

# Türkiye'deki Bal Arısı Çeşitliliği



5

Morfometrik, Biyokimyasal ve Moleküller Teknikler (PZR-KPUP, DNA dizi analizi)

**Yrd. Doç Dr. Meral KEKEÇOĞLU**

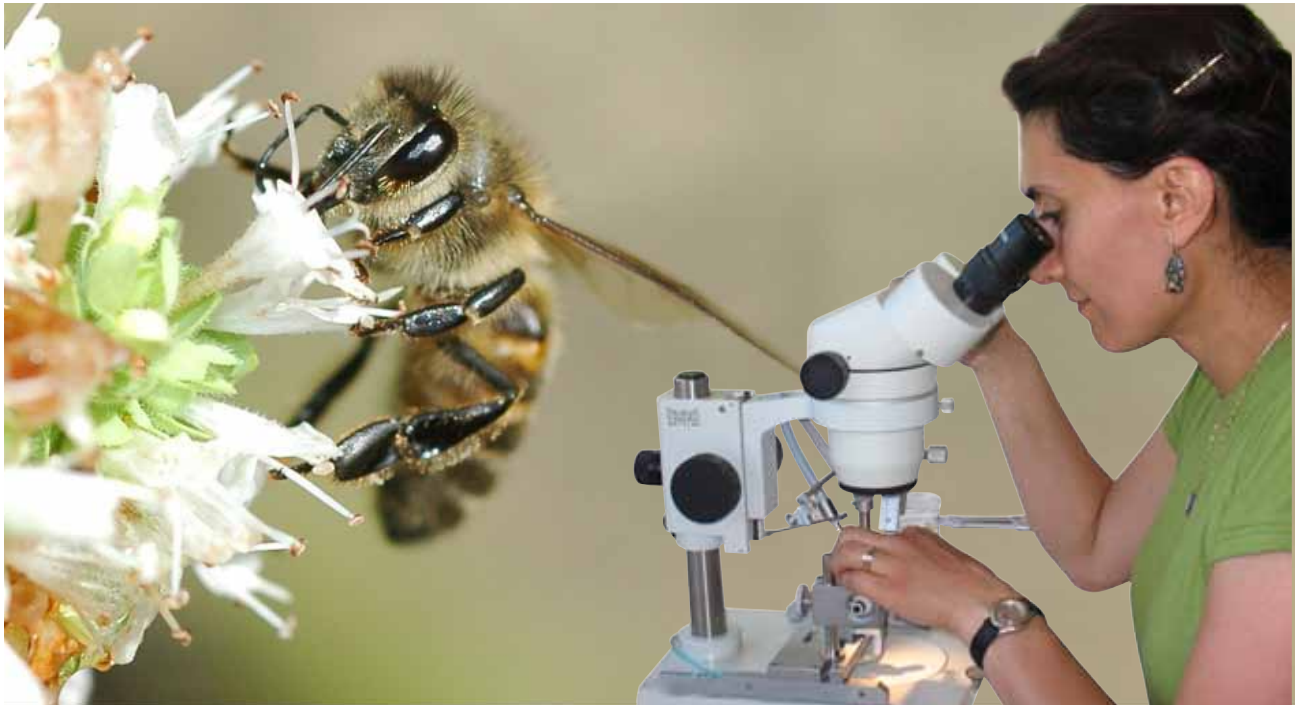
Düzce Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi  
Biyoloji Bölümü Öğretim Üyesi

Türkiye'nin bal arısı popülasyonu ilk defa Buttel Reepen (1906) tarafından tanımlanmaya çalışılmıştır. Sadece Ege ve Marmara bölgelerinin arıları üzerinde bazı görüşlerin ileri sürüldüğü bu ilk girişimden sonra Bodenheimer (1941), Anadolu bal arılarını morfolojik yapılarına göre tanımlayarak Anadolu'yu farklı ekotiplerin bulunduğu 7 farklı coğrafik bölgeye ayırmıştır. Kuzeydoğudaki arı popülasyonunu A. m. caucasica Gorb. ve Sarı Trans Kafkas arısı olarak tanımlarken, Orta Anadolu'daki arıların tipik Anadolu arısı olduğunu belirtmiştir. Bodenheimer Elazığ yöresindeki arıları ise genel bir tanımlama ile A. m. remipes olarak yorumlamıştır. Türkiye'nin batısındaki (İstanbul-Bursa hattının batısı) arıların diğerlerinden farklı özellikler gösterdiği, diğer üç tipin Anadolu arısı, Kafkas arısı, Sarı Trans Kafkas arısı ve Suriye arısının ara formları olduğu belirtilmiştir.

