



Düzce Bal Arısı Populasyonlarında Morfometrik ve mtDNA Çeşitliliği Üzerine Arıcılığın Etkileri

Songül BİR¹, Meral KEKEÇOĞLU^{2,3}

^{1,2}Düzce Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji ABD, 81620-Konuralp Yerleşkesi, Düzce/Türkiye, ³Düzce Üniversitesi, Arıcılık Araştırma Geliştirme ve Uygulama Merkezi (DAGEM), 81620-Konuralp Yerleşkesi, Düzce/Türkiye

¹<https://orcid.org/0000-0002-4116-4138>, ²<https://orcid.org/0000-0002-2564-8343>

✉: meralkekeceoglu@duzce.edu.tr

ÖZET

Bu çalışmada, Düzce bal arısı biyoçeşitliliği morfometrik, mitokondriyal DNA'nın beş farklı gen bölgesinin restriksiyon fragment uzunluk polimorfizmi ve dizi analizi ile incelenmiştir. Düzce ilinin sekiz ilçesinde birbirinden uzak arılıklardaki kolonilerden 1440 işçi bal arısı örneği toplanmıştır. İşçi arılarda dil, bacak ve ön kanat uzunluklarına ilişkin on iki morfometrik karakter ölçülmüştür. Genetik değerlendirme için mitokondriyal DNA'nın CoxI-CoxII, 16srDNA, ND5, Cytb ve CoxI gen bölgeleri çoğaltılarak on dokuz farklı kesim profiline göre analiz edilmiştir. Protein kodlamayan CoxI-CoxII geni *DraI*, *XbaI* ve *HinfI* enzimleri ile test edilmiş ve sırasıyla iki ve üç farklı haplotip ortaya çıkmıştır. mtDNA'nın CoxI gen bölgesinin *SspI*, *XhoI*, *HinfI* ve *DraI* kesim sonucunda hiçbir farklılık bulunmamıştır. 16srDNA'nın *HincII* and *SspI* kesim sonucu iki farklı kesim profili ortaya çıkmıştır. Cytb, *DraI* enzimi ile iki farklı kesim profili ortaya çıkarmıştır. ND5 gen bölgesinin, *SspI*, *DraI* ve *HincII* enzimleri ile kesim sonuçları herhangi bir varyasyon göstermemiştir. RFLP sonucu farklılık gösteren bazı örneklerin her bir mitokondriyal DNA gen bölgesi için dizi analizi yapılmıştır. Sonuç olarak, morfometrik ve genetik analiz, birbirleriyle uyumlu bir varyasyon ortaya çıkarmıştır. Beklenmedik bir şekilde ana arı ticareti nedeniyle yerli haplotipleri bozan genetik introgresyon belirlenmiştir. Yerli genetik kaynakların korunması için yabancı alt türlerin girişini durduracak önlemler alınmalıdır.

Zooloji

Araştırma Makalesi

Makale Tarihçesi

Geliş Tarihi : 21.10.2022

Kabul Tarihi : 04.01.2023

Anahtar Kelimeler

Bal arısı

Morfometri

mtDNA

PCR-RFLP

Sekans

Morphometric and mtDNA Variability Reveals Beekeeping Influences on Duzce Honeybee Populations

ABSTRACT

In this study, the variability of Düzce honey bee populations using morphometric, restriction fragment length polymorphism and sequence analysis of five different regions of mitochondrial DNA were studied. 1440 worker honey bee samples were collected from colonies in distant apiaries located eight district of Düzce provinces. Worker bees were dissected and twelve morphometric characters related to length of proboscis, legs and front wings of samples were measured. A mitochondrial DNA fragment containing non-coding CoxI-CoxII, 16srDNA, ND5, Cytb and CoxI regions were amplified and analyzed with nineteen different restriction endonuclease enzymes. Non-coding CoxI-CoxII gene was digested by *DraI*, *XbaI* ve *HinfI* enzymes and revealed two and three different haplotypes with these enzymes respectively. There were no variation in *SspI*, *XhoI*, *HinfI* and *DraI* restriction pattern of CoxI gene region of mtDNA. 16srDNA with *HincII* and *SspI* revealed two different types for each enzymes. Cytb was revealed two types of patterns with *DraI*, although ND5 gene revealed no variation for *SspI*, *DraI* ve *HincII* enzymes. Some samples, which were shown variation by RFLP were subjected to sequence analysis for each mitochondrial DNA fargment. Consequently genetic analysis revealed a compatible variation with morphometric analysis. Surprisingly, genetic introgression to common and unique haplotypes was determined due to foreign queen bee

Zoology

Research Article

Article History

Received : 21.10.2022

Accepted : 04.01.2023

Keywords

Honey bee

Morphometry

mtDNA

PCR-RFLP

Sequencing

trading. Preventions should be taken to stop the introduction of foregion subspecies to protect native genetic resources.

Atf Şekli: Bir, S., & Kekeçoğlu, M., (2023) Düzce Bal Arısı Populasyonlarında Morfometrik ve mtDNA Çeşitliliği Üzerine Arıcılığın Etkileri. *KSÜ Tarım ve Doğa Derg* 26(4), 938-951. <https://doi.org/10.18016/ksutarimdog.1192702>
To Cite : Bir, S., & Kekeçoğlu, M., (2023). Morphometric and mtDNA Variability Reveals Beekeeping Influences on Duzce Honeybee Populations. *KSU J. Agric Nat* 26(4), 938-951. <https://doi.org/10.18016/ksutarimdog.1192702>

GİRİŞ

Dünyada tanımlanmış 29 bal arısı alt türü olduğu bildirilmektedir. Bu alt türlerden beşinin doğal olarak Türkiye’de bulunduğu idda edilmektedir (Ruttner 1988, 1992; Sheppard & Meixner, 2003; Arias & Sheppard, 2005; Meixner ve ark., 2011; Rahimi ve ark., 2017). Anadolu’da doğal olarak dağılışı gösteren bal arısı alt türlerini tanımlamak için yapılan ilk bilimsel çalışmalar standart morfometrik yöntemlere dayanılarak yapılmıştır (Bodeheimer, 1941; Maa, 1953; Settari, 1983; Ruttner, 1988). Bu çalışmalarda kanat, dil ve diğer ağız aparatlarının uzunluğu, tergit ve bacak segmentlerinin uzunluk ve genişlik oranları, kanat damar indeksleri gibi birçok morfolojik karakterler kullanılmıştır (Bodenheimer, 1941; Ruttner, 1988; Karacaoğlu & Fıratlı 1998; Gençer & Fıratlı, 1999; Güler & Kaftanoğlu, 1999a, b, c; Kandemir ve ark., 2000; Güler, 2000; Güler ve ark., 2002; Güler & Bek 2002; Sıralı ve ark. 2003; Kandemir ve ark., 2005; Kekeçoğlu, 2007; Güler & Toy, 2008; Kekeçoğlu & Soysal, 2010; Güler ve ark., 2010; Güler ve ark., 2013; Koca & Kandemir, 2013; Çakmak ve ark., 2014). Ancak morfometrik verilerin çevresel faktörlerden etkilenmesi nedeniyle bal arısı biyoçeşitliliği ile ilgili çalışmalarında mtDNA çalışmalarına da ağırlık verilmiştir. mtDNA’nın yavaş evrimleşen gen bölgelerine sahip olması filogenetik çalışmalarda daha güvenilir sonuçlar vermesi ve özellikle arı kolonisinde tüm işçi arıların mitekondriyal kalıtımı kovandaki tek bir anadan alması arı biyoçeşitliliği çalışmalarında daha fazla tercih edilmesine neden olmuştur.

Türkiye coğrafi konumu itibari ile Avrupa ve Asya kıtaları arasında köprü vazifesi görmektedir. Ayrıca sahip olduğu değişken yeryüzü şekilleri (ovalar, sıradağlar, sulak alanlar vb.) bölgelere bağlı olarak değişen farklı iklim yapısı ve zengin bitki florası nedeniyle bal arısı biyolojik çeşitliliği bakımından oldukça avantajlı konumdadır (Atalay, 1987, 2002). Bu avantajı nedeniyle Türkiye’de doğal olarak beş farklı arı ırkı (*Apis mellifera anatoliaca*, *Apis mellifera syriaca*, *Apis mellifera caucasica*, *Apis mellifera carnica* ve *Apis mellifera meda*)’nın dağılışı gösterdiği bildirilmektedir. Bunların yanı sıra bal arılarının buldukları çevreye ve floraya gösterdikleri uyumsal açılımlara bağlı olarak kimi özellikler bakımından farklılaşmış yöresel ekotipler (Muğla, Efe, Trakya ve Yığılca)’de bulunmaktadır. Bu ekotipler kimi morfolojik, fizyolojik ve davranış özellikleri

bakımından farklılıklar göstermektedirler (Doğaroğlu, 1981; Ruttner, 1988; Akyol & Kaftanoğlu, 2001; Kekeçoğlu, 2010; Gösterit ve ark., 2012a; Gösterit ve ark., 2016). Muğla ekotipi eylül ayında çam balına göre adaptasyon sağlama davranışı ile diğer ekotiplerden ayrılırken, Trakya bal arısı (*A. m. carnica*) gri, koyu renkli, soğuk iklime şartlarına uyum yeteneği yüksek, uysal bir arı olarak tanımlanmaktadır (Ruttner, 1988; Cengiz ve ark., 2018). Trakya ekotipi nispeten küçük bir işçi arı grubuyla kışı geçirebilme kabiliyetine sahiptir (Pollmann, 1889; Lauer, 1973). Düzce/Yığılca bal arısının, yerel olarak farklılaşmış ve Karadeniz Bölgesi’ne adapte olmuş, iri boyutları, kanat ve bacak uzunlukları ile diğer bal arılarından ayrıldığı bildirilmektedir. Bu bal arısı ayrıca *A. m. anatoliaca* ve *A. m. caucasica* hibritlerinden daha fazla bal üretim kapasitesine sahiptir (Gösterit ve ark., 2012a, b; Güler ve ark., 2013). Düzce/Yığılca arısının, erken ilkbaharda ana nektar akışından önce daha fazla yumurta atarak ve nektar akım döneminde *A. m. anatoliaca* ve *A. m. caucasica* melezlerinden daha fazla işçi popülasyonuna ulaştığı bildirilmiştir (Gösterit ve ark., 2012b). Ayrıca Kekeçoğlu ve ark. (2020) Yığılca bal arısı ekotipinin Türkiye’deki diğer bal arısı ırklarından daha yüksek propolis toplama kapasitesine sahip olduğunu göstermiştir. Tüm bu sayılan özellikler arıcılık sektörü için birçok avantaj sağlayabilir. Bu nedenle Anadolu bal arılarının gen havuzlarının korunması için yerli bal arısı ırkları ve belirli farklılıklar içeren ekotiplerin acilen tespit edilip koruma altına alınması gerekmektedir.

