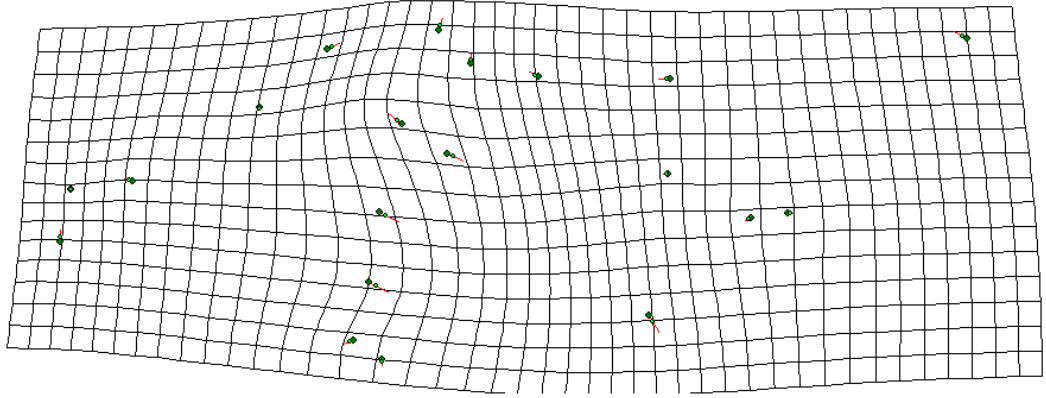
a



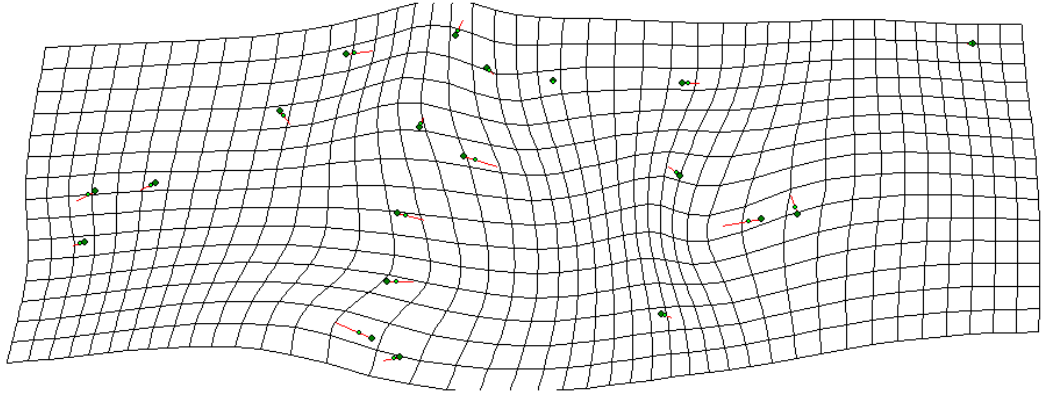
b



c

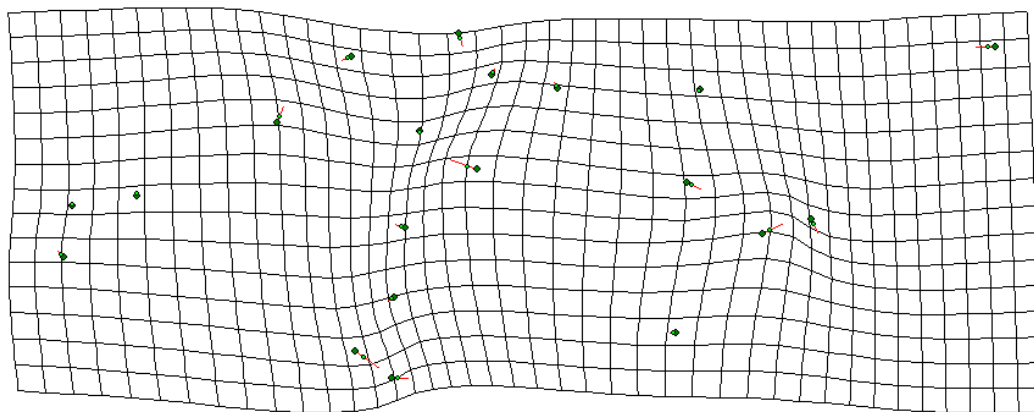


d

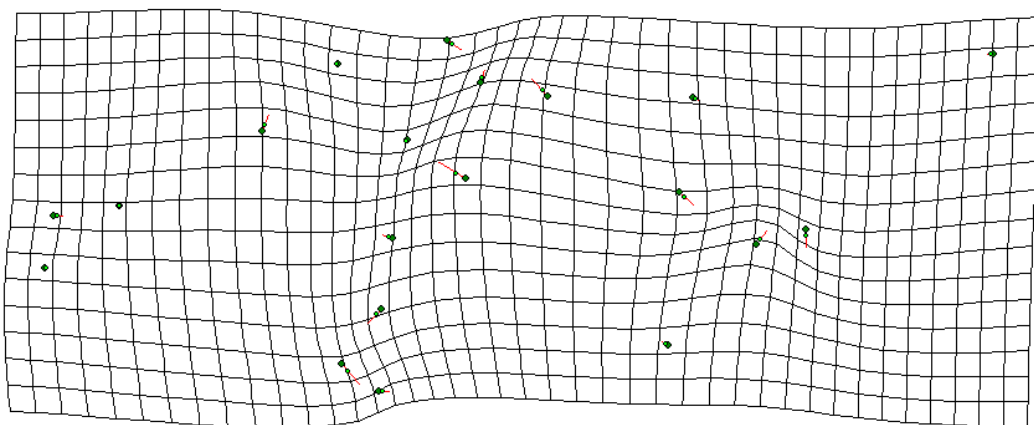


e

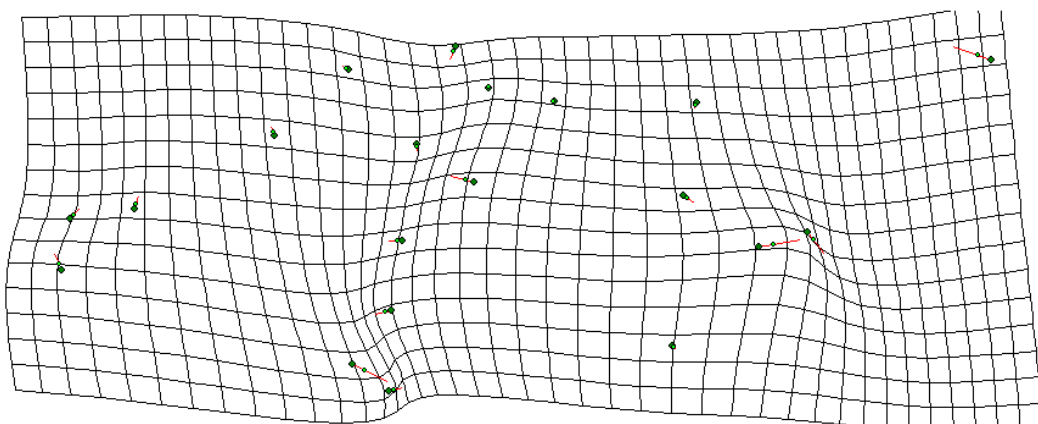
Şekil 4.8 Ortadoğu alttürlerinden *A. m. cypria*'ya ait deformasyon gridlerinin diğer gruplar ile karşılaştırılması (a. *cypria/anatoliaca*, b. *cypria/caucasica*, c. *cypria/meda1*, d. *cypria/meda2*, e. *cypria/pomonella*)



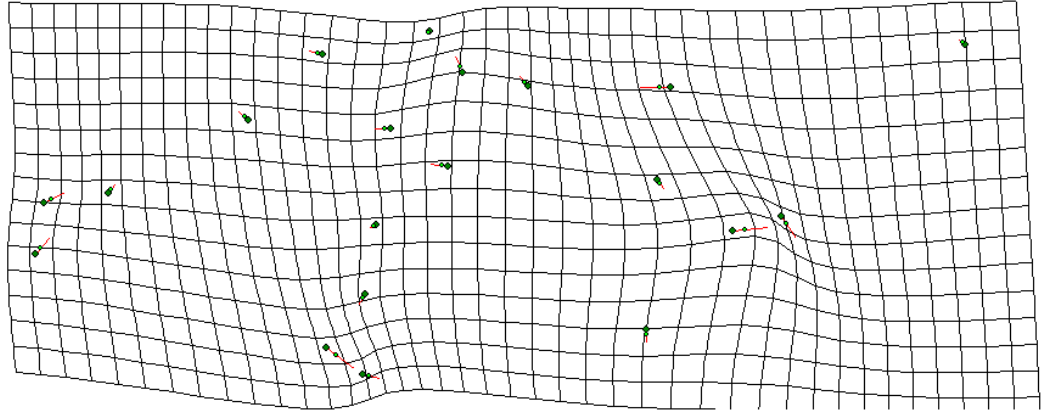
a



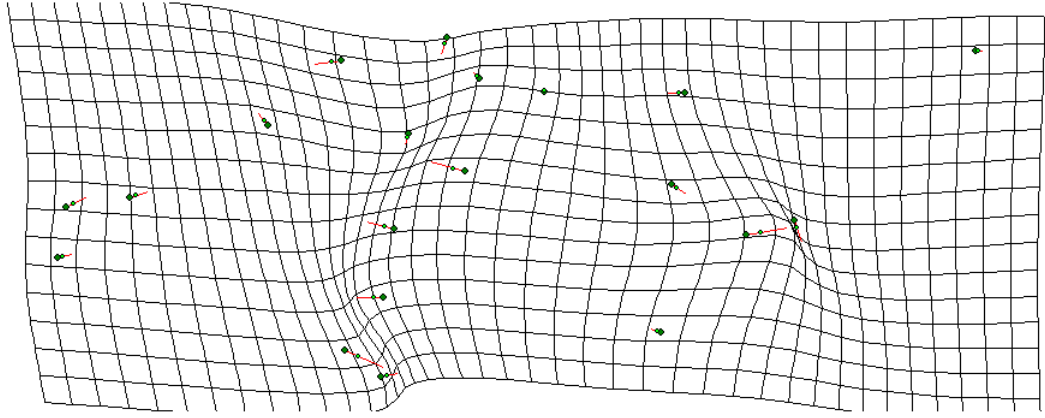
b



c



d



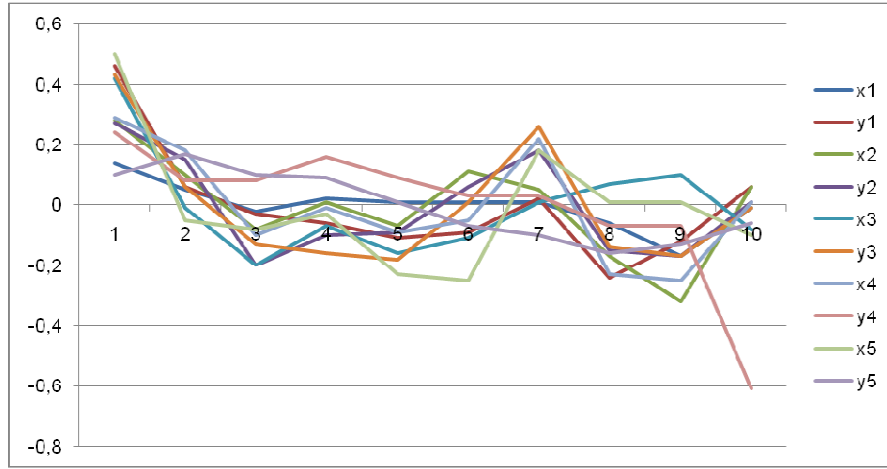
e

Şekil 4.9 Ortadoğu alttürlerinden *A. m. pomonella*'ya ait deformasyon gridlerinin diğer gruplar ile karşılaştırılması (a. *pomonella/anatoliaca*, b. *pomonella/caucasica*, c. *pomonella/meda1*, d. *pomonella/meda2*, e. *pomonella/cypria*)

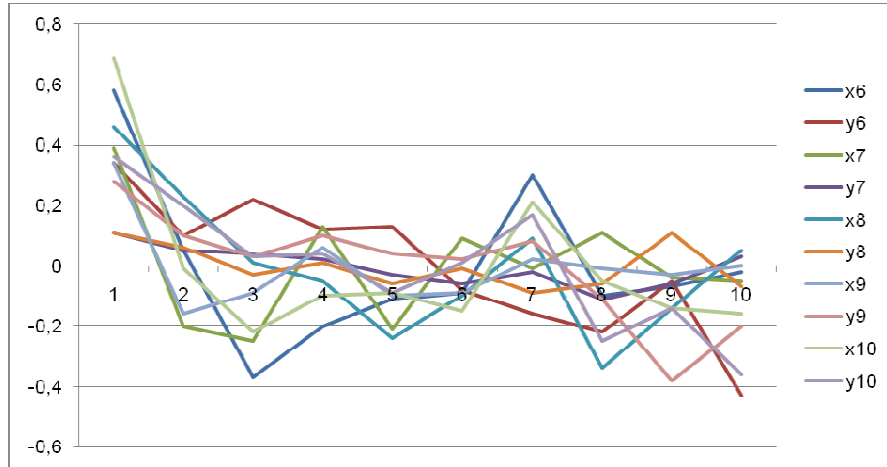
4.1.5 Ortadoğu bal arısı alttürlerinde uzamsal otokorelasyon analizi

Uzamsal Otokorelasyon Analizi, lokal popülasyonlara ait karakterlerin ortalaması ve coğrafik koordinat çiftleri (enlem-boylam) kullanılarak karakterlere bağlı olarak coğrafya ile ilişkili varyasyonu görmek için yapılan bir analizdir. Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait ön kanattaki landmarkların koordinat verileri ile Uzamsal Otokorelasyon Analizi'nde, toplam 400 (40 karakter, 10 uzaklık sınıfı) Moran's I katsayısı hesaplanmıştır ve bunlardan 373'ü (%93,25) istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur (Çizelge 4.16). Bu katsayılara bağlı oluşturulan 40 korrelogramdan hepsi Bonferroni

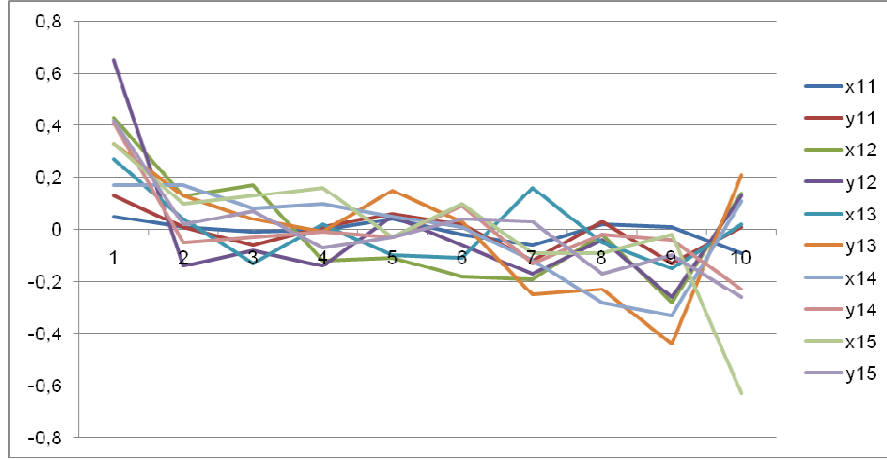
kriterine göre anlamlı bulunmuştur ($P<0,05$) (Çizelge 4.16) (Şekil 4.10.a, d). 6 landmark koordinatı ile oluşturulan korrelogramlar (y4, y5, y6, y9, y16 ve y18) kısa uzaklıklarda pozitif otokorelasyona, uzak uzaklıklarda negatif otokorelasyona sahip “Clinal Type” korrelogram göstermektedir (Şekil 4.10.e). Geriye kalan 34 landmark koordinatı az çok “Crazy Quilt Type” korrelogram göstermektedir. Bu korrelogramlar karakterler ve komşu lokasyonlar arasında bir ilişki olmadığını göstermektedir.



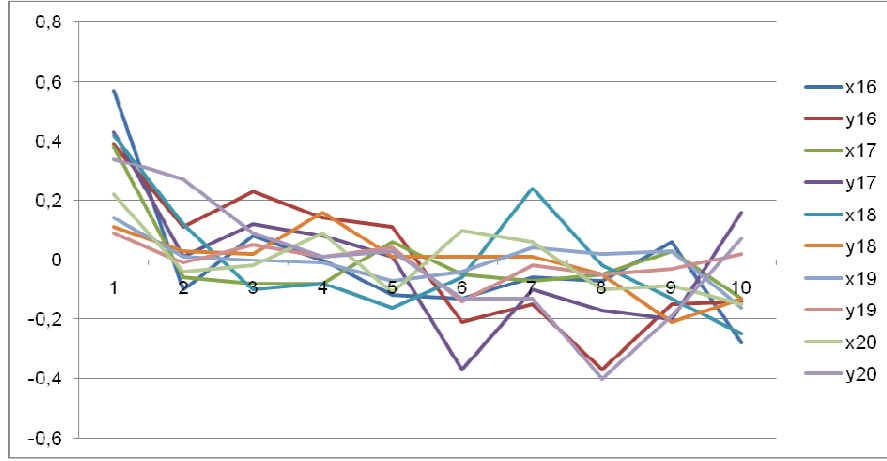
a



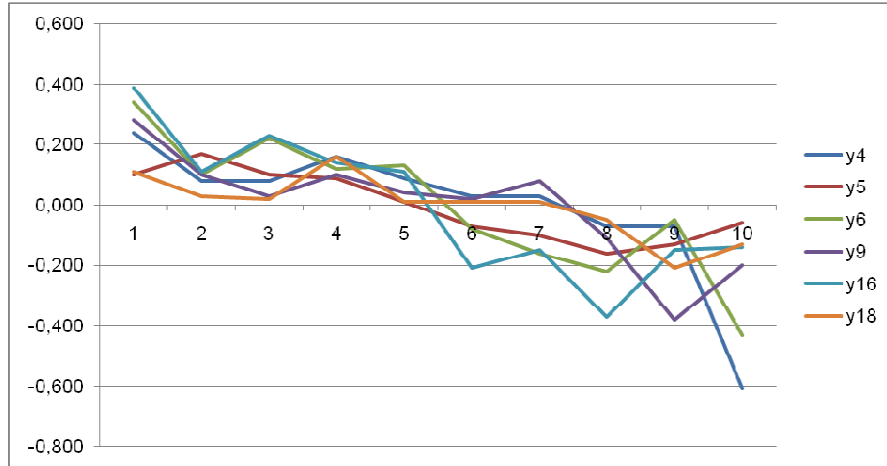
b



c



d



e

Şekil 4.10 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin landmark x, y kartezyen koordinat verilerine ait otokorrelogramları ($P < 0,05$), a. x1-y5'e ait; b. x6-y10'a ait; c. x11-y15'e ait; d. x16-y20'e ait; e. y4, y5, y6, y9, y16 ve y18'e ait klinal tip otokorrelogramlar

Çizelge 4.16 Ortadoğu bal arısı alttürlerini ayırmada kullanılan landmark koordinat verisi için Moran's I katsayıları

Değişken	UzaklıkSınıfları										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	P
x1	0,14**	0,05**	-0,02**	0,02**	0,01	0,01*	0,01*	-0,06**	-0,17**	-0,01	0,000
y1	0,46**	0,06**	-0,03**	-0,06**	-0,11**	-0,09**	0,02**	-0,24**	-0,12**	0,06**	0,000
x2	0,28**	0,10**	0,08**	0,01*	-0,07**	0,11**	0,05**	-0,17**	-0,32**	0,06**	0,000
y2	0,27**	0,15**	-0,20**	-0,10**	-0,09**	0,06**	0,18**	-0,15**	-0,17**	0,01	0,000
x3	0,42**	-0,01	-0,20**	-0,07**	-0,16**	-0,11**	0,01**	0,07**	0,10**	-0,08**	0,000
y3	0,43**	0,06**	-0,13**	-0,16**	-0,18**	0,01	0,26**	-0,14**	-0,17**	-0,01	0,000
x4	0,29**	0,18**	-0,10**	-0,01	-0,09**	-0,05**	0,22**	-0,23**	-0,25**	0,01	0,000
y4	0,24**	0,08**	0,08**	0,16**	0,09**	0,03**	0,03**	-0,07**	-0,07**	-0,61**	0,000
x5	0,50**	-0,05**	-0,08**	-0,03**	-0,23**	-0,25**	0,18**	0,01**	0,01	-0,10**	0,000
y5	0,10**	0,17**	0,10**	0,09**	0,01*	-0,07**	-0,10**	-0,16**	-0,13**	-0,06**	0,000
x6	0,58**	0,05**	-0,37**	-0,20**	-0,11**	-0,09**	0,30**	-0,10**	-0,07**	-0,02	0,000
y6	0,34**	0,10**	0,22**	0,12**	0,13**	-0,08**	-0,16**	-0,22**	-0,05**	-0,43**	0,000
x7	0,39**	-0,20**	-0,25**	0,13**	-0,21**	0,09**	-0,01	0,11**	-0,04**	-0,05**	0,000
y7	0,11**	0,05**	0,04**	0,02**	-0,03**	-0,06**	-0,02**	-0,11**	-0,06**	0,03**	0,000
x8	0,46**	0,23**	0,01*	-0,05**	-0,24**	-0,10**	0,09**	-0,34**	-0,14**	0,05**	0,000
y8	0,11**	0,06**	-0,03**	0,01	-0,06**	-0,01	-0,09**	-0,06**	0,11**	-0,07**	0,000
x9	0,34**	-0,16**	-0,09**	0,06**	-0,10**	-0,09**	0,02**	-0,01	-0,03**	0,00	0,000
y9	0,28**	0,10**	0,03**	0,10**	0,04**	0,02**	0,08**	-0,11**	-0,38**	-0,20**	0,000
x10	0,69**	-0,01	-0,22**	-0,10**	-0,09**	-0,15**	0,21**	-0,05**	-0,14**	-0,16**	0,000
y10	0,36**	0,20**	0,03**	0,04**	-0,09**	0,01*	0,17**	-0,25**	-0,14**	-0,36**	0,000

* %5 düzeyinde önemlilik, ** %1 düzeyinde önemlilik

Çizelge 4.16 Ortadoğu bal arısı alttürlerini ayırmada kullanılan landmark koordinat verisi için Moran's I katsayıları (devam)

Değişken	Uzaklık Sınıfları										P
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
x11	0,05**	0,01*	-0,01	0,00	0,04**	-0,02**	-0,06**	0,02**	0,01*	-0,09**	0,000
y11	0,13**	0,01*	-0,06**	0,01*	0,06**	0,02**	-0,12**	0,03**	-0,13**	0,01	0,000
x12	0,43**	0,13**	0,17**	-0,12**	-0,11**	-0,18**	-0,19**	-0,02**	-0,28**	0,14**	0,000
y12	0,65**	-0,14**	-0,08**	-0,14**	0,05**	-0,06**	-0,17**	-0,04**	-0,26**	0,13**	0,000
x13	0,27**	0,04**	-0,13**	0,02**	-0,10**	-0,11**	0,16**	-0,05**	-0,15**	0,02*	0,000
y13	0,33**	0,13**	0,04**	-0,01	0,15**	0,03**	-0,25**	-0,23**	-0,44**	0,21**	0,000
x14	0,17**	0,17**	0,08**	0,10**	0,05**	0,01**	-0,12**	-0,28**	-0,33**	0,11**	0,000
y14	0,41**	-0,05**	-0,03**	-0,01	-0,03**	0,09**	-0,13**	-0,02**	-0,04**	-0,23**	0,000
x15	0,33**	0,10**	0,13**	0,16**	-0,03**	0,10**	-0,09**	-0,09**	-0,02*	-0,63**	0,000
y15	0,42**	0,02**	0,07**	-0,07**	-0,03**	0,04**	0,03**	-0,17**	-0,10**	-0,26**	0,000
x16	0,57**	-0,10**	0,08**	-0,00	-0,12**	-0,13**	-0,06**	-0,07**	0,06**	-0,28**	0,000
y16	0,39**	0,11**	0,23**	0,14**	0,11**	-0,21**	-0,15**	-0,37**	-0,15**	-0,14**	0,000
x17	0,38**	-0,06**	-0,08**	-0,08**	0,06**	-0,05**	-0,07**	-0,05**	0,03**	-0,13**	0,000
y17	0,43**	0,01*	0,12**	0,08**	0,01	-0,37**	-0,10**	-0,17**	-0,20**	0,16**	0,000
x18	0,42**	0,12**	-0,10**	-0,08**	-0,16**	-0,06**	0,24**	-0,02*	-0,13**	-0,25**	0,000
y18	0,11**	0,03**	0,02**	0,16**	0,01*	0,01*	0,01**	-0,05**	-0,21**	-0,13**	0,000
x19	0,14**	0,01*	0,00	-0,01	-0,07**	-0,04**	0,04**	0,02**	0,03**	-0,16**	0,000
y19	0,09**	-0,01	0,05**	0,01**	0,04**	-0,14**	-0,02**	-0,05**	-0,03**	0,02	0,000
x20	0,22**	-0,04**	-0,02**	0,09**	-0,11**	0,10**	0,06**	-0,10**	-0,09**	-0,15**	0,000
y20	0,34**	0,27**	0,09**	0,01**	0,03**	-0,13**	-0,13**	-0,40**	-0,19**	0,07**	0,000

* %5 düzeyinde önemlilik, ** %1 düzeyinde önemlilik

4.2 Outline Metodu-Eliptik Fourier Analizi ile Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi

Outline metodu kullanılarak kanat hücrelerindeki şekilsel farklılıklar EFA ile ortaya çıkarılmıştır. Alttürlerin ve *A. m. meda* populasyonlarının hücrelerdeki şekilsel farklılıklara göre nasıl dağıldığını görmek için EFA'dan elde edilen fourier katsayılarını oluşturan harmonik değerleri kullanılarak DFA yapılmıştır. Bu şekilde alttürler veya populasyonlar arasında her bir hücredeki şekilsel farklılığın alttür veya populasyonları nasıl ayırdığı değerlendirilmiştir. Şekilsel analizi yapılan hücrelerden hangi hücrenin grupları daha iyi ayırt ettiği belirlenmiştir. Ayrıca en iyi ayırt edici hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA'da alttürlerin veya populasyonların dağılımı değerlendirilmiştir. Fourier analizi ile elde edilen hücrelerin alan (area) değerleri kullanılarak toplam hücre alanlarının büyüklükleri ile alttürlerin ekolojik olarak dağılımı arasındaki ilişki incelenmiştir.

