

T.C.
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANA BİLİM DALI



KAFKAS (*Apis mellifera caucasica* G.), KARADENİZ (*Apis mellifera* L.), KAFKAS X KARADENİZ BAL ARISI KOLONİLERİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE HİJYENİK DAVRANIŞ İLE BAĞLANTILI BAZI SNP'LERİN TESPİT EDİLMESİ

Doktora Tezi

Fatih BİLGİ

Danışman

Doç. Dr. Levent MERCAN

SAMSUN
2023

TEZ KABUL VE ONAYI

Fatih BİLGİ tarafından, **Doç. Dr. Levent MERCAN** danışmanlığında hazırlanan “**KAFKAS (*Apis mellifera caucasica* G.), KARADENİZ (*Apis mellifera* L.), KAFKAS X KARADENİZ BAL ARISI KOLONİLERİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE HİJYENİK DAVRANIŞ İLE BAĞLANTILI BAZI SNP'LERİN TESPİT EDİLMESİ**” başlıklı bu çalışma, jürimiz tarafından 10.5.2022 tarihinde yapılan sınav sonucunda oy birliği ile başarılı bulunarak Doktora Tezi olarak kabul edilmiştir.

	Unvanı Adı Soyadı Üniversitesi Ana Bilim/Ana Sanat Dalı	Sonuç
Başkan	Prof. Dr. Sezai ALKAN Ordu Üniversitesi Zootečni Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Prof. Dr. Deniz EKİNCİ Ondokuz Mayıs Üniversitesi Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Doç. Dr. Levent MERCAN Ondokuz Mayıs Üniversitesi Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Dr. Öğr. Üyesi Koray KIRIKÇI Ahi Evran Üniversitesi Zootečni Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Dr. Öğr. Üyesi Selim BIYIK Ondokuz Mayıs Üniversitesi Zootečni Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret

Bu tez, Enstitü Yönetim Kurulunca belirlenen ve yukarıda adları yazılı jüri üyeleri tarafından uygun görülmüştür.

Prof. Dr. Ahmet TABAK
Enstitü Müdürü

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK BEYANI

Hazırladığım Doktora tezinin bütün aşamalarında bilimsel etiğe ve akademik kurallara riayet ettiğimi, çalışmada doğrudan veya dolaylı olarak kullandığım her alıntıya kaynak gösterdiğimi ve yararlandığım eserlerin Kaynaklar'da gösterilenlerden oluştuğunu, her unsurun enstitü yazım kılavuzuna uygun yazıldığını ve TÜBİTAK Araştırma ve Yayın Etiği Kurulu Yönetmeliği'nin 3. bölüm 9. maddesinde belirtilen durumlara aykırı davranılmadığını taahhüt ve beyan ederim.

Etik Kurul Gerekli mi ?

Evet ☐ (Gerekli ise ekler kısmına ekleyiniz)

Hayır ☒

06/10/2023
Fatih BİLGİ

TEZ ÇALIŞMASI ÖZGÜNLÜK RAPORU BEYANI

Tez Başlığı: KAFKAS (*Apis mellifera caucasica* G.), KARADENİZ (*Apis mellifera* L.), KAFKAS X KARADENİZ BAL ARISI KOLONİLERİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE HİJYENİK DAVRANIŞ İLE BAĞLANTILI BAZI SNP'LERİN TESPİT EDİLMESİ

Yukarıda başlığı belirtilen tez çalışması için şahsım tarafından 22/06/2023 tarihinde intihal tespit programından alınmış olan özgünlük raporu sonucunda;

Benzerlik oranı : % 8

Tek kaynak oranı : % 2 çıkmıştır.

06/10/2023
Doç. Dr. Levent MERCAN

ÖZET

KAFKAS (*Apis mellifera caucasica* G.), KARADENİZ (*Apis mellifera* L.), KAFKAS X KARADENİZ BAL ARISI KOLONİLERİNDE GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN VE HİJYENİK DAVRANIŞ İLE BAĞLANTILI BAZI SNP'LERİN TESPİT EDİLMESİ

Fatih BİLGİ

Ondokuz Mayıs Üniversitesi

Lisansüstü Eğitim Enstitüsü

Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı

Doktora, Ekim/2023

Danışman: Doç. Dr. Levent MERCAN

Bu çalışmada 2021 yılında Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Arıcılık Araştırma ve Uygulama Ünitesi'nde yetiştiriciliği yapılan hijyenik davranış bakımından selekte edilmiş Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve bunların melezlenmesi ile elde edilen Kafkas x Karadeniz Melez popülasyonlarının genetik çeşitlilik durumlarının ortaya çıkarılması amaçlanmıştır. Bu popülasyonların genetik çeşitlilik durumu mikrosatelit PZR yöntemi ile FAO tarafından önerilen 30 mikrosatelit lokusu kullanılarak tespit edilmiştir. Elde edilen veriler GenAlEx ve Structure istatistikî analiz programları yardımıyla analiz edilmiştir. Kafkas-Karadeniz, Kafkas-Kafkas x Karadeniz melezi ve Karadeniz-Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonları arasındaki genetik mesafe sırasıyla; 0.154, 0.083 ve 0.164 olarak bulunmuştur. Popülasyonlara ait fiksasyon indeksi verileri Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonları için sırasıyla 0.961, 0.959 ve 0.957 olarak hesaplanmıştır. Analizler sonucunda tüm lokusların ortalama F_{IS} , F_{IT} , F_{ST} ve N_m değerleri sırasıyla 0.959, 0.960, 0.045 ve 12.855 olarak tespit edilmiştir. Çalışmada elde edilen veriler sonucunda Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonları arasında genetik çeşitliliğin düşük olduğu, popülasyon içinde ve bireyler arasında genetik çeşitliliğin ise yüksek olduğu tespit edilmiştir. GenAlEx yazılımı kullanılarak yapılan Temel koordinatlar analizi ve Structure yazılımı kullanılarak yapılan kümeleme analizi verileri de elde edilen sonuçları doğrulamaktadır. Elde edilen veriler sonucunda genetik farklılaşmanın genetik sürüklenmeden değil gen akışından kaynaklı olduğu tespit edilmiştir. Türkiye'deki yerli bal arısı genotiplerinin korunması ve sahip oldukları genetik çeşitliliğin sürdürülmesinde, bu genotiplere ait popülasyonların genetik çeşitlilik durumlarının tespit edilmesi önem arz etmektedir. Çalışmada taranan hijyenik davranış ile ilgili SNP'ler popülasyonların genelinde çoğunlukla heterozigot yapıda bulunmuş, hem yüksek hijyenik davranış performansı hemde düşük hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'ler gözlenmiştir. *Varroa* paraziti ile mücadele etmek için, bu parazite karşı dayanıklı ve yüksek seviyede hijyenik davranış gösteren ırkların geliştirilmesi gerekmektedir. Genetik ıslah çalışmalarında kullanılacak moleküler markörlerin geliştirilmesi için; hijyenik davranış sürecindeki genetik ve epigenetik faktörlerin ortaya çıkarılması önem arz etmektedir.

Anahtar Sözcükler: Bal arısı, genetik mesafe, genomik seleksiyon, hijyenik davranış, mikrosatelitler, polinasyon, *Varroa destructor*

ABSTRACT

DETERMINATION OF THE GENETIC DIVERSITY AND SNPs WHICH ASSOCIATED WITH HYGIENIC BEHAVIOUR IN CAUCASIAN (*Apis mellifera caucasica* G.), BLACK SEA (*Apis mellifera* L.) AND CAUCASIAN X BLACK SEA HYBRID HONEY BEE POPULATIONS

Fatih BİLGİ

Ondokuz Mayıs University

Institute of Graduate Studies

Department of Agriculture Biotechnology

Ph.D., October/2023

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Levent MERCAN

In this study, the genetic diversity of Caucasian honey bees, Black Sea honey bees and their hybrids obtained through the crossbreeding of Caucasian and Black Sea honey bees which were reared and selectively bred for hygienic behaviour at the Apiculture Research and Application Unit of the Faculty of Agriculture at Ondokuz Mayıs University in 2021. The genetic diversity status of these populations was determined using the microsatellite PZR method with 30 microsatellite loci which the FAO recommends. The obtained data were analysed using GenAlEx and Structure software. The genetic distances between the Caucasian-Black Sea, Caucasian-Caucasian x Black Sea hybrid, and Black Sea-Caucasian x Black Sea hybrid populations were found to be 0.154, 0.083, and 0.164, respectively. The fixation index values for the Caucasian honey bee, Black Sea honey bee, and Caucasian x Black Sea hybrid populations were calculated as 0.961, 0.959, and 0.957, respectively. The average F_{IS} , F_{IT} , F_{ST} , and N_m values for all loci were determined as 0.959, 0.960, 0.045, and 12.855, respectively. The analysis results indicated low genetic diversity among the Caucasian bee, Black Sea bee, and Caucasian x Black Sea hybrid populations. In contrast, high genetic diversity was observed within populations and among individuals. Principal Coordinate Analysis conducted using the GenAlEx software and cluster analysis performed using the Structure software confirmed the results. The data revealed that genetic differentiation was due to gene flow rather than genetic drift. Preserving genetic diversity, which significantly impacts the healthy survival of individuals within a population, is crucial. Therefore, it is essential to determine the genetic diversity status of populations belonging to indigenous honeybee genotypes in Türkiye to ensure the preservation of these genotypes and their genetic diversity. The SNPs associated with hygienic behaviour, which are examined in this study, were predominantly found to be in a heterozygous state throughout the populations and SNPs associated with both high and low levels of hygienic behaviour were observed. It is crucial to uncover the genetic and epigenetic factors involved in hygiene behaviour to develop breeds resistant to the Varroa parasite and exhibiting high levels of hygienic behaviour.

Keywords: Genetic distance, genomic selection, honey bee, hygienic behaviour, microsatellites, pollination, *Varroa destructor*

ÖN SÖZ VE TEŞEKKÜR

Lisansüstü eğitim sürecimde ve doktora çalışmalarım boyunca değerli akademik birikim ve deneyimlerini benimle paylaşan, ilgi ve manevi desteğini hiçbir zaman esirgemeyen, tez çalışmasının tasarlanması, yürütülmesi, veri analizi ve yazımı dahil tüm aşamalarında çalışmanın en iyi şekilde yürütülebilmesi için her daim sabır ve titizlikle yol gösteren akademik danışmanım Sayın Doç. Dr. Levent MERCAN'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Doktora çalışmamın araştırma ve tez izleme süreçlerindeki katkı ve desteklerinden dolayı Sayın Prof. Dr. Ahmet GÜLER ve Prof. Dr. Deniz EKİNCİ'ye teşekkürü borç bilirim.

Tez çalışmasının her aşamasında ilgi, destek ve yardımlarıyla her zaman yanımda olan ekip arkadaşlarım Arş. Gör. Cihat Erdem BÜLBÜL ve Zir. Müh. Gamze Nur ATIL'a, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü çalışma arkadaşlarım Arş. Gör. Gürkan BİLİR ve Arş. Gör. Ömer TAŞ'a içten teşekkürlerimi sunarım. Ayrıca, çalışmam ve lisansüstü eğitim hayatım boyunca maddi ve manevi olarak her zaman yanımda olup desteğini benden esirgemeyen sevgili dostum Arş. Gör. Ahmet Can OLCAY'a teşekkürü bir borç bilirim.

Bu noktaya gelmemde çok fazla destekleri olan saygıdeğer aile mensuplarım annem Nursel BİLGİ'ye, babam Günay BİLGİ'ye, kardeşim Mehmet Akif BİLGİ'ye, kuzenim Olgun YILDIZ'a ve sevgili eşim Afranur BİLGİ'ye sabırla beni destekledikleri için çok teşekkür ederim. Bu doktora tezini gelecekte eğitim hayatında kendisine örnek olması için değerli oğlum Attila Kayra BİLGİ'ye atfediyorum.

Fatih BİLGİ

İÇİNDEKİLER

TEZ KABUL VE ONAYI	i
BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK BEYANI	ii
TEZ ÇALIŞMASI ÖZGÜNLÜK RAPORU BEYANI	ii
ÖZET	iii
ABSTRACT	iv
ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR	v
İÇİNDEKİLER	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
TABLolar DİZİNİ	x
1. GİRİŞ	1
1.1. Türkiye ve Dünya’da Arı Yetiştiriciliği	3
1.2. Bal arısının (<i>Apis mellifera</i>) Taksonomik Sınıflandırması	5
1.3. Ülkemizde Bulunan Bal arısı Irkları	5
1.3.1. Anadolu arısı (<i>Apis mellifera anatolica</i>)	6
1.3.2. Kafkas arısı (<i>Apis mellifera caucasica</i>)	6
1.3.3. Trakya arısı (<i>Apis mellifera carnica</i>)	7
1.3.4. Ege (Muğla) arısı	7
1.3.5. Karadeniz, Suriye (<i>Apis mellifera syriaca</i>) ve İran (<i>Apis mellifera meda</i>) arısı	7
1.4. Bal Arısının Yaşam Döngüsü	8
1.5. Bal Arısının Evrimi	9
1.6. Bal Arısının Önemi ve Koloni Kayıpları	12
1.7. <i>Varroa destructor</i>	13
1.8. Hijyenik Davranış	17
1.9. Genetik Çeşitlilik	22
1.10. Tek Nükleotid Polimorfizmi	23
1.11. Çalışmanın Amacı	24
2. MATERYAL VE YÖNTEM	25
2.1. Bal Arısı Örneklerinin Toplanması	25
2.2. DNA Özütleme İşlemleri	25
2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu İşlemleri	29
2.4. Restriksiyon Enzimleri ile Kesim İşlemleri	31
2.5. Jel Elektroforez İşlemleri	32
2.6. İstatistik Analizler	33
3. BULGULAR VE TARTIŞMA	35
3.1. Genetik Farklılıklar	42
3.2. Kümeleme Analizleri	45
3.3. SNP Taraması	48
4. SONUÇ VE ÖNERİLER	56
KAYNAKLAR	58
ÖZ GEÇMİŞ	67

SİMGELER VE KISALTMALAR

AG	: Allel Genişliği
CTAB	: Setiltrimetilamonyumbromür
DH	: Düşük Seviye Hijyenik Davranış Kontrol
F	: Fiksasyon İndeksi
F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}	: Wright'ın F istatistikleri
HH	: Yüksek Seviye Hijyenik Davranış Kontrol
H	: Heterozigotluk
H_o	: Gözlenen Heterozigotluk
H_e	: Beklenen Heterozigotluk
uH_e	: Tarafsız Beklenen Heterozigotluk
I	: Shannon Bilgi İndeksi
KFKS	: Kafkas arısı popülasyonu
KRDNZ	: Karadeniz arısı popülasyonu
MLZ	: Kafkas x Karadeniz Melezi Popülasyonu
N	: Örnek Sayısı
N_a	: Allel Sayısı
N_e	: Etkili Allel Sayısı
N_m	: Gen Akışı
NaCl	: Sodyumklorür
Na_2EDTA	: Disodyumetilendiamintetraasetikasit
PIC	: Polimorfizm Bilgi İçeriği
PCoA	: Temel Koordinatlar Analizi
RP	: Rekabetçi PZR
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PZR-RFLP	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu Parça Uzunluk Polimorfizmi
RFLP	: Parça Uzunluk Polimorfizmi
SNP	: Tek Nükleotid Polimorfizmi
SDS	: Sodyumdodesilsülfat
Tris-HCl	: Tris(Hidroksimetil)aminometan-Hidroklorikasit

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. İspanya Bicorp'da bulunan "Bicorp'un Adamı" adlı yaklaşık 8000 yıllık mağara resmi	2
Şekil 1.2. Bal arısının başkalaşımı	8
Şekil 1.3. <i>Apis</i> cinsine bağlı altcinsler ve bunlara bağlı türler	10
Şekil 1.4. Bal arısının orijini ve yayılımı yolları.....	11
Şekil 1.5. <i>V. destructor</i> 'un basitleştirilmiş yaşam döngüsü	15
Şekil 1.6. <i>V. destructor</i> 'un üreme döngüsü.....	16
Şekil 2.1. DNA özütlemesinde kullanılan malzemeler	25
Şekil 2.2. Bal arısı örneklerinin fiziksel olarak hazırlanması	26
Şekil 2.3. Fiziksel olarak hazırlanmış ve Tampon A eklenmiş bal arısı örneklerinin tüp içerisinde ezilmesi	26
Şekil 2.4. 70 °C'de inkübasyona bırakılan bal arısı örnekleri.....	27
Şekil 2.5. -20 °C'de soğumaya bırakılan süpernatantlar	27
Şekil 2.6. Süpernatantlara kloroform ve NaCl çözeltisinin eklenmesi	28
Şekil 3.1. Popülasyonlar arası ilişkinin Temel koordinatlar analizi (PCoA) ile gösterimi.....	46
Şekil 3.2. Structure analiz sonuçlarına göre popülasyonlar arası genetik ilişkinin gösterimi.....	47
Şekil 3.3. KFKS1'den KFKS7'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	49
Şekil 3.4. KFKS8'den KFKS14'de kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	49
Şekil 3.5. KFKS15'ten KFKS21'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	49
Şekil 3.6. KFKS22'den KFKS28'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	49
Şekil 3.7. KFKS29'dan KRDNZ2'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	49
Şekil 3.8. KRDNZ3'ten KRDNZ9'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	50
Şekil 3.9. KRDNZ10'dan KRDNZ16'ya kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	50
Şekil 3.10. KRDNZ17'den MLZ1'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	50
Şekil 3.11. MLZ2'den MLZ8'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	51
Şekil 3.12. MLZ9'dan MLZ18'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	51
Şekil 3.13. MLZ16'dan MLZ22'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	51
Şekil 3.14. MLZ23'ten MLZ29'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	51
Şekil 3.15. KFKS1'den KFKS7'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	52
Şekil 3.16. KFKS8'den KFKS14'de kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	52
Şekil 3.17. KFKS15'ten KFKS21'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	52
Şekil 3.18. KFKS22'den KFKS28'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	52
Şekil 3.19. KFKS29'dan KRDNZ2'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	52
Şekil 3.20. KRDNZ3'ten KRDNZ9'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	53
Şekil 3.21. KRDNZ10'dan KRDNZ16'ya kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	53

Şekil 3.22. KRDNZ17'den MLZ1'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	53
Şekil 3.23. MLZ2'den MLZ8'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	53
Şekil 3.24. MLZ9'dan MLZ18'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	54
Şekil 3.25. MLZ16'dan MLZ22'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları	54
Şekil 3.26. MLZ23'ten MLZ29'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları.....	54



TABLÖLAR DİZİNİ

Tablo 1.1. Dünyada en çok arı kolonisine sahip ülkeler, bunlara ait bal üretimi ve koloni başına bal verimi verileri	3
Tablo 1.2. Dünyada en çok bal üretimi yapan ülkeler ve bunlara ait bal üretimi verileri.....	4
Tablo 2.1. Çalışmada kullanılan mikrosatellit markörlere ait primerler	29
Tablo 2.2. Çalışmada kullanılan allel spesifik PZR primerleri	30
Tablo 2.3. Çalışmada kullanılan PZR-RFLP primerleri	30
Tablo 2.4. Çalışmada yapılan PZR reaksiyonlarının bileşenleri ve miktarları	31
Tablo 2.5. Çalışmada yapılan PZR işlemlerinde kullanılan PZR protokolü.....	31
Tablo 2.6. Çalışmada yapılan restriksiyon işlemlerinin bileşenleri	32
Tablo 2.7. Çalışmada yapılan restriksiyon işlemlerinin protokolü	32
Tablo 3.1. Kafkas arısı (KFKS), Karadeniz arısı (KRDNZ) ve Kafkas x Karadeniz melezi (MLZ) popülasyonlarında her bir mikrosatellit lokusa ait örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen ortalama heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri	35
Tablo 3.2. Kafkas arısı (KFKS), Karadeniz arısı (KRDNZ) ve Kafkas x Karadeniz melezi (MLZ) popülasyonlarında her bir mikrosatellit lokusa ait ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen ortalama heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri.....	37
Tablo 3.3. Lokuslara ait Allel genişliği (AG) ve Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri..	37
Tablo 3.4. Wright'ın F istatistikleri	42
Tablo 3.5. Nei genetik uzaklık matrisi	44
Tablo 3.6. Nei genetik yakınlık matrisi.....	44

1. GİRİŞ

Gezeganimizde yaşamın gelişimi ve yayılımı, tahminen dört buçuk milyar yıl önce başladığından beri değişmeyen prensiplere göre şekillenmektedir. Bu gelişim ve yayılım temelde basit kurallar takip etmesine rağmen, nefes kesici çeşitlilik ve karmaşıklıklarla dolu bir organizma dünyası ortaya çıkmıştır. Yaşamın bu şekilde çoğalmasının dinamiklerini harekete geçiren şey, “hayatta kalma isteği” olmuş ve canlıların hayatta kalması, rekabetçilerinden daha hızlı üremeleri ile meydana gelmiştir. Bilinen yaklaşık 1.2 milyon böcek türü arasında bal arıları (*Apis mellifera* L.), üzerinde en çok bilimsel araştırma yapılan böcek türlerinden biridir. Bal arılarının ortaya çıkış tarihi tam olarak bilinmese de ilk kez yaklaşık 80 milyon yıl önce Afrika kıtasında ortaya çıktıkları ileri sürülmüştür. Son yıllarda yapılan genetik çalışmalar sonucunda, bal arılarının ortaya çıkış tarihinin çiçekli bitkilerin ortaya çıkışı ile aynı zamana denk geldiğini destekleyen sonuçlar elde edilmiş ve bal arılarının günümüzdeki formlarına yaklaşık 30 milyon yıl önce kavuştukları bildirilmiştir (Tautz, 2008). *Mellifera* (bal arısı) türü, *Apis* cinsi altında tanımlanan 11 tür arasından ekonomik ve ekolojik olarak en fazla değere sahip olan tür olarak görülmektedir. Yararlı böcek türleri arasında en önemli grubu oluşturan bal arıları, değerli ürünleri için yetiştiriciliğinin yapılması ile birçok çiftçiye gelir kazandırdığı gibi tozlaşmadaki rolleri sebebiyle tarım sektörüne yaptığı katkılar azımsanamayacak boyuttadır. Ayrıca bal arıları, tozlaşmadaki rolleri ile birçok bitki türünün devamlılığını sağlaması sayesinde ekolojik dengenin korunmasında da büyük bir role sahiptir. Bal arıları tarafından tozlaştırılan birçok bitki türünün, insanların ve hayvanların beslenmesinde çok büyük öneme sahip olduğu bilinmektedir (Tautz, 2008; Güler, 2017).

Bal arıları (*Apis mellifera* L.) sosyal organizmalar olup, genellikle üreme dışısı olan tek bir ana arı, işçi arılar ve erkek arıları içeren koloniler şeklinde varlıklarını sürdürürler. Bal arısı kolonisinin yaşamı, çok özelleşmiş ve kompleks olması sebebi ile memeli türlerinin yaşayış tarzlarına benzetilmektedir. Bu benzerliğin bal arısı kolonisinin çeşitli çevre faktörlerine karşı geliştirdiği çözümlerin memeliler ile çok benzerlik göstermesi ile, yüzeysel bir benzerlikten çok daha fazlası olduğu aktarılmıştır (Tautz, 2008).

