



# Arı Genotiplerinin Değerlendirilmesinde Moleküler Genetik Tekniklerin Kullanımı



## Özet

Dünyada olduğu gibi ülkemizde de arıcılık önemli ekonomik kaynaklardan birisidir. Bugüne kadar bildirilen 27 adet bal arısı türü bu amaçla kullanılmaktadır. Türkiye’de bölgelere göre Kuzeydoğu Anadolu’da Kafkas arısı, Güneydoğu Anadolu’da İran arısı, Orta Anadolu’da Anadolu arısı, Ege Kıyıları’nda Muğla arısı, Hatay yöresinde Suriye arısı, Gökçeada yöresinde Gökçeada arısı, Düzce yöresinde Yığılca arısı ve Trakya bölgesinde Karniyol arısının varlığından bahsedilmektedir. Genetik kaynak olarak ifade edeceğimiz bu arı ırk ve/veya genotiplerinde bugüne kadar üzerinde çok değerli bilgiler içeren morfoloji, verim, genetik farklılık gibi çeşitli araştırmalar yapılmıştır. Ancak sonuçlarının bölgesel, belirli klonilere ait olduğu ve genel olarak Ülkemiz popülasyonunun hepsini tanımladığı ve/veya ifade ettiği söylenemez. Bununla beraber, arıcılıkla ilgili birçok problemin çözümü bu genetik kaynakların bilinçli bir şekilde kullanılmasıyla alakalıdır. Son zamanlarda biyoteknolojik çalışmalarla ortaya çıkan yeni gelişmeler diğer canlı türlerinde yapılan çalışmalara paralel olarak arıcılıkta da çok önemli gelişmelere neden olmuştur. Arı ıslahında hastalıklara dayanıklılık, verim gibi özelliklerle ifade edilen genetik kaynaklar; çeşitli genleri taşıdığı ve bunlardan istifade yoluyla da arı hastalık ve zararlıları gibi arıcılığın büyük problemlerine yeni çıkış yolları ortaya konması yönünden önemli görülmektedir. Ülkemizde şimdiye kadar, Türkiye genel arı profilini ayrıntılı olarak ortaya koyan

bir çalışma bulunmamaktadır. Moleküler teknikler bu çalışmaları yönlendirebilecek en önemli araçlardan birisidir. Gen kaynaklarının değerlendirilmesi açısından birçok moleküler teknik bu amaçla kullanılmaktadır. En yaygın kullanılan moleküler teknikler; mikrosatelit, RFLP; mtDNA çalışmaları, AFLP ve SNP dizilemedir. Ülkemizde yer alan arı genomunun tam DNA dizilim haritasının yapılarak gerekli biyoinformatik bilgilerin elde edilmesi gerekmektedir.

## Abstract

*The honeybee production is to come into question as one of the most important economical sources in our country as being in the world. Up to date, twentyseven honeybee breeds are used for this purposes in the world. In Turkey, it is known that honeybee breeds are spreaded according to regions; Apis mellifera anatolica at the sea side of Trakya, Eagen, Anatolia ve Mediterranean; A. m. caucasica at the sea side of Northeast of Anatolia and east blacksea; A.m. meda (iranian honeybee) at eastsouth of Anatolia region. In addition, it is talked about the exist of honeybee breeds of east Eagen islands, Muğla and Thrace and Syria (A.m. syriaca). On these honeybee breeds as enunciative of genetic resources, a lot of various were done studies as consisting of high value of information on the yield, genetic distances etc. The results of these studies are not said all Turkey honeybee populations are identical because of the regional different honeybee clones.*

Ahmet OKUMUŞ<sup>1</sup>  
Feyzullah KONAK<sup>2</sup>  
Ümit KAYABOYNU<sup>2</sup>  
Fatih BİLGİ<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü,  
Ondokuz Mayıs Üniversitesi,  
Ziraat Fakültesi, Samsun

<sup>2</sup>Arıcılık Araştırma  
İstasyonu Müdürlüğü, Ordu

*However, the solution of the problems occurring at the honeybee production is related to insufficient usage of the genetic resources. Recently, biotechnological advances as parallel into morphological studies done on the other organisms are hoped to show valuable developments at the honeybee breeding for higher yield. At the honeybee breeding, the importance of honeybee genetic resources is thought to come from the genes related to resistance to diseases, yield etc. Using these genes can be possible to solve the problems of honeybee production such as breeding resistance breeds against American foulbrood and varroa problems. In our country, there is no any comprehensive study exhibiting the genome profile of honeybee genotypes, yet. From the angle of utilization of genetic resources, molecular techniques are used to get more genetic information about genomes. The widest used molecular techniques are microsatellite, RFLP, mtDNA studies and SNP sequences. We need more bioinformatics on Turkish honeybee breeds making genome DNA sequence mapping.*