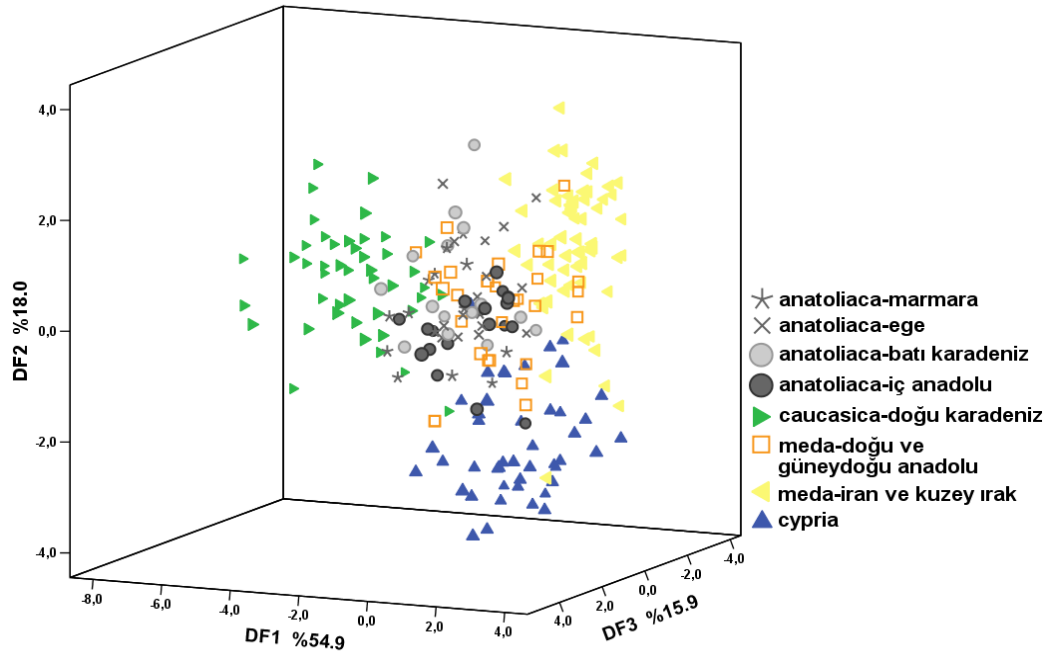
4.2.1 Ortadoğu bal arısı alttürlerinin kanat hücrelerinde şekil analizi

Ön kanat üzerindeki her bir hücrenin şekilsel farklılığına bağlı olarak Outline metodu-EFA ile DFA'da, Ortadoğu bal arısı alttürlerinin dağılımları değerlendirilmiştir. Kanat üzerindeki her bir hücrenin, Ortadoğu alttürleri arasındaki şekilsel farklılığını ortaya çıkartmak için yapılan DFA'da en iyi ayırt edici hücrelerin 2. submarginal hücre, 3. submarginal hücre ve 2. kübital hücre olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.18). Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları, bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA'da yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%90,6) (Çizelge 4.24).

4.2.1.1 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. pomonella*'ya ait bu hücrenin fotoğrafları olmadığı için *A. m. pomonella* alttürü analiz dışında tutulmuştur. Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %54,9'unu, %18,0'ini ve %15,9'unu açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 7 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. Marginal hücrenin

şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.11). *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. anatoliaca*'nın grupları ayrı birer küme gibi görülmektedir. *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubu ayrı bir küme oluşturmuştur. Fakat Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubuna ait koloniler, *A. m. anatoliaca* grupları, *A. m. cypria* kolonileri ve İran ve Kuzey Irak grubu arasında dağılmış durumdadır. Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%80,4). *A. m. caucasica*'ya ait koloniler %97,8, *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %93,3, *A. m. cypria*'ya ait koloniler %88,9 olarak kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m. anatoliaca*'nın farklı gruplarına ait koloniler birbirleri içerisinde yer almıştır. *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubu ise, *A. m. anatoliaca* grupları ve *A. m. cypria* kolonileri içerisine kaymıştır (Çizelge 4.17). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %75,1'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



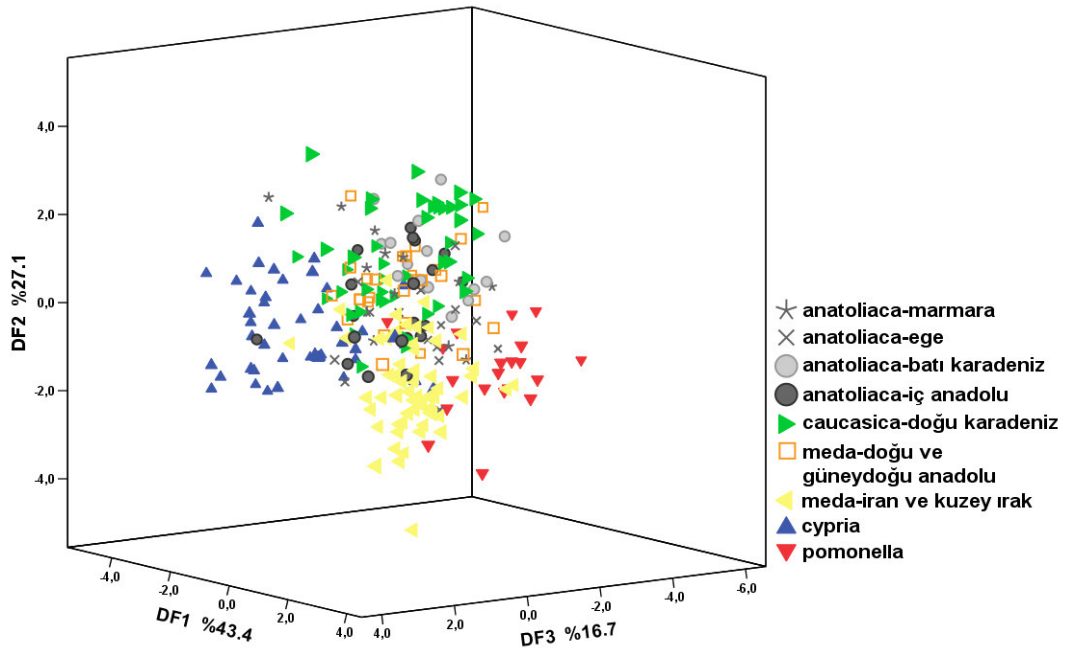
Şekil 4.11 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.17 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	10 (66,7)	2 (13,3)	2 (13,3)	-	-	-	-	1 (6,7)
<i>anatoliaca</i> ege	15	2 (13,3)	6 (40,0)	1 (6,7)	4 (26,7)	-	1 (6,7)	1 (6,7)	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	-	1 (6,7)	9 (60,0)	-	-	4 (26,7)	1 (6,7)	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	2 (10,0)	2 (10,0)	-	13 (65,0)	-	2 (10,0)	-	1 (5,0)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	-	-	-	-	44 (97,8)	-	-	1 (2,2)
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	1 (3,3)	1 (3,3)	3 (10,0)	-	-	19 (63,3)	5 (16,7)	1 (3,3)
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	-	-	56 (93,3)	4 (6,7)
<i>cypria</i>	45	-	1 (2,2)	-	1 (2,2)	-	1 (2,2)	2 (4,4)	40 (88,9)

4.2.1.2 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %43,4'ünü, %27,1'ini ve %16,7'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayırışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 1. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.12). *A. m. pomonella*, *A. m. cypria* ve *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler ayrı birer küme gibi görülmektedir, diğer alttür grupları tam olarak ayrılmamıştır. 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları düşük bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%67,5). *A. m. pomonella*'ya ait koloniler (%90), *A. m. cypria*'ya ait koloniler (%86,7) ve *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler (%85), yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır. Diğer alttür grupları birbirleri içerisinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.18). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %63'ü doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



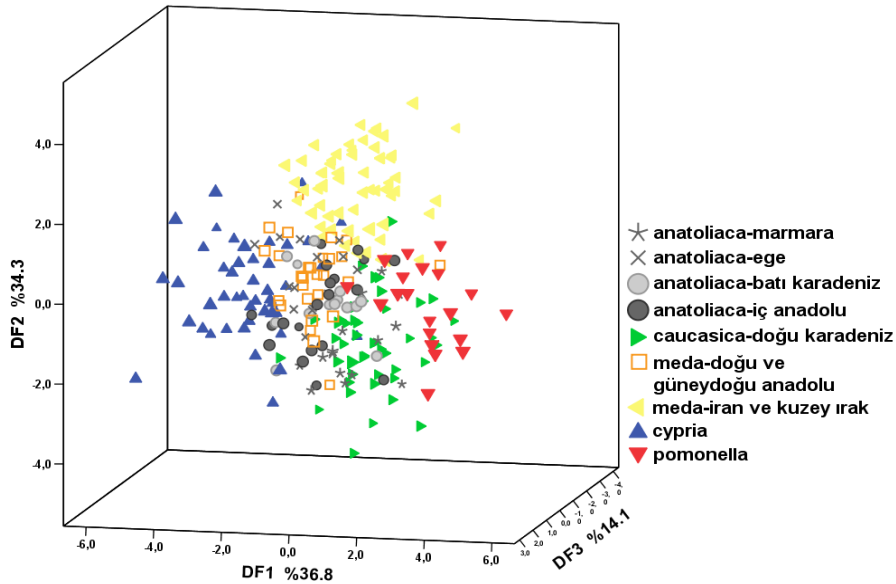
Şekil 4.12 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.18 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	7 (46,7)	-	-	2 (13,3)	1 (6,7)	2 (13,3)	3 (20,0)	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	-	5 (33,3)	-	2 (13,3)	2 (13,3)	1 (6,7)	3 (20,0)	-	2 (13,3)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	2 (13,3)	-	6 (40,0)	2 (13,3)	2 (13,3)	3 (20,0)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	1 (5,0)	-	4 (20,0)	8 (40,0)	1 (5,0)	2 (10,0)	3 (15,0)	1 (5,0)	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	3 (6,7)	-	-	7 (15,6)	27 (60,0)	2 (4,4)	4 (8,9)	2 (4,4)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	2 (6,7)	2 (6,7)	1 (3,3)	1 (3,3)	1 (3,3)	18 (60,0)	2 (6,7)	1 (3,3)	2 (6,7)
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	1 (1,7)	3 (5,0)	2 (3,3)	1 (1,7)	51 (85,0)	1 (1,7)	1 (1,7)
<i>cypria</i>	45	1 (2,2)	-	-	-	-	1 (2,2)	1 (2,2)	39 (86,7)	3 (6,7)
<i>pomonella</i>	20	-	-	-	-	-	-	1 (5,0)	1 (5,0)	18 (90,0)

4.2.1.3 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %36,8'ini, %34,3'ünü ve %14,1'ini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.13). Fakat *A. m. pomonella*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler ayrı birer küme gibi görülmektedir. Diğer alttür grupları tam olarak ayrılmamıştır. 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%79,6). *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %96,7, *A. m. pomonella*'ya ait koloniler %95, *A. m. caucasica*'ya ait koloniler %84,4 ve *A. m. cypria*'ya ait koloniler %80 olarak kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler ile *A. m. anatoliaca*'nın farklı grupları %75'den daha düşük bir olasılıkla kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.19). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait gruplar %71,7 olarak doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



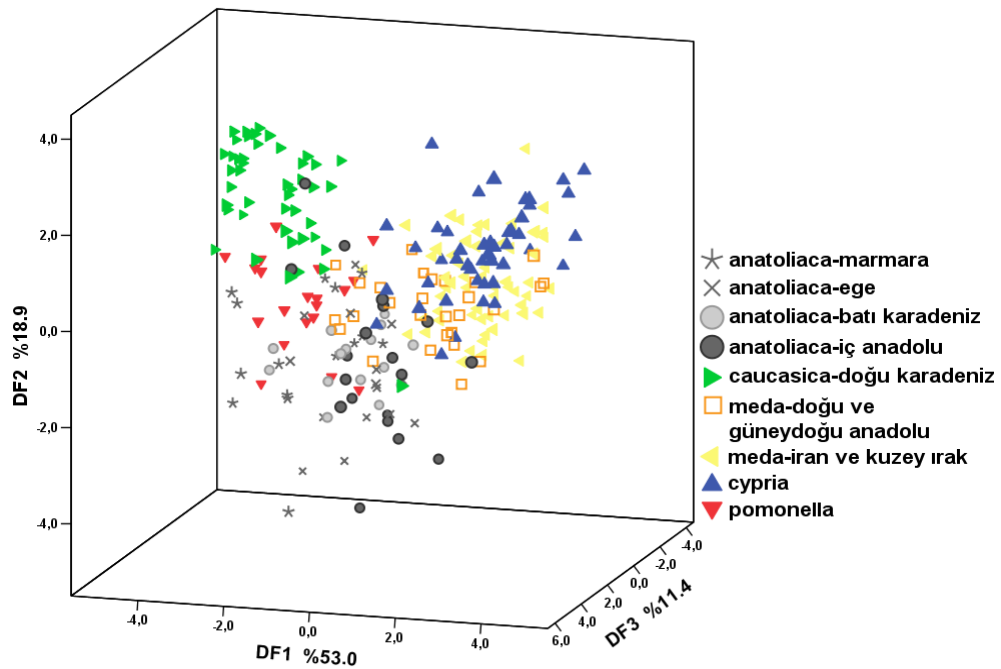
Şekil 4.13 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.19 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	11 (73,3)	-	-	-	2 (13,3)	2 (13,3)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	-	11 (73,3)	1 (6,7)	1 (6,7)	-	1 (6,7)	-	1 (6,7)	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	-	-	10 (66,7)	3 (20,0)	-	1 (6,7)	-	1 (6,7)	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	1 (5,0)	1 (5,0)	-	6 (30,0)	3 (15,0)	4 (20,0)	2 (10,0)	2 (10,0)	1 (5,0)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	1 (2,2)	-	1 (2,2)	2 (4,4)	38 (84,4)	-	2 (4,4)	1 (2,2)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	1 (3,3)	-	2 (6,7)	1 (3,3)	22 (73,3)	1 (3,3)	3 (10,0)	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	1 (1,7)	1 (1,7)	58 (96,7)	-	-
<i>cypria</i>	45	-	2 (4,4)	1 (2,2)	-	1 (2,2)	2 (4,4)	3 (6,7)	36 (80,0)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	1 (5,0)	-	-	-	-	-	19 (95,0)

4.2.1.4 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %53'ünü, %18,9'unu ve %11,4'ünü açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 3. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.14). 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%79,6). *A. m. caucasica*'ya ait koloniler %93,3, *A. m. pomonella*'ya ait koloniler %90, *A. m. anatoliaca*'nın Marmara grubuna ait koloniler %86,7, *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %85 ve *A. m. cypria*'ya ait koloniler %75,6 olarak kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler ile *A. m. anatoliaca*'nın grupları %75'den daha düşük bir olasılıkla kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.20). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %70,2'si doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



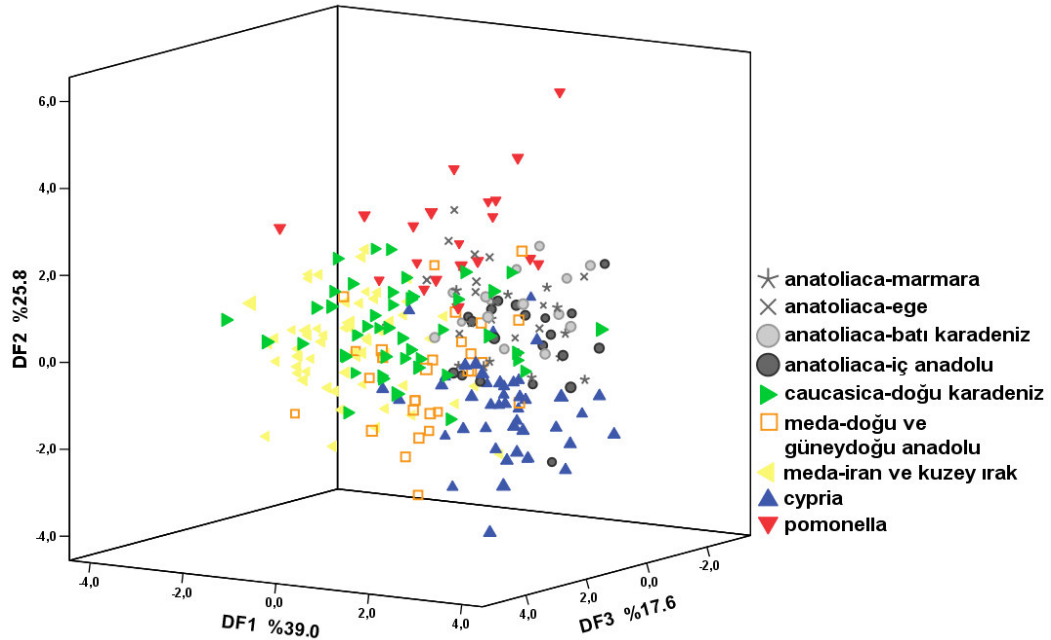
Şekil 4.14 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.20 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	13 (86,7)	-	-	1 (6,7)	-	1 (6,7)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	1 (6,7)	9 (60,0)	1 (6,7)	3 (20,0)	1 (6,7)	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	-	-	11 (73,3)	2 (13,3)	-	1 (6,7)	-	-	1 (6,7)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	-	-	2 (10,0)	13 (65,0)	2 (10,0)	2 (10,0)	-	1 (5,0)	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	2 (4,4)	-	-	1 (2,2)	42 (93,3)	-	-	-	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	1 (3,3)	2 (6,7)	-	-	20 (66,7)	5 (16,7)	2 (6,7)	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	-	6 (10,0)	51 (85,0)	2 (3,3)	1 (1,7)
<i>cypria</i>	45	-	-	-	1 (2,2)	-	5 (11,1)	5 (11,1)	34 (75,6)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	-	-	2 (10,0)	-	-	-	18 (90,0)

4.2.1.5 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %39'unu, %25,8'ini ve %17,6'sını açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 1. Medial hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.15). DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları %72,8 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %90, *A. m. caucasica*'ya ait koloniler %82,2, *A. m. pomonella*'ya ait koloniler %80 ve *A. m. cypria*'ya ait koloniler %77,8 olarak kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler ile *A. m. anatoliaca*'nın gruplarına ait koloniler düşük bir olasılıkla kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.21). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %64,5'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



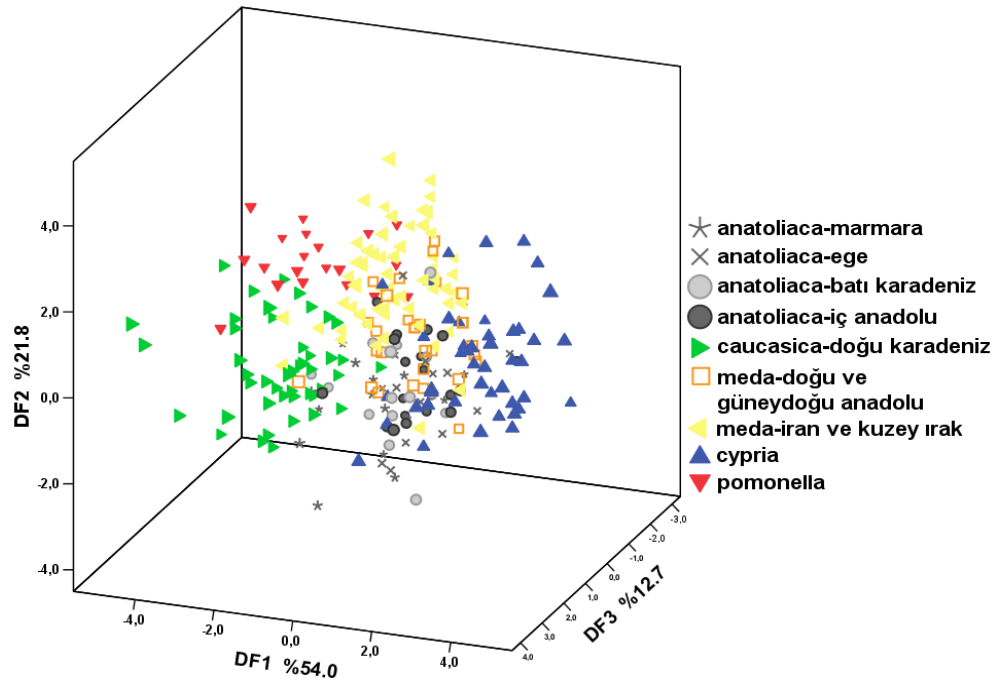
Şekil 4.15 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.21 1. Medial hücrenin hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	8 (53,3)	1 (6,7)	-	1 (6,7)	1 (6,7)	1 (6,7)	-	3 (20,0)	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	3 (20,0)	8 (53,3)	1 (6,7)	1 (6,7)	1 (6,7)	-	-	-	1 (6,7)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	-	-	10 (66,7)	1 (6,7)	1 (6,7)	2 (13,3)	1 (6,7)	-	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	1 (5,0)	-	2 (10,0)	12 (60,0)	-	1 (5,0)	-	4 (20,0)	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	1 (2,2)	-	2 (4,4)	-	37 (82,2)	-	2 (4,4)	2 (4,4)	1 (2,2)
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	-	2 (6,7)	1 (3,3)	3 (10,0)	13 (43,3)	7 (23,3)	4 (13,3)	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	3 (5,0)	1 (1,7)	54 (90,0)	1 (1,7)	1 (1,7)
<i>cypria</i>	45	-	-	2 (4,4)	-	3 (6,7)	3 (6,7)	2 (4,4)	35 (77,8)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	1 (5,0)	-	1 (5,0)	-	2 (10,0)	-	16 (80,0)

4.2.1.6 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %54,0'ını, %21,8'ini ve %12,7'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Medial hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.16). 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları %71,3 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. *A. m. caucasica*'ya ait koloniler %95,6, *A. m. pomonella*'ya ait koloniler %85, *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %83,3 ve *A. m. cypria*'ya ait koloniler %75,6 olarak kendi grupları içerisinde yer alırken *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler ile *A. m. anatoliaca*'nın gruplarına ait koloniler düşük bir olasılıkla kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.22). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait gruplar %64,5 olarak doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



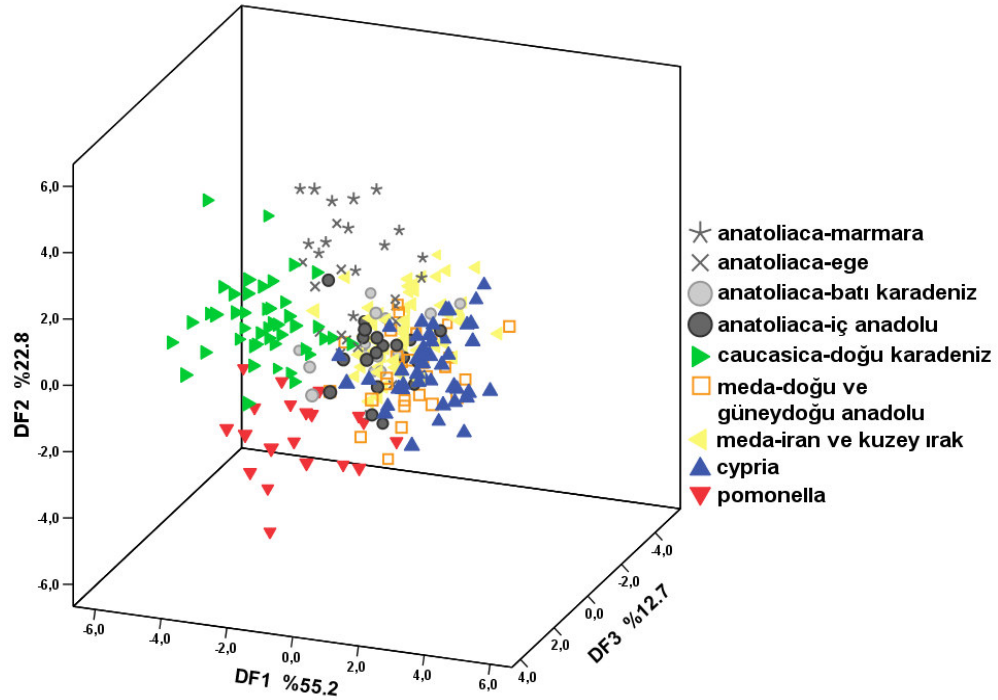
Şekil 4.16 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.22 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	9 (60,0)	1 (6,7)	1 (6,7)	2 (13,3)	2 (13,3)	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	2 (13,3)	8 (53,3)	1 (6,7)	-	-	-	2 (13,3)	2 (13,3)	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	2 (13,3)	2 (13,3)	5 (33,3)	2 (13,3)	1 (6,7)	-	2 (13,3)	1 (6,7)	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	1 (5,0)	-	2 (10,0)	10 (50,0)	1 (5,0)	2 (10,0)	2 (10,0)	2 (10,0)	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	-	-	-	1 (2,2)	43 (95,6)	-	1 (2,2)	-	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	2 (6,7)	2 (6,7)	1 (3,3)	1 (3,3)	1 (3,3)	13 (43,3)	5 (16,7)	5 (16,7)	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	2 (3,3)	3 (5,0)	1 (1,7)	50 (83,3)	2 (3,3)	2 (3,3)
<i>cypria</i>	45	-	-	3 (6,7)	1 (2,2)	-	5 (11,1)	2 (4,4)	34 (75,6)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	-	-	2 (10,0)	1 (5,0)	-	-	17 (85,0)

