

1-1-1999

Discrimination of Some Anatolian Honeybee (*Apis mellifera* L.) Races and Ecotypes by Using Morphological Characteristics

AHMET GÜLER

OSMAN KAFTANOĞLU

YÜKSEL BEK

HALİL YENİNAR

Follow this and additional works at: <https://journals.tubitak.gov.tr/veterinary>



Part of the [Animal Sciences Commons](#), and the [Veterinary Medicine Commons](#)

Recommended Citation

GÜLER, AHMET; KAFTANOĞLU, OSMAN; BEK, YÜKSEL; and YENİNAR, HALİL (1999) "Discrimination of Some Anatolian Honeybee (*Apis mellifera* L.) Races and Ecotypes by Using Morphological Characteristics," *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*: Vol. 23: No. 4, Article 6. Available at: <https://journals.tubitak.gov.tr/veterinary/vol23/iss4/6>

This Article is brought to you for free and open access by TÜBİTAK Academic Journals. It has been accepted for inclusion in Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences by an authorized editor of TÜBİTAK Academic Journals. For more information, please contact academic.publications@tubitak.gov.tr.

Türkiye'deki Önemli Balarısı (*Apis mellifera* L.) Irk ve Ekotiplerinin Morfolojik Karakterler Açısından İlişkilerinin Diskriminant Analiz Yöntemiyle Saptanması

Ahmet GÜLER

Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü, Samsun-TÜRKİYE

Osman KAFTANOĞLU, Yüksel BEK

Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Adana-TÜRKİYE

Halil YENİNAR

Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Kahramanmaraş-TÜRKİYE

Geliş Tarihi: 02.02.1998

Özet: Bu çalışmada Türkiye'de Orta Anadolu (Beypazarı), Kuzeydoğu Anadolu (Posof), Trakya (Saray), Marmara (Gökçeada), Ege (Fethiye) ve Akdeniz Bölgesinde (Erdemli) yaygın yetiştiriciliği yapılan ırk ve coğrafik tipler morfolojik özellikler açısından tanım, sınıflandırma ve birbirleriyle olan ilişkilerini belirlemek amacıyla incelenmişlerdir. Altı genotipten tesadüfen alınan toplam 36 örnekte 31 morfolojik karaktere ait ölçümler üzerinde diskriminant analizi uygulanmıştır. Değerlendirmede dördüncü tergit keçe bant genişliği, A_4 , B_4 , D_7 , G_{12} , L_{13} ve O_{26} kanat damar açıları olmak üzere 11 karakterin yeterli ayırım ve gruplandırmayı sağladıkları belirlenmiştir. Pozitif özdeğerler esas alındığında 5 diskriminant fonksiyonu analize girmeyi başarmış ancak ilk üç diskriminant fonksiyonunun toplam varyansın %93.72'sini izah edebildiği saptanmıştır.

Anahtar Sözcükler: Anadolu balarısı (*Apis mellifera* L.) genotipleri, morfolojik karakter, diskriminant analiz.

Discrimination of Some Anatolian Honeybee (*Apis mellifera* L.) Races and Ecotypes by Using Morphological Characteristics

Abstract: Thirty-one morphological characteristics of randomly selected honeybees known to come from each of six populations were examined for differences. Multivariate discriminant analysis was employed to describe the differential features of observations from 6 known Anatolian honeybee (*Apis mellifera* L.) races and ecotypes. As a consequence of the statistical analysis it was found that length of hair on the tergite 5, width of tomentum on tergite 4, width of tregite 3, distance between wax mirrors, length of cubital vein b, angles on front wing venation (A_4 , B_4 , D_7 , G_{12} , L_{13} and O_{26}) were significant ($P<0.01$), and sufficient enough to discriminate between the populations. However, 93.72% of the total variation was explained by the first three canonical discriminant functions.

Key Words: Anatolian honeybee (*Apis mellifera* L.) genotypes, morphological characters, discriminant analysis.