## Giriş

Balarısı 90 dan fazla bitkinin polinasyonu ve bal üretimi için önemli bir tarımsal böcektir (Al-Otaibi, 2008). Özellikle *Apis mellifera* Kuzey Avrupa'dan Afrika'ya, İngiliz Adalarından, Ural dağlarına, Batı İrlandan Arab yarımadasına kadar geniş bir coğrafik alana yayılmıştır (Ruttner, 1988). Dünya bal üretimi yıllık yaklaşık 1,4 milyon ton ile önemli bir gelir ve besin kaynağıdır (FAOSTAT, 2009). Türkiye, 6 milyon koloni varlığı, 95 bin ton bal üretimi ve 37 milyon \$ değerindeki bal dış satımı ile Dünya da en önemli ülkeler arasında yer almaktadır (TÜİK, 2011; FAOSTAT, 2007; Güler ve Demir, 2005; Güler, 2006). Arıcılık, Türkiye'nin geleneksel yapılan tarımsal üretim etkinliklerinden birisi olduğu gibi Türk toplumunun tarım kültüründe önemli yer tutan bir faaliyettir. Türkiye'de 154 bin tarım işletmesinde arı kolonisi bulunmakta ve yaklaşık 50 bin işletmede ise öncelikli geçim kaynağı bu sektöre dayalı olduğu belirtilmektedir (Güler ve Bacaksız, 2002; Akaya ve Alkan, 2007). *Apis mellifera*'nın yaklaşık 27 alttürünün morfolojik olarak tanımlandığı değişik araştırmacılar tarafından ifade edilmiştir (Ruttner, 1988; Ruttner, 1992; Sheppard et al., 1997; Sheppard ve Meixner, 2003; Al-Otaibi, 2008). Morfolojik özellikler temelinde yapılan taksonomik çalışmalarda bal arısı Doğu, Afrika ve Batı sınıfı olmak üzere 3 sınıfta ırk tanımı yapılmıştır (Ruttner, 1988). Ülkemizin içinde olduğu ekonomik değeri yüksek olan ve kültürü yaygın olarak yapılan bal arısı ırkları Batı orijinli olup bu grupta İtalyan (*A. m. ligustica*), Kafkas (*A. m. caucasica*), Esmer (*A. m. mellifera*), Karniyol (*A. m. carnica*),

Anadolu (*A. m. anatoliaca*), Kıbrıs (*A. m. cypria*) ve Suriye (*A. m. syriaca*) arıları yer almaktadır. Bal arısı popülasyonlarının birbirlerinden olan farklılıklarının belirlenmesinde morfolojik analizler çok önemli bir rol oynamakla beraber, morfolojik özelliklerin kantitatif nitelikte olmaları ve poligenik kalıtım göstermeleri popülasyon genetiği çalışmalarında kullanımını sınırlandırmaktadır. Bodenheimer (1941) bal arılarını morfolojik yapılarına göre 7 farklı ekotipte bölgelere ayırmış, ülkemizde bal arısı ilk defa tanımlanmıştır. Ruttner (1988) ise Ülkemizde *Apis mellifera*'nın 4 türü olduğunu belirtmiştir.