4.2.1.7 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %55,2'sini, %22,8'ini ve %12,7'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Kübital hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, *A. m. caucasica*, *A. m. pomonella* ve *A. m. anatoliaca*'nın Marmara grubu ayrı birer küme gibi görülmektedir. Diğer alttür grupları tek bir küme oluşturmuştur (Şekil 4.17). DFA'da Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları % 73,6 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. *A. m. caucasica*'ya ve *A. m. cypria*'ya ait koloniler %88,9, *A. m. pomonella*'ya ait koloniler %85, *A. m. anatoliaca*'nın Marmara grubu ve *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %80 kendi orijinal grubunda yer alırken diğer alttür grupları %70'den daha düşük bir olasılıkla kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.23). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait gruplar %64,2 olarak doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



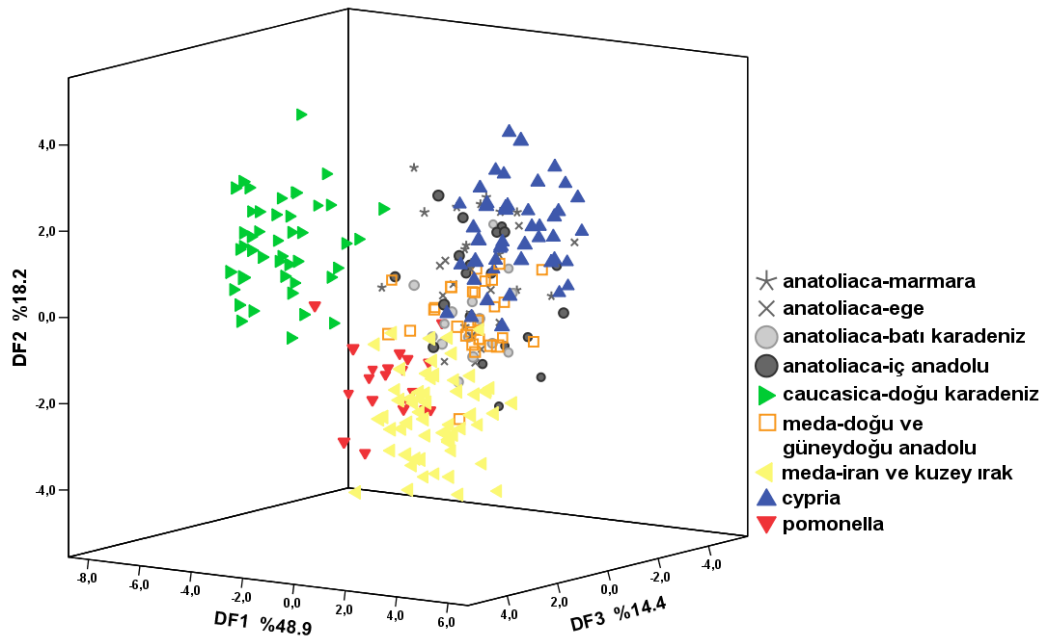
Şekil 4.17 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.23 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	12 (80,0)	-	1 (6,7)	-	-	-	2 (13,3)	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	2 (13,0)	8 (53,3)	-	1 (6,7)	1 (6,7)	1 (6,7)	2 (13,3)	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	-	3 (20,0)	4 (26,7)	-	1 (6,7)	1 (6,7)	6 (40,0)	-	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	-	-	-	14 (70,0)	-	1 (5,0)	4 (20,0)	1 (5,0)	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	-	2 (4,4)	1 (2,2)	-	40 (88,9)	-	1 (2,2)	-	1 (2,2)
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	-	2 (6,7)	-	-	12 (40,0)	13 (43,3)	3 (10,0)	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	1 (1,7)	-	-	1 (1,7)	6 (10,0)	48 (80,0)	4 (6,7)	-
<i>cypria</i>	45	-	1 (2,2)	-	3 (6,7)	-	-	1 (2,2)	40 (88,9)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	-	-	1 (5,0)	2 (10,0)	-	-	17 (85,0)

4.2.1.8 2. Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonuna bağlı olarak şekil analizi

Ortadoğu bal arısı alttürlerinin dağılımları, kanat üzerindeki her bir hücrenin şekilsel farklılığına bağlı olarak Outline metodu-EFA ile DFA’da değerlendirilmiş ve şekilsel farklılığı ortaya çıkartmak için yapılan DFA’da en iyi ayırt edici hücrelerin 2. submarginal hücre, 3. submarginal hücre ve 2. kübital hücre olduğu tespit edilmiştir. Bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA ile Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı gruplarının dağılımı değerlendirilmiştir. Bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %48,9’unu, %18,2’sini ve %14,4’ünü açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 8 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları beş ayrı grup oluşturacak şekilde kümelenmiştir. (Şekil 4.18).



Şekil 4.18 2. Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin üç boyutlu dağılım grafiği

A. m. caucasica, *A. m. cypria*, *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler ve *A. m. pomonella* ayrı bir grup oluşturmuştur. *A. m. anatoliaca*'nın farklı gruplarına ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubuna ait koloniler ise tek bir küme halinde ayrı bir grup oluşturmuştur. Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%90,6). *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. pomonella* ve *A. m. anatoliaca*'nın Marmara ile *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %90'ın üzerinde, *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler %80'in üzerinde kendi grupları içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.24). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %85,7'si doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır. Alttürlerle ait grupların sınıflandırma sonuçlarında olduğu gibi *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. pomonella*'ya ait koloniler, *A. m. anatoliaca*'nın Marmara grubuna ve *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler %90'ın üzerinde olarak doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.25).

4.2.2 Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin kanat hücrelerinde şekil analizi

Ön kanat üzerindeki her bir hücrenin şekilsel farklılığına bağlı olarak Outline metodu-EFA ile DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin dağılımları değerlendirilmiştir. Kanat üzerindeki her bir hücrenin Türkiye alttürleri arasındaki şekilsel farklılığını ortaya çıkartmak için yapılan DFA'da en iyi ayırt edici hücrelerin 3. submarginal hücre, 1. medial hücre ve 2. submarginal hücre olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.26). Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları, bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA'da yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%87,5) (Çizelge 4.33).

Çizelge 4.24 2. Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin sınıflandırma sonuçları

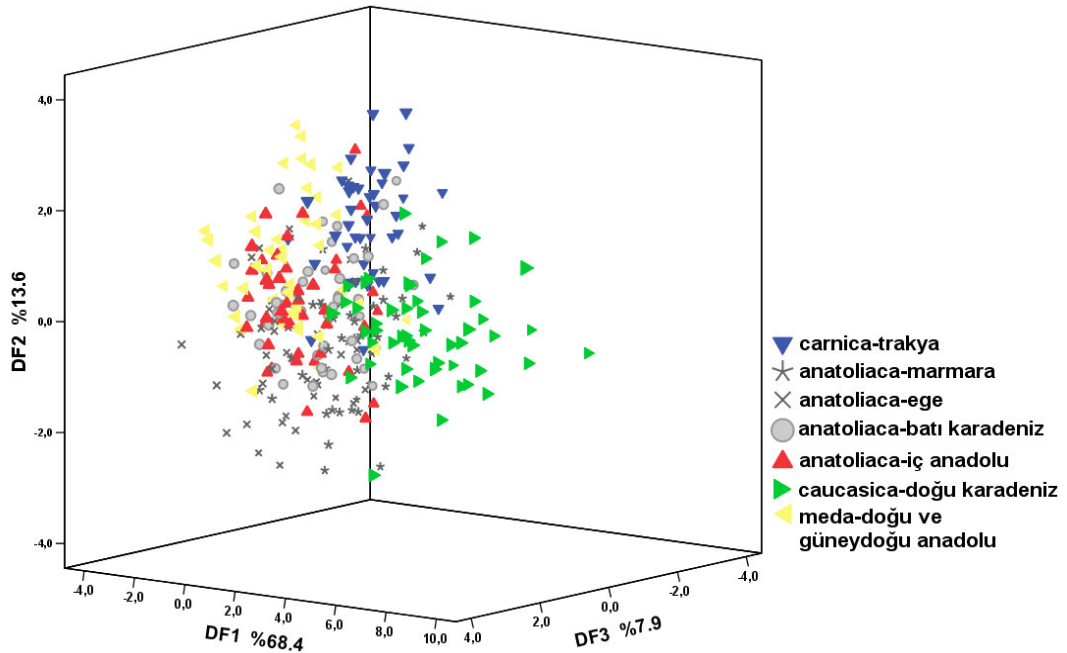
Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	14 (93,3)	-	1 (6,7)	-	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	-	10 (66,7)	2 (13,3)	1 (6,7)	-	2 (13,3)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	-	1 (6,7)	11 (73,3)	2 (13,3)	-	1 (6,7)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	-	-	1 (5,0)	16 (80,0)	-	3 (15,0)	-	-	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	-	1 (2,2)	-	-	44(97,8)	-	-	-	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	-	2 (6,7)	1 (3,3)	-	25 (83,3)	1 (3,3)	1 (3,3)	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	-	1 (1,7)	59 (98,3)	-	-
<i>cypria</i>	45	-	1 (2,2)	-	1 (2,2)	-	-	1 (2,2)	42 (93,3)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	1 (5,0)	-	-	-	-	-	19 (95,0)

Çizelge 4.25 2 Submarginal, 3. submarginal ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Ortadoğu alttürlerinin Çapraz Doğrulama testi sonuçları

Alttür	N	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	<i>meda</i> iran-kuzey irak	<i>cypria</i>	<i>pomonella</i>
<i>anatoliaca</i> marmara	15	14 (93,3)	-	1 (6,7)	-	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	15	-	8 (53,3)	2 (13,3)	2 (13,3)	-	3 (20,0)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	15	-	1 (6,7)	10 (66,7)	3 (20,0)	-	1 (6,7)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	20	-	1 (5,0)	1 (5,0)	13 (65,0)	1 (5,0)	4 (20,0)	-	-	-
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	45	-	1 (2,2)	-	-	44(97,8)	-	-	-	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	30	-	1 (3,3)	4 (13,3)	2 (6,7)	-	19 (63,3)	2 (6,7)	2 (6,7)	-
<i>meda</i> iran-kuzey irak	60	-	-	-	-	-	1 (1,7)	59 (98,3)	-	-
<i>cypria</i>	45	-	1 (2,2)	-	1 (2,2)	-	1 (2,2)	1 (2,2)	41 (91,1)	-
<i>pomonella</i>	20	-	-	1 (5,0)	-	-	-	-	-	19 (95,0)

4.2.2.1 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %68,4'ünü, %13,6'sını ve %7,9'unu açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. Marginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.19). *A. m. caucasica* ve *A. m. carnica*'ya ait koloniler ayrı birer küme gibi görülmektedir, diğer alttür grupları tam olarak ayrılmamıştır. Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları düşük bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%62,8). Sadece *A. m. caucasica* (%94) ve *A. m. carnica*'ya (%77,8) ait koloniler, yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır. Diğer alttür grupları birbirleri içerisinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.26). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait gruplar düşük bir doğrulukla (%58,8) sınıflandırılmıştır.



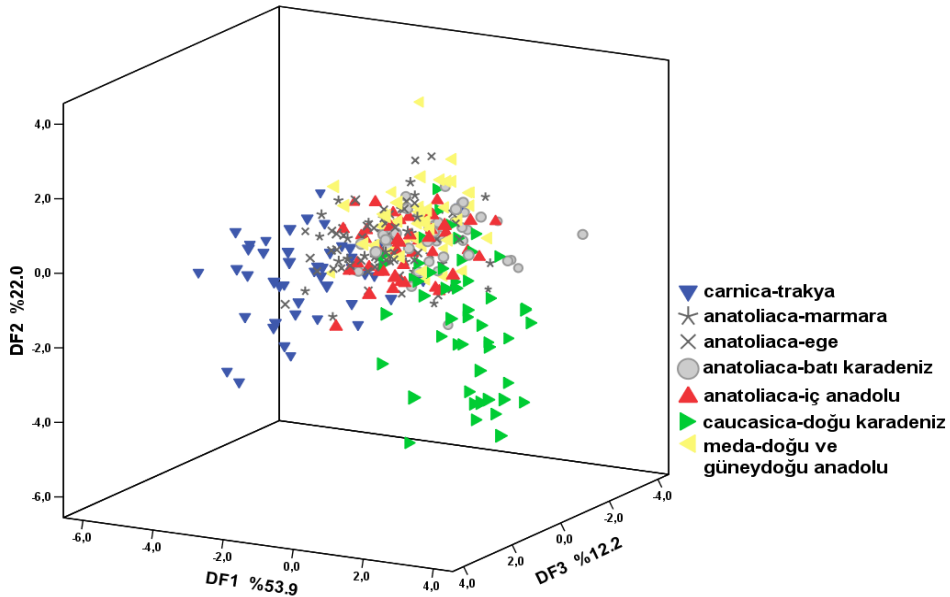
Şekil 4.19 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.26 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	35 (77,8)	3 (6,7)	-	4 (8,9)	1 (2,2)	-	2 (4,4)
<i>anatoliaca</i> marmara	45	5 (11,1)	26(57,8)	3 (6,7)	8 (17,8)	1 (2,2)	1 (2,2)	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> ege	45	2 (4,4)	6 (13,3)	28 (62,2)	2 (4,4)	5 (11,1)	-	2 (4,4)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	5 (11,1)	5 (11,1)	8 (17,8)	21 (46,7)	3 (6,7)	-	3 (6,7)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	4 (8,9)	10 (22,2)	6 (13,3)	5 (11,1)	16 (35,6)	-	4 (8,9)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	1 (2,0)	1 (2,0)	-	1 (2,0)	-	47 (94,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	1 (2,2)	2 (4,4)	2 (4,4)	5 (11,1)	6 (13,3)	1 (2,2)	28 (62,2)

4.2.2.2 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %53,9'unu, %22,0'sini ve %12,2'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayırışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 1. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.20). Sadece *A. m. caucasica* ve *A. m. carnica*'ya ait koloniler ayrı birer küme oluşturmaktadır, *A. m. anatoliaca*'nın farklı grupları ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler birlikte kümelenmiştir. 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları düşük bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%58,1). *A. m. carnica*'ya ait koloniler (%82,2), *A. m. anatoliaca*'nın Ege grubuna ait koloniler (%71,1) ve *A. m. caucasica*'ya ait koloniler (%68) yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır. Diğer alttür grupları birbirleri içerisinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.27). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait gruplar çok düşük bir doğrulukla (%50,9) sınıflandırılmıştır.



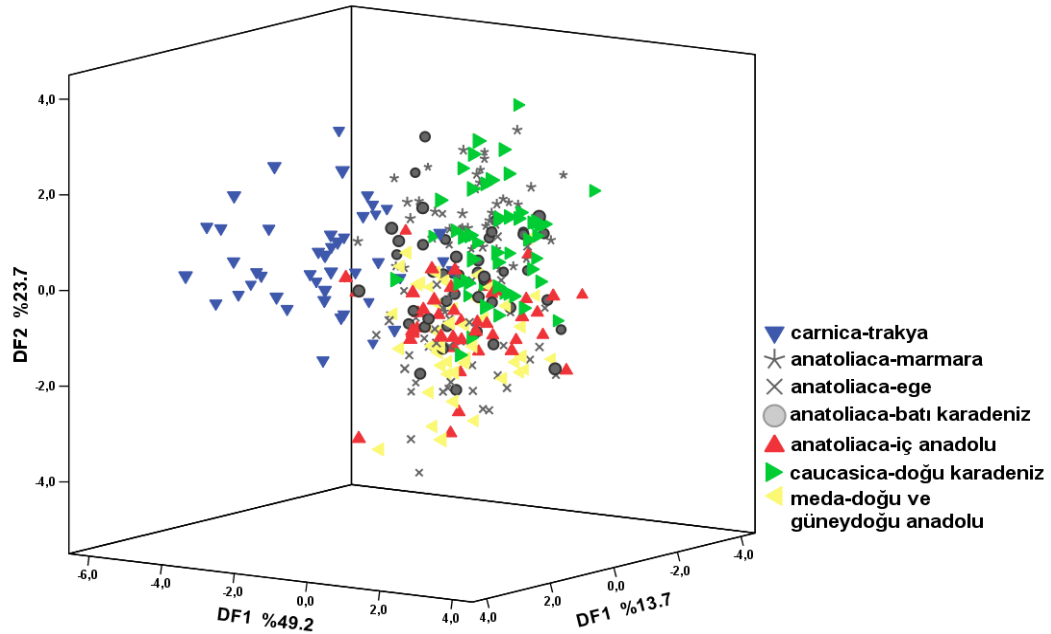
Şekil 4.20 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.27 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	37 (82,2)	6 (13,3)	-	-	1 (2,2)	-	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> marmara	45	4 (8,9)	23 (51,1)	6 (13,3)	7 (15,6)	3 (6,7)	-	2 (4,4)
<i>anatoliaca</i> ege	45	2 (4,4)	3 (6,7)	32 (71,1)	1 (2,2)	1 (2,2)	1 (2,2)	5 (11,1)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	2 (4,4)	5 (11,1)	3 (6,7)	18 (40,0)	9 (20,0)	3 (6,7)	5 (11,1)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	2 (4,4)	4 (8,9)	10 (22,2)	8 (17,8)	18 (40,0)	-	3 (6,7)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	1 (2,0)	-	3 (6,0)	7 (14,0)	34 (68,0)	5 (10,0)
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	1 (2,2)	1 (2,2)	6 (13,3)	8 (17,8)	5 (11,1)	-	24 (53,3)

4.2.2.3 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %49,2'sini, %23,7'sini ve %13,7'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayırışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.21). Sadece *A. m. carnica*'ya ait koloniler ayrı birer küme oluşturmıştır. 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları %66,6 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. *A. m. carnica*'ya ait koloniler (%88,9), *A. m. anatoliaca*'nın Marmara grubuna ait koloniler (%80) ve *A. m. caucasica*'ya ait koloniler (%78) yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır. Diğer alttür grupları birbirleri içerisinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.28). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait grupların %60'ı doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



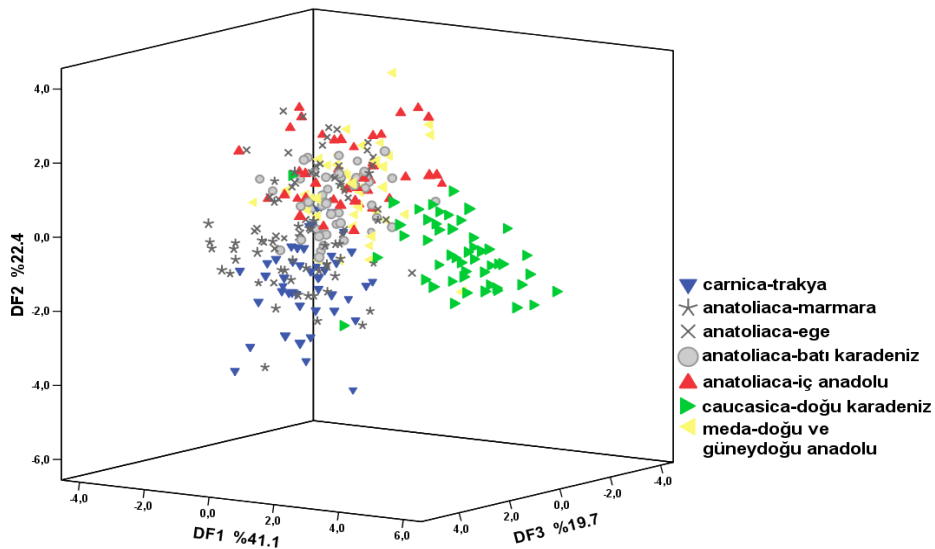
Şekil 4.21 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu analizi dağılım grafiği

Çizelge 4.28 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	40 (88,9)	-	3 (6,7)	-	1 (2,2)	1 (2,2)	-
<i>anatoliaca</i> marmara	45	1 (2,2)	36 (80,0)	2 (4,4)	4 (8,9)	1 (2,2)	1 (2,2)	-
<i>anatoliaca</i> ege	45	1 (2,2)	1 (2,2)	24 (53,3)	3 (6,7)	10 (22,2)	2 (4,4)	4 (8,9)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	1 (2,2)	5 (11,1)	2 (4,4)	27 (60,0)	7 (15,6)	2 (4,4)	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	2 (4,4)	1 (2,2)	4 (8,9)	5 (11,1)	20 (44,4)	3 (6,7)	10 (22,2)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	2 (4,0)	-	2 (4,0)	5 (10,0)	39 (78,0)	2 (4,0)
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	-	2 (4,4)	4 (8,9)	4 (8,9)	8 (17,8)	-	27 (60,0)

4.2.2.4 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %41,1'ini, %22,4'ünü ve %19,7'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayırışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 3. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, üç küme görülmektedir (Şekil 4.22). *A. m. caucasica* ayrı bir grup oluşturmuştur. *A. m. carnica*'ya ve *A. m. anatoliaca*'nın Marmara grubuna ait koloniler ayrı bir grup oluşturmuştur. *A. m. anatoliaca*'nın diğer alttür grupları ile *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler diğer grubu oluşturmuştur. 3. Submarginal hücrenin DFA'sında Türkiye bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları %72,5 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. 3. Submarginal hücre alttür gruplarını en yüksek doğruluk ile kendi orijinal grubu içerisine yerleştiren hücredir. *A. m. caucasica*'ya ait koloniler (%92), *A. m. carnica*'ya ait koloniler (%91,1), *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler (%73,3), *A. m. anatoliaca*'nın Marmara ve Batı Karadeniz grubuna ait koloniler (%71,1) yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır (Çizelge 4.29). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait grupların %64,4'ü doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



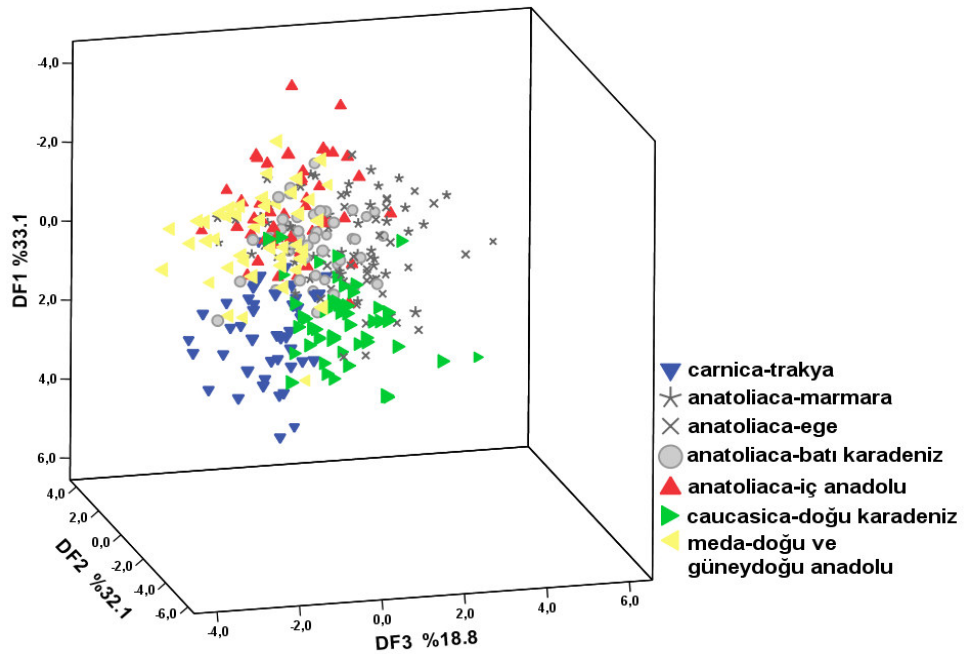
Şekil 4.22 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.29 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	41 (91,1)	1 (2,2)	-	3 (6,7)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> marmara	45	2 (4,4)	32 (71,1)	8 (17,8)	-	-	-	3 (6,7)
<i>anatoliaca</i> ege	45	1 (2,2)	2 (4,4)	26 (57,8)	9 (20,0)	5 (11,1)	1 (2,2)	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	1 (2,2)	3 (6,7)	2 (4,4)	32 (71,1)	5 (11,1)	2 (4,4)	-
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	-	1 (2,2)	2 (4,4)	8 (17,8)	22 (48,9)	1 (2,2)	11 (24,4)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	1(2,0)	-	1 (2,0)	2 (4,0)	-	46 (92,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	-	-	5 (11,1)	-	6 (13,3)	1 (2,2)	33 (73,3)