Maa (1953)'da Anadolu arılarını morfometrik yapılarına göre karakterize ederek Anadolu arısını alt tür olarak A.m.anatoliaca sistematik adıyla ilk kez tanımlayan araştırmacı olmuştur.

Maa'nın çalışmalarından 30 yıl sonra, 1983 yılında Adam ülkemizdeki bal arılarını genel görünüm ve davranışlarına göre inceleyerek Bodenheimer'in bulgularına yakın sonuçlar ortaya koymuştur. Adam (1983)'a göre Türkiye'nin batısı, kuzey-doğusu, güney-doğusu ve Anadolu'nun merkezinde olmak üzere 4 belirgin bal arısı ırkı ve birçok alt ekotip bulunmaktadır. Bu bulgulara dayanılarak Anadolu'nun bal arısı ırklarının yuvası olduğu hatta topografik yapısı nedeniyle Anadolu'da kapalı ceplerde oluşmuş özgün bal arısı ekotiplerinin bulunduğu bildirilmiştir. Günümüzde moleküler tekniklere morfometri ve enzim polimorfizmine dayanılarak Balıkesir, Kırklareli, Eskişehir ve Düzce ekotiplerinin belirlenmesi bu bildirişi destekler niteliktedir (Kandemir ve ark. 2005, 2006a).

Apis mellifera'nın coğrafik dağılımına ilişkin bilimsel olarak kabul görmüş olan ilk çalışmalar Ruttner (1988a) tarafından yapılmıştır. Ruttner (1988a) Türkiye'de doğal olarak yayılmış 4 Apis mellifera alt türünün olduğunu belirtmiştir. Ruttner (1988a)'a göre Türkiye'nin kuzeydoğusundan Samsun'a kadar olan kesimde A. m. caucasica ekotipi, Güneydoğuda A. m. meda, Güneyde



Belgin GÜNBEY / Arıcılık Araştırma Enstitüsü



Türkiye-Suriye sınırına yakın çok küçük bir alanda *A. m. syriaca*, Trakya da dahil olmak üzere Türkiye'nin geri kalan kısımlarında ise *A. m. anatoliaca* bulunmaktadır. Anadolu arıları, Balkan arıları ve diğer komşu ülke arılarıyla karşılaştırılarak incelenmiştir. Anadolu arıları oldukça sıkı bir grup oluştururken Bursa-İstanbul-Eskişehir-Isparta hattının batısında kalan grup Anadolu grubundan ayrı bir grup oluşturmuştur. Buradan alınan örnekler ayrı bir grup oluşturmakla birlikte bu örnekler ayrı bir ırk tanımlaması yapılmamıştır. Buradaki arı popülasyonunun Doğu Ege adalarının etkisinde kaldığı vurgulanmıştır. *A. m. anatoliaca*'nın batıdaki ekotipi olarak tanımlanmıştır.

Birçok araştırmacı tarafından Türkiye'de bulunan arı ırkları morfolojik karakterleri ve alloenzim varyasyonu bakımından araştırılmış ve Ruttner (1988a)'ın bulgularına yakın sonuçlar bulunmuştur (Darendelioğlu ve Kence, 1992; Kandemir ve Kence 1995, Güler ve Kaftanoğlu 1999a,b,c, Güler ve ark. 1999, Kandemir ve ark. 1995, 2000, Güler ve ark. 2002, Kandemir ve ark. 2003; Keleşoğlu ve ark., 2010).

Türkiye'de bulunan arı ırkları morfolojik ve mtDNA varyasyonunun yanısıra *Apis mellifera* alt türlerinde polimorfik olduğu bilinen 6 farklı enzim lokusu (Mdh, Pgm, Hk, Est, Pgi ve Mi) bakımından da araştırılmıştır. Türkiye'de bulunan *Apis mellifera* popülasyonları 4 enzim lokusu (Mdh, Pgm, Hk, Est) bakımından polimorfik bulunmuştur. Türkiye'de en fazla görülen alleller Mdh65, Mdh100, Pgm75, Pgm100, Est100, Hk100 olarak belirlenmiştir. Türk bal arıları Pgm lokusu dışında diğer enzim lokusları bakımından H-W (Hardy-Weinberg) eşitliğine uygun bulunmuştur. Ayrıca Trakya bölgesinde Mdh65 frekansı yüksek bulunmuştur (Kandemir ve ark. 1995, 2000, 2005).