Ülkemizde performansı net olarak tespit edilen ıslah edilmiş bir arı genotipi, genetik kaynaklarımızı ne şekilde kullanacağımız bilinmediğinden geliştirilememiştir. Ayrıca arı üreticileri verimli ve genotipik tanısı tam yapılmış bir arı genotipine ihtiyaç duymakta bununla beraber mevcut kaynaklarımızın bölgelere dağılımı konusunda geniş olarak planlanmış, fikir üretecek bir çalışmaya rastlanmamıştır. Mevcut çalışmalarda gen kaynaklarımızın bölgesel dağılımından ve zenginliğinden söz edilmiş ancak bu çalışmalar oldukça eski ve bilgi-sınırlı olan çalışmalardır. Bu sebeple Ülkemizde arı ıslahı için alt yapısını oluşturacak materyalin varlığı ve taşıdığı genlerin belirlenmesi hususunda bilgi noksanlığı yaşanmaktadır. Şu ana kadar, ana arı üreticileri sadece fenotipik olarak "ekotipe benzer" şeklinde arı genotipleri tanımlanmış olup bunlarda da performans testleri ileri düzeyde ve standart halde sağlanamamaktadır. Bal arılarında kontrol edilemeyen çiftleşme davranışı, ticari ana arı satışları ve yoğun göçer arıcılık nedeniyle genetik karışıklıkların ortaya çıktığı düşünülmektedir. Yapılan çalışmalarda, bunların kontrolünün zor olduğu görülmekte ve bu durum ıslah işlemini zorlaştırmaktadır. Bu genetik karışımların boyutları ve bölgesel olarak elde bulunan, ırk olarak ifade edilen genotiplerin genetik potansiyel ve genetik karışma durumları bilinmemektedir. Yapılan çalışmalarda bölgesel nitelikte kalmakta ve sorunlara çözüm üretmekte yetersiz kalmaktadır. Elimizde mevcut olan genetik kaynakların durumu bilinmeden ıslah işlemine girişmek kontrolsüz bir üretime doğru seyir ortaya koymaktadır. Bölgesel genetik kaynakların korunarak bölgelere uygun arı genotiplerinin ortaya konulması ancak elimizdeki kaynakların durumunun bilinmesiyle netlik kazanacaktır.

## Moleküler Genetik Çalışmalar

Morfolojik yapılarındaki farklılıklara göre sınıflandırılan arılar üzerindeki çalışmalar, son yıllarda çeşitli moleküler metodlarla doğrulanmaya

çalışılmıştır. DNA temelli tekniklerden mtDNA ve DNA markör teknikleri, bu alanda en etkili metot olarak kullanılmakta, mtDNA temeline dayalı çalışmalarda RFLP tekniği, bal arılarında gruplaşma sağlanmasına rağmen çalışılan lokusların az olması çalışmaları sınırlandırılmıştır (Franck et al., 1999; 2000a). DNA markör temeline dayalı teknolojilerde ilk kullanılan teknik RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) olup 300 den fazla lokus kromozomlarda tanımlanarak haritalanmıştır (Hunt and Page, 1994; 1995). Ancak, dominant kalıtım göstermeleri ve tekrarlanabilirliğinde sıkıntılar olması sebebiyle kullanımı sınırlı kalmıştır.

Son yıllarda DNA markör temelli çalışmalarda mikrosatelit (SSR) tekniği çok yaygın kullanım alanı bulmuştur. Tekrarlanabilir bölgelerde allel değişimini kodominant ilişki olarak ortaya koyan markörler, genom boyunda farklı kromozomlara ait tanımlamaları bitki, hayvan ve böceklerde geniş kullanım alanı bulmuştur (Gentles and Karlin, 2001; Kati, 2001). Mikrosatellitleri elde etmek üzere 5 klonlama işlemi gerçekleştirilmiş, bunların 4 ü Estoup et al., (1993) tarafından tanımlanmıştır. Bu metotlarda Apis mellifera'nın alt türlerini DNA sı ve BAC kütüphanelerinde klonlama yöntemi ile plasmidlerde çoğaltılması, sekanslama veya prob sekanslarla karşılaştırılması işlemiyle üretilmişlerdir. Bununla ilgili detaylı bilgi <http://www.inapg.inra.fr/dsa/microsat/microsat.htm> adresinde verilmiştir. Bu şekilde Apis mellifera'ya ait 552 markör geliştirilmiş ve bunun tam listesi Molecular Ecological Notes Veri tabanında yayınlanmıştır. Bu listenin oluşturulmasında çeşitli mikrosatelit markörler yayınlarda kullanılmıştır (Rowe et al., 1997; Haberl and Tautz 1999; Evans, 2000; Green et al., 2001). Solignac et al., (2003) tarafından 552 mikrosatelit popülasyonlarda test edilmiş ve Afrika, batı Avrupa ile İtalyan arılarının karşılaştırılmasında yüksek oranda varyasyona rastlanılmıştır. Gen çeşitliliği frekansları sırasıyla Afrika için 0,76 ; Avrupa için 0,46 ve İtalya için 0,33 olmuştur. Çalışmada farklı popülasyonlarda varyasyon gösteren farklı lokuslar tespit edilmiştir. Bu çalışmada Batı Avrupa ve İtalyan arıları birbirine yakın akraba olduğu düşünüldüğünden gen çeşitliliği de Afrika ırkına göre düşük olmuştur. Kromozom üzerindeki lokusların çalışılmasında lokus sayısı ve lokusdaki allel sayısının her ikisinde ayırımında oldukça etkili olduğu bu çalışmalarda ortaya çıkmıştır. Bu çalışma sonuçları, ülkemiz arı genotipleri ile karşılaştıran bir çalışmaya rastlanmamıştır.