Giriş

Sahip olduğu coğrafi zenginlik sebebiyle bir çok arı ırk ve ekotipinin adapte olduğu Anadolu bir gen havzası konumunu kazanmıştır (1). Ülkemizde Anadolu, Kafkas, Suriye, Muğla, İran, Gökçeada, Bolu ve Trakya gibi arı ırk ve ekotiplerinin olduğu bilinmekte olup, (2, 3, 4, 5) bu ırk ve ekotiplerin tümünün bir arada morfolojik tanım ve sınıflandırmalarının yapıldığı detaylı çalışmalar çok azdır. Ayrıca, ekonomik zorunluluk olarak son yıllarda yoğun şekilde yapılmakta olan göçer arıcılık sonucu mevcut genotiplerin karışma etkisi ile özelliklerini kaybettikleri, değişime uğradıkları ileri sürülmekte, ancak bu değişimin düzeyi de bilinmemektedir (6, 7).

Apis mellifera L.'nin alt türlerini tanımlamak ve taksonomik sınıflandırmalarını yapabilmek için değişik vücut kısımlarına ait kantitatif ve kalitatif morfolojik karakterlerin tanımlanması ve farklılıkların belirlenmesi gereklidir. Fertler üzerindeki bu değişkenler genelde karşılıklı ilişki içerisindedir. Bu nedenle alınan çok sayıdaki ölçümleri tek değişkenli istatistikte olduğu gibi ayrı ayrı incelemek popülasyonların tanım ve sınıflandırmalarında yeterli sonucu verememektedir (5, 10). Dolayısıyla morfolojik özelliklere ilişkin biyometrik veriler değerlendirilirken çokdeğişkenli istatistik yöntemleri kullanma zorunluluğu ortaya çıkmaktadır (5, 8, 10, 11). Genetik farklılığı belirlemede yararlanılan elektroforez yönteminin pahalı ve ayrı bir yatırımı gerektirmesi,

morfolojik özelliklerin biyometrik yöntemlerle ölçülmesini daha avantajlı hale getirmiştir (4, 9).

Bu çalışmada diskriminant analiz tekniği yardımıyla; sınıflama modeline bağlı olarak diskriminant fonksiyonu sayısı ve bunların toplam varyansı izah yönünden göreceli önemleri, genotiplerin arasında varsa morfolojik varyasyon düzeyi, iki boyut içerisinde farklı iki diskriminant fonksiyonunu esas alan koordinat sistemi içerisinde diskriminant fonksiyonlarının yerinin belirlenmesi, analiz metodunun stepwise tekniğinden yararlanılarak sınıflandırmayı sağlayan özellikler ve bunların etkili oldukları fonksiyonların belirlenmesi, kanonik (canonical) diskriminant fonksiyonları yardımıyla iki boyutlu bir düzlem içerisinde genotip grupların sınır haritasının çıkartılması ve ayrımı yapılan bölgeler içerisinde grup ortalamalarının yerinin saptanması işlemleri gerçekleştirilmiştir.

Materyal ve Metot

Bu çalışmanın materyalini ülkemizin Kuzeydoğu Anadolu Bölgesinde yaygın yetiştiriciliği yapılan Kafkas (*A. m. caucasic*) ve Orta Anadolu'da yetiştirilen Anadolu (*A. m. anatolica*) arı ırkları ile Ege, Trakya, Gökçeada ve Alata ekotiplerini temsil eden arı kolonileri oluşturmuşlardır. Koloniler bu bölgelerde yapılan gözlem ve inceleme sonucu seçilerek satın alınmışlardır. Genotip gruplardan biyometrik ölçüm amacıyla örnekler oğul dönemi sayılan Temmuz 1991'de alınmıştır.