Düzce bal arısı ile yapılan ilk bilimsel çalışmalarda kanat ve bacak uzunlukları bakımından Türkiye’de bulunan bal arısı ırklarından daha yüksek değerlere sahip olduğu (Kekeçoğlu, 2007) Batı Karadeniz Bölgesi bal arılarına oranla ise en kısa dil uzunluğuna sahip bal arısı olduğu bildirilmiştir (Kekeçoğlu, 2010). Araştırmacılara göre Düzce ili bal arısı popülasyonu morfometrik özellikler bakımından *A. m. anatoliaca*’nın lokal ekotipidir (Kekeçoğlu, 2010; Kekeçoğlu ve Soysal 2010). Güler ve ark. (2013) ise morfolojik yapı yönünden Anadolu arısından (*A. m. anatoliaca*) ziyade daha çok Ege ve Gökçeada arıları ile benzerlik taşıdıklarını bildirmişlerdir.

Orman gülü kestane ağırlıklı bitki florası ve bu floraya uyum sağlamış Yığılca ekotipi ile öne çıkan Düzce ili arı popülasyonu ile ilgili çalışmalarda Düzce bal arısının genetik, morfolojik ve davranış özellikleri bakımından birçok farklılıklar gösterdiğine dair

sonuçlar elde edilmiştir (Kekeçoğlu ve ark., 2007, 2009; Gösterit ve ark., 2012a,b; Tozkar, 2020; Karabağ ve ark., 2020; Bir & Kekeçoğlu, 2021). Ancak bu çalışmalarda yapılan örneklemeler Düzce genelinden ziyade Yığılca ilçesi ve az sayıda örnek ile sınırlı kalmıştır. Bu çalışmada Düzce ilinin tüm ilçelerini kapsayacak şekilde örneklemeler yapılarak Yığılca ilçesi bal arısı popülasyonu Düzce geneli ile karşılaştırılmıştır. Aynı zamanda Düzce ili arı biyoçeşitliliği hem morfometrik (kanat uzunluğu ve genişliği, bacak segmentlerinin uzunluk ve genişliği ve dil uzunluğu) hem de mtDNA'nın beş ayrı gen bölgesi (CoxI-CoxII, 16srDNA, ND5, Cytb and CoxI) bakımından ayrıntılı olarak ilk kez bu çalışmada ele alınmıştır. Düzce ili Yığılca ilçesinden toplanan bal arısı örnekleri Türkiye'nin birçok ilinden toplanan örnekler ile karşılaştırmalı olarak çalışılmış ancak Düzce ilinin bütün ilçelerini temsil eden bal arısı örnekleri ile hiç karşılaştırılmamıştır. Bu çalışmanın amacı Yığılca bal arısının Düzce genelinden farklılığı

ve son günlerdeki kontrolsüz arıcılık faaliyetlerinden etkilenip etkilenmediğini ortaya koymaktır.

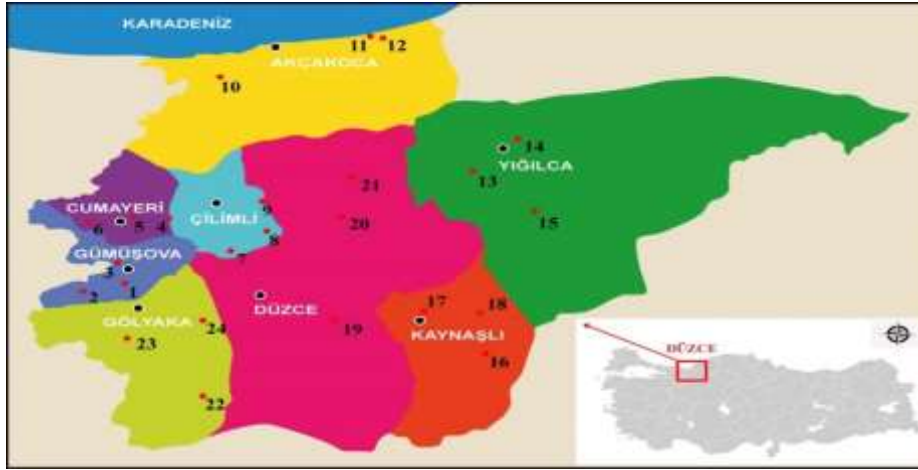
MATERYAL ve METOD

metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni. Makale metni.

Makale metni. Makale metni (Ağaroğlu, 1995; Karasakal, 2000).

Örneklemeye Yöntemi

Düzce il merkezi ve ilçelerinden (Gölyaka, Akçakoca, Çilimli, Gümüşova, Yığılca, Kaynaşlı ve Cumayeri) her bir arılıktan 3'er koloni olacak şekilde toplam 72 koloniden ve her koloniden 20 işçi arı örneği alınmıştır. İşçi arı örnekleri % 96'lık alkol içerisinde laboratuvara getirilerek örnekler +4 derecede muhafaza edilmiştir. Örneklerin alındığı ilçeler Şekil 1'de gösterilmiştir.



Şekil 1. Örneklemeye yapılan ilçelerin harita üzerinde gösterilmesi.
Figure 1. Display of the sampled counties on the map.

Morfometrik Analizler

Her koloniden 20 örnek, toplam 1440 (72x20) örneğin dil, kanat ve bacak organlarının preparatları hazırlanarak mikroskop altında resimleri çekilmiştir. Her bir resim üzerinde dil, kanat ve bacak uzunluklarının ölçümü BABp220 paket programı ile "mm" cinsinden otomatik olarak yapılmıştır.

İstatistik Analizler

Koloni ortalamaları ve bireysel verilere göre veri dosyaları hazırlanarak SPSS.15 paket programında Diskriminant Fonksiyon Analizi (DFA) ile popülasyonların birbirleri ile ilişkileri değerlendirilmiştir. Aynı zamanda SPSS paket programında tek değişkenli varyans analizi (ANOVA) yapılarak popülasyonları ayırmada hangi karakterlerin önemli olduğu belirlenmiştir. Ayrıca mahalanobis uzaklığı (D2) hesaplanarak UPGMA (Sneath & Sokal 1973) dendogramı çizilmiştir.

Laboratuvar analizleri

DNA izolasyonu:

Her koloniyi temsilen bir işçi arı örneği olacak şekilde toplamda 72 işçi arı örneğinden DNA izolasyonu ticari DNA izolasyon kiti; Tissue&Bakterial DNA purification kit cat no: E3551-01 Lot No: F/240918 kullanılarak yapılmıştır. Elde edilen DNA örneklerinin konsantrasyonu ve saflığı (A260/A280 oranının 1.8 ile karşılaştırılması) colibri UV-VIS Spectrophotometre (colibri-e-2013-10, TITERTEK BERTHOLD)'de belirlendi ve miktarı belirlenen DNA'lar -18 °C'de muhafaza edilmiştir.

PCR ve RFLP çalışmaları:

Bu çalışma için PCR reaksiyon bileşenlerinin optimizasyonu Grisp Xpert FAst Hotstart Mastermix (2X) with dye. Ref no:GE45. 5001 Lot No: 75E331501A nolu PCR kitinin protokolüne göre yapılmıştır. Bu araştırmada, mtDNA'nın beş gen bölgesinin polimeraz

zincir reaksiyonu (PCR) ile çoğaltılması için kullanılan primerlerin baz dizileri, bağlanma sıcaklıkları ve kesim enzimleri Çizelge 1’de verilmiştir.

BULGULAR ve TARTIŞMA

Morfometri sonuçları

Düzce ilinin 7 ilçesi ve merkezinden tesadüf olarak seçilen 24 arılıktan toplanan işçi arı örneklerinin kanat, dil ve bacak uzunluklarına ilişkin 7 morfometrik karakterin tanımlayıcı istatistikleri (genel ortalamaları, standart hataları, minimum ve maksimum değerleri) Çizelge 2’ de verilmiştir. Kanat, dil ve bacak uzunluklarının değerleri ilçeler bazında incelendiğinde kanat uzunluğu (KU) için en yüksek

değer Akçakoca (9,26) en düşük değer Cumayeri ve Merkez (9,04)’de, kanat genişliği (KG) için en yüksek değer Gümüşova ve Yığılca (3,23) en düşük değer Akçakoca (3,14)’da, dil uzunluğu (DU) için en yüksek değer Yığılca (2,62) en düşük değer Gümüşova (6,44)’da, femur uzunluğu (FU) için en yüksek değer Çilimli (2,61) en düşük değer Gölyaka ve Merkez (2,48)’de, tibia uzunluğu (TU) için en yüksek değer Kaynaşlı (2,96) en düşük değer Gölyaka (2,87)’da, basitarsus uzunluğu (BU) için en yüksek değer Akçakoca ve Gölyaka (2,02)’da en düşük değer Merkez (1,97)’de, basitarsus genişliği (BG) için en yüksek değer Akçakoca (1,20) en düşük değer Cumayeri (1,12)’inde belirlenmiştir.

Çizelge 1. PCR için kullanılan primerler, baz dizileri, bağlanma sıcaklıkları ve kesim enzimleri.

Table 1. Primers, base sequences, coupling temperatures and cleavage enzymes used for PCR.

Primer	Dizi	Literatür	Bağlanma sıcaklığı	Kesim Enzimi
COI-COII İntergenik Bölge	F: 5'- TCT ATA CCA CGA CGT TAT TC -3'	Smith ve ark. 1997	52	DraI, XbaI ve Hinfl
	R: 5'- CCA GTA GTT ACT ATA ACT AG -3'			
COI	F: 5'- AAT CTG GAT AGT CTG AAT AA -3'	Nielsen ve ark. 1994, 1999	58	SspI, XhoI, Hinfl ve DraI
	R: 5'- GAT TAC TTC CTC CCT CAT TA -3'			
16s rDNA	F: 5'- CAA CAT CGA GGT CGC AAA CAT C -3'	Nielsen ve ark. 1994, 1999	58	SspI, SmaI, DraI, EcoRI ve HinçII
	R: 5'- GTA CCT TTT GTA TCA GGG TTG A -3'			
ND5	F: 5'- TCG AAA TGA ATA GGA TAC AG -3'	Bouga ve ark. 2005	50	HinçII, DraI ve SspI
	R:5'- GGT TGA GAT GGT TTA GGA TT -3'			
Cytb	F: 5'- TAT GTA CTA CCA TGA GGA CAA ATA TC-3'	Croizer ve ark. 1991	58	BgIII, ClaI, Hinfl ve DraI
	R: 5'-ATT ACA CCT CCT AAT TTA TTA GGA AT -3'			

Çizelge 2. Ön kanat, dil ve bacak uzunluklarının(mm) ilçeler bazında ortalama, standart hata, minimum ve maksimum değerleri.

Table 2. Average, standard error, minimum and maximum values of front wing, tongue and leg lengths (mm) on the basis of districts.