4.2.2.5 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %33,1'ini, %32,1'ini ve %18,8'ini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 1. Medial hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.23). Sadece *A. m. caucasica* ve *A. m. carnica*'ya ait koloniler ayrı birer küme gibi görülmektedir, diğer alttür grupları tam olarak ayrılmamıştır. 1. Medial hücrenin DFA'sında Türkiye bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları %68,8 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. *A. m. carnica*'ya ait koloniler (%86,7), *A. m. caucasica*'ya ait koloniler (%84), *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler (%80,0) *A. m. anatoliaca*'nın İç Anadolu grubuna ait koloniler (%68,9) yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır (Çizelge 4.30). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait grupların %62,8'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



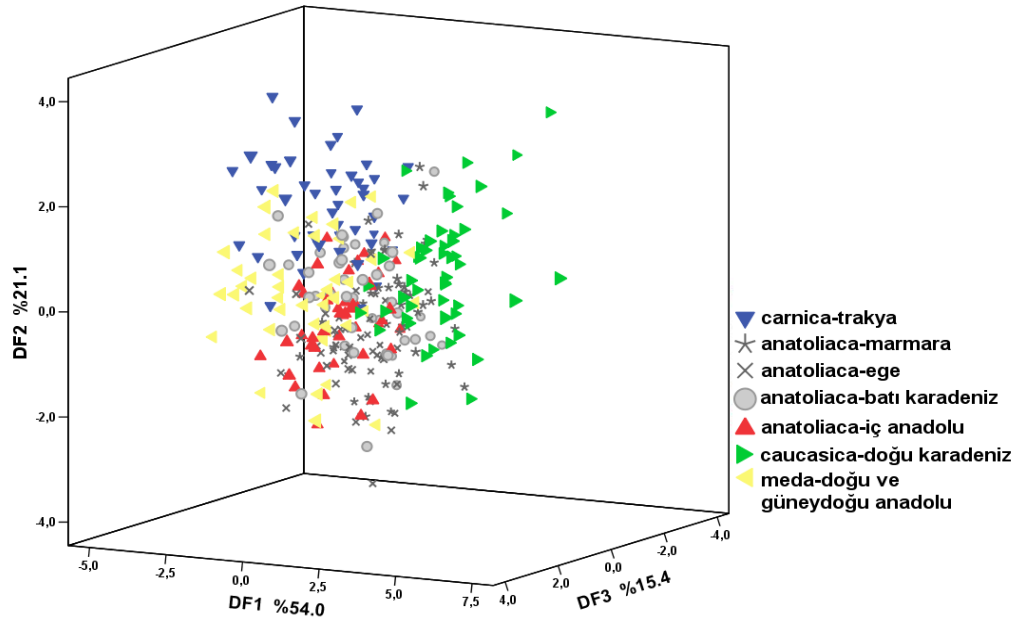
Şekil 4.23 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.30 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

fAlttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	39 (86,7)	1 (2,2)	-	4 (8,9)	-	1 (2,2)	-
<i>anatoliaca</i> marmara	45	2 (4,4)	26 (57,8)	4 (8,9)	2 (4,4)	5 (11,1)	2 (4,4)	4 (8,9)
<i>anatoliaca</i> ege	45	-	8 (17,8)	28 (62,2)	5 (11,1)	1 (2,2)	3 (6,7)	-
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	1 (2,2)	4 (8,9)	9 (20,0)	18 (40,0)	6 (13,3)	3 (6,7)	4 (8,9)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	2 (4,4)	3 (6,7)	3 (6,7)	5 (11,1)	31 (68,9)	-	1 (2,2)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	1 (2,0)	2 (4,0)	2 (4,0)	1 (2,0)	42 (84,0)	2 (4,0)
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	3 (6,7)	-	-	4 (8,9)	1 (2,2)	1 (2,2)	36 (80,0)

4.2.2.6 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %54,0'ünü, %21,1'ini ve %15,4'ünü açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayırışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Medial hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.24). *A. m. caucasica* ve *A. m. carnica*'ya ait koloniler ayrı birer küme gibi görülmektedir, diğer alttür grupları tam olarak ayrılmamıştır. 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları düşük bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%63,1). *A. m. caucasica*'ya ait koloniler (%88), *A. m. carnica*'ya ait koloniler (%75,6) ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler (%71,1) yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır. Diğer alttür grupları birbirleri içerisinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.31). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait gruplar düşük bir doğrulukla (%55,6) sınıflandırılmıştır.



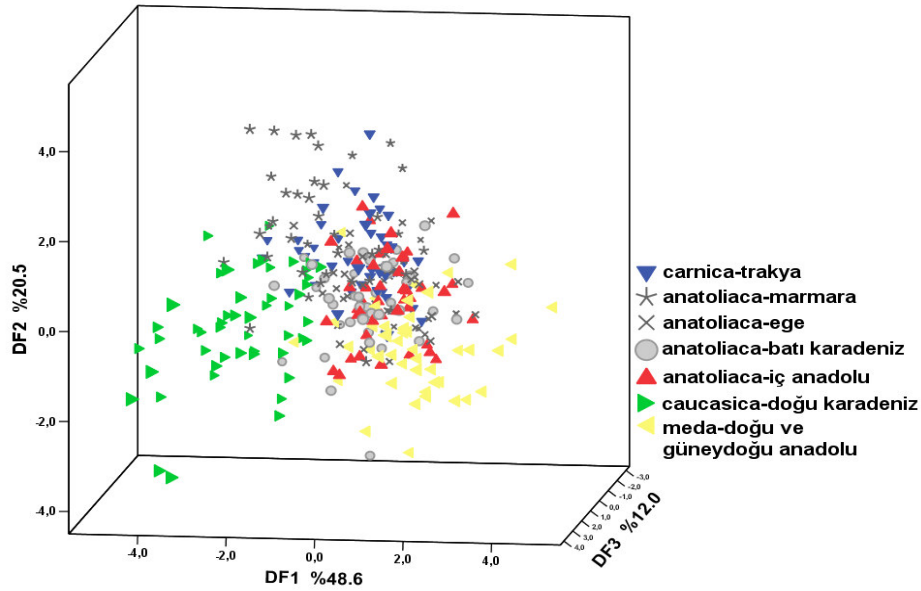
Şekil 4.24 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.31 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	34 (75,6)	3 (6,7)	1 (2,2)	2 (4,4)	3 (6,7)	-	2 (4,4)
<i>anatoliaca</i> marmara	45	-	27 (60,0)	7 (15,6)	6 (13,3)	2 (4,4)	3 (6,7)	-
<i>anatoliaca</i> ege	45	1 (2,2)	5 (11,1)	29 (64,4)	2 (4,4)	4 (8,9)	-	4 (8,9)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	2 (4,4)	12 (26,7)	5 (11,1)	11 (24,4)	5 (11,1)	2 (4,4)	8 (17,8)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	2 (4,4)	1 (2,2)	3 (6,7)	9 (20,0)	25 (55,6)	1 (2,2)	4 (8,9)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	3 (6,0)	-	2 (4,0)	1 (2,0)	44 (88,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	1 (2,2)	-	5 (11,1)	2 (4,4)	3 (6,7)	2 (4,4)	32 (71,1)

4.2.2.7 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %48,6'sını, %20,5'ini ve %12,0'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayırışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Kübital hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları tam olarak birbirlerinden ayrı kümeler oluşturmamıştır (Şekil 4.25). Sadece *A. m. caucasica* ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler ayrı birer küme gibi görülmektedir, diğer alttür grupları tam olarak ayrılmamıştır. 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları düşük bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%63,4). *A. m. caucasica*'ya ait koloniler (%82), *A. m. anatoliaca*'nın İç Anadolu grubuna ait koloniler (%71,1) ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu grubuna ait koloniler (%66,7) yüksek bir doğrulukla kendi grupları içinde yer almıştır. Diğer alttür grupları birbirleri içerisinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.32). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait gruplar düşük bir doğrulukla (%56,3) sınıflandırılmıştır.



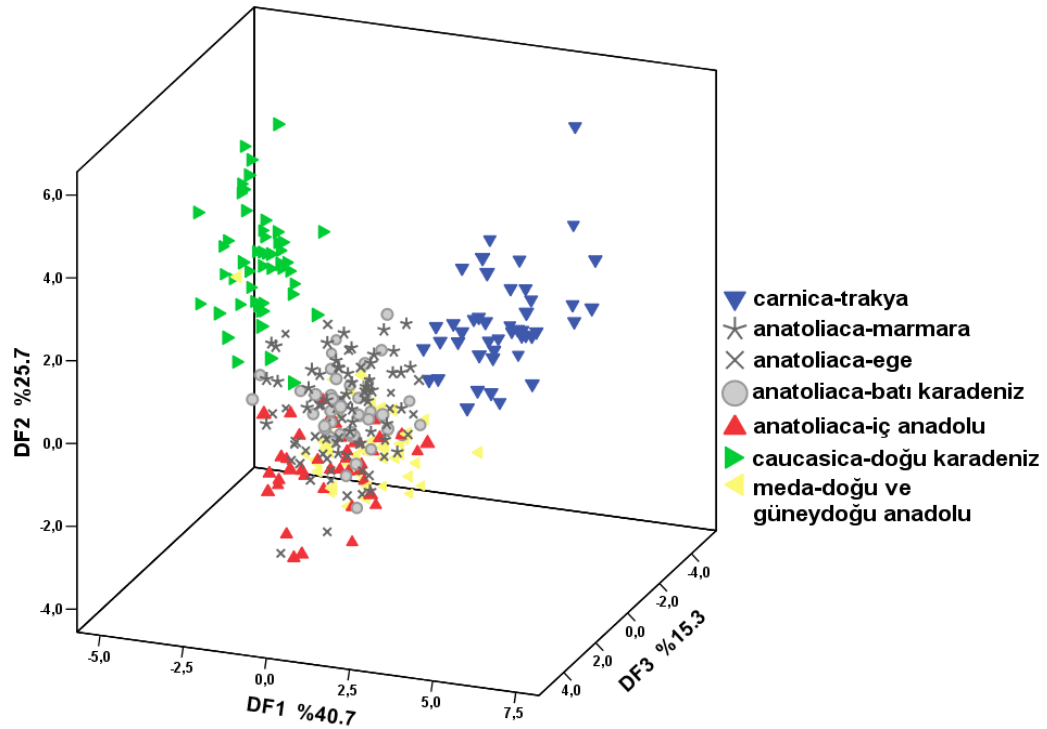
Şekil 4.25 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.32 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	27 (60,0)	4 (8,9)	3 (6,7)	5 (11,1)	3 (6,7)	1 (2,2)	2 (4,4)
<i>anatoliaca</i> marmara	45	3 (6,7)	27 (60,0)	4 (8,9)	4 (8,9)	5 (11,1)	1 (2,2)	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> ege	45	5 (11,1)	4 (8,9)	24 (53,3)	3 (6,7)	8 (17,8)	-	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	6 (13,3)	2 (4,4)	6 (13,3)	22 (48,9)	4 (8,9)	1(2,2)	4 (8,9)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	2 (4,4)	2 (4,4)	1 (2,2)	3 (6,7)	32 (71,1)	-	5 (11,1)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	4 (8,0)	4 (8,0)	-	1 (2,0)	-	41 (82,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	2 (4,4)	-	3 (6,7)	4 (8,9)	5 (11,1)	1 (2,2)	30 (66,7)

4.2.2.8 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonuna bağlı olarak şekil analizi

Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin dağılımları, kanat üzerindeki her bir hücrenin şekilsel farklılığına bağlı olarak Outline metodu-EFA ile DFA’da değerlendirilmiş ve şekilsel farklılığı ortaya çıkartmak için yapılan DFA’da en iyi ayırt edici hücrelerin 3. submarginal hücre, 1. medial hücre ve 2. submarginal hücre olduğu tespit edilmiştir. Bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA ile Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttür gruplarının dağılımı değerlendirilmiştir. DFA’da birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %40,7’sini, %25,7’sini ve %15,3’ünü açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 6 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. DFA dağılım grafiğinde, alttür grupları üç ayrı grup oluşturacak şekilde kümelenmiştir. (Şekil 4.26).



Şekil 4.26 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin üç boyutlu dağılım grafiği

A. m. carnica ve *A. m. caucasica*'ya ait koloniler ayrı birer grup oluşturmuştur. Landmark metodu ile ön kanat şekline bağlı oluşturulan DFA dağılım grafiğinde de, *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica* ayrı gruplar oluşturmuştur. *A. m. anatoliaca* ve *A. m. meda*'ya ait koloniler birbirlerine yakın konumlanmış, fakat birbirlerinden ayrılmıştır. Bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA dağılım grafiğinde ise, *A. m. anatoliaca*'nın farklı gruplarına ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubuna ait koloniler tek bir küme halinde bir arada gruplanmıştır. Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttür grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%87,5). *A. m. carnica*, *A. m. caucasica* ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubuna ait koloniler %90'ın üzerinde, kendi grupları içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.33). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait grupların %82,2'si doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır. Alttürlerle ait grupların sınıflandırma sonuçlarında olduğu gibi *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica*'ya ait koloniler %90'ın üzerinde, *A. m. anatoliaca*'nın Marmara grubuna ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubuna ait koloniler % 80'in üzerinde olarak doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.34).

Çizelge 4.33 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	44 (97,8)	1 (2,2)	-	-	-	-	-
<i>anatoliaca</i> marmara	45	-	39 (86,7)	4 (8,9)	1 (2,2)	1 (2,2)	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	45	-	1 (2,2)	34 (75,6)	5 (11,1)	3 (6,7)	1 (2,2)	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	-	1 (2,2)	3 (6,7)	37 (82,2)	3 (6,7)	-	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	-	-	1 (2,2)	1 (2,2)	38 (84,4)	-	5 (11,1)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	-	2 (4,0)	1 (2,0)	-	47 (94,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	-	-	1 (2,2)	1 (2,2)	1 (2,2)	1 (2,2)	41 (91,1)

Çizelge 4.34 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin Çapraz Doğrulama testi sonuçları

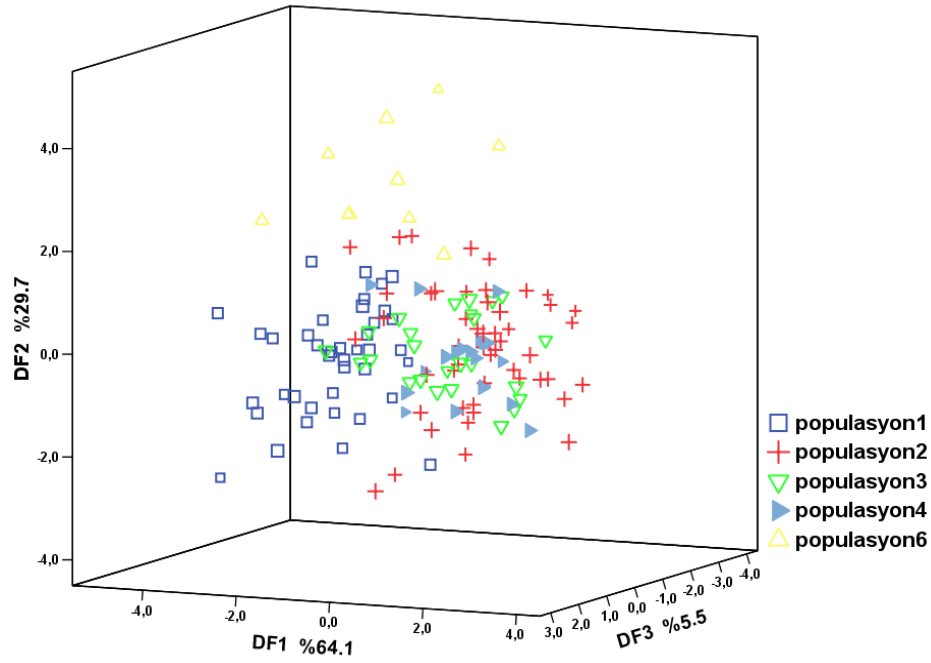
Alttür	N	<i>carnica</i> trakya	<i>anatoliaca</i> marmara	<i>anatoliaca</i> ege	<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	<i>anatoliaca</i> iç anadolu	<i>caucasica</i> doğu karadeniz	<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu
<i>carnica</i> trakya	45	43 (95,6)	1 (2,2)	-	1 (2,2)	-	-	-
<i>anatoliaca</i> marmara	45	-	39 (86,7)	4 (8,9)	1(2,2)	1 (2,2)	-	-
<i>anatoliaca</i> ege	45	-	1 (2,2)	32 (71,1)	6 (13,3)	4 (8,9)	1 (2,2)	1 (2,2)
<i>anatoliaca</i> batı karadeniz	45	-	2 (4,4)	4 (8,9)	32 (71,1)	3 (6,7)	1 (2,2)	3 (6,7)
<i>anatoliaca</i> iç anadolu	45	-	-	3 (6,7)	1 (2,2)	34 (75,6)	-	7 (15,6)
<i>caucasica</i> doğu karadeniz	50	-	-	2 (4,0)	2 (4,0)	-	46 (92,0)	-
<i>meda</i> doğu- güneydoğu anadolu	45	-	1 (2,2)	1 (2,2)	2 (4,4)	3 (6,7)	1 (2,2)	37 (82,2)

4.2.3 İran bal arısı (*A. m. meda*) populasyonlarının kanat hücrelerinde şekil analizi

Ön kanat üzerindeki her bir hücrenin şekilsel farklılığına bağlı olarak Outline metodu-EFA ile DFA’da İran bal arısı (*A. m. meda*) populasyonlarının dağılımları değerlendirilmiştir. Kanat üzerindeki her bir hücrenin, *A. m. meda* populasyonları arasındaki şekilsel farklılığını ortaya çıkartmak için yapılan DFA’da en iyi ayırt edici hücrelerin 1. medial hücre, 1. submarginal hücre ve 2. submarginal hücre olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.34). *A. m. meda* populasyonları, bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%89) (Çizelge 4.42).

4.2.3.1 Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak şekil analizi

Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %64,1’ini, %29,7’sini ve %5,5’ini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. Marginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, üç grup görülmektedir (Şekil 4.27). *A. m. meda* populasyonlarından Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon, Irak kolonilerinden oluşan 6. populasyon ve İran’da yayılış gösteren 2., 3. ve 4. populasyonlar birlikte, ayrı birer küme oluşturmuştur. 6. populasyonun oluşturduğu grup diğer iki gruptan daha çok ayrılmıştır. İran’da yayılış gösteren populasyonlar ile Doğu ve Güneydoğu Anadolu’daki populasyon daha yakın konumlanmıştır. Marginal hücrenin EFA’sına bağlı olarak yapılan DFA’da *A. m. meda* populasyonları %68,3 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. Bu populasyon gruplarından 1. populusyona ait koloniler (%92,5), 6. populusyona ait koloniler (%90) ve 2. populusyona ait koloniler (%78) yüksek bir doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.35). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %66,2’si doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



Şekil 4.27 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

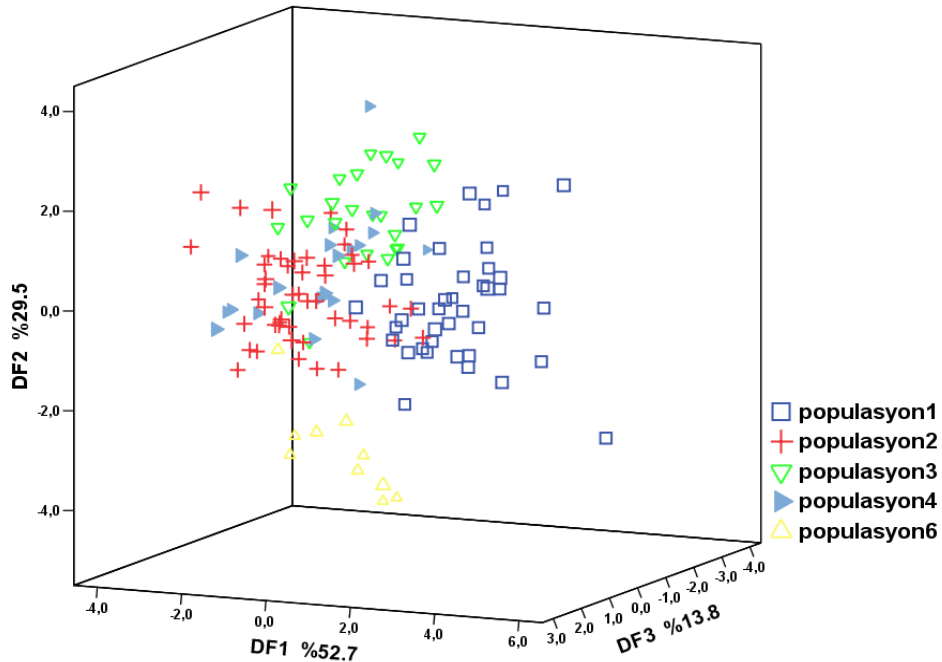
Çizelge 4.35 Marginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alt tür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	37 (92,5)	2 (5,0)	1 (2,5)	-	-
<i>meda</i> populasyon2	50	3 (6,0)	39 (78,0)	4 (8,0)	1 (2,0)	3 (6,0)
<i>meda</i> populasyon3	25	2 (8,0)	10 (40,0)	12 (48,0)	1 (4,0)	-
<i>meda</i> populasyon4	20	3 (15,0)	12 (60,0)	3 (15,0)	2 (10,0)	-
<i>meda</i> populasyon6	10	-	-	1 (10,0)	-	9 (90,0)

4.2.3.2 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %52,7'sini, %29,5'ini ve %13,8'ini

açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 1. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, üç grup görülmektedir (Şekil 4.28). *A. m. meda* populasyonlarından Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon, Irak kolonilerinden oluşan 6. populasyon ayrı birer grup oluştururken İran'da yayılış gösteren 2., 3. ve 4. populasyonlar birlikte ayrı birer grup gibi yer almaktadır. 2., 3. ve 4. populasyonların oluşturduğu grupta da Batı ve Orta İran kolonilerinden oluşan 2. populasyon ve İran'ın kuzeyinde bulunan 4. populasyon bir küme halinde iken İran'ın kuzeydoğusunda yer alan 3. populasyon 2. ve 4. populasyondan ayrılmıştır. 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%79,3). Bu populasyon gruplarından 1. populasyona ait koloniler (%92,5), 2. populasyona ait koloniler (%84), 6. populasyona ait koloniler (%80) ve 3. populasyona ait koloniler (%76) yüksek bir doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.36). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %65,5'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



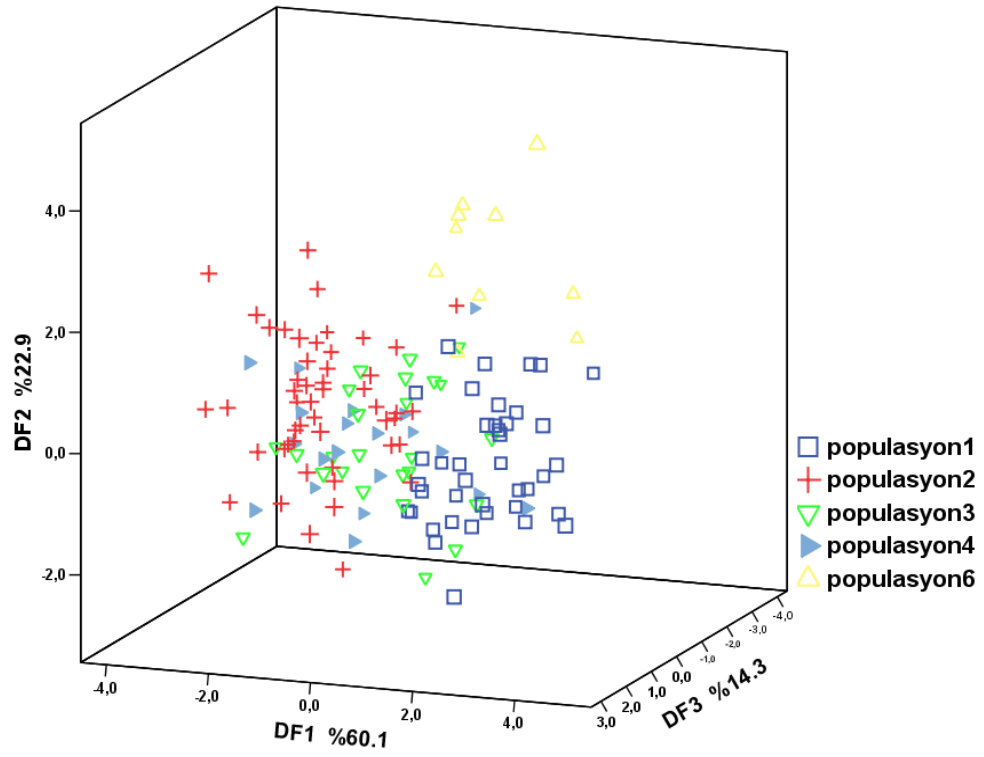
Şekil 4.28 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.36 1. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	37 (92,5)	2 (5,0)	1 (2,5)	-	-
<i>meda</i> populasyon2	50	2 (4,0)	42 (84,0)	1 (2,0)	5 (10,0)	-
<i>meda</i> populasyon3	25	1 (4,0)	2 (8,0)	19 (76,0)	2 (8,0)	1 (4,0)
<i>meda</i> populasyon4	20	-	6 (30,0)	4 (20,0)	9 (45,0)	1 (5,0)
<i>meda</i> populasyon6	10	1 (10,0)	-	-	1 (10,0)	8 (80,0)

