

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

**VAN VE İRAN BAL ARISI POPÜLASYONLARININ GEOMORFOMETRİK
YÖNTEMLERLE KARŞILAŞTIRMALI ANALİZİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Simanur AKÇAKAYA
Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Cansu Özge TOZKAR
İkinci Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Cengiz ERKAN

VAN – 2023

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

**VAN VE İRAN BAL ARISI POPÜLASYONLARININ GEOMORFOMETRİK
YÖNTEMLERLE KARŞILAŞTIRMALI ANALİZİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Simanur AKÇAKAYA

VAN – 2023

KABUL VE ONAY SAYFASI

Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda Dr. Öğr. Üyesi Cansu Özge TOZKAR ve Dr. Öğr. Üyesi Cengiz ERKAN danışmanlığında, Simanur AKÇAKAYA tarafından sunulan “Van ve İran Bal Arısı Popülasyonlarının Geomorfometrik Yöntemlerle Karşılaştırmalı Analizi” başlıklı bu çalışma Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği'nin ilgili hükümleri gereğince 31/05/2023 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği / ~~oy çokluğu~~ ile başarılı bulunmuş ve yüksek lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Dr. Öğr. Üyesi Hasan KOYUN

İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Cansu Özge TOZKAR

İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Mert ELVERİCİ

İmza:

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun/..... tarih ve sayılı kararı ile onaylanmıştır.

İmza

.....
Enstitü Müdürü

ETİK BEYAN

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Simanur AKÇAKAYA



ÖZET

VAN VE İRAN BAL ARISI POPÜLASYONLARININ GEOMORFOMETRİK YÖNTEMLERLE KARŞILAŞTIRMALI ANALİZİ

AKÇAKAYA, Simanur

Yüksek Lisans Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Cansu Özge TOZKAR

İkinci Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Cengiz ERKAN

Mayıs 2023, 65 sayfa

İlk kez 120-130 milyon yıl önce ortaya çıkmış olan bal arıları, Dünya’da birçok tarımsal ürünün polinasyonunu etkili bir şekilde devam ettirdiği için tarım ekonomisinde rolü oldukça büyük olan bir böcek türüdür. Bal arısı çeşitliliği açısından Dünya genelinde Türkiye önemli bir gen merkezi konumundadır. Yapılmış olan bilimsel çalışmalar gen merkezi konumunda olan ülkemizin 5 ayrı ırkı bir arada barındırdığına işaret etmiştir. Arı yetiştiricileri daha fazla verim almak için farklı ırklara yönelmekte ve gezgin arıcılık yapmaktadırlar. Fakat bu durum bal arılarının gen havuzunun homojenleşmesine, biyoçeşitliliğinin azalmasına ve genetik benzersizliğini kaybetmesine yol açmıştır.

Bu tez çalışmasında, Van, Hakkari ve İran’da yayılış gösteren bal arısı popülasyonlarının varyasyonunu ortaya çıkarmak sabit kolonilerden toplam 1739 işçi bal arısı örneği alınarak geometrik morfometri analizinin landmark metodu kullanılmıştır. Geometrik morfometri analizi için TPS programları kullanılarak ön kanat üzerinde bulunan damar kesişim noktaları 20 nokta belirlenerek işaretlenmiştir. X ve Y koordinatlarından elde edilen veriler, şekil varyasyonlarını tespit etmek amacıyla MorphoJ programı kullanılarak üst üste bindirilmiş ve istatistiksel analizlere tabi tutulmuştur.

Yapılan Kanonik değişken analizi (CVA) ve temel öğeler analizi (PCA) sonucunda Hakkari, Özalp, Çatak, Başkale örnekleri yakın bulunmuştur. Gevaş ve İran grubu diğerlerine göre ayrı bir dağılım göstermişlerdir. SPSS yazılımı kullanılarak çok değişkenli varyans analizi (MANOVA) sonucunda 6 lokasyonda dağılış gösteren bal arısı popülasyonları arasındaki farklılığın önemli olduğu ortaya çıkmıştır ($P<0,001$). İran’dan alınan örneklerin Van ili Başkale, Çatak, Özalp ilçelerinden alınan örnekler ile yakın küme oluşturması bu bölgelerde gezgin arıcılık, ana arı ticareti, seçici yetiştiricilik aktiviteleri sebebi ile bal arısı kolonilerinin melezleşmeye uğradığını göstermektedir. Gevaş, İran ile daha uzak kümelenme oluşturduğu için Gevaş ilçesinde melezleşmeye sebep olacak faktörlerin daha az olduğu söylenebilir.

Anahtar kelimeler: Bal arısı (*Apis mellifera* L.), Geometrik morfometri, İran Bal Arısı (*Apis mellifera meda*), Landmark metodu.



ABSTRACT

COMPARATIVE ANALYSIS OF VAN AND IRAN HONEY BEE POPULATIONS WITH GEOMORPHOMETRIC METHODS

AKCAKAYA, Simanur

M.Sc. Thesis, Department of Agricultural Biotechnology

Supervisor: Asst. Prof. Dr. Cansu Özge TOZKAR

Second Supervisor: Asst. Prof. Dr. Cengiz ERKAN

May 2023, 65 pages

Honey bees, that appeared firstly 120-130 million years ago, are an insect species that plays a major role in the agricultural economy as they effectively continue the pollination of many agricultural products in the world. Turkey is an important gene center in the world in terms of honey bee diversity. Scientific studies have pointed out that our country, which is a gene center, hosts 5 different races together. Bee producers turn to different races and engage in migratory beekeeping to get more productivity. However, this situation has caused homogenization of the gene pool of honey bees, decrease in biodiversity and loss of genetic uniqueness.

In this thesis, totally 1739 worker honey bees were sampled from stationary colonies and the landmark method of geometric morphometry analysis was used to reveal the variation of honey bee populations distributed in Van, Hakkari and Iran. For geometric morphometry analysis, 20 points were marked by determining the vein intersection points on the forewing using TPS programs. The data obtained from X and Y coordinates were superimposed using the MorphoJ program to detect shape variations and subjected to statistical analysis.

As a result of canonical variate analysis (CVA) and principal component analysis (PCA), Hakkari, Özalp, Çatak, Başkale samples were found to be close. Gevaş and Iranian group showed a distinct distribution in comparison to the others. As a result of multivariate analysis of variance (MANOVA) using SPSS software, it was revealed that the difference between honey bee populations distributed in 6 locations was significant ($P<0.000$). The fact that the samples taken from Iran formed a close cluster with the samples taken from Başkale, Çatak, Özalp districts of Van province showed that honey bee colonies were subjected to hybridization due to migratory beekeeping, queen trade and selective breeding activities in these regions. Since Gevaş forms a more distant cluster with Iran, it can be stated that the factors that will cause hybridization in Gevaş district are less.

Keywords: Geometric morphometry, Honey bee (*Apis mellifera* L.), Iranian honey bee (*Apis mellifera meda*), Landmark method.



TEŞEKKÜR

Bu tez çalışmasında, her türlü ilgi ve yardımlarını esirgemeyen danışmanım Sayın Dr. Öğr. Üyesi Cansu Özge TOZKAR'a (Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü) ayrıca yardımcı danışmanlığımı yapan bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım Sayın Dr. Öğr. Üyesi Cengiz ERKAN'a (Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Zootekni Bölümü), maddi ve manevi destekleri ile her zaman yanımda olan aileme teşekkürlerimi sunarım.

2023

Simanur AKÇAKAYA



İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR	v
İÇİNDEKİLER.....	vii
ÇİZELGELER LİSTESİ	ix
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	xi
SİMGELER VE KISALTMALAR	xiii
EKLER DİZİNİ	xv
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ.....	11
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	17
3.1 Materyal	17
3.1.1 Örneklerin Toplanması, Laboratuvara Taşınması ve Muhafazası	18
3.1.2 Geometrik Morfometri Analizi İçin Kanatların Mikroskop Lamları Arasına Sabitlenmesi	19
3.1.3 Eldeki Kanat Görüntülerinin Dijitalleştirilerek Bilgisayar Ortamında İşlenmesi ve Düzenlenmesi	20
3.2. Yöntem	21
3.2.1 Landmark Noktalarının İşaretlenmesi	21
3.2.2 Geometrik Morfometri Analizi İçin Kullanılan Yazılımlar ve İstatistiksel Metodlar	23
3.2.3 MorphoJ Analizi.....	24
3.2.4 SPSS Analizi	24
4. BULGULAR.....	27
4.1 Procrustes Uyum Analizi (Genelleştirilmiş Procrustes Analizi).....	27
4.2 Procrustes Anova (Tek Değişkenli Varyans Analizi)	29
4.3 Kanonik Değişken Analizi (CVA)	30
4.4 Geometrik Morfometrik Verilerin Temel Öğeler Analizi (PCA)	34
4.5 Lolipop Glut Grafiği.....	36
4.6 Multivariate Tests (MANOVA- Multivariate Analysis Of Variance)	37
4.7 Ayırışım Fonksiyon Analizi (DFA)	40

5. TARTIřMA VE SONUÇ	47
KAYNAKLAR	53
EKLER	59
ÖZ GEÇMİř	65



ÇİZELGELER LİSTESİ

Çizelge 1.1 Taksonomik sınıflandırması verilen bal arıları	3
Çizelge 1.2 <i>Apis mellifera</i> türünün farklı coğrafi bölgelere uyum sağlamış alttürleri.....	6
Çizelge 3.1 Bal arısı örneklerinin alındığı lokasyonlar, arıcı ve kovan sayıları.....	16
Çizelge 4.1 Lokasyonlar arasındaki Procrustes uzaklıkları.....	28
Çizelge 4.2 Lokasyonlar arasındaki Mahalanobis uzaklıkları.....	28
Çizelge 4.3 Lokasyonlara göre Procrustes ANOVA sonuçları.	29
Çizelge 4.4 Arıcılara ait arılıklara göre Procrustes ANOVA sonuçları..	30
Çizelge 4.5 Lokasyonlara göre oluşturulan CV grupları arasındaki eigen, varyans ve kümülatif değerler.....	31
Çizelge 4.6 Arılıklara göre oluşturulan CV gruplarının arasındaki eigen, varyans ve kümülatif değerler.....	31
Çizelge 4.7 Kanat şekline bağlı olarak Landmark metodu ile Van ilinin ilçeleri, Hakkari ve İran’da yayılım gösteren popülasyonların MANOVA sonucu.....	37
Çizelge 4.8 Özneler arası etki test sonuçları.....	38
Çizelge 4.9 Ön kanat verileri ile yapılan DFA’ya göre ilk 2 kononikal ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri, % varyans değerleri, % kümülatif değerleri ve kanonik korelasyon değerleri	40
Çizelge 4.10 Ön kanat verileri ile yapılan DFA’ya göre ilk 2 kanonikal ayrışım fonksiyonunun Wilk’s lambda değerleri.	40
Çizelge 4.11 DFA analizinde sınıflandırma sonuçları.....	42
Çizelge 4.12 Farklı lokasyonlara ait bal arısı popülasyonlarının ayrışım fonksiyon analizi	43

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 1.1 MÖ.7000’lerde yapıldığı düşünülen taş oymalar	1
Şekil 1.2 Bal arısı türleri(A), <i>Apis mellifera</i> ’nın kökeni ve dünyaya yayılışı(B).....	5
Şekil 1.3 Bal arısı türleri ve alttürlerinin Dünya üzerinde dağılımı.	7
Şekil 1.4 Orta doğu bal arısı alttürlerinin yayılışı	8
Şekil 1.5 Bal arısı ırklarının Türkiye’de yayılışı	8
Şekil 3.1 İşçi arıların alındığı kovanlardan bazıları.....	18
Şekil 3.2 Bal arısı örneklerinin muhafaza edildiği falkon tüpleri.....	19
Şekil 3.3 Mikroskop lamaları arasına sabitlenen bal arısı kanatları.....	20
Şekil 3.4 Landmark yöntemi için kanat görüntülerinin çekilmesi.....	21
Şekil 3.5 TpsUtil alt modülü ile oluşturulan tps dosyaları	21
Şekil 3.6 Bu çalışmada yapılan sağ ön kanat üzerindeki landmark yerleri	22
Şekil 3.7 Sağ ön kanat üzerindeki landmark yerleri.....	22
Şekil 3.8 TpsDig alt modülü ile landmark noktaları işaretlendikten sonra oluşan x,y koordinatlarının tps dosyası.....	23
Şekil 4.1 Ön kanat noktalarının (landmarklar) üst üste bindirilmesi (superimposition).....	27
Şekil 4.2 Altı lokasyondan (L1-L6) alınan bal arısı kanat örneklerinde 20 nirengi noktası tarafından oluşturulan form farklılıklarının ilk iki kanonik değişken eksenindeki dağılım grafiği..	32
Şekil 4.3 Yirmi dört (A1-A24) arılık kovanlarından alınan bal arısı kanat örneklerinde 20 nirengi noktası tarafından oluşturulan form farklılıklarının ilk iki kanonik değişken eksenindeki dağılım grafiği.	33
Şekil 4.4 Temel öğeler analizi sonucunda temel bileşenlere göre varyans dağılımı.....	34
Şekil 4.5 Altı lokasyondan alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiği...	35
Şekil4.6 Yirmi dört (24) adet arılık kovanlarından alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiği.	35
Şekil 4.7 Bal arısı popülasyonlarının kanat şekil farklılıkları ve yoğunlaştığı landmark (nirengi) noktaları..	36
Şekil 4.8 Kanonik diskriminant fonksiyon grafiği.....	41
Şekil 4.9 Gevaş-Başkale lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.	44

Şekil 4.10 Gevaş-Çatak lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.	44
Şekil 4.11 Gevaş-Özalp lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.	45
Şekil 4.12 Gevaş-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.	45
Şekil 4.13 Gevaş-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram	46



SİMGELER VE KISALTMALAR

Bu çalışmada kullanılmış bazı simgeler ve kısaltmalar, açıklamalarıyla birlikte aşağıda sunulmuştur.

Simgeler

Açıklama

A	Afrika'daki alttürleri içeren grup
C	Doğu Avrupa'dan alttürleri içeren grup
M	Batı ve kuzey Avrupa'dan alttürleri içeren grup
O	Türkiye ve Orta Doğu'daki türleri içeren grup

Kısaltmalar

Açıklama

ANOVA	Varyans Analizi (Analysis of Variance)
CV	Kanonik Değişkenler
CVA	Kanonik Değişken Analizi
df	Serbestlik Derecesi (Degrees of Freedom)
DFA	Ayrışım Fonksiyon Analizi
GPA	Üst Üste Bindirme-Generalized Procrustes Analysis-Superimposition
MANOVA	Çok Değişkenli Varyans Analizi (Multivariate Analysis of Variance)
MD	Mahalanobis Mesafesi
MS	Ortalama Kareler
mtDNA	Mitokondriyal DNA
P	P değeri
PC1	Birinci Temel Bileşen
PC2	İkinci Temel Bileşen
PCA	Temel Öğeler Analizi

PCR-RFLP

Polimeraz Zincir Reaksiyonu-Restriksiyon Parça

Uzunluk Polimorfizmi

rRNA

Ribozomal RNA

SS

Kareler Toplamı



EKLER DİZİNİ

Ek 1. Başkale-Çatak lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	59
Ek 2. Başkale-Özalp lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	59
Ek 3. Başkale-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	60
Ek 4. Başkale-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	60
Ek 5. Çatak-Özalp lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	61
Ek 6. Çatak-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	61
Ek 7. Çatak-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	62
Ek 8. Özalp-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	62
Ek 9. Özalp-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.....	63
Ek 10. Hakkari-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram.	63



1. GİRİŞ

İlk kez 120-130 milyon yıl önce varlığını gösteren batı bal arısı (*Apis mellifera* L.) çevresel, tarımsal ve ekonomik katkılarından dolayı geçmişten günümüze kadar insanlar tarafından merak edilen bir canlı olmuştur. Hem çevresel hem de ekonomik sürdürülebilirliğe katkıda bulunarak günümüz dünyasında çok önemli bir yere sahiptir. Çiçekli bitkilerin ve tarımsal ürünlerin polinasyonuna yaptıkları katkı ile ekosisteme büyük fayda sağlamaktadırlar. Polenleri erkek çiçek kısımlarından dişi çiçek kısımlarına taşıyarak polinasyonu devam ettirdikleri için kritik tozlayıcılardır. Ayrıca diğer yaban hayatı için yabancı bitkileri tozlaştırarak biyoçeşitliliğin korunmasını sağlarlar. Bu sebeple bitki çeşitliliğini desteklemede önemli bir rol oynar. Bal arıları tarım ve ekonomi içinde vazgeçilmez konumdadır. Bal arıları polen, arı sütü, propolis, bal, bal mumu gibi doğal besinler sağlayarak, arıcılık, tarım ve ilgili endüstrilerin ekonomik açıdan sürdürülebilirliğine yardımcı olurlar. Bu sebeple küresel ekonomiye katkı sağlamada da bal arılarının rolü yüksektir (Kambur ve Kekeçoğlu, 2018).

Yapılan kazılarda elde edilen deliller arıcılığın ve bununla birlikte bal arısının tarihinin insanlığın tarihi kadar geçmişe dayandığını ortaya koymaktadır. İspanya'nın Bicorp Valencia kasabasında M.Ö. 7000 yıllarında yapıldığı düşünülen mağara resimlerinde bal toplarken resmedilen bir kadın görülmektedir. Bu resim prehistorik dönemde insanların doğayla ilişkilerine ve bal arıları ile etkileşimini anlamamıza ışık tutan arkeolojik bulgu olarak kabul edilmektedir. Arılar o dönemde de önemli bir besin kaynağı olarak rol oynamış olabilir (Şekil 1.1)



Şekil 1.1 MÖ.7000’lerde yapıldığı düşünülen taş oymalar (Anonim,2023)

Dünya yüzeyinde ilk çiçeklerin Erken Jura döneminde (yaklaşık 145-200 milyon yıl önce) ortaya çıktığını öne süren bilim insanları bir bitki fosilini tanımlayarak çiçekli bitkilerin ortaya çıkışının yaklaşık 174 milyon yıl öncesine dayandığını bildirmişlerdi. Bu dönemde ortaya çıkan çiçekli bitkiler, böceklerin evrimi üzerinde önemli bir etkiye sahiptir. Çünkü çiçekli bitkilerin oluşmasıyla birlikte yeni tozlaştırıcı böcek grupları ortaya çıkmış ve bu böcek gruplarının evrimi hızlanmıştır (Onursalve Uğur, 1997). Arılar, kelebekler ve termitler, bu dönemde öne çıkan başlıca böcek gruplarıdır ve böcekler sınıfının Hymenoptera takımına aittir. Kretase dönemi yaklaşık 100 milyon yıl önce gerçekleşmiştir ve bal arıları bu dönemde çiçekli bitkilerle beraber ortaya çıkmıştır. Dünyada tek başına yaşayan binlerce böcek türü içerisinde 29 takımdan da sadece 8 takımda sosyal yaşam mevcuttur. Bu 8 takımdan Hymenoptera, Apoidea üst familyasında yer alan, arıları içerir. Bu takımın içinde yer alan Apidae familyası, sosyal bir yapıya sahiptir ve işçi, erkek, ana arı olmak üzere üç farklı birey tipi barındırır. Her kolonide bir adet ana arı, sayıları mevsime göre değişmekle birlikte işçi arı ve erkek arı bulunur. İşçi ve ana arılar dişi bireylerdir ve döllenmiş yumurtadan oluşurlar. Erkek arılar ise döllenmemiş yumurtadan oluşurlar.

Bu üç farklı tipte bulunan bireyler haplodiploid cinsiyet sistemi ile belirlenir. Haplodiploid cinsiyet sistemi erkek bireylerin döllenmemiş olup haploid ve dişi (işçi ve ana arı) bireylerin döllenmiş olduğu diploid cinsiyet belirleme sistemidir. Haplodiploid Hymenoptera böcek takımlarının tüm bireylerinde cinsiyeti belirler. Cinsiyeti belirleyen bireyin kromozom sayısıdır. Diploid işçi ve ana arı $2n=32$ kromozomdan oluşurken erkek arı $n=16$ kromozomdan oluşur (Gempe vd., 2009).

Linnaeus tarafından, Hymenoptera takımında bulunan bal arıları, *Apis mellifera* olarak adlandırılmıştır. Bu isim, Yunanca'da "melli" yani bal ve "fere" yani taşıma anlamına gelir (Engel, 1999). Alttür düzeyinde üçlü isimlendirme de Buttel-Reepen tarafından yapılmıştır (*Apis mellifera meda* vb.). Bal arısı türleri Hymenoptera takımına ait Apidae ailesi altındaki *Apis* cinsinde bulunur. Diğer Apidae familyasından farklı olarak bazı davranışsal farklılıklar ile kendini ayırmaktadır. İşçi arıların bal mumu salgılayarak oluşturdukları altıgen petekler bal ve polen depolamaya, larva beslemeye, genç arıların yetişmesine olanak sağlar. Kovan içerisindeki uygun sıcaklığı sağlayabilme adına su toplama ve buharlaştırma ile kovanın sıcaklık dengesini sağlamış olurlar. Ayrıca yiyeceğin kaynağını bulma, yönünü ve uzaklığını belirleme gibi bilgileri

haberleşme dansları ile diğer arılarla iletişim halinde bulunurlar. Batı bal arısı bu özellikleri ile kendisini diğer bal arılarından ayırır ve sosyal davranışlar sergiler (Ruttner, 1988).

Tüm canlılarda olduğu gibi arılarda ökaryotlar içinde taksonomik bir sistem ile sınıflandırılmıştır. Hayvanlar aleminin böcek sınıfında yer alan bal arıları Çizelge 1.1’de verilen taksonomik sınıflandırılmaya aittir. Bu taksonomik sıralamadaki her seviye canlı organizmaları sınıflandırmak için kullanılan taksonomi sistemindeki belirli bir kategoriyi temsil eder. Bu durumda bal arısı bir hayvan, bir eklem bacaklı, bir zar kanatlı olan böcek ve arı ailesinin bir üyesidir (Ruttner, 1988).