İLÇE	Sıra no	N	KU	KG	DU	FU	TU	BU	BG
			X ± Sx (Min.-Max.)	X ± Sx (Min.-Max.)	X ± Sx (Min.-Max.)	X ± Sx (Min.-Max.)	X ± Sx (Min.-Max.)	X ± Sx (Min.-Max.)	X ± Sx (Min.-Max.)
Akçakoca	1	9	9.26±0.08 (9.14-9.37)	3.14±0.04 (3.07-3.18)	6.57±0.02 (6.48-6.68)	2.59±0.01 (2.55-2.65)	2.93±0.01 (2.87-2.99)	2.02±0.01 (1.95-2.07)	1.20±0.01 (1.14-1.23)
	Cumayeri	2	9	9.04±0.15 (8.72-9.28)	3.17±0.06 (3.05-3.26)	6.49±0.02 (6.38-6.61)	2.49±0.01 (2.46-2.52)	2.88±0.01 (2.82-2.91)	1.99±0.01 (1.94-2.05)
Çilimli		3	9	9.05±0.07 (8.88-9.12)	3.18±0.03 (3.13-3.21)	6.53±0.02 (6.43-6.58)	2.61±0.05 (2.46-2.99)	2.89±0.04 (2.63-3.01)	2.00±0.01 (1.96-2.06)
	Gölyaka	4	9	9.09±0.09 (8.97-9.26)	3.17±0.06 (3.06-3.23)	6.52±0.02 (6.46-6.63)	2.48±0.01 (2.46-2.51)	2.87±0.01 (2.83-2.91)	2.02±0.01 (1.97-2.07)
Gümüşova		5	9	9.03±0.17 (8.69-9.24)	3.23±0.11 (3.12-3.47)	6.44±0.01 (6.38-6.53)	2.52±0.01 (2.49-2.58)	2.90±0.01 (2.86-2.95)	1.98±0.01 (1.95-2.02)
	Kaynaşlı	6	9	9.13±0.1 (8.95-9.29)	3.20±0.06 (3.11-3.32)	6.55±0.02 (6.45-6.67)	2.50±0.01 (2.47-2.54)	2.96±0.02 (2.87-3.06)	2.00±0.01 (1.94-2.05)
Merkez		7	9	9.04±0.12 (8.85-9.19)	3.16±0.04 (3.11-3.24)	6.50±0.02 (6.40-6.56)	2.48±0.01 (2.45-2.50)	2.91±0.01 (2.86-2.94)	1.97±0.01 (1.94-2.01)
	Yığılca	8	9	9.21±0.07 (9.08-9.31)	3.23±0.04 (3.19-3.30)	6.62±0.01 (6.58-6.69)	2.50±0.01 (2.47-2.53)	2.91±0.01 (2.83-2.95)	1.98±0.01 (1.94-2.02)
Total			72	9.11±0.13 (8.69-9.37)	3.19±0.06 (3.05-3.47)	6.52±0.01 (6.38-6.69)	2.52±0.01 (2.45-2.99)	2.91±0.01 (2.63-3.06)	2.00±0.00 (1.94-2.07)

Düzce merkez ve 7 ilçeye ait bal arısı popülasyonlarının ayırımı için 7 morfolojik karakter (DU, FU, TU, BU, BG, KU ve KG) kullanıldı. Bu karakterlere göre popülasyonların sınıflandırılmalarını sağlayan 7 diskriminant fonksiyonu belirlendi. Hem bireysel veriler hem de koloni ortalamaları için analize giren fonksiyon sayıları, bu fonksiyonların önem düzeyleri, öz değerleri (eigen), varyasyon yüzdeleri (%), kümülatif değerleri

(%), kanonik korelasyon değerleri, Wilk's Lambda ve ki-kare değerleri Çizelge 3' de verilmiştir. Koloni ortalamaları için ilk iki fonksiyon toplam varyasyonun %70,9'unu açıklarken bireysel veriler için ise ilk iki fonksiyon toplam varyasyonun %79,0'unu açıklamaktadır. Bireysel veriler için ilk iki fonksiyonu oluşturan DU ve FU karakterleri ve koloni ortalamaları için ilk iki fonksiyonu oluşturan DU, popülasyonları ayırmada çok önemli karakterler olarak bulunmuştur.

Çizelge 3. Standart morfolojik karakterlerin il popülasyonları düzeyinde koloni ortalamaları(a) ve bireylere(b) göre belirlenen fonksiyon sayıları ve bu fonksiyonları ifade eden değerler.

Table 3. Colony averages of standard morphometric characters at the level of provincial populations (a) and the number of functions determined according to individuals (b) and the values expressing these functions.

Fonksiyon sayısı	Özdeğer	Varyasyon değeri (%)	Kümülatif değeri (%)	Kanonikal korelasyon	Wilks' Lambda	Ki-kare	df	Önem düzeyi (P)
1a	1.807	45.8	45.8	.802	.067	171.910	49	.000
1b	.315	43.2	43.2	.489	.519	939.142	49	.000
2a	.991	25.1	70.9	.706	.187	106.364	36	.000
2b	.262	35.9	79.0	.456	.682	547.038	36	.000
3a	.574	14.5	85.4	.604	.373	62.621	25	.000
3b	.065	8.8	87.9	.246	.861	213.951	25	.000
4a	.241	6.1	91.5	.441	.587	33.834	16	.006
4b	.049	6.7	94.6	.216	.917	124.346	16	.000
5a	.168	4.3	95.7	.380	.728	20.123	9	.017
5b	.026	3.5	98.1	.159	.962	56.137	9	.000
6a	.087	2.2	97.9	.282	.851	10.241	4	.037
6b	.011	1.5	99.6	.103	.986	19.609	4	.001
7a	.81	2.1	100.0	.274	.925	4.962	1	.026
7b	.003	.4	100.0	.055	.997	4.375	1	.036

Düzce ili merkezi ve 7 ilçesinden alınan bal arısı örneklerinin iki boyutlu ortamda dağılımını incelemek amacıyla hem koloni ortalamalarına göre hem de bireysel verilere göre ilk iki diskriminant fonksiyon alınarak iki boyutlu serpilme diyagramı çizilmiştir (Şekil 1 A-B). Koloni ortalamalarına göre çizilen iki boyutlu serpilme diyagramı üzerinde tüm ilçelerin grup merkezlerinin birbirinden ayrıldığı gözlemlendi. Gölyaka ve Akçakoca ilçelerine ait işçi arı örneklerinin diğer ilçelere nispeten kendi grup merkezleri etrafında toplandıkları tespit edilmiştir. Diğer ilçelere ait örnekler ise birbirleri ile iç içe geçmiş halde konumlanmıştır (Şekil 2. A). Bireysel verilere göre çizilen iki boyutlu serpilme diyagramında ise Merkez, Çilimli, Gölyaka ve Kaynaşlı ilçelerinin grup merkezleri çakışırken Gümüşova ve Yığılca ilçeleri yakın kümelenmiş, dolayısıyla grup üyeleri iç içe geçmiştir. Akçakoca ve Cumayeri ilçelerinin grup merkezleri birbirlerinden ve diğer ilçelerden ayrılmış, Cumayeri ilçesinin bireylerinin bir kısmı grup merkezinden ve diğer grupların üyelerinden uzakta kümelenmiştir (Şekil 2. B).

Koloni ortalamaları baz alınarak popülasyonlar arasındaki Mahalanobis uzaklıklarına göre

oluşturulan UPGMA dendrogramında ise; iki ana kol oluştu. İlk ana kolda Akçakoca, Kaynaşlı, Yığılca ve Çilimli birlikte bir grup oluştururken ikinci kolda Cumayeri, Merkez, Gümüşova ve Gölyaka birlikte gruplanmıştır (Şekil 3).

Popülasyonları temsil eden grupların koloni ortalamaları ve bireysel verileri dikkate alınarak 7 morfolojik karaktere göre ANOVA ile karşılaştırıldığında en az bir karakter bakımından tüm ilçelerin birbirinden farklılığı önemli bulunmuştur (P<0.05). Koloni ortalamaları dikkate alındığında DU ve BG karakterleri bakımından Akçakoca, DU karakteri bakımından ise Yığılca, merkez ve diğer ilçelerden ayrılmıştır.

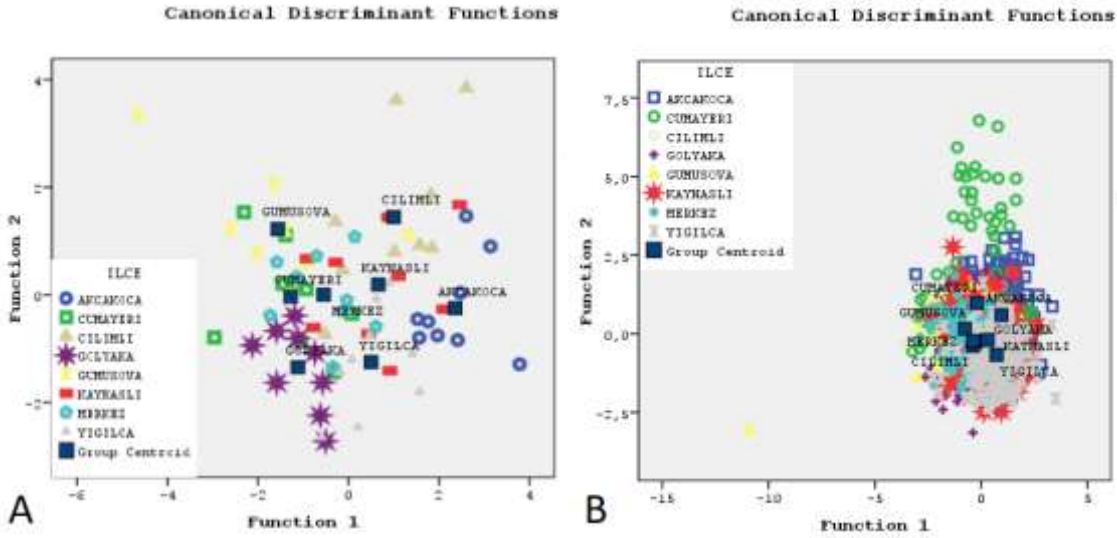
PCR/RFLP Sonuçları

mtDNA/CoxI-CoxII (İntergenik) Gen Bölgesinin *DraI*, *XbaI* ve *HinfI* Restriksiyon Endonükleaz Enzimleri ile Kesim Örüntüsü

CoxI-CoxII/*XbaI* restriksiyon endonükleaz enziminin kesim sonucuna göre 2 tip görülmüştür. Tip 1(653 ve 195bp) örneklerin çoğunluğunda görülürken 115. nükleotidde meydana gelen C-T yönünde mutasyon

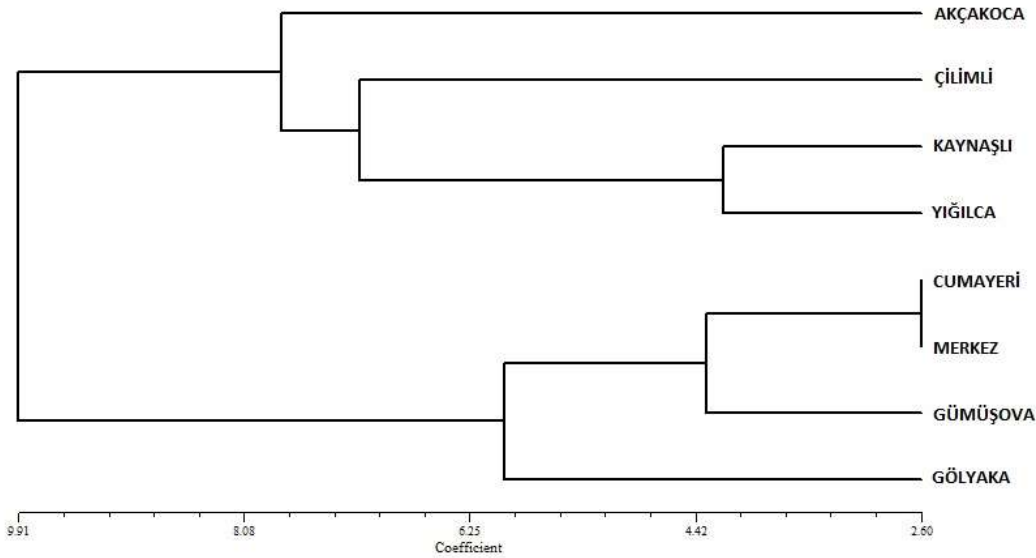
nedeniyle oluşan tip 2 (652, 114 ve 81bp) sadece Cumayeri ve Çilimli ilçelerinin birer örneğinde

görülmüştür (Şekil 4).