Bal arısı popülasyonlarında en yaygın çalışılan sitoplazmik malatdehidrogenaz (Mdh1), enzim lokusu bakımından Doğu Avrupa, Batı Avrupa ve Afrika bal arıları arasında önemli allel frekans farklılığı görülmüştür. Türkiye'nin kuzeyinde özellikle Trakya bölgesinde yüksek oranda Mdh65 alleli görülürken güneye doğru inildikçe Afrika bal arılarında dominant olduğu bilinen (Nunamaker ve Wilson 1981, Sheppard ve Huettel 1988, Sheppard ve Berloccher 1989, Meixner ve ark. 1994) Mdh1100 (hızlı) frekansının arttığı görülmektedir. Mdh65 allel frekansı Türkiye'nin kuzeyinden güneyine doğru inildikçe azalıyor ve hatta Türkiye'nin güneyinde hiç görülüyorken İran'da yeniden görülmektedir (Moradi ve Kandemir 2004).

Sheppard ve Smith (2000)'e göre Badino ve ark. (1988), Sheppard ve Huettel (1988) ırklar arasında, Sheppard ve Berloccher (1989) türler arasında alloenzim varyasyonunu araştırmışlar ve bu araştırma sonuçlarına dayanarak *Apis mellifera*'da izoenzim varyasyonunun düşük olduğunu belirtmişlerdir. Yani genel olarak *Apis mellifera* grupları arasında alloenzim varyasyonu bakımından

kesin bir sınır olmadığı belirtilmektedir. Örneğin Pgm100, hem Türk bal arılarında hem Afrika bal arılarında görülüyor. Est100, Türkiye'de, İtalya'nın kuzeyinde ve Afrika'da görülüyor. Yüksek frekansta Mdh100 allel frekansı Afrika arılarına özgü (Sylvester 1982) olmasına rağmen bu allel gen frekansı *A. m. caucasica* ve *A. m. anatoliaca* alt türlerinde de %100'e yakın frekansta görülmektedir (Kandemir ve Kence 1995). Oysa gerek morfolojik gerek moleküler işaretleyiciler ile yapılan araştırma sonuçları, Afrika ve Doğu Avrupa bal arılarının birbirlerinden farklı olduğunu kesin olarak ortaya koymuştur. Pgm enzim lokusu ile yapılan bir başka çalışmada (Kence ve ark. 2006) belirlenen ilginç sonuç ise alloenzim polimorfizmine göre varyasyonun belirlenmesinin ne kadar doğru olabileceği şüphesini de beraberinde getirmiştir. Bu çalışmada yaz ve kış arılarında bile Pgm allellerinin farklılık gösterdiği bulunmuştur. Kış arılarında %100 Pgm75/100 heterozigotluğu görülürken yaz arılarının bu enzim lokusu bakımından homozigot olduğu belirlenmiştir.

Smith ve ark. (1997)'nin Türk bal arılarının mtDNA varyasyonu bakımından araştırılmasına ilişkin yaptığı ilk çalışmada, Gürcistan sınırına yakın yerlerden alınan örneklerin %77'si, Erzurum yakınlarından alınan örneklerin %29'u ve Van çevresinden alınan örneklerin ise %25'i *A. m. caucasica* mtDNA haplotipi ile uyumlu bulunurken Trakya bölgesinden alınan örnekler %24 oranında *A. m. carnica* mtDNA haplotipi ile uyumlu bulunmuştur.

Çizelge.1 PZR-KPUPne göre gözlenen kesim örneği

	BglI	EcoRI	XbaI	HindIII	Hinf	TaqI	DraI	Araştırma
Cyt b	+							Smith ve ark. 1997, Palmer ve ark. 2000, Kandemir ve ark. 2000.
irDNA		+						Smith ve ark. 1997, Palmer ve ark. 2000, Kandemir ve ark. 2000, Özelli ve ark. 2008, Keleşoğlu ve ark. 2010.
COI	+	+	-	-	+			Smith ve ark. 1997, Palmer ve ark. 2000, Kandemir ve ark. 2000a,b,c, Özelli ve ark. 2008.
COL-CON							+	Palmer ve ark. 2000, Kandemir ve ark. 2000a,b,c, Özelli ve ark. 2008.
mtDNA	+							Kandemir ve ark. 2000a, Keleşoğlu, 2007, Özelli et al. 2008, Keleşoğlu ve ark. 2010.
mtD Dizi analizi	A ve B genotipleri farklı mikrobiyal diziye bölünmüşlerdir							Kandemir ve ark. 2000a.
COI/CON Dizi analizi	Türk bal arılarında yalnızca Q segmenti görülmüşse yalnızca Kafkasın alman örneklerine PQ kombinasyonu belirlenmiştir							Palmer ve ark. 2000, Kandemir ve ark. 2000a.