Çalışmada 6 genotip gruptan yararlanılmıştır. Her genotip gruptan 6'şar koloni (36 koloni) ve her kolonide 15 işçi arı olmak üzere toplam 540 işçi arıda; 1. Beşinci tergit kıl uzunluğu (mm), 2. Dördüncü tergit keçe bant genişliği (mm), 3. Dördüncü tergit parlak zemin genişliği (mm), 4. Dil uzunluğu (mm), 5. femur uzunluğu (mm), 6. Tibia uzunluğu (mm) 7. Metatarsus uzunluğu (mm), 8. Metatarsus genişliği (mm), 9. Arka bacak uzunluğu (mm), 10. Üçüncü tergit genişliği (mm), 11. Dördüncü tergit genişliği (mm), 12. Üçüncü sternit genişliği (mm), 13. Mumsalgı yüzeyi uzunluğu (mm), 14. Mum salgı yüzeyi genişliği (mm), 15. Mum yüzeyleri arası mesafe (mm), 16. Altıncı sternit uzunluğu (mm), 17. Altıncı sternit genişliği (mm), 18. Kanat uzunluğu (mm), 19. Kanat genişliği (mm), 20. Kubital a damar uzunluğu (mm), 21. Kubital b damar uzunluğu (mm), 22-32. Kanat (A_4 , B_4 , D_7 , E_9 , G_{12} , J_{10} , J_{16} , K_{19} , L_{13} , N_{23} ve O_{26}) damar açıları olmak üzere toplam 31 morfolojik karaktere ait biyometrik ölçümler; Ruttner ve ark. (9)'nın bildirişlerine uygun olarak yapılmıştır.

Değerlendirme, altı genotip gruba ait 36 örnek ve 31 morfolojik karakter üzerinden, fonksiyon sayısı beş, değişkenler için minimum tolerans düzeyi 0.001, maksimum önem düzeyi 0.05 ve her grup için ön olasılık 0.16667 olacak şekilde ve Wilks Lambda test istatistiğine göre yorumlanmıştır (10, 11).

Bulgular

Analiz tekniğinde değişkenlerin birbirleriyle ilişkileri saptanmış ve her bir karakter çiftçi için korelasyon hesaplanarak, karakterler arası ilişkiler incelenmiştir. Kıl uzunluğu (KU) ile 3. tergit genişliği (T_3) arasında $r=0.553$; kanat genişliği (KG) ile kıl uzunluğu (KU) arasında $r=0.464$, altıncı sternit genişliği (S_6G) ile dil uzunluğu (DU) arasında $r=0.445$, metatarsus uzunluğu (MU) ile tibia uzunluğu (Ti) arasında $r=0.474$, dördüncü tergit genişliği (T_4) ile üçüncü tergit genişliği (T_3) arasında $r=0.732$, mum salgı yüzeyi uzunluğu (MSU) ile üçüncü sternit uzunluğu (S_3U) arasında $r=0.581$; kanat D_7 damar açısı ile kanat B_4 damar açısı arasında $r=0.606$ ve kanat E_9 damar açısı ile kanat B_4 damar açısı arasında $r=0.536$ gibi pozitif ilişkilerin olduğu saptanmıştır. Kubital a damar uzunluğu (a) ile parlak zemin genişliği (Tb) arasında $r=0.747$; kanat J_{16} damar açısı ile altıncı sternit genişliği (S_6G) arasında $r=0.503$; kanat B_4 damar açısı ile kanat A_4 damar açısı arasında $r=0.717$; E_9 damar açısı arasında $r=0.546$; kanat N_{23} damar açısı ile kanat L_{13} damar açısı arasında $r=0.554$ gibi negatif ilişkilerin olduğu belirlenmiştir.

31 morfolojik karakterin biyometrik ölçümlerinin fazla zaman ve fazla iş gücü gerektirdiği açıktır. Bu nedenle genotiplerin sınıflandırılmalarını sağlayacak ve mevcut varyasyonun büyük bir kısmını izah edebilecek daha az sayıda ayırıcı karakterlerin saptanması amacıyla stepwise diskriminant analizi yöntemi uygulanmıştır. Grupların ayırımında etkili olan karakterler, ayırımdaki sıralanışları, tolerans seviyeleri ve F önem düzeyine tekabüle eden Wilks lambda değerleri belirlenmiş ve Tablo 1'de verilmiştir.

Grupların ayırımını yapmadaki önem sırasına uygun şekilde verilen morfolojik karakterler sırasıyla, dördüncü tergit keçe bant genişliği (T_4), kanat A_4 açısı, kıl uzunluğu (KU), mum aynaları arası mesafe (MAM), kanat O_{26} açısı, kubital b damar uzunluğu (b), kanat G_{12} , B_4 , D_7 , L_{13} açıları ve üçüncü tergit genişliği (T_3) olmuşlardır.