Çizelge 1.1 Taksonomik sınıflandırması verilen bal arıları (Engel,1999)

Alem	Animalia	Hayvanlar
Şube	Arthropoda	Eklem Bacaklılar
Sınıf	Insecta	Böcekler
Takım	Hymenoptera	Zar Kanatlılar
Üst Familya	Apoide	Arılar
Familya	Apidae	Arılar
Alt familya	Apinae	Arılar
Cins	<i>Apis</i>	Bal Arıları
Tür	<i>Apis mellifera</i> Linnaeus-1758	Batı Bal Arısı
	<i>Apis cerana fabricius</i> -1793	Doğu Bal Arısı
	<i>Apis florea fabricius</i> -1787	Küçük(cüce) Bal Arısı
	<i>Apis dorsata fabricius</i> -1793	Dev Bal Arısı

Apis cinsi içerisinde Batı bal arısı olarak isimlendirilen *Apis mellifera* dışında 3 adet Doğu bal arısı türü bulunmaktadır. Bunlar *Apis cerana*, *Apis florea*, *Apis dorsata*’dır. Batı bal arısı kolonisi bir kovanda yaşayan organize çalışan arılar topluluğudur. Bir bal arısı kolonisinde genellikle bir kraliçe arı bulunur. Kovanın genetik yapısını taşıyarak neslin devamı için üreme işlevini yerine getirir ve yumurtlar. Diğer işçi arılar tarafından beslenir ve korunur. İşçi arılar kovandaki büyük görevi üstlenerek bal yapımı, yavru bakımı, polen toplama, temizlik, kovanın güvenliği gibi görevlerden sorumludur. Kovanın çoğunluğunu oluşturarak kovanın düzenli işleyişini sürdürürler. Erkek arılar neslin devamı için üreme görevinin bir parçasını üstlenirler. Çiftleşme sonrası öldükleri için kısa ömürlüdürler. Sayıları üreme sezonunda artar.

Apis mellifera L. arıların faaliyetleri sonucu tüm dünyaya yayılmış olsada, ana kökeni oldukça geniş ve çeşitlidir. *Apis mellifera* 'nın kökenine ilişkin 3 farklı hipotez bulunmaktadır (Şekil 1.2 B). (Wilson ve Brown 1953, Rothenbuhler ve Kerr 1968, Ruttner 1988).

Rothenbuhler ve Kerr (1968) Hipotezi: Bu hipoteze göre bal arıları Hindistan'da veya Asya'nın güneydoğusunda ortaya çıkmıştır. Bu bölge genetik ve morfolojik analizlere göre *Apis mellifera* türünün kökenine işaret eden bir alan olarak kabul edilir. Hindistan da bal arılarının doğal yaşam alanlarından biridir ve bu nedenle ilk ortaya çıkış yerlerinden biri olabilir.

Ruttner (1988) Hipotezi: Bu hipoteze göre bal arıları, Hazar Denizi'nin güneyindeki kıyılardan çıkıp Anadolu üzerinden Avrupa'ya ve Arap Yarımadası şeridi boyunca Afrika'ya yayılmıştır. Hazar Denizi'nin güney kıyıları, bal arılarının doğal yaşam alanı olabilecek bir bölgedir. Ve Anadolu yolu, tarihsel zamanlarda ticaret yollarının önemli bir rotası olmuştur.

Wilson ve Brown (1953) Hipotezi: Bu hipoteze göre bal arıları, Afrika'dan çıkıp ve Orta Doğu üzerinden Avrupa bölgesine yayılmıştır. Afrika, bal arılarının doğal habitatının olduğu ve bu türün ilk olarak burada evrimleştiği düşünülen bir bölgedir. Orta Doğu üzerinden Avrupa bölgesine yayılması ise coğrafi yakınlık ve iklim koşulları nedeniyle gerçekleşmiş olabilir.

Filogenetik analizler, bal arılarını üç kümede sınıflandırır (Şekil 1.2 A). Bu sınıflandırmaları morfolojik analiz sonuçları önemli bir şekilde etkilemektedir. Bu gruplar;

Cüce arılar (Dwarf Bees/*Micrapis*)

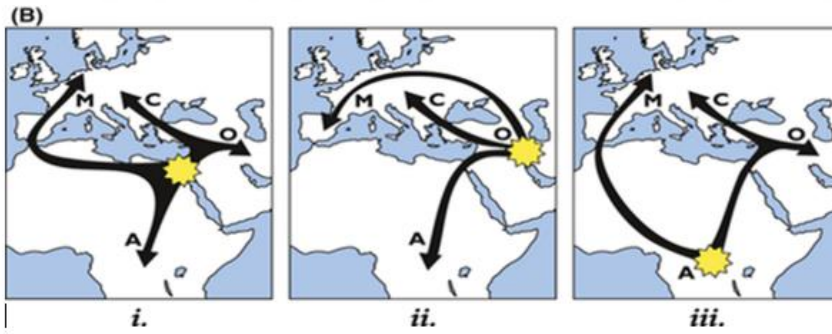
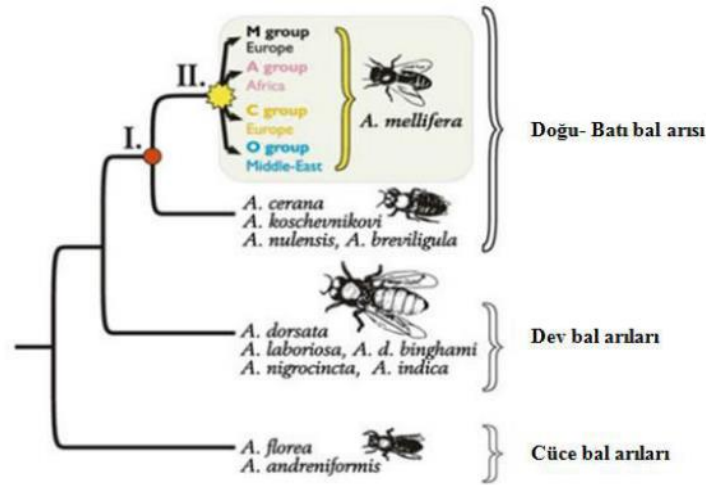
Dev arılar (Giant Bees/ *Megapis*)

Boşlukta yuva yapan arılar (Cavity Nesting Bees / *Apis*)

A. mellifera 'nın en az 29 alttürü morfometri temelinde tanımlanmıştır (Ruttner 1988, Engel 1999, Meixner 2003, Sheppard 2003). Bu alttürler, ekolojik, fizyolojik ve davranışsal özelliklerin analizlerine ek olarak morfometrik ve genetik çalışmalarla desteklenerek dört ana gruba ayrılmıştır: Afrika'daki alttürleri içeren grup **A**; batı ve kuzey Avrupa'dan alttürleri içeren grup **M**; doğu Avrupa'dan alttürleri içeren grup **C**; ve Türkiye ve Orta Doğu'daki türleri içeren grup **O** (Ruttner vd., 1978, Ruttner 1988, Garnery vd., 1991, Arias ve Sheppard 1997; Franck vd., 2000; Miguel vd., 2011).

Bununla birlikte, bazı çalışmalar C ve O grupları arasında ayrım yapmamış her ikisini de C olarak adlandırmış (Ruttner 1988; Cornuet vd., 1991; Garnery vd., 1991) ve kuzeydoğu Afrika'da beşinci bir soyun (Y) varlığı önerilmiştir (Franck vd., 2000). Türkiye'de bulunan bal arısı alttürlerinden, *Apis mellifera caucasica*, *Apis mellifera anatoliaca*, *Apis mellifera meda*, *Apis mellifera syriaca* aynı evrimsel grupta bulunup O kolunu oluştururken, C evrimsel grubunu *Apis mellifera carnica* oluşturur (Ruttner, 1988).

(A)



Şekil 1.2 Bal arısı türleri (A), *Apis mellifera* 'nın kökeni ve dünyaya yayılışı (B) (Han vd., 2012).

Avrupa, Afrika ve Asya kıtaları arasında bağlantı olan Anadolu, değişik iklim çeşitlerini bir arada bulundurması ve coğrafik yapısı nedeninden dolayı oldukça zengin bitki örtüsüne sahip ülkelerden biri olması sebebiyle hayvan ve bitki çeşitliliği bakımından oldukça zengindir (Kambur ve Kekeçoğlu, 2018).

Kence (2006) tarafından yapılan çalışmada, Türkiye'deki bal arılarının evrim sürecinde Anadolu coğrafyasının etkisinin önemli olduğu belirtilmektedir. Bu durumun

Anadolu'yu arı gen merkezlerinden biri yaptığını göstermektedir. Türkiye'deki bal arıları *Apis mellifera* L. türü altında kategorize edilmiştir.

Apis mellifera türü coğrafi olarak izole olmuş 4 ana gruba ve 27 alttüre sahiptir (Ruttner, 1988). Bu alttürler Çizelge 1.2' de verilmiştir.

Çizelge 1.2 *Apis mellifera* türünün farklı coğrafi bölgelere uyum sağlamış alttürleri (Sheppard vd., 1997, Ruttner 1988, Sheppard ve Meixner 2003)

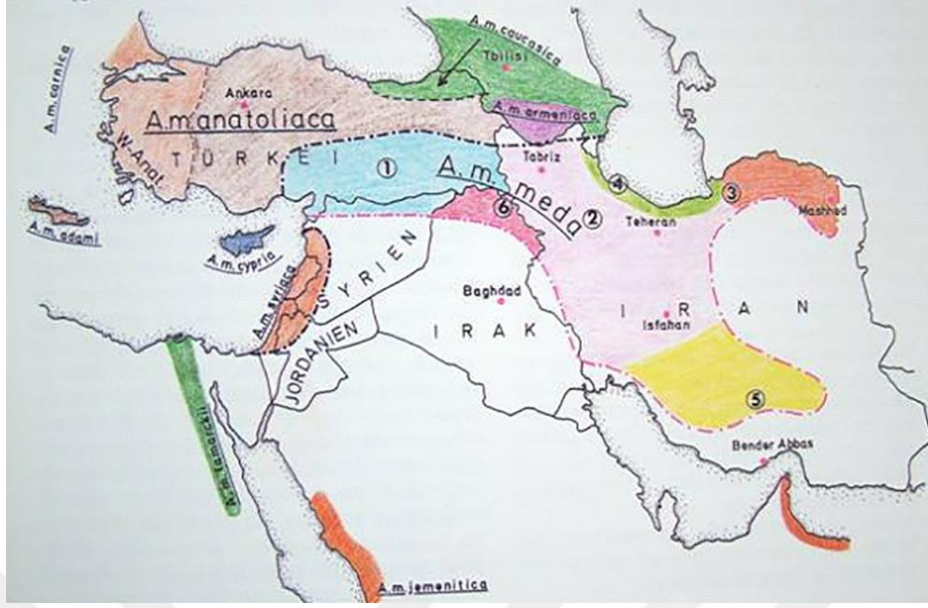
Irkların uyum sağladığı bölgeler	Irkların isimleri
Ortadoğu (Kuzeydoğu Akdeniz): O	<i>A. mellifera adamii</i> Ruttner, 1975 <i>A. mellifera pomonella</i> Sheppard ve Meixner, 2003 <i>A. mellifera cypria</i> Pollman, 1879 <i>A. mellifera syriaca</i> Buttel-Reepen, 1907 <i>A. mellifera meda</i> Skorikov, 1929 <i>A. mellifera caucasica</i> Gorbachev, 1916 a <i>A. mellifera armeniaca</i> Skorikov, 1929 <i>A. mellifera anatoliaca</i> Maa, 1953
Afrika (Tropical): A	<i>A. mellifera lamarkii</i> Cockerell, 1906b <i>A. mellifera yemenitica</i> Ruttner, 1975 <i>A. mellifera litorea</i> Smith, 1961 <i>A. mellifera adonsonii</i> Latreille, 1804 <i>A. mellifera scutellata</i> Lepeletier, 1835 <i>A. mellifera monticola</i> Smith, 1961 <i>A. mellifera capensis</i> Escholtz, 1821 <i>A. mellifera unicolor</i> Latreille, 1804 <i>A. mellifera macedonica</i> Ruttner, 1988
Avrupa (Orta ve Doğu): C	<i>A. mellifera macedonica</i> Ruttner, 1988 <i>A. mellifera ligustica</i> Spinola, 1806 <i>A. mellifera carnica</i> Pollman, 1879 <i>A. mellifera cecropia</i> Kieseweiter, 1860 <i>A. mellifera sicula</i> Montagna, 1911 <i>A. mellifera ruttneri</i> Sheppard vd., 1997
Avrupa (Batı ve Kuzey) Afrika (Kuzey): M	<i>A. mellifera</i> Linnaeus, 1758 <i>A. mellifera iberica</i> Goetze, 1964 <i>A. mellifera major</i> Ruttner, 1978 <i>A. mellifera sahariensis</i> Baldensperger, 1924 <i>A. mellifera intermissa</i> Buttel-Reepen, 1906

Apis mellifera L. dünya üzerinde kutuplar hariç her yere yayılmıştır (Şekil 1.3). Yayıldıkları bölgelere adaptasyonları sonucunda farklı coğrafik ırklar ortaya çıkmıştır. Her bir alttür kendi bulunduğu coğrafi bölgeye ait morfolojik ve fizyolojik özelliklere sahiptir ve genetik varyasyonlar gösterir.



Şekil 1.3 Bal arısı türleri ve alttürlerinin Dünya üzerinde dağılımı (Badalı, 2010)

Orta Doğu bal arısı alttürleri, Hazar Denizi kıyılarından başlayarak İran coğrafyası, Kafkas Alpin bölgesi ve tüm Anadolu'ya kadar yayılmaktadır. Bu bölgenin dışında, iki ada alttürü olan *A. m. adami* Girit bölgesinde bulunurken, *A. m. cypria* ise Kıbrıs bölgesinde bulunur. Ruttner (1988) tarafından yapılan morfometrik verilerin MANOVA testi, Ortadoğu bal arılarını yedi alttüre bölmüştür: *A. m. anatoliaca*, *A. m. cypria*, *A. m. armeniaca*, *A. m. adami*, *A. m. caucasica*., *A. m. meda* ve *A. m. syriaca* (Şekil 1.4)



Şekil 1.4 Orta doğu bal arısı alttürlerinin yayılışı (Ruttner, 1988)

Türkiye’de farklı bölgelerde farklı bal arısı ırkları bulunmaktadır. Anadolu, Ege, Akdeniz ve Doğu Karadeniz’in bazı kısımlarında *Apis mellifera anatoliaca* bulunurken Güney Doğu Anadolu’da *Apis mellifera syriaca* ve *Apis mellifera meda* bulunur. Kuzeydoğu Anadolu’da ise *Apis mellifera caucasica* türü yayginken, Trakya bölgesinde *Apis mellifera carnica* bulunur. Kıbrıs’ta ise *Apis mellifera cypria* bulunur (Şekil 1.5).



Şekil 1.5 Bal arısı ırklarının Türkiye’de yayılışı (Tozkar vd., 2015)

Apis mellifera morfolojik karakterler bakımından farklılık göstermektedir. Kanat uzunluğu, kanat eni uzunluğu, bacak uzunluğu, dil uzunluğu, vücut iriliği, kıl özellikleri gibi farklı morfometrik karakterler bal arılarının morfometrik varyasyonları tespit etmek

için kullanılmıştır. Morfometrik karakterlerin yorumlanmasında bilgisayar programlarıyla birlikte istatistiksel yöntemlerin kullanılması ile modern morfometri başlamıştır. Şu an günümüzde klasik morfometrik çalışmaları, durmadan ilerleyen teknolojiyle beraber bilgisayar teknolojisi ve istatistiksel yöntemlerin de gelişmesiyle taksonomik çalışmalar yerini daha çok geometrik morfometrik yöntemine bırakmıştır.

Kanat şekli, bir böceğin fenotipinin önemli bir bileşenidir ve önemli bir özellik, yani uçuş özellikleriyle doğrudan ilişkilidir. Bu nedenle, yalnızca bal arısı kanatlarının değil, tüm kanatlı böceklerin geometrik morfometrisi veya şekil analizi, coğrafi varyasyonları, popülasyon yapılarını, şekil farklılıklarını veya taksonomik sınıflandırmayı saptamak için daha düşük veya daha yüksek taksonomik seviyelerde büyük çıkarımlara sahip olabilir. Geomorfometri, morfometrik dataların nicel olarak yorumlanmasında doğrusal, açısal ve oransal hesaplamaların yerine kartezyen koordinatlardan yararlanılan bir yöntemdir. Kısa sürede çok sayıda örnek üzerinde çalışma imkanı sunar ve landmark adı verilen nirengi noktalarının kartezyen koordinatlarına bağlı olarak daha fazla ve güvenilir veriler elde edilmesini sağlar. Dolayısıyla standart morfometriden geometrik morfometriye geçiş, morfometride devrim olarak tanımlanmıştır. Geometrik morfometri, farklı disiplinlerde kullanılan bir yöntemdir. Paleoantropoloji, adli antropoloji, antropoloji, anatomi, sular coğrafyası, botanik, zooloji ve filogeni gibi pek çok bilimde kullanılan bu yöntem, gelişmesiyle birlikte bal arısı alttürlerinin kanat şekillerinin sınıflandırılması gibi uygulamalar da daha kolay hale gelmiştir. Bal arısı ırklarının sınıflandırılması için önceden, abdomen renklenmeleri ve kanat, bacak, dil gibi birçok morfometrik ölçüm kullanılmıştır. Ancak birden fazla karakterin ölçümü çok fazla zaman alacağından, araştırmacılar kanat sayısının arttırılması ve sadece kanatlarda analiz yapılması önerisinde bulunmuştur. Bu sayede ölçümler daha hassas ve pratik hale getirilmiştir. Nihayetinde araştırmacılar geometrik morfometrik yöntemlere yönelmiştir. Geometrik morfometride paket programlar aynı şekilde çalışır fakat farklılıklar gösterirler (Demir vd., 2018).

Mesafeler ve açılardan ziyade şekil analizini kullanan 'geometrik morfometri', boyut etkisinin ortadan kaldırılması için daha sonra öteleme, ölçekleme ve döndürme ile üst üste bindirilen dönüm noktası koordinatlarını kullanır. Üst üste bindirmeden sonra, yer işareti konfigürasyonları yalnızca şekil olarak farklılık gösterir ve çok değişkenli istatistiksel yöntemlerle analiz edilebilir. Geometrik morfometrik yöntemlerin

ilerlemesiyle birlikte, arařtırmacılar bal arısı ırklarının kanat řekillerini geomorfometrik analizler kullanarak sınıflandırma alıřmaları yapmaya bařlamıřlardır (Kekeođlu, 2007; Tofilski, 2008; Franco vd., 2009; Kandemir vd., 2011).

Bu tez alıřmasında, Van, Hakkari ve İran'daki sabit kolonilerden alınan bal arısı rnekleri geomorfometrik kanat analizleriyle yorumlanarak, Van ilindeki mevcut bal arısı kolonileri arasındaki benzerlik ve de farklılıklar ortaya ıkarılacaktır. Tez alıřmasında deđerlendirilecek olan parametrelerle elde edilecek olan sonular, daha sonra yapılacak olan tm Dođu ve Gney Dođu Anadolu blgesini temsil edecek daha kapsamlı filogenetik alıřmalara katkı sađlayacak bir n alıřma niteliğindedir. lkemiz bal arısı genetik kaynaklar bakımında olduka zengin bir lke olsa da ne yazık ki kaynaklar etkili bir řekilde kullanılamamakta ve korunamamaktadır. Bu tez nerisinin en nemli ıktılarından biri de genetik kaynaklarımızın daha ulařılabilir olmasına ve korunmasına katkı sađlamaktır.

2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ

Dünya bal arısı alttürlerinin morfometrik analizleri Ruttner tarafından 1988’de yapılmıştır ve hala büyük ölçüde geçerlidir. Türkiye'nin çeşitli coğrafi bölgelerinden bal arısı popülasyonları standart morfometri ile kapsamlı bir şekilde araştırılmıştır (Karacaoğlu ve Fıratlı, 1998; Genç ve Fıratlı, 1999; Güler ve Kaftanoğlu, 1999; Kandemir vd., 2000; 2005; Dodoloğlu ve Genç, 2004; Güler, 2010).

İran arıları Ruttner vd. tarafından 1985 yılında tanımlanmıştır. İlk olarak 1929 yılında Skorikov *Apis mellifera meda* isimlendirmiş ve bu alttürün dağılımını Hazar Denizi ve Kuzey İran olarak belirlemiştir. Ancak sonraki çalışmalar İran arılarının Suriye ve Kuzeydoğu Türkiye’ye dağıldığını göstermiştir. *A. m. meda* alttürünün yetiştiriciliği oldukça yaygın bir şekilde gerçekleştirilmekte olup, coğrafi olarak 6 farklı yerel *A. m. meda* popülasyonunun varlığı belirtilmektedir (Ruttner, 1988). Bu 6 farklı yerel popülasyonun yayılış alanları incelendiğinde, en büyük grup olan 1. Alan'ın orta ve batı İran'da bulunduğu görülmektedir. 2. Alan Hazar Denizi'nin subtropikal bölgesi (Mazandaran) 3. Alan İran'ın kuzeydoğusu 4. Alan İran'ın güneydoğusu 5. Alan Irak 6. Alan ise Güneydoğu Anadolu (Van Gölü ile Antakya arası) bölgesidir (Özdil vd., 2009).

Van ilinde *A. m. meda*'nın yaygın bir şekilde varlığı beklenirken ticari ana arı kullanımı ve gezgin arıcılık uygulamaları gibi faktörler nedeniyle, bölgedeki bal arılarının melezleşme riski de göz ardı edilmemelidir. Ayrıca Erkan ve Aşkın (2001) tarafından yapılan anket çalışmasında, Van ilindeki gezgin arıcılık faaliyetlerinde kullanılan arı ırkları incelenmiştir. Çalışmaya katılan yetiştiricilerin %66'sı Kafkas arısı, %20'si ise İran arısı kullanmaktadır. Bu durum, uzun vadede gezgin arıcılığın yerel arı gen havuzunu homojen hale getirdiği teorisini doğrulamaktadır. Ancak, farklı arı ırklarının kullanımı yerel gen havuzunda farklılaşmaya neden olabilir. Bu farklılaşmanın düzeyi veya etkisi henüz tam olarak araştırılmamıştır.

Kartezyen koordinat verileri genellikle geometrik morfometrik analiz üzerindeki dönüm noktası konumlarıyla sınırlıdır ve popülasyon düzeyinde tür içi varyasyonu keşfetmek için evrimsel çalışmalarda güçlü bir araçtır. Bu perspektiften; geometrik morfometrikler geleneksel yaklaşımlara göre avantaj sağlar; (1) kanat şekillerinin farklılaşma sıralarını tespit etmek için Procrustes mesafesini kullanmak, (2) uzaklık katsayısını kullanarak çok boyutlu şekil uzayının özelliğinin tanımını tanımlamak, (3)

tanımlayıcı şekil analizi için ayırt edici istatistiksel yöntemlerin geliştirilmesi ve (4) yeni teknikler için tanımlayıcı tutum ayrıca sonuçların grafiksel temsilleridir (Kambur ve Kekeçoğlu, 2018).