4.2.3.3 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %60,1'ini, %22,9'unu ve %14,3'ünü açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, üç grup görülmektedir (Şekil 4.29). Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon, İran'da yayılış gösteren 2. populasyon ve Irak kolonilerinin oluşturduğu 6. populasyon ayrı birer küme oluşturmuştur. İran'ın kuzeyinde bulunan 4. populasyon ve kuzeydoğusunda yer alan 3. populasyon 1. populasyon ve 2. populasyon arasında dağılmıştır. 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%70,3). Bu populasyon gruplarından 6. populusyona ait koloniler (%90), 1. populusyona ait koloniler (%87,5), 2. populusyona ait koloniler (%84) yüksek doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.37). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %64,1'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



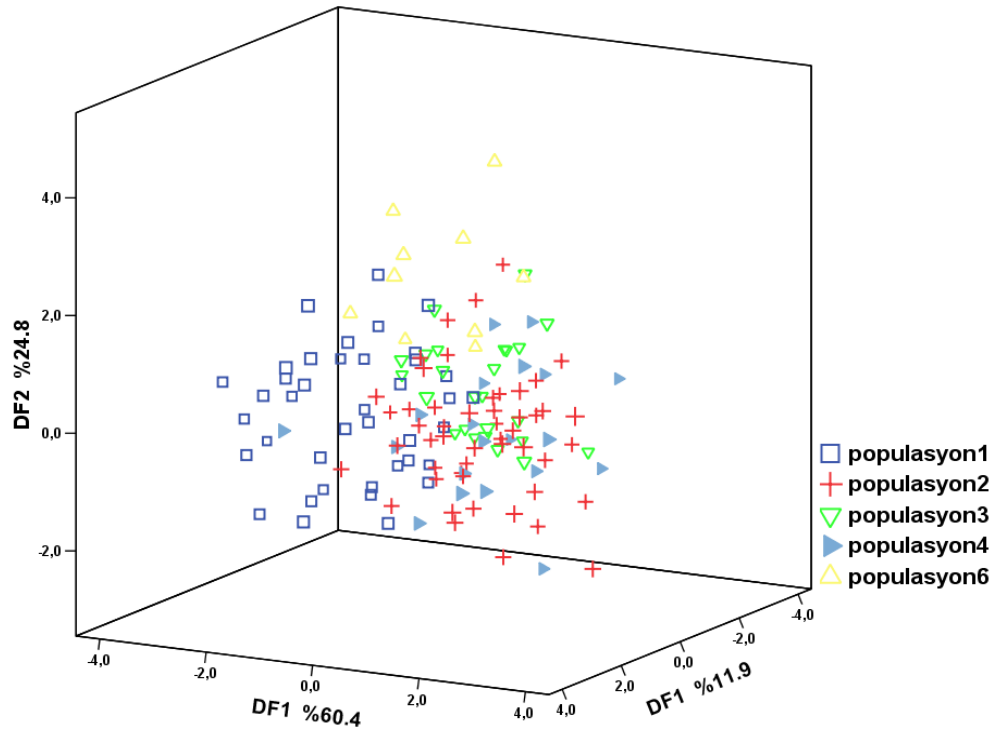
Şekil 4.29 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.37 2. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	35 (87,5)	1 (2,5)	3 (7,5)	1 (2,5)	-
<i>meda</i> populasyon2	50	1 (2,0)	42 (84,0)	4 (8,0)	2 (4,0)	1 (2,0)
<i>meda</i> populasyon3	25	4 (16,0)	8 (32,0)	9 (36,0)	4 (16,0)	-
<i>meda</i> populasyon4	20	1 (5,0)	7 (35,0)	5 (25,0)	7 (35,0)	-
<i>meda</i> populasyon6	10	1 (10,0)	-	-	-	9 (90,0)

4.2.3.4 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %60,4'ünü, %24,8'ini ve %11,9'unu açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 3. Submarginal hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, populasyonlar birbirlerinden tamamen ayrılmamıştır. Fakat diğer hücrelerin DFA'sına benzer şekilde üç grup birbirine çok yakın şekilde görülmektedir (Şekil 4.30). 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonları %68,3 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. Bu populasyon gruplarından 1. populasyona ait koloniler (%82,5) ve 2. populasyona ait koloniler (%80) yüksek bir doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.38). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %60'ı doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



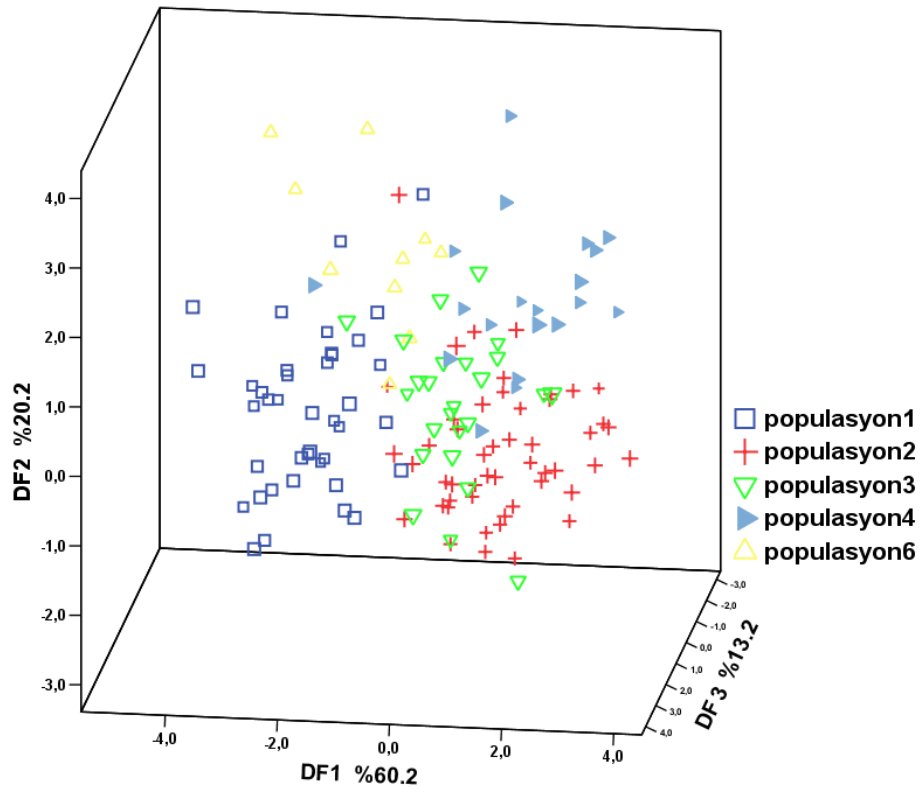
Şekil 4.30 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.38 3. Submarginal hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	33 (82,5)	3 (7,5)	2 (5,0)	-	2 (5,0)
<i>meda</i> populasyon2	50	2 (4,0)	40 (80,0)	7 (14,0)	1 (2,0)	-
<i>meda</i> populasyon3	25	2 (8,0)	6 (24,0)	15 (60,0)	1 (4,0)	1 (4,0)
<i>meda</i> populasyon4	20	2 (10,0)	9 (45,0)	4 (20,0)	5 (25,0)	-
<i>meda</i> populasyon6	10	2 (20,0)	1 (10,0)	1 (10,0)	-	6 (60,0)

4.2.3.5 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %60,2'sini, %20,2'sini ve %13,2'sini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 1. Medial hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, başlıca üç grup görülmektedir (Şekil 4.31). *A. m. meda* populasyonlarından Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon, Irak kolonilerinden oluşan 6. populasyon ve İran'da yayılış gösteren populasyonlardan Batı ve Orta İran kolonilerinin oluşturduğu 2. populasyon ayrı birer küme oluştururken İran'ın kuzeydoğusunda yer alan 3. populasyon 1. ve 2. populasyon kümeleri arasında dağılmıştır. İran'ın kuzeyinde bulunan 4. populasyon ise 2. populusyona ve 6. populusyona ait koloniler arasında ve bu iki büyük grup arasında dağılmış şekilde gruplanmıştır. 1. Medial hücre alttür gruplarını en yüksek doğruluk ile kendi orijinal grubu içerisine yerleştiren hücredir (%82,1). Bu populasyon gruplarından 1. populusyona ait koloniler (%92,5), 2. populusyona ait koloniler (%90) ve 4. populusyona ait koloniler (%70) yüksek bir doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.39). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %74,5'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



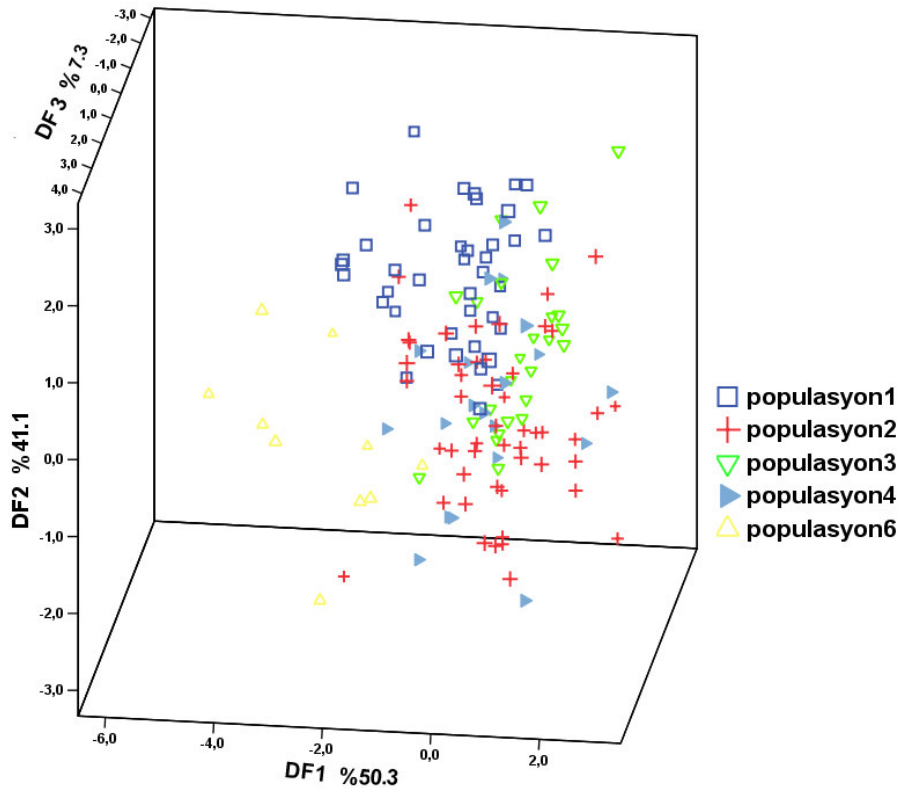
Şekil 4.31 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.39 1. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alt tür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	37 (92,5)	-	1 (2,5)	1 (2,5)	1 (2,5)
<i>meda</i> populasyon2	50	1 (2,0)	45 (90,0)	2 (4,0)	1 (2,0)	1 (2,0)
<i>meda</i> populasyon3	25	-	7 (28,0)	17 (68,0)	1 (4,0)	-
<i>meda</i> populasyon4	20	1 (5,0)	1 (5,0)	3 (15,0)	14 (70,0)	1 (5,0)
<i>meda</i> populasyon6	10	3 (30,0)	-	-	1 (10,0)	6 (60,0)

4.2.3.6 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %50,3'ünü, %41,1'ini ve %7,3'ünü açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Medial hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, sadece Irak'ın kuzeyinde bulunan 6. populasyonu oluşturan koloniler diğer populasyon gruplarından ayrılmıştır. Diğer populasyon grupları birlikte birbirleri içerisinde kümelenmiştir (Şekil 4.32). 2. Medial hücre alttür gruplarını düşük doğruluk ile kendi orijinal grubu içerisine yerleştiren hücredir (%57,9). Bu populasyon gruplarından 1. ve 6. populasyona ait koloniler %80 doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.40). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonları çok düşük bir doğrulukla (%53,1) sınıflandırılmıştır.



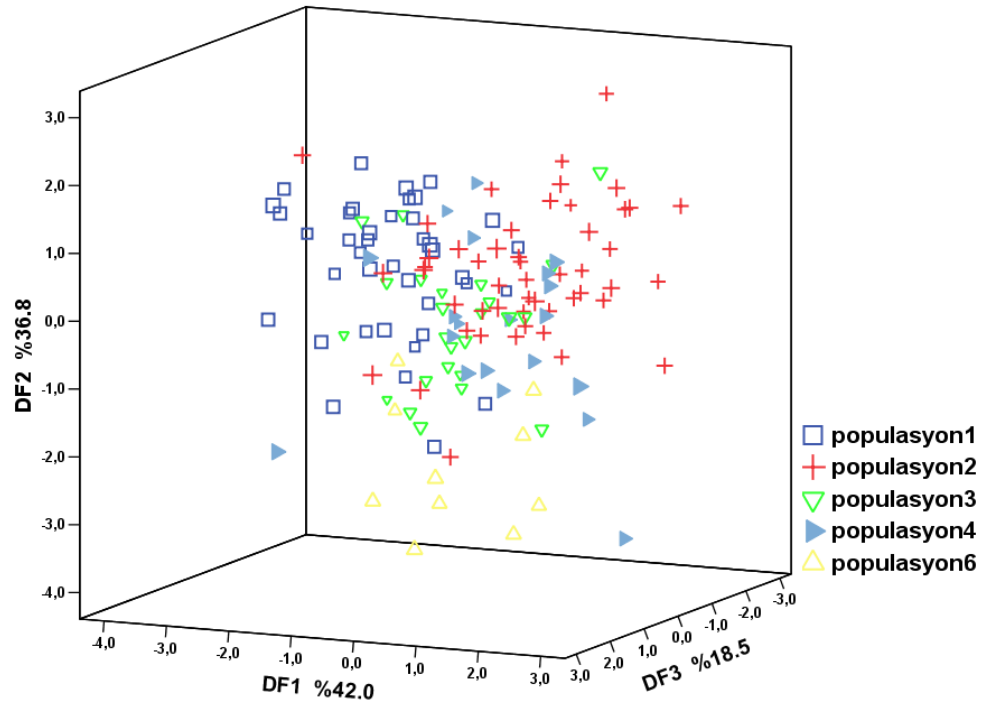
Şekil 4.32 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.40 2. Medial hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	32 (80,0)	7 (17,5)	1 (2,5)	-	-
<i>meda</i> populasyon2	50	9 (18,0)	34 (68,0)	5 (10,0)	1 (2,0)	1 (2,0)
<i>meda</i> populasyon3	25	4 (16,0)	11 (44,0)	10 (40,0)	-	-
<i>meda</i> populasyon4	20	4 (20,0)	14 (70,0)	2 (10,0)	-	-
<i>meda</i> populasyon6	10	-	2 (20,0)	-	-	8 (80,0)

4.2.3.7 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak şekil analizi

2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'ya göre birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %42,0'sini, %36,8'ini ve %18,5'ini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. 2. Kübital hücrenin şekline bağlı yapılan DFA dağılım grafiğinde, populasyonlar birbirlerinden tamamen ayrılmamıştır. Fakat diğer hücrelerin DFA'sına benzer şekilde üç grup birbirine çok yakın şekilde görülmektedir (Şekil 4.33). 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonları %68,3 doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır. Bu populasyon gruplarından 2. populasyona ait koloniler %80, 1. populasyona ait koloniler %75 ve 6. populasyona ait koloniler %70 doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.41). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %62,8'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.



Şekil 4.33 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

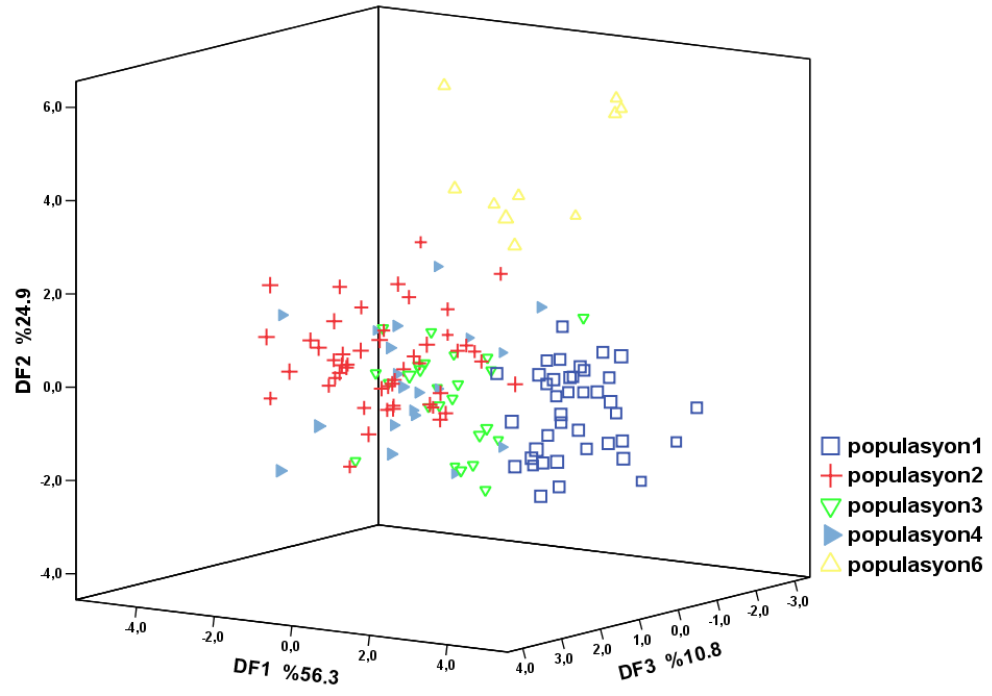
Çizelge 4.41 2. Kübital hücrenin EFA'sına bağlı olarak yapılan DFA'da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alt tür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	30 (75,0)	4 (10,0)	4 (10,0)	1 (2,5)	1 (2,5)
<i>meda</i> populasyon2	50	6 (12,0)	40 (80,0)	-	3 (6,0)	1 (2,0)
<i>meda</i> populasyon3	25	2 (8,0)	4 (16,0)	16 (64,0)	2 (8,0)	1 (4,0)
<i>meda</i> populasyon4	20	1 (5,0)	9 (45,0)	2 (10,0)	6 (30,0)	2 (10,0)
<i>meda</i> populasyon6	10	1 (10,0)	1 (10,0)	1 (10,0)	-	7 (70,0)

4.2.3.8 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonuna bağlı olarak şekil analizi

İran bal arısı (*A. m. meda*) populasyonlarının dağılımları, kanat üzerindeki her bir hücrenin şekilsel farklılığına bağlı olarak Outline metodu-EFA ile DFA’da değerlendirilmiş ve şekilsel farklılığı ortaya çıkartmak için yapılan DFA’da en iyi ayırt edici hücrelerin 1. medial hücre, 1. submarginal hücre ve 2. submarginal hücre olduğu tespit edilmiştir. Bu hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA ile *A. m. meda* populasyonlarının dağılımı değerlendirilmiştir. DFA’da birinci, ikinci ve üçüncü eksen toplam varyasyonun sırasıyla %56,3’ünü, %24,9’unu ve %10,8’ini açıklamıştır. Toplam varyasyon ilk 4 ayrışım fonksiyonu tarafından açıklanmıştır. DFA dağılım grafiğinde, Landmark metodu ile ön kanat şekline bağlı oluşturulan DFA dağılım grafiğinde olduğu gibi üç grup görülmektedir (Şekil 4.34). Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon, Irak kolonilerinden oluşan 6. populasyon ve İran’da yayılış gösteren populasyonlar (2., 3. ve 4. populasyon) ayrı birer küme oluşturmuştur.

1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da *A. m. meda* populasyonları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%89). Bu populasyon gruplarından 1. ve 6. populasyona ait koloniler %100, 3. populasyona ait koloniler %88, 2. populasyona ait koloniler %84 ve 4. populasyona ait koloniler %75 doğruluk ile kendi grubu içerisinde yer almıştır (Çizelge 4.42). DFA sonuçlarına bağlı yapılan Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %81,4’ü doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır. 1. ve 6. populasyona ait koloniler %90’ın üzerinde, 2. populasyona ait koloniler %80 olarak doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.43).



Şekil 4.34 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da *A. m. meda* populasyonlarının üç boyutlu dağılım grafiği

Çizelge 4.42 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da *A. m. meda* populasyonlarının sınıflandırma sonuçları

Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	40 (100,0)	-	-	-	-
<i>meda</i> populasyon2	50	1 (2,0)	42 (84,0)	3 (6,0)	4 (8,0)	-
<i>meda</i> populasyon3	25	1 (4,0)	2 (8,0)	22 (88,0)	-	-
<i>meda</i> populasyon4	20	-	3 (15,0)	2 (10,0)	15 (75,0)	-
<i>meda</i> populasyon6	10	-	-	-	-	10 (100,0)

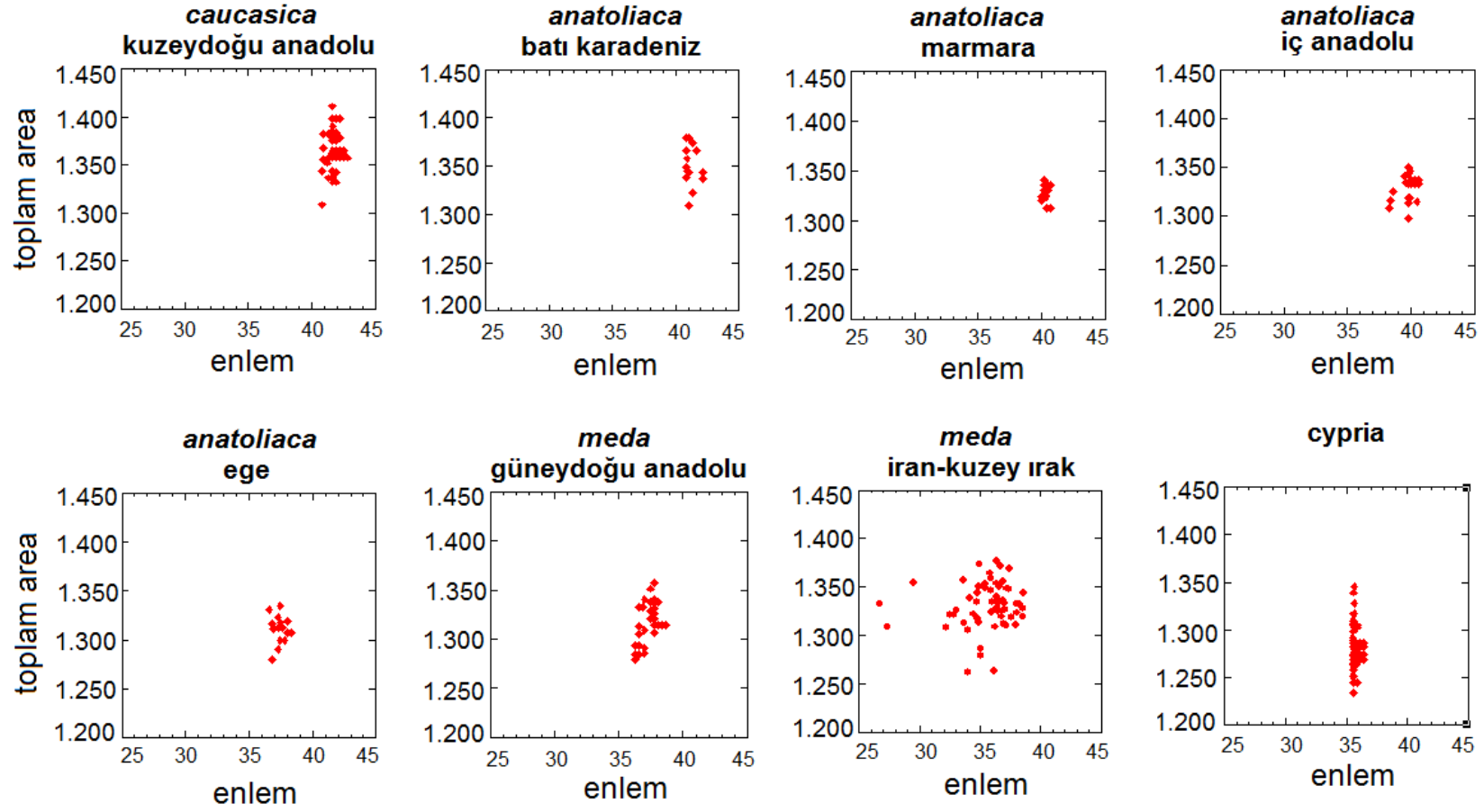
Çizelge 4.43 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA’da *A. m. meda* populasyonlarının Çapraz Doğrulama testi sonuçları

Alttür	N	<i>meda</i> populasyon1	<i>meda</i> populasyon2	<i>meda</i> populasyon3	<i>meda</i> populasyon4	<i>meda</i> populasyon6
<i>meda</i> populasyon1	40	39 (97,5)	-	1 (2,5)	-	-
<i>meda</i> populasyon2	50	1 (2,0)	40 (80,0)	4 (8,0)	4 (8,0)	1 (2,0)
<i>meda</i> populasyon3	25	1 (4,0)	3 (12,0)	18 (72,0)	3 (12,0)	-
<i>meda</i> populasyon4	20	-	4 (20,0)	4 (20,0)	12 (60,0)	-
<i>meda</i> populasyon6	10	-	1 (10,0)	-	-	9 (90,0)