Bu aşamada genotipleri temsil eden 36 örneğin 11 morfolojik karaktere göre sınıflandırılmalarını sağlayan diskriminant fonksiyonları belirlenmiş ve Tablo 2'de verilmiştir.

Step Sırası	Karakter Adı	Tolerans Seviyesi	W. Lambda Değeri	Önem Düzeyi
1	4. tergit keçe bant genişliği	0.3095	0.1607	0.0001
2	Kanat A ₄ damar açısı	0.1681	0.0486	0.0001
3	Kıl uzunluğu	0.4093	0.0198	0.0001
4	Mum aynaları arası mesafe	0.3967	0.0097	0.0001
5	Kanat O ₂₆ damar açısı	0.6355	0.0049	0.0001
6	Kubital b damar uzunluğu	0.4890	0.0026	0.0001
7	Kanat G ₁₂ damar açısı	0.4870	0.0012	0.0001
8	Kanat B ₄ damar açısı	0.4500	0.0006	0.0001
9	Kanat D ₇ damar açısı	0.6576	0.0003	0.0001
10	Kanat L ₁₃ damar açısı	0.5069	0.0001	0.0001
11	Üçüncü tergit genişliği	0.3627	0.0001	0.0001

Tablo 1. Gruplandırılmayı sağlayan morfolojik karakterler, ayırmayı sağladıkları sıra, tolerans seviyeleri, Wilks Lambda değerleri ve önem düzeyleri

Karakter Kodu	1. Fonk	2. Fonk	3. Fonk	4. Fonk	5. Fonk
A ₄	0.0788	1.4114*	0.7860	0.0148	0.4042
B ₄	0.6571	1.4698*	0.8013	0.8006	0.7183
D ₇	0.1435	0.4258	0.2735	1.0960	0.6430
G ₁₂	0.4661	0.3668	0.9009	0.5328	0.6664
L ₁₃	0.5807*	0.5804	0.1828	0.0272	0.4533
O ₂₆	0.5126	0.5588	0.5490*	0.0685	0.7544
KU	0.2836	0.3395	1.0897*	0.3017	0.1854
b	0.6990*	0.3329	1.0101	0.0666	0.0095
MAM	0.7952*	0.2131	0.1152	0.1391	0.5768
T ₃	0.2774	0.5646*	0.3045	0.6237	0.5058
T ₃	1.4984*	0.117	0.4650	0.4028	0.0751

Tablo 2. Gruplandırılmayı sağlayan morfolojik karakterlere ilişkin standart kanonik diskriminant fonksiyon katsayıları.

* Değişkenleri temsil eden fonksiyonları göstermektedir.

Birinci diskriminant fonksiyonu üzerinde dördüncü tergit keçe bant genişliği (Ta), mum aynaları arası mesafe (MAM), kubital b damar uzunluğu (b) ve kanat L₁₃ açısı pozitif yönde etkili olurken; ikinci fonksiyon üzerinde A₄, B₄ kanat açıları ve üçüncü tergit genişliği (T₃); üçüncü fonksiyon üzerinde ise kıl uzunluğu (KU) ve kanat O₂₆ açısı etkili olmuşlardır.

Morfolojik karakterlere ait kanonik diskriminant fonksiyonlarının göreceli önemleri analizde önemli rol oynadığından analize giren fonksiyon sayıları, özdeğerleri (eigen), izah edilen varyans yüzdeleri, yığılmalı varyans yüzdeleri ve kanonik korelasyon düzeyleri saptanmıştır (Tablo 3).

Tablo 3 incelendiğinde ilk beş diskriminant fonksiyonu analize girmiş ve özdeğerlerinin 33.84 ile 1.01 arasında saptandığı ve birinci fonksiyona tekabül eden özdeğerin 33.84 olduğu görülür.

Genotiplerin ayırımı sınırlarını belirleyen diskriminant fonksiyonlarına göre hesaplanan grup ortalamalarının

merkezlerinin koordinat sistemi içerisindeki değerleri Tablo 4'de verilmiştir.

Tablo 1'de verilen ve analize girmeyi başaran 11 karakter yardımıyla yapılan sınıflama diskriminant için hesaplama fonksiyonlarına göre tahmin edilen grup üyelikleri ve gerçek olarak gözlemlenen grup üyelikleri arasındaki uyum belirlenmiş ve Tablo 5'de özetlenmiştir.