Kafkas dağ arısı *A. m. caucasica*, Kafkas dağlarında, Kafkas vadisinin güneyinde, Kafkasya'nın küçük bir kesimindeki yüksek yerlerde, Gürcistan ve Azerbaycan'ın bir parçasında doğal olarak bulunur (Alpatov 1948, Bilash ve ark. 1976; Awetisjan 1978, Ruttner 1988a). Ruttner (1988a), morfolojik incelemeleri sonunda *A. m. caucasica*'ya benzer arıların Karadeniz sahillerinin Samsun'a kadar olan kesimlerinde de bulunduğunu ifade etmiştir. Fakat Kafkas'ın birçok varyetesinin bulunması nedeniyle bu arıların gerçek Kafkas soyu olup olmadıkları tartışma konusu olmuştur (Ruttner 1988a). Güler (2001), Kafkas bölgesi olduğu bilinen Artvin yöresindeki *Apis mellifera* popülasyonunu morfolojik yöntemler ile araştırmış ve buradaki arıların Kafkas ırkının yöreye uyum sağlamış bir ekotipi olduğunu bildirmiştir.

A. m. anatoliaca ve A. m. caucasica'nın mtDNA'ları dikkatli incelendiğinde iki tür arasında COI-COII gen bölgesinin nükleotit dizilimi bakımından çok büyük bir fark bulunmamıştır. Genel olarak Anadolu arıları bu gen bölgesinin nükleotit dizilimi bakımından A. m. caucasica'ya çok yakın olarak bulunmuştur (Palmer ve ark. 2000). Moleküler teknikler ile yapılan ilk çalışmalarda tüm mtDNA genomunun birçok farklı restriksiyon endonükleaz enzimleri ile kesimi sonucu mtDNA genom haritası oluşturulmuş ve A. m. caucasica A. m. ligustica ve A. m. carnica'nın hemen hemen aynı kesim örüntüsünü oluşturduğu belirlenmişti (Smith 1991). Bu araştırma sonuçları A. m. anatolica'nın A. m. caucasica A. m. ligustica ve A. m. carnica ile aynı mtDNA haplotip grubunda olduğunu gösteriyor.

Ruttner (1988a) daha yıllar önce Türkiye'nin güneyinde Hatay, Antakya yöresinde A. m. syriaca'nın bulunduğunu bildirmişti. Son yıllarda yapılan çalışmalarda Hatay yöresinden alınan örneklerin mtDNA'larındaki protein kodlamayan gen bölgesi (COI-COII)'nin nükleotit dizi analizi yapılmış ve sonuçlar A. m. syriaca mtDNA'sındaki nükleotit dizilimi ile uyumlu bulunmuştur (O=ortadoğu grubu) (Kandemir ve ark. 2006, Palmer ve ark. 2000).

A. m. syriaca'nın Akdeniz'in doğu sahillerini içeren bazı kesimlerde, kuzey Negev çöllerinde, İsrail'in bazı kesimlerinde, Ürdün, Suriye ve Lübnan'da doğal olarak bulunduğu bilinmektedir (Ruttner 1988a). Lübnan'dan alınan Apis mellifera örneklerinin COI-COII gen bölgesinin nükleotit dizisi diğer mtDNA haplotip grupları (Doğu Avrupa, Batı Avrupa, Afrika) ile karşılaştırıldığında A. m. syriaca'nın nükleotit dizilimi bakımından diğer üç gruptan (C, M, A) da farklı olduğu, bu nedenle Apis mellifera syriaca alt türünün 4. bir mtDNA haplotip grubu (O)'nu temsil ettiği bildirilmiştir (Frank ve ark. 2000).

Türkiye'deki arı ırklarını tanımlamak için yapılan bazı araştırma sonuçları

Son yıllarda PZR-KPUP ve DNA-sekans gibi moleküler teknikler ile Türkiye'deki Apis mellifera ırklarına ilişkin yapılan çalışmaların ortak sonucu aşağıda özetlenmiştir (Çizelge 1).

Çizelgede enzimlere ilişkin kesim bölgelerinin olup olmadığı +: var, -: yok şeklinde ifade edilmiştir

Doğu Avrupa grubu (Doğu Akdeniz)'nda yer alan Apis mellifera ırkları (A. m. caucasica, A. m. ligustica ve A. m. carnica)'nin mtDNA genomunda cytb/BglIII, COI/XbaI, IrRNA/EcoRI kesim bölgeleri bulunmaktadır. Taksonomik sınıflandırmaya göre Türk bal arıları da aynı grup (Doğu Akdeniz mtDNA haplotip grubu)'da yer almaktadır ve aynı kesim bölgelerini taşımaktadır.