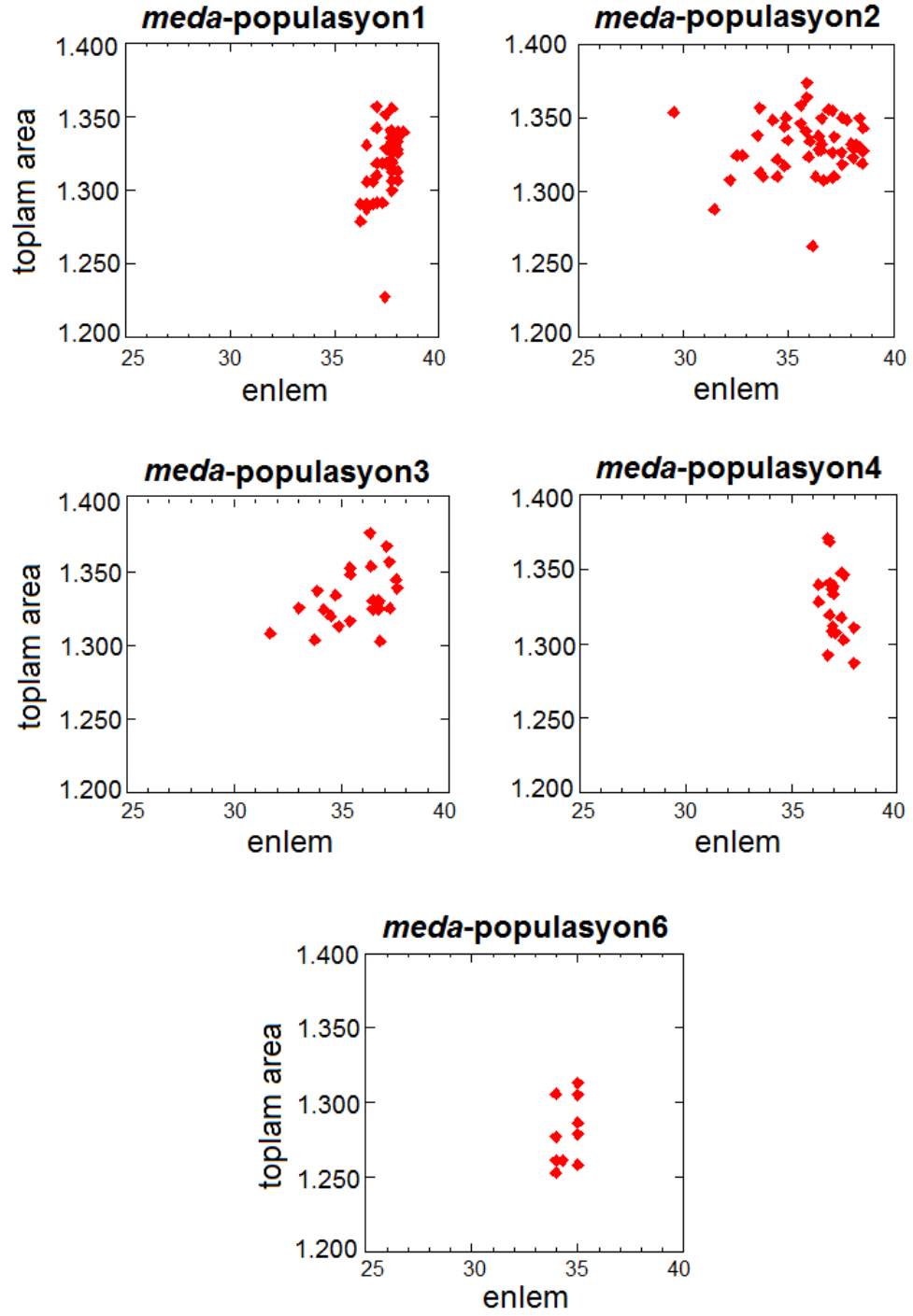
4.2.4 Ortadoğu (O kolu) alttürlerinde ve *A. m. meda* populasyonlarında hücre alan büyüklükleri ve ekolojik veriler arası ilişki

EFAwin programından elde edilen ön kanattaki kapalı hücrelerin alan büyüklüklerinin toplamı ile alttürlerin ekolojik olarak dağılımlarını ilişkilendirmek için enlem ve boylam verileri ile hücre alan büyüklükleri arasındaki ilişki nokta yoğunluk grafikleri kullanılarak değerlendirilmiştir. *A. m. pomonella* alttürüne ait marginal hücre verileri olmadığı için bu alttür analiz dışı bırakılmıştır. Türkiye alttürleri ayrı olarak değerlendirilmemiş ve O kolu içerisinde bu grupların değerlendirmesi yapılmıştır. Toplam hücre alanlarının büyüklükleri ile boylam verileri arasında herhangi bir ilişki görülmemiştir.

Ortadoğu alttürlerinin toplam hücre alanlarının büyüklükleri ile enlem verilerinin nokta yoğunluk grafiklerine bakıldığında, *A. m. caucasica*'ya ait kolonilerde toplam büyüklük değeri 1,425-1,325 arasında, *A. m. anatolica*'ya ait kolonilerde 1,375-1,275 arasında, *A. m. meda*'ya ait kolonilerde 1,375-1,260 arasında, *A. m. cypria*'ya ait kolonilerde toplam büyüklük 1,350-1,225 arasında değişmektedir. *A. m. anatoliaca*'nın Batı Karadeniz grubu için bu değer, 1,400-1,325 arasında, Marmara ve İç Anadolu grubu için 1,350-1,300 arasında, Ege grubu için 1,350-1,225 arasındadır. *A. m. caucasica* alttürü için bu değer daha çok 1,400 ile 1,350 değerleri arasında, *A. m. anatoliaca* ve *A. m. meda* için bu değer daha çok 1,350 ile 1,300 değerleri arasında, *A. m. cypria* için daha çok 1,300 ile 1,225 değerleri arasında yoğunlaşmıştır (Şekil 4.35). Nokta yoğunluk grafiklerine göre, alttürler için ön kanattaki hücrelerin toplam alan büyüklükleri değerlendirildiğinde, en büyük toplam hücre alanına (daha çok 1,400-1,350 değerleri arasında) sahip olan alttür *A. m. caucasica*, en küçük toplam hücre alanına (daha çok 1,300-1,225 değerleri arasında) sahip olan alttür de *A. m. cypria*'dır. *A. m. meda* populasyonlarının toplam hücre alanlarının büyüklükleri ile enlem verilerinin nokta yoğunluk grafiklerine bakıldığında, *A. m. meda* populasyonlarında toplam büyüklük değeri, 1,375-1,250 arasında değişmektedir. Kuzeyde yer alan Populasyon3'e ait kolonilerde toplam büyüklük değeri 1,375-1,300 arasında, Populasyon6'ya ait kolonilerde toplam büyüklük değeri 1,325-1,250 arasında değişmektedir. Diğer *A. m. meda* populasyonları için bu değer daha çok 1,350 ile 1,300 değerleri arasında yoğunlaşmaktadır (Şekil 4.36).



Şekil 4.35 Ortadoğu “O kolu” alttürlerinde hücre alan büyüklükleri ve enlem verileri arasındaki ilişkiyi gösteren nokta yoğunluk grafikleri



Şekil 4.36 *A. m. meda* populasyonlarında hücre alan büyüklükleri ve enlem verileri arasındaki ilişkiyi gösteren nokta yoğunluk grafikleri

5. TARTIŞMA ve SONUÇ

Tez çalışması “O kolu” üyeleri *A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. meda* ve *A. m. pomonella*’ya ve “C kolu” üyesi *A. m. carnica*’ya ait toplam 495 koloni ile gerçekleştirilmiştir. Böceklerde uçuş aktiviteleri için oldukça önemli olan ve farklı taksonomik düzeylerdeki böceklerde olduğu gibi bal arısı alttürlerinin de ayırt edilmesinde önemli morfolometrik karakterleri üzerinde taşıyan kanat ve kanat hücreleri ile çalışma yapılmıştır. O kolu alttürlerinde, bu alttürlerden Türkiye’de yayılış gösterenlerde ve *A. m. meda* populasyonlarında kanatta Landmark metodu ve kanat hücrelerinde Outline metodu kullanılarak alttürlerin ve *A. m. meda* populasyonlarının kanat ve kanat hücrelerine bağlı olarak şekil analizi yapılarak alttürlerdeki farklılıklar belirlenmiştir. Bal arısı kolları ve alttürleri ile ilgili yapılan çalışmalarda Landmark metodu ile kanatta şekil analizinin kullanıldığı çalışmalar bulunmaktadır (Tofilski 2008, Franco vd. 2009a, Kandemir vd. 2011, Miguel vd. 2011). Geometrik morfolometrinin biyolojik çalışmalarda değişik amaçlara yönelik uygulamalarında kullanılan Outline metodu-EFA ile bal arısı alttürlerinin kanat hücrelerinde şekilsel farklılıkların araştırılması için ilk defa yapılan bir çalışma olduğu için bu çalışma son derece önemli sonuçlar ortaya çıkartmıştır.

5.1 Landmark Metodu ile Alttür ve Populasyonlarda Kanatta Şekil Analizi

Ortadoğu (O kolu) alttürlerinin, Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin ve *A. m. meda* populasyonlarının ön kanattaki şekilsel farklılıklara bağlı olarak ayırt edilmesi için bu alttürlerin kanatları Landmark metodu ile analiz edilmiştir. Landmark verileri ile alttürlerin veya populasyonların DFA ile dağılımları değerlendirilmiştir. Landmark metodu ile yapılan analizlerde, Outline metoduna göre alttür veya populasyon grupları daha iyi bir şekilde ayrılmıştır.

5.1.1 Landmark metodu ile Ortadoğu (O kolu) alttürlerinde kanatta şekil analizi

Kanat üzerine landmarklar konularak elde edilen geometrik morfolometrik verileri ile Ortadoğu (O kolu) alttürleri iyi bir şekilde ayrılmıştır. Koloni ortalamaları kullanılarak

yapılan kanat şekli analizinde *A. m. anatoliaca* alttürüne ait gruplar dışında, alttürler arasında önemli farklılıklar bulunmuştur ($P < 0,001$) (Çizelge 4.1). Ayrıca dikkat çekici nokta Ortadoğu alttürleri çok yüksek bir doğruluk (%94,7) ile kendi grubu içinde değerlendirilmiştir (Çizelge 4.4). Bu durum Çapraz-doğrulama testi ile doğrulanmıştır. Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %89,1'i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.5).

Ortadoğu alttürlerinin DFA'sına göre, alttürlerin (*A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. meda* ve *A. m. pomonella*) ayrı gruplar oluşturduğu açık olarak görülmektedir (Şekil 4.1). *A. m. pomonella* hariç, diğer alttür grupları birbirlerine yakın konumda bulunurken *A. m. pomonella*'ya ait koloniler ayrı yerde kümelenmiştir. Ruttner (1988) ve Kauhausen-Keller vd. (1997) klasik morfometrik karakterleri kullanarak yaptıkları çalışmalarda da bu alttürleri benzer şekilde ayırt etmiştir. Sheppard ve Meixner'in (2003) yaptıkları çalışmada da kanat damarlarına ait karakterler ile DFA'da *A. m. pomonella* morfolojik O kolu üyelerinden (*A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. meda* ve *A. m. armeniaca*) benzer şekilde ayrılmış ve farklı bir konumda kümelenmiştir. DFA dağılım grafiği, Mahalanobis uzaklıklarından elde edilen UPGMA kümelenmesi ile desteklenmektedir. Bu kümelenmeye göre, kollarda alttür grupları bir araya gelmiştir ve başlıca iki kol görülmektedir (Şekil 4.2). Bu kollardan birini *A. m. pomonella* alttürü oluşturmaktadır. Bu kol ile DFA'da olduğu gibi *A. m. pomonella* diğer alttürlerden ayrılmıştır. Diğer kol iki alt gruba ayrılmaktadır. Bu alt gruplardan birinde *A. m. cypria* alttürü ayrılmaktadır. Diğer grupta, *A. m. meda* alttürüne ait gruplar (İran ve Kuzey Irak ile Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonileri), *A. m. caucasica* ve *A. m. anatoliaca*'nın Marmara, Ege, Batı Karadeniz ve İç Anadolu grubu yer almaktadır. *A. m. meda*, *A. m. caucasica* ve *A. m. anatoliaca*'nın bulunduğu alt grupta da bu üç alttür birbirinden ayrılmış ve üç farklı grup olarak görülmektedir.

Geometrik morfometrinin Landmark metodu, alttürler veya alttür grupları arasındaki farklılıkların grafikler ve vektörlerin yanı sıra Thin Plate Spline ile deformasyon gridleri üzerinde görülebilmesine olanak sağlamaktadır. Deformasyon gridleri üzerinde ayırma en fazla katkısı olan landmark bölgeleri görülmektedir. Thin Plate Spline ile ikili karşılaştırmalarda, tüm alttürlerin *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. pomonella* ile

olan eşleşmelerinde şekilsel farklılık en fazla görülmüştür (Şekil 4.7-4.9). *A. m. caucasica* ve *A. m. cypria*'nın diğer alttürler ile olan karşılaştırmalarında, şekilsel farklılığın farklı landmark noktalarından kaynaklanan farklı yönlerde bir değişim şeklinde olduğu görülmüştür (Şekil 4.7.a, e), (Şekil 4.8.a, e). Özellikle tüm alttür gruplarının *A. m. pomonella* ile olan karşılaştırmalarında, şekilsel değişimin çok fazla olduğu ve bu şekilsel değişimde hemen hemen tüm landmark noktalarının rol oynadığı görülmüştür (Şekil 4.9.a, e). Bu şekilsel değişim Şekil 4.9.a, e'de kanadın orta kısmında, 2. medial hücre çevresindeki landmarklardaki değişim ile kanadın dışa doğru bombelenmesi biçiminde görülmektedir.

Geometrik morfometri yaklaşımında Landmark metodunun bir diğer önemli katkısı, bu metottan elde edilen yeni karakter seti ile uzamsal dağılımlar bakımından populasyonların coğrafik varyasyonlarının belirlenmesini sağlamasıdır. Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait ön kanattaki landmarkların koordinat verilerinin Uzamsal Otokorelasyon Analizi değerlendirildiğinde, 40 korrelogramdan hepsi Bonferroni kriterine göre anlamlı bulunmuştur ($P<0,05$) (Çizelge 4.16) (Şekil 4.10. a, d). 6 landmark koordinatı ile oluşturulan korrelogramlar (y4, y5, y6, y9, y16 ve y18) kısa mesafelerde pozitif otokorelasyona, uzak mesafelerde negatif otokorelasyona sahip "Clinal Type" korrelogram göstermektedir (Şekil 4.10.e). Bu durumda mesafe ile benzerlik azalır, komşu lokasyonlarda yüksek değerlerde korelasyon görülmektedir. Geriye kalan 34 tanesi az çok "Crazy Quilt Type" korrelogram göstermektedir ve bu komşu lokasyonlar arasında bir ilişki olmadığını göstermektedir.

5.1.2 Landmark metodu ile Türkiye'de yayılış gösteren alttürlerde kanatta şekil analizi

Kanat üzerine landmarklar konularak elde edilen geometrik morfometrik verileri ile Türkiye'de yayılış gösteren alttürler (*A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. carnica* ve *A. m. meda*) iyi bir şekilde ayrılırken Türkiye'de farklı coğrafik bölgelerde yayılış gösteren *A. m. anatoliaca*'nın grupları ayrılmamıştır. *A. m. anatoliaca* alttürünün Batı Karadeniz grubu ile Marmara ve Ege grupları arasında; *A. m. anatoliaca* alttürünün Ege ve Marmara grupları arasında; *A. m. anatoliaca* alttürünün İç Anadolu ve Batı Karadeniz grupları arasında istatistiksel olarak bir farklılık görülmemiştir ($P<0,001$)

(Çizelge 4.6). Türkiye’de yayılış gösteren alttürlerin DFA’sına göre, alttürlerin ayrı gruplar oluşturduğu görülmektedir (Şekil 4.3). *A. m. anatoliaca* ve *A. m. meda*’ya ait koloniler birbirlerine yakın konumlanırken “C kolu” üyesi *A. m. carnica* ve “O kolu” üyesi ve en kuzeyde yayılış gösteren *A. m. caucasica* ayrı yerlerde kümelenmiştir. *A. m. anatoliaca* alttürünün farklı gruplarına ait koloniler bir arada gruplanmıştır. Bu şekilde Kandemir vd. (2011) yaptığı çalışmada olduğu gibi Landmark metodu ile hem aynı kolda hem de farklı kollarda yer alan alttürlerin ayrılabilceği, fakat Landmark metodu ile aynı alttüre ait farklı coğrafik bölgelerdeki grupların ayırt edilemeyeceği görülmüştür.

Koloni ortalamaları kullanılarak yapılan DFA’da Ortadoğu alttürleri ile yapılan analiz sonucunda olduğu gibi, Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait kolonilerde yüksek doğruluk (%84,7) ile kendi orijinal grupları içinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.9). Sınıflandırma sonucunda, *A. m. carnica*, *A. m. caucasica* ve *A. m. meda*’ya ait koloniler %100 kendi grubu içerisinde yer almıştır. *A. m. anatoliaca*’nın farklı gruplarına ait koloniler birbirleri içerisine dağılmıştır. CVA’dan elde edilen uzaklık matriksi ile oluşturulan UPGMA fenogramında başlıca iki kol görülmektedir (Şekil 4.4). Bu kollardan birini coğrafik olarak en kuzeyde bulunan *A. m. caucasica* alttürü oluşturmaktadır, diğer kol iki alt gruba ayrılmaktadır. Bu alt gruplardan birinde “C kolu” üyesi *A. m. carnica* kolonileri ayrılmaktadır. Diğer grupta *A. m. anatoliaca* ve *A. m. meda* ayrılmaktadır.

5.1.3 Landmark metodu ile *A. m. meda* populasyonlarında kanatta şekil analizi

Kanat üzerine landmarklar konularak elde edilen geometrik morfometrik verileri ile *A. m. meda* populasyonları Ruttner’in (1988) belirttiği gibi 5 populasyon (İran’ın güney bölgelerindeki 5. populasyon hariç) şeklinde gruplanarak analiz edilmiştir. Bu populasyonlar Irak’da yayılış gösterenler (6. populasyon), Doğu ve Güneydoğu Anadolu’dakiler (1. populasyon) ve İran coğrafyasında bulunanlar (2. 3. ve 4. populasyonlar) şeklinde ayrılmıştır. Ruttner’in (1988) gruplandırmasına göre İran’da yayılış gösteren 3 populasyon (2. 3. ve 4. populasyonlar) DFA ile bir arada kümelenmiştir, Pairwise testi ile bu populasyonların ikili karşılaştırılmasında

populasyonlar arasındaki farklılık istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ($P<0,001$). Pairwise ile sadece kuzeyde bulunan 3. ve 4. populasyonlar arası farklılık istatistiksel olarak anlamlı bulunmamıştır ($P<0,001$), (Çizelge 4.14). DFA’da populasyonlara ait kolonilerde yüksek doğruluk (%89) ile kendi orijinal grupları içinde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.14). Bu durum Çapraz-doğrulama testi ile doğrulanmış ve bu test sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarına ait koloni gruplarının %82,8’i doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.15). CVA’dan elde edilen uzaklık matrisi ile oluşturulan UPGMA fenogramında DFA’da olduğu gibi Irak’da yayılım gösteren populasyonlar (6. populasyon), Doğu ve Güneydoğu Anadolu’dakiler (1. populasyon) ve İran coğrafyasında bulunanlar (2. 3. ve 4. populasyonlar) şeklinde ayrılmıştır (Şekil 4.6).

Tofilski (2008) üç bal arısı alttürü (*A. m. mellifera*, *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica*) ile yaptığı çalışmada geometrik morfometrinin Landmark metodunun bu alttürleri, klasik morfometriye göre daha iyi bir şekilde ayırt ettiğini göstermiştir. Tofilski’in (2008) yaptığı çalışmanın yanı sıra bu tez çalışması da bal arısı alttürlerini ayırt etmek için Landmark metodunun kullanılabilirliğini ve önemini göstermektedir. Miguel vd. (2011) yaptığı çalışmada, kanat karakterlerini kullanarak yapılan klasik morfometrik çalışmalar, mikrosatellitler ve SNPs kullanılarak yapılan genetik çalışmalar ile geometrik morfometriden elde ettikleri sonuçların tutarlı olduğunu belirtmiştir. Bununla beraber, Francoy vd. (2008) klasik morfometri ve moleküler tekniklerin kullanımının bal arılarını tanımlamada pahalı ve zaman gerektirici olduğunu vurgulamaktadır. Bu açılarından bakıldığında, geometrik morfometrinin Landmark metodu ile klasik morfometrik yöntemler ve bazı moleküler çalışmalar benzer sonuçlar vermektedir. Bunun yanında, bu metodun daha ucuz, hızlı ve güvenilir olması ile daha avantajlı bir yöntemdir. Tez çalışmasında alttürlerde şekilsel varyasyonun ortaya çıkarılmasında Landmark metodunun uygulanması ile ilgili kısmı, bu metodunun bal arısı alttürlerini veya populasyonlarını ayırmada büyük bir güce sahip olduğunu göstermesi açısından önemlidir.

5.2 Outline Metodu-EFA ile Alttür ve Populasyonlarda Kanat Hücrelerinde Şekil Analizi

Ortadoğu (O kolu) alttürlerinin, Türkiye’de yayılış gösteren bal arısı alttürlerinin ve *A. m. meda* populasyonlarının ön kanattaki 7 kanat hücrelerinin şekilsel farklılıklarına bağlı olarak ayırt edilmesi için Eliptik Fourier Analizi (EFA) gerçekleştirilmiştir. Alttürler veya populasyonlarda her bir hücrenin EFA’sından elde edilen veriler ile bu grupların DFA sonucu dağılımları değerlendirilmiştir. Biyolojik çalışmaların değişik amaçlara yönelik uygulamalarında kullanılan geometrik morfometrinin Outline metodu-EFA ile bal arısı alttürlerinin kanat hücrelerinde şekilsel farklılıkların araştırılması için ilk defa yapılan bir çalışma olduğundan bu çalışma son derece önemli sonuçlar ortaya çıkartmıştır.

Ön kanat üzerindeki 7 hücrenin EFA verileri ile Ortadoğu alttürleri arasındaki şekilsel farklılığı ortaya çıkartmak için yapılan DFA’da %70’in üzerindeki doğruluk ile alttürlerin kendi orijinal grupları içerisinde yer almasına göre hücrelerin analiz sonuçları değerlendirildiğinde, 3. submarginal ve 2. submarginal (%79,6) hücrelerin, 2. kübital hücrenin (%73,6) alttürleri en iyi ayırt eden hücreler olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.24). Ön kanat üzerindeki her bir hücrenin EFA verileri ile Türkiye’de yayılış gösteren alttür grupları arasındaki şekilsel farklılığı ortaya çıkartmak için yapılan DFA’da %65’in üzerindeki doğruluk ile alttürlerin kendi orijinal grupları içerisinde yer almasına göre analiz sonuçları değerlendirildiğinde, sırası ile 3. submarginal (%72,5), 1. medial (%68,8) ve 2. submarginal (%66,6) hücrenin alttürleri en iyi ayırt eden hücreler olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.33). Ortadoğu ve Türkiye alttürlerinin EFA’sında olduğu gibi *A. m. meda* populasyonları arasındaki şekilsel farklılığı ortaya çıkartmak için yapılan DFA’da %70’in üzerindeki doğruluk ile alttürlerin kendi orijinal grupları içerisinde yer almasına göre analiz sonuçları değerlendirildiğinde, sırası ile 1. medial (%82,1), 1. submarginal (%79,3) ve 2. submarginal (%70,3) hücrenin alttürleri en iyi ayırt eden hücreler olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.42). 2. Submarginal hücre, 2. kübital hücre hariç diğer hücreler ile komşu olan merkezde yer alan hücre olması ve diğer tüm hücrelerde meydana gelecek şekilsel değişimden dolayı olarak en fazla etkilenmesi açısından önemlidir. Bu merkezde yer alan hücrenin EFA sonucu, 2. Submarginal hücrenin hem Ortadoğu ve Türkiye alttürleri, hem de *A. m. meda* populasyonları için

ortak olarak en iyi ayırt edici karakterdeki hücrelerden olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.19, Çizelge 4.28, Çizelge 4.37).

Çalışma sonucunda bal arılarının ayırt edilmesinde kullanılan standart morfometrik karakterleri üzerinde taşıyan kanat hücrelerinin, aynı zamanda en iyi ayırt edici hücreler arasında yer aldığı ortaya çıkarılmıştır. 3. Submarginal hücre, bal arısı alttörlerini ayırt etmek için kullanılan standart morfometrik karakterlerden Kübital a ve Kübital b'yı üzerinde taşımaktadır (Ruttner, 1988, Çizelge 1.1). Bu hücrenin çalışmada da hem Ortadoğu'da yayılış gösteren alttörler, hem de Türkiye'de yayılış gösteren alttör grupları için en iyi ayırt edici hücreler arasında olduğu ve bu hücrenin EFA verileri ile yapılan DFA'da grupların yüksek doğruluk ile kendi orijinal grupları içerisinde yer aldığı görülmektedir (Çizelge 4.20, Çizelge 4.29). Benzer şekilde, Dedej ve Nazzi (1994) yaptıkları çalışmada, 2. Kübital hücrenin boyuna ölçümünü (D uzunluğu) bal arısı alttörlerini ayırt etmede morfometrik karakter olarak kullanmıştır. Aynı hücre bu çalışmada da Ortadoğu bal arısı alttörlerini ayırt eden en iyi hücrelerden biri olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.23).