Her genotip gruptan 6'şar adet ve toplam 36 örneğin Tablo 5'te görüldüğü gibi diskriminant analizinde yapılan sınıflandırma sonucu tümü kendi genotip gruplarında gruplandırılmışlardır. Anadolu genotipini temsil eden 6 örneğin diskriminant fonksiyonlarına tahmin edilen grup üyeliği %100 düzeyinde Anadolu genotipi olmuştur. Genotiplerin en önemli iki fonksiyon ele alınarak iki boyutlu koordinat sisteminde dağılımları bireylerin ve grupların serpilme diyagramına ait koordinatları esas alınarak sınır harita grafiği (territorial map) çizilmiştir (Şekil 1).

Fonksiyon Sayısı	Öz Değeri	Varyans Düzeyi	Yığılmalı Varyans Düz.(%)	Kanon. Korel. Düz.(%)	Wilks Lambda Değeri	Önem Düzeyi
1*	33.84	70.21	70.21	0.985	0.000	0.0001
2*	7.00	14.54	84.75	0.935	1.003	0.0001
3*	4.32	8.97	93.72	0.901	2.030	0.0001
4*	2.01	4.18	97.89	0.817	3.164	0.0001
5*	1.01	2.11	100.00	0.709	4.496	0.0096

* Analizde kalan diskriminant fonksiyonlarını göstermektedir

Genotip Gruplar	1. Fonk	2. Fonk	3. Fonk	4. Fonk	5. Fonk
Anadolu	-1.9944	2.0772	-1.6989	-1.2194	1.4347
Kafkas	2.9149	3.3860	2.2301	1.5028	0.0861
Muğla	4.2487	0.7253	-0.1269	-1.8313	-1.3849
Gökçeada	7.5392	-3.3215	-1.1213	0.8833	0.4880
Trakya	-5.6136	-2.7741	2.8301	-0.6596	0.2627
Alata	-7.0949	-0.0929	-2.1130	1.3241	0.8865

Gerçek Gruplar	Örnek Sayısı	Tahmin Edilen Grup Üyeliği					
		Anadolu	Kafkas	Muğla	Gökçeada	Trakya	Alata
Anadolu	6	6%100	%0	%0	%0	%0	%0
Kafkas	6	%0	6 %100	%0	%0	%0	%0
Muğla	6	0%	%0	6 %100	%0	%0	%0
Gökçeada	6	%0	%0	%0	6 %100	%0	%0
Trakya	6	%0	%0	%0	%0	6 %100	%0
Alata	6	%0	%0	%0	%0	%0	6 %100

Otuzaltı örneğin onbir değişken üzerinden doğru gruplama oranı %100'dür.

Genotip grupların birbirleriyle oluşturdukları sınır grafiğinde de Anadolu genotipi yine merkezde yer almıştır. Diskriminant Analizi'nin son aşamasında örnek bireylerin iki boyutlu düzlemde ve serpilme diyagramının koordinatlarını oluşturan ilk 2 kanonik diskriminant fonksiyonu esas alınarak serpilme diyagramı (genotip grup ayırımı) çizilmiştir (Şekil 2).