Şekil 2. (A) Koloni ortalamalarına göre popülasyonların iki boyutlu saçılım grafiği (B) Bireysel verilere göre popülasyonların iki boyutlu saçılım grafiği.

Figure 2. (A) Two-dimensional scatterplot of populations according to colony means (B) Two-dimensional scatterplot of populations according to individual data.



Şekil 3. Yedi morfometrik karaktere göre oluşturulan UPGMA fenogramı.

Figure 3. UPGMA phenogram generated according to seven morphometric characters.

CoxI-CoxII/*Hinf*I enziminin kesimi sonucunda örneklerin çoğunda tip 1 (289, 268, 239, 31 ve 20 bp) görülürken 543. nükleotid C-T yönünde transizyon tipi mutasyon nedeniyle Akçakoca'nın 1 örneği Gümüşova'nın 6 örneği ve merkezin 2 örneğinde tip 2 (289, 268, 260 ve 31 bp) görülmüştür (Şekil 4b).

CoxI-CoxII/*Dra*I kesim sonucuna göre 3 tip belirlendi. Örneklerin çoğunluğunda 6 kesim bölgesi 7 bant (423, 150, 89, 75, 64, 41 ve 6 bp) bulunan tip 1 profili görülürken sadece Cumayeri ilçesinin bir örneğinde 436, bazda meydana gelen C-T yönünde meydana gelen mutasyon ile 7 kesim bölgesi 8 bant (411, 150, 89, 75, 64, 40, 12 ve 6 bp) bulunan tip 2 profili ve

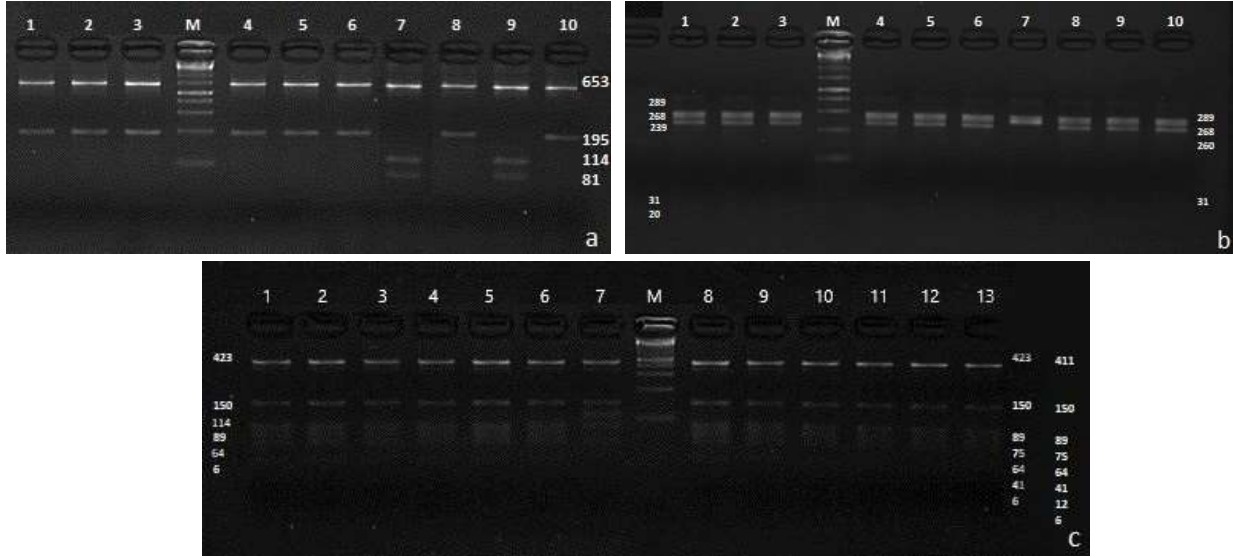
Çilimli ilçesinin bir örneğinde 321. bç'de delesyon (A delesyonu) görüldü ve 5 kesim bölgesi 6 bant (423, 150, 114, 89, 64 ve 6 bp) oluşumu ile tip 3 profili görülmüştür (Şekil 4c).

mtDNA / CoxI Gen Bölgesinin *Ssp*I, *Xho*I, *Hinf*I ve *Dra*I Restriksiyon Endonükleaz Enzimleri İle Kesim Örüntüsü

mtDNA'nın CoxI gen bölgesi 3 farklı restriksiyon endonükleaz enzimi (*Ssp*I, *Xho*I ve *Dra*I) ile kesildi. CoxI/*Ssp*I, *Xho*I, *Hinf*I ve *Dra*I kesim profili bakımından örnekler arasında farklılık gözlenmemiştir. COI/*Ssp*I kesiminde 4 kesim bölgesi,

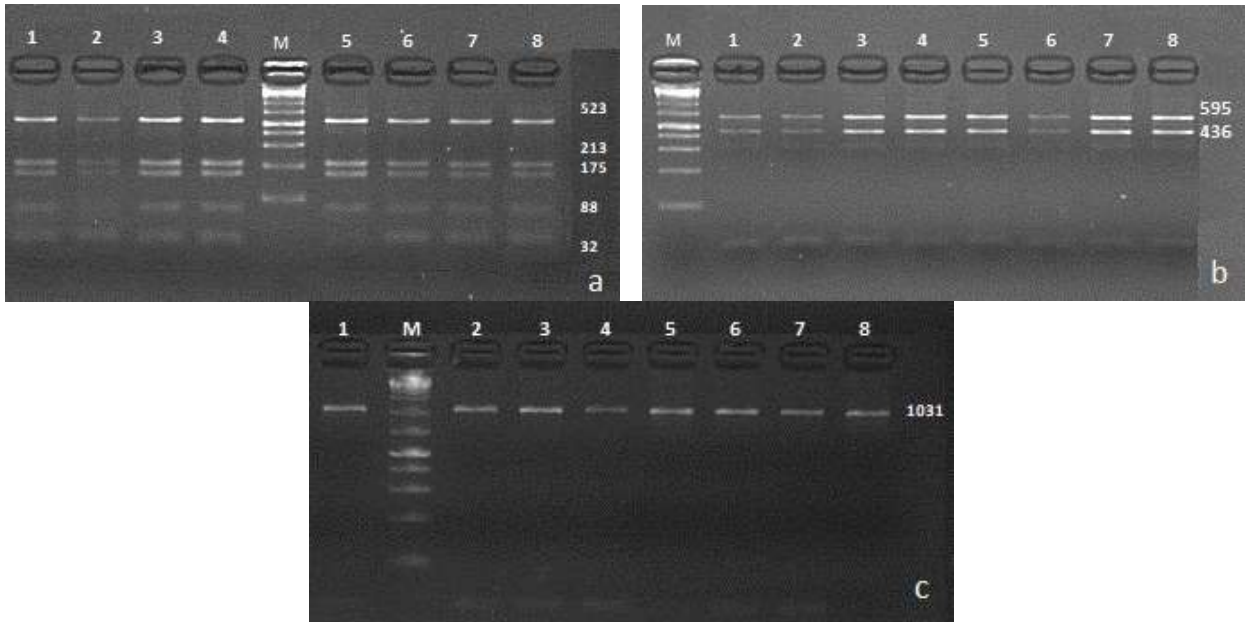
5 bant (523, 213, 175, 88 ve 32bp), *CoxI/XhoI* kesiminde 1 kesim bölgesi, 2 bant (595 ve 436 bp) bulunmuştur (Şekil 5a,b). *CoxI/DraI* ve *HinfI* restriksiyon

endonükleaz enzimlerine ilişkin kesim bölgesine rastlanmamıştır (Şekil 5c).



Şekil 4, a) *CoxI-CoxII/XbaI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Yığılca, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 merkez, 7-8 Cumayeri ve 9-10 Çilimli; b) *CoxI-CoxII/HinfI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Yığılca, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 merkez, 7-8 Gümüova ve 9-10 Çilimli; c) *CoxI-CoxII/DraI*: 1-2 Gümüşova, 3-4 Akçakoca, 5-6 Gölyaka, 7-8 Çilimli, 8-9 Cumayeri, 10 merkez, 11-12 Yığılca ve 13 Kaynaşlı.

Figure 4, a) *CoxI-CoxII/XbaI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Yığılca, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7-8 Cumayeri and 9-10 Çilimli; b) *CoxI-CoxII/HinfI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Yığılca, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7-8 Gümüova and 9-10 Çilimli; c) *CoxI-CoxII/DraI*: 1-2 Gümüşova, 3-4 Akçakoca, 5-6 Gölyaka, 7-8 Çilimli, 8-9 Cumayeri, 10 Center, 11-12 Yığılca and 13 Kaynaşlı.



Şekil 5. a) *CoxI/SspI*, b) *CoxI/XhoI*, c) *CoxI/DraI* and *HinfI*; 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7 Çilimli ve 8 Yığılca.