SNP tekniği ise çeşitli türlerin orijinini bulmak için kullanılan biyoteknolojik tekniklerden birisidir. Ancak arı genotiplerinde AT bölgelerinin zengin olduğundan (%71) sekanslama sırasında metilasyondan kaynaklanan hatalar ortaya koymaktadır (Ashburner

and Kyriacou, 2006). Yaklaşık olarak 1 milyonun üzerinde SNP marköre sahip arı genotipinde özellikle yakın akraba olan ıslah popülasyonlarının tanımlanmasında daha çok kullanılmaktadır (Whitfield et al., 2006; Zayed and Whitfield, 2008; De La Rua et al., 2009). Ancak, SSR markörler varyasyon gösteren popülasyon çalışmalarında SNP'e tercih edilmektedir (Schlötterer and Hitchhinking, 2003, Schlötterer, 2004). SNP markörlerinin genom boyunca en fazla mutasyon gösteren bölgelerinin belirlenmesi arı genotiplerinin daha hassas çalışılması için gerekmektedir. DNA dizilimi karşılaştırılmasına göre değerlendirilen SNP markörler, genomda fonksiyonel bölgelerin belirlenmesiyle yapılacak ıslah çalışmalarında önemli seçici markörler olarak görülmektedir.

### Arı Gen Kaynakları

Ülkemiz çeşitli bitki, hayvan gen kaynaklarının merkezi olduğu gibi arı genotipleri bakımından da yukarıdaki bilgiler ışığında gen merkezi durumundadır. Bunun sonucu olarak farklı olduğu düşünülen bal arısı ırkları ülkemizde yer almıştır (Ruttner, 1988). Çeşitli araştırmacılar tarafından Karniyol ve Suriye arısı gibi genotiplerin ülkemizde varlığı tartışılmaktadır (Kandemir et al., 2005; 2006a; 2006b; Palmer et al., 2000; Kence, 2006; Güler et al., 1999). Ülkemizdeki bal arısı gen kaynaklarının sınırlarının belirlenmesi ve bunları exsitu veya insitu olarak yetiştirilmesi gen kaynaklarının korunması açısından önemlidir. Bununla ilişkin en önemli belge Kafkas Arı Irkının tescillenmesi olmuştur. Bununla ilgili tescil standartı geliştirilmiş olup 2004/39 nolu Yerli Hayvan Irk ve Hatlarının Tescili Hakkında tebliğde yer almıştır ([www.basbakanlik.gov.tr/eskiler/2004/12/20041212.htm](http://www.basbakanlik.gov.tr/eskiler/2004/12/20041212.htm)). Ülkemizdeki diğer arı ırklarının varlığı üzerinde çeşitli araştırmalar yapılarak yeni haplotipler tespit edilmiştir (Yıldız et al., 2005; Özdil et al., 2006; Kandemir et al., 2006a; Ivanova et al., 2004; Ivgin et al., 2004). Ülkemizde çeşitli bölgelere yönelik olarak bal arısı popülasyonlarının mikrosatelitler bakımından tanımlanması yönünde çeşitli araştırmalar yapılmıştır (Estoup et al., 1995; Kence ve ark., 2003; Bodur et al., 2004 ve 2007). Bu araştırmalar, iki yönden önemli görülmektedir; birincisi ülkemizin bal arısı gen kaynağı bakımından zengin olduğunu, ikincisi ayırımında kullanılan mikrosatelit markörlerin araştırma yapılan bölgelerde ayırım yapmadaki başarısıdır. Bu başarı allel sayısının fazlalığı ve dolayısıyla genetik çeşitliliğin fazla olduğunun bir göstergesi olarak değerlendirilmektedir. Yapılan bütün bu araştırmalar ışığında ülkesel bal arısı genotip haritasının çeşitliliğin görsel ortaya konması bakımından önemli bir adım olarak görülmektedir.