Tartışma

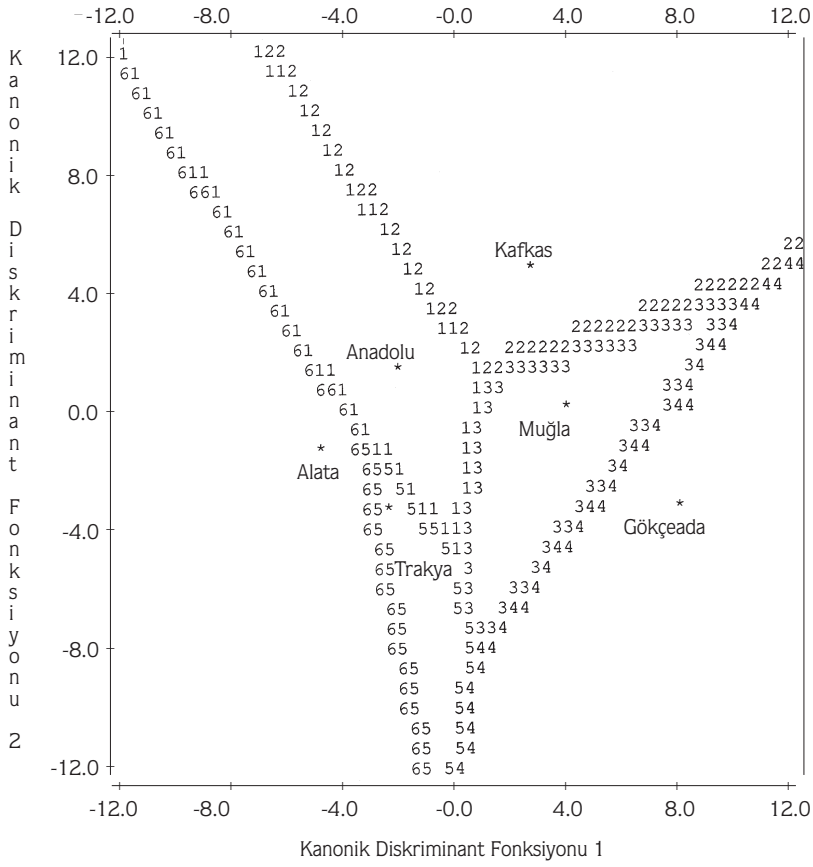
Ülkemizdeki önemli balansı (*Apis mellifera* L.) genotiplerinden alınan 36 örnekte 31 değişkene uygulanan diskriminant analizi yardımıyla yapılan sınıflandırmada diskriminant fonksiyonu sayısı başlangıçta beş olarak alınmışsa da ilk üç diskriminant fonksiyonunun

toplam varyansın %93.72'sini izah edebildiği görülmüştür. Dolayısıyla 3 adet diskriminant fonksiyonun ayırımı yeterli olacaktır. Birinci diskriminant fonksiyonu üzerinde dördüncü tergit keçe bant genişliği (T_4), mum aynaları arası mesafe (MAM) ve kubital b damar uzunluğu (b); ikinci fonksiyonda kanat A_4 , B_4 damar açıları ve üçüncü tergit genişliği (T_3) ve üçüncü fonksiyonda ise kıl uzunluğu (KU) önemli değişkenler olarak belirlenmiştir. Türkiye'de mevcut önemli balansı (*Apis mellifera* L.) ırk ve ekotiplerini morfolojik olarak tanımlamak ve genotipik varyasyonu belirlemek amacıyla yapılacak çalışmalarda belirlenen 11 morfolojik karakter üzerinde elde edilecek biyometrik gözlemlerle yeterli ayırımı yapılabileceği belirlenmiştir. Ayrıca, 11 kanat damar açısından 6'sının gruplamada önemli etkiye sahip olduğu saptanmıştır.

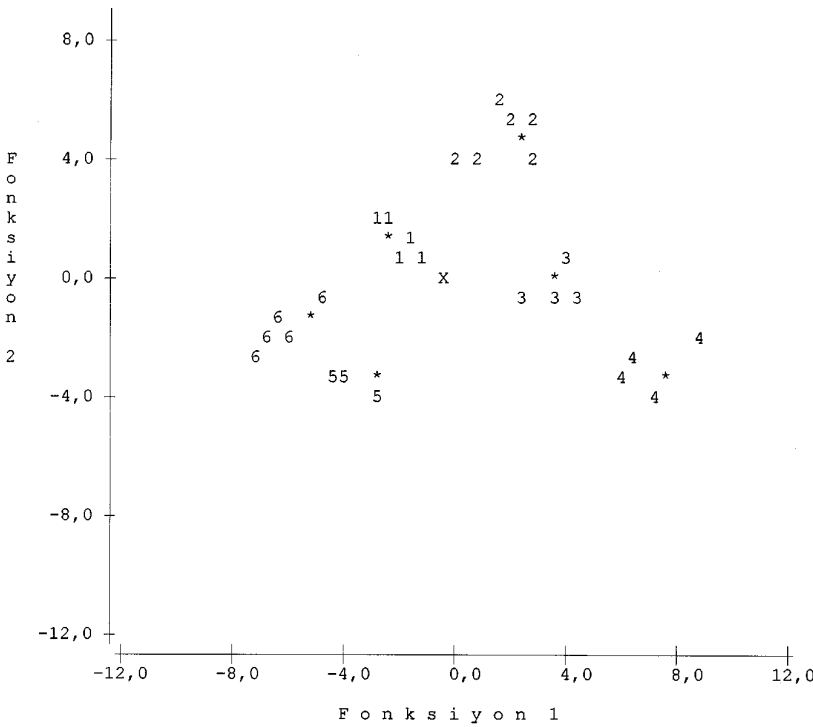
Tablo 3. Populasyon düzeyinde belirlenen özdeğerler, fonksiyonlara tekabül eden varyans düzeyleri, yığılmalı varyans ve kanonik korelasyon değerleri