Bal arılarının; kendi ürettikleri ürünler ile beslenmeleri, yaşamak için korunaklı alanlar inşa etmeleri ve bu yaşam alanlarının iklimini kontrol etmeleri ile, bu mekanizmalara sahip olmayan türlere karşı üstünlük sağladıkları bildirilmiştir (Hunter

and Kole, 2008). Bu üstünlüğün, kullanılabilir malzeme ve enerjinin etkili bir biçimde kullanılmasını sağlayan karmaşık sosyal ve davranışsal organizasyonun varlığı ile sağlandığı aktarılmıştır. Bal arılarının çok şaşırtıcı yetenekler ve davranışlar geliştirmesi sebebi ile insanların ilgisini çekmiştir. İnsanların bal arıları ile etkileşiminin ilk kayıtlı örneğinin, Mezolitik döneme yani yaklaşık M.Ö. 7000 yıllarına kadar dayandığı ve insanların, önce yabandaki bal arısı kolonilerinin ürünlerini kullanmaya başladığı ve ardından özel olarak oluşturulmuş yaşam alanlarında bal arılarını kendilerinin yetiştirmeye başladığı aktarılmıştır. Bu şekilde yapılan arıcılık faaliyetlerinin ilk olarak Mezopotamya’da başladığı ve bu bölgede insanların arıcılık faaliyetlerini, Neolitik dönemde (yaklaşık M.Ö. 5000 yıllarında), bal arılarını topraktan yapılma küpler şeklindeki kovanlarda yetiştirerek yaptıkları tespit edilmiştir (Hunter and Kole, 2008; Tautz, 2008; Güler, 2017).



Şekil 1.1. İspanya Bicorp’da bulunan “Bicorp’un Adamı” adlı yaklaşık 8000 yıllık mağara resmi (Anonymous1, 2023)

Modern diyebileceğimiz arıcılık faaliyetleri 16. yüzyıldan sonra başlamıştır. Bu tarihten itibaren bal arıları üzerinde yapılan bilimsel çalışmalar ile birlikte bal arıları insanlar tarafından tanımlanmaya başlamıştır. Ayrıca bu süreçte birçok çalışma vasıtası ile yeni arıcılık alet ve metotları geliştirilmeye başlamıştır. Dolayısı ile 19. yüzyılın ortalarına gelindiğinde bal arıları, Sibiry'a hariç tüm Dünya'da yayılım göstermeye başlamıştır. Arıcılık alanında, 20. yüzyılda genetik kaynakların korunması, hastalık ve parazitlere karşı yeni ırkların ıslah edilmesi yönünde gelişmeler yaşanmaya başlamıştır. Son yüzyılda, bal arılarının biyolojik, ekonomik ve ekolojik önemi bilim insanları tarafından iyi anlaşılmış ve ortaya konulmuştur. Arıcılık, kendine özgü bir tarımsal ve hayvansal üretim alanıdır ve arıcılıktan çok farklı şekillerde yararlanmak mümkündür. Bal arılarının ekonomik ve ekolojik faydalarının önemli bir tanesi de birçok meyve, kabuklu yemiş, sebze ve mera bitkisinin ana tozlaştırıcısı olmasıdır. Ayrıca bal arısının temel ekonomik ürünü olan bal haricindeki ürünleri de beslenme katkıları, kozmetik ve sağlık sektörlerinde yaygın şekilde kullanılmaktadır (Hunter and Kole, 2008; Güler, 2017).

1.1. Türkiye ve Dünyada Arı Yetiştiriciliği

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO)'nın 2021 verilerine göre dünyada yaklaşık olarak 102 milyon arı kolonisi bulunmaktadır. Dünya toplam bal üretimi yaklaşık olarak 1 milyon 772 bin ton, koloni başına ortalama bal verimi ise yaklaşık 17,4 kg olarak hesaplanmıştır. Ülkemizin büyük çoğunluğunun bulunduğu Asya kıtası en fazla arı varlığına sahip kıta konumundadır (FAO, 2023). Geçmiş tarım kültürlerinde arıcılığın yer aldığı toplumlar, arıcılıktan üretim, tüketim, ekonomik ve sosyolojik anlamda toplumsal açıdan faydalanmada daha avantajlı olmaktadır (Güler, 2017).

Tablo 1.1. Dünyada en çok arı kolonisine sahip ülkeler, bunlara ait bal üretimi ve koloni başına bal verimi verileri

Sıra	Ülke	Koloni Varlığı	Bal Üretimi (ton)	Verim (kg/koloni)
-	Dünya	101624052	1.771.944	17,4
1	Hindistan	12848197	66.278	5,2
2	Çin	9383682	48.5960	51.8
3	Türkiye	8733394	96.344	11.0
4	İran	7527258	77.152	10.2
5	Etiyopya	7105876	13.000	1.8
6	Tanzanya	3050671	31.608	10.4
7	Arjantin	2964676	71.318	24,1
8	İspanya	2967000	30.513	10.3
9	Rusya Federasyonu	2889693	64.533	22,3

Dünyada en fazla arı kolonisine sahip ülkeler sırasıyla Hindistan, Çin, Türkiye, İran ve Etiyopya'dır. En çok bal üretimi yapan ülkeler ise sırasıyla Çin, Türkiye, İran, Arjantin ve Ukrayna'dır. Koloni başına en fazla verim alan ülke ise yaklaşık 51.8 kg ile Çin'dir, koloni başına verim ülkemizde ise yaklaşık olarak 11 kg'dır (FAO, 2023).

Tablo 1.2. Dünya'da en çok bal üretimi yapan ülkeler ve bunlara ait bal üretimi verileri

Sıra	Ülke	Bal Üretimi (ton)
-	Dünya	1.771.944
1	Çin	485.960
2	Türkiye	96.344
3	İran	77.152
4	Arjantin	71.318
5	Ukrayna	68.028
6	Hindistan	66.278
7	Rusya Federasyonu	64.533
8	Meksika	54.165
9	Amerika Birleşik Devletleri	57.364
10	Brezilya	55.828

Ülkemiz; arıcılığın tarım kültüründe çok önemli bir yere sahip olması, flora kaynaklarının zenginliğinin ve potansiyellerinin fazla olması, sahip olduğu iklim bölgelerinin çeşitli olması, işlenmeyen arazi alanlarının miktarının fazla olması, arı genetik kaynakları bakımından çok zengin bir yapıya sahip olması, zirai mücadelede kullanılan ilaç miktarının az miktarda olması ve göçer arıcılığa çok uygun bir yapıya sahip olması nedeni ile arıcılık sektöründe belirli merkezlerden biridir ve gelecek yıllarda da önemli bir merkez olarak kalacağı öne sürülmüştür. Anadolu coğrafyası dünyanın en önemli arı gen kaynağı merkezlerinden birisidir ve arıcılık ülkemizin hemen hemen bütün yörelerinde yapılmaktadır. Ülkemizde arıcılık yaygın olarak geleneksel aile işletmeleri şeklinde yapılmakta ancak son yıllarda arı yetiştiriciliğini profesyonel olarak yapan işletmelerin sayısının da arttığı aktarılmıştır (Güler, 2017).

Ülkemiz arıcılık sektörü; araştırmacı eleman alt yapı ve teknik bilgi düzeyinin yetersiz olması, ıslah edilmiş damızlık materyal üretiminin mevcut olmaması, ana arı üretim miktarının ve kalitesinin yetersiz olması, hastalık ve zararlılar ile etkin bir mücadelenin yapılamaması, çayır ve mera alanlarının azalması, kurumlar ve sektör arasında işbirliğinin yetersiz olması, araştırma-geliştirme kurumlarının azlığı ve hali hazırda olanların yetersiz olması, ithalat ürünlerinin ülkeye girişinde denetimlerin ve kontrollerin yetersiz bir düzeyde olması, göçer arıcılık sisteminin etkin kullanılmaması

ve fiyat istikrarsızlığı gibi sebepler ile istenilen düzeyde gelişim gösterememektedir (Güler, 2017).

1.2. Bal arısının (*Apis mellifera*) Taksonomik Sınıflandırması

İlk defa C. Linneus (1758) tarafından tanımlanan bal arıları (*Apis mellifera* L.), Zar kanatlılar (*Hymenoptera*) takımına ait (*Apidae*) familyası içerisinde bulunan bir böcek türüdür (Güler, 2017; Özsoy Taşkiran vd., 2017). Bal arısının taksonomik sınıflandırması aşağıdaki gibidir (Güler, 2017):

- Alem: *Animalia* (Hayvanlar)
- Şube: *Arthropoda* (Eklem bacaklılar)
- Alt şube: *Hexapoda* (Altı bacaklılar)
- Sınıf: *Insecta* (Böcekler)
- Takım: *Hymenoptera* (Zar kanatlılar)
- Familya: *Apidae* (Bal arıları ve yakınları)
- Cins: *Apis* (Bal arısı)
- Tür: *Apis mellifera* (Bal arısı)

Bazı bal arısı ırklarının sadece morfolojik analizlere dayanarak tanımlanmasının, bal arısı taksonomisinin çelişkili ve sorunlu olmasına sebep olduğu ileri sürülmüştür. Bal arısı ırklarının tanımlanmasının hem morfolojik hem de moleküler yöntemler kullanılarak yapılmasının, bu çelişki ve sorunları ortadan kaldıracağı önerilmiştir (Ilyasov et al., 2020).

1.3. Ülkemizde Bulunan Bal Arısı Irkları

Ülkemiz; sahip olduğu çeşitli iklim, coğrafik yapı ve floral faktörlerin oluşturduğu ekolojik koşullar nedeniyle farklı morfolojik, fizyolojik ve davranış özellikleri olan arı ırk ve ekotiplerine sahiptir ayrıca bal arısı genetik çeşitliliği yönünden çok zengin bir konumdadır. (Sıralı vd., 2003; Kara ve Keskin, 2013). Ülkemizde birçok bal arısı ırk ve ekotipinin yayılım gösterdiği tespit edilmiştir (Bodenheimer, 1941; Maa, 1953; Rutnner, 1988; Öztürk, 1990; Özsoy Taşkiran vd., 2017).

Ülkemizin Kuzeydoğu Anadolu Bölgesi'nde Kafkas arısı (*Apis mellifera caucasica*), Orta Anadolu Bölgesi'nde Anadolu arısı (*Apis mellifera anatolica*), Trakya Bölgesi'nde Karniyol arısı (*Apis mellifera carnica*), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Suriye arısı (*Apis mellifera syriaca*), Ege Bölgesi'nin kıyı kesimlerinde

Ege (Muğla) arısı, Doğu Anadolu Bölgesi'nin bazı kısımlarında İran arısı (*Apis mellifera meda*) yayılım göstermekte ve Karadeniz Bölgesi'nin batı kesimlerinde Karadeniz arısı olarak adlandırılan bir genotipin de mevcut olduğu aktarılmıştır (Güler, 2017).

1.3.1. Anadolu arısı (*Apis mellifera anatolica*)

Ülkemizin İç Anadolu Bölgesi'nde yayılım gösteren Anadolu arısı, ilk defa T. Maa (1953) tarafından tanımlanmış ve taksonomik sınıflandırılması yapılmıştır.

Bodenheimer (1941), morfometrik yöntemler kullanarak Anadolu'nun çeşitli yörelerde yayılım gösteren bal arısı popülasyonlarının tanımlamasını yapmıştır. Maa (1953)'nın taksonomik çalışmalarından sonra Adam (1983), Anadolu'da çeşitli yıllarda birkaç kez yaptığı bilimsel araştırmalar süresince Anadolu arı ırkına ait çok sayıda bal arısı örneğini toplayıp çeşitli özellikleri bakımından inceledikten sonra Bodenheimer ile aynı sonuçlara ulaşmıştır (Kekeçoğlu, 2010; Kekeçoğlu ve Soysal, 2010).

Bu ırk, kombinasyon melezlemesiyle ana arı üretiminde önemli bir genetik kaynak olması sebebi ile gerek ülkemizde gerek Avrupa ve Amerika'da farklı amaçlar taşıyan çalışmalarda kullanılmaktadır. Anadolu arısının ülkemiz içerisinde birçok farklı popülasyonu ve ekotipi bulunmaktadır. Bu ırkın her ekotipi yaşamını sürdürdüğü bölgede farklı morfolojik, fizyolojik ve davranış özellikler yansıtmaktadır. Anadolu arıları yüksek yaşama gücü ve kışlama yeteneğine sahiptir, Anadolu bozkırına iyi düzeyde adapte olmuş ve yoksul şartlarda yaşayabilen bir ırktır, bal yapma yeteneği orta düzeylidir fakat çok güçlü koloni oluşturamaz (Güler, 2017; Sıralı vd., 2017).

1.3.2. Kafkas arısı (*Apis mellifera caucasica*)

Bu bal arısı ırkının anavatanı Kafkasya'nın yüksek yayla ve platolardır ayrıca iyi özellikleri sayesinde dünyada büyük bir yayılım alanına sahiptir. Ülkemizin kuzey doğusunda bulunan illerimizde yayılım göstermekte olup ırkın bölge içerisinde birçok ekotipi mevcuttur. Kafkas arılarının genel olarak olumlu özellikleri; uysal yapılı olması, diğer arı ırklarına nazaran düşük sıcaklıklarda nektar ve polen toplayabilmesi, dil uzunluğu sebebiyle birçok arı ırkının faydalanmadığı bitkilerden faydalanabilmesi, oğul verme eğiliminin azlığı ve Avrupa Yavru Çürüklüğü hastalığına karşı dirençli olması olarak sıralanabilir. Nosema hastalığına karşı duyarlılığı, bal veriminin düşük

olması, yağmacılık eğiliminin fazla olması ve kaynağa yönelme yeteneğinin azlığı bu ırkın olumsuz özellikleri olarak sıralanabilir (Güler, 2017).

1.3.3. Trakya arısı (*Apis mellifera carnica*)

Ülkemizin Trakya Bölgesi coğrafi yapısı itibari ile Balkanlar'ın bir parçasını oluşturmaktadır ve bu bölgemiz ekolojik yönden benzer olduğu Balkanlar ile toprak ve bitki örtüsü yapısı bakımından benzerlik göstermektedir. Arı ırk ve ekotiplerinin oluşmasında yayılım gösterdikleri alanların coğrafi ve ekolojik yapılarının etkili olduğu bilindiğinden, Trakya Bölgesi'nde yayılım gösteren bal arısı popülasyonlarının Balkanlar'da yayılım gösteren ırklar ile benzerlik göstermesi şaşırtıcı bir durum olmayacaktır. Başlangıçta Trakya Bölgesi'nde yayılım gösteren bal arısı popülasyonlarının Karniyol ırkına mensup oldukları ileri sürülmüş, daha sonraki çalışmalarda bu popülasyonların Anadolu arısı ırkına mensup oldukları ortaya atılmış fakat son yıllarda yapılan moleküler genetik çalışmaları ile bu popülasyonların Karniyol arısı ile daha fazla benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir. Bu bal arısı ırkının vücut yapısı küçüktür ve bu küçük vücut yapısının, bölgedeki arıcılık faaliyetlerinin geleneksel sepet arıcılığı şeklinde yürütülmesi sebebi ile olduğu ileri sürülmüştür (Güler, 2017).

1.3.4. Ege (Muğla) arısı

Ege arısı Ege ve Batı Akdeniz Bölgelerinin kıyı kesimlerinde yayılım göstermektedir. Bu arı, Anadolu arısı ile morfolojik yönden farklı olmasına rağmen ayrı bir ırk olarak tanımlanmamış, ilk olarak Anadolu arısı ve Ege adalarında yayılım gösteren Ege Adaları arısı (*Apis mellifera adami*) arasında bir ırk olduğu şeklinde tanımlandığı bildirilmiştir. Ege arısı, morfolojik olarak Anadolu arısı ile hiçbir benzerlik göstermediği gibi davranış yönünden de çok farklılık göstermektedir. Ege arısı hızlı gelişim gösterir ve güçlü koloniler oluşturur, bal yapma yeteneği orta seviyededir, üreme yeteneği ve yumurta bırakma kapasitesi yüksektir. Çam balı üretim döneminde diğer arı ırklarından daha üstün olduğu ve çam basra böceği salgısından çok iyi yararlandığı aktarılmıştır (Güler, 2017).

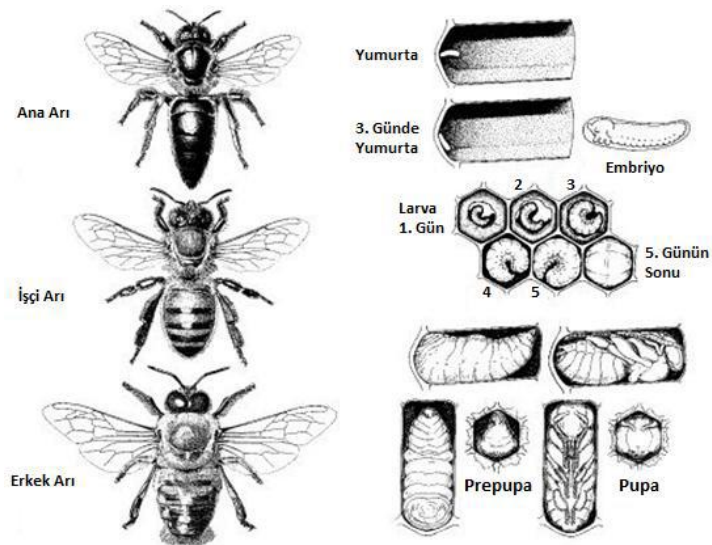
1.3.5. Karadeniz, Suriye (*Apis mellifera syriaca*) ve İran (*Apis mellifera meda*) arısı

Karadeniz arısının ülkemizin Batı Karadeniz Bölgesi'nin Bolu, Zonguldak, Sakarya ve Düzce yörelerinde yayılım gösterdiği bildirilmiştir. Suriye arısı ülkemizin

Güneydoğu Anadolu bölgesinin büyük bir kısmında yayılım göstermekte ve İran arısı ise ülkemizin Malatya, Elâzığ, Bingöl, Bitlis, Muş ve Van illerinde yayılım göstermektedir (Güler, 2017).

1.4. Bal Arısının Yaşam Döngüsü

Bal arısının yaşam basamakları yumurta, larva, pupa ve ergin evreleri olarak adlandırılmak üzere toplam 4 ana evreden oluşmaktadır ve bir işçi arı yumurtadan erginliğe 21 günde ulaşmaktadır. Bu süreç içerisindeki yumurta evresi 3 gün, larva evresi 5 gün, prepupa evresi 1 gün ve pupa evresi 12 gün sürmektedir. Ancak pupa formunda kalma süresi ana arılar, işçi arılar ve erkek arılar arasında farklılık göstermektedir ve işçi arılardan farklı olarak ana arının pupa formunda kaldığı süre 7 gün, erkek arının pupa formunda kaldığı süre ise 15 gündür. Ana arılar erginliğe 16 günde, erkek arılar ise erginliğe 24 günde ulaşmaktadır. Kapalı yavru gözünden çıktıktan sonra bir bal arısı, oryantasyon uçuşları hariç olmak üzere yaşamının ilk 21 gününü kovan içinde çeşitli görevler yaparak geçirmektedir ve 22. günde ise tarlacı bir arı olarak yaşamına devam etmektedir. İşçi arıların ömrü mevsime bağlı olarak değişmektedir. Bu süre koloninin aktif olduğu bahar ve yaz aylarında yaklaşık 5 ila 6 hafta sürer iken, kış aylarında 5 ila 6 ay veya daha uzun sürelerle kadar uzayabilmektedir. Ana arının ömrü ise depoladığı spermin miktarına bağlı olarak 8 ila 9 yıl arasında değişmektedir ve erkek arıların ömrü ise bahar aylarında 21 ila 32 gün, yaz aylarında 90 gün veya çiftleşmeye kadar sürmektedir (Winston, 1991). Bal arısının başkalaşımı Şekil 1.2'de gösterilmektedir.



Şekil 1.2. Bal arısının başkalaşımı (Winston, 1991)

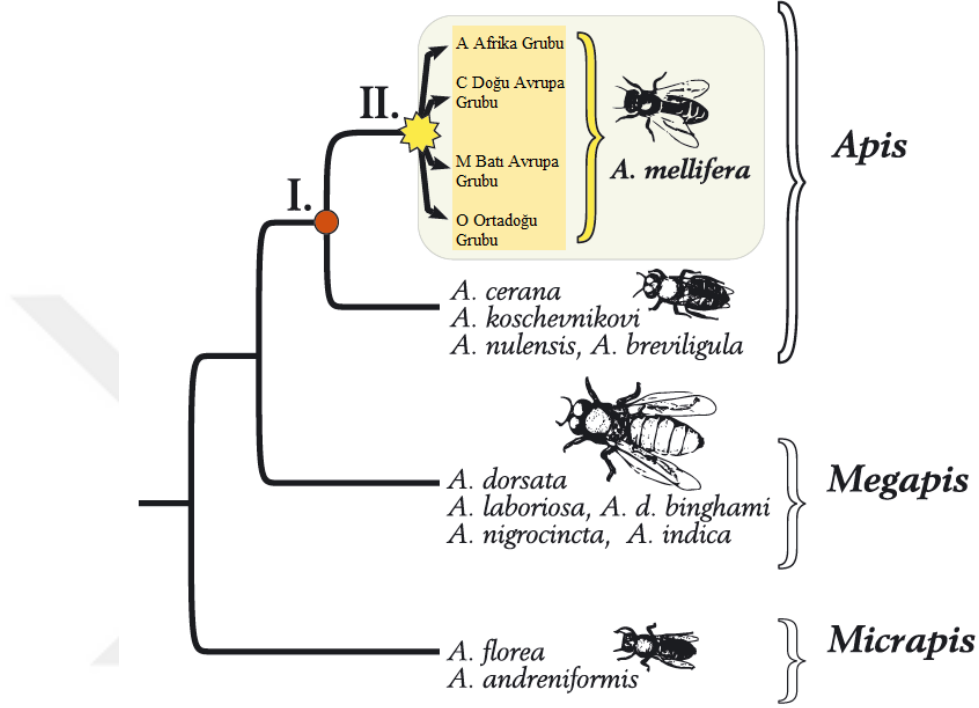
Bal arılarında yaşa bağlı iş paylaşımı vardır ve gözlerden yeni çıkmış arılar, tam olarak gelişmiş olmadıkları için uçamazlar ve sokamazlar. Arılar yaşamlarının ilk dört günlerini kovan içindeki gözlerin temizliğine ve gelişmiş özellikleri kazanmaya harcarlar. Yaşamlarının 4. ve 12. günü arasındaki arılar, yavruların bakımı ve ana arının beslenmesi gibi görevleri üstlenirler. Yaşamlarının 12. ve 21. günü arasındaki arılar ise iki gruba ayrılır; genç olan arılar daha çok petek yapımı ve kovanın bakımıyla ilgilenirken, daha yaşlı olan arılar ise nektarın toplanması ve işlenmesiyle ayrıca kovan girişinin korunmasıyla ilgilenirler. Arılar, yaşamlarının 22. gününe geldiklerinde kovanın dışına çıkarak tarlacı arı olurlar ve ardından su, nektar ve polen gibi kovanın temel ihtiyaçlarını çevreden toplayarak koloniye taşımaya başlarlar (Johnson, 2010).