## Arı Islahı ve Tescil

Ülkemizin en önemli sorunlarından birisi de arı ıslahıyla ilgili gelişmelerin sınırlı kalmasıdır. Arı ıslahı çalışmaları, ana arıların çiftleşmelerinin kontrol edilememesi, suni tohumlamanın güç olması gibi nedenlerle zor olmaktadır. Ülkemizde yerli ve yöresel tescil edilen arı ırkının varlığı ıslah edilmiş anlamını taşımamaktadır. Arı genotiplerine ait Tescil işlemi, Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı tarafından 28150 sayı ve 22 aralık 2011 tarihli resmi gazetede yayınlanan Evcil Hayvan Genetik Kaynaklarının Tesciline ilişkin yönetmeliğe göre uygulanmaktadır. Bu yönetmeliğe göre yöresel ve yerli evcil hayvanların Tescil sahibi Bakanlıktır. Ancak, yönetmeliğin ilgili maddesine göre gerçek ve tüzel kişilerin tescil alması için çeşitli ıslah uygulamaları ile oluşturulan saf ve melez tipler, hat, ekotip ve hibritler hakkında bilimsel belge, makale ve genotipi geliştiren tarafından onaylanarak ve gerekli formları doldurarak Genel Müdürlüğe başvurması gerekmektedir (<http://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2011/12/20111222-7.htm>). Bu başvuruyu takiben Hayvan Genetik Kaynaklar Komitesi tarafından Tescil süresince aday arı genotipi ve pedigrili yetiştiricilik uygulamaları, beyanlar ve genotipin devamlılık hususları Komite tarafından yetkilendirilen uzman kişilerce denetlenir. Tescil işlemi sonrasında fenotipik ve genotipik niteliklerini devam ettirmek, bu özellikleri yönünden bir örnek olmak ve bu özelliklerini döllerine geçirebildiği bilimsel olarak tespit edilerek ıslah ürününe ait işlem gerçekleştirilmiş olmaktadır.

Tescil, ıslah işlemlerine geçmeden evvel arı ile morfolojik kriterlerin belirlenmesi ve standart olarak bölgede yetiştirilen standart arı genotiplerinden morfolojik olarak en az bir karakter yönünden farklı ve üstün olması veya DNA testi ile bu farklılığın belirtilmesi gereklidir. Geliştirilen arı genotip hattı bu özelliklerini sonraki generasyonlarda devam ettirmeli ve yeknesak bir fenotip sergilemelidir. Bu işlemlerin belirlenmesi için uzman kişiler tarafından arının bir sezon içerisinde test edilmesi gereklidir. ıslah eden kişinin ıslah ettiği arı genotipini korumakla yükümlü olması ve elinde tutmakla sorumlu olması gereklidir. ıslah çalışmalarında ise ilk yapılacak işlem, ülkemizde yerli kaynakların potansiyelini görmekten geçmektedir. Ülkemiz arısının bölgelere göre sınıflandırılması ve performanslarını belirlemeden yapılan uygulamalar ıslah işlemini başarısızlığa sürükleyecektir. Bu nedenle elimizdeki arı gen kaynaklarını bölgesel olarak test ederek gerekli bilgileri toplamamız gereklidir. Bu işlemleri yaparken arı genotiplerinin belirlenmesi, taşıdıkları gen bilgilerine de sahip olmak için moleküler

çalışmalardan faydalanılmalıdır. ıslah edilen materyallerin ana – baba ebeveynlerini koruyarak yapılan ana arı üretiminin kontrolü yine moleküler tekniklerle sağlanmalıdır. Arı ıslahında ülkemizde en önemli kriterler; yüksek verim ve hastalık ile zararlılara dayanıklılıktır. Bunu başarmak için geniş adaptasyon kabiliyetine sahip arı genotiplerini ıslah etmek gereklidir.