Tablo 4. Genotip grup merkezlerindeki (centroid) kanonik diskriminant fonksiyonları.

Tablo 5. Genotip grupları temsil eden örneklerin diskriminant analizi sonuçlarına göre sınıflandırmaları.



Şekil 1. Boyutsuz ortamda genotip grup ayrımının sergilenmesi.



Şekil 2. Genotip gruplarına ait örneklerin boyutlu ortamda sergilenmesi. *=genotip gruplarının, x=koordinat sisteminin merkezini; 1, 2, 3, 4, 5 ve 6 rakamları sırasıyla Anadolu, Kafkas, Muğla, Gökçeada, Trakya ve Alata genotip gruplarını göstermektedir.

Genotip grupların değişken vektörlerine tekabül eden en küçük ve en büyük diskriminant fonksiyonu katsayıları dikkate alındığında Anadolu genotipinin -1.9944 ve 2.0772 değerleri ile merkez grubu oluşturduğu buna en yakın kümeyi 0.0861 ve 3.3860 ile Kafkas ve -1.8313 ve 4.2487 değerleri ile Gökçeada genotipi oluşturduğu görülmüştür. Ayrıca, genotiplerin birbirleriyle oluşturdukları sınır grafiğinde de Anadolu genotipi yine merkez grubu oluşturmuş ve Muğla, Kafkas Trakya ve Alata genotipleri ile ortak sınır oluştururken Gökçeada genotipi ile sınır oluşturamamıştır. Kafkas genotipi Anadolu ve Muğla genotipleri ile sınır oluştururken Trakya, Gökçeada ve Alata genotipleri ile sınır oluşturamamıştır. Anadolu ve Muğla genotip grupları birbirleriyle ortak sınır oluşturmalarına karşın ayırımı Anadolu ve Muğla genotipleri arasında örneklerin aldıkları değerlere göre iç içe geçme olmadığı ve bu arı genotipinin Anadolu arısının bir ekotipi olduğu söyleniyor ise de populasyonun tek başına küme oluşturması nedeniyle Anadolu arısından ayrılacak farklı bir genotip olduğu görülmüştür. Anadolu genotipinin merkez kümeyi oluşturması Ruttner (5)'in Türkiye ve komşu ülkelerde mevcut arı ırklarına uyguladığı diskriminant analizde de *Apis mellifera anatoliaca* ırkı bütün grupların merkezinde yer aldığı belirtilmektedir. Genel olarak bakıldığında Anadolu genotip grubunda ve diğer grupların tümünde diskriminant fonksiyonları yardımı ile doğru gruplama oranı %100'dür. Denemede yer alan genotip gruplara ait örneklerin genotip düzeyinde kesin sınırlarla birbirlerinden ayırdıkları ve iç içe geçmelerin (overlapping) olmadığı saptanmıştır. Bu sonuç diskriminant fonksiyonlarının ayırım gücünün yüksek olduğunu gösterirken populasyon içerisinde morfolojik olarak büyük varyasyonun varlığına işaret etmektedir.