1.5. Bal Arısının Evrimi

Günümüzde yabani veya kültüre alınan, tüm bal arısı popülasyonlarının demografik tarihi ve evrimsel kökeni hala belirsizliğini korumaktadır (Cridland et al., 2017). Bu türün, yakın akrabası *Apis cerana*'dan ve diğer türlerden 6 ile 25 milyon yıl önce ayrıldığı ve ardından yayılım alanının batı yönüne Asya, Avrupa ve Afrika'nın bazı bölgelerine doğru genişlediği bildirilmiştir. *Apis mellifera* L., tarihsel olarak Sahra Altı Afrika, Avrupa, Batı Asya'nın bazı bölgeleri ve Orta Doğu boyunca yayılım göstermektedir ve şu anda önemli ölçüde kültüre alınmış olan tek bal arısı türüdür (Arias and Sheppard, 2005; Ramirez et al., 2010). Avrupalı yerleşimcilerin dünyanın farklı bölgelerini kolonileştirmelerinin akabinde, farklı *A. mellifera* popülasyonlarını bu bölgelere taşınmasının ardından, gelişmiş arıcılık uygulamaları ve doğal çiftleşme yoluyla yeni bal arısı popülasyonları ortaya çıkmıştır (Sheppard, 1989). Çöllerden tropikal yağmur ormanlarına ve dağlık bölgelerden bataklıklara kadar çok çeşitli ekolojik alanı içeren geniş bir coğrafyada yayılım gösteren bal arılarının birçok ırkı tanımlanmıştır (Kandemir vd., 2011). Doğal yayılım alanında *A. mellifera*, davranışsal ve morfolojik özellikler bakımından ırklar arasında önemli genetik ve fenotipik farklılık sergilemektedir (Ruttner, 1988). Bal arısının, 33 adet morfolojik ve coğrafi açıdan farklı ırkı tespit edilmiştir ve yapılan genetik çalışmalarla birleştirilmiş morfometrik analizler ile birlikte, beş ayrı soy hattının varlığının güçlü bir şekilde desteklendiği vurgulanmıştır (Ilyasov et al., 2020).

Bal arılarının mevcut ırkları arasındaki genetik varyasyon çoğunlukla paylaşılmaktadır ve bu durum, bal arısı ırklarının uzun süreler boyunca izolasyon yaşamadıklarını göstermektedir. mtDNA örneklerinin genetik tarihlemesinin, bal

arılarının dört ana ırk grubunun yaklaşık 1.3 milyon yıl önce ayrıldığını gösterdiği bildirilmiştir (Garnery et al., 1992; Arias and Sheppard, 1996). Bal arılarının diğer arı türlerinden ayrılmaları ile şu anki doğal yerleşim alanlarına yayılmaları arasındaki süreçte hangi alanlarda yaşadıklarına dair fazla veri bulunmadığı aktarılmıştır (Han et al., 2012).



Şekil 1.3. *Apis* cinsine bağlı altcinsler ve bunlara bağlı türler, I: *Apis mellifera* türünün diğer bal arısı türlerinden ayrılması ve II: *Apis mellifera* türünün soy gruplarına ayrılması (Han et al., 2012)

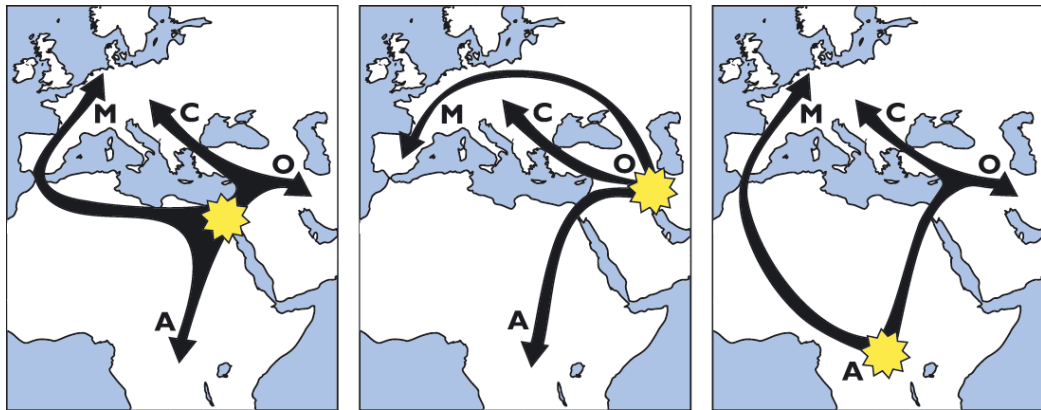
Bal arısının evrimsel orijini ile ilgili üç ana senaryo ortaya atılmıştır. Bunlardan ilki Ruttner vd. (1978) tarafından ortaya konan *Apis mellifera* L.'nin tarihi yayılım merkezinin Orta Doğu ya da Kuzey Doğu Afrika olduğu teorisidir. Bu teoriye göre bal arıları Avrupa'ya batı yolu ile Kuzey Afrika ve İber Yarımadası üzerinden yayılım gösterdiği ileri sürülmektedir. Bu hipotez tamamıyla morfolojik analizlere dayanan, Afrika ve Batı Avrupa soyları arasında bir devamlılık olduğunu ve bal arılarının *Apis mellifera syriaca* (Suriye arısı) ırkına benzer bir ataya sahip olduğunu ortaya koymaktadır.

Mitokondriyal DNA'ya dayanan bir başka hipotez ise; yine bal arısının Orta Doğu kökenli olduğunu ileri sürmekle birlikte, bal arılarının Avrupa'ya yayılımının batı yoluyla Cebelitarık Boğazı üzerinden olmayıp, yayılımın Anadolu, Balkanlar ve Kafkasya üzerinden olduğunu önermektedir. Hipoteze göre Orta Doğu ve Doğu

Avrupa soyları arasında bir bağ olduğu ileri sürülmektedir (Cornuet and Garnery, 1991; Garnery et al., 1992).

Son hipotez ise Wilson (1971) tarafından ortaya atılan ve *Apis mellifera* L.'nin kış salkımı oluşturmalarının ılıman iklime karşı sonradan oluşturduğu bir adaptasyon olduğu fikrine dayanan orijin hipotezidir. Bu önerme baz alınarak yapılan tartışmalar sonucunda bal arılarının Asya kıtasında bulunan tropikal bölgelerde bulunmaması sebebi ile Afrika kıtasında bulunan tropikal bölgelerde ilk olarak ortaya çıktığı ileri sürülmüştür.

Whitfield vd. (2006) tarafından yapılan tek nükleotid polimorfizmi çalışmasında elde edilen veriler, bu hipotezi desteklemektedir. Çalışmada 1136 adet SNP bölgesi; 14 adet bal arısı ırkı, *A. cerana*, *A. florea* ve *A. dorsata* örnekleri üzerinde araştırılmıştır. Çalışmada elde edilen veriler, bal arısı ırklarının 4 ana soyağacı şeklinde kümelenmesini desteklemektedir. Çalışmada ayrıca Batı ve Doğu Avrupa bal arısı ırklarının ayrıldığını; Batı ırklarının Afrika ırkları ile, Doğu Avrupa ırklarının ise Orta Doğu ırkları ile yakınlık gösterdikleri tespit edilmiştir. Son olarak, bal arısının orijininin Afrika olduğu ve iki yolla yayılım gösterdiği ileri sürülmüştür. Bunlardan birincisi Kuzey Afrika ve İber Yarımadası üzerinden Batı Avrupa'ya yayılım yolu, diğeri ise Orta Doğu, Anadolu, Balkanlar ve Kafkaslar üzerinden Doğu Avrupa'ya yayılım yoludur.



Şekil 1.4. Bal arısının orijini ve yayılımı yolları. A: Afrika soy grubu, O: Orta Doğu soy grubu, C: Doğu Avrupa soy grubu ve M: Batı Avrupa soy grubu (Han et al., 2012)

Apis mellifera L. türünün orijinal çıkış noktasının diğer bal arısı türlerinin de bulunduğu Asya kıtası olduğunun kabulünün mantıksız olmadığı, fakat günümüzde yetiştiriciliği yapılan *Apis mellifera* popülasyonlarının kaynağının kesin olarak henüz ortaya çıkarılamadığı bildirilmiştir (Han et al., 2012).

1.6. Bal Asının Önemi ve Koloni Kayıpları

Bal arıları, bal üretimi ve polinasyon konusunda olan rollerinden ötürü ıslahçılar ve bilim insanları tarafından büyük bir öneme sahip görülmektedir. Polinasyon, doğal bitki türlerinin devamı ve ekimi yapılan bitkilerin veriminde önemli bir rol oynamaktadır ve bal arılarının rolü bu sürecin sağlıklı bir şekilde ilerlemesi için kritik bir öneme sahiptir (İvgin Tunca, 2009). Polinasyon, meyve ve sebze üretimi için vazgeçilmez bir adımdır ve bal arıları, meyve polinasyonu için en çok tercih edilen böceklerdir. Bu nedenle, birçok bitki yetiştirme sisteminde bal arıları kullanılmaktadır. Bir arı kolonisi binlerce tarlacı üretebilme potansiyeline sahiptir. Meyve ve sebze polinasyonunun gerçekleşmesi için çiçeklerin açma döneminde bal arısı kolonileri meyve bahçelerine ve sebze tarlalarına taşınabilir (Park et al., 2010). Dünya genelinde, en çok üretimi yapılan 115 bitki türünün yaklaşık %70'i polinasyon sürecinde bal arıları tarafından tozlaştırılmaktadır ve bu tozlaşma, tarımsal üretimin yaklaşık %35'ine denk gelmektedir (Stathers, 2014).

Polinatörlerin sayısındaki azalmanın ekonomik ve besin güvenliği üzerindeki etkileri çok önemli görülmektedir. Bu alanda yapılan çalışmaların büyük bir kısmı, Dünya genelinde en yaygın, en iyi araştırılan ve anlaşılan arı türü olması sebebi ile *Apis mellifera* üzerine yoğunlaşmaktadır. Yapılan araştırmalar, dünya çapında yerel ve özgün polinatör sayısında azalma olduğunu ortaya koymaktadır. Bu azalma hem ekonomik hem de ekolojik endişelere yol açmaktadır ve tarım sektöründe de önemli bir sorun haline gelmiştir. Polinatörler, bitkilerin çiçeklerindeki poleni taşıyarak döllenme sürecine katkıda bulunurlar. Yerel ve özgün polinatörlerin azalması, bitkilerin verimliliğini ve ürün kalitesini olumsuz etkileyerek tarım sektöründe ürün kayıpları, verim ve kalite düşüklüğü gibi ekonomik sorunlara neden olmaktadır. Birçok bitki türü polinasyona bağımlıdır ve polinasyon doğal çevrenin çeşitliliğini sağlamaktadır. Polinatörlerin azalması, bitki türlerinin azalmasıyla biyolojik çeşitlilik kaybına yol açabilir ve bu durum da ekolojik dengenin bozularak doğal ekosistemlerin zarar görmesine sebep olabilir (Zayed, 2009).

İnsan aktiviteleri yeryüzüne; arazilerin parçalanması, bozulması ve yok olması şekillerinde zarar vermektedir. Arazilerin kullanımında ve yapısında meydana gelen değişimler; polinatörleri, hedef bitkileri ve bunların birbirleri ile olan ilişkilerini olumsuz yönde etkilemektedir. Arazilerin parçalanması ve bozulması, polinatör popülasyonlarının azalmasındaki temel etmen olarak ileri sürülmüştür (UNEP, 2014).

Yoğun pestisit kullanımı da polinatörleri etkilemektedir. Özellikle sistemik pestisitler polinatörlerin çokça uğradığı bitkiler üzerinde yoğun şekilde kullanılmaktadır. Sistemik pestisitler, polene ve nektara geçtiği için polinatörlerin ölümüne sebep olmaktadır (Smith et al., 2013).

Bal arısı kolonisinin parazitler, toksinler, kötü beslenme ve soğuk havanın etkisi ile strese girebileceği, bu stresin koloniyi geri dönülemez ve koloninin çökmesiyle sonuçlanabilecek bir duruma sokabileceği aktarılmıştır. Genellikle güçlü kolonilerin, bu tarz stres faktörlerine daha dayanıklı oldukları ve stres durumundan kurtulup toparlanabilecekleri, eğer toparlanamazlar ise birkaç aşamadan oluşan koloninin çökmesine sebep olacak durumun başlayacağı bildirilmiştir. Bu durumda koloninin, yavaşça iş gücünü kaybetmeye başlayacağı ve ardından kolonideki sosyal yapının bozulacağı aktarılmıştır. Bunun sonucunda da donma ve kötü beslenme ile koloninin çöküşünün hızlanacağı, koloninin zararlı etmenlere karşı savunmasız hale geleceği ve bunların sonucunda da koloninin çökeceği bildirilmiştir (Ellis, 2007).

1980’li yıllara kadar bal arısı için ekonomik olarak en büyük tehdidin yavru hastalıkları olarak görüldüğü ancak bu yıllardan sonra *Varroa destructor*’un ortaya çıkışı ile yavru hastalıklarının yerini *Varroa* paraziti aldığı aktarılmıştır (Smith et al., 2013). *Varroa destructor*’un ilk olarak 1904 yılında *Apis cerana*’da keşfedildiği ancak normal koşullarda *Apis cerana*’da zarar yapan bu etmenin *Apis mellifera*’ya geçiş yaptığı bildirilmiştir. *V. destructor*’un, bal arısının dolaşım sisteminin içindeki sıvı ile beslendiği ve eğer kontrol edilmez ise erken koloni kayıplarına sebep olduğu aktarılmıştır (UNEP, 2014).

1.7. *Varroa destructor*

Varroa destructor, bir dış parazit akar türüdür ve dünya genelinde bal arısı (*Apis mellifera* L.) kolonilerini yüksek düzeyde istilaya edebilmesi ile bilinmektedir. *Varroa* akarı, dünyada koloni ölümlerinin önde gelen önemli nedenlerinden biridir ve yüksek düzeyde istila edilmiş koloniler tedavi edilmez iseler, bu istila kolonilerin çökmesine veya ölümüne yol açmaktadır (Guzmán-Novoa et al., 2010; Kulhanek et al., 2017; Brodschneider et al., 2018; Steinhauer et al., 2018). Bal arısı popülasyonları üzerinde *Varroa*’nın neden olduğu olumsuz etki göz önüne alındığında, dünya genelinde *Varroa* kontrolü için çeşitli entegre zararlı mücadele yöntem ve stratejileri uygulanmaktadır. Ancak bugüne kadar mevcut mücadele yöntemlerinin hiçbiri istila edilmiş

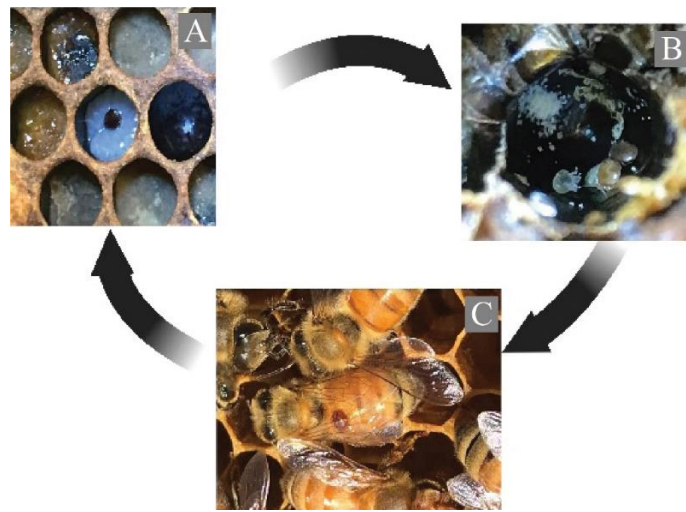
kolonilerden *Varroa*'yı tamamen ortadan kaldırmayı başaramamış ve bunun yerine istilayı sadece zarar seviyeleri altında sürdürmeye izin vermiştir (Lee et al., 2015; Kulhanek et al., 2017; Brodschneider et al., 2018; Jack and Ellis, 2021).

Yüksek akar istilasının neden olduğu koloni sağlığı ve ömründeki genel bir azalma “Varroosis” olarak adlandırılmaktadır (Reams and Rangel, 2022). Varroosis kaynaklı semptomların şiddeti, genellikle ilkbahar ve yaz boyunca bir koloninin *Varroa* popülasyonundaki istikrarlı ve lineer artışla ilişkili olan akar istilasının düzeyine bağlıdır (Wegener et al., 2016). Sonbaharda istila edilmiş kolonilerde kışlatma dönemindeki işçi arıların ağırlığı, istila düzeyine bakılmaksızın istila edilmemiş kolonilere kıyasla daha düşük olmaktadır (Aronstein et al., 2012; Wegener et al., 2016; Reams and Rangel, 2022). Sonbahar ve kış boyunca, istila eşiği aşıldıkça varroosis koloni çökmesine yol açabilir. Bununla birlikte, istila eşikleri çevresel faktörlere (örneğin ortalama yağış, coğrafi bölge ve gıda bulunabilirliği gibi), genetik faktörlere (örneğin Afrika ırkı ve Avrupa ırkı arasındaki farklar veya hijyenik davranışın varlığı gibi) ve bu faktörlerin birlikte etkileşimine bağlı olarak değişebilir (Dainat et al., 2012; Wegener et al., 2016; Dechatre et al., 2021). Örneğin, *Varroa* akarı popülasyonunun büyümesinin hava koşullarıyla dalgalandığı tespit edilmiştir. Akar yüzdesinin artma oranı, yıllık ortalama yağış miktarının altında olan yıllarda nem oranı daha yüksek olan yıllara kıyasla daha düşük görülmektedir. Ayrıca daha fazla bal ve yavruya sahip kolonilerin, daha düşük miktarda bal ve yavruya sahip kolonilere göre daha yüksek akar yüzdesi seviyesi gösterdiği tespit edilmiştir. Bu durum, daha fazla bal ve yavruya sahip kolonilerde akarın girip üreyebileceği daha fazla yavru gözünün bulunması ile açıklanabilir (Reams and Rangel, 2022).

V. destructor, gelişmekte olan ve yetişkin bal arılarının yağ dokularından beslenir ve bunu yaparken bal arısıyla ilişkili birçok virüsün taşınmasını sağlar (Francis et al., 2013; Mondet et al., 2014; Emsen et al., 2015; Ramsey et al., 2019). Bunlar, Deforme Kanat Virüsü, Akut Arı Felci Virüsü, İsrail Akut Felç Virüsü, Kaşmir Arı Virüsü ve Tulumsu Yavru Çürüklüğü Virüsü gibi etmenlerdir (Ball, 1983; Ball and Allen 1988; Chen et al. 2004; Yue and Genersch, 2005; Boecking and Genersch, 2008). Tüm bal arısıyla ilişkili virüslerin *Varroa* akarı tarafından taşınıp taşınmadığı veya üzerinde çoğalıp çoğalmadığı konusunda net bir bilgi bulunmamaktadır (Reams and Rangel, 2022). Posada-Florez vd. (2019) yaptıkları çalışmalarında *V. destructor*'un

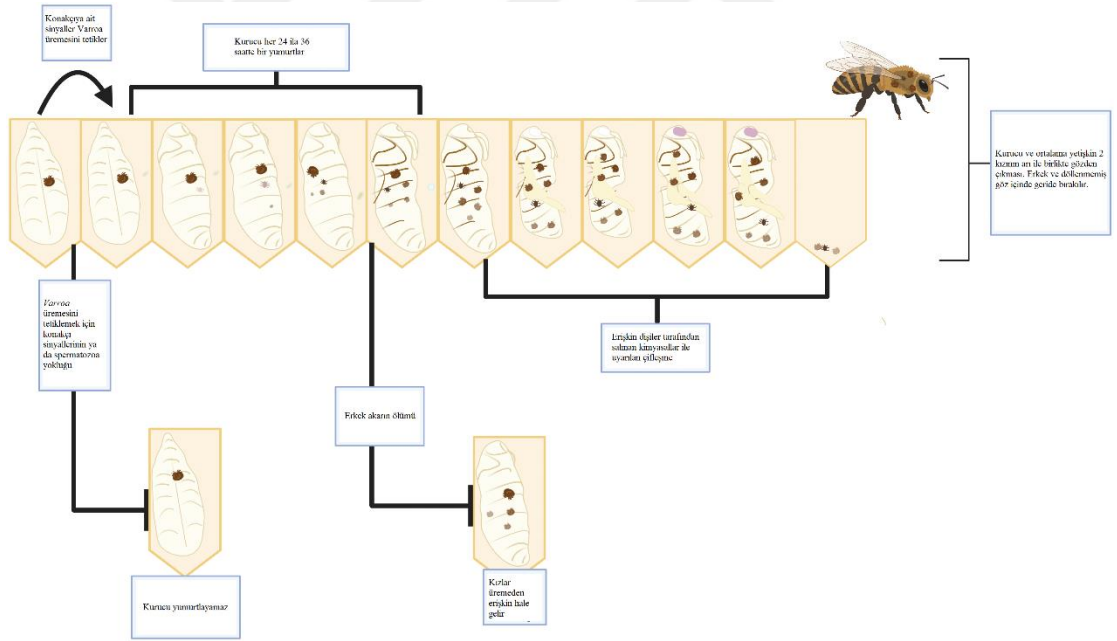
Deforme Kanat Virüsü Tip A'nın bir vektörü olduğunu fakat virüsün akar içerisinde çoğalmadığını tespit etmişlerdir.

Asya bal arısı (*Apis cerana*), *V. destructor*'un orijinal konakçısıdır ve aynı cinse ait diğer bir akar türü olan *V. jacobsoni*'nin de konakçısının Asya bal arısı olduğu bildirilmiştir (Anderson and Trueman, 2000). *Varroa jacobsoni* çoğunlukla Asya'nın çeşitli bölgelerinde *A. cerana* kolonilerinde bulunmaktadır, 2008 yılında bu akarın Papua Yeni Gine'de *A. mellifera* işçi ve erkek arı gözlerine giriş yaptığı tespit edilmiştir (Roberts et al., 2015). Bu durumun, *V. jacobsoni*'nin *A. mellifera* kolonilerine istila yapabileceğini gösterdiği ancak bu yeni durumun tam boyutunu anlamak için daha fazla çalışmaya ihtiyaç olduğu önerisinde bulunulmuştur. Başlangıçta, *V. jacobsoni*'nin konakçısını değiştirerek *A. mellifera* kolonilerini enfekte etmeye başlayan akar türü olduğuna inanılmaktaydı ancak 2000'li yılların başında *V. destructor* istila sebep olan asıl akar türü olarak tanımlanmıştır ve kısa süre sonra bu akar türünün *V. jacobsoni* ile filogenetik olarak ayrıldığı tespit edilmiştir (Anderson and Trueman, 2000). Bu karışıklık nedeniyle, 2000 yılından önce yayınlanan *V. jacobsoni*'nin *A. mellifera* üzerinde yaptığı istilalara dair çalışmalarda aslında *V. destructor*'a atıfta bulunulduğunun söylenebileceği bildirilmiştir (Reams and Rangel, 2022). *V. destructor* ilk olarak *A. cerana* kolonilerinden *A. mellifera* kolonilerine 1952 yılında Rusya'nın doğusunda geçiş yapmıştır (Oldroyd, 1999). *V. destructor*'un yaşam döngüsünde iki aşama vardır: üreme aşaması ve dağılma aşaması (Rosenkranz et al., 2010).



Şekil 1.5. *V. destructor*'un basitleştirilmiş yaşam döngüsü. A: Gebe dişi akar, işçi veya erkek arı larvası gözüne kapatılmadan önce girer. B: Gözün kapatılmasının ardından gebe dişi akar bir erkek ve birkaç dişi akar üretir. Bu dişiler göz içerisinde çiftleşir. C: Yetişkin arının gözden çıkması ile akarlar dağılma aşamasına geçer (Reams and Rangel, 2022)

Üreme aşamasını başlatmak için gebe yetişkin bir dişi akar, arı larvası gözüne giriş yapmaktadır ve giriş tamamlandıktan sonra bu dişi akar, geçici olarak gözün alt kısmında bulunan yavru sütünün içine girmekte ve daha sonra göz arının pupa oluşumunu başlatmak üzere kapatıldığında akar göz içerisinde hareket etmeye başlamaktadır (Ifantidis, 1988; Aumeier et al. 2002). Daha sonra kapalı gözdeki arı pupası bir kimyasal sinyal oluşturmakta ve bu sinyal akarı yumurta üretimi için harekete geçirmektedir (Garrido and Rosenkranz, 2003). Bir gebe dişi akar genellikle işçi gözünde dört ila beş, erkek arı gözünde ise beş ila altı yavru üretmektedir (Ifantidis, 1983; Martin, 1995). Göze giriş yapan akar, göz duvarı üzerinde bir beslenme yeri ve dışkı birikim yeri oluşturmaktadır (Donze and Guerin, 1994). Yumurtalarından çıkan akarlar olgunlaştıktan sonra, aralarındaki çiftleşme dışkı birikim yeri alanında sürdürülmektedir (Donze et al., 1996). Dişi akarların çiftleşmesinden sonra, yetişkin arı konakçının gözden çıkmasıyla dağılma aşaması başlamaktadır (Reams and Rangel, 2021).