ıslah için takip edilecek ikinci yol, verimli görülen kolonileri akrabalı yetiştirme yaparak genetik dengeyi kontrol altına almaktır. Bunların yetiştirilmesinde suni tohumlamadan faydalanılmaktadır (Haberl ve Tautz, 1998). En az iki farklı bu şekilde yetiştirilen üstün performanslı arı kolonileri arasında melezleme yaparak melez azmanlığından faydalanmak mümkündür (Ruttner, 1972). Bu şekilde oluşturulan koloniler hat olarak isimlendirilir. Hatlar, melezlenecek ise bunlardan biri erkek koloni olarak kullanılır. Bu tip hatlara parent hat veya ebeveyn adı verilmektedir. Bunlardan ortaya çıkan yeni genotip ise hibrit arı genotipidir. Bu tip arı genotipi homojen yapıda olup ana arı üretimi bu genotiplerden sağlanabildiği gibi verimli ana arılarla herhangi üreticide bulunan verimli erkek arılarla çiftleştirilerek verimlilik sağlanabilmektedir. Bu şekilde arı genotiplerine geniş adaptasyon kabiliyeti de sağlanmış olmaktadır.

ıslah çalışmalarının en önemli kısmı suni tohumlama ile genotiplerin melezlenmesi ve korunması aşamasıdır. Bu aşama oldukça yüksek oranda işçiliğe gerek duyulmakta ve ıslah işleminde ana arı üretimini sınırlandırmaktadır. Bu işlemin azaltılması yoluyla yapılan uygulamalar arıcılığa büyük yön verecektir.

Arı genomunda ıslahında DNA dizileme teknolojinin kullanılması bu konuda birçok biyoinformatik bilginin kullanılarak sonuca gidilmesi emek ve zaman bakımından büyük bir avantaj sağlayacaktır. Maalesef ülkemizde bugüne kadar tüm genom analizi yapılmış bir arı ırkımız olmadığı gibi karşılaştırma yapacak biyoinformatik veri tabanımızda yoktur. Özellikle transkriptom bölgelerde yapılacak işlemler bu konuda birçok soruna kısa yoldan çözüm sağlayacaktır. Bu işlem ancak yeni nesil generasyon cihazları vasıtasıyla yapılacak genom dizileme ile ilgili SNP haritalarının belirlenmesiyle gerçekleştirilebilir. Bilinen bir genom ile karşılaştırma yapılarak genotiplerin ıslahında ilerleme kaydedilebilir. Arı ıslahında araç olarak kullanılacak bu işlem sayesinde arı genotipleri istenilen özellikler doğrultusunda gerekli biyoinformatik bilgilerle yönlendirilebilir. Dünyada arı genomu üzerinde yapılan araştırmalar bu yöne kaymaktadır.

## Sonuç

Ülkemizde bulunan arı gen kaynakları birçok farklı gen taşıdığı için çok kıymetlidir. Diğer taraftan bu kadar zengin genetik kaynak içerisinde ıslah edilmiş bir arı genotipini bulunmaması da ülke için büyük bir kayıptır. Islah işlemi, genotiplere ait geniş bir varyasyon elde edilmesi ve bu varyasyonu kullanarak işlerinden en verimli genotiplerin seçilmesine dayanmaktadır. Bu varyasyon oluşturulmasında ya melezlemelerden veya gen kaynaklarından faylanılmaktadır. Daha önce ıslah edilmemiş bir popülasyonda ıslah yapmak oldukça kolaydır ancak elde edilen ebeveylelerin de korunması o kadar önemlidir. Son yıllarda kullanılan biyoteknolojik yöntemlerin uygulanmasıyla ebeveynler takip edilebilmekte ve korunabilmektedir. Özellikle karakterleri kontrol eden genleri ait bilgilerin ıslah edilmemiş popülasyonlarda çok çeşitli oranda bulunması ülke için bu konuda büyük bir kazançtır.

Arı genotiplerinin değerlendirilmesi, ıslah edilen bir genotipin ortaya konulması anlamını taşımaktadır. Islah işlemi zor bir uygulama yöntemi olmakta ve ıslah edilen arı ebeveynlerinin korunması konusunda yüksek teknolojilerden faydalanılması gerekmektedir. Arı genotiplerini ıslahında en çok kullanılan biyoteknolojik yöntemler moleküler genetik uygulamaları ve suni tohumlamadır. Her iki biyoteknolojik yöntem arı genotipleri içerisinde seleksiyon ile en performanslı arı irkinin seçilmesi için genetik kaynaklardan faydalanmaya ihtiyaç duymaktadır. Ülkemizin arı ıslahı konusunda çalışmaları oldukça yeni olmakla beraber, ilerlemeler çoğunlukla morfolojik kriterlerdeki değişime bağlı kalmaktadır.