Tofilski (2008), geometrik morfometriklerin (%84.9) üç bal arısı alttürünün standart morfometriklere (%83.8) kıyasla daha iyi ayırt edilmesini sağladığını göstermiştir. Özkan Koca ve Kandemir (2013) Türkiye genelinde dağılmış olan bal arısı popülasyonlarını ayırt etmede standart (geleneksel) morfometri ve geometrik morfometri yöntemlerini karşılaştırdı. Geometrik morfometri analizi için toplam 20 yer işareti kullanılmıştır. 2 metodolojiden elde edilen verilerin çok değişkenli istatistiksel analizi, geomorfometrinin (%81.5) klasik morfometriden (%70.4) daha başarılı olduğunu gösterdi. Geometrik morfometri yöntemi, kanat damarlarının boyut karakterlerinin ve açılarının standart morfometrik ölçümüne göre çok daha basit ve kolay olsada, geometrik morfometri' nin bal arısı popülasyonları üzerindeki ayırım yeteneği geleneksel morfometriden daha fazlaydı. Ek olarak, geleneksel morfometri mesafe karakterleri ve mesafelerin dönüşü ile sınırlıdır; geometrik morfometri sadece bu ölçümleri dolaylı olarak içermekle kalmaz, aynı zamanda dönüm noktası yaklaşımını kullanarak kanat şekli analizine de izin verir.

Badalı (2010) tarafından yapılan araştırmada, İran'ın kuzeyinde yayılış gösteren bal arısı popülasyonları üzerine yapılan çalışmada örnekler İran, Artvin, Hakkâri, Azerbaycan ve Irak'tan toplanmıştır. Çalışma sonucunda İran, Irak, Hakkâri, Artvin popülasyonları ayrı kümelenirken, Azerbaycan popülasyonları Irak ve Hakkâri popülasyonlarına yakın kümelendiği görülmüştür. Ayrıca Artvin örnekleri *Apis mellifera caucasica*'ya eklenmiştir.

Ruttner (1988) tarafından yapılan çalışmada, Van Gölü ile Antakya arasındaki geniş bölgenin bal arısı popülasyonlarının Suriye arısı olmadığı, İran arısı olduğu ve Güneydoğu Anadolu Bölgesi bal arılarının da İran arısının ekotiplerinden biri olduğu belirtilmiştir. Özkan Koca (2012) ise Hatay ve Hakkâri'den topladıkları örnekleri İran ve Kuzey Irak örnekleri ile karşılaştırmıştır. Karşılaştırma sonucu Doğu ve Güneydoğu Anadolu örnekleri İran örnekleri ile %1.7 eşleşmiştir.

Geometrik morfometri, Tofilski'nin (2008) önerisi doğrultusunda, standart morfometriye göre daha güvenilir bir yöntem olarak kabul edilmektedir. Özkan Koca (2012) yaptığı çalışmada bal arılarının kanatlarının şekil analizinin, taksonomik

sınıflandırmayı belirlemek için düşük veya yüksek taksonomik seviyelerde kullanılabileceğini, kanat ve kanat hücrelerinin geometrik morfometrinin klasik morfometriye göre daha avantajlı olduğunu belirtmiştir.

Türkiye'deki bal arısı popülasyonlarının belirlenmesi için yapılan çalışmalarda, Doğu Anadolu bölgesinden de örnekler kullanılmıştır. Gerçekleştirilen morfometrik analizlerde Türkiye'nin farklı bölgelerini temsil eden örnekler UPGMA fenogramı kullanılarak sınıflandırılmıştır. Bu çalışmalardan birinin analiz sonuçlarına göre Düzce, Ordu, Bursa, Artvin ve Sakarya örnekleri bir kümelenme gösterirken; Muğla, Balıkesir, Hakkâri, Bilecik ve Antalya örnekleri geri kalan kümeyi oluşturmuştur. Mersin, Kırıkkale, Kars, Bingöl, Iğdır, Konya, Kırklareli, Amasya ve Trabzon örnekleriyle beraber küme oluştururken; Kastamonu, Eskişehir, Niğde örnekleri bunlarla bağlantılı ikinci kümeyi; İzmir, Hatay ve Van örnekleri bu iki kümeyle bağlantılı diğer kümeyi oluşturmuştur. Türkiye'nin farklı bölgelerinden alınan bal arılarının geometrik morfometrik analizi yapılarak DFA ve UPGMA dendrogramı sonuçlarına bakıldığında İzmir ile Iğdır ve Kırklareli; Hakkari ile Van ve Hatay, Muğla, Antalya, Bilecik, Balıkesir ve Çanakkale ile bir kümemeydana getirmiştir. Türkiye bal arısı biyoçeşitliliği üzerine yapılan çalışmalarda farklı coğrafi bölgelerde bulunan farklı arı ırklarının ticari ana arı olarak kullanımı nedeniyle önemli bir şekilde etkilendiği belirtilmiş ve bu durum bal arısı biyoçeşitliliği üzerinde olumsuz etkiler yaratmıştır. Morfometrik ve moleküler yöntemlerin birleştirilmesi sonucu, Türkiye'de beş farklı bal arısı ırkı olduğu belirlenmiştir: *Apis mellifera caucasica*, *Apis mellifera carnica*, *Apis mellifera anatoliaca*, *Apis mellifera meda* ve *Apis mellifera syriaca*. Trakya bölgesinde *Apis mellifera carnica*, Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde *Apis mellifera meda*, Hatay-Antakya'da küçük bir alanda *Apis mellifera syriaca*, Kuzeydoğu Anadolu'da *Apis mellifera caucasica* ve Ege, İç Anadolu, Akdeniz ve Karadeniz'in batı ve orta kesimlerinde *Apis mellifera anatoliaca* türleri görülmektedir (Kambur ve Kekeçoğlu, 2018).

Özmen Özbakır (2011); İran, Suriye ve Türkiye (Şanlıurfa, Van, Şırnak, Mardin, Hakkari, Kilis ve Hatay)'den topladıkları bal arılarıyla yaptıkları klasik morfometri çalışmasında, Hatay ve Suriye grupları arasında dağılma olduğunu, bu sebeple Hatay'daki bal arılarının *Apis mellifera syriaca* olabileceğini vurgulamıştır. Hakkari ve Van bal arılarının ise *Apis mellifera meda* ile benzer olacağını belirtmiştir. Suriye'nin

kuzeyi ve kuzeybatısı ve Van Gölü'nden Hatay'a güney Doğu bal arıları *A. mellifera meda* veya ekotipleri olarak sınıflandırılabilir.

İran'da Ürmiye, Tahran ve Tebriz'den örneklenen *Apis mellifera meda*'nın Kırşehir'den *Apis mellifera anatoliaca*'nın, Orta Anadolu ve Beypazarı ile Kuzeydoğu Anadolu'da Posof'tan örneklenen *Apis mellifera caucasica*'nın morfolojik karakterlerinin standart morfometrik yöntemler kullanılarak analiz edildiği bir çalışmada, diskriminant analizinde; İran, Orta Anadolu ve Kafkas bal arılarının popülasyonları ayrı kümeler oluşturmuştur. Mahalanobis mesafeleri, Kafkas arılarının Orta Anadolu arılarına diğer arılardan daha çok yakınlık gösterdiğini doğrulamıştır (Adl Farshineh vd., 2007).

Dolatti vd. (2013), İran'ın farklı bölgelerinden alınan örneklerle geometrik morfometri yöntemini kullanarak yaptıkları çalışmada birbirine coğrafi olarak daha yakın olan popülasyonların morfolojik açıdan daha fazla benzerlik taşıdıklarını ortaya koymuştur.

Kekeçoğlu ve Soysal (2010); Hakkari, Van, Bingöl, Elazığ, Erzincan, Ağrı, Malatya illerinden alınan örnekleri de dahil ettikleri klasik morfometri ile yaptıkları çalışmada morfometrik karakterlerin farklı popülasyonlarda farklılık gösterdiğini ve Bingöl'den alınan örneklerin kısa ön kanat uzunluğu ve yüksek kübital indeks nedeniyle *A. m. meda* olabileceklerini ifade etmişler ve bal arılarının büyüklükleri ile artan enlem ve boylam arasında bağlantı olduğunu göstermişlerdir.

Kekeçoğlu vd. (2020) yaptığı çalışmada, Türkiye'nin çeşitli bölgelerinden alınan bal arısı örneklerini geometrik morfometri yöntemini kullanarak incelenmiştir. Çalışma sonucunda; bal arısı popülasyonlarının Güneydoğu Anadolu ve geri kalan olmak üzere iki temel kümeye ayrıldığı görülmüştür. Güneydoğu Anadolu popülasyonunun şekil morfolojisi açısından farklılık göstermesi saçılım ve dendogram grafiğinde ayrı kümeler oluşturması, bu bölgede başka ırkın bulunabileceğini işaret etmektedir.

Morfometrik ölçüm teknikleriyle yapılan bilimsel çalışmalar sonucunda Türkiye'nin güney bölgesinde *Apis mellifera syriaca* varlığından bahsedilir. Moleküler yöntemler kullanılarak yapılan çalışmalar sonucunda başta *Apis mellifera meda* olmak üzere Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde *Apis mellifera meda* ve *Apis mellifera syriaca* 'nın birlikte bulunduğu görülmüştür (Kandemir vd., 2000; Palmer vd., 2000; Kandemir vd., 2005; Adl Farshineh vd., 2007).

Kekeçoğlu (2007) tarafından gerçekleştirilen çalışmada Türkiye'nin 7 değişik coğrafi bölgesinde 55 farklı lokasyondan toplanan bal arısı örnekleri morfolometrik gözlemlerinin yanısıra 16s rRNA, mtDNA COI lokuslarından PCR-RFLP yöntemi kullanılarak analiz edilmiştir. Çalışma sonucunda *A. m. anatoliaca*, *A. m. meda* ve *A. m. caucasica* alttürleri arasında yakın ilişki bulunmuştur.

Kence vd. (2009) tarafından yapılan çalışmada, İran'dan 5 *Apis mellifera meda* popülasyonu ve Türkiye'den 2 popülasyon (Artvin, Hakkari) olmak üzere toplamda 7 bal arısı popülasyonundan alınan örnekler incelenmiştir. Çalışmada örneklenen ırklardan biri *A. m. meda*, biri *A. m. caucasica* olmak üzere morfolometrik, mtDNA ve mikrosatellit analizleri kullanılmıştır. Morfolometrik analiz üç farklı grup ortaya çıkardı. İlki İran popülasyonlarının tümünü içerirken, gerisi Türkiye'den gelen meda ve kafkas arılarını barındırıyordu.

Kükrer vd. (2021) tarafından gerçekleştirilen araştırmada, Türkiye'nin 6 farklı bölgesinden alınan bal arısı örnekleriyle 30 mikrosatellit markörü kullanılmıştır. Yapılan çalışmaya Doğu Anadolu bölgesinden Erzurum, Ardahan, Elazığ ve Bitlis illerinden alınan örnekler de eklenmiştir. Çalışmada göçer arıcılığın, ana arı/koloni ticaretinin ve koruma çalışmalarının bal arısı popülasyonları üzerindeki etkileri kıyaslanmıştır. Ayrıca Bitlis'ten alınan gezgin arı örnekleri Anadolu örnekleriyle beraber kümelenme göstermiştir. Gelecekte Bitlis ili ve Doğu illerinden sabit arıcılara ait örneklerle yapılacak bir analizin, bu popülasyonların aralarındaki ilişkinin belirlenmesi için daha kesin bir veri sağlayabileceği sonucuna varılmıştır.



3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Materyal

Bu yüksek lisans tez çalışmasında kullanılmış olan bal arısı örnekleri Van (Gevaş, Çatak, Özalp, Başkale), Hakkari (Otluca, Akçalı, Kanatlı) ve İran (Ürmiye-Bavan-Bardehzi-Gundikemele) ‘dan 2021-2023 yıllarında temin edilmiştir.

Çizelge 3.1 Bal arısı örneklerinin alındığı lokasyonlar, arıcı ve kovan sayıları

Ülke	İL	İLÇE	KÖY	Arıcı Sayısı	Kovan Sayısı
Türkiye	VAN	Gevaş	Merkez	1	3
			Göründü	1	3
			Değirmitaş	3	12
			Ortamahalle	1	3
		Çatak	Dalbastı	1	4
			Büyükağaç	2	7
			Kaçit	2	6
			Atlıhan	1	3
		Başkale	Aşağı Darıca	1	3
			Yukarı	1	3
			Darıca	1	3
			Çaldıran	1	3
		Özalp	Dönerdere	1	3
			YukarıTulgalı	1	3
Türkiye	Hakkari	Merkez	Otluca	1	3
			Akçalı	1	3
			Kanatlı	1	3
İran	Ürmiye	Merkez	Merkez	1	1
			Balowlan	1	1
			Gundikemele	1	1
			Berdizi	1	1

Bal arısı örneklerinin alındığı lokasyonlar Çizelge 3.1’de gösterilmiştir. Çizelgede de görüldüğü gibi toplamda 24 lokasyon, 75 kovan ve her kovandan 25-30 işçi arı örneği olmak üzere toplamda 1750 işçi arı örneği toplanmıştır. Fakat çalışma

esnasında deforme kanatlar çalışmadan çıkarıldığı için 1739 işçi arı örneği geometrik morfomeri özellikleri bakımından incelenmiştir.

Geometrik morfometri analizinde kullanılacak işçi arı örneklerini almak için Van ili Gevaş ilçesinin Merkez ve 3 köyü, Çatak ilçesinin 4 köyü, Başkale ilçesinin 4 köyü, Hakkari ilinin 3 merkez köyü ve İran ülkesinin Ürmiye şehrinin merkez ve 3 köyüne ziyaretler gerçekleştirilip sabit arıcılık yapılan arılıklar ziyaret edilmiştir (Şekil 3.1).



Şekil 3.1 İşçi arıların alındığı kovanlardan bazıları

3.1.1 Örneklerin Toplanması, Laboratuvara Taşınması ve Muhafazası

Bu çalışmanın materyallerini işçi bal arıları oluşturmaktadır. Örnekler toplanmadan bal arılarının korunması için %96'lık etil alkol ve falkon tüpleri alınmıştır. Örneklerin alınacağı yerlere ait etiketler hazırlanmış ve falkon tüpleri üzerine yapıştırılmıştır (Şekil 3.2).

Falkon tüpleri üzerindeki etiketlere örneklerin alındığı il, ilçe, köy adı ve alındığı kovan numarası yazılmıştır. Böylece çalışma esnasındaki bal arısı örneklerinin karışmasına engel olunmuştur.



Şekil 3.2 Bal arısı örneklerinin saklandığı falkon tüpleri

Örnekleme işlemi kovanın içerisindeki işçi arılardan yapılmıştır. Örnekler pens yardımıyla tek tek alınıp numune beherleri içerisine bırakılmıştır. Ardından bal arıları eter ile bayıldıktan sonra falkon tüplerine alınmış ve üzerlerine %96'lık etil alkol eklenmiştir. Falkon tüplerinin ağzı sıkıca kapatılmış ve +4°C' de muhafaza edilmiştir.

3.1.2 Geometrik Morfometri Analizi İçin Kanatların Mikroskop Lamları Arasına Sabitlenmesi

Arıların sağ-sol, ön-arka kanatları pens kullanılarak vücutlarından ayrılmıştır. Bir lam üzerine 4 arıdan sağ-sol, ön-arka kanatlar olmak üzere toplamda 16 arı kanadı yerleştirilmiştir. Kanatlardaki katlanmaları engellemek için her kanat üzerine alkol eklenmiştir. Kanatlar mikroskop lamlarına sabitlenip etiketlenmiştir. Her kovandan 30 işçi arı alınarak preparatlar hazırlanmış ve örneklere ait sağ ön kanatlar çalışmada kullanılmıştır (Şekil 3.3).



Şekil 3.3 Mikroskop lamları arasına sabitlenen bal arısı kanatları

3.1.3 Eldeki Kanat Görüntülerinin Dijitalleştirilerek Bilgisayar Ortamında İşlenmesi ve Düzenlenmesi

Landmark yöntemi için lamların arasına sabitlenmiş olan kanatların görüntüleri mikroskop istenilen büyüklüğe göre ayarlanıp çekilmiştir. Çalışmanın geri kalanı bilgisayar ortamında olacağı için fotoğraf çekmeden önce her lokasyon için farklı klasörler oluşturulmuştur. Çekilen kanat fotoğrafı alındıkları konumlara göre isimlendirilip ayrı ayrı klasör halinde bilgisayarda depolanmıştır. Kanat fotoğrafları programlarda kullanılmak üzere bekletilmiştir (Şekil 3.4).

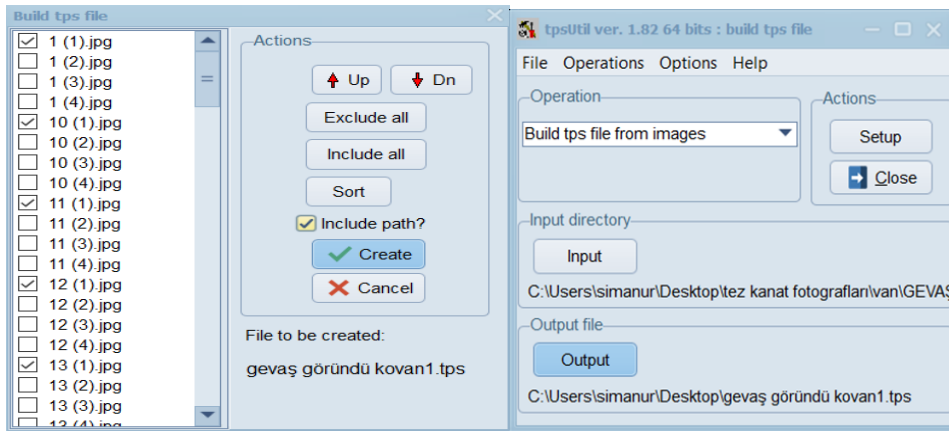


Şekil 3.4 Landmark yöntemi için kanat görüntülerinin çekilmesi

3.2. Yöntem

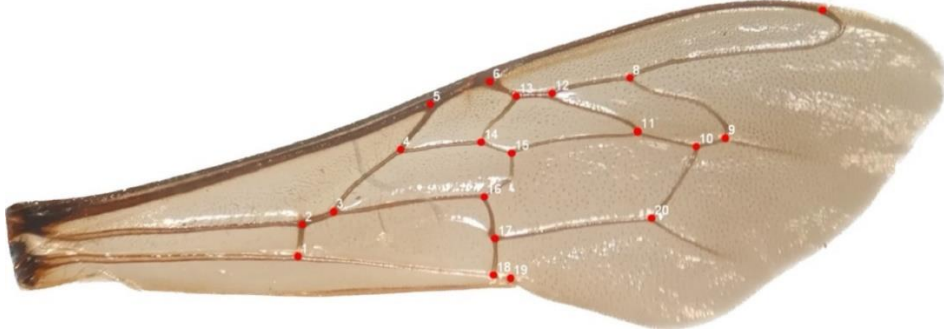
3.2.1 Landmark Noktalarının İşaretlenmesi

Görüntü seti, tps yardımcı programı kullanılarak bir TPS dosyasına dönüştürüldü. Yer işaretleri sayısallaştırma sürecinde TPS veri dosyaları tpsUtil32 v. 1.78 (Rohlf 2019) yazılımı ile hazırlanmıştır (Şekil 3.5). Kanat koordinatlarını elde etmek için tpsDig2 v. 2.31 (Rohlf 2018) yazılımı kullanılmıştır. Sağ taraftaki ön kanatlarda bulunan yirmi işaret Bookstein'ın yer işaretleri tanımına göre sayısallaştırılmıştır (Bookstein, 1990) (Şekil 3.6 ve Şekil 3.7).

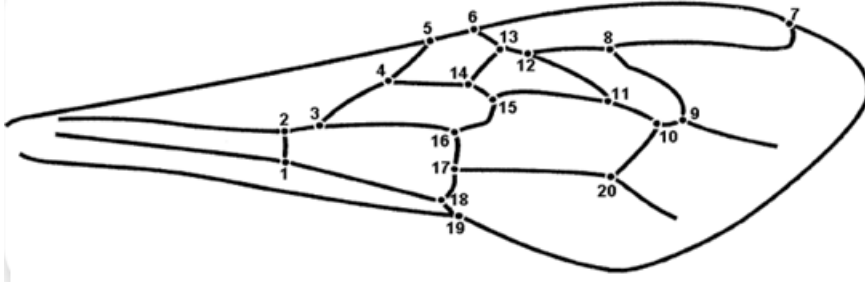


Şekil 3.5 TpsUtil alt modülü ile oluşturulan TPS osyaları

Bütün örnekler için bu işlem tekrarlanmış ve her biri için ayrı TPS dosyası oluşturulmuştur. İstatistiksel analizler için kullanılacak olan TPS dosyaları bilgisayarda depolanmıştır (Şekil 3.8).



Şekil 3.6 Bu çalışmada yapılan sağ ön kanat üzerindeki landmark yerleri



Şekil 3.7 Sağ ön kanat üzerindeki landmark yerleri

```
LM=20
952,00000 1893,00000
967,00000 1988,00000
1065,00000 2036,00000
1261,00000 2211,00000
1337,00000 2333,00000
1499,00000 2411,00000
2395,00000 2649,00000
1897,00000 2436,00000
2134,00000 2270,00000
2078,00000 2245,00000
1916,00000 2279,00000
1673,00000 2378,00000
1564,00000 2372,00000
1467,00000 2245,00000
1565,00000 2219,00000
1502,00000 2091,00000
1511,00000 1974,00000
1494,00000 1869,00000
1545,00000 1856,00000
1950,00000 2034,00000
IMAGE=C:\Users\simanur\Desktop\van\GEVAŞ\GEVAŞ GÖRÜNDÜ\gevaş göründü arııcı 1 kovan 1\8 (1).jpg
ID=28
COMMENT=gevaş göründü arııcı 1kovan 1
VARIABLES=OrigNum=29
```

Şekil 3.8 TpsDig alt modülü ile landmark noktaları işaretlendikten sonra oluşan koordinatlarının TPS dosyası

3.2.2 Geometrik Morfometri Analizi İçin Kullanılan Yazılımlar ve İstatistiksel Metodlar

TpsDig program ile oluşturulan landmark x,y koordinatları aşağıdaki istatistiksel analizler için kullanılmıştır.

- Morphoj Procrustes Uyum Analizi (Genelleştirilmiş Procrustes Analizi)
- Morphoj Procrustes Fit
- Morphoj Procrustes ANOVA (Tek Değişkenli Varyans Analizi)
- Morphoj Temel Öğeler Analizi (PCA)
- Morphoj Lolipop Glut Grafiği
- Morphoj Kanonik Değişken Analizi (CVA)
- Morphoj Ayırışım Fonksiyon Analizi (DFA)
- SPSS Ayırışım Fonksiyon Analizi (DFA)
- SPSS Multivariate Testler (MANOVA)

3.2.3 MorphoJ Analizi

'x, y' koordinatlarını ve ardından boyut ve şekil metriklerini elde etmek için yer işaretlerinin ham koordinatlarını içeren TPS dosyası MorphoJ yazılım sürümü 1.06 (Klingenberg, 2011) kullanılarak analize tabi tutuldu. Procrustes Fit işlevi kullanılarak ham koordinatlardan ölçek, konum ve yönelim farklılıkları kaldırılarak hizalandı. MorphoJ yazılımı Procrustes uyum analizi, Procrustes ANOVA, Temel Öğeler Analizi (PCA), Lolipop Glut Grafiği, kanonik değişken analizi (CVA), diskriminant (ayırışım) fonksiyon analizi (DFA) gibi veri analizinde kullanılmıştır.