Türkiye genelinde incelenen bal arıları (Apis mellifera)'nın

mtDNA genomunun COI gen bölgesi tek bir XbaI kesim bölgesi içermektedir. Buna karşılık Trakya'dan alınan örneklerin aynı gen bölgesinde ikinci bir XbaI kesim bölgesi taşıdıkları görülmüştür (Smith ve ark. 1997, Palmer ve ark. 2000). Daha önce yapılan çalışmalarda ikinci bir XbaI kesim bölgesine Avusturya ve Balkanlar'da A. m. carnica alt türünü temsil eden örneklerde rastlanmıştır (Smith ve Brown 1990, Meixner ve ark. 1993). İkinci XbaI kesim bölgesi taşıyan ve taşımayan işçi arı örneklerinin ileri derece de analizi için bu gen bölgesinin nükleotit dizilimi incelenmiştir. COI/XbaI bakımından farklılık gösteren bu iki grup arasında yalnızca tek bir nokta mutasyon farklılığı bulunmuştur İkinci XbaI kesim bölgesini taşıyan arılarda TCTAGA şeklinde olan nükleotit diziliminin, taşımayanlarda TTTAGA şeklinde olduğu görülmüştür. Hatay'dan alınan örneklerde COI/XbaI kesim bölgesine rastlanmamıştır. Aynı zamanda bu kesim bölgesinin Afrika arılarında da bulunmadığı bilinmektedir (Smith ve ark. 1997).

IrRNA/EcoRI kesimi bölgesinin tüm Dünyada yapılan çalışmalar sonucu yalnız Doğu Avrupa arılarında (A. m. anatoliaca, A. m. caucasica ve A. m. carnica) bulunduğu, COI/HinII kesim bölgesinin de yalnızca Batı Avrupa arılarında olduğu bildirilmiştir. Türkiye'yi temsil eden Apis mellifera örneklerinde IrRNA/EcoRI kesimi görülürken COI/HinII kesim bölgesine rastlanmamıştır. (Smith ve ark. 1997, Palmer ve ark. 2000, ÖzdiI ve ark. 2006).

Türkiye'den alınan örneklerinin tüm mtDNA genomunun EcoRI restriksiyon enzimi ile kesiminde 3 farklı kesim örüntüsü oluşmuştur. Hatay'dan alınan örneklerde Afrika mtDNA haplotipi görülürken Türkiye'nin genelinde A. m. ligustica/carnica haplotipi görülmüştür. Balıkesir'den alınan örnekler ise çok farklı bir kesim örüntüsü oluşturmuştur (Kandemir ve ark. 2006a).

Türkiye'yi temsil eden örneklerin COI gen bölgesinin HinI kesimi sonucu Hatay örneklerinin tümü Afrika mtDNA haplotipi sergilemiştir. COI gen bölgesinin TagI restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda ise A.m.ligustica/carnica ve Afrika gruplarını temsil eden iki farklı kesim örüntüsü oluşmuştur. Hatay örneklerinin Afrika mtDNA haplotipiyle uyumlu olduğu geri kalan tüm örneklerin ise A.m.ligustica/carnica haplotipi ile uyumlu olduğu ortaya çıkmıştır (Kandemir ve ark. 2006a).

COI-COII/DraI kesimi, tüm Doğu Avrupa bal arılarında dolayısıyla Türk bal arılarında farklı sayıda kesim örüntüsü oluşturmuştur (Frank ve ark. 1998, Pinto ve ark. 2003, Kandemir ve ark. 2006a, ÖzdiI ve ark. 2006). Kandemir ve ark. (2006a)'nın çalışmaları sonucunda bu bölgenin DraI ile kesiminde Türk bal arılarının 7 farklı kesim örüntüsü oluşturduğu görülmüştür. Bunlardan 4'ü C (Doğu) grubu Apis mellifera alt türlerinde görülen ve Türkiye'de yaygın olan mtDNA haplotipi iken diğer 3'ü yalnızca Hatay'dan alınan örneklerde görülmüştür.