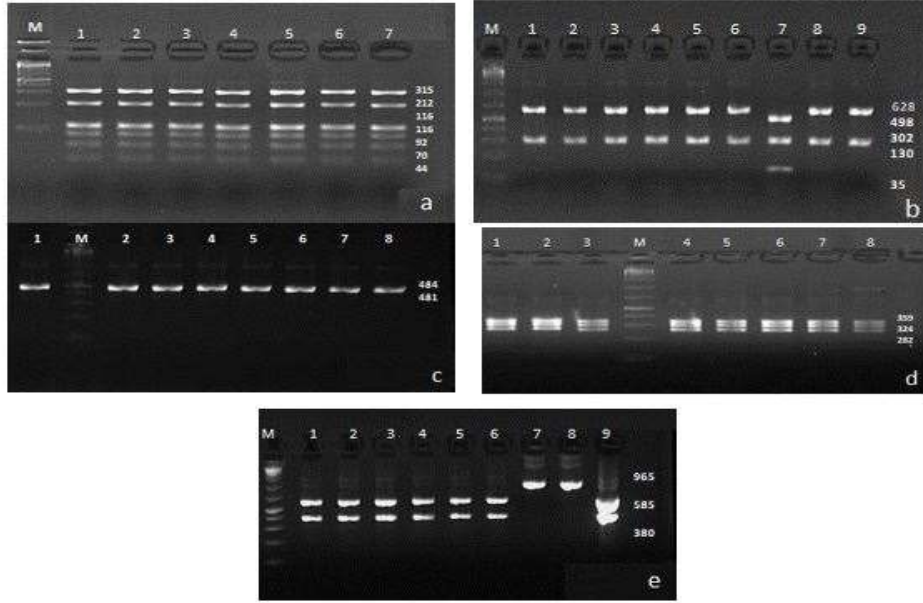
Figure 5. a) *CoxI/SspI*, b) *CoxI/XhoI*, c) *CoxI/DraI* and *HinfI*; 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7 Çilimli and 8 Yığılca.

mtDNA / 16srDNA gen bölgesinin *DraI*, *EcoRI*, *SspI*, *SwaI* ve *HinçII* restriksiyon endonükleaz enzimleri ile kesim örüntüsü

16srDNA/*DraI* kesimi sonucu tüm örneklerde 6 kesim bölgesi, 7 bant (315, 212, 116, 116, 92, 70 ve 44 bp), 16srDNA/*EcoRI* kesimi sonucunda tek kesim bölgesi, 2

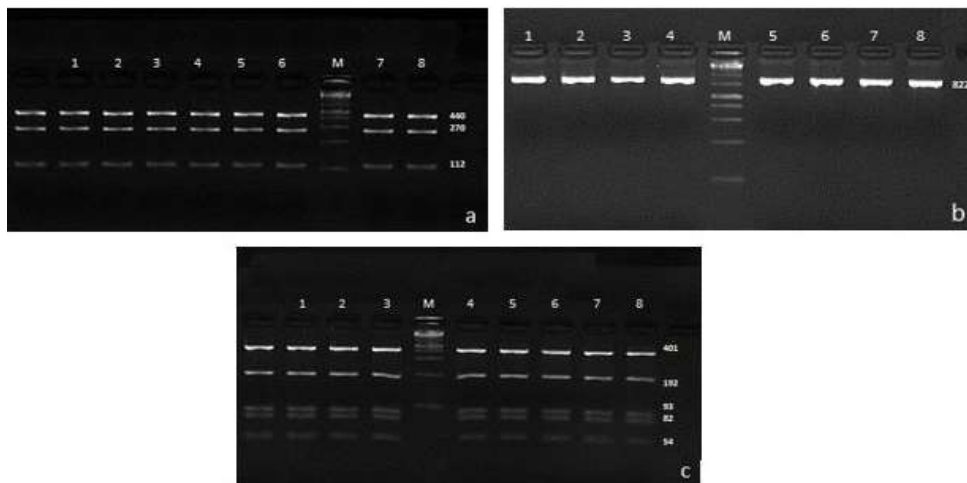
bant (484 ve 481), 16srDNA/*SwaI* kesimi sonucu 2 kesim bölgesi, 3 bant (359, 324 ve 282) bulunmuştur. 16srDNA/*HincII* kesimi sonucunda 2 tip oluşmuştur. Örneklerin çoğunluğunda tip 1 profili (585 ve 380 bp) görülürken tip 2 profiline sahip Yığılca ilçesindeki 2 örnekte 361. bazda görülen C-T transizyon tipi mutasyon ile kesim bölgesi kaybolmuş bu iki örnekte kesim görülmemiştir. 16srDNA/*SspI* restriksiyon

endonükleaz enzimi sonucunda ise genel profil tip 1 profili (628, 302 ve 35) iken tip 2 profilinde bulunan Cumayeri, Çilimli, Kaynaşlı ve Merkez ilçelerinden birer örnekte 131. bazda meydana gelen C-A transversionu sonucunda bir kesim bölgesi daha oluşmuş ve 498, 302, 130 ve 35 bp uzunluğunda 4 bant belirlenmiştir (Şekil 6).



Şekil 6. a) 16srDNA/*DraI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7 Çilimli ve 8 Yığılca; b) 16srDNA /*SspI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7-8 Çilimli ve 9 Yığılca; c) 16srDNA/*EcoRI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7 Çilimli ve 8 Yığılca; d) 16srDNA /*SwaI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7 Çilimli ve 8 Yığılca; e) 16srDNA/*HincII*: 1 Gümüşova, 2; Gölyaka, 3; Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7; Çilimli ve 8-9; Yığılca.

Figure 6. a) 16srDNA/*DraI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7 Çilimli and 8 Yığılca; b) 16srDNA /*SspI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka, 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7-8 Çilimli and 9 Yığılca; c) 16srDNA/*EcoRI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7 Çilimli and 8 Yığılca; d) 16srDNA /*SwaI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7 Çilimli and 8 Yığılca; e) 16srDNA/*HincII*: 1 Gümüşova, 2; Gölyaka, 3; Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7; Çilimli and 8-9; Yığılca.



Şekil 7. a) Nd5/*DraI*; b) Nd5/*HincII*, c) Nd5/*SspI*: 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7 Çilimli ve 8 Yığılca.

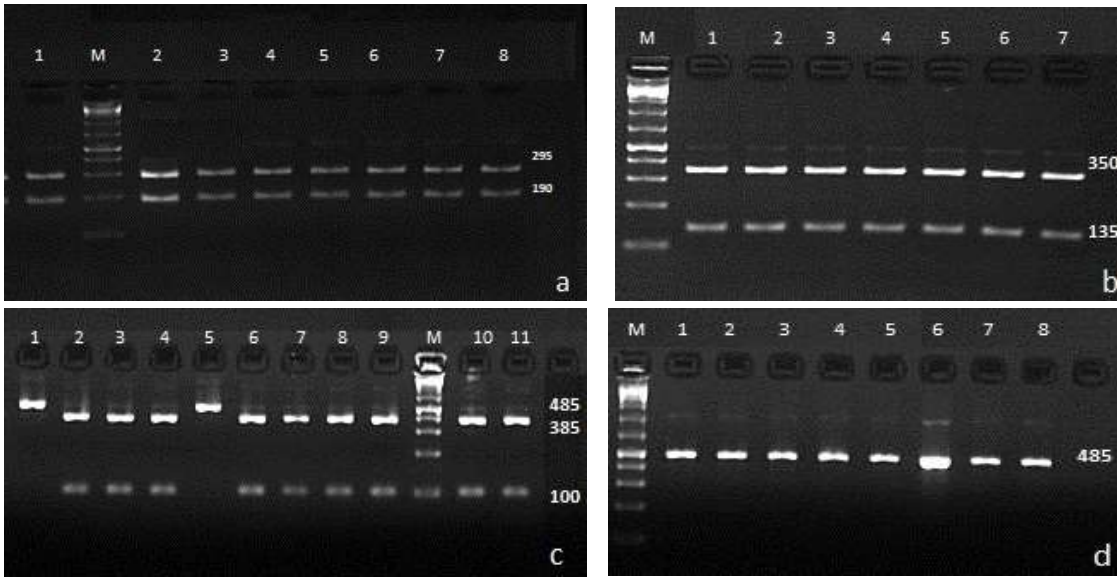
Figure 7. a) Nd5/*DraI*; b) Nd5/*HincII*, c) Nd5/*SspI*; 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7 Çilimli and 8 Yığılca.

mtDNA / Nd5 Gen Bölgesinin *SspI*, *DraI* ve *HinçII* Restriksiyon Endonükleaz Enzimleri İle Kesim Örüntüsü

Nd5 gen bölgesi için yapılan PCR/RFLP çalışmasının sonucunda örnekler arasında farklılık gözlenmemiş olup Nd5/ *SspI* için 401, 192, 93, 82 ve 54 bp uzunluğunda 5 bant Nd5/*DraI* için 440, 270 ve 112 bp uzunluğunda 3 bant görülmüştür. Nd5/*HinçII* için kesim profili görülmemiştir (Şekil 7).

mtDNA / Cytb Gen Bölgesinin *BgIII*, *ClaI*, *DraI* ve *HinfI* Restriksiyon Endonükleaz Enzimleri İle Kesim Örüntüsü

Cytb/*DraI* için 2 tip gözlenmiş çoğunlukla örneklerde tek kesim bölgesi 2 bant (385 ve 100 bp) görülmüştür. Gümüşova ilçesine ait 6 örnekte Merkeze ait 2 örnekte tip 2 görülmüş 378. bp'da, C-T transversiyonu nedeniyle kesim bölgesi kaybolmuş ve kesim örüntüsü görülmemiştir. Cytb/*BgIII* için 295 ve 190 bp uzunluğunda tek tip ve Cytb/*ClaI* için 350 ve 135 bp uzunluğunda tek tip kesim örüntüleri gözlemlendi ancak Cytb/*HinfI* için kesim örüntüsü gözlemlenmemiştir (Şekil 8).



Şekil 8. a) *Cytb/BgIII* and b) *Cytb/ClaI*; 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7 Çilimli ve 8 Yığılca; c) *Cytb/DraI*; 1-2 Gümüşova, 3-4 Merkez, 5-6 Gölyaka, 7 Yığılca, 8 Akçakoca, 9 Çilimli, 10 Kaynaşlı ve 11 Cumayeri; d) *Cytb/HinfI*; 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Merkez, 7 Çilimli ve 8 Yığılca.

Figure 8. a) *Cytb/BgIII* and b) *Cytb/ClaI*; 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7 Çilimli and 8 Yığılca; c) *Cytb/DraI*; 1-2 Gümüşova, 3-4 Center, 5-6 Gölyaka, 7 Yığılca, 8 Akçakoca, 9 Çilimli, 10 Kaynaşlı and 11 Cumayeri; d) *Cytb/HinfI*; 1 Gümüşova, 2 Gölyaka 3 Cumayeri, 4 Kaynaşlı, 5 Akçakoca, 6 Center, 7 Çilimli and 8 Yığılca.

SONUÇ ve ÖNERİLER

Dil uzunluğunu ile bal verimi arasında önemli bir ilişki olduğunu bildiren Ruttner (1988) dil uzunluğu bakımından 7.2 mm'ye kadar çıkabilen Kafkas arısının (*A. m. caucasica*) en uzun dile sahip olduğunu ve en kısa dil uzunluğuna sahip Mısır bal arısı ile arasında 1.7 mm'lik bir fark olduğunu bildirmiştir, Karniyol arısı (*A. m. carnica*)'nda 6.4-6.8 mm. İtalyan arısı (*A. m. italica*)'nda 6.3-6.6 mm ve Esmer arı olarak nitelendirilen *Apis mellifera mellifera* arı ırkında da 5.7-6.4 mm dil uzunluğu olduğu bildirilmiştir (Ruttner, 1988). Düzce ili bal arısı örneklerinde belirlenen 6.44-6.62 mm arasındaki dil uzunluğu C soy hattında yer alan Karniyol arısı (*A. m. carnica*) ve İtalyan (*A. m. ligustica*) ile daha fazla benzer bulunmuştur (Rutner, 1988).