Ortalama kare (MS) değerleri Procrustes'tan elde edilmiştir. MorphoJ'da Procrustes ANOVA lokasyonlar ve aralıklar arasındaki varyasyonları belirlemek için kullanılmıştır. Procrustes ANOVA, centroid boyutundaki ve şekildeki varyans farklılıklarını analiz etmek için kullanılan bir yöntemdir. Centroid boyutu, bir nesnenin tüm yer işaretlerinin merkezlerine olan karesel uzaklıklarının toplamının karekökü olarak tahmin eden analitik bir yöntemdir. Kanonik değişken analizi (CVA), belirli bir popülasyonda en az iki grubun varyasyonunu karşılaştırmak ve tanımlamak için kullanılır. Mahalanobis mesafesi (MD), bir nokta ile bir dağılım arasındaki mesafeyi ölçen çok değişkenli bir mesafe için etkili bir metriktir. Procrustes mesafesi, gruplar arasındaki yer işaretlerinin konfigürasyonundaki karesel farklılıkların toplamının kareköküdür. Bu, genel olarak nesnelerin morfolojisinin benzerliğini veya farklılığını değerlendirmek için kullanılır ve gruplar arasındaki ortalama şekil farkını gösterir. Diskriminant (Ayırışım) fonksiyon analizi (DFA), bilinmeyen bir bireyden sınıflandırma için bir analize dahil edilen grupların merkezlerine olan Mahalanobis mesafesini ölçer. (PCA) örneklerdeki şekil varyasyonlarını tanımlamak için kullanılmıştır. Nirengi noktalarının temel bileşenleri bir lolipop diyagramı şeklinde çizilmiştir. Şekil varyasyonuna katkıda bulunan örneklerin yüzdesi de bir (PCA) histogram şeklinde sunulmuştur.

3.2.4 SPSS Analizi

Birden fazla bağımlı değişkenin var olduğu durumlarda varyans analizi gerçekleştirmek için kullanılan bir teknik olan MANOVA, SPSS yazılımı ile

uygulanmıştır. Diskriminant fonksiyon analizi (DFA), bilinmeyen bireyleri belirli bir gruba sınıflandırmak için kullanılan ve sınıflandırma olasılığını hesaplayan istatistiksel bir yöntemdir. Diskriminant fonksiyon analizi, örneklemin özellik için normal dağıldığı varsayımını yapar. Fonksiyon, birinci veya ikinci kanonik doğrusal diskriminant fonksiyonunu gösterir. Her bir fonksiyon, verilerin grupları en iyi şekilde ayıran veya ayırt eden bir boyuta yansıtılması olarak işlev görür. Diskriminant analizindeki özdeğer (eigenvalue), grup içi kareler toplamı ve çapraz çarpım matrisinin tersi ile gruplar arası kareler toplamı ve çapraz çarpım matrisinin matris çarpımının özdeğerleridir. Bu özdeğerler kanonik korelasyonlarla ilgilidir ve bir fonksiyonun ne kadar ayırt edici yeteneğe sahip olduğunu tanımlar. Özdeğerlerin büyüklükleri fonksiyonların ayırt edici yeteneklerinin göstergesidir.

Çok değişkenli analizlerde ortalama vektörler arasında fark bulunup bulunmadığını anlamakta kullanılan birçok test yöntemi bulunur. Bu test yöntemleri çoklu karşılaştırma testleri olarak adlandırılır ve bu testlere ait istatistikler farklı dağılımlara sahip olabilir. Bununla birlikte, bu istatistikler F istatistiğine çevrilebilir.

Gruplar kullanılarak çoklu karşılaştırmalar için 'post hoc' çoklu karşılaştırma testleri yapılmıştır. Pillai'nin izi (Pillai's trace), MANOVA tarafından üretilen bir test istatistiğidir. 0'dan 1'e kadar değişen bir değerdir. Pillai's trace 1'e ne kadar yakınsa, açıklayıcı değişkenin yanıt değişkenlerinin değerleri üstünde istatistiksel açıdan anlamlı bir etkiye sahip olduğuna dair kanıt o kadar güçlüdür. Wilks' lambda, her bir fonksiyonun vakaları gruplara ne kadar iyi ayırdığının bir ölçüsüdür. Diskriminant skorlarındaki toplam varyansın gruplar arasındaki farklılıklar tarafından açıklanmayan oranına eşittir. Wilks' lambda'nın daha küçük değerleri, fonksiyonun daha yüksek ayrımcılık yeteneğine sahip olduğunu gösterir. Hotelling'in T-kare istatistiği (Hotelling's trace) iki grubun ortalama değerleri arasındaki farklılıkların çok değişkenli testi için kullanılan bir istatistiktir. Roy'un En Büyük Kökü (Roy's largest), bir hipotez testinde elde edilen pozitif değerli, çok değişkenli bir test istatistiğidir. Test, benzer istatistiklerle birlikte (örneğin Wilks' Lambda veya Pillai's Trace) özdeğerlere (eigenvalues) dayanır. Roy'un En Büyük Kökünün farklı olduğu nokta, aşırı özdeğerlere odaklanmasıdır. Oluşturulan bir test matrisindeki en büyük özdeğerdir. Yaygın testler arasında Roy'un ki, merkezsizlik tek bir kökte yoğunlaştığında en fazla istatistiksel güce sahiptir. Pillai's Trace, Hotelling's Trace ve Roy's Largest Root değerleri yükseldikçe

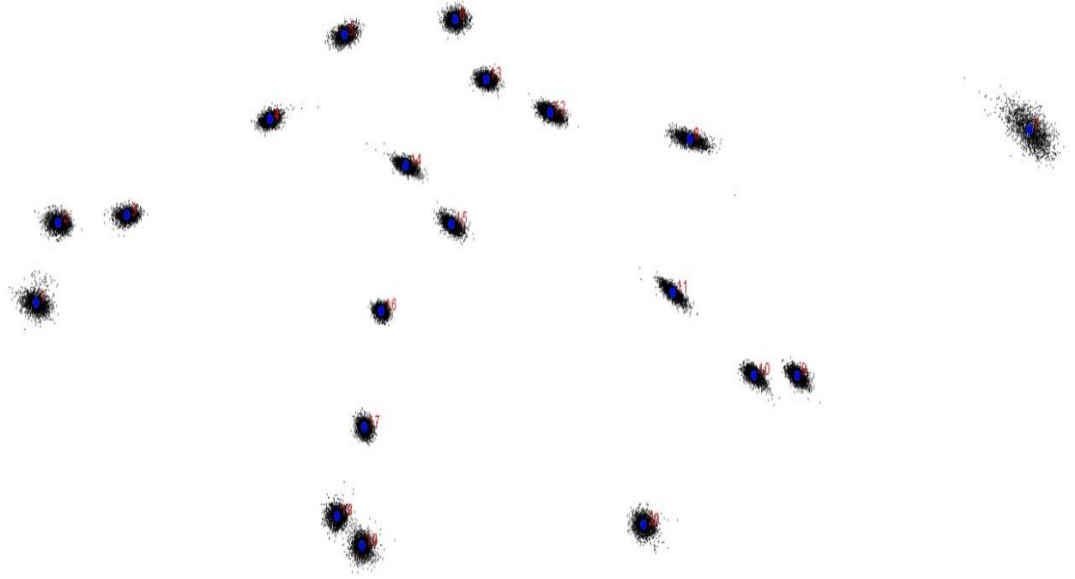
faktörün etkisinin modele katkısı yükselir, ancak Wilk's Lambda tercih edilir çünkü negatif değerli bir test olduğundan değeri azaldıkça faktörün etkisinin modele katkısı büyür. İlişkili ki-kare istatistiği, listelenen fonksiyonların ortalamalarının gruplar arasında eşit olduğu hipotezini test eder. Küçük anlamlılık değeri, diskriminant fonksiyonunun grupları ayırmada şanstan daha iyi olduğunu gösterir. Sınıflandırma tablosu, diskriminant modelinin kullanılmasının pratik sonuçlarını göstermektedir.



4. BULGULAR

4.1 Procrustes Uyum Analizi (Genelleştirilmiş Procrustes Analizi)

Verilerin üst üste bindirilmesi (superimposition) procrustes uyum analizi ile yapılmıştır. Şekil 4.1' deki dağılım grafiği 1713 gözleme ait 20'şer landmark noktalarını kullanarak bal arısı sağ kanadının genel morfolojik şeklini gösteren üst üste bindirilmiş yer işaretlerini göstermektedir.



Şekil 4.1 Ön kanat nirengi noktalarının (landmarklar) üst üste bindirilmesi (superimposition)

Üst üste bindirilmiş 1713 sağ kanat işaret konfigürasyonu setinin dağılım grafiğini gösteren Genelleştirilmiş Procrustes Analizi; mavi noktalar tüm örneklerin ortalama yer işaretlerini, küçük siyah noktalar ise bireylerin yer işaretlerini temsil etmektedir.

Doğru bir sınıflandırma testi, bu iki grubun ortalama değerlerini Procrustes uzaklıkları veya Mahalanobis uzaklıkları formunda analiz eder. Gruplar arasındaki Procrustes ve Mahalanobis uzaklıkları için permütasyon testlerinden (10000 permütasyon turu) elde edilen P-değerleri hepsi için $P < .0001$ olarak hesaplanmıştır.

(Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2). Procrustes uzaklıklarına göre, şeklin tüm lokasyonlar arasında farklı olduğu görülmüştür. Bu farklılık en fazla İran (L6) ve diğer lokasyonlar arasında gözlenmiştir. İran'ı takiben Gevaş (L1) ve diğer lokasyonlar arasındaki varyasyon da dikkate değerdir. Özellikle en belirgin farklılık İran (L6)- Gevaş (L1), onları takiben İran (L6)-Özalp (L4), İran (L6)- Çatak (L3) arasındadır. (Çizelge 4.1). MD (Mahalanobis mesafesi) bir noktanın bir dağılımın ortalamasından kaç standart sapma uzakta olduğunu ölçer. Mesafe arttıkça, bir örneklem ile bir dağılım arasındaki varyasyon daha geniş olacaktır. Buna göre en geniş varyasyon İran (L1)- Gevaş (L2) arasındadır (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.1 Lokasyonlar arasındaki Procrustes uzaklıkları

Lokasyonlar	L1	L2	L3	L4	L5
L2	24.749				
L3	15.741	17.563			
L4	23.302	17.158	18.438		
L5	23.787	14.609	20.191	14.657	
L6	30.224	23.303	25.560	26.313	22.679

Çizelge 4.2 Lokasyonlar arasındaki Mahalanobis uzaklıkları

Lokasyonlar	L1	L2	L3	L4	L5
L2	0.0169				
L3	0.0081	0.0118			
L4	0.0158	0.0063	0.0105		
L5	0.0195	0.0052	0.0150	0.0077	
L6	0.0217	0.0123	0.0175	0.0144	0.0134

4.2 Procrustes Anova (Tek Değişkenli Varyans Analizi)

Hem centroid boyutu hem de şekli için Procrustes ANOVA analizi çıktıları ayrı ANOVA tablolarında sunulmuştur. Popülasyon farklılıklarını değerlendirmek için uygulanan tek değişkenli varyans analizi olan Procrustes ANOVA testi, popülasyonların bulundukları konumlar arasında önemli boyut ve şekil farklılıkları ($P < 0.001$) olduğunu göstermiştir. Centroid büyüklüğü açısından farklılıklar da istatistiksel olarak anlamlı çıkmıştır (Çizelge 4.3). Lokasyonlar arasında centroid boyutu ($F = 149,47$), arıcılara ait aralıklar arasında olandan ($F = 68, 80$) F değeri açısından daha büyük varyasyon göstermiştir. F değeri bazında, lokasyonlar arasında şekil açısından ($F = 38, 58$), aralıklar arasında olandan ($F = 17,16$) daha fazla farklılık saptanmıştır (Çizelge 4.3 ve Çizelge 4.4).

Çizelge 4.3 Lokasyonlara göre Procrustes ANOVA sonuçları. Kareler toplamı (SS), Ortalama kareler (MS), df (serbestlik derecesi), Goodall'ın F istatistiği (F), ve p -değeri (P)

Centroid büyüklüğü:					
Etki (Effect)	SS	MS	df	F	P (param.)
Individual	8713286.930017	1742657.386003	5	149.47	<.0001
Residual	19902271.475878	11659.210003	1707		

Şekil, Procrustes ANOVA:

Etki (Effect)	SS	MS	df	F	P (param.)	Pillai tr.	P
Individual	0.13805243	0.0007669580	180	38,58	<.0001	1.16	<.0001
Residual	1.22165853	0.0000198799	61452				

Çizelge 4.4 Arıcılara ait arılıklara göre Procrustes ANOVA sonuçları. Kareler toplamı (SS), Ortalama kareler (MS), df (serbestlik derecesi), Goodall'ın F istatistiği (F), ve p-değeri (P)

Centroid büyüklüğü:					
Etki (Effect)	SS	MS	df	F	P (param.)
Individual	13841350.917784	601797.865991	23	68.80	<.0001
Residual	14774207.488118	8747.310532	1689		

Şekil, Procrustes ANOVA:

Etki (Effect)	SS	MS	df	F	P (param.)	Pillai tr.	P
Individual	0.25751112	0.0003110038	828	17.16	<.0001	3.22	<.0001
Residual	1.10219984	0.0000181271	60804				

4.3 Kanonik Değişken Analizi (CVA)

Kanat şekilleri arasında bir fark olup olmadığını test etmek için lokasyon ve arılıklara göre kanonik değişken analizi kullanılmıştır. CVA, merkezlerin döndürülmesi ve ölçeklendirilmesinden kanonik değişkenler (CV) üretir ve örneklerin merkezlerine dayalı olarak gruplar arasında Mahalanobis uzaklığı (MD) oluşturur. Popülasyonların dağılımları kanonik değişken analizi ile de ortaya konulmuştur. Gruplar arasındaki varyasyon, grup içi varyasyonun tersi ile ölçeklendirilmiştir. Lokasyonların CV (kanonik değişken) değerleri (Van ilçeleri, Hakkari ve İran) arasındaki varyans yüzdeleri Çizelge 4.5'te verilmiştir. Lokasyon gözetmeksizin, aralık gruplarının CV değerleri arasındaki varyasyon yüzdeleri Çizelge 4.6'de verilmiştir. Lokasyonlar ve arılıklara göre belirlenmiş gruplar Mahalanobis ve Procrustes uzaklıklarına göre yapılan diskriminant analizinde 10000 permütasyon turuna göre çeşitlilik göstermektedir ($P<.0001$).

Çizelge 4.4 Lokasyonlara göre oluşturulan CV grupları arasındaki özdeğer (eigen), varyans ve kümülatif değerler

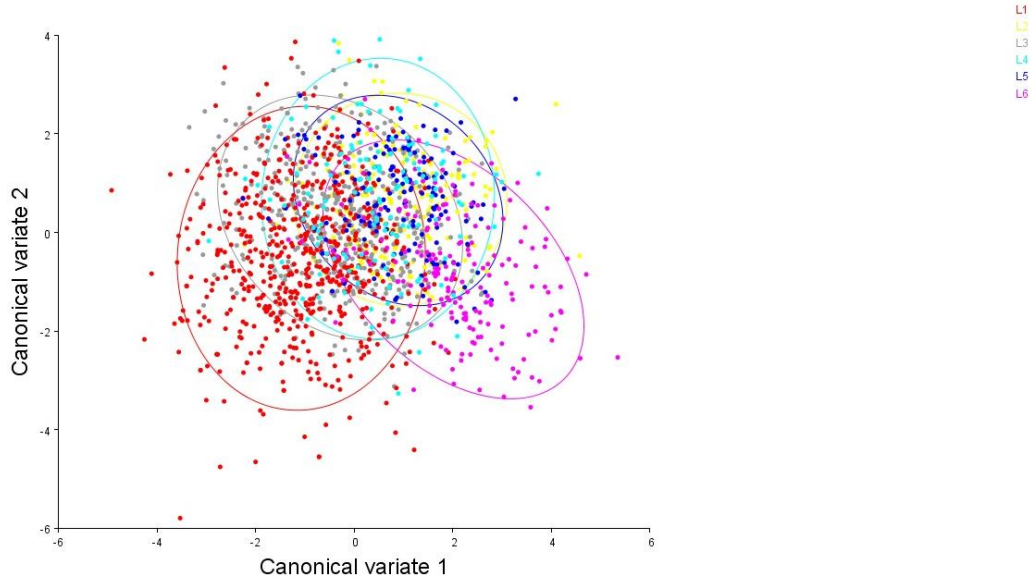
Gruplar	Özdeğer (eigen values)	% Varyans	Kümülatif %
CV 1	0.98187839	53.771	53.771
CV 2	0.38370883	21.013	74.784
CV 3	0.27139115	14.862	89.646
CV 4	0.12405223	6.794	96.440
CV 5	0.06501205	3.560	100.000

Çizelge 4.5 Aralıklara göre oluşturulan CV gruplarının arasındaki özdeğer (eigen), varyans ve kümülatif değerler

Gruplar	Özdeğer (eigen values)	% Varyans	Kümülatif %
CV 1	112.755.469	24.387	24.387
CV 2	0.60491469	13.083	37.470
CV 3	0.48308872	10.448	47.918
CV 4	0.41149084	8.900	56.817
CV 5	0.31948487	6.910	63.727
CV 6	0.26526551	5.737	69.464
CV 7	0.22026410	4.764	74.228
CV 8	0.21305115	4.608	78.836
CV 9	0.15967511	3.453	82.289
CV 10	0.13267419	2.869	85.159
CV 11	0.09721665	2.103	92.241
CV 12	0.11908202	2.575	87.734

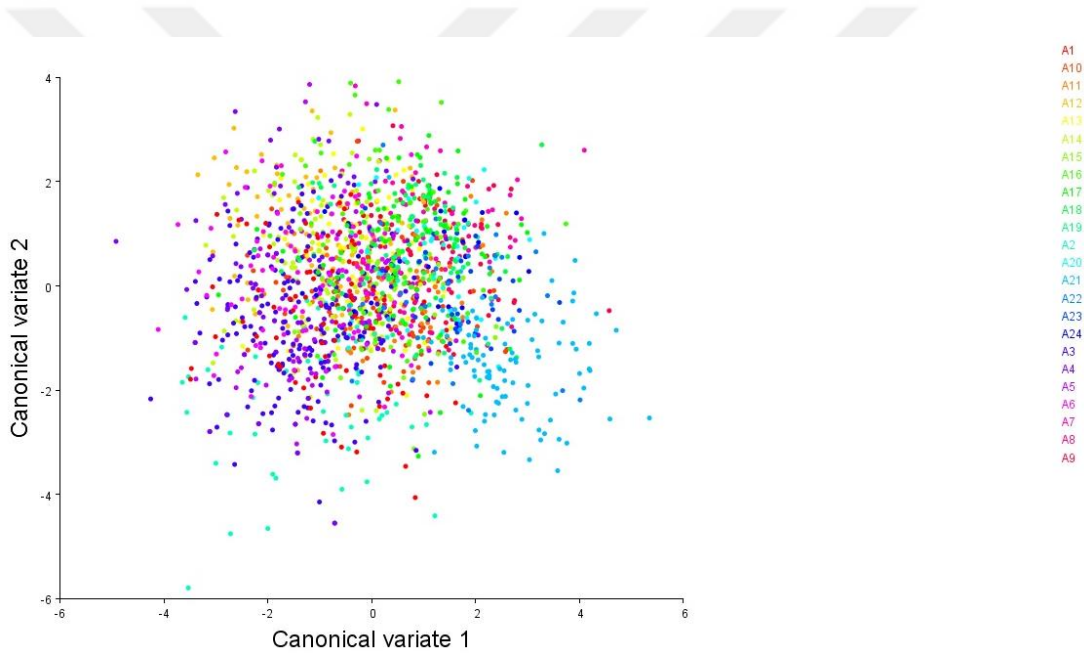
Çizelge 4.6 Arılıklara göre oluşturulan CV gruplarının arasındaki özdeğer (eigen), varyans ve kümülatif değerler (devam)

Gruplar	Özdeğer (eigen values)	% Varyans	Kümülatif %
CV 13	0.09721665	2.103	92.241
CV 14	0.08987128	1.944	94.184
CV 15	0.06693601	1.448	95.632
CV 16	0.04893075	1.058	96.690
CV 17	0.04536763	0.981	97.671
CV 18	0.03435468	0.743	98.414
CV 19	0.02991342	0.647	99.061
CV 20	0.01796197	0.388	99.450
CV 21	0.01087781	0.235	99.685
CV 22	0.00969212	0.210	99.895
CV 23	0.00486468	0.105	100.000



Şekil 4.2 Altı lokasyondan (L1-L6) alınan bal arısı kanat örneklerinde 20 nirengi noktası tarafından oluşturulan form farklılıklarının ilk iki kanonik değişken eksenindeki dağılım grafiği. L1-kırmızı, L2-sarı, L3-gri, L4-turkuaz, L5-lacivert, L6-pembe renklerle temsil edilmektedir.

Kanonik deęiřken analizini temsil eden daęılım grafięi, deęiřkenleri göz önünde bulundurarak farklı lokasyonlardan alınan bal arılarının kanat şekillerindeki benzerlik ve farklılıkları ayırt etmek için oluşturulmuřtur. Kanonik deęiřken analizinde elde edilen CVA grafiklerine göre L2 (Bařkale), L3 (Çatak) L4 (Özalp) ilçeleri ile L5 (Hakkari) iline ait örneklemelerin iç içe geçtikleri görölmektedir. Yer yer çakıřmalar olmakla birlikte bu dörtlü grup ile Gevař (L1) ve İran (L6)’a ait örneklemelerin oluşturduęu gruplar birbirine yakın bir şekilde kümelenmiřlerdir ancak Gevař örneklerinin ve İran örneklerinin dięer gruplara göre farklı daęılıma sahip oldukları görölmektedir (Şekil 4.2).