### Kaynaklar

- Akkaya, H., Alkan, S., 2007. Beekeeping in Anatolia from the Hittites to the present day. *Journal of Apicultural Research*, 46 (2): 120-124.
- Al-Otaibi, S.A. 2008. Genetic variability in mite-resistant honey bee using ISSR molecular markers. *Arab J. Biotech.*, Vol. 11, No. (2) : 241-252.
- Ashburner, M ve Kyriacou, C.P. 2006. Getting a buzz out of the bee genome. *Genome Biology*, 7: 239.
- Bodenheimer, F.S.1941. Studies on the honeybee and beekeeping in Turkey, Merkez Ziraat Mücadele Enstitüsü, Ankara, Numune Matbaası, İstanbul.
- Bodur, Ç, Kence, M, Kence, A. 2004. Genetic structure and origin determination in honeybee populations of Anatolia, First European Conference of Apidology, Udine, p.40.
- Bodur, Ç, Kence, M, Kence, A. 2007. Genetic structure of honeybee, *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) populations of Turkey inferred from microsatellite analysis. *J.Aplic.Res.* 46(1) 50-56.
- De la Rúa, P, R. Jaffé, R. Dall'Olio, I. Muñoz and J. Serrano.2009. Biodiversity, conservation and current threats to European honeybees. *Apidologie*, Volume 40, Number 3.
- Estoup A., Solignac M., Harry M., Cornuet J.M. 1993. Characterization of (GT)<sub>n</sub> and (CT)<sub>n</sub> microsatellites in two insect species: *Apis mellifera* and *Bombus terrestris*, *Nucleic Acids Res.* 21, 1427-1431
- Estoup, A., C. Tailliez, J.-M. Cornuet and M. Solignac, 1995. Size homoplasy and mutational processes of interrupted microsatellites in two bee species, *Apis mellifera* and *Bombus terrestris* (Apidae). *Mol. Biol. Evol.* 12:1074-1084.
- Evans, J. D. 2000. Microsatellite loci in the honey bee parasitic mite *Varroua jacobsoni*. *Molecular Ecology*, 9: 1436-1438.
- FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of United Nations, FAOSTAT-Agriculture (<http://faostat.fao.org>).
- FAOSTAT, 2009. Food and Agriculture Organization of United Nations, FAOSTAT-Agriculture (<http://faostat.fao.org>).
- Franck P., H. Coussy, Y. Le Conte, M. Solignac, L. Garnery and J.-M. Cornue. 1999. Microsatellite analysis of sperm admixture in honeybee. *Insect Molecular Biology*, 8(3), 419-421
- Franck, P, Garnery, L, Solignac, M, Cornuet, J.M. 2000. Molecular confirmation of a lineage in honey bees from the Near East. *Apidologie*, 31: 167-180.
- Gentles AJ, Karlin S.2001. Genome-scale compositional comparisons in eukaryotes. *Genome Res.* 11:540-546.
- Green CL, Franck P, Oldroyd BP. 2001. Characterization of microsatellite loci for *Trigona carbonaria*, a stingless bee endemic to Australia. *Molecular Ecology Notes*, 1, 89-92
- Güler, A. 2006. Bal Arısı (*Apis mellifera*) Ondokuzmayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları Ders Kitabı No:55
- Güler, A., Bacaksız, D., 2003. Türkiye'de arıcılığa aktarılan destek ve kaynaklar. *Teknik Arıcılık* 82: 12-18.
- Güler, A, Kaftanoğlu, O, Bek, Y, Yeninar, H. 1999. Türkiye'deki çeşitli bal arısı (*Apis mellifera*) ırk ve ekotiplerinin morfolojik karakterler açısından ilişkilerinin diskriminant analiz yöntemi ile saptanması. *TUBİTAK, DOĞA* 23, 337-344.
- Güler, A., Demir, D. 2005. Beekeeping potential in Turkey. *Bee World* 86 (4): 114-119.
- Haberl M, Tautz D 1999. Tri- and tetranucleotide microsatellite loci in honeybees (*Apis mellifera*) — a step towards quantitative genotyping. *Molecular Ecology*, 8, 1358-1360.
- Haberl, M ve Tautz, D. 1998. Sperm usage in honey bees. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 42(4): 247-255.
- Hunt, G.J, Page Jr. 1995. Linkage map of the honey bee, *Apis mellifera*, based on RAPD markers. *Genetics* 139: 1371-1382.