Şekil 1.6. *V. destructor*'un üreme döngüsü (Reams and Rangel, 2021)

Akarın yaşam döngüsünün ikinci aşamasının, yakın zamana kadar "*phoretik*" aşaması olarak adlandırıldığı fakat günümüzde bunun yerine "dağılma" aşaması olarak teriminin kullanıldığı ve bu değişikliğin, artık akarın yetişkin arılar üzerinde beslenme yaptığını ve bu beslenmenin giriş potansiyeli olan yavru gözlerine taşınma aşamasında devam ettiğinin anlaşılması ile olduğu bildirilmiştir. Gerçek bir *phoretik* türde, konak sadece bir taşıma aracı olarak kullanılmakta ve konak üzerinde beslenme

olmamaktadır (Ramsey et al., 2019). Dağılım aşaması, yetişkin arının akarın giriş yaptığı bir gözden çıktığı zaman başlamaktadır. Göze ilk giriş yapan gebe dişi ve yetişkin kızları ergin arı gözden çıkmadan önce ona bağlanmaktadır, erkek ve tüm olgunlaşmamış dişiler geride bırakılmakta ve kısa süre sonra da geride bırakılan akarlar ölmektedir (Donze et al., 1996).

Gözden çıktıktan sonra, dişi akarlar yeni çıkmış orijinal konakçı arıdan ayrılıp hemşire arılar üzerine geçiş yapmaktadırlar (Kuenen and Calderone, 1997). *Varroa* akarlarının, muhtemelen bakıcı-besleyici arıların yavru gözlerine erişim imkanları sebebi ile bu arılar üzerine yayılmayı tercih ettikleri önerilmiştir (Xie et al., 2016). Ancak akarların yetişkin konakçı tercihi yıl boyunca değişebilmektedir (DeGrandi-Hoffman et al., 2016).

Akarlar, dağılma aşamasında yeni kolonilere erişim sağlayabilmektedir. Bunun olması, arıların yağma davranışı birlikte arıcılık uygulamaları yoluyla da olabilmektedir. Son olarak, akarların çiçekler aracılığıyla yeni kolonilere yayılabileceğine dair bazı kanıtlar tespit edilmiştir (Peck et al., 2016; Peck and Seeley, 2019).

Varroa destructor, dünya çapında arıcılık endüstrisinin hali hazırda karşılaştığı sorunlardan bir tanesi olmaya devam etmektedir. *Varroa* akarının hızlı yayılması *A. mellifera* popülasyonları üzerinde önemli etkiler yaratmış, bu etkiler arasında yaygın viral hastalık etmenlerinin hızlı yayılımı ve dünya genelinde büyük koloni kayıpları yer almaktadır. Akarın yaşam döngüsü genellikle iyi anlaşılrsa da dağılma aşamasıyla ilgili davranışsal çalışmalar yetersiz seviyede kalmaktadır. Dağılma aşamasının daha iyi anlaşılması, *Varroa*'nın göze giriş için karar verme sürecine ışık tutabilmesine yardımcı olacaktır. Ayrıca akarın çiftleşme ve konak seçimi için kimyasal iletişime olan bağımlılığı daha fazla araştırma gerektiren ve akarın davranışının önemli bir bileşenini oluşturduğu anlaşılmıştır. Kimyasal ekolojinin üreme aşamasında akarın konak seçiminde nasıl rol oynadığının belirlenmesinin, gelecekteki akar kontrol yöntemleri için önemli bir adım olacağı önerilmiştir (Reams and Rangel, 2021).

1.8. Hijyenik Davranış

Grup halinde yaşam yalnız yaşama göre canlılara bazı avantajlar sağlamaktadır. İş birliği ve paylaşımı yapma; yavruların bakımında, besin bulunmasında ve avcılara karşı savunmada canlıların etkinliğini arttırmaktadır. Bu sebep ile birçok yaşam

alanında sosyal böcekler baskın türler haline gelmiştir fakat grup halinde yaşamın kendine has bazı sorunları da mevcut bulunmaktadır. Bu sorunlardan en önemlisi, bulaşıcı hastalıklar ve parazitlerin grubu oluşturan bireyler arasında hızla yayılmasıdır. Doğal olarak; arılar, karıncalar ve termitler gibi sosyal böcekler, kolonileri içinde patojenlerin ve hastalıkların yayılmasını önlemek için farklı davranışsal uyumlar geliştirmiştir (Cremer et al., 2007; Leclercq et al., 2017; Spivak and Danka, 2020; Jamal et al., 2021). Bu davranışlar genelde hastalıklı bireylerin kovandan uzaklaştırılmasını ya da hastalık kaynağından uzak durulmasını içermektedir ve bu mekanizmalara “sosyal bağışıklık” adı verilmektedir. Bal arıları neredeyse 20’den fazla virüse, parazitlere, bir takım bakteri ve fungal patojenlere konakçılık yapmaktadır. Bal arıları virüs, bakteri, fungus ve parazitlerin etkisini hijyenik davranış ile baskılamaktadır. Hijyenik davranış yavru hastalıklarının ve *Varroa* parazitlerinin baskılanmasında büyük rol oynamaktadır (Richard et al., 2008; Richard et al., 2012; Spivak and Reuter, 2001). Özellikle arıların hijyenik davranışı; patojenlerin bulaşmasını azaltma, *Varroa* akarına karşı direnç geliştirme ve kolonilerinin sağlığını iyileştirme mekanizmalarını anlamak amacıyla yaklaşık 80 yıldır incelenmektedir (Spivak and Danka, 2020).

"Hijyenik davranış" terimi, Rothenbuhler (1964) tarafından, işçi arıların hastalıklı ve ölü yavruları gözlerden tespit etme, pupanın açılması ve yavrunun gözden çıkarılması yeteneklerini tanımlamak için kullanılmıştır. Bu davranışın amacı, enfeksiyonu en aza indirmek için hastalıklı ve ölü yavruları gözlerden uzaklaştırmak olarak tanımlanmıştır (Peng et al., 1987; Boecking and Spivak, 1999; Spivak and Reuter, 2001). Arıların hijyenik davranışı, iki yöntemle ölçülmektedir ve bunlar: "İğneleme öldürme" ve "Dondurarak öldürme" metotlarıdır (Khan and Ghramh, 2021). *Apis mellifera*’nın hijyenik davranışı temelde 2 aşamadan oluşmaktadır, ilk olarak arılar bal mumu kaplı hasta ya da ölü yavrunun bulunduğu gözü açmakta ve ardından yavruyu gözden çıkarıp kovandan uzaklaştırmaktadır (Spivak and Gilliam, 1998).

Hijyenik davranışın, eğer arılar patojenleri zamanında kovandan uzaklaştırabilir ise hastalık ve zararlılara karşı bir savunma mekanizması haline geldiği bildirilmiştir. Hijyenik davranışın, aynı zamanda bal arısının *Varroa destructor* parazitine karşı kullandığı savunma mekanizmalarından biri olduğu aktarılmıştır. Hijyenik davranış sırasındaki yavrunun gözden çıkarılıp kovandan uzaklaştırılması işleminin, parazitin üreme döngüsünü bozduğundan oluşan parazit sayısını kısıtladığı tespit edilmiştir

(Gramacho and Spivak, 2003). Hijyenik davranış çalışmalarında 48 saat içinde ölü yavruların %95 ve üstünü temizleyebilen bal arısı kolonilerinin, hijyenik olarak kabul edildiği bildirilmiştir (Güler ve Toy, 2013). Hijyenik davranışın Amerikan yavru çürüklüğü (Spivak and Gilliam, 1998; Spivak and Reuter, 2001; Al-Ghamdi et al., 2018), Kireç hastalığı (Palacio et al., 2010) ve Varroa akarı gibi arı hastalık ve zararlılarına karşı başarılı bir savunma mekanizması olduğu aktarılmıştır (Spivak, 1996; Rinderer et al., 2010; Spivak and Danko, 2020).

Hijyenik davranış ve tımar davranışı gibi sosyal davranışlar, kimyasal ipuçları ile ayarlanmaktadır. Hasta ve sağlıklı koloni bireylerinin ayrılmasında kutiküler hidrokarbon profilleri etkili olmaktadır. Bu hidrokarbonlar, bal arılarında iletişim feromonları olarak işlev görmektedir. Koloniyi oluşturan bireylerin her birisinin özel bir hidrokarbon profili vardır ve bu profiller her bir koloni için özelleşmiştir. Kutiküler hidrokarbon profilleri, bal arılarının bağışıklık sistemi tarafından değiştirilebilmektedir. *Varroa destructor* tarafından istila edilen ya da viral bir etmen tarafından enfekte olan ergin arıların hidrokarbon profilleri tamamen değişmekte ve bu arıların diğer kovan bireyleri tarafından yüksek seviyede tımar davranışına maruz kalmalarına sebep olmaktadır. Sağlıklı kolonilerde süreç bu şekilde yürümesine rağmen, viral etmenler bulaşan kolonilerde hasta bireyler çoğunlukla sağlıklı bireyler tarafından koloniden atılmaktadır. Bu davranış şeklinin kolonide oluşabilecek epidemilerin önüne geçmede en etkili çözüm olduğu bildirilmektedir (Baracchi et al., 2012; Howard and Blomquist, 2004).

Ölü ve hastalıklı gözü kapatılmış yavruların tespiti, balmumu göz kapağına nüfuz eden uçucu koku sinyallerine dayanmaktadır. Oktopamin bal arısı beyinde nöromodülatör olarak görev alan, koku öğreniminde ve hafıza formasyonunda önemli rol oynayan bir kimyasaldır ayrıca hijyenik davranış gibi karmaşık davranışları etkilemektedir. Yüksek seviyede hijyenik davranış gösteren arılarda oktopamin salgısının, düşük seviyede hijyenik davranış gösteren arılara göre daha fazla olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca oktopamin baskılayıcısı olan epinastin takviyesi yapılan yüksek seviyede hijyenik davranış gösteren arıların anormal yavru kokularına karşı gösterdiği koku alma tepkisinin azaldığı, bunun tam aksine oktopamin takviyesi yapılan düşük seviyede hijyenik davranış gösteren bal arılarının anormal yavru kokuların karşı gösterdiği koku alma tepkisinin arttığı gözlenmiştir. Oktopaminin koloni içerisinde aynı yaş grubundaki hijyenik davranış göstermeyen arılara nazaran

hijyenik davranış gösteren arıların antenlerinde daha fazla bulunduğu tespit edilmiştir (Spivak et al., 2003; Scannapieco et al., 2017).

Arılarda, hijyenik davranışın kalıtsal olduğu ve iki ila yedi kantitatif özellik lokusu tarafından kontrol edildiği tespit edilmiştir (Rothenbuhler, 1964; Moritz, 1988; Lapidge et al., 2002; Oxley et al., 2010). Bazı arı ırklarının, işçi gözlerindeki Varroa akarı üreme başarısını düşürerek, akar istila seviyesini en aza indirme yeteneğine sahip olduğu bildirilmiştir (Harris et al., 2012; Danka et al., 2013; Leclercq et al., 2017; Spivak and Danka, 2020). Genellikle hem çevre hem genotip hem de bunların ilişkisi arıların hijyenik davranışı için belirleyici faktörler olmaktadır (Khan and Ghramh, 2021).

Rothenbuhler (1964), çalışmasında kullanacağı bal arısı kolonilerini üretmek için öncelikle, yüksek seviyede hijyenik davranış gösteren kolonilerden elde ettiği ana arılar ile düşük seviyede hijyenik davranış gösteren kolonilerden elde ettiği erkek arıları çiftleştirmiştir. Bu çiftleşmelerin ardından oluşturduğu kolonilerden yeni erkek arılar elde etmiş ve ardından ilk çiftleştirme aşamasında kullandığı yüksek seviyede hijyenik davranış gösteren kolonilerden elde ettiği yeni ana arıları, bu erkek arılar ile çiftleştirmiştir. Bu çiftleştirme sonunda elde ettiği bal arısı kolonilerini çalışmasında kullanmıştır. Çalışması sonucunda, hijyenik davranışın iki lokus tarafından kontrol edildiği hipotezini ortaya koymuştur. Bu hipoteze göre ölü veya hasta yavru bulunan yavru gözünün kapağının açılmasının bir genin resesif allelinin homozigotluğuna, yavrunun gözden çıkarılıp koloniden uzaklaştırılmasının ise başka bir genin resesif allelinin homozigotluğuna bağlı olduğunu bildirmiştir.

Moritz (1988), hijyenik davranış sırasında içerisinde hasta ya da ölü yavru bulunan gözün kapağı açma ve hasta ya da ölü yavrunun uzaklaştırılması davranışları arasında genetik bir korelasyon bulunmadığını bildirmiştir. Orta seviyede hijyenik davranış gösteren arı kolonilerinin iki lokus modeline uymadığını ve hijyenik davranışın kontrolünün iki lokus tarafından kontrol edilmesi modelinin, bu davranış için basit olacağı fikrini ortaya atmıştır. İki lokus modelinin aksine hasta ya da ölü yavruların uzaklaştırılması davranışının 2 lokus tarafından kontrol edildiğini ve bu davranışın performansının bu iki gen arasındaki epistatik etki ile ayarlandığını bildirmiştir. Moritz, çalışmasının sonuçlarına rağmen hijyenik davranış gibi karmaşık bir sosyal davranışın basit Mendel genetiği prensipleri ile ayarlanmayacağı önerisinde bulunmuştur.

Her iki araştırmacıda hijyenik davranış performansının çevre faktörlerinden yoğun olarak etkilendiğini gözlemlemiştir.

Lapidge vd. (2002); Rothenbuhler gibi ürettikleri bal arısı kolonileri üzerinde yaptıkları hijyenik davranış testi çalışmasında, hijyenik davranışın yedi kantitatif özellik lokusu tarafından kontrol edildiğini tespit etmişlerdir. Çalışma sonucunda Rothenbuhler ve Moritz'in elde ettiği gibi hijyenik davranışın 2 ya da 3 lokus tarafından kontrol edildiğini bulmayı ummalarına rağmen, bu lokuslara ait herhangi bir veri elde edememişlerdir. Çalışmalarından elde ettikleri veriler ışığında hijyenik davranışın daha çok kantitatif şekilde kalıtıldığını ve Rothenbuhler'in önerdiği gibi hijyenik davranış performansı üzerinde genetik yapının etkisinin güçlü olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmalarında kullandıkları kolonilerin üretim şekli Rothenbuhler'in çalışması ile aynı olmasına rağmen test şeklinin farklı olması sebebiyle, her iki çalışmanın verilerinin karşılaştırılmasının uygun olmadığı önerisinde bulunmuşlardır. Rothenbuhler çalışmasında hijyenik davranış testi için Amerikan Yavru Çürüklüğü hastalığının etmeni olan *Paenibacillus larvae* bakterisini kullanmış, Lapidge vd. çalışmalarında ise hijyenik davranış testi için sıvı azot ile dondurarak öldürme yöntemini kullanmışlardır.

Oxley vd. (2010); Lapidge vd. ve Rothenbuhler'in çalışmalarında olduğu gibi ürettikleri bal arısı kolonilerinin üzerinde yaptıkları hijyenik davranış testi çalışmasında, hijyenik davranışın altı kantitatif özellik lokusu tarafından kontrol edildiğini tespit etmişlerdir. Çalışmalarında davranış ve koku öğrenim yollarını etkileyen *Hgy1* kantitatif özellik lokusu ile ilişkili 4 adet gen bulmuşlardır. Özellikle *Hgy1* lokusu ile ilişkili genlerin üç tanesinin koku tanımlanmasında ya da koku ile ayarlanan davranış tepkilerinde etkili olduğunu tespit etmişlerdir. Çalışmada ayrıca feromon bağlayıcı özelliği bulunan ve sadece antenin koku alma ile ilişkili bölgelerinde ifade edilen *Asp1* geninin de hijyenik davranış performansı üzerinde etkisinin olduğunu belirlemişlerdir. Çalışmalarının sonuçları ışığında hijyenik davranışın birçok lokus tarafından kontrol edildiği ve hijyenik davranışın her parçasının, Rothenbuhler'in önerdiği gibi farklı lokuslar tarafından kontrol edildiğini bildirmişlerdir.

Boutin vd. (2015) hijyenik davranış üzerine yaptıkları gen ifadesi çalışmasında hijyenik davranışın; göz yapımı, kovan koruması ve ölü bireylerin kovandan atılması gibi yaşa bağlı değişen davranışların aksine daha az gen ile sıkı şekilde ayarlandığını

tespit etmişlerdir. Bu durumun yaşa ya da cinsiyete bağlı değişen görevlerin çevre şartlarından, hijyenik davranışa göre daha fazla etkilenmesi ile açıklanabileceği önerisinde bulunmuşlardır. Çalışmada, hijyenik davranışın 96 adet gen tarafından ayarlandığı sonucuna ulaşmışlardır. Araştırmacılar elde ettikleri sonuçlar ışığında hijyenik davranışı ayarlayan genlerin, hijyenik davranış ve özellikle ölü yavrunun tespiti sırasında ihtiyaç halinde değil sürekli ifade edildiği ayrıca bu durumun yaşa bağlı olarak değişmediği hipotezini ortaya atmışlardır. Çalışmada hijyenik davranışı ayarlayan genlerin az sayıda lokus üzerinde bulunduklarını fakat bu genlerin ifadesinin kontrolü ile ilgili parametrelerin tüm genom üzerinde yayılım gösterdiğini tespit etmişlerdir. Çalışmada elde edilen verilerin, önceki çalışmalarda elde edilen veriler ile uyumlu olarak hijyenik davranışın az sayıda gen tarafından ayarlandığı sonucunu ortaya koyduğunu bildirmişlerdir.

Güler ve Toy (2013) yaptıkları çalışmada, bal arısı kolonilerinin hijyenik davranış performansının tehlike kaynaklarının yoğunluğuna göre değişim gösterdiğini tespit etmişlerdir. Tehlike kaynakları sebebi ile koloni strese girdiğinde hijyenik davranışta bir düşüş meydana geldiğini, kolonilerin nektar akımının yoğun olduğu ve yavru üretiminin sınırlandığı dönemlerde en yüksek hijyenik davranış performansını gösterdiklerini fakat bu davranışın direk değil dolaylı davranış olarak kabul edilmesi gerektiği önerisinde bulunmuşlardır. Yoğun ergin işçi arı popülasyonuna sahip ve yüksek oranda bal mumu üreten bal arısı kolonilerinin daha yüksek performansta ölü yavru uzaklaştırma oranına sahip olduklarını gözlemlemişlerdir.

1.9. Genetik Çeşitlilik

Genetik çeşitlilik; bir türün bir ırkı veya bir popülasyonu içinde, bireylerin arasında bulunan genetik değişkenliğin miktarıdır. Bu durum; kalıtım sürecinde genetik materyalin (DNA) rekombinasyonu, mutasyonlar, gen akışı ve genetik sürüklenme gibi faktörlerin sonucunda oluşabilmektedir (Brown, 1983).

Genetik çeşitlilik; DNA dizisi, epigenetik profiller, protein yapıları veya izoenzimler, fizyolojik ve morfolojik özelliklerde farklılıklara yol açabildiği gibi popülasyonların seçilimi ve evrimi için ana itici güçlerden de birisidir. Genetik çeşitlilik, bir popülasyonda bulunan bir genin alellerinin etkileri ve dağılımları şeklinde özetlenebilir. Ayrıca bir popülasyonun sağlıklı şekilde devam edebilmesi açısından da önemlidir. Bunun sebebi olarak genetik çeşitliliğin popülasyonun

zararlılara, hastalıklara veya diğer stres koşullarına karşı direnç sağlayabilecek farklı genlere sahip olmayı sürdürmesini sağlaması ayrıca bireylerin çeşitli biyotik ve abiyotik stres faktörlerine uyum sağlamasını da mümkün kılması gösterilebilir (Salgotra and Chauhan, 2023).

Günümüze kadar birçok yerel türün soyu tükenmiş ya da tükenmek üzeredir ve bu durum, genetik çeşitlilikte küresel bir kayba yol açmaktadır. Endüstri devriminden bu yana türler içindeki genetik çeşitliliğin, küresel olarak %6 oranında azalmış olabileceği bildirilmiştir. Bu durum birçok türün iklim değişikliği, çevre kirliliği ve yeni hastalıklar gibi zorluklarla karşılaştığında, adapte olma yeteneklerinin azaldığı anlamına gelmektedir. Bir türün sahip olduğu genetik çeşitlilik oranında fazla miktarda düşüş meydana gelirse, bu türe ait popülasyonların yaşama güçleri düşebilir (Minter et al., 2021).

Genetik markör polimorfizmleri, yetiştiriciliği yapılan birçok çiftlik hayvanında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan araçlardır. Bal arılarında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde birçok markör tipi kullanılmasına rağmen, mikrosatelit DNA markörlerinin; kodominant özellikte olmaları, gösterdikleri yüksek polimorfizm oranları ve tüm genomda bulunmaları nedeniyle genetik çeşitlilik çalışmalarında yaygın olarak kullanımı tercih edilmektedir (Mercan ve Okumuş, 2015).

Ülkemiz yerli bal arısı genotipleri bakımından çok zengin bir bal arısı gen kaynağı merkezidir. Ülkemiz yerli bal arısı genotiplerinin korunması için, kendi yayılım alanlarında genetik bulaşımın engelleneceği bir biçimde izole bölgelerde korunması gerekmektedir (Güler, 2017).

1.10. Tek Nükleotid Polimorfizmi

Moleküler işaretleyiciler, ilgi duyulan bir özelliğe ilişkilendirilmiş nükleotid dizileridir ve DNA seviyesindeki polimorfizmleri ortaya çıkartmaktadırlar (Adhikari et al., 2017; Salisu et al., 2018).

Tek nükleotid polimorfizmleri (SNP), temel olarak bir nükleotidin başka bir nükleotid ile yer değiştirilmesi olarak tanımlanmakta ancak SNP'lerin tanımı nükleotid dizisine bir nükleotidin eklenmesi veya silinmesini de içermektedir. SNP'ler, genomun hem kodlama yapan hem de kodlama yapmayan bölgelerinde tespit edilmiş ve genomdaki zenginlikleri nedeniyle de baskın işaretleyici tiplerinden biridir. Yeni nesil dizileme teknolojisindeki ilerlemeler ve yüksek verimli genotipleme yöntemleri, geniş

kapsamlı SNP tespitini büyük ölçüde kolaylaştırmıştır. Bu nedenle; konum temelli klonlama, markör destekli seleksiyon, yüksek yoğunluklu genetik haritaların oluşturulması ve genlerin izole edilmesi uygulamalarında SNP'ler, etkili bir şekilde kullanılmaktadır. Ayrıca genom üzerindeki SNP'ler; ırklar arasındaki genetik çeşitlilik, yapı ve ilişkiyi anlamak için yetiştirme ve özelleşme süreçlerinde de kullanılmaktadır (Beuzen et al., 2000; Liu and Cordes, 2004; Adhikari et al., 2017; Nogueira et al., 2022; Bülbül et al., 2023).