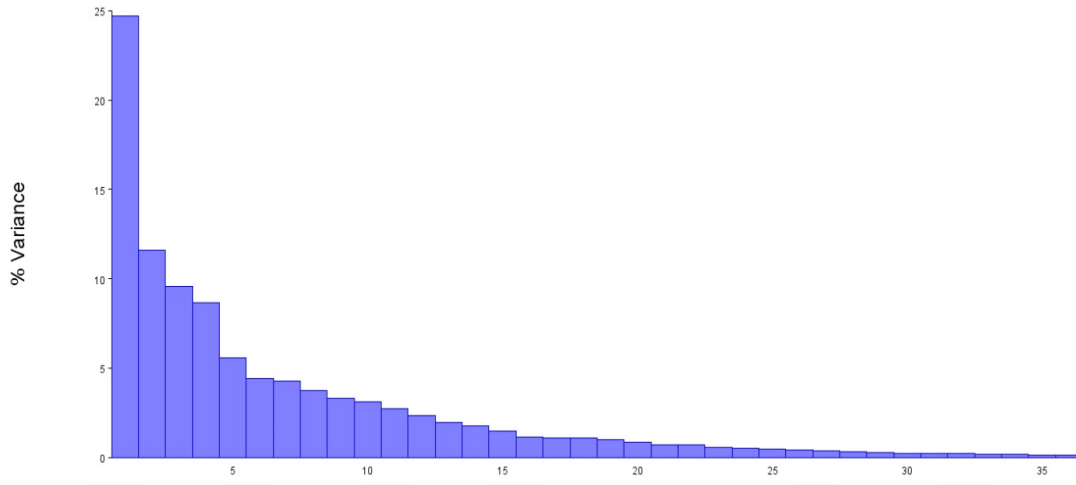


Şekil 4.3 Yirmi dört (A1-A24) arılık kovanlarından alınan bal arısı kanat örneklerinde 20 nirengi noktası tarafından oluşturulan form farklılıklarının ilk iki kanonik deęiřken eksenindeki daęılım grafięi. A1-A24 arası deęiřkenler farklı renklerle temsil edilmektedir.

Kanonik deęiřken analizinde oluşturulan CVA grafiklerinden bir dięerine göre ise, lokasyon ayrımı gözetmeksizin 24 arılıktan alınan örnekler iç içe geçmiř şekilde görölmektedirler (Şekil 4.3). Dolayısıyla arılıklardan alınan örnekleri temsil eden CVA grafięinden ziyade lokasyon bazında yapılan gruplamalara göre elde edilen CVA grafięi daha anlamlı bir kümelenme sunmaktadır.

4.4 Geometrik Morfometrik Verilerin Temel Öğeler Analizi (PCA)

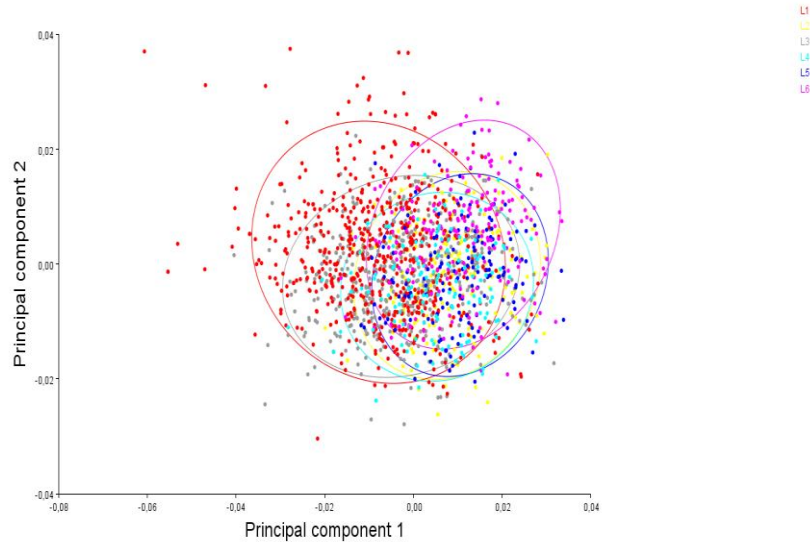
Landmark (kanattaki 20 adet nirengi noktaları) verilerinde farklı lokasyonlara dayalı varyasyon analizleri için bir diğer yöntem olarak temel öğeler analizi kullanılmıştır. PCA örneklerdeki şekil varyasyonlarını tanımlamak için kullanılmıştır. Şekil varyasyonuna katkıda bulunan örneklerin yüzdesi de bir PCA histogram şeklinde sunulmuştur.



Şekil 4.4 Temel öğeler analizi sonucunda temel bileşenlere göre varyans dağılımı

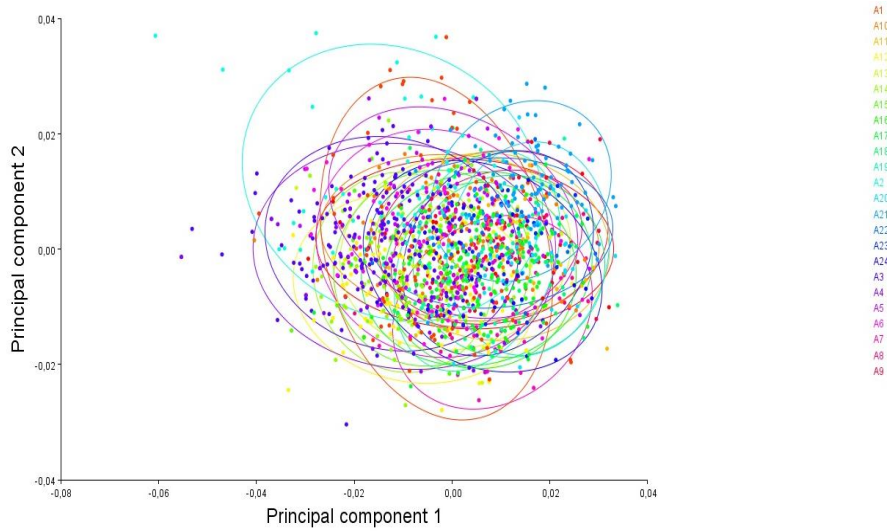
Eigenvalues (özdeğerler) farklı yönlerin ayrıştırılmasıdır. Tüm veri setindeki genel fenotipik varyasyonun ne kadarının her bir yön tarafından açıklandığı birbirinden bağımsız (orthogonal) çubuk diyagramı ile gösterilmiştir. PCA, varyasyonlarının %100'ünden sorumlu 36 temel bileşen (PC) ortaya çıkarmıştır. Şekil 4.4 bir histogramda çizilen örneklere katkıda bulunan şekil varyasyonlarının sayısını göstermektedir.

Diyagrama göre birinci temel bileşen (PC1) şekil varyasyonunda yüzde 25 ile en fazla katkıyı oluşturmuştur, onu da yüzde 12 ile ikinci temel bileşen (PC2) takip etmektedir. İlk beş boyut genel varyasyonun %60'ını açıklarken, ilk on boyut %79'unu açıklamaktadır (Şekil 4.4).



Şekil 4.5 Altı lokasyondan alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiği. L1-kırmızı, L2-sarı, L3-gri, L4-turkuaz, L5-lacivert, L6-pembe renklerle temsil edilmektedir

Altı lokasyondan (Van İlçeleri, Hakkari ve İran) alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiğinde oluşan kümeler CVA grafiğine göre birbirine daha yakın bir dağılım sergilemektedir ve eksenlerin kesişim alanları daha yoğundur. Gevaş (L1) ve İran (L6)' a ait örneklerden bazıları nispeten merkezin dışında da fark edilir bir dağılım sergilemektedirler (Şekil 4.5).

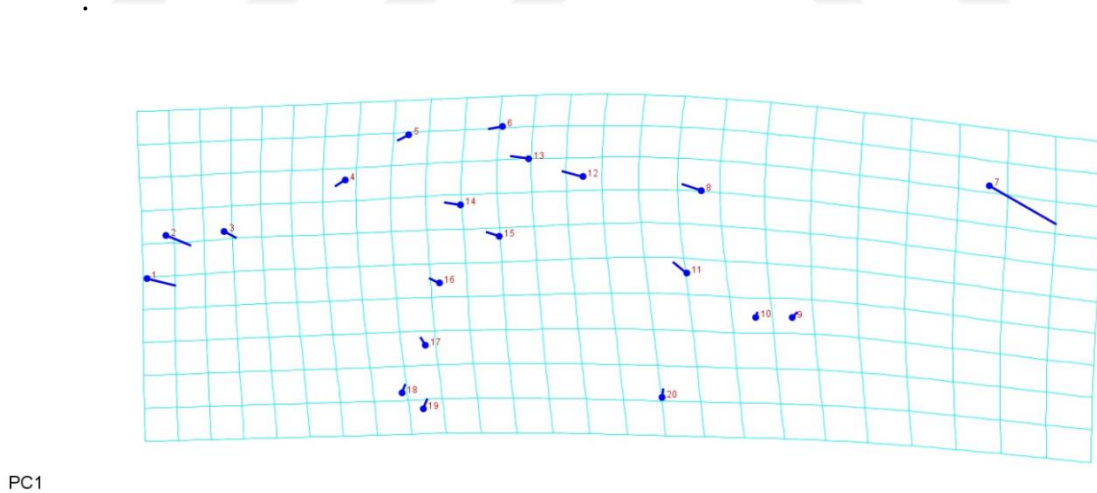


Şekil 4.6 Yirmi dört (24) adet arılık kovanlarından alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiği. A1-A24 arası değişkenler farklı renklerle temsil edilmektedir.

Yirmi dört aralıktan alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiğinde çok fazla üst üste çakışma görüldüğü için, aralık bazında yapılan temel ögeler bileşen analizi yorumlanabilir bir anlam taşımamaktadır (Şekil 4.6).

4.5 Lolipop Glut Grafiği

Tüm arı kanatlarındaki şekil değişiklikleri ‘lolipop glut’ grafiğinde gösterilmiştir (Şekil 4.7). Nirengi noktalarının temel bileşenleri bir lolipop diyagramı şeklinde çizilmiştir. Noktaların ucundaki çubuklar şekil değişiminin büyüklüğünü ifade etmektedir. Şekil açısından bal arısı popülasyonlarının kanat farklılıkları, transformasyon grid’leri kullanılarak görsel olarak analiz edilmiş ve söz konusu farklılıkların hangi nirengi (landmark) noktalarında yoğunlaştığı belirlenmiştir. En az değişim 9 ve 10 numaralı landmark (nirengi) noktalarında gözlenirken, en fazla farklılık ise 7 numaralı nirengi noktasında görülmektedir. Bunu da 2 ve 3 numaralı nirengi noktalarındaki farklılıkların büyüklüğü takip etmektedir. Kalan landmark (nirengi) noktalarında da popülasyonlar arasında varyasyonların olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.7 Bal arısı popülasyonlarının kanat şekil farklılıkları ve yoğunlaştığı landmark (nirengi) noktaları. Mavi noktalar, ortalama landmark değerlerini göstermektedir.

4.6 Multivariate Tests (MANOVA- Multivariate Analysis Of Variance)

Kanat şekline bağlı olarak Landmark metodu ile Van ilinin 4 ilçesi, Hakkari ve İran’da yayılış gösteren popülasyonların karşılaştırılması ve popülasyonlar arasındaki varyansın belirlenmesi SPSS yazılımı kullanılarak çok değişkenli varyans analizi olarak ifade edilen ‘Multivariate Analysis of Variance (MANOVA) testi ile gerçekleştirilmiştir. Pillai’nin izi (Pillai’s trace) değeri lokasyon bazında 0, 622’dir. Bu değer 1’e ne kadar yakınsa açıklayıcı değişkenin yanıt değişkenlerinin değerleri üzerinde istatistiksel olarak anlamlı bir etkiye sahip olduğuna dair kanıt o kadar güçlüdür. Pillai’s Trace, Hotelling’s Trace ve Roy’s Largest Root değerleri fazlaştıkça faktörün etkisinin modele katkısı büyür. Lokasyon bazında Wilks' Lambda değeri 0, 488’dir. Wilk’s lambdanın daha küçük değerleri fonksiyonun daha yüksek ayrımcılık yeteneğine sahip olduğunu gösterir. MANOVA testi sonucunda, 6 lokasyonda dağılış gösteren bal arısı popülasyonları arasında gözlenen farklılıklar önemlidir ($P<0,000$) (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7 Kanat şekline bağlı olarak Landmark metodu ile Van ilinin ilçeleri, Hakkari ve İran’da yayılış gösteren popülasyonların MANOVA sonucu

Çok Değişkenli Testler						
Etki (Effect)		Değer	F	Hipotez df	Error df	Sig.
Intercept	Pillai's Trace	.941	2213.114	12.000	1662.000	.000
	Wilks' Lambda	.059	2213.114	12.000	1662.000	.000
	Hotelling's Trace	15.979	2213.114	12.000	1662.000	.000
	Roy's Largest Root	15.979	2213.114	12.000	1662.000	.000

Çizelge 4.7 Kanat şekline bağlı olarak Landmark metodu ile Van ilinin ilçeleri, Hakkari ve İran’da yayılış gösteren popülasyonların MANOVA sonucu (devam).

Lokasyon	Pillai's Trace	.622	19.713	60,000	8330.00	.000
	Wilks' Lambda	.488	21.506	60,000	7786.275	.000
	Hotelling's Trace	.842	23.288	60,000	8302.00	.000
	Roy's Largest Root	.522	72.435	12,000	1666.00	.000

Van ilçeleri, Hakkari ve İran lokasyonları arasında yapılan öznelar arası etki test sonuçları Log centroid büyüklüğü ve PC10 dışındaki bağlı değişkenlerde istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar vermiştir ($P<0,000$) (Çizelge 4.8). Tukey parametresi kullanılarak yapılan post-hoc testlerinde çoklu karşılaştırma (multiple comparisons) sonuçlarına göre centroid büyüklük (size) verilerinde L3 (Çatak) ve L4 (Özalp) istatistiksel olarak farklıdır. Varyasyonun önemli bir yüzdesini açıklayan PC1 ve PC2 değerlerinin analizi sonucunda, PC1 verilerine göre L1 (Gevaş) ile diğer lokasyonlar ve L3 (Çatak) ile diğer lokasyonların arasında anlamlı farklar bulunmuştur.

Çizelge 4.8 Öznelar arası etki test sonuçları

Öznelar arası etki testleri						
Kaynak	Bağımlı Değişken	Tip III Kareler Toplamı	df	Ortalama Kare	F	Sig.
Lokasyon	Centroid büyüklüğü	1.165E19	5	2.330E18	7.931	.000

Çizelge 4.8 Özneler arası etki test sonuçları (devam).

Log					
Centroid	4.313E18	5	8.627E17	.212	.957
büyüklüğü					
PC1	7.856E16	5	1.571E16	118.068	.000
PC2	1.053E16	5	2.105E15	26.982	.000
PC3	1.738E15	5	3.476E14	5.122	.000
PC4	1.009E16	5	2.018E15	35.546	.000
PC5	1.481E15	5	2.963E14	7.369	.000
PC6	1.250E15	5	2.501E14	7.928	.000
PC7	2.925E15	5	5.849E14	19.768	.000
PC8	1.105E15	5	2.210E14	8.399	.000
PC9	6.408E14	5	1.282E14	5.426	.000
PC10	2.679E14	5	5.359E13	2.402	.035

Van ilçeleri, Hakkari ve İran lokasyonları arasında yapılan özneler arası etki test sonuçları Log centroid büyüklüğü ve PC10 dışındaki bağlı değişkenlerde istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar vermiştir ($P<.000$) (Çizelge 4.8). Tukey parametresi kullanılarak yapılan post-hoc testlerinde çoklu karşılaştırma (multiple comparisons) sonuçlarına göre centroid büyüklük (size) verilerinde L3 (Çatak) ve L4 (Özalp) istatistiksel olarak farklıdır. Varyasyonun önemli bir yüzdesini açıklayan PC1 ve PC2 değerlerinin analizi sonucunda, PC1 verilerine göre L1 (Gevaş) ile diğer lokasyonlar ve L3 (Çatak) ile diğer lokasyonların arasında anlamlı farklar bulunmuştur.

4.7 Ayırışım Fonksiyon Analizi (DFA)

DFA, gruplar arasında en büyük varyasyonu üretecek değişkenleri seçerek referans gruplar arasında en büyük kontrastı üretir. Ayrıca, bu çalışmada ırk gibi faktör yapılarına göre örneklem sınıflandırmasının doğruluğunu da sağlamaktadır. DFA daha sonra farkın yeterince test edildiğini değerlendirmek için çapraz doğrulama testi (cross-validation) ile değerlendirilmiştir.

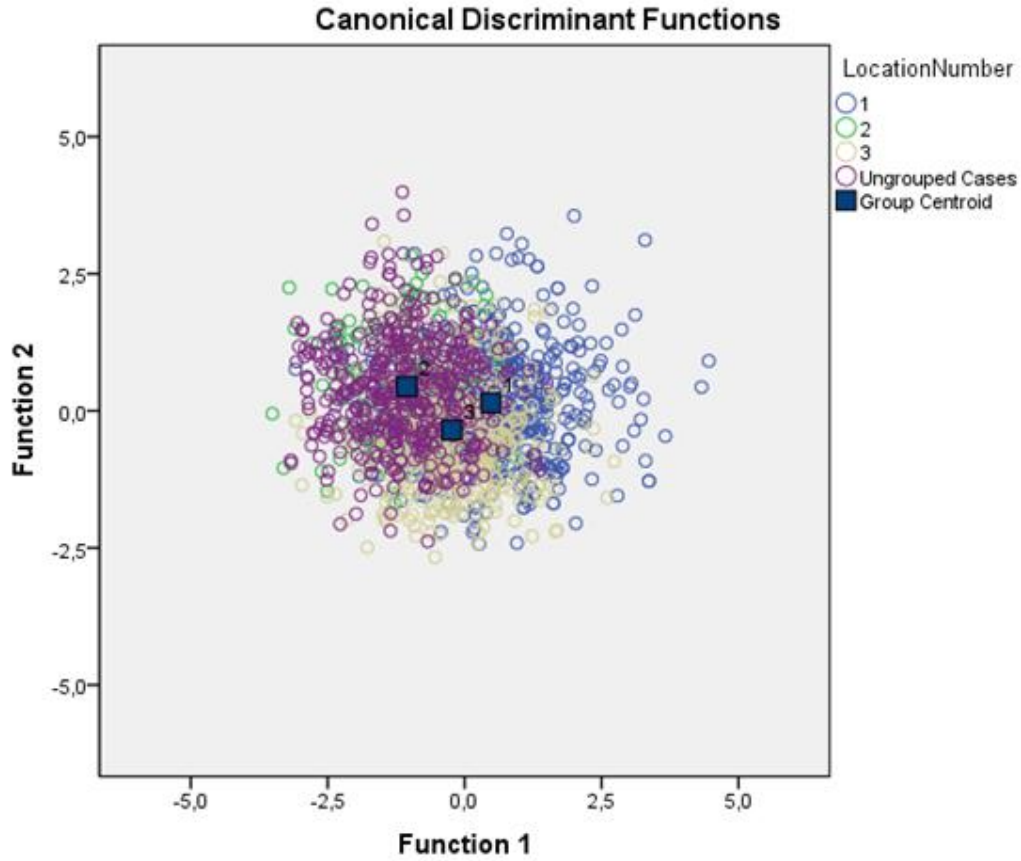
Fonksiyonun grupları ne kadar iyi ayırt ettiğini gösteren özdeğer ne kadar büyükse, fonksiyon o kadar iyi ayırt eder. DFA’da I. eksen toplam varyasyonun %77,5’ unu, II. eksen %22,5’ unu, açıklamıştır. Toplam varyasyonun %100’ü ilk 2 eksen tarafından açıklamaktadır (Çizelge 4.9). Wilks' Lambda değerlerine göre bu durum istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ($P<.000$) (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.9 Ön kanat verileri ile yapılan DFA’ya göre ilk 2 kononikal ayırışım fonksiyonunun eigen değerleri, % varyans değerleri, % kümülatif değerleri ve kanonik korelasyon değerleri hesaplanmıştır. Analizde ilk 2 kanonik diskriminant fonksiyonu kullanılmıştır.

Özdeğerler (Eigenvalues)				
Fonksiyon	Özdeğer	% Varyans	%Kümülatif	Kanonik Korelasyon
1	.290	77.5	77.5	.474
2	.084	22.5	100.0	.279

Çizelge 4.10 Ön kanat verileri ile yapılan DFA’ya göre ilk 2 kanonikal ayırışım fonksiyonunun Wilk’s lambda değerleri ($P<.000$).

Wilks' Lambda				
Fonksiyonların Testi	Wilks' Lambda	Ki-Kare	df	Sig.
1'den	.715	401.017	18	.000
2'ye	.922	96.664	8	.000



Şekil 4.8 Kanonik diskriminant fonksiyon grafiği. Canonical discriminant functions (kanonik diskriminant fonksiyonları), Function 1 (Fonksiyon 1), Function 2 (Fonksiyon 2), Location number (lokasyon sayısı), Ungrouped cases (gruplanmamış vakalar), Group centroid (grup merkezi). Grup 1 mavi dairelerle, grup 2 yeşil dairelerle, grup 3 sarı dairelerle, gruplanmamış vakalar mor dairelerle temsil edilmiştir.

Ayrışım fonksiyon analizine göre tüm popülasyonlar 3 grupta toplanmaktadır. Bu 3 grup haricinde bir de gruplanamayan örneklem vardır. Gruplanamayan örneklem (yanlış sınıflandırılmış) ile kastedilen bulundukları lokasyondaki popülasyonlardan farklı bir sınıflandırmaya dahil edilmeleridir (Şekil 4.8). Öngörülen grup üyeliği, analizden elde edilen grupların tahmini frekanslarıdır. Her sütundan aşağıya doğru sıralanan sayılar, sayısal olarak hangilerinin doğru ya da yanlış sınıflandırıldığını gösterir. ‘Orijinal’, verilerde bulunana grupların frekanslarıdır. Orijinal veriler için, karesel Mahalanobis mesafesi kanonik fonksiyonlara dayanmaktadır. Çapraz doğrulamalı veriler için, karesel Mahalanobis mesafesi gözlemlere dayanmaktadır. Çapraz doğrulama yalnızca analizdeki vakalar için yapılır.

Çapraz doğrulamada, her vaka, o vaka dışındaki tüm vakalardan türetilen fonksiyonlar tarafından sınıflandırılır.

Çizelge 4.11 DFA analizinde sınıflandırma sonuçları

Sınıflandırma Sonuçları						
		Lokasyon sayısı	Öngörülen Grup Üyeliği			Total
			1.00	2.00	3.00	
Orjinal	Sayım	1.00	353	92	141	586
		2.00	17	118	33	168
		3.00	126	108	216	450
		Gruplandırılmamış vakalar	56	316	103	475
	%	1.00	60.2	15.7	24.1	100.0
		2.00	10.1	70.2	19.6	100.0
		3.00	28.0	24.0	48.0	100.0
		Gruplandırılmamış vakalar	11.8	66.5	21.7	100.0
Çapraz doğrulama	Sayım	1.00	351	94	141	586
		2.00	17	116	35	168
		3.00	126	109	215	450
	%	1.00	59.9	16.0	24.1	100.0
		2.00	10.1	69.0	20.8	100.0
		3.00	28.0	24.2	47.8	100.0

Sınıflandırmanın ortalama doğruluğunun sonucu Çizelge 4.11'de gösterilmiştir. Orijinal gruplandırılmış vakaların %57,1'i doğru sınıflandırılmıştır. Çapraz doğrulaması yapılan gruplandırılmış vakaların %56,6'sı doğru sınıflandırılmıştır.