- Hunt, G.J. and R.E. Page, 1994. Linkage analysis of sex determination in the honey bee (*Apis mellifera*). *Molec. Gen. Genet.* 244:512-518.
- Ivanova, E, Ivgin, R, Kence, M, Kence, A. 2004. Genetic variability in honeybee populations from Bulgaria and Turkey, First European Conference of Apidology, Udine, p.45.
- Ivgin, R, Bilgen, G, Kence, M, Türkumut, L. 2004. Genetic analysis of honeybee of Van region in Turkey with RAPD method. First European Conference of Apidology, Udine, p.45.
- Kandemir, I, Kence, M, Kence, A. 2005. Morphometric and electrophoretic variation in different honeybees (*Apis mellifera*) population. *Genet. Molec. Biol.* 29, 885-890.
- Kandemir, I, Kence, M, Sheppard, W.S, Kence, A. 2006a. Mitochondrial DNA variation in honeybee (*Apis mellifera* L.) population from Turkey. *J. Apic. Res.* 45(1), 33-38.
- Kandemir, I, Pinto, M.A, Meixner, M.D, Sheppard, W.S. 2006b. Hinf-I digestion of cytochrome oxidase I region is not a diagnostic test for *A.m. Lamarckii*. *Genet. Molec. Biol.* 29(4), 747-749.
- Katti MV, Ranjekar PK, Gupta VS 2001. Differential distribution of simple sequence repeats in eucaryotic genomes. *Molecular Biology and Evolution*, 18, 1161-1167.
- Kence A. 2006. Genetic diversity of honey bees in Turkey and the importance of its conservation, *U. Bee J.* 6, 25-32.
- Palmer, M.R, Smith, D.R, Kaftanoğlu, O. 2000. Turkish honey bees: genetic variation and evidence for a fourth lineage of *Apis mellifera* mtDNA. *The Journal of Heredity*. 91: 42-46.
- Rowe, D.J, T.E. Rinderer, J.A. Stelzer, B.P. Oldroyd, and R.H. Crozier. 1997. Seven polymorphic microsatellite loci in honeybees (*Apis mellifera*). *Insectes soc.* 44, 85 - 93.
- Ruttner F. 1988. Biogeography and taxonomy of honeybees. Springer, Berlin.
- Ruttner, F. 1972. Controlled mating and selection of the honey bee. *Apimondia*, 1972, Lunz Am
- Ruttner, F. 1992. *Naturgeschichte der Honigbienen*. Ehrenwirth, München. Germany. 357 pp.
- Schlötterer Christian. Hitchhiking.2003.Mapping—functional genomics from the population genetics perspective. *Trends Genet.* 19(1):32-38
- Schlötterer, 2004. The Evolution Of Molecular Markers — Just A Matter Of Fashion?. *Nature Reviews Genetics* 5, 63-69
- Sheppard, W. S.; Arias, M. C.; Grech, A. And Meixner, M. D. 1997. *Apis mellifera ruttneri*, a new honey bee subspecies from Malta. *Apidologie* 28: 287-293.
- Sheppard, W. S. and Meixner, M. D. 2003. *Apis mellifera pomonella*, a new honey bee subspecies from Central Asia. *Apidologie* 34:367-375.
- Solignac M, Vautrin D, Loiseau A, Mougél F, Baudry E, Estoup A, Garnery L, Haberl M, Cornuet J-M. 2003. Five hundred and fifty microsatellite markers for the study of the honeybee (*Apis mellifera* L.) genome. *Molecular Ecology Notes*, 3, 307-311
- Whitfield C.W., Behura S.K., Berlocher S.H., Clark A.G., Johnston J.S., Sheppard W.S., Smith D.R., Suarez A.V., Weaver D., Tsutsui N.D. 2006. Thrive out of Africa: Ancient and recent expansions of the honey bee, *Apis mellifera*, *Science* 314, 642-645
- Yıldız, M.A, Özül, F, Gençer, H.V. 2005. The evaluation of Turkish honey bee populations by using mitochondrial DNA PCR-RFLP markers. *Proceedings of XIV. National Biotechnology Congress*, 31 August-02 September 2005, Eskişehir p 69-73.
- Zayed A., Whitfield W.C. 2008. A genome-wide signature of positive selection in ancient and recent invasive expansions of the honey bee *Apis mellifera*. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* 105, 3421-3426.