*Apis mellifera* ırklarını mtDNA varyasyonu bakımından araştırmak için sıklıkla tercih edilen protein kodlamayan gen bölgesi (COI-COII) nin dizi analizi Türkiye'nin *Apis mellifera* popülasyonu içinde yapılmıştır. Batı Avrupa arılarında (*A. m. mellifera*, *A. m. iberica*) ve Afrika arılarında (Afrika arılarında P bölgesi PO olarak ifade edilmektedir ve diğer ırkların aynı gen bölgesine göre daha uzundur) P bölgesi ve bunu takip eden Q üniteleri bulunurken, Anadolu arılarının yer aldığı Doğu Avrupa (*A. m. ligustica*, *A. m. caucasica*, *A. m. carnica*, *A. m. anatoliaca*) grubunda yalnızca Q ünitelerinin bulunduğu ve P ünitesinin olmadığı tespit edilmiştir (Palmer ve ark. 2000).

COI-COII gen bölgesi *A. m. ligustica*'da ATTTCCC baz dizi ile başlamaktadır. *A. m. caucasica*'da ise ATTTCCC ile başlamaktadır. Türkiye'den alınan örnekler bu gen bölgesinin nükleotit dizilimi bakımından *A. m. caucasica*'nın nükleotit dizilimi ile uyumlu bulunmuştur (Palmer ve ark. 2000). Kandemir ve ark. (2006a) ise Hatay hariç Anadolu'nun geri kalan tüm kesimlerinin *A. m. ligustica/carnica* kesim örneği oluşturduğunu ifade etmiştir. Kandemir ve ark. (2006a), Hatay'dan aldıkları örneklerin mtDNA genomunun COI-COII gen bölgesinden 639-641 bp uzunluğunda ve Türkiye'nin geri kalan tüm bölgelerinden alınan örneklerin COI-COII gen bölgesinden ise 570-572 bp uzunluğunda PZR ürünü elde etmişlerdir. Daha önce belirtildiği gibi Türk bal arılarının yer aldığı Doğu Avrupa grubu *Apis mellifera* ırklarının COI-COII gen bölgesinde yalnızca Q bölgesi görülmektedir. Bu nedenle daha kısa bir PZR ürün meydana gelmektedir

Yukarıdaki araştırma sonuçları dikkatli olarak incelendi-

ğinde moleküler tekniklere dayanılarak belirlenen genetik varyasyonun morfometrik analiz sonuçlarına göre belirlenen varyasyondan bazı farklılıklar gösterdiği gözle çarpır. Ruttner'in morfometrik özelliklere dayanarak yaptığı sınıflamada Anadolu arısı *A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. armeniaca* ve *A. m. adami* ile birlikte Orta Doğu (O) grubunda yer almıştı (Ruttner 1992). Oysa mtDNA varyasyonuna ilişkin araştırma sonuçlarına göre *A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. carnica* ve *A. m. ligustica* ile birlikte Doğu Avrupa (C) grubunda yer almaktadır (Garnery ve ark. 1993, Smith ve ark. 1997, Palmer ve ark. 2000, Kandemir ve ark. 2006a).

Diğer bir farklılık da morfometrik verilere dayanılarak Anadolu arısından farksız olduğu belirtilen Trakya arılarının, Anadolu arısı (*A. m. anatoliaca*)'dan farklı bir mtDNA haplotipi sergilemesidir. Trakya arıları Avusturya ve Slovenya *A. m. carnica* örneklerinde olduğu gibi (Smith ve Brown 1990, Meixner ve ark. 1993) mtDNA'nın COI-COII gen bölgesinde iki XbaI kesim sitesi içermesi nedeniyle Türkiye'nin diğer bölgelerindeki arılardan ayrı bir grup oluşturmuştur (Palmer ve ark. 2000, Kandemir ve ark. 2006a). Ayrıca Trakya arıları morfometrik ve alloenzim karakterleri bakımından da Avusturya'dan alınan örnekler ile birlikte aynı grupta yer almıştır (Kandemir ve ark. 2005).

Morfometrik verilere göre *A. m. syriaca* Türkiye'de bulunan diğer ırklardan *A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica* ve *A. m. meda* ile birlikte Orta Doğu grubunda yer almaktadır. Ancak moleküler tekniklere dayanılarak yapılan araştırmalar sonucu *A. m. syriaca* ırkının farklı bir mtDNA haplotipi sergilediği görülmüştür (Franck ve ark. 2000).