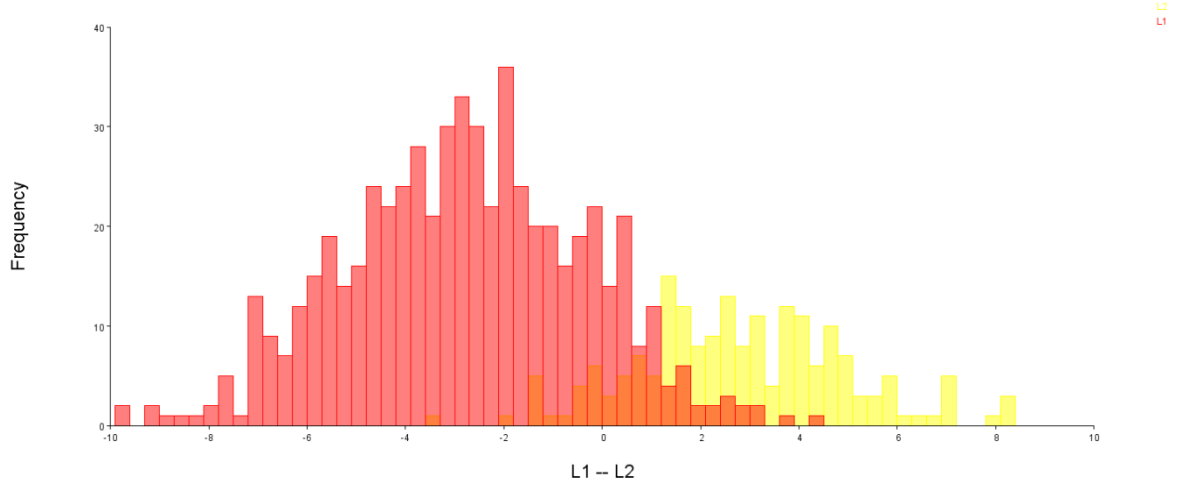
Çizelge 4.12 Farklı lokasyonlara ait bal arısı popülasyonlarının ayrışım fonksiyon analizi (T-kare istatistiğini kullanan permütasyon testi, Mahalanobis mesafesini kullanan bir teste eşdeğerdir.)

Karşılaştırma	Procrustes Uzaklığı	Procrustes Uzaklığı (P)	T- Square (P)	Mahalanobis Uzaklığı	T-Square (değer)	T- Square (P)
L1-L2	0.01686647	<.0001	<.0001	2.3593	793.2917	<.0001
L1-L3	0.00809390	<.0001	<.0001	1.5263	600.9674	<.0001
L1-L4	0.01578651	<.0001	<.0001	2.2009	525.5498	<.0001
L1-L5	0.01953013	<.0001	<.0001	2.2430	614.1914	<.0001
L1-L6	0.02171462	<.0001	<.0001	2.9278	1231.4230	<.0001
L2-L3	0.01182307	<.0001	<.0001	1.8564	459.6203	<.0001
L2-L4	0.00632575	<.0001	<.0001	1.9059	282.9438	<.0001
L2-L5	0.00524286	<.0001	<.0001	1.7865	270.1946	<.0001
L2-L6	0.01232190	<.0001	<.0001	2.6793	678.3607	<.0001
L3-L4	0.01054090	<.0001	<.0001	1.9471	390.9388	<.0001
L3-L5	0.01503332	<.0001	<.0001	2.1425	529.3059	<.0001
L3-L6	0.01747138	<.0001	<.0001	2.7360	1005.9193	<.0001
L4-L5	0.00765236	<.0001	<.0001	1.6380	191.4848	<.0001
L4-L6	0.01443741	<.0001	<.0001	2.7599	595.9205	<.0001
L5-L6	0.01340248	<.0001	<.0001	2.3116	454.5249	<.0001

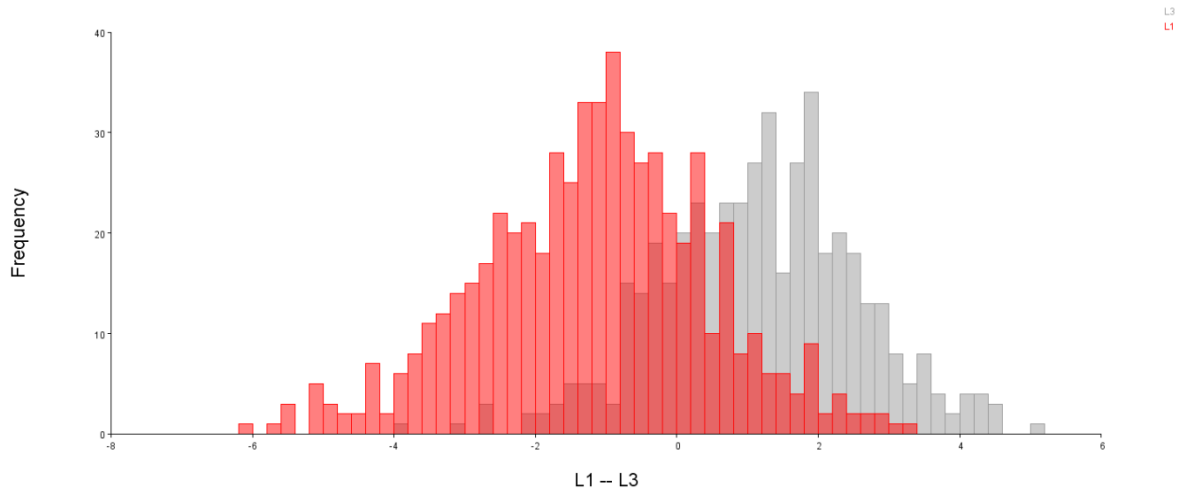
Tüm lokasyonlar (Van'ın 4 ilçesi, Hakkari ve İran) arasında yapılan ikili karşılaştırmalarda (pairwise tests) hem Mahalanobis uzaklıkları hem de Procrustes uzaklıklarına göre anlamlı farklılıklar saptanmıştır (Çizelge 4.12).

Diskriminant skorlarına göre oluşturulan ikili karşılaştırmaları (pairwise tests) mümkün kılan histogram verilerine göre en çok varyasyon Gevaş ve diğer lokasyonlar

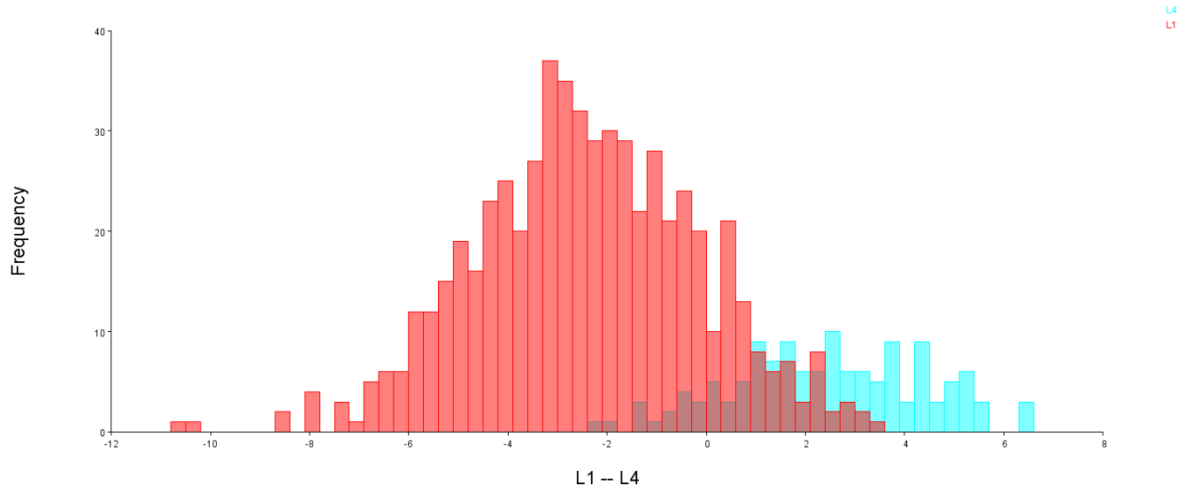
arasında ve İran ile diğer lokasyonlar arasında görülmektedir. Kalan diğer lokasyonlar arasında örtüşmeler daha yaygın bir şekilde gözlemlenmiştir.



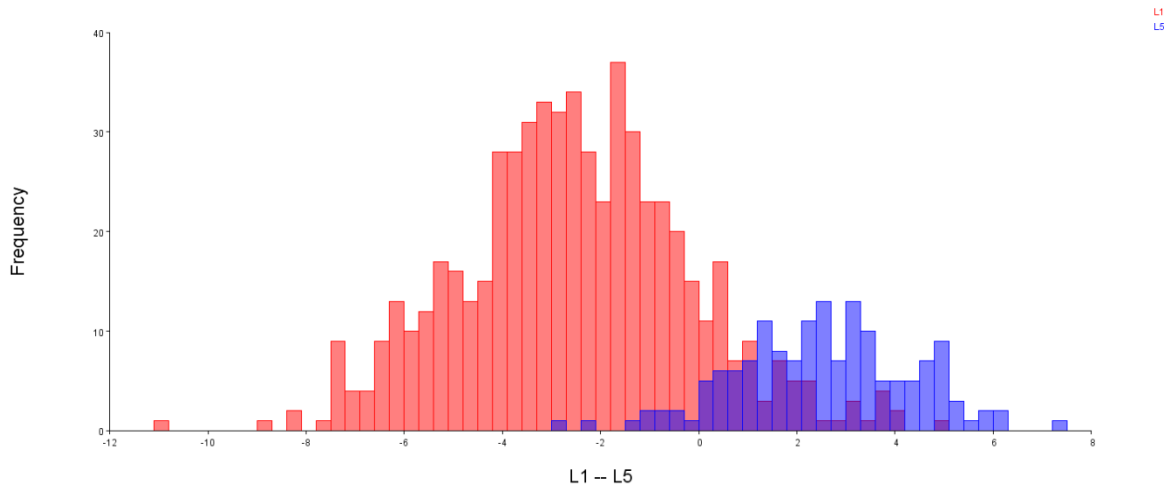
Şekil 4.9 Gevaş-Başkale lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Gevaş-L1 (kırmızı), Başkale-L2 (sarı) renklerle temsil edilmektedir.



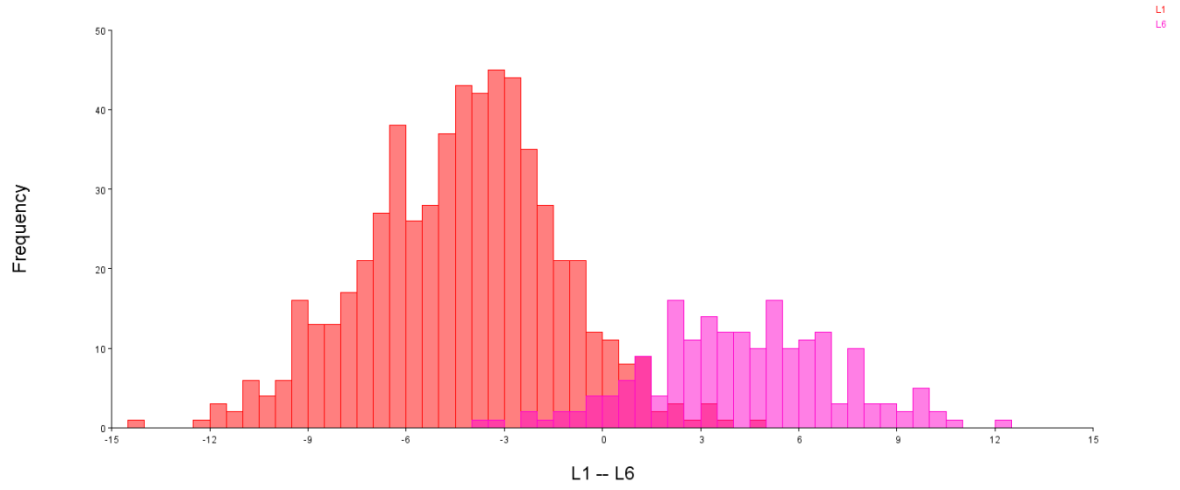
Şekil 4.10 Gevaş-Çatak lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Gevaş-L1 (kırmızı), Çatak-L3 (gri) renklerle temsil edilmektedir.



Şekil 4.11 Gevaş-Özalp lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Gevaş-L1 (kırmızı), Özalp-L4 (turkuaz) renklerle temsil edilmektedir.



Şekil 4.12 Gevaş-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Gevaş-L1 (kırmızı), Hakkari-L5 (mavi) renklerle temsil edilmektedir.



Şekil 4.13 Gevaş-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Gevaş-L1 (kırmızı), İran-L6 (pembe) renklerle temsil edilmektedir.

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bu çalışmada altı lokasyondan (Van İlçeleri, Hakkari ve İran) alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiğinde oluşan kümeleri birbirine daha yakın bir dağılım sergilemektedir ve eksenlerin kesişim alanları yoğundur. Gevaş ve İran' a ait örneklerden bazıları merkezin dışında da gözle görülür bir dağılım sergilemektedirler. Yirmi dört arılıktan alınan bal arısı örneklerinin ön kanatlarının PCA grafiğinde çok fazla üst üste çakışma görüldüğü için, arılık bazında yapılan temel öğeler bileşen analizi yorumlanabilir bir anlam taşımadığından değerlendirilmemiştir. Badalı (2010), farklı lokasyonlardan alınan ancak İran örneklerini de içeren çalışmalarında, Artvin, İran ve Hakkari'den toplanan örnekler PCA analizi sonuçlarına göre farklı kümelenme oluştururken, İran ve Azerbaycan örnekleri yakın bir kümelenme oluşturup birbirlerine benzer özellikler göstermektedir.

Özkan Koca (2012) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, İran bal arısı popülasyonları arasındaki kanat damarlarındaki farklılıklar landmark yöntemi ve MANOVA analizi ile incelenmiştir. Sonuçlar İran popülasyonları arasında anlamlı düzeyde bir farklılık olduğunu ortaya koymuştur. Bu çalışmada kanat şekline bağlı olarak landmark metodu ile Van ilinin 4 ilçesi, Hakkari ve İran'da yayılış gösteren popülasyonların karşılaştırılması ve popülasyonlar arasındaki varyansın belirlenmesi çok değişkenli varyans analizi (MANOVA) testi ile değerlendirilmiştir. MANOVA testi sonucu, 6 farklı lokasyondan toplanmış olan bal arıları arasındaki fark istatistiksel anlamda önemli bulunmuştur.

Çalışmamızda tüm lokasyonlar (Van'ın 4 ilçesi, Hakkari ve İran) arasında yapılan ikili karşılaştırmalarda (pairwise tests) hem Mahalanobis uzaklıkları hem de Procrustes uzaklıklarına göre istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar saptanmıştır. Özkan Koca (2012) tarafından yapılan çalışmada, Ruttner'inde (1988) sınıflandırılmasına göre İran'da bulunan 3 popülasyon (2. Alan Hazar Denizi'nin subtropikal bölgesi (Mazandaran) 3. Alan İran'ın kuzeydoğusu 4. Alan İran'ın güneydoğusu) DFA yöntemi kullanılarak bir arada kümelenmiştir. Popülasyonlar arasındaki farklılıkların pairwise test sonuçlarına göre de anlamlı olduğu tespit edilmiştir ($P<0,000$).

Diskriminant skorlarına göre oluşturulan ikili karşılaştırmaları mümkün kılan histogram verilerine göre en fazla varyasyon Gevaş ilçesi ile diğer lokasyonlar arasında ve İran ile diğer lokasyonlar arasında görülmektedir. Diskriminant ayrışım analizi kullanılarak gruplamaların yapıldığı farklı coğrafik bölgelerdeki bal arısı popülasyonları ile yapılan bazı çalışmalar vardır. Kekeçoğlu ve Soysal (2010) yaptıkları çalışmada, Türkiye’de 56 farklı yöreden bal arısı örnekleri toplamış ve 12 farklı morfometrik açısından incelemiştir. Yapılan diskriminant fonksiyon analiz sonucunda 4 ana grup belirlenmiştir. Bu gruplar; Güney ve Güneydoğu Anadolu’da *A. m. meda*, Orta Anadolu’da *A. m. anatoliaca*, Güney ve Güneydoğu Anadolu’da *A. m. meda*, Kuzey Anadolu’da *A. m. caucasica* ve Trakya’da *A. m. carnica* alttürlerini içermektedir. 1994 yılında Ftayeh ve arkadaşları, Suriye’nin 8 farklı bölgesinden aldıkları bal arısı örneklerini morfolojik özellikleri açısından araştırmışlardır. Yapılan diskriminant analizi sonucunda Suriye’nin kuzey ve kuzeydoğusunda bulunan bölgelerdeki arılar *Apis mellifera meda* olarak sınıflandırılmıştır. Suriye’nin güneyindeki bölgelerdeki *Apis mellifera syriaca* olarak belirlenmiştir. Her iki ırkında bulunduğu bölge ise bu iki bölge arasında kalmaktadır.

Özmen Özbakır (2011) tarafından yapılan çalışmada Suriye ve İran bal arısı örnekleri farklı gruplar oluşturmuştur. İran bal arıları kendisine yakın olan Hakkari, Van, Şırnak bal arıları örnekleri ile daha yakın; Suriye bal arıları kendisine komşu olan Mardin, Kilis, Hatay, Şanlıurfa bal arıları örnekleri ile daha yakın gruplar oluşturmuştur. İran bal arısı örnekleri morfolojik özellikleri bakımından Şanlıurfa, Kilis, Suriye, Hatay, Mardin gruplarından uzak küme oluşturmuştur. Ruttner (1988) tarafından yapılan çalışma raporuna göre Antalya’dan Van gölü’ne kadar uzanan geniş bölgedeki arı popülasyonu *Apis mellifera syrica* değil, *Apis mellifera meda* olarak bildirilmiştir. Ayrıca Güneydoğu Anadolu Bölgesi’ndeki bal arısı popülasyonunun İran arısının 6 farklı ekotipinden biri olduğu belirtmiştir.

Çalışmamızda lokasyonlar ve arılıklara göre belirlenmiş gruplar mahalanobis ve procrustes uzaklıklarına göre yapılan diskriminant analizinde 10000 permütasyon turuna göre çeşitlilik göstermektedir ($P<.0001$). Özkan Koca (2012) çalışmasında geometrik morfometrik yaklaşımını kullanarak Ortadoğu alttürlerinin, yani "O kolu"na ait bal arılarının farklılıklarını belirlemeyi amaçlamıştır. 495 koloniden oluşan bir örneklem Türkiye, Kıbrıs, İran, Irak ve Kazakistan'dan toplanmış ve istatistiksel analiz

için değerlendirilmiştir. Yapılan çalışma sonucunda, ayırışım fonksiyonu analizi (DFA) sonuçlarına göre tüm alttürlerin kolonileri birbirlerinden belirgin şekilde ayrılmıştır.

Bu tez çalışmasında Procrustes uzaklıklarına göre, şeklin tüm lokasyonlar arasında farklı olduğu görülmüştür. Bu farklılık en fazla İran ve diğer lokasyonlar arasında gözlenmiştir. İran'ı takiben Gevaş ve diğer lokasyonlar arasındaki varyasyon da dikkate değerdir. Mahalanobis mesafesine göre ise en geniş varyasyon İran- Gevaş arasındadır. Badalı (2010) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, DFA dağılım grafiği incelendiğinde, her grup birbirinden yüksek düzeyde anlamlılık göstererek ayrılmıştır ($P < 0,001$). İran ve Artvin örneklerini oluşturan iki grup, diğer gruplardan farklı kümeleme göstermişlerdir ancak ayırışma belirtileri azdır. Azerbaycan ve Hakkari örnekleri birbirine yakındır. Bununla birlikte Irak ve Hakkari örnekleri tamamen farklı gruplar oluşturmuştur. İran örneklerinin diğer örnek gruplarına göre daha yakın bir dağılım sergilediği, ancak Artvin grubundan ayrı bir şekilde görüldüğü tespit edilmiştir. İran örneklerinin bir kısmı Hakkari örnekleriyle benzerlik gösterirken, diğer bir kısmı ise Azerbaycan örneklerine daha yakın bulunmuştur. Hakkari grubu ise Azerbaycan ve Irak gruplarından açık bir şekilde ayrılmaktadır. Azerbaycan ve Irak örneklerinin birbirine yakın ve aynı grupta yer aldığı görülmüştür. Çalışmamızda ise Hakkari, Özalp, Çatak, Başkale birbirine yakın bulunmuştur. Gevaş ve İran grubu ise nispeten birbirinden ayrılmıştır.

Badalı (2010) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, ön kanat verileri kullanılarak yapılan DFA sonuçlarına göre, toplam çeşitliliğin I. eksen %47,3'ünü, II. eksen %35,1'ini açıkladığı tespit edilmiştir. Ancak bu tez çalışmasındaki DFA analizinde, I. eksenin toplam varyasyonun %77,5'ini, II. eksenin de %22,5'ini açıkladığı görülmüştür.

Bu tez çalışmasında lokasyonlar arasında centroid boyutu, arıcılara ait arılıklar arasında olandan F değeri açısından daha büyük varyasyon göstermiştir. F değeri bazında, lokasyonlar arasında şekil açısından, arılıklar arasında olandan daha fazla farklılık saptanmıştır. Ayrıca temel bileşen analizi (PCA) ve kanonik değişken analizi sonucu oluşturulan histogramların, arıcılara ait arılıklardan ziyade lokasyonlara göre daha anlamlı ve yorumlanabilir sonuçlar verdiği görüldüğünden, sonuçlar lokasyonlar arasında değerlendirilmiştir. Kanonik değişken analizinde elde edilen CVA grafiklerine göre Başkale, Çatak, Özalp ilçeleri ve Hakkari iline ait örneklemelerin örtüştükleri

görülmüştür. Yer yer çakışmalar olmakla birlikte bu dörtlü grup ile Gevaş ve İran'a ait örneklerin oluşturduğu gruplar birbirine yakın bir şekilde kümelenmişlerdir ancak Gevaş örneklerinin ve İran örneklerinin diğer gruplara göre farklı dağılıma sahip oldukları görülmektedir. Bu çalışmada SPSS yazılımı ile yapılan ayrışım fonksiyon analizine göre tüm popülasyonlar aslında 3 grupta toplanmaktadır. Bu 3 grup haricinde bir de gruplanamayan örnekler vardır. Gruplanamayan örnekler (yanlış sınıflandırılmış) ile kastedilen bulundukları lokasyondaki popülasyonlardan farklı bir sınıflandırmaya dahil edilmeleridir.