SNP'ler, kompleks özellikler ve hastalıkların genetik incelenmesinde diğer markör türlerine karşı bir avantaja sahiptir. SNP'ler popülasyonlar üzerinde gen tanımlama çalışmalarında da çok etkili bir tanımlama yöntemidir. Genom üzerinde bulunan SNP'lerin yüksek frekansı, özellik ya da hastalık genlerinin keşfedilmesi çalışmalarında onlara açık bir üstünlük sağlamaktadır (Schork et al., 2000).

1.11. Çalışmanın Amacı

Türkiye'deki yerli bal arısı genotiplerinin korunması ve sahip oldukları genetik çeşitliliğin sürdürülmesinde, bu genotiplere ait popülasyonların genetik çeşitlilik durumlarının tespit edilmesi önem arz etmektedir. Bu sebeple çalışmanın ilk kısmında ülkemiz önemli gen kaynaklarından olan ve Ondokuz Mayıs Üniversitesi bünyesinde yetiştiriciliği yapılan Kafkas ve Karadeniz arısı genotiplerinin genetik çeşitlilik durumlarının tespit edilmesi amaçlanmıştır.

Varroa paraziti ile mücadele etmek için, bu parazite karşı dayanıklı ve yüksek seviyede hijyenik davranış gösteren ırkların geliştirilmesi gerekmektedir. Bu sebeple çalışmamızın ikinci kısmında *Varroa*'ya karşı hassas hijyenik davranış ile ilişkili SNP bölgelerinin, genetik çeşitlilik durumlarının tespit edildiği genotipler üzerinde taranması amaçlanmıştır.

Genetik ıslah çalışmalarında kullanılacak moleküler markörlerin geliştirilmesi için; hijyenik davranış sürecindeki genetik ve epigenetik faktörlerin ortaya çıkarılması önem arz etmektedir. Çalışmanın uzun vadeli amacı ise ileride tasarlanacak *Varroa*'ya karşı hassas hijyenik davranış ile ilgili genetik ıslah çalışmaları için bir temel oluşturulması amaçlanmıştır.

2. MATERYAL VE YÖNTEM

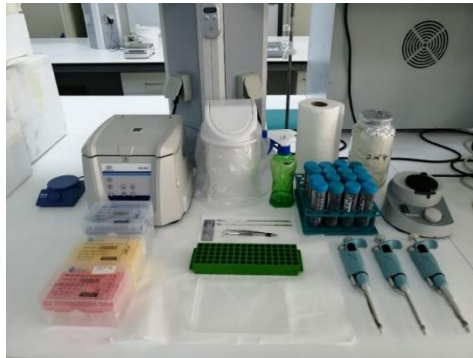
Çalışma kapsamında 84 adet bal arısı kolonisi üzerinde genetik çeşitlilik analizi ve *Varroa destructor*'a karşı hijyenik davranış ile ilgili 5 adet SNP bölgesinin taraması yapılmıştır.

2.1. Bal Arısı Örneklerinin Toplanması

Çalışma için kullanılacak bal arısı örnekleri, Ondokuz Mayıs Üniversite Ziraat Fakültesi Arıcılık Araştırma ve Uygulama Ünitesi'nde Prof. Dr. Ahmet GÜLER tarafından hijyenik davranış yönünden selekte edilmiş bal arısı kolonilerinden alınmıştır. Çalışmada kullanılan bal arısı kolonilerinin bir bölümünü, Prof. Dr. Ahmet Güler tarafından yürütülen PYO.ZRT.1904.20.004 numaralı “Farklı Karakterler Yönünden Islah Edilmiş Kafkas arısı (*Apis mellifera caucasica*) ile Karadeniz Bölgesi Arı Genotipinin Karşılıklı Melezlenmelerinde Oluşabilecek Heterosisin Belirlenmesi” adlı proje kapsamında üretilen koloniler oluşturmaktadır. Bal arısı örneklerinin alımları 2021 Eylül ayında, toplam 2 günde ve arıların sakin olduğu sabah saatlerinde yapılmıştır. Çalışmada kullanılan örnek materyali; 33 adet Kafkas arısı kolonisi, 22 adet Karadeniz arısı kolonisi ve 29 adet Kafkas x Karadeniz melezi kolonilerinden olmak üzere 84 adet bal arısı kolonisinden gelen örnekler ile oluşturulmuştur. Her bir koloni için 50 ml hacimli santrifüj tüpünü dolduracak kadar işçi arı örneği alınmıştır. Alınan bal arısı örnekleri, bozulmamaları için saklanmak üzere alım sırasında peyder pey -20 °C sıcaklıktaki dondurucuya kaldırılmıştır.

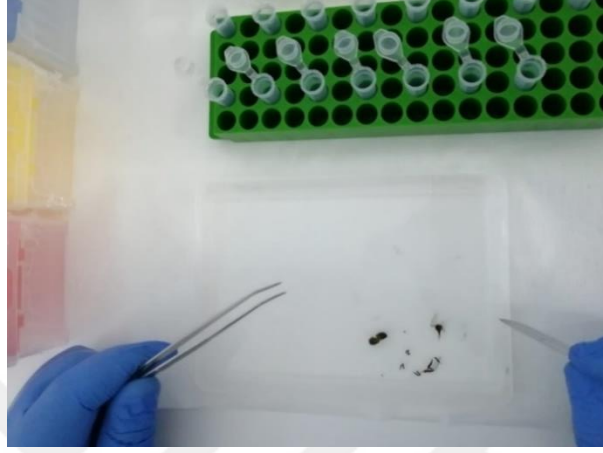
2.2. DNA Özütleme İşlemleri

Toplanan bal arısı örneklerinin DNA özütlemesi, tarafımızca laboratuvarımızda optimize edilen DNA özütleme protokolüne göre yapılmıştır. Kullanılan protokol CTAB (setil trimetil amonyum bromür) temelli bir DNA özütleme protokolüdür.



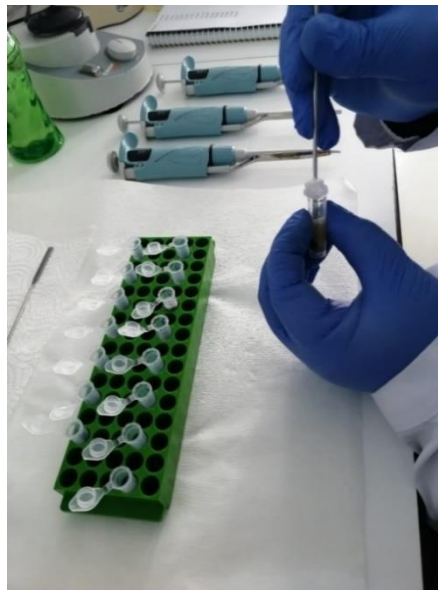
Şekil 2.1. DNA özütlemesinde kullanılan malzemeler

DNA özütlemeye protokolünün basamakları şu şekildedir: Öncelikle DNA özütlemesi uygulanacak bal arısı örneklerinin fiziksel hazırlığı yapılmıştır. Bu işlemler sırasında her bir koloni için 10 adet işçi arı örneğinin baş, bacak ve kanat kısımları uzaklaştırılmış. Ardından gövdelerin kalan kısımları 2 ml hacme sahip mikrosantrifüj tüpüne aktarılmıştır.



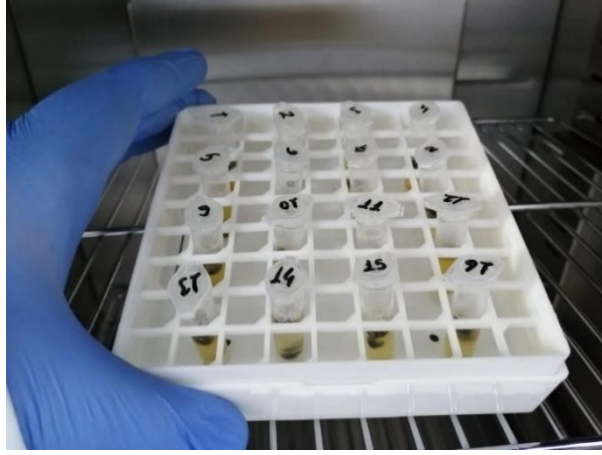
Şekil 2.2. Bal arısı örneklerinin fiziksel olarak hazırlanması

Tüplere alınan örneklerin üzerine 1000 μ l özütlemeye tamponu eklenmiş ve ardından tampon içerisinde bulunan arı örnekleri metal çubuklar vasıtası ile tüpün içerisinde ezilmiştir. Ezilen ve tampon ile karışan örnek materyalinin üzerine 100 μ l sodyum dodesil sülfat çözeltisi eklenmiş ve tüm tüpler vorteks cihazı yardımı ile karıştırılmıştır. (Özütlemeye tamponu: 50 mM Tris-HCl, %2 CTAB, 1 M NaCl, %2 β -merkaptoetenol, 10 mM Na₂EDTA)



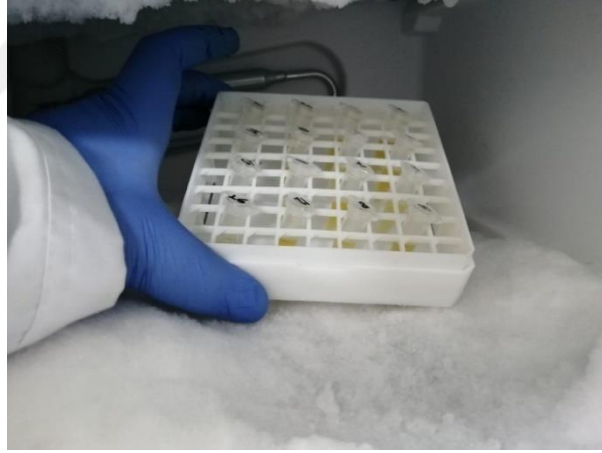
Şekil 2.3. Fiziksel olarak hazırlanmış ve özütlemeye tamponu eklenmiş bal arısı örneklerinin tüp içerisinde ezilmesi

Özütleme tamponu ve SDS çözeltisi ile muamele edilen bal arısı örnekleri 70 °C’de 60 dakika inkübasyona bırakılmıştır.



Şekil 2.4. 70 °C’de inkübasyona bırakılan bal arısı örnekleri

İnkübe edilen örnekler 5000 rpm’de 8 dakika boyunca santrifüj edilmiş ve santrifüj işlemi sonucunda oluşan süpernatant yeni bir tüpe aktarılmıştır. Çökelek ise uzaklaştırılmıştır. Yeni tüplere alınan süpernatantlar, soğutulmak üzere 3 dakika -20 °C’de bekletilmiştir.



Şekil 2.5. -20 °C’de soğumaya bırakılan süpernatantlar

Soğutulan süpernatantların üstüne 400’er µl kloroform ve 5 M NaCl çözeltisi eklenmiştir. Eklemelerden sonra tüpler 30 saniye boyunca hafifçe çalkalanmıştır ve ardından 5000 rpm’de 10 dakika santrifüj edilmiştir.



Şekil 2.6. Süpernatantlara kloroform ve NaCl çözeltisinin eklenmesi

Santrifüj işleminden sonra tüplerin içerisinde oluşan 3 fazlı yapının üst fazı yeni bir tüpe alınmış ve geri kalan kısımlar ise uzaklaştırılmıştır.

Yeni tüpe alınan üst fazların üzerine 1000 µl soğuk saf etanol eklenmiştir ve tüpler hafifçe çalkalanmıştır. Etil alkol eklenen örnekler 13000 rpm’de santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra süpernatantlar uzaklaştırılmış. Tüplerin dibine çöken pelletlerin üzerine 1000 µl %70’lik etanol çözeltisi eklenmiştir ve tüpler 10000 rpm’de 10 dakika boyunca santrifüj edilmiştir.

Santrifüj işleminden sonra süpernatant uzaklaştırılmış ve tüpler çeker ocakta kurumaya bırakılmıştır. Kurutma işleminden sonra tüplere 100 µl TE (Tris-EDTA) çözeltisi eklenmiş ve tüpler DNA’ların çözünmesi için 24 saat boyunca 4 °C’de bekletilmiştir.

Bu çalışmada, DNA ve RNA örneklerinin saflık değerlerinin belirlenmesi için spektrofotometrik ölçümler yapılmıştır (Thermo Scientific NanoDrop 2000c, ABD) Spektrofotometre, belirli dalga boylarında örneğin ışığı emme yeteneğini ölçerek, örneğin kimyasal bileşenlerinin miktarını ve saflığını belirlemek için kullanılan bir cihazdır. Nükleik asitler (DNA ve RNA), 260 nm dalga boyunda maksimum absorbansa sahipken, proteinler ise 280 nm dalga boyunda maksimum absorbansa sahiptir. Bu nedenle, nükleik asitlerin ve proteinlerin ölçümlerinde bu dalga boyları dikkate alınır. Beklenen saflık değeri DNA ölçümleri için yaklaşık olarak 1.8 RNA ölçümleri için ise yaklaşık olarak 2,0’dır. Bu değerler, nükleik asitlerin saflığını gösterir. Ayrıca, 230 nm dalga boyunda elde edilen absorbans değerleri kontaminasyon

olarak kabul edilir. Sonuç olarak, spektrofotometre kullanılarak 260 nm, 280 nm ve 230 nm dalga boylarındaki absorbans değerleri ölçülerek nükleik asitlerin miktarı ve saflığı belirlenebilir. 260/280 oranı nükleik asitlerin saflık değerini verirken, 260/230 oranı kontaminasyonu gösterir.

2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu İşlemleri

Çalışmada kullanılan bal arısı örneklerinin genetik çeşitlilik analizleri için çalışılacak olan 30 adet mikrosatelit lokusu PZR ile çoğaltılmış ve üzerinde çalışılan bal arısı örneklerinin genetik yapıları ortaya çıkarılmıştır. Çalışmanın PZR ve PZR-RFLP işlemleri termal döngü cihazında yapılmıştır (Bio-Rad T100, ABD). Bu lokusların çoğaltımında kullanılan primerler ve nükleotid dizilişleri Tablo 2.1.'de verilmiştir.

Tablo 2.1. Çalışmada kullanılan mikrosatelit markörlere ait primerler (Solignac et al., 2003)

Primer Adı	Primer Dizisi (5'-3')	
	İleri	Tersine
Ap223	TCGTACAACGTGCGCAA	GCCGCTCGCCTGTATCTG
Ap238	GTCTCGTGCGTGCGAATG	TTCATCATGTTCTCAAATTTCTTTGT
Ap273	GATCTTGTGTAAACAGCCG	GATCTCTGGCAGACGAAGAG
Ap226	AACGGTGTTCGCGAAACG	AGCCAACTCGTGCGGTCA
Ap289	AGCTAGGTCTTTCTAAGAGTGTG	TTCGACCGCAATAACATTC
Ag005a	TGTTCCGGCAAGCTGAAG	GTGCTCCGCAACAACGTG
Ap243	AATGTCCGCGAGCATCTG	TGTTTACGAGAATTCGACGGG
Ap085	GATCAACACACAAACGAAAGC	ACCGGAAGCCTAATCAAGG
Ac011	CTTACGCCAATCTCTCCACG	CGGTTAATTTTCGTTTCTCGC
Ap218	AGGGATGGAATTCTTCGATT	TTGTCACAATTCCGCTTGA
Ap001	ACACGCGAACAATACAACA	ACTAATCGGCACGATGAAG
A008	CGAAGGTAAGGTAAATGGAAC	GGCGGTTAAAGTTCTTG
Ap015	GGGGTAACGAGAGAGG	TGTACGAGCACGCAATC
A043	CACCGAAACAAGATGCAAG	CCGCTCATTAAGATATCCG
Ac306	GAATATGCCGCTGCCACC	TTTCGTTGCATCCGAGCG
A113	CTCGAATCGTGCGCTCC	CCTGTATTTTGCAACCTCGC
At003	GATCATTTCTTTCATTCTTCTCTC	CATGCTCGACTATTCCGCG
A028	GAAGAGCGTTGGTTGCAGG	GCCGTTTCATGGTTACCACG
Ap249	CGCGCGACGACGAAATGT	CAGTCCTTTGATTCCGCGTACC
A(B)124	GCAACAGGTCGGGTTAGAG	CAGGATAGGGTAGGTAAGCAG
Ap307	CGTAACGATATTCCACGCGAG	TCCCAGATAACGCCGTTGAC
Ap256	CCAAGTCGCTTCATCATCGT	CCTAAGGTCTACACCCCGT
Ap207	GCTGCGGCCAACGCTAAC	GACACGGCTCGCGACCA
Ap274	ATATCCCGGTGGCCACGT	TGTCGCCACGCATAACTCG
Ap068	TGTCTGCCCTCCTCTCTGTT	CACATCGAGCGAGAAGGC
Ap033	TTTCTTTTGTGGACAGCG	AAATATGGCGAAACGTGTG
A(B)024	CACAAGTTCCAACAATGC	CACATTGAGGATGAGCG
Ap043	GGCGTGACAGCTTATTC	CGAAGGTGGTTTCAGGCC
A079	CGAAGGTGCGGAGTCCTC	GTCGTGCGACCGATGCG
Ap297	GGGTTGAGATGCTAGAAACGA	CGTCTATTGGAAGAAACGCTG

Çalışmada kullanılan bal arısı örneklerinde, hijyenik davranış ile ilişkili Güney Kore'de yetiştiriciliği yapılan bal arısı kolonilerinde tespit edilen SNP bölgelerinin

taranmasında iki farklı yöntem kullanılmıştır. Bunlardan ilki allel spesifik PZR yöntemi, ikincisi ise PZR-RFLP yöntemidir.

Allel spesifik PZR yönteminde kullanılan primerler Tablo 2.2’de, PZR-RFLP yönteminde kullanılan primerler ise Tablo 2.3.’te verilmiştir (ASNP: Aday SNP).

Tablo 2.2. Çalışmada kullanılan allel spesifik PZR primerleri (Kim et al., 2019)

Primer Adı	Primer Dizisi (5’-3’)
ASNP1-F1	TTTGTCTTCAAACAAACATGC
ASNP1-F2	TTTGTCTTCAAACAAACATTC
ASNP1-F3	TTTGTCTTCAAACAAACATTT
ASNP1-R	AAACGTTACCCCATGGATC
ASNP2-F1	AAGCTTTGAAATTTTTCTC
ASNP2-F2	AAGCTTTGAAATTTTTTCGC
ASNP2-F3	AAGCTTTGAAATTTTTTCGT
ASNP2-R	AACAATTTTTGTTCCATGC

Tablo 2.3. Çalışmada kullanılan PZR-RFLP primerleri (Kim et al., 2019)

Primer Adı	Primer Dizisi (5’-3’)	
	İleri	Tersine
ASNP3	ATTAGGCACGATAATAATCG	GTTTTTAAAAATTCTACAG
ASNP4	AAATTATATCTTCTTCTGAA	AATATATTTATAGATTTGATTC
ASNP5	AAGAGTGAAAATGCTGAGAC	TTTACACATCAAAAATTGAC

Çalışmada kullanılan mikrosatelit lokusların 27 adedi (10 adet set) multipleks PZR yöntemi ile çoğaltılmıştır. Multipleks PZR işlemi kullanılmadan çoğaltılan bölgeler Ap043, A079 ve Ap297 bölgeleridir.

PZR işlemlerine geçilmeden önce liyofilize halde temin edilen primerler kısa bir mini spin işleminin ardından steril kabin içerisinde yoğunlukları 100 µM olacak şekilde sulandırılmıştır. Sulandırmanın ardından tekrar mini spin işlemi yapılan primerlerin 10 µ’lik miktarı seyreltme için alınmış geri kalan kısımları stok olarak saklanmıştır. Kullanım için seyreltilen primerlerin yoğunluğu 10 µM olarak ayarlanmıştır. PZR reaksiyonlarının tamamı 96 kuyucuklu PZR plaklarında yapılmıştır. PZR plağına yükleme yapılırken pipetleme hatalarının önüne geçmek için kalıp DNA’lar hariç tüm bileşenlerden uygun miktarda alınarak bir yükleme karışımı hazırlanmıştır. Bu karışım, pipetaj ve yükleme hatalarına karşı yükleme yapılacak kuyucuk miktarının %10 fazlası olacak miktarda hazırlanmıştır. Hazırlanan karışımdan her bir kuyucuğa 16 µl eklenmiş ve daha sonradan bu kuyucuklara 4 µl kalıp DNA yüklemesi yapılmıştır. Çalışmada yapılan PZR reaksiyonlarının bileşenleri ve miktarları Tablo 2.4’te verilmiştir.

Tablo 2.4. Çalışmada yapılan PZR reaksiyonlarının bileşenleri ve miktarları

Bileşen	Miktar
Kalıp DNA	4 µl
Düz primer	0.5 µl
Ters primer	0.5 µl
taqPolimeraz	0.15 µl
dNTP	0.5 µl
Tampon	2,5 µl
Steril Saf Su	11-5 µl
Toplam	20 µl

Çalışmada kullanılan tüm primerler için gradient PZR işlemi yapılmış ve uygun bağlanma sıcaklıkları belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan tüm primerler ile yapılan PZR işlemlerinde, gradient PZR işlemlerinde belirlenen sıcaklıklar kullanılmıştır. Çalışmada yapılan PZR işlemlerinde kullanılan PZR protokolü Tablo 2.5’te verilmiştir.

Tablo 2.5. Çalışmada yapılan PZR işlemlerinde kullanılan PZR protokolü

İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Öncül denatürasyon	95	5 dakika	-
Denatürasyon	95	45 saniye	35
Bağlanma	49.5-61	45 saniye	
Uzama	72	45 saniye	
Son uzama	72	10 dakika	-
Reaksiyon sonrası saklama	4	∞	-

PZR işlemlerinin doğrulanması agaroz jel elektroforezi ile yapılmıştır. Tüm PZR ürünleri %0.5’lik agaroz jelde 90 Voltta 30 dakika koşturulmuş ve UV ışık altında gözlenmiştir.

2.4. Restriksiyon Enzimleri ile Kesim İşlemleri

PZR-RFLP ürünleri SNP’lerin belirlenebilmesi için belirli restriksiyon endonükleaz enzimleri ile kesime tabi tutulmuştur. Çalışmada kullanılan restriksiyon endonükleaz enzimleri *ClaI*, *AseI* ve *MlyI* enzimleridir (Thermo Fisher Scientific, ABD).

Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP), nükleik asitlerin incelenerek bilinen genlerin allelik varyantlarını tespit etmek amacıyla sıkça kullanılan bir yöntemdir. Bu yöntemde, polimorfik bölge öncelikle PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ile çoğaltılır ve ardından RFLP yöntemi ve jel elektroforezi kullanılarak ayrıştırılır. PZR-RFLP yöntemi, az miktarda DNA’nın kullanılmasını sağlayarak, RFLP yönteminin dezavantajlarını ortadan kaldırmaya yardımcı olur. Bu yöntemde, DNA örneği PZR ile çoğaltılarak genetik materyal artırılır ve daha sonra restriksiyon enzimleri kullanılarak ilgili bölge kesilir (Primrose ve Twyman, 2006).

Restriksiyon işlemlerinin bileşenleri ve miktarları Tablo 2.6’da restriksiyon işlemlerinin protokolü ise Tablo 2.7’de verilmiştir.