#### Kaynaklar

- Alpatov WW (1948). The races of honeybees and their use in agriculture. (In Russian) Sredi prirodi 4, 1-65.
- Adam B. (1954). Bee breeding. *Bee World* 35: 4-13, 21-29, 44-49.
- Awetjan GA 1978. Apiculture. Apimondia Publishing house, Bucharest. In: Awetjan GA, Gubin WA, Davydenko IK (1969). Selection of Carpathian bees. *Proc. Int. Beekeep. Cong.* 22:366-371.
- Adam B. (1983). In search of the best strains of bees. Dadant Sons, Hamilton Illinois.
- Bodenheimer FS (1941). Studies on the honeybee and beekeeping in Turkey. Merkez Ziraat Mücadele Enstitüsü, Ankara.
- Bilash GD, Makarov H, Sedich AW (1976). Geographic classification of honeybee races in the USSR. *Apimondia Symp. Genetics Selection Reproduction*, Pp:140-150.
- Buttel-Reepen H. (1906). *Apistica. Beiträge zur Systematik, Biologie, sowie zur geschichtlichen und Geographischen Verbreitung der Honigbiene (Apis mellifera L.) ihrer Varietäten und der übrigen Apis-Arten.* Veroff Zoöl Mus Berlin 118:1-120.
- Darendelolu Y, Kence A (1992). Morphometric study on population structure on honeybee, *Apis mellifera L.* (Hymenoptera: Apidae). Türkiye 2. Entomoloji Kongresi Bildirileri: 387-396.
- Franck P, Garnery L, Solignac M, Cornuet JM (1998). The origin of west European subspecies of honeybees (*Apis mellifera*): New insight from microsatellite and mitochondrial data. *Evolution*, 52:1119-1134.
- Franck P, Garnery L, Solignac M, Cornuet JM (2002). Molecular confirmation of a fourth lineage in honeybees from the Near East. *Apidologie*, 31:167-180.
- Garnery L, Solignac M, Celebrano G, Cornuet JM (1993). A simple test using restricted PCR-amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera L.* *Experientia*, 36, 649-650.
- Güler A, Kaftanoğlu O (1999a). Türkiye'deki önemli bal arısı ırk ve ekotiplerinin morfolojik özellikleri-I. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 23:Supply. 3:565-575.
- Güler A, Kaftanoğlu O (1999b). Türkiye'deki önemli bal arısı ırk ve ekotiplerinin morfolojik özellikleri-II. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 23:Supply. 3:571-575.
- Güler A, Kaftanoğlu O (1999c). Türkiye'deki önemli bal arısı (*Apis mellifera L.*) ırk ve ekotiplerinin morfolojik karakterler açısından ligistlerin diskriminant analiz yöntemiyle saptanması. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 23:565-575.
- Güler A, Kaftanoğlu O, Bek Y, Yeninar H (1999). Türkiye'deki önemli bal arısı (*Apis mellifera L.*) ırk ve ekotiplerinin göçer analiz koşullarında performanslarının karşılaştırılması. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 23 Ek sayı 3:565-575.
- Güler A (1999). Türkiye'nin bazı bal arısı (*Apis mellifera L.*) genotiplerinde verimi etkileyen morfolojik ve fizyolojik karakterler üzerinde araştırmalar. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 23 Ek sayı 3:593-599.
- Güler A (2001). Arvin Borçka Camili (Makahel) yöresi bal arısı (*Apis mellifera L.*)'nın morfolojik özellikleri. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 25:473-481.
- Güler A, Akyol E, Göktepe M, Kaftanoğlu O (2002). Arvin ve Ardahan yöresi bal arıları (*Apis mellifera L.*)'nın bazı morfolojik özellikleri yönünden ilişkilerinin belirlenmesi. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 26:595-603.
- Kandemir I, Kandemir G, Kence M, İndi A, Kence A (1995). Morphometrical and electrophoretic discrimination of honeybees from different regions of Turkey. XXXIV. International Apicultural congress in Apimondia, 14-19 August Lusanne, Switzerland.
- Kandemir I, Kence A. (1995). Allozyme variability in a central Anatolian honeybee (*Apis mellifera L.*) population. *Apidologie* 26: 503-510.
- 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. *Türk. J. Vet. Anim. Sci.* 29: 885-890.
- Kandemir I, Kence M, Sheppard WS, Kence A (2006a). Mitochondrial DNA variation in honey bee (*Apis mellifera L.*) populations from Turkey. *Journal of Apic-*

cultural Research and Bee World 45(1): 33-38.