Ege ve Akdeniz Bölgesinde ana arı üretimi yapan ticari işletmeden sağlanan ana arılar ile oluşturulan Davutlar ve Kafkas grupları için ortalama dil uzunluğu sırasıyla 6.67 ve 6.68 mm; ortalama kanat genişliği sırasıyla 3.07 ve 3.12 mm; ortalama kanat uzunluğu ise 9.10 ve 9.14 mm olarak bulunmuştur (Güler, 1995). Bu çalışmada ön kanat uzunluğu bakımından Gölyaka bal arısı popülasyonu Davutlar grubuna yakın bulunurken Kaynaşlı ilçesi Kafkas grubuna daha yakın bulunmuştur. Aynı yıl yapılan bir başka çalışmada ise Anadolu, Kafkas, Muğla, Gökçeada, Trakya ve Alata bal arısı popülasyonları karşılaştırılmış ve ortalama dil uzunlukları sırasıyla 6.48, 6.65, 6.57, 6.30, 6.34 ve 6.18 mm; ortalama ön kanat uzunluğunu sırasıyla; 9.18, 9.31, 9.17, 9.22, 9.10 ve 9.15 mm, ortalama ön kanat genişlikleri sırasıyla

3.14, 3.23, 3.17, 3.21, 3.14 ve 3.17 mm olarak bildirilmiştir (Güler, 1995). Bu çalışma sonuçlarına göre ön kanat uzunluğu bakımından Yığılca ilçesi Gökçeada ile yakın bulunurken Gölyaka ilçesi, Trakya ile yakın bulunmuştur.

Kafkas ve Orta Anadolu bal arısı ekotipleri ve bunların çeşitli melezlerinin morfolojik özellikleri üzerine yapılan bir çalışmada ise, ortalama dil uzunlukları Kırşehir grubunda 6.47 mm, Beypazarı-1 grubunda 6.48 mm, Beypazarı-2 grubunda 6.51 mm, Çankırı ve Eskişehir gruplarında 6.49 mm, ve Kafkas grubunda 6.72 mm'dir. Ortalama ön kanat uzunluğu ve genişliği Kırşehir, Beypazarı-1, Beypazarı-2 gruplarında sırayla 8.92, 3.03, 3.01, 3.00 mm Çankırı 8.91 mm, 3.01 mm Eskişehir 8.96 mm, 3.02 mm ve Kafkas arısı 9.25 mm 3.13 mm olarak bulunmuştur (Gençer, 1996). Dodoloğlu (2000) ise Kafkas, Kafkas x Anadolu, Anadolu x Kafkas ve Anadolu grubunda ortalama dil uzunluklarını sırasıyla 6,96, 6,70, 6,63 ve 6,56 mm; ortalama ön kanat uzunluğunu sırasıyla; 9.30, 9.12, 9.06 ve 8.97 mm; ortalama ön kanat genişliğini sırasıyla; 3.17, 3.19, 3.19 ve 3.23 mm olarak bildirmiştir.

Bal arısı popülasyonları dil uzunlukları bakımından karşılaştırıldığında Yığılca ilçesi hariç diğer ilçeler Anadolu arısı için bildirilen uzunluklar ile benzer bulunurken Yığılca arısı Dodoloğlu (2000)'nin Anadolu x Kafkas grubu için bildirdiği uzunluk ile benzer bulunmuştur. Ön kanat genişliği ve uzunluğu bakımından Akçakoca ilçesi, Gençer (1996)'in bildirdiği Kafkas arısı ile benzerlik göstermektedir.

Kekeçoğlu (2007)'nin Düzce arı popülasyonu için bildirmiş olduğu ön kanat uzunluğu (9.263) değeri bu çalışmada bulunan değer ile yakın bulunmuştur. Kekeçoğlu (2010), Düzce/Yığılca bal arılarının Batı Karadeniz bölgesindeki bal arılarına nazaran en kısa dil uzunluğuna (6.25) sahip olduğunu, bazı morfolojik karakterler bakımından Bolu ve Sakarya bölgesi bal arıları ile belli bir oranda benzer özellikler taşıdığını bildirmiştir. Bu çalışmada elde edilen ortalama dil uzunluğu değeri (6.62 mm) Kekeçoğlu (2010)'un bildirmiş olduğu değere göre daha yüksektir. Kekeçoğlu ve Soysal (2010), Türkiye'de 56 farklı lokasyondan aldıkları bal arısı alttürlerine ait örnekleri 12 farklı karaktere göre incelemiştir. Buna göre; Düzce/Yığılca bal arısı için bildirdikleri ön kanat uzunluğu (9.26) ve kanat genişliği (3.29) bu çalışmada bulunan değerlerle uygunluk gösterirken ortalama dil uzunluğu (6.62), Kekeçoğlu ve Soysal (2010)'in bulgularından (6.25) daha yüksektir.

Güler ve ark, (2013)'nin Batı Karadeniz Bölgesi bal arısı popülasyonlarını 37 farklı karakter bakımından incelenmiş olduğu çalışmada en uzun kanat uzunluğunun (9.96) Düzce ilinde bulunduğunu bildirmişlerdir. Bu çalışmada elde edilen kanat uzunluğu (9.21) Güler ve ark, (2013)'nin Düzce için bildirmiş olduğu değer ile uyum göstermemektedir.

Kekeçoğlu (2018) *A. m. caucasica*, *A. m. syriaca*, *A. m. carnica*, Yığılca ve Muğla ekotiplerini 11 karakter bakımından incelemiştir. Çalışmanın sonucunda en uzun bacak uzunluklarının ve kanat genişliğinin Yığılca ekotipinde olduğunu bildirmiştir. Yığılca için bildirilen kanat uzunluk ve genişliği dil, femur, tibia, basitarsus uzunluğu ve genişliği sırasıyla; 9.83, 3.34, 6.90, 3.33, 3.27, 2.15 ve 1.28'dir. Kekeçoğlu (2018)'nin Yığılca arı popülasyonu için bildirmiş olduğu bu değerler bu çalışmada aynı karakterler için belirlenen değerlerden yüksek bulunmuştur.

Batı Karadeniz (Yığılca), Orta Karadeniz (Korgan) ve Doğu Karadeniz (Camili)'den alınan bal arısı örneklerinin incelendiği bir başka çalışmada ise 21 morfolojik karakter bakımından popülasyonlar birbirleri ile karşılaştırılmıştır. Kanat uzunluğu ve genişliği, parlak zemin genişliği, a damar açısı, tomentum genişliği, femur uzunluğu, tibia uzunluğu, metatarsus uzunluğu ve arka bacak uzunluğu özellikleri bakımından Yığılca bal arısının en yüksek değerleri aldığı bildirilmiştir. Yığılca bal arısı için bildirilen kanat uzunluk ve genişliği dil, femur, tibia, basitarsus uzunluğu ve genişliğini sırasıyla; 9.477, 3.335, 6.419, 2.779, 3.262, 2.117 ve 1.275 mm olarak bildirmişlerdir. Bu çalışmada bulunan dil uzunluğu Günbey ve Gençer, (2020)'in bildirmiş olduğu dil uzunluğundan daha yüksek bulunurken geri kalan 6 karakter için daha düşük değerler belirlenmiştir.

Bu çalışmada morfometrik bakımdan karakterize edilen 8 popülasyon aynı zamanda mtDNA'nın 5 gen bölgesi (CoxI-CoxII intergenik bölge, CoxI, Cytb, 16sRNA ve ND5) bakımından toplamda 10 restriksiyon endonükleaz kesim enzimi ile PCR/RFLP yöntemi kullanılarak değerlendirilmiştir. CoxI-CoxII / *XbaI* ve *HinfI* kesim enzimleri için 2 tip bulunurken CoxI-CoxII/*DraI* için 3 farklı kesim profili gözlenmiştir. Çalışılan popülasyonlarda CoxI-CoxII/*DraI* kesimi bakımından 423, 150, 89, 75, 64, 41, 6 bp uzunluğunda 7 bant oluşturan kesim profili en yaygın mitotip olmuştur.

CoxI/*SspI*, *XhoI* ve *DraI* enzimleri için örnekler arasında bir farklılık gözlenmemiştir. 16sr DNA/*HincII* ve *SspI* kesim enzimleriyle 2 tip görülmüş, 16srDNA / *DraI*, *EcoRI* ve *SwaI* kesimi sonucunda tüm örneklerde aynı kesim örüntüsü oluşmuştur. Nd5 gen bölgesi için 3 restriksiyon endonükleaz enzimi (*SspI*, *DraI* ve *HincII*) ile Cytb gen bölgesi için Cytb/*DraI* kesimi hariç çalışılan 4 restriksiyon endonükleaz enzimi (*BglII*, *ClaI*, *DraI* ve *HinfI*) ile yapılan çalışmada kesim profilleri arasında bir farklılık gözlenmemiştir.

Hall ve Smith (1991), Avrupa ve Afrika bal arıları örnekleri üzerinde yaptıkları çalışmada CoxI-CoxII /*XbaI* kesimi sonucunda Doğu Avrupa bal arısı alttürlerinde tek kesim bölgesi bulunduğunu (649 ve 195 bç) Batı Avrupa ve Afrika alttürlerinde bulunmadığını bildirmişlerdir. Bu çalışmada CoxI-

CoxII /*Xba*I kesimi sonucunda örneklerin çoğunluğu 652 ve 195 bç uzunluğunda örüntü oluştururken yalnızca iki örnek 652, 114 ve 81 bç uzunluklarında farklı bir örüntü oluşturmuştur. Meixner ve ark, (1993) *A. m. carnica*, *A. m. ligustica* ve hibritleri ile yapmış oldukları çalışmada CoxI-CoxII/*Xba*I kesimi sonucunda Güneydoğu Avusturya ve Slovenya'dan toplanan *A. m. carnica* bal arısı örneklerinde 3 bant, İtalya'dan alınan *A. m. ligustica* ırkı bal arılarında ve hibritlerinde ise 2 bantlık kesim örüntüsü belirlemişlerdir. Smith ve ark, (1997) ve Ünal ve Özdil (2018) ise çalışmalarında CoxI-CoxII/*Xba*I kesimini Trakya popülasyonları için uyguladıklarında 322 örneğin 133'ünde 3 bant profili elde etmişlerdir. Buna göre araştırmacılar; Trakya Bölgesinde *A. m. carnica* alt türünün bir ekotipi olabileceğini belirtmişlerdir. Bu çalışmada Düzce'nin Çilimli ve Cumayeri ilçelerinden alınan iki örnek hariç bal arısı örneklerinin CoxI-CoxII/*Xba*I kesim profili *A. m. ligustica* bal arısı ırkında görülen 2 bant profili ile aynı bulunmuştur. İşçi arı örneklerinin toplanması aşamasında Gümüşova ilçesinde bulunan iki arıcının yurtdışı kökenli *A. m. carnica*'ya ait koloniler ile üretim yaptıkları bilgisi edinilmiştir. Ancak bu örneklerin CoxI-CoxII/*Xba*I kesimi sonucunda popülasyonun genelinde olduğu gibi 2 bant profili görülmesi bu iki arıcının yurt dışından satın aldıkları sertifikalı ana arıların saf *A. m. carnica* olmadığını göstermektedir. Söz konusu ana arılar *A. m. ligustica* veya *carnica-ligustica* hibritleri olabilir veya arıcular kandırılmış olabilir. İlginç bir şekilde Çilimli ve Cumayeri ilçelerine ait birer örnekte 3 bant profili gözlenmesi de, bu ilçedeki arıcılarında dışardan ticari ana arı temin ettiklerinin ancak bunu gizlediklerinin, söylemekten kaçındıklarının göstergesi olabilir.