İlk kez 120-130 milyon yıl önce varlık gösteren bal arısı birçok tarımsal üründe tozlaşmaya katkıda bulunduğu için tarım ekonomisi için rolü oldukça önemlidir. Bu nedenle, bal arıları ve bal arısı sağlığı önemli bir konu haline gelmiştir. *Apis mellifera* L. morfolojik ve genetik özellikleri bakımından farklılıklar taşımaktadır. Morfometrik, geomorfometrik ve moleküler düzeyde yapılan incelemeler, bal arılarında genetik ve coğrafik farklılıkları göstermede oldukça yararlı metotlardır. Yapılan bilimsel çalışmalar 5 ayrı bal arısı ırk ve ekotipin bulunduğu bahsetmekte ve Anadolu'nun bal arısı gen merkezlerinden biri olduğu gözlenmektedir. Günümüzde bu kadar çeşitli bal arısı ırkı hiçbir ülkede bir arada gözlenmemektedir. Bal arılarında koloni kayıplarına neden olan ve biyoçeşitliliği azaltan faktörler; parazit ve hastalıklar, pestisitler, çevre kirliliği, ana arı başarısızlığı (yaşlı, verimsiz ya da hastalıklara karşı dayanıksız olması), ticari ana arı üretimi/satışı, kontrolsüz çiftleşme, dışarıdan ana arı alma ve gezgin arıcılıktır. Bal arılarının gen havuzunun homojenleşmesinin ve çeşitliliğin azalmasının nedenlerinden biri de arı yetiştiricilerinin yüksek verim için farklı ırklara yönelmesidir. Bunun neticesinde gelecekte melezleme ve ıslah çalışmalarında varyasyon sağlayacak gen kaynağı kalmayacaktır. Gezgin arıcılık da bir diğer tehdittir. Genetik kirliliğe ve çeşitli iklim koşulları da dahil olmak üzere ekolojik faktörler ve habitatlara iyi adapte olmuş birçok yerel çeşit (alttür ve ekotip), göçer arıcılık faaliyetleri neticesinde yer değiştirme veya yeni gelen arılarla melezleşme (kontrolsüz çiftleşme) nedeniyle genetik benzersizliğini kaybetme yolundadır. Bu nedenle yerel ırkların tespit edilip, korunması gerekli ve önemlidir.

Bu bilimsel bulgular, arıcılığın ekonomik katkılarının yanı sıra ülkemizin kültürel tarihi, ekolojik yapısı ve bilimsel geleceği açısından da dikkate alınmalıdır. Van ili zengin florası, iklim örüntüsünün bölgeden bölgeye farklılık göstermesi ve coğrafi

konumu nedeniyle arıcılık faaliyetleri için oldukça ayrıcalıklı bir konuma sahip olduğundan, Doğu Anadolu bölgesine özgü olduğu düşünülen arı ırkı *Apis mellifera meda*'nın tespit edilmesi ve korunması aynı derecede önem arz etmektedir. Van bölgesinde yaygın olarak bulunan arı ırkının *A. m. meda* olduğu ve diğer Anadolu ırklarından tamamen ayrı bir grup oluşturduğu çeşitli çalışmalarla Ortaya konmuştur. Ancak bahsettiğimiz şekilde seçici yetiştirme, ana arı ticareti ve gezgin arıcılık aktiviteleri nedeni ile *A.m. meda*'nın Güneydoğu Anadolu ve Doğu Anadolu bölgelerinde yer yer *A. m. syriaca* ve *A. m. anatoliaca* ırkları ile melezleştiği de düşünülmüştür. Bu bağlamda, Van ilindeki bal arısı popülasyonlarında yöreye özgü lokal arı ırkı olan *A. m. meda*'nın varlığına dair verilerin güncellenmesi gerekmektedir. Bu çalışmada Özalp, Başkale, Çatak ve Gevaş ilçeleri ile Hakkari ve İran'daki sabit arıcılardan bal arısı örnekleri alınmış ve bu ilçelerde yerel bal arısı ırkları varsa eğer, gezgin arıcılık aktivitelerinden pek fazla etkilenmedikleri varsayılmıştır.

Bal arılarında ırk ve alttürlerin belirlenmesi ve ayırt edilmesinde, klasik ve geometrik morfometri önemli araçlardır. Son zamanlarda kanat üzerindeki damarların kesişim merkezlerine yerleştirilen 'landmark' düzeyindeki geomorfometrik analizler bal arısı ırklarının ve popülasyonlarının belirlenmesi için ucuz, hızlı ve kesin bir yöntem olarak kullanılmaktadır. Bu çalışmada *Apis mellifera* L. alttürlerini sınıflandırmak ve tanımlamak, kanat şeklinin kalıtsallığı ve hibridizasyonun dalgalı asimetri üzerindeki etkisini ölçmek için geometrik morfometrik analizler kullanılmıştır. Geometrik morfometri, klasik morfometriye göre daha güvenilir ve avantajlıdır. Klasik morfometrinin kullanıldığı Türkiye genelinden farklı bölge ve illerden toplanan bal arısı örnekleriyle yapılan birkaç eski çalışmada, Van yöresi az sayıda popülasyonla temsil edilmiş ve sadece morfometrik sonuçlara göre *A. m meda* ile benzerlik gösterdiğine dair çıkarımda bulunulmuştur. Bu çalışmada Van, Hakkari ve İran'daki sabit kolonilerden alınan bal arısı örnekleri geometrik morfometri metoduyla ölçülmüştür.

Van ilindeki bal arısı popülasyonlarının genetik karakterizasyonlarına dair şimdiye kadar yapılan bilimsel çalışmalar sonucunda lokal ırkın *Apis mellifera meda* olduğu ifade edilmektedir. Ancak Van ilindeki bal arısı popülasyonlarında heterojenlik olduğuna dair de bulgular vardır. Bu çalışmada Van ilçeleri ve Hakkari'den alınan sabit bal arısı popülasyonları ile İran'dan alınan bal arısı örneklerinin geomorfometrik metotlar kullanılarak genetik benzerlik ve farklılık düzeyleri ile güncel popülasyon

potansiyeli belirlenmiştir. Gezgin arıcılık, ana arı ticareti, seçici yetiştiricilik aktiviteleri sebebi ile *Apis mellifera meda* Van ili ve çevresinde yer yer *Apis mellifera syriaca*, *Apis mellifera caucasica* ve *Apis mellifera anatoliaca* ırklarıyla melezleşmiştir. Bu çalışmada Van ili Başkale, Çatak, Özalp ilçelerinden alınan örneklerin örtüşmeleri bu bölgelerde yapılan gezgin arıcılık, ana arı ticareti, seçici yetiştiricilik aktiviteleri sebebi ile bal arısı kolonilerinin melezleşmeye uğramış olabileceği söylenebilir. Diğer yandan Gevaş, İran ile daha uzak kümelenme oluşturduğu için Gevaş ilçesinde bal arılarının melezleşmesine sebep olacak faaliyetlerin daha az yapıldığı söylenebilir. Kanat boyutu ve şekli bu çalışmadaki lokasyonlar arasında farklılık göstermiştir. Bölgesel farklılıkları değerlendirmek önemlidir, çünkü bu anatomik farklılıklar aynı türün farklı ırklarına dayanıyor olabilir. Kanat morfometrisi yaklaşımı böceklerde spesifik düzeyler arasında fenotipik varyasyonları belirlemek için giderek daha fazla kullanılmaktadır. Arılarda, yer işareti tabanlı coğrafi metrik morfometrik yöntem taksonomik amaçlar için uygulanır. Bu çalışma gelecekteki çalışmalar için bir standart olarak kullanılabilir ve daha fazla bilgi sağlayabilir. İlerleyen dönemlerde morfolojik veriler, moleküler verilerin analizleri ile de değerlendirilerek Van ilindeki sabit bal arısı gen kaynaklarının ne düzeyde *Apis mellifera meda* olduğu ve gezgin arıcılık uygulamalarının sabit popülasyonlara olan etkileri net bir şekilde belirlenip, güncel bal arısı biyoçeşitlilik durumu ortaya koyulmalıdır.

KAYNAKLAR

- Anonim. (2023). Arıcılığın Tarihçesi- MAYBİR. Erişim Tarihi: 18.06.2023. Erişim Adresi: <https://www.maybir.org.tr/ariciligin-tarihcesi>
- Alburaki, M., Moulin, S., Legout, H., Alburaki, A., Garnery, L. (2011). Mitochondrial structure of eastern honey bee populations from Syria, Lebanon and Iraq. *Apidologie*, 42(5), 628–641. doi:10.1007/s13592-011-0062-4
- Alev Çetin, F. (2017). *Van ili bazı bal arısı (Apis mellifera L.) popülasyonlarının filogenetik yapılarının moleküler tekniklerle belirlenmesi*. Yüksek lisans tezi. Siirt Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Siirt, Türkiye.
- Onursal, S. S., Uğur, A. (1997). Böceklerin filogenisi. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 21(1), 65-80.
- Badalı, M. N. (2010). *İran'ın Kuzeyinde Yayılış Gösteren Bal Arısı Popülasyonlarının Morfometrik Ve Geomorfometrik Analizi*. Yüksek lisans tezi. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara, Türkiye.
- Crozier, Y. C., Koulianos, S., Crozier, R. H. (1991). An improved test for Africanized honey bee mitochondrial DNA. *Experientia*, 47, 968-969. <https://doi.org/10.1007/BF01929894>
- Cornuet, J. M., Garnery, L. (1991). Mitochondrial DNA variability in honey bees and its phylogeographic implications. *Apidologie*, 22(6), 627-642. doi: <https://doi.org/10.1051/apido:19910606>
- Danforth, B. N., Cardinal, S., Praz, C., Almeida, E. A., Michez, D. (2013). The impact of molecular data on our understanding of bee phylogeny and evolution. *Annual review of Entomology*, 58, 57-78. doi:10.1146/annurev-ento-120811-153633
- Demir, H., Erdoğan, P., Kekeçoğlu, M. (2018). Destek Vektör Makineleri, YSA, K-Means ve KNN Kullanarak Arı Türlerinin Sınıflandırılması. *Düzce Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 6(1), 47-67. doi: <https://doi.org/10.29130/dubited.328596>
- Dodoloğlu, A., Genç, F. (2004). Kafkas ve Anadolu bal arısı (*Apis mellifera* L.) ırkları ile karşılıklı melezlerinin morfolojik özellikleri. **4. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi**, Isparta, Türkiye.
- Dolatti, L., Rafie, J. N. ve Khalesro, H. (2013). Landmark-based morphometric study in the fore and hind wings of an Iranian race of European honey bee (*Apis mellifera meda*). *Journal of Apicultural Science*, 57(2), 187–197. doi:10.2478/jas-2013-0028
- Engel, M.S. (1999). The taxonomy of recent and fossil honey bees (Hymenoptera: Apidae; *Apis*). **J. Hymenoptera Res.**, (Vol. 8; pp. 165–196).
- Erkan, C., Aşkın, Y. (2001). Van ili Bahçesaray İlçesi'nde arıcılığın yapısı ve arıcılık faaliyetleri. *Yüzüncü Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 11(1), 19-28.
- Farshineh Adl, M. B., Genç, H. V., Fıratlı, Ç., Bahreini, R. (2007). Morphometric characterization of Iranian (*Apis mellifera meda*), Central Anatolian (*Apis mellifera anatoliaca*) and Caucasian (*Apis mellifera caucasica*) honey bee populations. *Journal of Apicultural Research*, 46(4), 225-231. doi: <https://doi.org/10.1080/00218839.2007.11101399>
- Franck, P., Garnery, L., Celebrano, G., Solignac, M., Cornuet, J. M. (2000). Hybrid origins of honey bees from Italy (*Apis mellifera ligustica*) and Sicily (A. m. sicula). *Molecular Ecology*, 9(7), 907-921. doi: <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.00945.x>

- Francoy, T. M., Wittmann, D., Steinhage, V., Drauschke, M., Müller, S., Cunha, D. R., Gonçalves, L. S. (2009). Morphometric and genetic changes in a population of *Apis mellifera* after 34 years of Africanization. *Genet. Mol. Res*, 8(2), 709-717.
- Gempe, T., Hasselmann, M., Schiott, M., Hause, G., Otte, M. and Beye, M. (2009). Sex determination in honey bees: two separate mechanisms induce and maintain the female pathway. *PLoS Biol.* 7 (10).
- Garnery, L., Cornuet, J. M., Solignac, M. (1992). Evolutionary history of the honey bee *Apis mellifera* inferred from mitochondrial DNA analysis. *Molecular ecology*, 1(3), 145-154.
- Gençer, H. V., Fıratlı, Ç. (1999). Morphological characteristics of the Central Anatolian (*A. m. anatoliaca*) and Caucasian (*A. m. caucasica*) honey bees. *Turkish Journal of Veterinary, Animal Sciences*, 23(7), 107-114.
- Güler, A., Kaftanoğlu, O. (1999). Determination of performances some important races and ecotypes of Turkish honey bees (*Apis mellifera* L.) under migratory beekeeping conditions. *Turkish Journal of Veterinary, Animal Sciences*, 23(9), 577-582.
- Guler, A. (2010). A morphometric model for determining the effect of commercial queen bee usage on the native honey bee (*Apis mellifera* L.) population in a Turkish province. *Apidologie*, 41(6), 622–635. doi:10.1051/apido/2010037
- Han, F., Wallberg, A. ve Webster, M. T. (2012). From where did the western honey bee (*Apis mellifera*) originate. *Ecology and Evolution*, 2(8), 1949–1957. doi:10.1002/ece3.312
- Henriques, D., Chávez-Galarza, J., Quaresma, A., Neves, C. J., Lopes, A. R., Costa, C., Pinto, M. A. (2019). From the popular tRNA^{Leu}-COX2 intergenic region to the mitogenome: insights from diverse honey bee populations of Europe and North Africa. *Apidologie*, 50(2), 215–229. doi:10.1007/s13592-019-00632-9
- Kambur Acar, M. ve Kekeçoğlu, M. (2020). Is the natural honey bee biodiversity of anatolia in the process of extinction. *Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 30(3), 593–600. doi:10.29133/yyutbd.708186
- Kambur, M. (2017). *Türkiye bal arısı (Apis mellifera L.) biyoçeşitliliğinin geometrik morfometrik yöntemler ile belirlenmesi*. Yüksek Lisans Tezi. Düzce Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Düzce, Türkiye.
- Kambur, M., Kekeçoğlu, M. (2018). The current situation of Turkey Honey Bee (*Apis mellifera* L.) biodiversity and conservations studies. *Biological Diversity and Conservation*, 11(1), 105-119.
- Kambur, M., Kekeçoğlu, M. (2018). Türkiye bal arısı (*Apis mellifera* L.) alttürlerinde genetik çeşitlilik kaybı. *Anadolu Journal of Agricultural Sciences*, 73–84. doi:10.7161/omuanajas.337798
- Kandemir, I., Kence, M., Kence, A. (2000). Genetic and morphometric variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations of Turkey. *Apidologie*, 31(3), 343-356. doi: 10.1051/apido:2000126
- Kandemir, I., Kence, M., Kence, A. (2005). Morphometric and electrophoretic variation in different honey bee (*Apis mellifera* L.) populations. *Turkish Journal of Veterinary, Animal Sciences*, 29(3), 885-890.
- Kandemir, I., Özkan, A. ve Fuchs, S. (2011). Reevaluation of honey bee (*Apis mellifera*) microtaxonomy: A geometric morphometric approach. *Apidologie*, 42(5), 618–627. doi:10.1007/s13592-011-0063-3

- Karacaoğlu, M., Fıratlı, Ç. (1998). Studies on characteristics of Anatolian honey bee ecotypes (*A. m. anatoliaca*) and their crosses: I. Morphological Characters. *Turkish Journal of Veterinary, Animal Sciences*, 22(1), 17-22.
- Kekeçoğlu, M. (2007). *Türkiye bal arılarının mtDNA ve bazı morfolojik özellikleri bakımından karşılaştırılmasına yönelik bir araştırma*. Doktora Tezi. Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tekirdağ, Türkiye.
- Kekeçoğlu, M. (2010). Honey bee biodiversity in Western Black Sea and evidence for a new honey bee ecotype in Yığılca provinces of Düzce city. *Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi*, 3(1), 73-78.
- Kekecoglu, M., Soysal, M. I. (2010). Genetic diversity of bee ecotypes in Turkey and evidence for geographical differences. *Romanian Biotechnological Letters*, 15(5), 5646-5653.
- Kekeçoğlu, M., Kambur, M., Uçak, M., Çaprazlı, T. (2020). Biodiversity of honey bees (*Apis mellifera* L.) in Turkey by geometric morphometric analysis. *Biyolojik Çeşitlilik ve Koruma*, 13(3), 282-289. doi:10.46309/biodicon.2020.773984
- Kence, A. (2006). Genetic diversity of honey bees in Turkey and the importance of its conservation. *Bee J*, 6, 25-32.
- Kence, M., Farhoud, H. J. ve Tunca, R. I. (2009). Morphometric and genetic variability of honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from northern Iran. *Journal of Apicultural Research*, 48(4), 247–255. doi:10.3896/IBRA.1.48.4.04
- Klingenberg, C. P. (2011). MorphoJ: An integrated software package for geometric morphometrics. *Molecular Ecology Resources*, 11(2), 353–357. doi:10.1111/j.1755-0998.2010.02924.x
- Kükrer, M., Kence, M. ve Kence, A. (2021). Honey Bee Diversity Is Swayed by Migratory Beekeeping and Trade Despite Conservation Practices: Genetic Evidence for the Impact of Anthropogenic Factors on Population Structure. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9. doi:10.3389/fevo.2021.556816
- Miguel, I., Baylac, M., Iriondo, M., Manzano, C., Garnery, L., Estonba, A. (2011). Both geometric morphometric and microsatellite data consistently support the differentiation of the *Apis mellifera* M evolutionary branch. *Apidologie*, 42, 150-161. doi: https://doi.org/10.1051/apido/2010048
- Moritz, R., Cornuet, J. M., Kryger, P., Garnery, L., Hepburn, H. R. (1994). Mitochondrial DNA variability in South African honey bees (*Apis mellifera* L.). *Apidologie*, 25(2), 169-178. doi: https://doi.org/10.1051/apido:19940205.
- Nielsen, D. I., Ebert, P. R., Hunt, G. J., Guzmán-Novoa, E., Kinnee, S. A., Page, R. E. (1999). Identification of Africanized honey bees (Hymenoptera: Apidae) incorporating morphometrics and an improved polymerase chain reaction mitotyping procedure. *Annals of the Entomological Society of America*, 92(2), 167–174. doi:10.1093/aesa/92.2.167
- Nielsen, D., Page, R. E., Crosland, M. W. J. (1994). Clinal variation and selection of MDH allozymes in honey bee populations. *Experientia*, 50, 867-871. doi: https://doi.org/10.1007/BF01956474
- Ozdil, F., Fakhri, B., Meydan, H., Yildiz, M. A., Hall, H. G. (2009). Mitochondrial DNA variation in the CoxI-CoxII intergenic region among Turkish and Iranian honey bees (*Apis mellifera* L.). *Biochemical Genetics*, 47(9), 717.
- Özdil, F. ve İlhan, F. (2012). Phylogenetic relationship of Turkish *Apis mellifera* subspecies based on sequencing of mitochondrial cytochrome C oxidase I region.

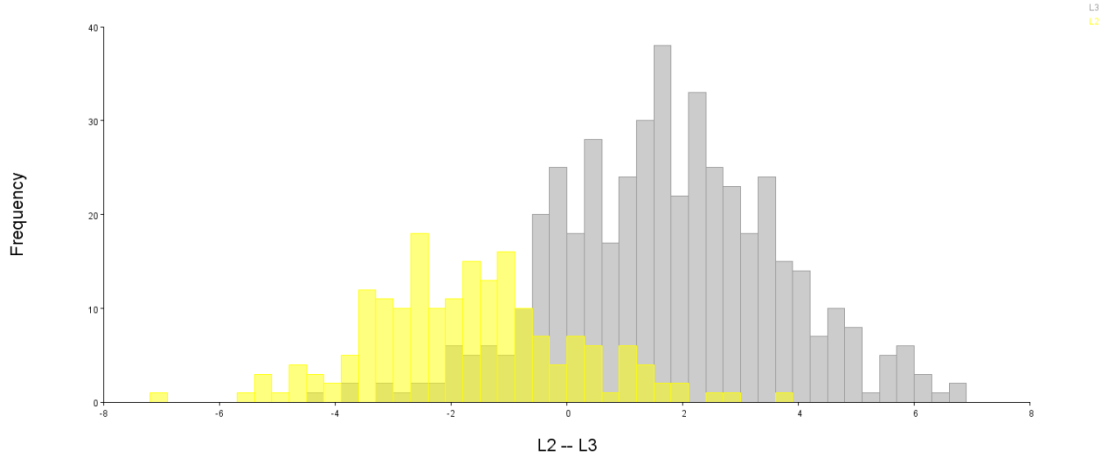
- Genetics and Molecular Research*, 11(2), 1130–1141. doi:10.4238/2012.April.27.12
- Özkan Koca, A. (2012). *Ortadoğu’da yayılış gösteren Apis mellifera L. (Hymenoptera Apidae) alt türlerinin geometrik morfoloji yöntemleriyle analizi*. Yüksek lisans tezi. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara, Türkiye.
- Özkan Koca, A., Kandemir, L. (2013). Comparison of two morphometric methods for discriminating honey bee (*Apis mellifera* L.) populations in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 37(2), 205–210. doi:10.3906/zoo-1104-10
- Özmen Özbakır, G. (2011). *Türkiye’nin Güneydoğu sınır boyu bal arısı popülasyonlarının (Apis mellifera L.) morfolojik özellikleri*. Doktora tezi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara, Türkiye.
- Palmer, K. A., Oldroyd, B. P. (2000). Evolution of multiple mating in the genus *Apis*. *Apidologie*, 31(2), 235-248. doi: <https://doi.org/10.1007/s00114-003-0418-3>
- Rothenbuhler, W. C., Kulincevic, J. M. ve Kerr, W. E. (1968). Bee Genetics. *Annual Review of Genetics*, 2(1), 413–438. doi:10.1146/ANNUREV.GE.02.120168.002213
- Ruttner, F., Tassencourt, L., Louveau, J. (1978). Biometrical-statistical analysis of the geographic variability of *Apis mellifera* L. Material and methods. *Apidologie*, 9(4), 363-381.
- Ruttner, F., Pourasghar, D., Kauhausen, D. (1985). Die Honigbienen Des Iran 2. *Apis mellifera meda* Skorikow, Die Persische Biene. *Apidologie*, 16(3), 21-246.
- Ruttner, F. (1988). Morphometric Analysis and Classification. *Biogeography and Taxonomy of Honey bees*, 66–78. doi:10.1007/978-3-642-72649-1_6
- Turan, H. (2011). *Trakya bölgesi bal arısında (Apis mellifera L.) geometrik morfolojik çalışmalar*. Yüksek lisans tezi. Namık Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tekirdağ, Türkiye.
- Ruttner, F., Pour Elmi, M., Fuchs, S. (2000). Ecoclines in the Near East along 36° N latitude in *Apis mellifera* L. *Apidologie*, 31, 157-165. doi: 10.1051/apido:2000113
- Sheppard, W. S., Arias, M. C., Grech, A., Meixner, M. D. (1997). *Apis mellifera ruttneri*, a new honey bee subspecies from Malta. *Apidologie*, 28(5), 287-293. doi: 10.1051/apido:19970505
- Sheppard, Walter S. ve Meixner, M. D. (2003). *Apis mellifera pomonella*, a new honey bee subspecies from Central Asia. *Apidologie*, 34(4), 367–375. doi:10.1051/apido:2003037
- Smith, D. R. (2002). Genetic Diversity İn Turkish Honey Bees. *Uludağ Arıcılık Dergisi*, 2(3), 10-17.
- Sousa, A. R. S., Araújo, E. D., Gramacho, K. P. ve Nunes, L. A. (2016). Bee’s morphometrics and behavior in response to seasonal effects from ecoregions. *Genetics and Molecular Research*, 15(2). doi:10.4238/gmr.15027597
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. ve Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725–2729. doi:10.1093/molbev/mst197
- Taşkıran, N.Ö., Dayıoğlu, M., Kabakçı, D. (2017). Bal Arılarının (*Apis Mellifera* L.) Sınıflandırılması Ve Ekolojik Koşulların Morfolojisi Üzerine Etkisi. *Arıcılık Araştırma Dergisi*, 9(2), 68-77.
- Tofilski, A. (2008). Using geometric morphometrics and standard morphometry to