Ön kanat hücrelerinin EFA'sı kullanılarak yapılan şekilsel analizi ile kanatta Landmark metodu ile yapılan çalışma karşılaştırıldığında, hiçbir hücrenin tek başına çok yüksek bir doğruluk ile tam olarak Ortadoğu ve Türkiye alttörlerini, *A. m. meda* populasyonlarını ayırt etmediği belirlenmiştir. Geometrik morfometrinin Landmark metodu kullanılarak aynı gruplar ile yapılan ön kanatta şekil analizi ile alttörlerin veya *A. m. meda* populasyonlarının ayırt edilmesinde daha iyi sonuçlar elde edilmiştir (Şekil 4.1, Şekil 4.3, Şekil 4.5). Ortadoğu alttörleri, Türkiye alttör grupları ve *A. m. meda*'nın populasyonları için yüksek doğruluk ile grupları ayırt eden hücrelerden elde edilen EFA verilerinin kombinasyonu ile DFA yapılmıştır. Bu şekilde DFA dağılım grafiğinde, alttör gruplarının veya populasyonların daha iyi gruplandığı ve bunların yüksek olasılıkla ile kendi grubu içinde yer aldığı ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.24, Çizelge 4.33, Çizelge 4.42). Kanat hücrelerinden elde edilen veriler birleştirildiğinde, analizlerde gruplar daha iyi ayrıldığı göz önüne alındığında, tüm kanatta Landmark metodu ile daha iyi sonuç elde edileceği desteklenmiş olmaktadır.

2. Submarginal hücre, 3. submarginal hücre ve 2. kübital hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan DFA dağılım grafiğinde, Ortadoğu bal arısı alttürleri iyi bir şekilde ayrılmıştır. *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. pomonella* alttürlerine ait koloniler ve *A. m. meda*'nın İran ve Kuzey Irak grubuna ait koloniler ayrı gruplar oluşturmuştur. *A. m. anatoliaca*'nın farklı coğrafik bölgelerdeki gruplarına ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubuna ait koloniler tek bir küme halinde ayrı bir grup oluşturmuştur (Şekil 4.18). Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait bal arısı grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%90,6) (Çizelge 4.24). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait grupların %85,7'si doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.25). 3. Submarginal, 1. medial ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan Türkiye'de yayılış gösteren alttür gruplarına ait DFA dağılım grafiğinde, *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica*'ya ait koloniler ayrı bir grup oluşturmuştur. *A. m. anatoliaca*'nın farklı gruplarına ve *A. m. meda*'nın Doğu ve Güneydoğu Anadolu grubuna ait koloniler ise tek bir küme halinde bir arada gruplanmıştır (Şekil 4.26). Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttür grupları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%87,5) (Çizelge 4.33). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, Türkiye'de yayılış gösteren bal arısı alttürlerine ait grupların %82,2'si doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 3.34). 1. Medial, 1. submarginal ve 2. submarginal hücrenin EFA verilerinin kombinasyonu ile yapılan *A. m. meda* populasyonlarına ait DFA dağılım grafiğinde, Ruttner'in (1988) bulundukları coğrafyaya göre gruplandığı populasyonlar üç grup oluşmuştur. Doğu ve Güneydoğu Anadolu kolonilerinin oluşturduğu 1. populasyon birinci grubu, Irak kolonilerinden oluşan 6. populasyon diğer grubu ve İran'da yayılış gösteren populasyonlar (2., 3. ve 4. populasyon) üçüncü grubu oluşturmuştur (Şekil 3.34). *A. m. meda* populasyonları yüksek bir doğruluk ile kendi orijinal grupları içinde yer almıştır (%89) (Çizelge 4.42). Çapraz-doğrulama testi sonucuna göre, *A. m. meda* populasyonlarının %81,4'ü doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır (Çizelge 4.43). Çalışma sonucunda, hücrelerden elde edilen EFA verilerinin kombinasyonu ile alttür gruplarının daha iyi ayırt edildiği dikkati çekmiştir.

Francoy vd. (2006) tarafından tek bir kanat hücresi Landmark metodu ile *A. mellifera* alttürlerini ayırt etmek için kullanılmıştır. Bu çalışmada da tek bir kanat hücresinde Outline metodu ile alttürler ayırt edilmeye çalışılmıştır. Bu şekilde Ortadoğu bal arısı alttürlerine ait kolonilerin en iyi ayırt edici hücelere (3. Submarginal hücre, 2. submarginal hücre ve 2. kübital hücre) göre %70-80 arasındaki doğruluk ile kendi orijinal grupları içerisinde yer aldığı bulunmuştur. Bu alttürlerin kendi orijinal gruplarına yerleşmedeki doğruluk yüzdesine bakıldığında, çalışmada alttürleri en iyi ayırt edici hücelere tek başlarına alttürleri ayırt etmek için kullanılabilir. Örneğin, tüm kanadın deforme olduğu ve zarar gördüğü durumlarda en iyi ayırt edici hücelere kullanılarak alttürler ayırt edilebilir.

O kolunda, *A. mellifera* alttürlerinde genel olarak kuzey bölgelerdeki alttürler büyük, siyah renkli ve uzun kıllı iken güneyde bulunanlar küçük, sarı vücut rengine sahip olup kısa kıllıdır. Bununla birlikte zoocoğrafik varyasyonda görülmektedir (Ruttner 1988). O kolu üyesi olan *A. m. syriaca* ve *A. m. cypria* güneyde yer alan alttürlerdir, kuzeydeki alttürlerden daha küçüktür ve sarı vücut rengine sahiptir. *A. m. caucasica* bu grup içerisinde en kuzeyde yer alan alttürdür ve büyük, siyah renkli ve uzun kıllı vücuda sahiptir. Aynı zamanda tez çalışmasında yer alan O kolu üyelerinden *A. m. cypria*, *A. m. meda*, *A. m. anatoliaca* ve *A. m. caucasica* Ruttner'in (1988) morfometrik ölçümleri sonucuna göre sırası ile artan kanat uzunluğu değerlerine sahiptir. Kanat uzunlukları arasındaki bu sıralama, kanat büyüklükleri ile ilişkilendirilirse, *A. m. cypria*, *A. m. meda*, *A. m. anatoliaca* ve *A. m. caucasica* sırası ile artan kanat büyüklüğüne sahiptir. Tez çalışmasında, toplam hücre alanları ve enlem verileri ile oluşturulan nokta yoğunluk grafiklerine göre, dikkat çekici nokta olarak en büyük toplam hücre alanına dolayısıyla en büyük ön kanada *A. m. caucasica*'nın en küçük toplam hücre alanına dolayısıyla en küçük ön kanada *A. m. cypria*'nın sahip olduğu belirtilebilir (Şekil 4.35). Toplam hücre alanları ve enlem verileri ile oluşturulan nokta yoğunluk grafiklerine göre, genel olarak enlem arttıkça hücre alan değerlerinin dolayısıyla kanat büyüklüğünün de arttığı söylenebilir. Bu durum diğer hayvan gruplarında klinal tipteki coğrafik varyasyon ile vücut büyüklüğünün değişimi olarak Bergmann's kuralı ile açıklanmaktadır. Ruttner (1988), Küçük bal arısı (*A. florea*) ile yaptığı çalışmalarda bu şekilde klinal tipteki coğrafik varyasyona dikkat çekmiştir. Bunu büyük arıların kuzeyde, küçük olanlarında

güneyde bulunması ile ifade etmiştir. Tahmasebi vd. (2002), Özkan vd. (2009) yine *A. florea*'nın İran populasyonlarında yaptıkları çalışmalar ile bu şekildeki coğrafik varyasyonu belirtmiştir.

Landmark metodunun etkinliği *A. mellifera* (Francoy vd. 2008, 2009a, Tofilski 2008, Kandemir vd. 2011), *A. florea* (Kandemir vd. 2009), iğnesiz (stingless) arılar (Francoy vd. 2009b, Francoy vd. 2011), *Bombus* (Aytekin vd. 2007) ve diğerleri (Villemant vd. 2007) ile yapılan çalışmalarda gösterilmiştir. Kandemir vd. (2011) yaptığı çalışmada dört bal arısı kolunun ve bu kollarda yer alan 24 bal arısı alttürünün ön kanattaki landmarklara bağlı olarak çok iyi bir şekilde ayırt edildiğini ortaya koymuştur. Tofilski (2008) üç bal arısı alttürü (*A. m. mellifera*, *A. m. carnica* ve *A. m. caucasica*) ile yaptığı çalışmada geometrik morfometrinin bu alttürleri, klasik morfometriye göre daha iyi bir şekilde ayırt ettiğini göstermiştir. Tofilski (2008), Kandemir vd. (2011) ve Miguel vd. (2011)'nin yaptıkları çalışmalar bal arısı kollarını ve alttürlerini ayırt etmek için geometrik morfometri yaklaşımının Landmark metodunun kullanılabilirliğini ve önemini göstermektedir. Bununla beraber, Francoy vd. (2008) klasik morfometrinin ve moleküler tekniklerin kullanımının bal arılarını tanımlamada pahalı ve zaman gerektirici olduğunu, Francoy vd. (2011) tür içi veya türler arası değerlendirmede geometrik morfometrinin basit, aydınlatıcı, hızlı ve ucuz bir araç olduğunu vurgulamıştır. Bu tez çalışması da geometrik morfometri yaklaşımının Outline metodu-EFA uygulanarak kanat hücrelerinin şekilsel farklılıklarına bağlı olarak bal arısı alttürlerinin ayırt edilebileceğini göstermesi açısından önemlidir. Özellikle Kübital a ve Kübital b gibi morfometrik çalışmalarda kullanılan karakterleri üzerinde taşıyan 3. submarginal hücrenin EFA'sı ile, diğer hücrelerin merkezinde bulunan ve bu hücrelerdeki olası değişikliklerden etkilenen 2. submarginal hücrenin EFA'sı ile, ayrıca hücrelerden elde edilen EFA verilerinin birlikte kombinasyonu ile alttürleri ayırmada daha iyi sonuçlar elde edilebileceğini göstermesi açısından bu çalışmada son derece önemli sonuçlar elde edilmiştir.

5.3 Sonular ve neriler

Kanat ve kanat hcrelerinin ekline baėlı olarak Ortadoėu bal arısı alttrleri ile ilgili yapılan ilk geometrik morfometrik analizi alıřması olması aısından son derece nemli sonular ıkarılmıřtır. zellikle Outline metodu kullanılarak *A. mellifera* alttrlerinde kanat hcrelerinin EFA'sı ile yapılan ilk alıřma olması aısından son derece nemli ıkarımlar olmuřtur.

1. Landmark verisine baėlı olarak yapılan DFA'da tm Ortadoėu alttrleri birbirlerinden aık řekilde ayrılmıřtır. Kanat hcrelerinin (2. submarginal, 3. submarginal ve 2. kbital hcreler) EFA verilerinin kombinasyonuna baėlı olarak yapılan DFA'da *A. m. caucasica*, *A. m. cypria*, *A. m. pomonella* ve *A. m. meda*'nın İran ve Irak'daki kolonileri birbirlerinden aık řekilde ayrılmıřtır. *A. m. anatoliaca* kolonileri ve *A. m. meda*'nın Doėu ve Gneydoėu Anadolu kolonileri rtřen kmeler gstermiřtir.

2. Thin Plate Spline ile deformasyon gridleri zerinde landmark noktalarına baėlı řekisel deėiřimin alttrlerde ikili karřılařtırmasında, tm alttrlerin *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. pomonella* ile olan eřleřmelerinde en fazla řekisel farklılık grlmřtir. zellikle tm alttr gruplarının *A. m. pomonella* ile olan karřılařtırmasında, řekisel deėiřimin ok fazla olduėu ve bu řekisel deėiřimde hemen hemen tm landmark noktalarının rol oynadıėı grlmřtir.

3. Yapılan analizler sonucu, Outline metoduna gre Landmark metodu ile alttrlerin veya popülasyonların daha iyi bir řekilde ayrıldıėı belirlenmiřtir. Bu řekilde DFA daėılım grafiėinde, alttrlerin daha iyi gruplandıėı ve bunların yksek olasılıkla ile kendi grubu iinde yer aldıėı ortaya ıkmıřtır. Outline metodunda ise, her bir hcrenin EFA verileri ile yapılan analizlere gre, hcrelerin EFA verilerinin kombinasyonu ile alttrler veya gruplar daha iyi bir řekilde ayrılmıřtır.

4. Kanat hcrelerinin Outline metodu ile řekisel analizi ve kanatta Landmark metodu ile yapılan alıřma karřılařtırıldıėında, hibir hcrenin tek bařına ok yksek bir

doğruluk ile Ortadoğu ve Türkiye alttürleri ile *A. m. meda* popülasyonlarını ayırt etmediği belirlenmiştir. Fakat bal arısı alttürlerini ve popülasyonlarını ayırt etmede, 1. submarginal, 2. submarginal, 3. submarginal, 1. medial ve 2. kübital hücrenin en ayırt edici hücreler olduğu yapılan çok değişkenli istatistiksel analizler ile belirlenmiştir.

5. Ortadoğu alttürleri arasındaki farklılıkları ayırmada kullanılan analizler sonucunda ise, standart morfometrik çalışmalarda kullanılan kübital a ve b değerlerini üzerinde taşıyan 3. submarginal hücrenin en ayırt edici karakter olduğu bulunmuştur. 2. Kübital hücre hariç diğer hücreler ile komşu olan ve merkezde yer alan 2. submarginal hücrenin hem Ortadoğu ve Türkiye alttürleri, hem de *A. m. meda* popülasyonları için ortak olarak en iyi ayırt edici karakterdeki hücre olduğu belirlenmiştir.

6. Toplam hücre alanları ve enlem verileri ile oluşturulan nokta yoğunluk grafiklerine göre O kolu üyelerinden (*A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. cypria* ve *A. m. meda*) en büyük toplam hücre alanına dolayısıyla en büyük ön kanada *A. m. caucasica*'nın, en küçük toplam hücre alanına dolayısıyla en küçük ön kanada *A. m. cypria*'nın sahip olduğu söylenebilir.

7. Bal arısı alttürlerini tanımlamada ve ayırt etmede, geometrik morfometri güçlü bir araçtır ve bu yaklaşım bal arısı alttürleri ile yapılan çalışmalarda gerek tek başına, gerekse diğer teknikler ile beraber kullanılabilir.

8. Bal arısı alttürlerinin ve popülasyonlarının ayırt edilmesinde, Landmark metodu kullanılarak bal arısı alttürlerinde kanatların şekil analizi yaygın olarak kullanılmaktadır. Bal arılarında kanatların şekil analizi coğrafik varyasyonları, şekil farklılıklarını, popülasyon yapısını veya taksonomik kategorizasyonu bulmak için düşük veya yüksek taksonomik düzeylerde kullanılabilir. Üstelik kanat ve kanat hücrelerinin geometrik morfometrik analizi, standart morfometrik analizlerin üzerinde avantajlara sahip olabilir.

KAYNAKLAR

- Adam, B. 1983. In Search of Best Strains of Honeybees. 2nd Edition, Northern Bee Books, 206p., UK.
- Adams, D.C., Rohlf, F.J. and Slice, D.E. 2004. Geometric morphometrics: ten years of progress following the 'revolution'. Ital. J. Zool., Vol. 71; pp. 5-16.
- Adl, M.B.F., Gencer, H.V., Fıratlı, C. and Bahreini, R. 2007. Morphometric characterization of Iranian (*Apis mellifera meda*), Central Anatolian (*Apis mellifera anatoliaca*) and Caucasian (*Apis mellifera caucasica*) honey bee populations). J. Apic. Res. and Bee World, Vol. 46; pp. 225-231.
- Adriaens, D. 2008. Multivariate data analysis in Morphology, 2- Analysis of landmark data. Lecture note-ppt presentation, Gent University, Department of Biology, Gent, Belgium.
- Alpatov, W.W. 1929. Biometrical studies on variation and races of the honeybee *Apis mellifera* L. Rev. Biol., Vol. 4; pp. 1-57.
- Anonymous. 2004. SPSS for Windows, release 13.0 standard version. SPSS Inc., 1989-2004.
- Anonymous. 2006. The honeybee genome sequencing consortium. Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*. Nature, Vol. 443; pp. 931-949.
- Anonymous. 2007. A student version of Systat, version 12.02. SYSTAT Software Inc., 2007.
- Arias, M.C. and Sheppard, W.S. 1996. Molecular phylogenetics of honey bee subspecies (*Apis mellifera* L.) inferred from mitochondrial DNA sequence. Mol. Phylogenet. Evol., Vol. 5(3); pp. 557-566.
- Arias, M.C. and Sheppard, W.S. 2005. Phylogenetic relationships of honey bees Hymenoptera: Apinae: Apini) inferred from nuclear and mitochondrial DNA sequence data. Mol. Phylogenet. Evol., Vol. 37; pp. 25-35.
- Asal, S., Kocabaş, S., Elmacı, C. and Yıldız, M.A. 1995. Enzyme polymorphism in honey bee (*Apis mellifera* L.) from Anatolia. Turk. J. Zool., Vol. 19; pp. 153-156.

- Aytekin, A.M., Terzo, M., Rasmont, P. and Çağatay, N. 2007. Landmark based geometric morphometric analysis of wing shape in *Sibiricobombus* Vogt (Hymenoptera: Apidae: *Bombus* Latreille). Ann. Soc. Entomol., Vol. 43(1); pp. 95-102.
- Bodur, C., Kence, M. and Kence, A. 2007. Genetic structure of honeybee, *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) populations of Turkey inferred from microsatellite analysis. J. Apic. Res., Vol. 46(1); pp. 50-56.
- Bookstein, F.L., Strauss, R.E., Humphries, J.M., Chernoff, B., Elder, R.L. and Smith, G.R. 1982. A comment upon the uses of Fourier methods in systematics. Syst. Zool., Vol. 31; pp. 85–92.
- Bookstein, F.L. 1991. Morphometric tools for landmark data: Geometry and Biology. Cambridge University Press, 435 p., New York.
- Bookstein, F.L. 1996. Biometrics, biomathematics and the morphometric synthesis. Bull. Math. Biol., Vol. 58(2); pp. 313–365.
- Bookstein, F.L., Schafer, K., Prossinger, H., Seidler, H., Fieder, M., Stringer, C., Weber, G.W., Arsuaga, J.L., Slice, D.E., Rohlf, F.J., Recheis, W., Mariam, A.J. and Marcus, L.F. 1999. Comparing frontal cranial profiles in archaic and modern *Homo* by morphometric analysis. Anat. Rec., Vol. 257; pp. 217-224.
- Crampton, J.S. 1995. Elliptic Fourier shape analysis of fossil bivalves: some practical considerations. Lethaia, Vol. 28; pp. 179–186.
- Daly, H.V., Hoelmer, K., Norman, P. and Allen, T. 1982. Computer assisted measurement and identification of honey bees. Ann. Entomol. Soc. Am., Vol. 75; pp. 591-594.
- De La Riva, J., Le Pont, F., Ali, V., Matias, A., Mollinedo, S. and Dujardin, J.P. 2001. Wing geometry as a tool for studying the *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae) complex. Mem. Inst. Oswaldo Cruz, Vol. 96(8); pp. 1089-1094.
- Dedej, S. and Nazzi, F. 1994. Two distances of forewing venation as estimates of wing size. J. Apic. Res., Vol. 33; pp. 59-61.
- Diniz-Filho, J.A.F., Hepburn, H.R., Radloff, S. and Fuchs, S. 2000. Spatial analysis of morphometrical variation in African honeybees (*Apis mellifera* L.) on a continental scale. Apidologie, Vol. 31; pp. 191-204.

- Dryden, I.L. and Mardia, K.V. 1998. Statistical shape analysis. John Wiley and Sons, 347 p., New York.
- Ehrlich, R. and Weinberg, B. 1970. An exact method for the characterization of grain shape. *Sed. Petrol.*, Vol. 40; pp. 205-212.
- Engel, M.S. 1999. The taxonomy of recent and fossil honey bees (Hymenoptera: Apidae; *Apis*). *J. Hymenoptera Res.*, Vol. 8; pp. 165–196.
- Estoup, A., Garnery, L., Solignac, M. and Cornuet, J.M. 1995. Microsatellite variation in (*Apis mellifera* L) populations: hierarchical genetic structure and test of the infinite allele and stepwise mutation models. *Genetics*, Vol. 140; pp. 679-695.
- Ferreira, K.M., Silva, O.L., Arias, M.C. and Del Lama, M.A. 2009. Cytochrome-b variation in *Apis mellifera* samples and its association with COI-COII patterns. *Genetica*, Vol. 135; pp. 149-155.
- Ferson, S., Rohlf, F.J. and Koehn, R.K. 1985. Measuring shape variation of two-dimensional outlines. *Syst. Zool.*, Vol. 34; pp. 59-68.
- Franck, P., Garnery, L., Solignac, M. and Cornuet, J.M. 1998. The origin of west European subspecies of honeybees (*Apis mellifera*): New insights from microsatellite and mitochondrial data. *Evolution*, Vol. 52(4); pp. 1119-1134.
- Franck, P., Garnery, L., Solignac, M. and Cornuet, J.M. 2000a. Molecular confirmation of a fourth lineage in honeybees from the near east. *Apidologie*, Vol. 31; pp. 167-180.
- Franck, P., Garnery, L., Celebrano, G., Solignac, M. and Cornuet, J.M. 2000b. Hybrid origins of honeybees from Italy (*Apis mellifera ligustica*) and Sicily (*A.m. sicula*). *Mol. Ecol.*, Vol. 9; pp. 907-921.
- Franck, P., Garnery, L., Loiseau, A., Oldroyd, B.P., Hepburn, H.R., Solignac, M. and Cornuet, J.M. 2001. Genetic diversity of the honeybee in Africa: microsatellite and mitochondrial data. *Heredity*, Vol. 86; pp. 420-430.
- Francoy, T.M., Prado, P.R.R., Gonçalves, L.S., Da Fontoura Costa, L. and De Jong, D. 2006. Morphometric differences in a single wing cell can discriminate *Apis mellifera* racial types. *Apidologie*, Vol. 37; pp. 91–97.

- Francoy, T.M., Wittmann, D., Drauschke, M., Müller, S., Steinhage, V., Bezerra-Laure, M.A.F., De Jong, D. and Gonçalves, L.S. 2008. Identification of Africanized honey bees through wing morphometrics: two fast and efficient procedures. *Apidologie*, Vol. 39(5); pp. 488-494.
- Francoy, T.M., Wittmann, D., Steinhage, V., Drauschke, M., Müller, S., Cunha, D.R., Nascimento, A.M., Figueiredo, V.L.C., Simões, Z.L.P., De Jong, D., Arias, M.C. and Gonçalves, L.S. 2009a. Morphometric and genetic changes in a population of *Apis mellifera* after 34 years of Africanization. *Genet. Mol. Res.*, Vol. 8(2); pp. 709-717.
- Francoy, T.M., Silva, R.A.O., Nunes-Silva, P., Menezes, C. and Imperatriz-Fonseca, V.L. 2009b. Gender identification in five genera of stingless bees (Apidae, Meliponini) based on wing morphology. *Gen. Mol. Res.*, Vol. 8; pp. 207-214.
- Francoy, T.M., Grassi, M.L., Imperatriz-Fonseca, V.L., May-Itzá, W.d.J. and Quezada Euán, J.J.G. 2011. Geometric morphometrics of the wing as a tool for assigning genetic lineages and geographic origin to *Melipona beecheii* (Hymenoptera: Meliponini). *Apidologie*, Vol. 42; pp. 499-507.
- Garnery, L., Cornuet, J.M. and Solignac, M. 1992. Evolutionary history of the honeybee *Apis mellifera* inferred from mitochondrial DNA analysis. *Mol. Ecol.*, Vol. 1; pp. 145-154.
- Garnery, L., Solignac, M., Celebrano, G. and Cornuet, J.M. 1993. A simple test using restricted PCR amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera* L. *Experientia*, Vol. 49; pp. 1016-1021.
- Garnery, L., Mosshine, E.H. and Cornuet, J.M. 1995. Mitochondrial DNA variation in Moroccan and Spanish honey bee populations. *Mol. Ecol.*, Vol. 4; pp. 465-471.
- Gencer, H.V. and Firatlı, C. 1999. Morphological characteristics of the Central Anatolian (*A. m. anatoliaca*) and Caucasian (*A. m. caucasica*) honey bees. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, Vol. 23(1); pp. 107-113.
- Güler, A. and Kaftanoğlu, O. 1999. Morphological characters of some important races and ecotypes of Turkish honeybees (*Apis mellifera* L.)-I. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, Vol. 23(3); pp. 565-570.