Gezginci arıcılığın son yıllarda yaygın hale gelmesi ve gittikçe artması sonucu populasyondaki ırk ve ekotiplerin karışıma uğradıkları ve saf materyal kalmadığı düşünülmektedir (6, 7). Bu görüşün aksine gezginci arıcılığın giremediği yöre ve göçer arıcılık yapılmayan tüm bölgeleri kapsayacak araştırmaların yapılması ile yeterli düzeyde genetik varyasyonun olduğu görülecektir. Aynı durum Ruttner (5)'in bildirişleri ile uyum içinde olup saf genetik materyaller günümüzde ilkel yetiştiricilik şartlarında veya yaban hayat alanlarında bulunabilmektedir. Bütün bu bulgular değerlendirmeye alınan örneklerin farklı populasyonlardan geldiklerini göstermektedir. Ülkemizin çoğu bölgelerinde genetik yapıca deforme olmamış ve saf olarak kabul edilebilecek genotiplerin bulunduğunu söylemek mümkündür. Ancak, mevcut genetik varyasyon zenginliğinin mevcut göçer arıcılık içerisinde saflıklarını koruyacaklarını iddia etmek de mümkün değildir. Ülkemiz arıcılığının geleceği açısından mevcut gen kaynaklarının saf olarak muhafazası kaçınılmaz olduğundan bazı bölgelerin; özellikle Kuzeydoğu Anadolu Bölgesinde Ardahan, Posof, Hanak ve Çıldır, Marmara Bölgesinde Gökçeada, İç Anadolu Bölgesinde Ankara (Beypazarı) gibi arı hareketinin kolayca kontrol edilebileceği bölgelerin tecritli alan olarak kabul edilmesi gerekmektedir. Ayrıca, gerek arıcılık araştırma enstitülerinde ve gerekse üniversitelerde bu genetik materyalin saf olarak muhafazası zorunludur. Diğer taraftan, bu genetik materyalin saf olarak muhafazası için gerekli özendirme ve teşviklerin yapılması ve özel yetiştirici işletmelerinin kurulmasına da yardımcı olunmalıdır.

Kaynaklar

1. Adam, B., 1983. In search of the best strains of honey bee. Northern Bee Books, West Yorkshire, UK.
2. Bodenheimer, F.S. 1941. Türkiye'de bal arısı ve arıcılık hakkında etütler (Studies on the honey bee and beekeeping in Turkey). Merkez Zirai Mücadele Enstitüsü Ankara. Numune Matbaası, İstanbul.
3. Maa, T., 1953. An inquiry into the systematics of the tribus apidini or honeybee (Hym.). Treubia, 21 (3) 525-640.
4. Öztürk, A.I., 1990. Morphometric analysis of some Turkish honeybees (*Apis mellifera* L.). Master of Philosophy. Univ. of Wales College of Cardiff, UK.
5. Ruttner, F., 1988. Biogeography and taxonomy of honey bees. Springer, Verlag, Berlin.
6. Kaftanoğlu, O., Kumova, U., Bek, Y., 1993. GAP Bölgesinde çeşitli balansı (*Apis mellifera* L.) ırklarının performanslarının saptanması ve bölgedeki mevcut arı ırklarının ıslahı olanakları. Ç.Ü. Ziraat Fakültesi GAP Yayınları No:74. Adana.
7. Öztürk, A.I., Alataş, I., Settar, A., Boduroğlu, Y., Uyguner, B., ve Bozkurt, M., 1992. Ege Bölgesi arı populasyonlarında bazı morfolojik özelliklerin saptanması. Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, İzmir.

8. Bek, Y., Sabancı, A., ve Işık, A., 1989. Antropometrik verilerde diskriminant analizi. II. Ulusal Ergonomi Kongresi. Ankara. 335-346.
9. Ruttner, F., Tassencourt., Louveaux, J., 1978. Biometrical statistical analysis of the geographic variability of *Apis mellifera* L. Apidologie, 1978, 9(4) 363-381.
10. Bek, Y., 1994. Çok Değişkenli İstatistik Analiz Metodları. Ç.Ü. Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Ders Notları. Adana.
11. Cooley, W.W., Lohnes, R.R., 1971. Multivariate Data Analysis. John Wiley and Sons. Inc. New York. 244-257.
12. SPSS. inc., 1986. SPSSX User's Guide, 2nd ed. McGraw-Hill. New York, 806 pp.