- discriminate three honey bee subspecies. *Apidologie*, 39(5), 558–563. doi:10.1051/apido:2008037
- Tozkar, C., Kence, M., Kence, A., Huang, Q. ve Evans, J. D. (2015). Metatranscriptomic analyses of honey bee colonies. *Frontiers in Genetics*, 6,100. doi:10.3389/fgene.2015.00100
- Ünal, G., Özdiş, F. (2018). Genetic characterization of Thrace honey bee populations of Turkey: restriction and sequencing of inter cytochrome C oxidase I-II (CoxI-CoxII) genes. *Journal of Apicultural Research*, 57(2), 213-218. doi: <https://doi.org/10.1080/00218839.2018.1426347>

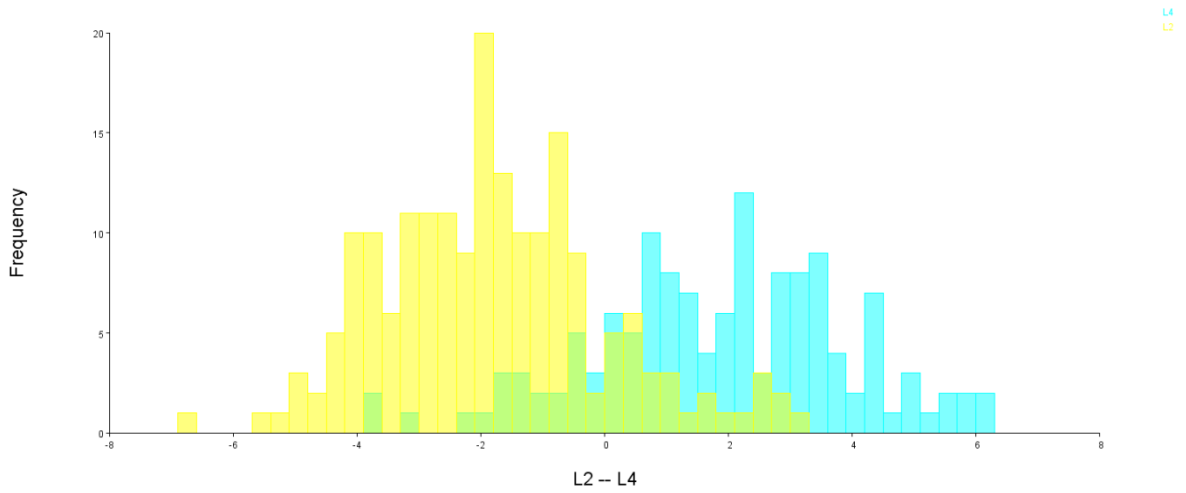




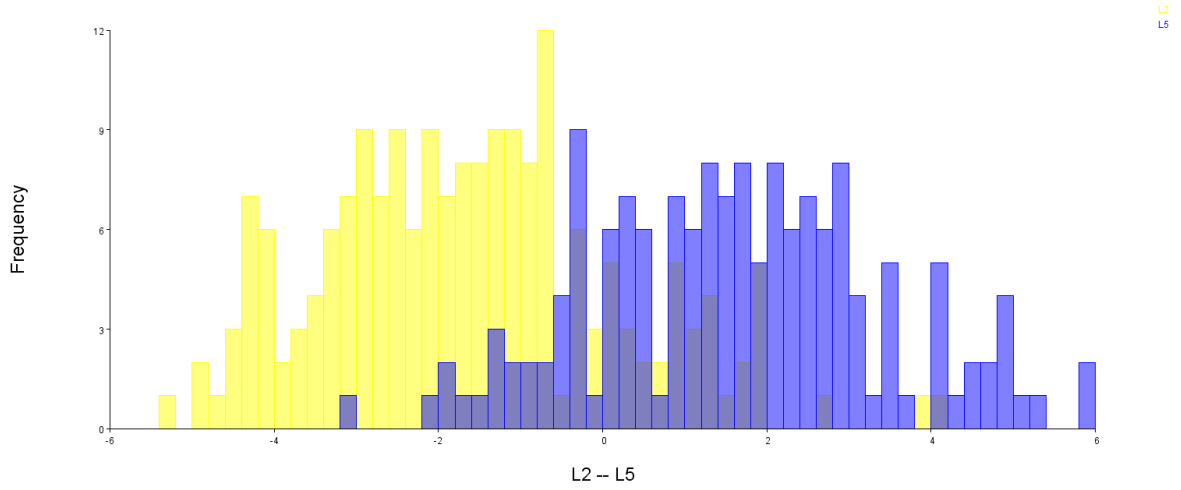
EKLER



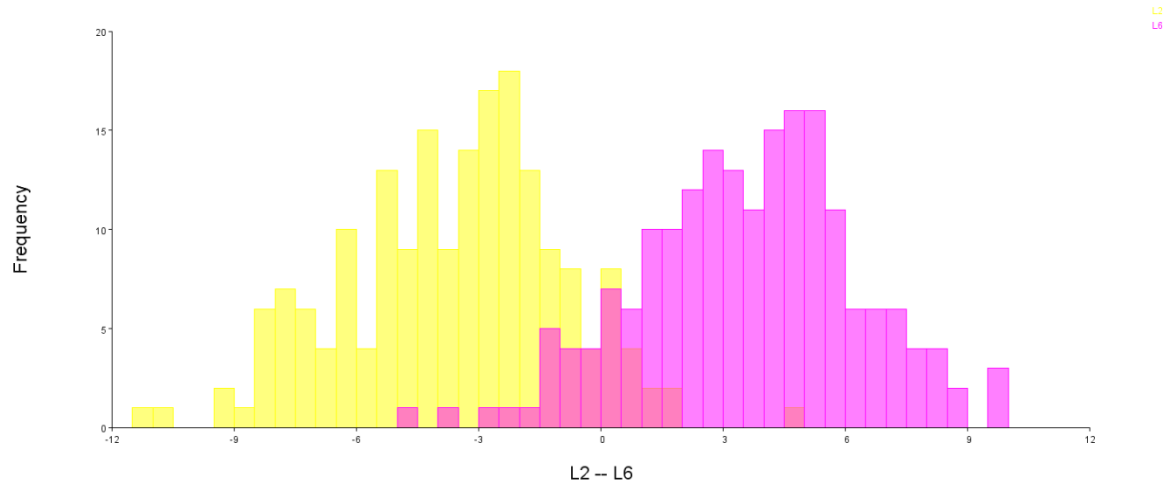
Ek 1. Başkale-Çatak lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Başkale L2 (sarı), Çatak L3 (gri) renklerle temsil edilmektedir.



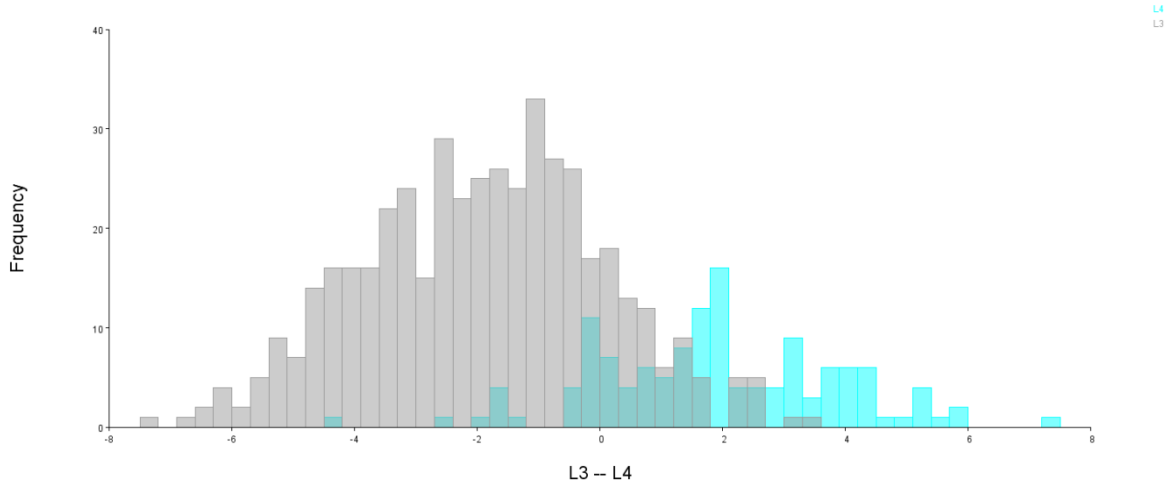
Ek 2. Başkale-Özalp lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Başkale L2 (sarı), Özalp-L4 (turkuaz) renklerle temsil edilmektedir.



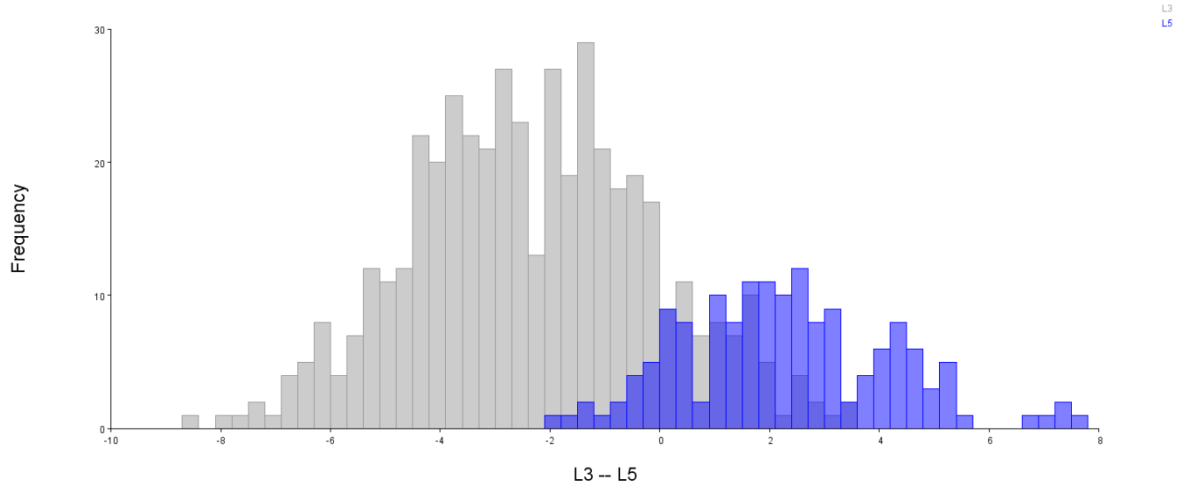
Ek 3. Başkale-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Başkale-L2 (sarı), Hakkari-L5 (mavi) renklerle temsil edilmektedir.



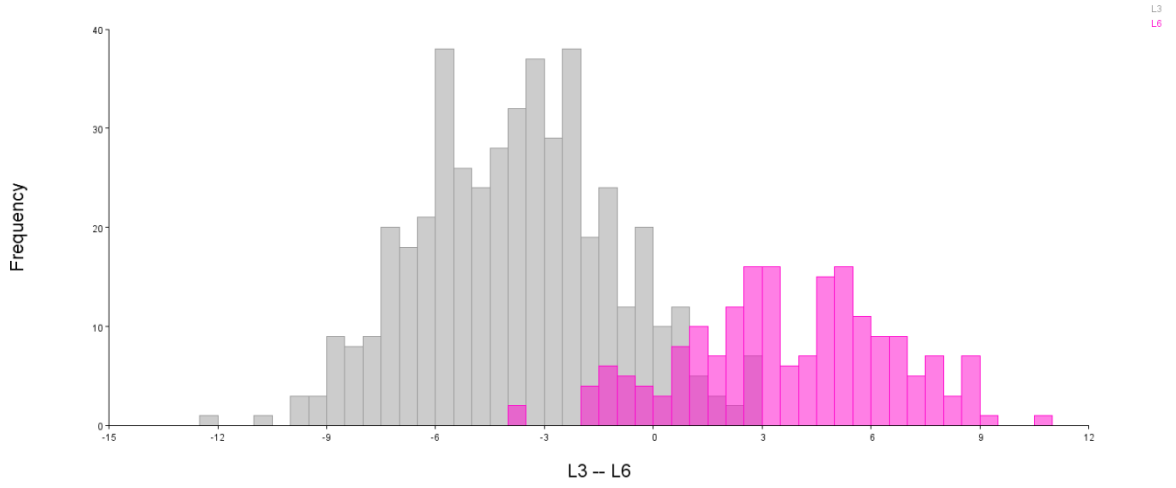
Ek 4. Başkale-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram Başkale-L2 (sarı), İran-L6 (pembe) renklerle temsil edilmektedir.



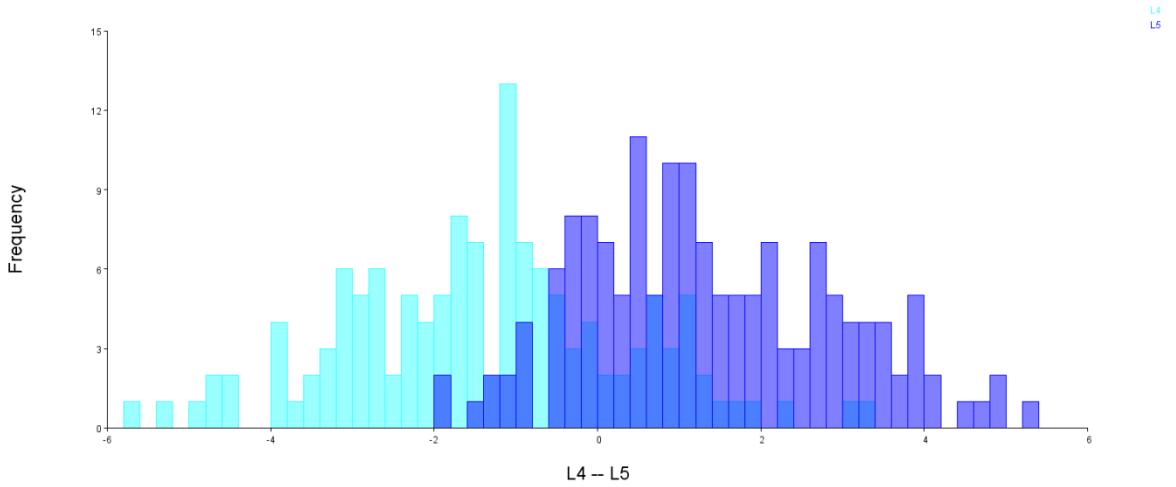
Ek 5. Çatak-Özalp lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Çatak-L3 (gri), Özalp-L4 (turkuaz) renklerle temsil edilmektedir.



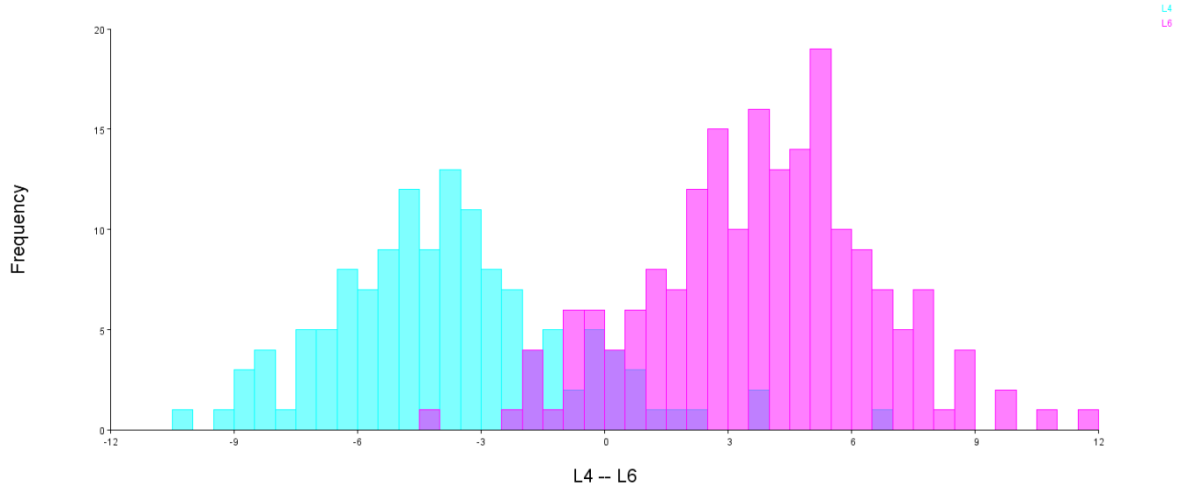
Ek 6. Çatak-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Çatak-L3 (gri), Hakkari-L5 (mavi) renklerle temsil edilmektedir .



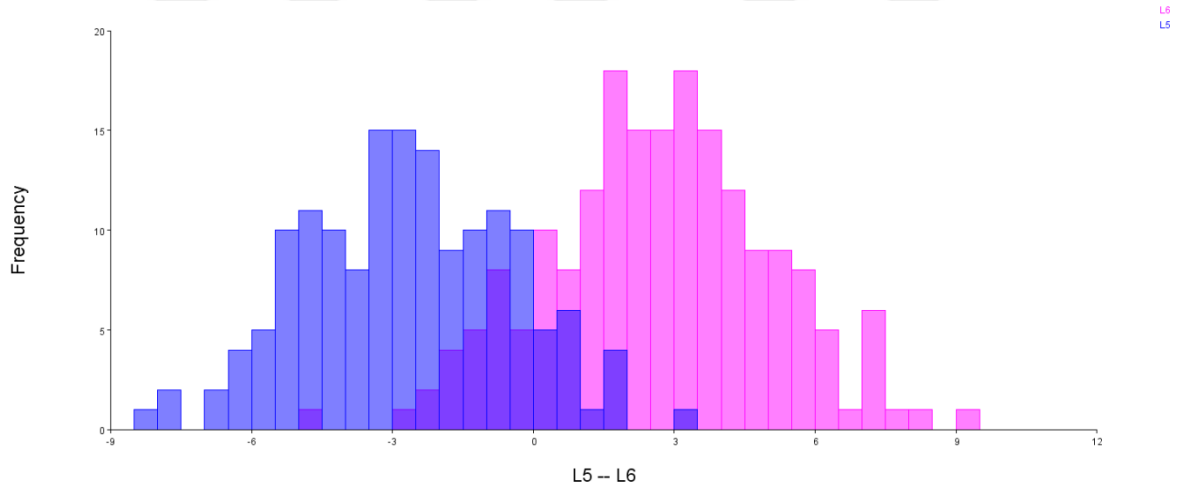
Ek 7. Çatak-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Çatak-L3 (gri), İran-L6 (pembe) renklerle temsil edilmektedir.



Ek 8. Özalp-Hakkari lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Özalp-L4 (turkuaz), Hakkari-L5 (mavi) renklerle temsil edilmektedir.



Ek 9. Özalp-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Özalp-L4 (turkuaz), İran-L6 (pembe) renklerle temsil edilmektedir.



Ek 10. Hakkari-İran lokasyonları arasında orijinal veri varyasyonu için diskriminant skorlarının değerlerini temsil eden histogram. Hakkari-L5 (mavi), İran-L6 (pembe) renklerle temsil edilmektedir.



ÖZ GEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı Soyadı : Simanur AKÇAKAYA

Eğitim Bilgileri

Lisans

Üniversite : Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi

Fakülte : Fen Fakültesi

Bölüm : Moleküler Biyoloji ve Genetik

Mezuniyet Yılı : 2020

Yüksek Lisans

Üniversite : Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi

Enstitü : Fen Bilimleri Enstitüsü

Anabilim Dalı : Tarımsal Biyoteknoloji

Mezuniyet Yılı : 2023

VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
LİSANSÜSTÜ TEZ ORJİNALLİK RAPORU

Tarih 21/06/2023

Tez Başlığı: Van Ve İran Bal Arısı Popülasyonlarının Geomorfometrik Yöntemlerle Karşılaştırmalı Analizi.

Yukarıda başlığı belirtilen tez çalışmamın, kapak sayfası, giriş, ana bölümler ve sonuç bölümlerinden oluşan toplam 65 (altmış beş) sayfalık kısmına ilişkin, 21/06/2023 tarihinde şahsım/tez danışmanım tarafından İthenticate adlı intihal tespit programından aşağıda belirtilen filtrelemeler uygulanarak alınmış olan orijinallik raporuna göre tezimin benzerlik oranı %8 (yüzde 8) dir.

Uygulanan filtreler aşağıda verilmiştir:

- Kabul ve onay sayfası hariç,
- Teşekkür hariç,
- İçindekiler hariç,
- Simge ve kısaltmalar hariç,
- Gereç ve yöntemler hariç,
- Kaynakça hariç,
- Alıntılar hariç,
- Tezden çıkan yayınlar hariç,
- 7 kelimeden daha az örtüşme içeren metin kısımları hariç (Limit match size to 7 words)

Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Lisansüstü Tez Orijinallik Raporu Alınması ve Kullanılmasına İlişkin Yönergeyi inceledim ve bu yönergede belirtilen azami benzerlik oranlarına göre tez çalışmamın herhangi bir intihal içermediğini; aksinin tespit edileceği muhtemel durumda doğabilecek her türlü hukuki sorumluluğu kabul ettiğimi ve yukarıda vermiş olduğum bilgilerin doğru olduğunu beyan ederim.

Gereğini bilgilerinize arz ederim.

Tarih ve İmza

Adı Soyadı: Simanur AKÇAKAYA

Öğrenci No: 20910001217

Anabilim Dalı: Tarımsal Biyoteknoloji

Programı: Hayvansal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Statüsü: (X) Yüksek lisans () Doktora

DANIŞMAN

ENSTİTÜ ONAYI

UYGUNDUR

UYGUNDUR