Tablo 2.6. Çalışmada yapılan restriksiyon işlemlerinin bileşenleri

Bileşen	Miktar
PZR reaksiyonu karışımı	10 µl
Steril saf su	18 µl
Tampon	2 µl
Restriksiyon enzimi	1 µl
Toplam	31 µl

Tablo 2.7. Çalışmada yapılan restriksiyon işlemlerinin protokolü

İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre
İnkübasyon	37	2 saat
Denatürasyon	65	20 dakika
Saklama	4	∞

Restriksiyon işlemleri 96 kuyucuklu PZR plaklarında yapılmıştır. Plaklara yükleme yapılırken pipetleme hatalarının önüne geçmek için PZR reaksiyonu karışımları hariç tüm bileşenlerden uygun miktarda yükleme karışımı hazırlanmıştır. Bu karışım, pipetleme ve yükleme hatalarına karşı yükleme yapılacak kuyu miktarının %10 fazlası miktarında hazırlanmıştır. Hazırlanan karışımdan her bir kuyucuğa 21 µl eklenmiş ve daha sonradan her bir kuyucuğa 10 µl PZR reaksiyonu karışımı yüklemesi yapılmıştır.

2.5. Jel Elektroforez İşlemleri

Genetik çeşitlilik analizleri ve *Varroa*’ya karşı hijyenik davranış ile ilişkili SNP’lerin belirlenmesi için yapılan PZR örneklerinin incelenmesi yatay jel elektroforezi ile yapılmıştır. Elektroforez işlemleri %2’lik agaroz jelde yapılmıştır. (SciQuip Scie-Plus, Birleşik Krallık)

Agaroz jeli hazırlamak için 8 gram agaroz hassas bir terazi kullanılarak tartılmış ve tartılan agaroz uygun bir beherin içine konulmuştur. Agarozun üzerine 400 ml 1X TAE tamponu eklenmiş ve homojen bir karışım elde edene kadar mikrodalga fırında çözünmesi için aralıklarla çıkarılıp karıştırılarak ısıtılmıştır. Karışım, yaklaşık 50 °C’ye düştüğünde UV ışık altında DNA’ya bağlanarak görünür olmasını sağlaması için 16 µl Etidium bromür (10 mg/l) eklenmiş ve karıştırılmıştır. Hazırlanan homojen jel karışımı, örneklerin yüklenmesi için tarakların bulunduğu jel tepsisine yavaşça dökülmüş ve hava baloncuklarından arındırılarak polimerizasyonun tamamlanması

beklenmiştir. Polimerizasyon tamamlandıktan sonra taraklar dikkatlice çıkarılmış ve jel tepsisi içerisinde 1X TAE tampon çözeltisi bulunan jel tankına yerleştirilmiştir.

Jele yükleme yapılırken ilk ve son kuyucuklara 3 µl DNA standart markörü, diğer kuyucuklara ise 8 µl PZR ürünü yüklenmiştir. Örnekler agaroz jel üzerinde 100 V'ta 120 dakika süreyle koşturulmuştur.

Jel elektroforez işlemleri sonucunda elde edilen jel görüntüleri jel dokümantasyon cihazında (Bio-Rad Molecular Imager Gel Doc™ XR, ABD) yapılmıştır. UV ışık altında görüntülenmiş ve skorlanmak üzere fotoğraflanmıştır. Elde edilen görüntüler jel analiz programına aktararak PZR ve kesim ürünlerinin jelde koşturularak elde edilen batlarının baz çifti cinsinden büyüklükleri elde edilmiştir.

2.6. İstatistik Analizler

Tespit edilen mikrosatelit allel fragmentlerine ait büyüklük skorları GenAEx yazılımına (Peakall and Smouse, 2006) yüklenmiş; allel frekansları, allel genişlikleri, F istatistikleri, gözlenen (H_o) ve beklenen (H_e) heterozigotluk, allel sayısı (N_a) ve allelik zenginlik gibi genetik çeşitlilik parametrelerinin değerleri hesaplanmıştır.

Bir popülasyondaki allelik farklılıkları, popülasyonun genetik çeşitliliğinin bir göstergesidir. Allel sayısı (N_a); lokuslar açısından belirlenmekte ve popülasyonların karşılaştırılmasında kullanılmaktadır (Kalinowski, 2004).

Popülasyonun heterozigotluk değeri, yaygın olarak kullanılan başka bir genetik çeşitlilik ölçütüdür. Heterozigotluğun (H) en yüksek değere sahip olması, bir lokusla ilgili çok sayıda ve eşit frekansta allelin bulunduğu durumu ifade etmektedir (Kotzé and Muller, 1994).

Genetik çeşitliliği ve akrabalı yetiştirmeyi etkilediği belirlenen alleller, eşit frekanslara sahip alleller olarak tanımlanmaktadır. Bu şekilde, allel sayıları ve dağılımlarındaki farklılıklar aracılığıyla popülasyonlar karşılaştırılabilir. Her bir lokus için ayrı ayrı etkili allel sayıları hesaplanması ve bu etkili allel sayılarının ortalaması alınması ile popülasyonlardaki etkili allel sayısı (N_e) belirlenmektedir (Kırıkçı, 2017).

Gen akışı (N_m), herhangi iki popülasyonun gen havuzları arasında gerçekleşen gen transferini ve aynı zamanda popülasyonlar arasındaki göç derecesini de ifade etmektedir (Kırıkçı, 2017).

Shannon bilgi indeksi (I), popülasyon genetiği çalışmalarında tür çeşitliliğini değerlendirmek için yaygın olarak kullanılan bir parametredir ve bu indeks, bir

popülasyondaki bilgi veya çeşitlilik miktarını tanımlayan bir ölçüttür (Meng et al., 1999).

Polimorfizm bilgi içeriği (Polymorphism Information Content-PIC), lokusların bilgi sağlayıcılığını değerlendiren bir genetik çeşitlilik parametresidir ve mikrosatelit lokusları için PIC değerinin hesaplanması, genetik çeşitliliğin miktarını değerlendirmek ve bu lokuslardaki polimorfizmin bilgi içeriğini ölçmek amacıyla kullanılan bir parametredir. PIC değeri, heterozigotluk oranı ve alel sayısı kullanılarak hesaplanmakta ve PIC değeri, 0 ile 1 arasında bir değer almaktadır. PIC değeri ne kadar yüksekse, o lokustaki polimorfizmin bilgi içeriğinin o kadar yüksek olmaktadır (Gour et al., 2006).

Fiksasyon indekslerinin (F) istatistiki olarak hesaplanma amacı, popülasyonlar arasında veya içinde birleşen iki gamet arasındaki korelasyonunun belirlenmesi amaçlanmaktadır (Çobanoğlu, 2018). Sewall Wright 1951 yılında popülasyonların tanımlanması için bazı F istatistiği parametrelerini ortaya koymuş ve bu parametreleri 1965 ile 1978 yılları arasında istatistiksel olarak şekillendirerek düzenlemeler yapmıştır. F_{ST} değeri, genetik sürüklenme nedeniyle alt popülasyonlar arasında meydana gelen heterozigotluk oranındaki ortalama azalmayı, toplam popülasyona göre ifade etmektedir. F_{IS} değeri, bir alt popülasyonda bir bireyde rastgele olmayan çiftleşme sonucunda heterozigotlukta meydana gelen ortalama değişimi ifade etmektedir. F_{IT} değeri, bir bireyin toplam popülasyona göre heterozigotlukta ortalama azalma oranını ifade etmekte ve bu değer, rastgele olmayan çiftleşmenin etkisi (F_{IS}) ve rastgele sürüklenmenin etkisinin (F_{ST}) toplamı olarak da ifade edilmektedir (Wright, 1984).

Popülasyonların genetik yapısının ve ilişkisinin belirlenmesi için Structure yazılımının (Pritchard et al., 2000) kümeleme yöntemi kullanılmıştır. Bu yazılım, her biri bütün lokuslarda alel frekanslarıyla karakterize edilen K sayıda popülasyonun olduğunu varsayan bir yazılımdır. En uygun küme sayısı (ΔK), Evanno et al. (2005) tarafından tarif edildiği gibi hesaplanarak belirlenmiştir. Bunun için ilk olarak analizde, en olası küme sayısını tahmin etmek için $2 \leq K \leq 4$ değerleri için 100 bin tekrarlı bir ısınma aşaması ve 500 bin tekrarlı bir MCMC (Markov Chain Monte Carlo) algoritması uygulanmıştır. Analiz sonuçları Structure Harvester (Earl and vonHoldt, 2012) programına yüklenmiş en uygun ΔK değeri hesaplanmıştır. Hesaplama sonuçlarına göre K değeri olarak 3 seçilmiş ve analizlere bu değer ile devam edilmiştir.

3. BULGULAR VE TARTIŞMA

Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri GenAlEx yazılımı ile hesaplanmıştır. Çalışma sonucu elde edilen genetik çeşitlilik parametrelerine ait değerler Çizelge 3.1, 3.2 ve 3.3'te verilmiştir.

Tablo 3.1. Kafkas arısı (KFKS), Karadeniz arısı (KRDNZ) ve Kafkas x Karadeniz melezi (MLZ) popülasyonlarında her bir mikrosatellit lokusa ait örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen ortalama heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri

Pop	Lokus	N	N _a	N _e	I	H _o	H _e	uH _e	F
KFKS	Ap223	28	4.000	3.350	1.268	0.000	0.702	0.714	1.000
	Ap238	29	5.000	3.958	1.480	0.034	0.747	0.760	0.954
	Ap273	29	2.000	1.998	0.693	0.000	0.499	0.508	1.000
	Ap226	30	5.000	2.557	1.169	0.000	0.609	0.619	1.000
	Ap289	24	5.000	4.000	1.488	0.000	0.750	0.766	1.000
	Ag005a	29	2.000	1.942	0.678	0.000	0.485	0.494	1.000
	Ap243	30	4.000	3.333	1.280	0.000	0.700	0.712	1.000
	Ap085	24	5.000	3.470	1.372	0.000	0.712	0.727	1.000
	Ac011	20	4.000	1.709	0.826	0.000	0.415	0.426	1.000
	Ap218	33	5.000	3.335	1.334	0.152	0.700	0.711	0.784
	Ap001	31	4.000	3.546	1.321	0.000	0.718	0.730	1.000
	A008	33	3.000	2.799	1.064	0.000	0.643	0.653	1.000
	Ap015	22	4.000	2.180	1.010	0.000	0.541	0.554	1.000
	A043	24	5.000	3.388	1.362	0.000	0.705	0.720	1.000
	Ac306	13	5.000	4.333	1.525	0.000	0.769	0.800	1.000
	A113	21	5.000	4.642	1.571	0.000	0.785	0.804	1.000
	At003	22	4.000	3.063	1.223	0.000	0.674	0.689	1.000
	A028	31	2.000	1.845	0.650	0.000	0.458	0.465	1.000
	Ap249	8	3.000	2.909	1.082	0.000	0.656	0.700	1.000
	A(B)124	26	4.000	3.073	1.220	0.000	0.675	0.688	1.000
	Ap307	27	6.000	3.898	1.531	0.000	0.743	0.758	1.000
	Ap256	17	6.000	4.898	1.661	0.000	0.796	0.820	1.000
	Ap207	32	5.000	3.241	1.284	0.000	0.691	0.702	1.000
	Ap274	30	5.000	3.377	1.317	0.033	0.704	0.716	0.953
	Ap068	33	3.000	2.699	1.041	0.030	0.629	0.639	0.952
	Ap033	32	4.000	3.850	1.367	0.000	0.740	0.752	1.000
	A(B)024	29	4.000	2.993	1.174	0.000	0.666	0.678	1.000
	Ap043	33	11.000	7.026	2.130	0.576	0.858	0.871	0.329
	A079	32	5.000	3.599	1.385	0.094	0.722	0.734	0.870
	Ap297	31	3.000	2.903	1.083	0.000	0.656	0.666	1.000
KRDNZ	Ap223	18	4.000	2.793	1.162	0.000	0.642	0.660	1.000
	Ap238	21	5.000	3.243	1.322	0.095	0.692	0.708	0.862
	Ap273	21	2.000	1.893	0.665	0.000	0.472	0.483	1.000

	Ap226	21	4.000	3.316	1.274	0.000	0.698	0.715	1.000
	Ap289	11	4.000	2.814	1.162	0.000	0.645	0.675	1.000
	Ag005a	19	2.000	1.870	0.658	0.000	0.465	0.478	1.000
	Ap243	19	3.000	2.635	1.020	0.000	0.620	0.637	1.000
	Ap085	15	3.000	2.419	0.970	0.000	0.587	0.607	1.000
	Ac011	14	2.000	1.960	0.683	0.000	0.490	0.508	1.000
	Ap218	21	4.000	3.354	1.286	0.095	0.702	0.719	0.864
	Ap001	19	4.000	2.714	1.163	0.000	0.632	0.649	1.000
	A008	21	3.000	2.882	1.079	0.000	0.653	0.669	1.000
	Ap015	16	3.000	2.169	0.865	0.000	0.539	0.556	1.000
	A043	13	3.000	2.770	1.058	0.000	0.639	0.665	1.000
	Ac306	5	2.000	1.923	0.673	0.000	0.480	0.533	1.000
	A113	15	4.000	3.000	1.211	0.000	0.667	0.690	1.000
	At003	8	4.000	3.556	1.321	0.000	0.719	0.767	1.000
	A028	20	2.000	1.835	0.647	0.000	0.455	0.467	1.000
	Ap249	5	4.000	2.941	1.221	0.200	0.660	0.733	0.697
	A(B)124	18	4.000	2.282	1.040	0.000	0.562	0.578	1.000
	Ap307	17	4.000	3.042	1.206	0.000	0.671	0.692	1.000
	Ap256	7	3.000	2.333	0.956	0.000	0.571	0.615	1.000
	Ap207	21	5.000	3.706	1.417	0.000	0.730	0.748	1.000
	Ap274	17	2.000	1.940	0.677	0.000	0.484	0.499	1.000
	Ap068	21	2.000	1.800	0.637	0.000	0.444	0.455	1.000
	Ap033	21	5.000	3.472	1.381	0.000	0.712	0.729	1.000
	A(B)024	17	4.000	3.108	1.236	0.000	0.678	0.699	1.000
	Ap043	22	11.000	6.497	2.076	0.545	0.846	0.866	0.355
	A079	22	3.000	2.659	1.038	0.000	0.624	0.638	1.000
	Ap297	22	3.000	2.262	0.937	0.000	0.558	0.571	1.000
MLZ	Ap223	20	3.000	2.632	1.030	0.000	0.620	0.636	1.000
	Ap238	24	5.000	3.000	1.257	0.083	0.667	0.681	0.875
	Ap273	22	3.000	2.142	0.837	0.000	0.533	0.545	1.000
	Ap226	26	4.000	3.101	1.247	0.000	0.678	0.691	1.000
	Ap289	20	6.000	4.348	1.591	0.000	0.770	0.790	1.000
	Ag005a	26	2.000	1.827	0.645	0.000	0.453	0.462	1.000
	Ap243	24	6.000	3.512	1.430	0.000	0.715	0.730	1.000
	Ap085	15	4.000	3.814	1.362	0.000	0.738	0.763	1.000
	Ac011	13	3.000	1.899	0.831	0.000	0.473	0.492	1.000
	Ap218	29	5.000	3.602	1.395	0.069	0.722	0.735	0.905
	Ap001	29	3.000	2.541	1.007	0.000	0.606	0.617	1.000
	A008	29	3.000	2.541	1.007	0.000	0.606	0.617	1.000
	Ap015	19	4.000	2.270	0.990	0.000	0.560	0.575	1.000
	A043	20	3.000	2.667	1.040	0.000	0.625	0.641	1.000
	Ac306	10	4.000	2.381	1.089	0.000	0.580	0.611	1.000
	A113	21	4.000	3.128	1.263	0.000	0.680	0.697	1.000
	At003	17	4.000	3.853	1.366	0.000	0.740	0.763	1.000
	A028	27	2.000	1.715	0.608	0.000	0.417	0.425	1.000
	Ap249	7	4.000	2.970	1.197	0.143	0.663	0.714	0.785

A(B)124	20	3.000	2.299	0.927	0.000	0.565	0.579	1.000
Ap307	24	5.000	3.945	1.480	0.000	0.747	0.762	1.000
Ap256	9	5.000	4.263	1.523	0.000	0.765	0.810	1.000
Ap207	29	4.000	3.081	1.225	0.000	0.675	0.687	1.000
Ap274	26	5.000	3.674	1.412	0.000	0.728	0.742	1.000
Ap068	28	3.000	2.888	1.079	0.036	0.654	0.666	0.945
Ap033	29	6.000	4.558	1.596	0.069	0.781	0.794	0.912
A(B)024	19	4.000	3.312	1.281	0.000	0.698	0.717	1.000
Ap043	28	15.000	10.248	2.487	0.643	0.902	0.919	0.288
A079	28	3.000	2.667	1.032	0.000	0.625	0.636	1.000
Ap297	28	3.000	2.513	0.992	0.000	0.602	0.613	1.000

Tablo 3.2. Kafkas arısı (KFKS), Karadeniz arısı (KRDNZ) ve Kafkas x Karadeniz melezi (MLZ) popülasyonlarında her bir mikrosatellit lokusa ait ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen ortalama heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri

Pop		N	N _a	N _e	I	H _o	H _e	uH _e	F
KFKS	ORT	26.767	4.400	3.331	1.253	0.031	0.672	0.686	0.961
	SH	1.139	0.302	0.192	0.056	0.020	0.019	0.019	0.023
KRDNZ	ORT	16.900	3.600	2.773	1.068	0.031	0.611	0.634	0.959
	SH	0.938	0.309	0.165	0.057	0.019	0.018	0.019	0.024
MLZ	ORT	22.200	4.267	3.246	1.208	0.035	0.653	0.670	0.957
	SH	1.175	0.421	0.278	0.065	0.022	0.019	0.020	0.025

Tablo 3.3. Lokuslara ait Allel genişliği (AG) ve Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri

Lokus	AG	PIC
Ap223	258-288	0.921
Ap238	158-197	0.928
Ap273	103-130	0.807
Ap226	231-270	0.915
Ap289	175-223	0.974
Ag005a	102-108	0.667
Ap243	237-277	0.942
Ap085	179-215	0.963
Ac011	101-131	0.939
Ap218	204-245	0.925
Ap001	152-182	0.886
A008	104-125	0.816
Ap015	188-217	0.926
A043	146-185	0.952
Ac306	105-156	0.992
A113	225-265	0.964
At003	193-223	0.965
A028	131-140	0.612
Ap249	238-268	0.994

A(B)124	200-233	0.918
Ap307	131-179	0.954
Ap256	166-224	0.993
Ap207	128-158	0.926
Ap274	154-190	0.937
Ap068	124-142	0.826
Ap033	230-281	0.937
A(B)024	95-125	0.925
Ap043	131-269	0.992
A079	96-108	0.904
Ap297	126-147	0.817

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Arıcılık Araştırma ve Uygulama Ünitesi'nde yetiştiriciliği yapılan Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonları Ap223, Ap238, Ap273, Ap226, Ap289, Ag005a, Ap243, Ap085, Ac011, Ap218, Ap001, A008, Ap015, A043, Ac306, A113, At003, A028, Ap249, A(B)124, Ap307, Ap256, Ap207, Ap274, Ap068, Ap033, A(B)024, Ap043, A079 ve Ap297 mikrosatelit lokusları bakımından tanımlanmış, lokusların polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri sırasıyla; 0.921, 0.928, 0.807, 0.915, 0.974, 0.667, 0.942, 0.963, 0.939, 0.925, 0.886, 0.816, 0.926, 0.952, 0.992, 0.964, 0.965, 0.612, 0.994, 0.918, 0.954, 0.993, 0.926 0.937, 0.826, 0.937, 0.925, 0.992, 0.904 ve 0.817 olarak bulunmuş ve tüm lokusların genetik çeşitliliğin tanımlanmasında kullanılabilecek etkin markör lokusları olduğu sonucuna varılmıştır.

Çalışmada kullanılan tüm mikrosatelit lokusları ve popülasyonların allel sayıları (N_a) hesaplanmıştır. Mikrosatelit lokuslarına ait allel sayıları Tablo 3.1'de, her bir popülasyondaki allel sayıları ise Tablo 3.2'de verilmiştir. Popülasyonlar ortalama allel sayıları bakımından değerlendirildiklerinde en fazla allel sayısına sahip popülasyon Kafkas arısı popülasyonu (4.400), en az allel sayısına sahip popülasyon ise Karadeniz arısı popülasyonudur (3.600). Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonunun allel sayısı ortalaması 4.261 olarak hesaplanmıştır. Kafkas arısı popülasyonunda en fazla allel sayısına sahip lokus olarak Ap043 lokusu (11), en az allel sayısına sahip lokus olarak ise Ap273 (2), Ag005a (2) ve A028 (2) lokusları; Karadeniz arısı popülasyonunda en fazla allel sayısına sahip lokus olarak Ap043 lokusu (11), en az allel sayısına sahip lokus olarak ise Ap273 (2), Ag005a (2), Ac011 (2), Ac306 (2), A028 (2) ve Ap274 (2) lokusları tespit edilmiştir; Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonunda en fazla allel sayısına sahip lokus olarak Ap043 lokusu (15), en az allel sayısına sahip lokus olarak ise Ag005a (2) ve A028 (2) lokusları tespit

edilmiştir. Tüm popülasyonlar ve lokuslar baz alındığında ortalama allel sayısı 4.089 olarak bulunmuştur.

Çalışmada kullanılan tüm mikrosatelit lokusları ve popülasyonların etkili allel sayıları (N_e) hesaplanmıştır. Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonların ortalama etkili allel sayıları sırası ile 3.331, 2.773 ve 3.246 olarak hesaplanmıştır. Elde edilen veriler incelendiğinde Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarında da en yüksek etkili allel sayısına sahip lokusun Ap043 lokusu (Kafkas arısı: 7.026, Karadeniz arısı: 6.497, Kafkas x Karadeniz melezi: 10.248) olduğu, Kafkas arısı popülasyonunda en düşük N_e değerine sahip lokus Ac011 (1.709) lokusu, Karadeniz arısı popülasyonunda en düşük N_e değerine sahip lokus Ap068 (1.800) lokusu ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonunda ise en düşük N_e değerine sahip lokus A028 (1.715) lokusu olarak tespit edilmiştir. Tüm popülasyonlar ve lokuslar baz alındığında ortalama etkili allel sayısı 3.117 olarak bulunmuştur.

Çalışmada kullanılan Ap223, Ap238, Ap273, Ap226, Ap289, Ag005a, Ap243, Ap085, Ac011, Ap218, Ap001, A008, Ap015, A043, Ac306, A113, At003, A028, Ap249, A(B)124, Ap307, Ap256, Ap207, Ap274, Ap068, Ap033, A(B)024, Ap043, A079 ve Ap297 mikrosatelit lokuslarının Shannon Bilgi İndeksi (I) değerleri sırası ile Kafkas arısı popülasyonunda 1.268, 1.480, 0.693, 1.169, 1.488, 0.678, 1.280, 1.372, 0.826, 1.334, 1.321, 1.064, 1.01.0 1.362, 1.525, 1.571, 1.223, 0.650, 1.082, 1.220, 1.531, 1.661, 1.284, 1.317, 1.041, 1.367, 1.174, 2.130, 1.385 ve 1.083, Karadeniz arısı popülasyonunda 1.162, 1.322, 0.665, 1.274, 1.162, 0.658, 1.020, 0.970, 0.683, 1.286, 1.163, 1.079, 0.865, 1.058, 0.673, 1.211, 1.321, 0.647, 1.221, 1.040, 1.206, 0.956, 1.417, 0.677, 0.637, 1.381, 1.236, 2.076, 1.038 ve 0.937, Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonunda ise 1.030, 1.257, 0.837, 1.247, 1.591, 0.645, 1.430, 1.362, 0.831, 1.395, 1.007, 1.007, 0.990, 1.040, 1.089, 1.263, 1.366, 0.608, 1.197, 0.927, 1.480, 1.523, 1.225, 1.412, 1.079, 1.596, 1.281, 2.487, 1.032 ve 0.992 olarak hesaplanmıştır. Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarında tüm lokuslara ait ortalama I değeri sırası ile 1.253 (± 0.056), 1.068 (± 0.057) ve 1.208 (± 0.065) olarak tespit edilmiştir. Tüm popülasyonlar ve lokuslar baz alındığında ortalama Shannon Bilgi İndeksi 1.176 (± 0.035) olarak bulunmuştur.