Suppasat (2007), çalışmasında *Cytb/Dra*I kesiminin *A. m. ligustica*'da olmadığını, *A. m. carnica*'da ise 1 kesim bölgesi (2 bant) bulunduğunu, ayrıca *Cytb/Hinf*I kesiminin *A. m. ligustica* ve *A. m. carnica*'da bulunmadığını bildirmiştir. Bu çalışmada ise Gümüşova ilçesine ait 6 örnekte mtDNA'nın *Cytb* bölgesinin *Dra*I restriksiyon endonükleaz enzimi ile muamelesi sonucunda *Dra*I kesim bölgesinin bulunmadığı gözlenmiştir. Geri kalan tüm örneklerde ise *Cytb* bölgesinde *Dra*I restriksiyon endonükleaz enziminin bir tanıma bölgesi olduğu gözlenmiştir. Öte yandan Düzce ilinden alınan örneklerin hiçbirinde *Cytb/Hinf*I kesim bölgesi bulunmadığı tespit edilmiştir. Daha öncede belirtildiği gibi Gümüşova ilçesinde saha çalışmalarında arıcular ile yapılan bireysel görüşmelerde iki arıcı yurt dışından sertifikalı *A. m. carnica* ırkı ana arı satın aldığını bildirmiştir. Gümüşova ilçesinde *A. m. carnica* alttürü temin eden arıcılardan alınan örneklerde *Cytb/Dra*I kesimi sonucunda enzime ilişkin tanıma bölgesinin bulunmayışı bu örneklerin *A. m. carnica* olmadığını, *A. m. ligustica* veya melezi (*A. m. carnica-ligustica*

melezi) olabileceği hipotezini desteklemektedir.

Bazı çalışmalarda hem *Cytb/Bg*III hem de CoxI/*Hinf*I kesim örüntülerini gösteren popülasyonların Doğu Avrupa mitotipine sahip olabileceklerine işaret edilirken, yalnızca *Cytb/Bg*III'de 1 kesim bölgesi 2 bant örüntüsünün *A. m. scutellata* hariç geri kalan tüm alttürlerde ortak profil olabileceği ifade edilmiştir (Kandemir ve ark., 2006; Suppasat, 2007). Bu çalışmada Düzce ili merkez ve ilçelerinden alınan tüm örneklerin *Cytb* gen bölgesinin *Bg*III restriksiyon endonükleaz enzimi ile kesilmesi sonucu Doğu Avrupa bal arılarında olduğu gibi tek bir kesim bölgesi olduğu belirlenirken, CoxI gen bölgesinde *Hinf*I restriksiyon endonükleaz enziminin tanıma bölgesinin olmadığı belirlenmiştir. Bu sonuç Düzce'de doğal olarak bulunan bal arısı ırkı *A. m. anatoliaca*'nın diğer Doğu Avrupa bal arılarından genetik farklılığını ortaya koymaktadır.

Özdil ve ark, (2009) yaptıkları çalışmada Türkiye ve İran'dan aldıkları bal arısı örneklerini CoxI-CoxII/*Hinf*I kesim enzimi ile test etmişlerdir. Çalışmanın sonucunda bu çalışma ile uyumlu olarak iki tip bulduklarını bildirmişlerdir. Özdil ve ark, (2009)'nın Bolu ve *A. m. ligustica* için bildirdiği profil bu çalışmadaki Gümüşova (6), Akçakoca (1) ve merkez (2)'de görülen tip 2 kesim profili (4 bant) ile uyumlu bulunurken, Özdil ve ark, (2009)'nın *A. m. meda* (Tebriiz/İran) *A. m. caucasica* (Türkiye/Ardahan) örnekleri için buldukları kesim profili bu çalışmadaki diğer örneklerde görülen tip 1 (5 bant) ile uyumlu bulunmuştur.

Özdil ve ark, (2012) Düzce/Yığılca ilçesinin de içinde olduğu 10 farklı lokasyondan alınan bal arısı örneklerini üç farklı mitokondriyal bölgede (16srDNA, CoxI ve ND5) 18 restriksiyon endonükleaz enzimi kullanılarak RFLP analizine tabi tutmuştur. Yığılca ilçesi için 16srDNA/*Dra*I için 7 bant (315, 212, 116, 116, 92, 70 ve 43bç) 16sr DNA/*Eco*RI için 2 bant (483 ve 481) bulduklarını bildirmişlerdir. Özdil ve ark, (2012) çalışmasında belirtilen her iki kesim örüntüsü sonucu bu çalışma ile uyum göstermektedir. Özdil ve ark, (2012) tarafından 16srDNA/*Ssp*I kesimi sonucunda Yığılca ilçesi için 516, 336 ve 112 bç uzunluğunda 3 bant bildirilmesine karşın, bu çalışmada Yığılca bal arısı popülasyonu için farklı bant uzunlukları (628, 322 ve 35bç) gözlenmiştir. 16srDNA/*Hind*II kesimi sonucunda 584 ve 380 bç uzunluğunda 2 bant olduğu bildirilmiştir. İki bant olarak verilen kesim örüntüsü bu çalışmanın sonucuyla uyumlu bulunurken Yığılca ilçesinden alınan bazı örneklerde kesim bölgesi bulunmamasına bağlı olarak ortaya çıkan 965 bç uzunluğunda tek bant profili gösteren mitotip ilk defa bu çalışmada tespit edildi.

Özdil ve ark, (2012), ND5/*Dra*I ve ND5/*Ssp*I kesim enzimleri ile sırasıyla 440, 270, 112 bç ve 401, 192, 93, 82, 54 bç, CoxI/*Ssp*I için 4 kesim bölgesi 5 bant (523,

213, 175, 85 ve 32) bulduklarını bildirmişlerdir. Bu çalışma sonuçları Özdil ve ark, (2012) tarafından bildirilen bulgular ile uyumlu olmasına rağmen CoxI/XhoI kesimi için bildirilen 616 ve 412 bp uzunluğundaki iki bant profili bu çalışmadaki kesim sonucu (595, 433 bp) ile uyumsuzdur.

Güder ve ark, (2017), 16srDNA/DraI, 16srDNA/SwaI, ND5/DraI kesimleri için elde ettikleri yaygın profil (type 1), Özdil ve ark, (2012)'nin 16srDNA/DraI kesimi için elde ettiği genel profil bu çalışma kapsamında elde edilen kesim profili ile aynı bulunmuştur. Güder ve ark, (2017) Tekirdağ, Edirne ve Gökçeada bal arısı popülasyonlarında çok az örnekte tespit ettikleri type 2 kesim profillerine bu çalışmada hiçbir örnekte rastlanmamıştır.

Çalışmanın sonucunda, morfometrik analiz sonuçları ve genetik analiz sonuçları güçlü bir şekilde ilişkili olan yüksek derecede bir varyasyon ortaya çıkarmıştır. Yabancı ana arı ticareti nedeniyle ortak ve benzersiz haplotiplere genetik introgresyon belirlenmiştir. Yerli genetik kaynakları korumak için yabancı alt türlerin girişini sınırlamak için bazı önlemlerin alınması gerektiğini öneriyoruz.

TEŞEKKÜR

Bu çalışma birinci yazara ait yüksek lisans tez çalışmasının bir parçası olup, Düzce Üniversitesi BAP-2020.05.01.1071 numaralı Bilimsel Araştırma Projesiyle desteklenmiştir.

Araştırmacıların Katkı Oranı Beyan Özeti

Yazarlar makaleye eşit oranda katkı sağlamış olduklarını beyan eder.

Çıkar Çatışması Beyanı

Makale yazarları aralarında herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan ederler.

KAYNAKLAR

Akyol, E., & Kaftanoğlu, O. (2001). Colony characteristics and the performance of Caucasian (*Apis mellifera caucasica*) and Mugla (*Apis mellifera anatoliaca*) bees and their reciprocal crosses. *Journal of Apicultural Research*, 40, 3-4.

Arias, M. C., & Sheppard, W. S. (2005). Phylogenetic relationships of honey bees (Hymenoptera: Apinae: Apini) inferred from nuclear and mitochondrial DNA sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37, 25-35.

Atalay, İ. (1987). *Türkiye Jeomorfolojisine Giriş*. Ege Üniversitesi Edebiyat Fakültesi Yayınları, 456 sy.

Atalay, İ. (2002). *Türkiye'nin Ekolojik Bölgeleri*. Meta Basımevi, 500 sy.

Bir, S., & Kekeçoğlu, M. (2021). Arıcılık faaliyetleri etkisi altında düzce bal arısı popülasyonlarındaki varyasyonların morfometrik yöntem ile

araştırılması. *Uludağ Arıcılık Dergisi*, 21(1), 66-82.

Bodenheimer, F. S. (1941). Studies on the honeybee and beekeeping in Turkey. Merkez Ziraat Mücadela Enstitüsü.

Bouga, M., Harizanis, P. C., Kiliyas, G., & Alahiotis, S. (2005). Genetic divergence and phylogenetic relationships of honey bee *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae) populations from Greece and Cyprus using PCR-RFLP analysis of three mtDNA segments. *Apidologie*, 36(3), 335-344.

Cengiz, M. M., & Erdoğan, Y. (2018). Doğu Anadolu Koşullarında Farklı Balarısı (*Apis mellifera* L.) Genotiplerinin Davranış Özelliklerinin Belirlenmesi. *Türk Tarım – Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 6(1), 97-101. <https://doi.org/10.24925/turjaf.v6i1.97-101.1539>.

Crozier Y.C., Koulianos S., & Crozier R.H. (1991). An improved test for Africanized honeybee mitochondrial DNA. *Experientia*, 47, 968-969.

Çakmak, İ., Fuchs, S., Çakmak, S. S., Koca, A. Ö., Nentchev, P., & Kandemir, İ. (2014). Morphometric analysis of honeybees distributed in northern Turkey along the black sea coast. *Uludağ Arıcılık Dergisi*, 14(2), 59-68.

Dodoloğlu, A. (2000). *Kafkas ve Anadolu bal arısı (Apis mellifera L.) ırkları ile karşılıklı melezlerin morfolojik, fizyolojik ve davranış özellikleri*. (Tez No: 96437). [Doktora Tezi. Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Erzurum] Yükseköğretim Kurulu Ulusal Tez Merkezi.

Doğaroğlu, M. (1981). *Türkiye'de yetiştirilen önemli arı ırk ve tiplerinin Çukurova Bölgesi koşullarında performanslarının karşılaştırılması*. (Tez No: 455987). [Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü]. Yükseköğretim Kurulu Ulusal Tez Merkezi.

Gençer, H. V. (1996). *Orta Anadolu bal arısı (A. m. anatoliaca), ekotiplerinin ve bunlarının çeşitli melezlerinin yapısal ve davranış özellikleri üzerine bir araştırma*. (Tez No: 47924). [Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı]. Yükseköğretim Kurulu Ulusal Tez Merkezi.

Gençer, H. V., & Fıratlı, Ç. (1999). Orta Anadolu ekotipleri (*Apis m. anatoliaca*) ve Kafkas ırkı (*Apis mellifera caucasica*) bal arılarının morfolojik özellikleri. *Turkish Journal of Veterinary Animal Science*, 23(3), 103-107.

Gösterit A., Çıkılı Y., & Kekeçoğlu M. (2012b) Comparison of swarming tendency and defensive behavior of Yığılca local and other commonly used honeybee genotypes in Turkey. *Kafkas Üniversitesi Veterinerlik Fakültesi Dergisi*, 18(4), 595-598.