- Kandemir I, Pinto MA, Meixner MD, Sheppard WS (2006b). Hin-I digestion of cytochrome oxidase I region is not a diagnostic test for *A. m.* Lamarckii. *Genetics and Molecular Biology* 29, 4: 747-749.
- Kandemir I, Meixner MD, Ökkan A, Sheppard WS. (2006c). Genetic characterization of honey bee (*Apis mellifera cypria*) populations in northern cyprus. *Kence M, Gildüren Z, Kence A (2006). Seasonal variation of Pphosphoglucosutase (PGM) enzyme polymorphism in honeybees (Apis mellifera L.) of Turkey. Second European Conference of Apidology, Prague, Czech Republic 10-14 September.*
- Kekeçulu M, Gürkan EK, Soysal Mİ (2007). Türkiye'de arıcılık ve bal üretimi etkileyen bazı faktörler üzerine bir araştırma. *Journal of Tekirdağ Agricultural Faculty*, 4(2):227-236.
- Kekeçulu M., Boştuğ M., Harizan P., Soysal M.I., 2009. Genetic Divergence and Phylogenetic Relationships of Honey Bee Populations from Turkey using PCR-RFLP's Analysis of two mtDNA Segments. *Bulgarian Journal of Agricultural science* 15 (6) Page 589-597.
- Kekeçulu M., Soysal M.I., 2010. Genetic Diversity of Bee Ecotypes in Turkey and evidence for geographical differences. *Romanian Biotechnological letter* 15 (5) 2010. Page 5646-5653.
- Maa TC (1953). An inquiry into the systematics of the Tribus Apidini or honeybees (Hymenoptera). *Treubia* 21:525-640.
- Meixner M, Sheppard WS, Poklukar J. (1993). Asymmetrical distribution of a mitochondrial DNA polymorphism between two introgressing honey bee races. *Apidologie* 24: 147-153.
- Meixner MD, Sheppard WS, Dietz A, Krell R (1994). Allozyme variability honeybees from Kenya. *Apidologie*, 25: 188-202.
- Moradi M, Kandemir I (2004). Morphometric and Allozyme Variability in Persian Bee Population from the Alburz Mountains, Iran. *Iranian Int. J. Sci.* 5(2), 2004, p.151-166.
- Nunamaker RA, Wilson WT (1981) Comparison of MDH allozyme patterns in the African honey bee (*Apis m. adansonii L.*) and electrophoretic detection of Africanized honey bees (*A. m. scutellata*) in Guatemala and Mexico based on malate dehydrogenase allozyme patterns. *J. Kans Entomol. Soc.* 57: 622-631.
- Özülfi F, Yıldız MA, Meydan H, Gençer HY (2006). Genetic structure of Turkish Honeybee Populations Based on RAPD and mtDNA RFLP markers. *Second European Conference of Apidology, Prague/Czech Republic, 10-14 September.*
- Palmer NM, Smith DR, Kaftanoğlu O (2000). Turkish Honeybees: Genetic variation and evidence for a fourth lineage of *Apis mellifera* mtDNA. *The Journal of Heredity*, 91(1).
- Pinto MA, Johnston JS, Rubink WL, Coulson RN, Patton JC, Sheppard WS (2003). Identification of Africanized honey bee (*Hymenoptera: Apidae*) mitochondrial DNA: Validation of a Rapid Polymerase Chain Reaction-Based Assay. *Entomological Society of America*, 96(5): 679-684.
- Ruttner F. (1988a). *Geography and taxonomy of honeybees* Springer Verlag, Berlin.
- Ruttner F. (1988b). *Breeding Technique and selection for Breeding of Honey bee*. G.bread and Sons. Led. Brighton U.K.
- Sheppard WS, Huettel MD 1988. Biochemical genetic markers, intraspecific variation and population genetics of honey bee, *Apis mellifera*, pp. 281-286.
- Sheppard WS, Berlocher SH (1989). Allozyme variation and differentiation among four *Apis* species. *Apidologie* 20, 419-431.
- Sheppard WS, Smith DR (2000). Identification of African-Derived Bees in The Americas: A Survey of Methods. *Ann. Entomol. Soc. Am* 93(2): 159-176.
- Smith DR, Brown WM. (1990). Restriction endonuclease cleavage site and length polymorphism in mitochondrial DNA of *Apis mellifera* and *Apis mellifera carnica* (Hymenoptera: Apidae). *Ann of Entomological Society of America*, 83: 81-88.
- Smith DR. (1991). Mitochondrial DNA and honey bee biogeography. In: Smith, DR. (ed) Diversity in the genus *Apis* Boulder, CO Westview, pp. 131-176.
- Smith DR, Slaymaker A, Palmer M, Kaftanoğlu O. (1997). Turkish honey bees belong to the east Mediterranean mitochondrial lineage. *Apidologie*, 28, 269-274.