Çalışmada kullanılan lokusların büyük çoğunluğunun gözlenen heterozigotluk değeri (H_o) her üç popülasyonda da 0 olarak hesaplanmıştır. Kafkas arısı

popülasyonunda H_o değerleri Ap238 lokusu için 0.034, Ap218 lokusu için 0.152, Ap274 lokusu için 0.033, Ap068 lokusu için 0.030, Ap043 0.576 ve A079 lokusu için 0.094 lokusları, Karadeniz arısı popülasyonunda H_o değerleri Ap238 lokusu için 0.095, Ap218 lokusu için 0.095, Ap249 lokusu için 0.200 ve Ap043 lokusu için 0.545, Kafkas x Karadeniz popülasyonunda H_o değerleri Ap238 lokusu için 0.083, Ap218 lokusu için 0.069, Ap249 lokusu için 0.143, Ap068 lokusu için 0.036, Ap033 lokusu için 0.069 ve Ap043 lokusu için 0.643 olarak hesaplanmıştır. Popülasyon bazında ortalama H_o değeri Kafkas arısı popülasyonu için 0.031 (± 0.020), Karadeniz arısı popülasyonu için 0.031 (± 0.019) ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonu için 0.035 (± 0.022) olarak tespit edilmiştir. Tüm popülasyonlar ve lokuslar baz alındığında ortalama gözlenen heterozigotluk değeri 0.032 (± 0.012) olarak bulunmuştur.

Elde edilen veriler incelendiğinde Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarında da en yüksek beklenen heterozigotluk değeri (H_e) Ap043 lokusunda (Kafkas arısı: 0.858, Karadeniz arısı: 0.846, Kafkas x Karadeniz melezi: 0.902) tespit edilmiştir. Kafkas arısı popülasyonunda en düşük be H_e değeri Ac011 (0.415) lokusunda, Karadeniz arısı popülasyonunda en düşük beklenen H_e Ap068 (0.444) lokusunda ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonunda ise en düşük H_e değeri A028 (0.417) lokusunda hesaplanmıştır. Tüm popülasyonlar ve lokuslar baz alındığında ortalama beklenen heterozigotluk değeri 0.645 (± 0.011) olarak bulunmuştur.

Genetik çeşitliliğin başlıca göstergesi olan beklenen heterozigotluk (H_e) değerinin Kafkas arısı (0.672 $\pm$ 0.019), Karadeniz arısı (0.611 $\pm$ 0.018) ve Kafkas x Karadeniz melezi (0.653 $\pm$ 0.019) popülasyonlarında birbirlerine oldukça yakın değerler aldığı ve Kafkas arısı popülasyonunun daha yüksek bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu gözlenmiştir.

Karabağ vd. (2020); Muğla, Hatay, Kırklareli, Artvin ve Düzce illerinden topladıkları bal arısı kolonilerinde yaptıkları çalışmalarında beklenen heterozigotluk değerlerini sırasıyla 0.76, 0.70, 0.80, 0.73 ve 0.66 olarak bulmuşlardır. Çalışmalarında kullandıkları bal arısı popülasyonlarının H_e değeri Düzce popülasyonu hariç, bu çalışmada kullanılan popülasyonlardan yüksek çıkmıştır.

Liu vd. (2016) yılında Çin'in Huang dağı çevresinde bulunan 7 farklı bölgede yayılım gösteren *Apis cerena* örneklerinde yaptıkları çalışmalarında popülasyonlara

ait beklenen heterozigotluk deęerini 0.638 ile 0.814 deęerleri arasında bulmuřlardır. alıřmalarında sadece Jingxian poplasyonunun H_e deęeri, bu alıřmada kullanılan poplasyonlardan dřk ıkmıřtır.

Hasset vd. (2018) 28 farklı lkede ve İrlanda'nın 4 farklı blgesinde yayılım gsteren *Apis mellifera mellifera* kolonilerinden rnek alarak yaptıkları alıřmalarında; beklenen heterozigotluk deęerini İrlanda poplasyonunda 0.558, dięer lkelerden gelen rneklerden oluřturulan referans poplasyonda ise 0.544 bulmuřlardır. alıřılan poplasyonların H_e deęeri, bu alıřmada kullanılan poplasyonlardan daha dřk ıkmıřtır.

alıřmada tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) deęeri tm poplasyonlarda Ap043 lokusunda en yksek deęeri (Kafkas arısı: 0.871, Karadeniz arısı: 0.866 ve Kafkas x Karadeniz melezi: 0.919) almıřtır. En dřk uH_e deęeri Kafkas arısı poplasyonunda Ac011 lokusunda (0.426), Karadeniz arısı poplasyonunda Ap068 lokusunda (0.444) ve Kafkas x Karadeniz poplasyonunda A028 lokusunda (0.425) hesaplanmıřtır. Kafkas arısı poplasyonunun ortalama uH_e deęeri 0.686 (± 0.019), Karadeniz arısı poplasyonunun ortalama uH_e deęeri 0.634 (± 0.019) ve Kafkas x Karadeniz poplasyonunun ortalama uH_e deęeri ise 0.670 (± 0.020) olarak tespit edilmiřtir. Tm poplasyonlar ve lokuslar bazında ortalama uH_e deęeri 0.663 (± 0.011) olarak bulunmuřtur.

alıřmada kullanılan mikrosatelit lokuslarına ait Fiksasyon İndeksi (F) deęerleri her  poplasyonda da lokusların byk oęunluęu iin 1 olarak hesaplanmıřtır. Kafkas arısı poplasyonunda Ap238 lokusu 0.954 deęerini, Ap218 lokusu 0.784 deęerini, Ap274 lokusu 0.953 deęerini, Ap068 lokusu 0.952 deęerini, Ap043 lokusu 0.329 deęerini ve A079 lokusu 0.870 deęerini almıřtır. Karadeniz arısı poplasyonunda Ap238 lokusu 0.862 deęerini, Ap218 lokusu 0.864 deęerini, Ap249 lokusu 0.697 deęerini ve Ap043 lokusu 0.355 deęerini almıřtır. Kafkas x Karadeniz melezi poplasyonunda Ap238 lokusu 0.875 deęerini, Ap218 lokusu 0.905 deęerini, Ap249 lokusu 0.785 deęerini, Ap068 lokusu 0.945 deęerini, Ap033 lokusu 0.912 deęerini ve Ap043 lokusu 0.288 deęerini almıřtır. Her bir poplasyona ait ortalama F deęeri Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi poplasyonları iin sırası ile 0.961 (± 0.023), 0.959 (± 0.024) ve 0.957 (± 0.025) olarak hesaplanmıřtır. Tm poplasyonlar ve lokuslar baz alındığında F deęeri 0.959 (± 0.014) olarak tespit edilmiřtir.

3.1. Genetik Farklılıklar

F_{ST} popülasyonlar arası farklılaşmanın bir ölçüsüdür. F_{ST} 'nin değeri ne kadar yüksek olursa popülasyonlar arası farklılaşmada o kadar fazla olacaktır (Wright, 1951). Çalışmada kullanılan tüm lokuslara ait F_{IS} , F_{IT} , F_{ST} ve N_m değerleri Tablo 3.4'te verilmiştir.

Tablo 3.4. Wright'ın F istatistikleri

Lokus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	N_m
Ap223	1.000	1.000	0.041	5.799
Ap238	0.899	0.900	0.011	22.694
Ap273	1.000	1.000	0.024	10.105
Ap226	1.000	1.000	0.048	4.929
Ap289	1.000	1.000	0.069	3.352
Ag005a	1.000	1.000	0.003	73.804
Ap243	1.000	1.000	0.050	4.737
Ap085	1.000	1.000	0.066	3.545
Ac011	1.000	1.000	0.130	1.674
Ap218	0.851	0.853	0.009	28.852
Ap001	1.000	1.000	0.042	5.670
A008	1.000	1.000	0.033	7.424
Ap015	1.000	1.000	0.092	2.463
A043	1.000	1.000	0.026	9.233
Ac306	1.000	1.000	0.104	2.154
A113	1.000	1.000	0.061	3.857
At003	1.000	1.000	0.026	9.286
A028	1.000	1.000	0.003	78.725
Ap249	0.827	0.832	0.028	8.757
A(B)124	1.000	1.000	0.076	3.019
Ap307	1.000	1.000	0.016	15.797
Ap256	1.000	1.000	0.057	4.101
Ap207	1.000	1.000	0.028	8.819
Ap274	0.983	0.983	0.049	4.890
Ap068	0.962	0.966	0.119	1.855
Ap033	0.969	0.969	0.010	23.793
A(B)024	1.000	1.000	0.020	12.447
Ap043	0.323	0.337	0.021	11.758
A079	0.952	0.954	0.040	5.935
Ap297	1.000	1.000	0.039	6.173
Ortalama	0.959	0.960	0.045	12.855
SH	0.023	0.023	0.006	3.376

Çalışmada alt popülasyon bazında hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) 0.323 ile 1.000 değerleri arasında hesaplanmıştır. Alt popülasyon bazında akrabalı

yetiştirme katsayısı tüm lokuslarda pozitif değer almıştır. Tüm lokusların alt popülasyon bazında ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı $0.959 (\pm 0.023)$ olarak tespit edilmiştir. Popülasyonlar bazında hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IT}) 0.337 ile 1.000 değerleri arasında hesaplanmıştır. Popülasyonlar bazındaki akrabalı yetiştirme katsayısı tüm lokuslarda pozitif değer almıştır. Tüm lokusların popülasyonlar bazında ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı $0.960 (\pm 0.023)$ olarak hesaplanmıştır. Çalışmada tüm lokuslarda hesaplanan F_{ST} değeri 0.003 ile 0.130 arasında hesaplanmıştır. F_{ST} genetik sürüklenmeden dolayı popülasyonlar arasında ortaya çıkan genetik farklılığın bir ölçüsüdür. F_{ST} değeri tüm lokuslarda pozitif değer almıştır. Çalışmada ortalama F_{ST} değeri $0.045 (\pm 0.006)$ olarak tespit edilmiştir.

Popülasyon ayrımı yapılmaksızın hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değerine göre tüm lokuslarda pozitif olarak bulunan F_{IS} değeri popülasyonlarda homozigotlaşmanın arttığını göstermektedir.

Liu vd. (2016) çalışmalarında, akrabalı yetiştirme katsayısını 0.369 olarak bulmuşlardır. Üzerinde çalıştıkları popülasyonların homozigotlaşması, bu çalışmalarda kullanılan popülasyonlara göre daha azdır. Bu durum çalışmalarında kullandıkları popülasyonların herhangi seleksiyona ya da saf yetiştirmeye tabii tutulmamış olması ve bu çalışmada kullanılan popülasyonların birkaç jenerasyon boyunca suni tohumlama vasıtası ile saf yetiştirmeye tabi tutulmuş olmasıyla açıklanabilir. Ortalama F_{ST} değerinin 0.045 bulunması, popülasyonların arasında anlamlı bir farklılaşma olmadığını göstermektedir.

Karabağ vd. (2020), çalışmalarında popülasyonlar arasındaki F_{ST} değerini 0.04 ile 0.16 değerleri arasında bulmuşlardır. Çalışmalarında Artvin ve Kırklareli popülasyonları arasında anlamlı bir farklılaşma tespit edememişlerdir, diğer popülasyonlar arasında ise anlamlı bir farklılaşma olduğunu bulmuşlardır.

Liu vd. (2016) çalışmalarında, ortalama F_{ST} değerini 0.179 olarak tespit etmişler ve çalışılan 7 popülasyonunda birbirinden anlamlı bir şekilde farklılaştığını bulmuşlardır.

Hasset vd. (2018) çalışmalarında *Apis mellifera mellifera* popülasyonları arasında; en düşük F_{ST} değerini İrlanda popülasyonu ile Fransa popülasyonu arasında (0.07), en yüksek değeri ise İrlanda popülasyonu ile İsviçre ve Norveç popülasyonları arasında (~ 0.1) tespit etmişlerdir. Çalışmalarında tüm popülasyonlar arasında F_{ST}

değerini 0.039 ile 0.60 arasında bulmuşlardır. Çalışmalarında tüm popülasyonlar arasında en yüksek F_{ST} değerini Fransa *Apis mellifera mellifera* popülasyonu ile Slovenya *Apis mellifera lugustica* popülasyonları arasında, en düşük değerini ise İsviçre *Apis mellifera carnica* ve Avusturya *Apis mellifera lugustica* popülasyonları arasında tespit etmişlerdir.

Gen akışı (N_m) değeri ise popülasyondaki genetik farklılaşmanın kaynağını ortaya koyan bir değerdir (Wright, 1969). N_m 'nin değerinin; 0.5'in altında olması popülasyondaki genetik farklılaşmada genetik sürüklenmenin, 0.5'in üstünde olması ise genetik farklılaşmada gen akışının rol oynadığını ortaya koymaktadır (Mercan vd., 2019). Popülasyonların gen havuzları arasında meydana gelen gen transferi olarak tanımlanan gen akışı (N_m) 1.674 ile 78.725 değerleri arasında hesaplanmıştır. Ortalama N_m değeri ise 12.855 (± 3.376) olarak tespit edilmiştir.

Ortalama N_m değerinin 12,855 bulunması ise genetik farklılaşmanın genetik sürüklenmeden değil gen akışından kaynaklı olduğunu göstermektedir. Liu vd. (2016) çalışmalarında, N_m değerini 0.6049 ile 0.8345 olarak bulmuşlardır. Çalıştıkları popülasyonların genetik farklılaşmanın, bu çalışmadakinin aksine genetik sürüklenmeden kaynaklı olduğunu tespit etmişlerdir.

Popülasyonlar arasındaki genetik uzaklık ve benzerlik değerleri Tablolar 3.5 ve 3.6'da verilmiştir.

Tablo 3.5. Genetik uzaklık matrisi (Nei (1972)'e göre)

KFKS	KRDNZ	MLZ	
0.000			KFKS
0.154	0.000		KRDNZ
0.083	0.164	0.000	MLZ

Tablo 3.6. Genetik benzerlik matrisi (Nei (1972)'e göre)

KFKS	KRDNZ	MLZ	
1.000			KFKS
0.857	1.000		KRDNZ
0.920	0.849	1.000	MLZ

Popülasyonlar arasındaki genetik uzaklık, Kafkas arısı ve Karadeniz arısı popülasyonları arasında 0.154, Kafkas arısı ve Kafkas x Karadeniz melez

popülasyonu arasında 0.083, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz arısı arasında 0.164 olarak bulunmuştur.

Popülasyonlar arasındaki genetik benzerlik, Kafkas arısı ve Karadeniz arısı popülasyonları arasında 0.857, Kafkas arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonu arasında 0.920, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz arısı arasında ise 0.849 olarak bulunmuştur.

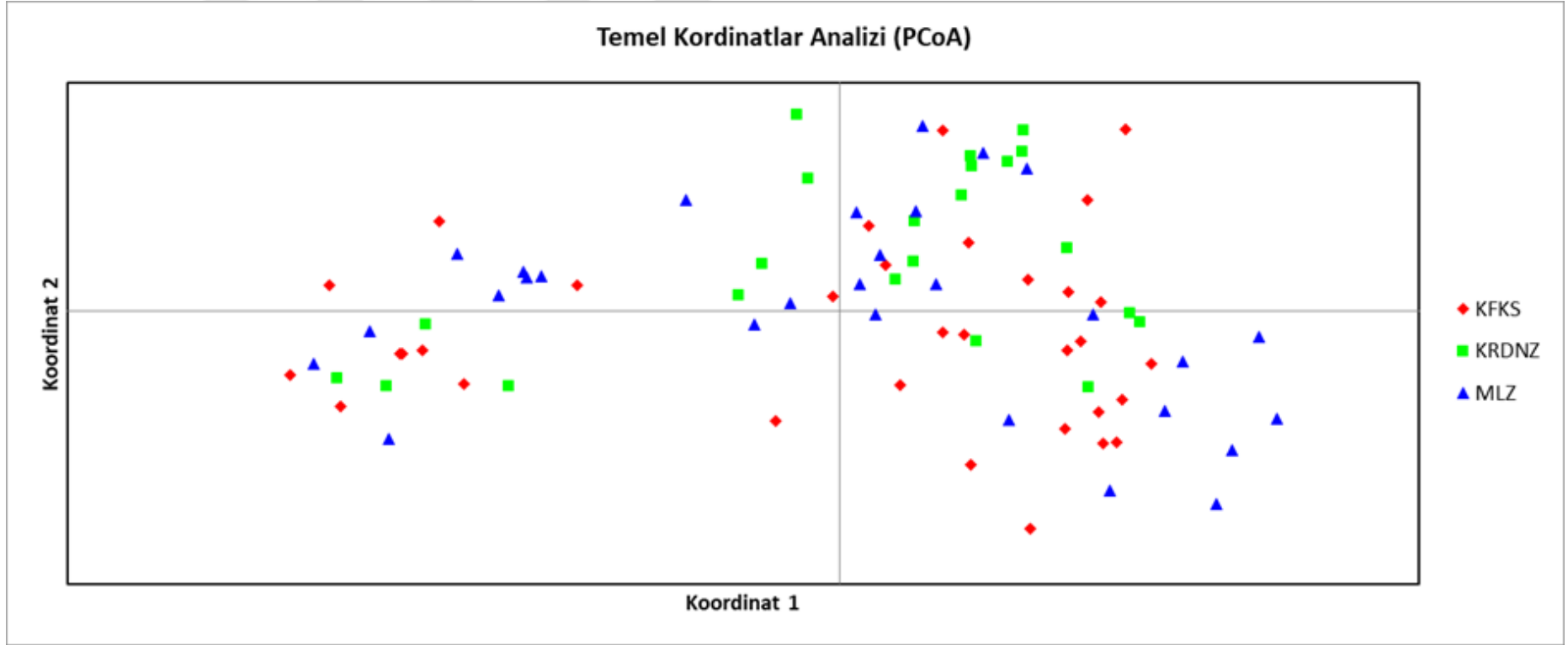
Popülasyonlar arasındaki genetik uzaklığın değeri en yüksek Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonları arasında (0.164) bulunmuştur. Popülasyonlar arasındaki genetik benzerliğin değeri ise en yüksek Kafkas arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonu arasında (0.920) tespit edilmiştir.

Karabağ vd. (2020), çalışmalarında genetik uzaklığı 0.41 ile 0.69 değerleri arasında bulmuşlardır. Çalışmalarında genetik uzaklık değerini en yüksek Hatay ve Muğla popülasyonları arasında, en düşük değerini ise Kırklareli ve Muğla popülasyonları arasında tespit etmişlerdir. Genetik benzerlik değerini ise 0.49 ile 0.74 değerleri arasında bulmuşlardır. Çalışmalarında genetik benzerlik değerini en yüksek Artvin ve Kırklareli popülasyonunda, en düşük değerini ise Hatay ve Muğla popülasyonları arasında bulmuşlardır.

Liu vd. (2016) çalışmalarında, genetik uzaklık değerini 0.180 ile 0.502 arasında bulmuşlardır. Çalışmalarında en düşük genetik uzaklık değerini Huangshan ve Yixian popülasyonları arasında, en yüksek değerini ise Shexian ve Jixixian popülasyonları arasında tespit etmişlerdir.

3.2. Kümeleme Analizleri

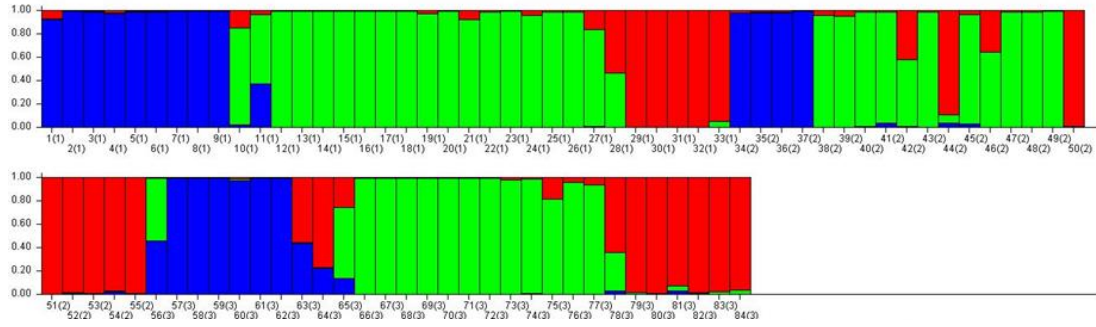
Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarında genetik varyasyonu belirlemek amacıyla Temel Koordinatlar Analizi (PCoA) yapılmış ve popülasyonlar arası ilişki Şekil 3.1’de gösterilmiştir.



Şekil 3.1. Popülasyonlar arası ilişkinin Temel Koordinatlar Analizi (PCoA) ile gösterimi (Her popülasyon farklı renk ve şekil ile temsil edilmiştir)

Temel koordinatlar analizi sonuçlarına göre Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarının birbirlerinden ayrılmadığı görülmüştür. Her bir popülasyona ait koloniler incelendiğinde, popülasyonlara ait kolonilerin genel bir dağılım gösterdiği ve kolonilerin iki küme oluşturduğu tespit edilmiş ve her iki kümenin de tüm popülasyonlara ait kolonilerden oluştuğu gözlenmiştir.

Popülasyonların genetik ilişkisi Structure programı ile K3 düzeyinde incelenmiş elde edilen sonuçlar Şekil 3.2’de verilmiştir. Analiz sonucunda popülasyonların birbirinden ayrılmadığı net bir şekilde gözlenmiştir. Structure analiz sonucunda, Temel Koordinatlar analizi ile benzer veriler elde edilmiştir. Analiz sonuçlarına göre popülasyonlar arsında büyük bir farklılık gözlenmediği ancak popülasyonları oluşturan kolonilerin arasında farklılık olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 3.2. Structure analiz sonuçlarına göre popülasyonlar arası genetik ilişkinin gösterimi (Her koloni, renkli kesimlere ayrılmış tek bir dikey çizgi ile temsil edilmektedir. Popülasyonlar parantez içerisinde bulunan rakamlar ile gösterilmiştir; 1: Kafkas arısı, 2: Karadeniz arısı ve 3: Kafkas x Karadeniz melezi)

Kümeleme analizleri sonucunda popülasyonlar arasında anlamlı bir genetik farklılığın olmadığı ve genetik farklılığın popülasyonları oluşturan koloniler arasında olduğu gözlenmiştir. Analizler sonucunda popülasyonları oluşturan kolonilerin karışık olarak iki adet küme oluşturduğu tespit edilmiştir.

Karabağ vd. (2020), çalışmalarında Structure yazılımı ile yaptıkları kümeleme analizinde uygun K değerini 4 olarak tespit etmişler ve analizlerini bu değer üzerinden yapmışlardır. Elde ettikleri veriler sonucunda çalıştıkların 5 popülasyondan 3’ünün açık bir şekilde birbirinden ayrıldığını ancak coğrafi olarak en uzak olan Kırklareli ve Artvin popülasyonlarının neredeyse benzer renk yapısı verdiğini tespit etmişlerdir. Ayrıca Kırklareli popülasyonunun diğer popülasyonlara göre daha heterojen bir yapı gösterdiğini ve tüm popülasyonları temsil eden renkleri içerdiğini bulmuşlardır. Yaptıkları faktöriyel uyum analizinde Kırklareli ve Artvin popülasyonlarının tek bir

küme oluşturduğunu, Muğla ve Düzce popülasyonlarının kümlelerinin düşük oranda birleştiğini ve Hatay popülasyonunun açık bir şekilde ayrı bir küme oluşturduğunu tespit etmişlerdir.