Gösterit, A., Çıkılı Y., & Kekeçoğlu M. (2016). Determination of Annual Colony Development of the Yığılca Local Honeybee in Turkey and Comparison with *Apis mellifera caucasica* and *A. m. anatoliaca* Hybrids. *Pakistan Journal of Zoology*,

- 48(1), 195-199.
- Gösterit, A., Kekeçoğlu, M., & Çıkkılı, Y. (2012a). Yığılca yerel bal arısının bazı performans özellikleri bakımından Kafkas ve Anadolu bal arısı ırkı melezleri ile karşılaştırılması. *Süleyman Demirel Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 7(1), 107-114.
- Güder, A., Raziye, I., & Özdiş, F. (2017). Trakya bölgesindeki bal arılarında (*Apis mellifera* L.) mtDNA 16S rDNA ve ND5 genleri analizi. *Hayvansal Üretim*, 58(2), 7-14.
- Güler, A. (1995). *Türkiye'deki Önemli Balarısı (Apis mellifera L.) Irk ve Ekotiplerinin Morfolojik Özellikleri ve Performanslarının Belirlenmesi Üzerinde Araştırmalar. (Tez No: 38816)*. [Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı]. Yükseköğretim Kurulu Ulusal Tez Merkezi.
- Güler, A. (2000). The effects of narrowed area and additional feeding on some physiological characteristics of honey bee (*Apis mellifera* L.) colonies. *Turkish Journal of Veterinary Animal Science*, 24, 1-6.
- Güler, A., & Bek, Y. (2002). Forewing angles of honey bee (*Apis mellifera*) samples 87 from different regions of Turkey. *Journal Of Apicultural Research*, 41(2), 43-49.
- Güler, A., & Kaftanoğlu, O. (1999a). Türkiye'deki önemli bal arısı ırk ve ekotiplerinin morfolojik özellikleri-I. *Turkish Journal of Veterinary Animal Science*, 23(3), 565-575.
- Güler, A., & Kaftanoğlu, O. (1999b). Türkiye'deki önemli bal arısı ırk ve ekotiplerinin morfolojik özellikleri-II. *Turkish Journal of Veterinary Animal Science*, 23(3), 571-575.
- Güler, A., & Kaftanoğlu, O. (1999c). Türkiye'deki önemli bal arısı (*Apis mellifera* L.) ırk ve ekotiplerinin morfolojik karakterler açısından ilişkilerinin diskriminant analiz yöntemiyle saptanması. *Turkish Journal of Veterinary Animal Science*, 23, 565-575.
- Güler, A., & Toy, H. (2008). Sinop ili Türkeli yöresi balarıları (*Apis mellifera* L.)'nın morfolojik özellikleri. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 23(3), 190-197.
- Güler, A., Akyol, E., Gökçe, M., & Kaftanoğlu, O. (2002). Artvin ve Ardahan yöresi bal arıları (*Apis mellifera* L.)'nın bazı morfolojik özellikler yönünden ilişkilerinin belirlenmesi. *Turkish Journal of Veterinary Animal Science*, 26, 595-603.
- Güler, A., Bek, Y., & Guven, H. (2010). The importance of morphometric geometry on discrimination of Carniolan (*Apis mellifera carnica*) and Caucasian (*A. m. caucasica*) honey bee subspecies and in determining their relationship to thrace region bee genotype. *Journal of the Kansas Entomological Society*, 83(2), 154-162.
- Güler, A., Bıyık, S., & Güler, M. (2013). Batı Karadeniz Bölgesi balarılarının (*Apis mellifera* L.) morfolojik karakterizasyonu. *Anadolu Journal of Agricultural Sciences*, 28(1), 39-46.
- Günbey, B., & Gençer, H. V. (2020). Karadeniz bölgesindeki bazı bal arısı (*Apis mellifera* L.) genotiplerinin morfolojik özellikleri. *Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi*, 3(1), 40-53.
- Hall, H. G., & Smith, D. R. (1991). Distinguishing African and European honeybee matrilineages using amplified mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 88(10), 4548-4552.
- Kandemir, I., Kence, M., & Kence A. (2000). Genetic and Morphometric variation in honeybee (*Apis mellifera*) population of Turkey. *Apidologie*, 31, 343-356.
- Kandemir, I., Kence, M., & Kence A. (2005). Morphometric and electrophoretic variation in different honeybees (*Apis mellifera*) population. *Genetics and Molecular Biology*, 29, 885-890.
- Kandemir, I., Kence, M., Sheppard, W. S., & Kence, A. (2006). Mitochondrial DNA variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from Turkey. *Journal of Apicultural Research*, 45(1), 33-38.
- Karabağ, K., Tunca, R. İ., Sevim, E.T., & Doğaroğlu, T. (2020). Otuz polimorfik mikro uydu işaretçisi açısından Anadolu'daki bal arılarının mevcut genetik durumu. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 44(3), 333-346.
- Karacaoğlu, M., & Fıratlı, Ç. (1998). Bazı Anadolu bal arısı ekotipleri (*A. m. anatoliaca*) ve melezlerinin özellikleri I, morfolojik özellikleri. *Turkish Journal of Veterinary Animal Science*, 22, 17-21.
- Kekeçoğlu, M. (2007). *Türkiye bal arılarının mtDNA ve bazı morfolojik özellikleri bakımından karşılaştırılmasına yönelik bir araştırma. (Tez No: 179500)*. [Doktora Tezi, Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimler Enstitüsü]. Yükseköğretim Kurulu Ulusal Tez Merkezi.
- Kekeçoğlu, M. (2010). Honey bee biodiversity in Western Black Sea and evidence for a new honey bee ecotype in Yığılca Province of Düzce. *Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi*, 3(1), 73-78.
- Kekeçoğlu, M. (2018). Morphometric divergence of anatolian honey bees through loss of original traits: A dangerous outcome of Turkish apiculture. *Sociobiology*, 65(2), 232-243. doi: 10.13102/sociobiology.v65i2.1895.
- Kekeçoğlu, M., & Soysal, M. İ. (2010). Genetic Diversity Of Bee Ecotypes in Turkey and evidence for geographical differences. *Romanian Biotechnological Letters*, 15(5), 5646-5653.
- Kekeçoğlu, M., Bouga, M., Soysal M. İ., & Harizanis P. (2007). Morphometrics as a tool for the study of genetic variability of honey bees. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 4(1), 7-15.
- Kekeçoğlu, M., Eroğlu, N., Kambur, M., & Uçak, M. (2020). The relationships between propolis collecting capability and morphometric features of some honey bee races and ecotypes in

- Anatolia. *Journal of Agricultural Sciences*, 26(1), 71-77.
- Kekeçoğlu, M., Şimşek, G., Soysal M. İ., & Gürcan E. K. (2009). Two-level factor analysis of morphometric characters of honeybees population sampled (*Apis mellifera* L.) in Turkey. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 6(1), 21-30.
- Koca, A. Ö., & Kandemir İ., (2013). Comparison of two morphometric methods for discriminating honey bee (*Apis mellifera* L.) populations in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 37(2), 205-210.
- Lauer, J., & Lindauer, M. (1973). Beteiligung von Lernprozessen bei der Orientierung der Honigbiene. *Fortschr Zool*. 21: 349-370. In: Ruttner Biogeography and Taxonomy of Honey Bee. Berlin: springer; 1988.
- Maa, T. C. (1953). An inquiry into the systematics of the tribus Apidini or honeybees (Hym.). *Treubia*, 21, 525-640.
- Meixner, M. D., Leta, A. M., Koeniger, N., & Fuchs, S. (2011). The honey bees of Ethiopia represent a new subspecies of *Apis mellifera*—*Apis mellifera simensis* n. ssp. *Apidologie*, 42(3), 425-437.
- Meixner, M. D., Sheppard, W. S., & Poklukur, J. (1993). Asymmetrical distribution of a mitochondrial DNA polymorphism between 2 introgressing honey bee subspecies. *Apidologie*, 24(2), 147-153.
- Nielsen D., Ebert P.R., Hunt J.G., Guzmán-Novoa E., Kinnee S.A., & Page R.E. Jr. (1999) Identification of Africanized Honey Bees (Hymenoptera: Apidae) Incorporating Morphometrics and an Improved Polymerase Chain Reaction Mitotyping Procedure, *Ann. Entomol. Soc. Am.* 92, 167–175.
- Nielsen D., Page R.E. Jr., & Crosland M.W.J. (1994) Clinal variation and selection of MDH allozymes in honey bee populations, *Experientia* 50, 867– 871.
- Özdil, F., Aytakin, I., İlhan, F., & Boztepe, S. (2012). Genetic variation in Turkish honeybees *Apis mellifera anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. meda* (Hymenoptera: Apidae) inferred from RFLP analysis of three mtDNA regions (16S rDNACOI-ND5). *European Journal of Entomology*, 109, 161-167.
- Özdil, 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.
- Pollmann, A. (1889). *Wert der verschiedenen Bienenrassen und deren Varietäten*. 2nd edn. Voigt, Berlin: Leipzig (1st edn with description of *A. m. carnica* 1879).
- Rahimi, A., Mirmoayedi, A., Kahrizi, D., Zaraei, L., & Jamali, S. (2017). Morphometric diversity and phylogenetic relationships among Iranian honey bee (*Apis mellifera meda* Skorikow, 1829) populations using morphological characters. *Sociobiology*, 64(1), 33-41.
- Ruttner, F. (1988). Biogeography and Taxonomy of Honeybees. Springer.
- Ruttner, F. (1992). *Naturgeschichte der Honigbienen*. Ehrenwirth Verlag.
- Settar, A. (1983). *Ege Bölgesi Arı Tipleri ve Gezgin Arıcılık Üzerine Araştırmalar*. (Tez No: 412832). [Doktora Tezi, Ege Ziraat Araştırma Enstitüsü], Yükseköğretim Kurulu Ulusal Tez Merkezi.
- Sheppard, W. S., & Meixner, M. D. (2003). *Apis mellifera pomonella*, a new honey bee subspecies from Central Asia. *Apidologie*, 34(4), 367–375.
- Sıralı, R., Şengül T., & Yıldız İ. (2003). Investigations on some morphological characteristics of the honey bees (*Apis mellifera* L.) of the Harran plain Turkey. *Uludağ Arıcılık Dergisi*, 11(4), 30-36.
- Smith, D. R., Slaymaker, A., Palmer, M., & Kaftanoğlu O. (1997). Turkish honey bees belong to the east Mediterranean mitochondrial lineage. *Apidologie*, 28, 269-274.
- Sneath, P. H. A., & Sokal, R. R. (1973). *Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification*. W.H. Freeman and Company.
- Suppasat, T., Smith, D. R., Deowanish, S., & Wongsiri, S. (2007). Matrilineal origins of *Apis mellifera* in Thailand. *Apidologie*, 38(4), 323-334.
- Tozkar, C. Ö. (2020). Genetic structure of honey bee (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) subspecies based on tRNA^{Leu}-COX2 and ND5 regions of mtDNA. *Applied Ecology and Environmental Research*, 18(2), 2269-2284.
- Ünal, G., & Özdil, 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- 2018.