- Güler, A., Akyol, E., Gokce, M. and Kaftanoğlu, O. 2002. The Discrimination of Artvin and Ardahan honeybees (*Apis mellifera* L.) using morphological characteristics. Turk. J. Vet. Anim. Sci., Vol. 26; pp. 595-603.
- Hall, H.G. 1990. Parental analysis of introgressive hybridization between African and European honeybees using nuclear DNA RFLPs. Genetics, Vol. 125; pp. 611-621.
- Hall, H.G. and Lee, M.L. 2007. Amplification of three unlinked regions of honey bee (Hymenoptera: Apidae) DNA with polymorphisms at high frequencies in East European subspecies. Genetics, Vol. 100(1); pp. 64-68.
- Hammer, O., Harper, D.A.T. and Ryan, P.D. 2001. PAST, version 2.05, Paleontological statistics software package for education and data analysis. Paleontol. Electron., Vol. 4; pp. 1-9.
- Jungers, W.L., Falsetti, A.B. and Wall, C.E. 1995. Shape, relative size, and size-adjustments in morphometrics. Yearb. Phys. Anthropol., Vol. 38; pp. 137-161.
- Kandemir, I. and Kence, A. 1995. Allozyme variability in a Central Anatolian honeybee (*Apis mellifera* L.) population. Apidologie, Vol. 26; pp. 503-510.
- Kandemir, I., Kence, M. and Kence, A. 2000. Genetic and morphometric variation in honeybee (*Apis mellifera* L.) populations of Turkey. Apidologie, Vol. 31; pp. 343-356.
- Kandemir, I., Ozkan, A. and Moradi, M.G. 2004. A scientific note on allozyme variability in Persian honey bees (*Apis mellifera meda*) from the Elburz mountains in Iran. Apidologie, Vol. 35(5); pp. 521-522.
- Kandemir, I., Kence, M. and Kence, A. 2005. Morphometric and electrophoretic variation in different honeybee (*Apis mellifera* L.) populations. Turk. J. Vet. Anim. Sci., Vol. 29; pp. 885-890.
- Kandemir, I., Kence, M., Sheppard, W.S. and Kence, A. 2006a. Mitochondrial DNA variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from Turkey. J. Apic. Res., Vol. 45(1); pp. 33-38.
- Kandemir, I., Pinto, M.A., Meixner, M.D. and Sheppard, W.S. 2006b. Hinf-I digestion of cytochrome oxidase I region is not a diagnostic test for *A. m. lamarckii*. Genet. Mol. Biol., Vol. 29(4); pp. 747-749.

- Kandemir, I., Moradi, M.G., Özden, B. and Özkan, A. 2009. Wing geometry as a tool for studying the population structure of dwarf honey bees (*Apis florea* Fabricius 1876) in Iran. J. Apic. Res., Vol. 48; pp. 238-246.
- Kandemir, I., Özkan, A. and Fuchs, S. 2011. Reevaluation of honeybee (*Apis mellifera*) microtaxonomy: a geometric morphometric approach. Apidologie, Vol. 42; pp. 618-627.
- Karacaoğlu, M. and Fıratlı, C. 1998. Bazı Anadolu bal arısı ekotipleri (*Apis mellifera anatoliaca*) ve melezlerinin özellikleri. I. Morfolojik özellikler. Turk. J. Vet. Anim. Sci., Vol. 22; pp. 17-21.
- Kauhausen-Keller, D., Ruttner, F. and Keller, R. 1997. Morphometric studies on the microtaxonomy of the species *Apis mellifera* L. Apidologie, Vol. 28; pp. 295-307.
- Kence, M., Farhoud, H.J. and Tunca, R.I. 2009. Morphometric and genetic variability of honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from northern Iran. J. Apic. Res. and Bee World, Vol. 48(4); pp. 247-255.
- Kendall, D.G. 1984. Shape-manifolds, Procrustean metrics and complex projective spaces. Bull. London Math. Soc., Vol. 16; pp. 81-121.
- Koeniger, N. and Koeniger, G. 2000. Reproductive isolation among species of the genus *Apis*. Apidologie, Vol. 31; 313-339.
- Kuhl, F.P. and Giardina, C.R. 1982. Elliptic Fourier features of a closed contour. Comp. Graph Imag. Proc., Vol. 18; pp. 236-258.
- Lele, S. and Richtsmeier, J.T. 1991. Euclidean distance matrix analysis: A coordinate free approach for comparing biological shapes using landmark data. Am. J. Phys. Anthropol., Vol. 86; pp. 415-428.
- Lele, S. and Richtsmeier, J.T. 2001. An invariant approach to statistical analysis of shapes. Chapman and Hall-CRC Press, 308 p., London.
- Lestrel, P.E. 1982. A Fourier analytic procedure to describe complex morphological shape, In: A Factors and mechanisms influencing bone growth. Dixon, A.D. and Sarnat, B.G. (eds), Alan Liss Inc., pp. 393-409, New York.
- Lestrel, P.E. 1997. Fourier descriptors and their applications in biology. Cambridge University Press, 478 p., UK.

- Marcus, L.F. 1990. Traditional morphometrics, In: Proceedings of the Michigan morphometrics workshop. Rohlf, F.J. and Bookstein, F.L. (eds), University of Michigan Museum of Zoology, pp. 77-122, Ann Arbor.
- Meixner, A. and Meixner, M.D. 2004. Bee2 morphometric software. 1996–2004, Frankfurt, Germany.
- Michener, C.D. 2007. The bees of the world. The Johns Hopkins University Press, 972 p., Baltimore, Maryland.
- Miguel, I., Baylac, M., Iriondo, M., Manzano, C., Garnery, L. and Estonba, A. 2011. Both geometric morphometric and microsatellite data consistently support the differentiation of the *Apis mellifera* M evolutionary branch. *Apidologie*, Vol. 42(2); pp. 150-161.
- Moellering, H. and Rayner, J.N. 1981. The harmonic analysis of spatial shapes using dual axis Fourier shape analysis (DAFSA). *Geographical Anal.*, Vol. 13; pp. 64-77.
- Monteiro, L.R., Diniz-Filho, J.A.F., Dos Reis, S.F. and Araújo, E.D. 2002. Geometric estimates of heritability in biological shape. *Evolution*, Vol. 56(3); pp. 563-572.
- Moraes, E.M., Spressola, V.L., Prado, P.R.R., Costa, L.F. and Sene, F.M. 2004. Divergence in wing morphology among sibling species of the *Drosophila buzzatii* cluster. *J. Zool. Syst. Evol. Res.*, Vol. 42; pp. 154-158.
- Oden, N.L. 1984. Assessing the significance of a spatial correlogram. *Geogr. Anal.*, Vol. 16(1); pp. 1-16.
- Otis, G.W. 1996. Distribution of recently recognized species of honeybees (Hymenoptera: Apidae: *Apis*) in Asia. *J. Kansas Entomol. Soc.*, Vol. 69; pp. 311-333.
- Özdil, F., Yıldız, M.Y. and Hall, H.G. 2009. Molecular characterization of Turkish honey bee populations (*Apis mellifera*) inferred from mitochondrial DNA RFLP and sequence results. *Apidologie*, Vol. 40; pp. 570–576.
- Özkan, A., Gharleko, M.M., Özden, B. and Kandemir I. 2009. Multivariate Morphometric Study on *Apis florea* Distributed in Iran. *Turk. J. Zool.*, Vol. 33; pp. 93-102.
- Packer, G.J. and Owen, R.J. 1992. Intra-articular dislocation of the patella. *Arc. Emer. Med.*, Vol. 9; pp. 244-245.

- Palmer, M.R., Smith, D.R. and Kaftanoğlu, O. 2000. Turkish honeybees: genetic variation and evidence for a fourth lineage of *Apis mellifera* mtDNA. J. Hered., Vol. 91; pp. 42-46.
- Pamilo, P., Varvio-Aho, S.L. and Pekkarinen, A. 1978. Low levels of heterozygosity in Hymenoptera as a consequence of haplodiploidy. Hereditas, Vol. 88; pp. 93-99.
- Pavlinov, Y. 2001. Geometric morphometrics, a new analytical approach to comparison of digitized images, In: Information technologies in biodiversity research. pp. 40-64, St.Petersburg.
- Rinderer, T.E. 1986. Bee genetics and breeding. Academic Press, 426 p., Orlando, Florida.
- Rohlf, F.J. and Archie, J.W. 1984. A comparison of Fourier methods for the description of wing shape in mosquitoes (Diptera: Culicidae). Syst. Zool., Vol. 33; pp. 302–317.
- Rohlf, F.J. 1990. Fitting curves to outlines, In: Proceedings of the morphometrics workshop. Rohlf, F.J. and Bookstein, F.L. (eds), The University of Michigan Museum Zoology, pp. 167–177.
- Rohlf, F.J. and Slice, D.E. 1990. Extensions of the Procrustes method for the optimal superimposition of landmarks. Syst. Zool., Vol. 39; pp. 40-59.
- Rohlf, F.J. and Marcus, L.F. 1993. A revolution in morphometrics. Trends Ecol. Evol., Vol. 8; pp. 129–132.
- Rohlf, F.J. 2004. NTSYS-PC, Numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.2. Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Exeter Software, Stony Brook, New York.
- Rohlf, F.J. 2008a. tpsUtil, version 1.40. Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Stony Brook, New York.
- Rohlf, F.J. 2008b. tpsDIG, version 2.12. Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Stony Brook, New York.
- Rohlf, F.J. 2008c. tpsSmall, version 1.40. Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Stony Brook, New York.
- Rohlf, F.J. 2011. Web sayfası: <http://life.bio.sunysb.edu/morph/>, Erişim Tarihi: 01.11 2011.

- Rothenbuhler, W.C., Kulinčević, J.M. and Kerr, W.E. 1968. Bee genetics. *Ann. Rev. Genet.*, Vol. 2; pp. 413-438.
- Ruttner, F., Tassencourt, L. and Louveaux, J. 1978. Biometrical-statistical analysis of the geographic variability of *Apis mellifera* L. *Apidologie*, Vol. 9(4); pp. 363–381.
- Ruttner, F. 1988. Biogeography and taxonomy of honeybees. Springer-Verlag, 284 p., Berlin, Heidelberg.
- Ruttner, F. 1992. Naturgeschichte der Honigbienen. Ehrenwirth Verlag, 357 p., München.
- Schröder, S., Drescher, W., Steinhage, V. and Kastenholz, B. 1995. An Automated Method for the Identification of Bee Species (Hymenoptera: Apoidea), In: Proc. intern. symp. on conserving Europe's bees. Int. Bee Research Assoc. & Linnean Society, pp. 6–7, UK.
- Sheppard, W.S., Arias, M.C., Meixner, M.D. and Grech, A. 1997. *Apis mellifera ruttneri*, a new honeybee subspecies from Malta. *Apidologie*, Vol. 28; pp. 287-293.
- Sheppard, W.S. and Smith, D.R. 2000. Identification of African-Derived bees in the Americas: A Survey of methods. *Ann. Entomol. Am.*, Vol. 93(2); pp. 159-176.
- Sheppard, W.S. and Meixner, M.D. 2003. *Apis mellifera pomonella*, a new honey bee subspecies from Central Asia. *Apidologie*, Vol. 34; pp. 367-375.
- Slice, D.E., Bookstein, F.L., Marcus, L.F. and Rohlf, F.J. 1996. A glossary for geometric morphometrics, In: *Advances in Morphometrics*. Marcus, L.F., Corti, M., Loy, A., Naylor, G.J.P. and Slice, D.E. (eds), Plenum Press, pp. 531–551, New York.
- Slice, D.E. 2002. Morpheus, For morphometric research software. Department of Biomedical Engineering Wake Forest University School of Medicine, Winston, Salem.
- Small, C. 1996. The statistical theory of shape. Springer, 227 p., New York.
- Smith, D.R., Taylor, O.R. and Brown, W.M. 1989. Neotropical Africanized honey bees have African mitochondrial DNA. *Nature*, Vol. 339; pp. 213-215.

- Smith, D.R. 1991. Mitochondrial DNA and honeybee biogeography, In: Diversity in the genus *Apis*. Smith, D.R. (ed) Westview Press and IBH Publ., Oxford, pp. 131-176.
- Smith, D.R., Slaymaker, A., Palmer, M. and Kaftanoğlu, O. 1997. Turkish honeybees belong to the east Mediterranean mitochondrial lineage. *Apidologie*, Vol. 28; pp. 269-274.
- Sokal, R.R. and Oden, N.L. 1978. Spatial autocorrelation in biology. 1. Methodology. *Biol. J. Linn. Soc.*, Vol. 10; pp. 199-228.
- Suazo, A., McTiernan, R. and Hall, H.G. 1998. Differences between African and European honey bees (*Apis mellifera*) in random amplified polymorphic DNA (RAPD). *J. Hered.*, Vol. 89; pp. 32-36.
- Suazo, A. and Hall, H.G. 1999. Modification of the AFLP protocol applied to honey bee (*Apis mellifera*) DNA. *Biotechniques*, Vol. 26(4); pp. 704-5, 708-9.
- Suazo, A. and Hall, H.G. 2002. Nuclear DNA PCR-RFLPs that distinguish African and European honey bee groups of subspecies. I: Comparison of Long PCR and Standard PCR to Screen for Polymorphisms. *Biochem. Genet.*, Vol. 40; pp. 225-239.
- Tahmasebi, G., Ebadi, R., Tajabadi, N., Akhondi, N. and Faraji, S. 2002. The effect of geographical and climatological conditions on the morphometrical variation and separation of Iranian small honeybee (*Apis florea* F.) populations. *Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources*, Vol. 6; pp. 176-185.
- Tofilski, A. 2008. Using geometric morphometrics and standard morphometry to discriminate three honeybee subspecies. *Apidologie*, Vol. 39(5); pp. 558-563.
- Villemant, C., Simbolotti, G. and Kenis, M. 2007. Discrimination of *Eubazus* (Hymenoptera, Braconidae) sibling species using geometric morphometrics analysis of wing venation. *Syst. Entomol.*, Vol. 32; pp. 625-634.
- Wartenberg, D. 1989. SAAP: Spatial autocorrelation analysis program. Exeter Publishing, New York.

- Whitfield, C.W., Behura, S.K., Berlocher, S.H., Clark, A.G., Johnston, J.S., Sheppard, W.S., Smith, D.R., Suarez, A.V., Weaver, D. and Tsutsui, N.D. 2006. Thrice out of Africa: Ancient and recent expansions of the honey bee, *Apis mellifera*. Science, Vol. 314; pp. 642-645.
- Wilson, E.O. 1971. Insect Societies. Harvard University Press, 548 p., Cambridge, Massachusetts.
- Wongsiri, S. 2011. The new species of honey bees and their livelihood in Asia. XXXXII. Apimondia Congress, pp. 143, Buenos Aires, Argentina.
- Zahn, C.T. and Roskies, R.Z. 1972. Fourier descriptors for plane closed curves. IEEE Trans. Comp., Vol. C-21; pp. 269-281.
- Zelditch, M.L., Swiderski, D.L., Sheets, H.D. and Fink, W.L. 2004. Geometric morphometrics for biologists. A primer, Elsevier Academic Press, 443 p., New York and London.

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Ayça ÖZKAN KOCA

Doğum Yeri : Zonguldak

Doğum Tarihi : 26.09.1977

Medeni Hali : Evli

Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl) :

Lisans : Hacettepe Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü-2001

Yüksek Lisans : Zonguldak Karaelmas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı-2005

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl : -

Yayınları (SCI ve diğer)

SCI (Science Citation Index) Tarafından Taranan Dergilerdeki Yayınları:

1. Kandemir, I., **Ozkan, A.** and Moradi, M.G. 2004. A scientific note on allozyme variability in Persian honey bees (*Apis mellifera meda*) from the Elburz mountains in Iran. *Apidologie*, Vol. 35(5), pp. 521-522 (SCI-Core).
2. Kandemir, I., Meixner, M.D., **Ozkan, A.** and Sheppard, W.S. 2006. Genetic characterization of honey bee (*Apis mellifera cypria*) populations in northern Cyprus. *Apidologie*, Vol. 37(5), pp. 547-555 (SCI-Core).
3. Kandemir, İ., Moradi, M.G., Özden, B. and **Özkan, A.** 2009. Wing geometry as a tool for studying the population structure of dwarf honey bees (*Apis florea* Fabricius 1876) in Iran. *Journal of Apicultural Research*, Vol. 48(4), pp. 238-246 (SCI-Core).
4. **Özkan, A.**, Gharleko, M., Özden, B. and Kandemir, İ. 2009. Multivariate morphometric study on *Apis florea* distributed in Iran. *Turkish Journal of Zoology*, Vol. 33(1), pp. 93-102 (SCI-Expanded).
5. Kandemir, İ., **Özkan, A.** and Fuchs, S. 2011. Reevaluation of microtaxonomy of honey bee (*Apis mellifera* L) microtaxonomy: A geometric morphometric approach. *Apidologie*, Vol. 42(5), pp. 618-627 (SCI-Core).

Diğer Yayınları:

1. **Özkan, A.** and Kandemir, İ. 2010. Discrimination of Western honey bee populations of Turkey using geometric morphometric methods: Outline and landmark approaches. *Bee World*, Vol. 87(2), pp. 24-26.
2. **Özkan, A.** 2010. 4. Avrupa Arıcılık Konferansı (Eurbee 2010)'nın Ardından. *Uludağ Arıcılık Dergisi*, Vol. 10(4), 108-111.
3. Çakmak, İ., **Özkan, A.**, Çakmak, S.S. and Kandemir, İ. 2011. A Preliminary study on discrimination of different infestation levels of parasite (*Varroa destructor*) by wing geometric morphometric analysis on honey bees. *Uludağ Bee Journal*, Vol. 11(4), pp. 118-123.

Uluslararası Kongre Bildirileri:

1. Kandemir, İ., Meixner, M.D., **Ozkan, A.** and Sheppard, W.S. 2003. Morphometric, allozymic and mtDNA variation in (*Apis mellifera cypria*, POLLMANN 1879) honeybee populations in Northern Cyprus. XXXVIII Apimondia Congress, August, Slovenia, Abstract number 394 (Sözlü Bildiri).
2. Kandemir, İ., **Ozkan, A.** and Moradi, M.G. 2003. Morphometric and allozyme variability in Persian bee populations from Elbruz mountains in Iran. XXXVIII Apimondia Congress, August, Slovenia, Abstract number 395 (Poster).
3. Kandemir, İ., **Ozkan, A.** and Fuchs, S. 2008. Geometric morphometric analysis of honey bee subspecies distributed in Turkey and reference samples from Oberursel database. 1st International Muğla Beekeeping and Pine Honey Congress, Muğla, 25-27 November 2008, p. 317 (Tam metin-Poster).
4. Kandemir, İ., **Ozkan, A.** and Fuchs, S. 2009. Geometric morphometric approach to subspecies discrimination in honey bees (*Apis mellifera*). XXXXI. Apimondia Congress, 15-20 September, Montpellier-France. (Sözlü Bildiri)
5. **Ozkan, A.** and Kandemir, İ. 2009. Geometric morphometric analysis of honey bee (*Apis mellifera* L.) subspecies distributed in Turkey. XXXXI. Apimondia Congress, 15-20 September, Montpellier-France (Poster).

6. Kandemir, I. and **Ozkan, A.** 2010. Honey bees of Western Turkey and pine honey. International Symposium on Authenticity and Quality of Bee Products and the 2nd World Symposium on Honeydew Honey, 7-10 April, Mediterranean Agronomic Institute, Chania, Crete, Greece, Abstract number 16 (Sözlü Bildiri).
7. **Ozkan, A.**, Moradi, M.G. and Kandemir, İ. 2010. Wing shape analysis of honey bee subspecies distributed in Middle East using landmark method. 4th European Conference of Apidology (EurBee Congress), 7-9 September 2010, Metu-Ankara, Turkey, p. 62 (Sözlü Bildiri).
8. Akıner, M.M., **Ozkan, A.** and Ekşi, E. 2011. Morphometric analysis of the housefly *Musca domestica* and morphometric characters expression under the pressure of the pesticide. EMCA 2011: 6th European Mosquito Control Association Workshop, 12-15 September, Budapest, Hungary (Poster).
9. **Ozkan, A.**, Moradi, M.G. and Kandemir, İ. 2011. Discrimination of Persian Honey Bee (*Apis mellifera meda*) populations by using geometric morphometry. XXXXII. Apimondia Congress, 21-25 September, Buenos Aires, Argentina, p. 220 (Poster).
10. **Ozkan, A.**, Moradi, M.G., Deliklitaş, Ö., Uçan, A. and Kandemir, İ. 2011. Wing cell shape analysis on Dwarf Honey Bees (*Apis florea*) distributed in Iran. XXXXII. Apimondia Congress, 21-25 September, Buenos Aires, Argentina, Abstract Book, p. 221 (Poster).
11. Çakmak, I., **Ozkan, A.**, Çakmak, S.S. and Kandemir, I. 2011. Discrimination of different infestation levels of parasite (*Varroa destructor*, Anderson & Trueman, 2000) by wing geometric morphometric analysis. XXXXII. Apimondia Congress, 21-25 September, Buenos Aires, Argentina, Abstract Book, p. 234 (Poster).

Ulusal Kongre Bildirileri:

1. Kandemir, I., **Ozkan, A.**, Moradi, M.G. ve Kence, A. 2004. Üç balarısı alttürü (*Apis mellifera anatoliaca*, *Apis mellifera cypria* ve *Apis mellifera meda*) nün morfometrik ve elektroforetik karşılaştırılması. XVII. Ulusal Biyoloji Kongresi, Çukurova Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Adana, Haziran 2004, p. 19 (Sözlü Bildiri).

2. **Ozkan, A.** ve Kandemir, I. 2004. Kuzey Kıbrıs balarısı (*Apis mellifera cypria*) populasyonlarında morfometrik ve elektroforetik varyasyon. XVII. Ulusal Biyoloji Kongresi, Çukurova Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Adana, Haziran 2004, p. 70 (Poster).
3. Kandemir, İ., **Ozkan, A.**, Mwakatobe, A. ve Baban, O. 2007. Tanzania Balarısı (*Apis mellifera scutellata*, *A. m. monticola* ve *A. m. litorea*) alttürlerinde geometrik morfometrik ve mtDNA çalışması. III. Marmara Arıcılık Kongresi (Uluslararası katılımlı), Uludağ Üniversitesi, Veterinerlik Fakültesi, Bursa, Ekim 2007, p. 27 (Sözlü Bildiri).
4. Kandemir, İ., Moradi, M.G., **Ozkan, A.** ve Özden B. 2007. İran Küçük Balarısı (*Apis florea* Fabricius) populasyonlarında morfometrik varyasyonun araştırılması. III. Marmara Arıcılık Kongresi (Uluslararası katılımlı), Uludağ Üniversitesi, Veterinerlik Fakültesi, Bursa, Ekim 2007, p. 32 (Poster).
5. Kandemir, İ., Moradi, M.G., Özden B. ve **Ozkan, A.** 2008. İran Küçük Balarısı (*Apis florea* Fabricius) populasyonlarında geometrik morfometrik analiz. XIX. Ulusal Biyoloji Kongresi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Trabzon, Haziran 2008, p. 32 (Sözlü Bildiri).
6. Kandemir, İ., **Ozkan, A.** ve Fuchs, S. 2008. Afrika balarısı alttürlerinden (*Apis mellifera scutellata*, *A. m. monticola* ve *A. m. litorea*) üzerinde kanat şekli varyasyonları üzerine bir çalışma. XIX. Ulusal Biyoloji Kongresi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Trabzon, Haziran 2008, p. 559 (Poster).
7. **Ozkan, A.**, Moradi, M.G., Fuchs, S., Nentchev, P., Çakmak, İ., Çakmak, S.S. ve Kandemir, İ. 2008. Bazı balarısı alttürlerinde (*Apis mellifera anatoliaca*, *A. m. cypria*, *A. m. meda*, *A. m. carnica*) geometrik morfometrik analiz. VIII. Ulusal Çevre ve Ekoloji Kongresi, Oscar Resort Otel, Girne-Kıbrıs, 20-23 Ekim 2008, p. 27 (Sözlü Bildiri).
8. Çakmak, İ., **Ozkan, A.**, Çakmak, S.S. ve Kandemir, İ. 2010. Geometrik morfometrik yöntemi kullanılarak bal arılarında (*Apis mellifera* L.) *Varroa* (*Varroa destructor* Truman & Anderson, 2000) parazitin koloni üzerine etkisinin araştırılması. Ekoloji 2010 Ekoloji Sempozyumu, Aksaray Üniversitesi, Aksaray, 5-8 Mayıs 2010 (Sözlü Bildiri).

9. **Ozkan, A.** ve Kandemir, İ. (2010) Afrika bal arısı alttürlerinde (*Apis mellifera scutellata*, *A. m. monticola* ve *A. m. litorea*) kanat hücrelerinin şekil analizi. Uluslararası Katılımlı 20. Ulusal Biyoloji Kongresi, Pamukkale Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Denizli, 21-25 Haziran 2010, p. 667-668 (Poster).
10. **Ozkan, A.**, Çakmak, İ., Nentchev, P., Çakmak, S.S. ve Kandemir, İ. 2010. Bulgaristan, Trakya ve Yunanistan'da yayılış gösteren bal arısı populasyonlarında landmark ve fourier şekil analizi. IV. Marmara Arıcılık Kongresi (Uluslararası katılımlı), Çanakkale Üniversitesi, Çanakkale, 2-4 Aralık 2010, p. 65 (Sözlü Bildiri).
11. **Ozkan, A.**, Moradi, M.G. ve Kandemir, İ. 2010. İran Bal arısı (*Apis mellifera meda*) populasyonlarında kanat hücreleri şekil analizi. IV. Marmara Arıcılık Kongresi (Uluslararası katılımlı), Çanakkale Üniversitesi, Çanakkale, 2-4 Aralık 2010, p. 66 (Sözlü Bildiri).
12. **Ozkan, A.**, Uçan, A., Deliklitaş, Ö. ve Kandemir, İ. 2010. Farklı bal arısı (*Apis mellifera* L.) populasyonlarında dişi ve erkek kanat şekli varyasyonu. IV. Marmara Arıcılık Kongresi (Uluslararası katılımlı), Çanakkale Üniversitesi, Çanakkale, 2-4 Aralık 2010, p. 76 (Poster).
13. **Ozkan, A.** ve Kandemir, İ. 2011. Türkiye'deki bal arısı (*Apis mellifera* L.) populasyonlarını ayırmada iki morfometrik metodun karşılaştırılması. Ekoloji 2011 Ekoloji Sempozyumu, Düzce Üniversitesi, Düzce, 5-7 Mayıs 2011 (Poster).