Hasset vd. (2018) çalışmalarında Structure yazılımı ile yaptıkları kümeleme analizinde 2, 4 ve 5 K değerlerini kullanmışlardır. K değerini 2 olarak aldıklarında *Apis mellifera lugustica* ve *Apis mellifera carnica* popülasyonlarının açık bir şekilde aynı rengi alırken, İrlanda ve Avrupa *Apis mellifera mellifera* popülasyonlarının aynı rengi alarak bu popülasyonlardan ayrıldığını bulmuşlardır. K değerini 4 olarak aldıklarında *Apis mellifera lugustica* ve *Apis mellifera carnica* popülasyonlarının birbirinden farklı renkler aldığını, İrlanda ve Avrupa *Apis mellifera mellifera* popülasyonlarının arasında ise farklılaşma gözlenmeye başladığını tespit etmişlerdir. K değerini 5 olarak aldıklarında tüm popülasyonların birbirinden ayrıldığını ve İrlanda popülasyonunun arasında 2 farklı grup oluşturduğunu gözlemlemişlerdir.

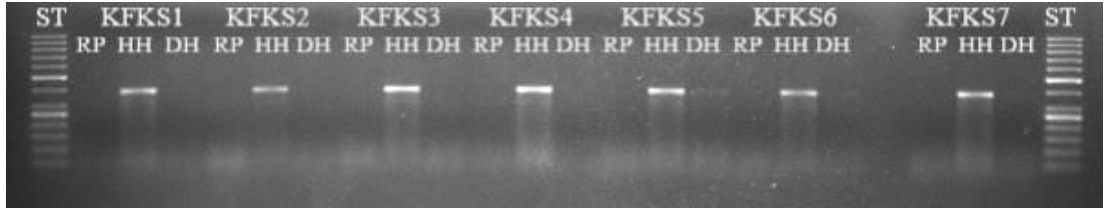
Çalışma sonucunda morfolojik olarak birbirinden farklı fenotipe sahip olan Kafkas ve Karadeniz arısı kolonileri arasında, genetik açıdan bir farklılık tespit edilememiştir. Popülasyonları oluşturan koloniler arasında farklılık görülmesi ve karışık şekilde kümelenmeleri, bal arısı ırklarının tanımlanmasında morfolojik kriterlerin kullanılmasının yanında moleküler markörlerinde kullanılmasının gerekli olduğunu göstermektedir.

3.3. SNP Taraması

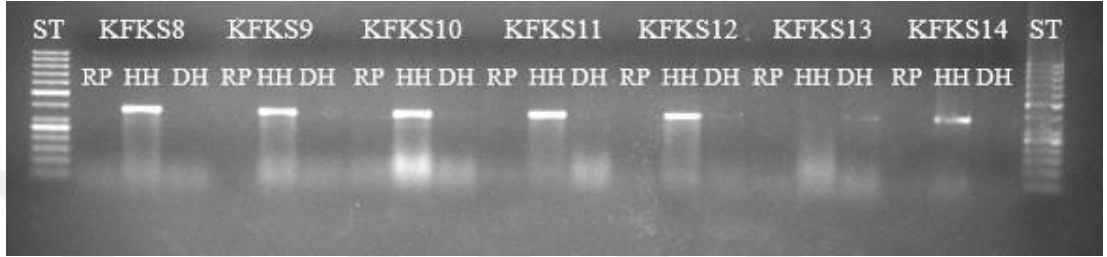
Çalışmada kullanılan bal arısı örnekleri üzerinde yapılan hijyenik davranış ile ilişkili SNP'lerin taraması allel spesifik PZR ve PZR-RFLP yöntemleri kullanılarak yapılmıştır. Allel spesifik PZR işlemlerinden sonuç alınmasına rağmen PZR-RFLP analizlerinden üzerinde yorum yapılabilir veriler elde edilememiştir.

Allel spesifik PZR örneklerinin agaroz jel görüntüleri aşağıda verilmiştir. Şekiller üzerinde Kafkas arısı popülasyonuna ait örnekler KFKS koduyla, Karadeniz arısı popülasyonuna ait örnekler KRDNZ koduyla ve melez popülasyona ait örnekler ise MLZ koduyla gösterilmiştir. Yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'in çoğalmasının sağlanıp, düşük seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'in baskılandığı PZR örnekleri RP koduyla, yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'in çoğaltıldığı PZR örnekleri HH koduyla ve

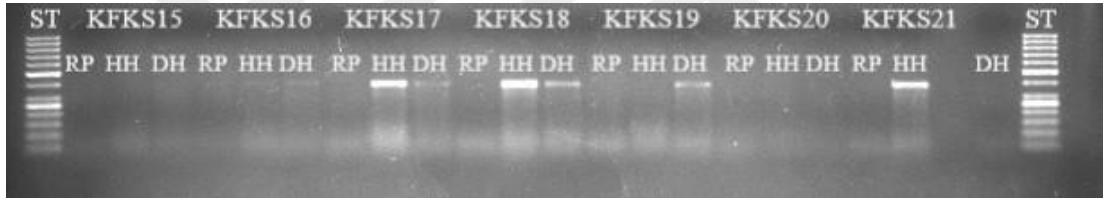
düşük seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'in çoğaltıldığı PZR örnekleri ise DH koduyla gösterilmiştir.



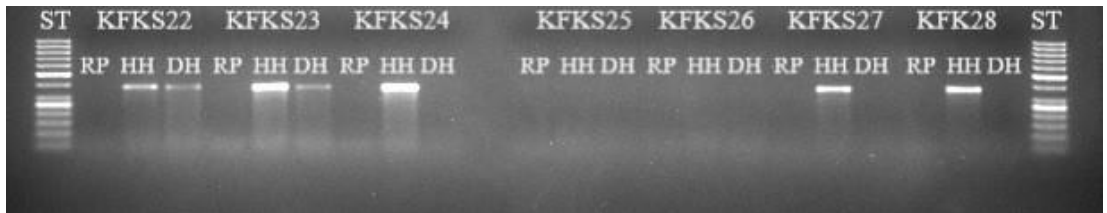
Şekil 3.3. KFKS1'den KFKS7'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.4. KFKS8'den KFKS14'de kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.5. KFKS15'ten KFKS21'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.6. KFKS22'den KFKS28'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.7. KFKS29'dan KRDNZ2'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

Kafkas arısı örneklerinin hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP1 ile ilgili sonuçları incelendiğinde 5, 16, 17, 18, 22 ve 23 numaralı örneklerin hem yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'i hemde düşük seviyede

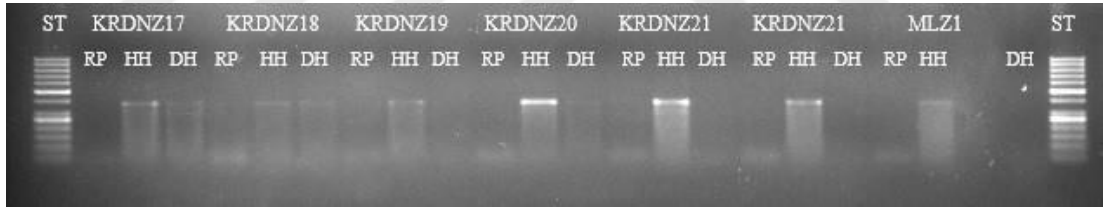
hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e sahip oldukları tespit edilmiştir. Düşük seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP, 13 ve 19 numaralı örneklerde gözlenmiştir. Çalışılan 15, 20, 25, 26, 30 ve 32 numaralı Kafkas arısı örneklerinde her iki SNP'de tespit edilememiştir. Üzerinde çalışılan örneklerin kalanında ise yüksek seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP gözlenmiştir.



Şekil 3.8. KRDNZ3'ten KRDNZ9'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

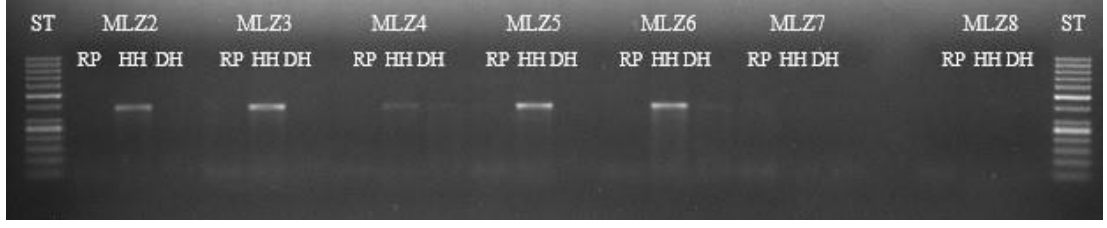


Şekil 3.9. KRDNZ10'dan KRDNZ16'ya kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

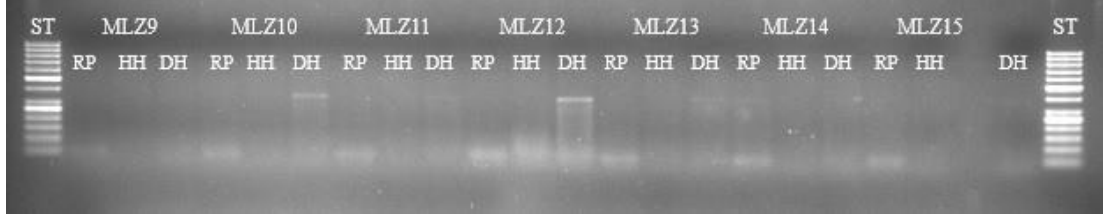


Şekil 3.10. KRDNZ17'den MLZ1'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

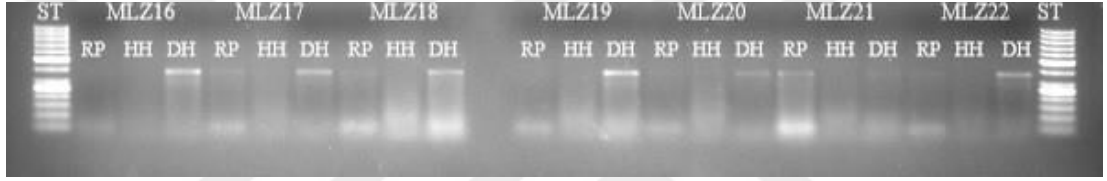
Karadeniz arısı örneklerinin hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP1 ile ilgili sonuçları incelendiğinde 4, 9, 12, 13, 16, 17, 18 ve 20 numaralı örneklerin hem yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e hem de düşük seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e sahip oldukları tespit edilmiştir. Düşük seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP Karadeniz arısı popülasyonunda gözlenmemiştir. Çalışılan 1 numaralı Karadeniz arısı örneğinde her iki SNP'de tespit edilememiştir. Üzerinde çalışılan örneklerin kalanında ise yüksek seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP gözlenmiştir.



Şekil 3.11. MLZ2'den MLZ8'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.12. MLZ9'dan MLZ18'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

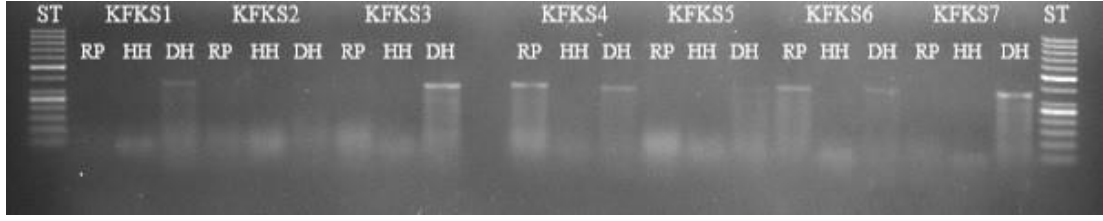


Şekil 3.13. MLZ16'dan MLZ22'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.14. MLZ23'ten MLZ29'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

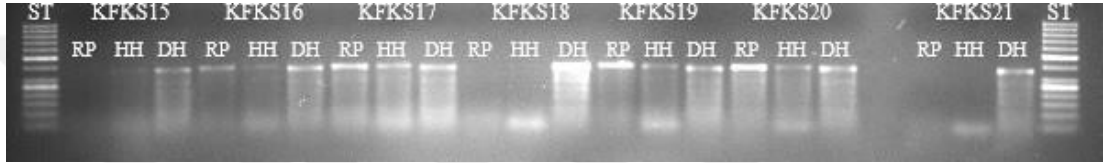
Kafkas x Karadeniz melezi örneklerinin hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP1 ile ilgili sonuçları incelendiğinde 6, 25, 27, 28 ve 29 numaralı örneklerin hem yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e hemde düşük seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e sahip oldukları tespit edilmiştir. Düşük seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP; 10, 11, 12, 13, 18, 19, 20 ve 21 numaralı örneklerde gözlenmiştir. Çalışılan 7, 8 ve 15 numaralı Kafkas x Karadeniz melezi örneğinde her iki SNP'de tespit edilememiştir. Üzerinde çalışılan örneklerin kalanında ise yüksek seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP gözlenmiştir. Çalışılan 14 numaralı örnekte RP reaksiyonunda bant gözlenmesine rağmen HH ve DH reaksiyonlarında herhangi bir bant gözlenmemiştir, 21. örnekte ise RP reaksiyonunda bant gözlenmesine rağmen DH reaksiyonunda da bant gözlenmiştir.



Şekil 3.15. KFKS1’den KFKS7’ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



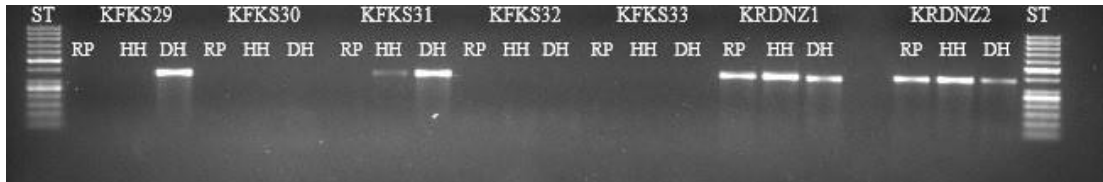
Şekil 3.16. KFKS8’den KFKS14’de kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.17. KFKS15’ten KFKS21’e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



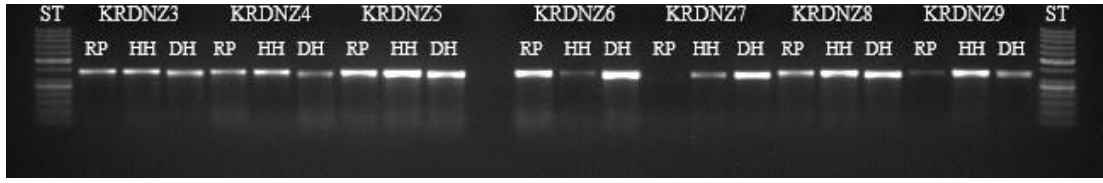
Şekil 3.18. KFKS22’den KFKS28’e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



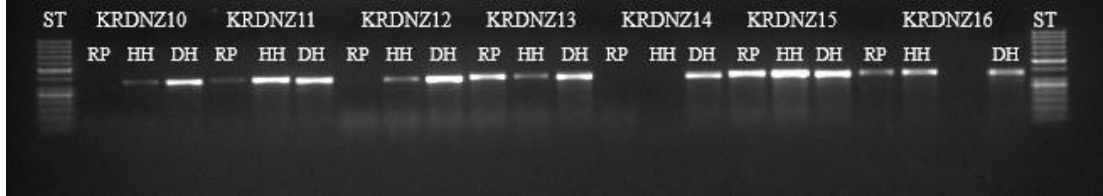
Şekil 3.19. KFKS29’dan KRDNZ2’ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

Kafkas arısı örneklerinin hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP2 ile ilgili sonuçları incelendiğinde 14, 15, 16, 17, 19, 20, 22, 23 ve 31 numaralı örneklerin hem yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP’e hemde düşük seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP’e sahip oldukları tespit edilmiştir. Düşük seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP, 1, 3, 5, 7, 9, 11, 18, 21, 24 ve 29 numaralı örneklerde gözlenmiştir. Çalışılan 2, 13, 25, 26, 27, 28, 30, 32 ve 33 numaralı Kafkas arısı örneklerinde her iki SNP’de tespit edilememiştir. Çalışılan 10 numaralı örnekte RP reaksiyonunda bant gözlenmesine rağmen HH ve DH reaksiyonlarında herhangi bir bant gözlenmemiştir; 4, 6, 8 ve 12 numaralı örneklerde

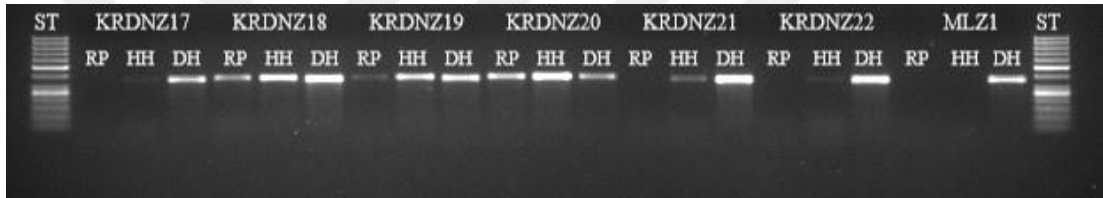
ise RP reaksiyonunda bant gözlenmesine rağmen DH reaksiyonunda da bant gözlenmiştir.



Şekil 3.20. KRDNZ3'ten KRDNZ9'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

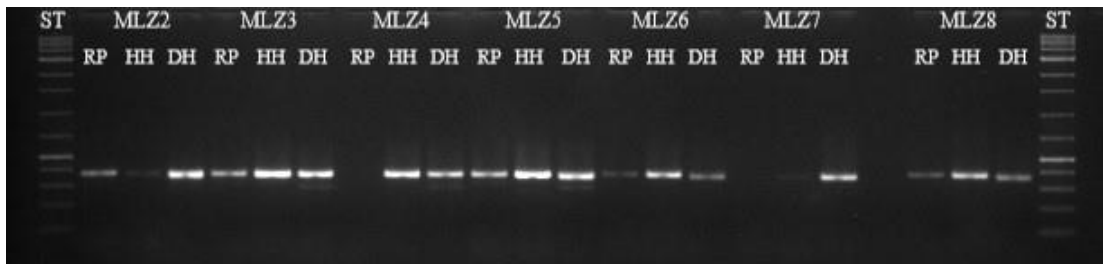


Şekil 3.21. KRDNZ10'dan KRDNZ16'ya kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

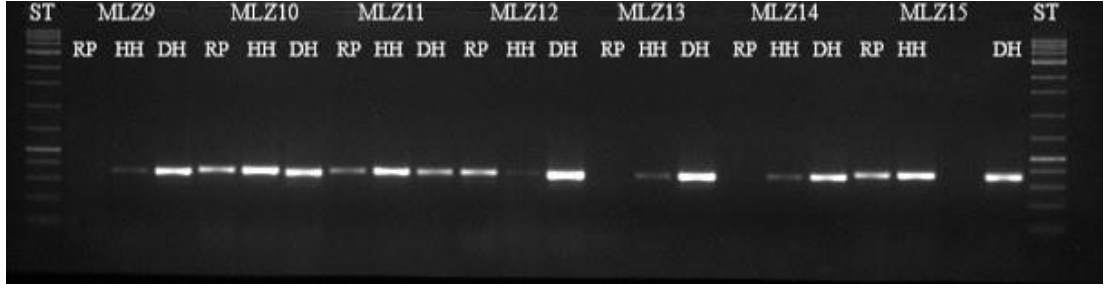


Şekil 3.22. KRDNZ17'den MLZ1'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

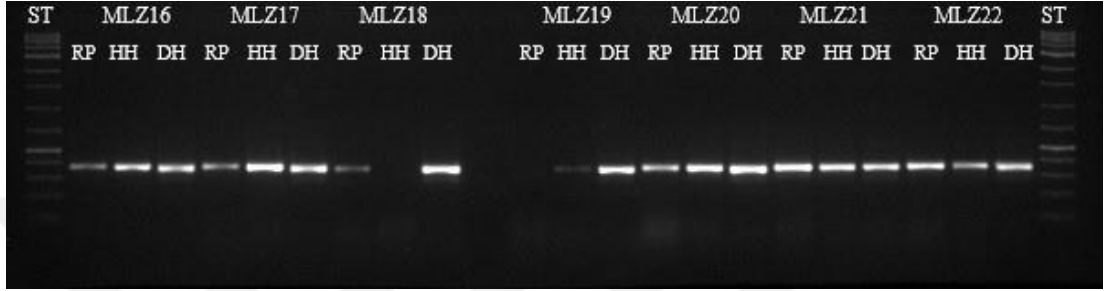
Karadeniz arısı örneklerinin hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP2 ile ilgili sonuçları incelendiğinde 14 numara hariç bütün örneklerin hem yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'i hem de düşük seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'i içerdiği tespit edilmiştir.



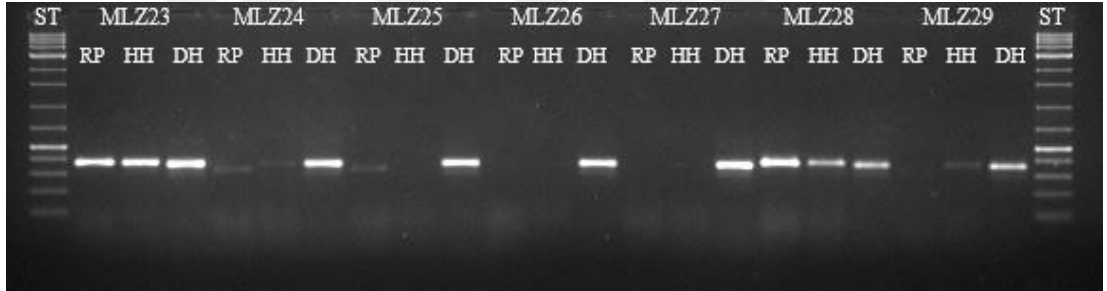
Şekil 3.23. MLZ2'den MLZ8'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.24. MLZ9'dan MLZ18'e kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.25. MLZ16'dan MLZ22'ye kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları



Şekil 3.26. MLZ23'ten MLZ29'a kadar olan örneklerin allel spesifik PZR sonuçları

Kafkas x Karadeniz melezi örneklerinin hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP2 ile ilgili sonuçları incelendiğinde 18, 25, 26 ve 27 numaralar hariç tüm örneklerin hem yüksek seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e hem de düşük seviyede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e sahip oldukları tespit edilmiştir. Düşük seviyede hijyenik davranış ile ilişkili SNP; 26 ve 27 numaralı örneklerde gözlenmiştir. Çalışılan 18 ve 25 numaralı örneklerde RP reaksiyonunda bant gözlenmesine rağmen DH reaksiyonunda da bant gözlenmiştir.

Çalışmada kullanılan bal arısı örnekleri üzerinde taranan hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP1'e ait elde edilen veriler incelendiğinde, Kafkas arısı, Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarını oluşturan örneklerin çoğunluğu yüksek derecede hijyenik davranış performansı ile ilişkili SNP'e sahip oldukları gözlenmiştir. Örneklerin bir kısmının bu SNP bakımından heterozigot yapıda olduğu

ve bir kısmının da bu SNP'e sahip olmadığı gözlenmiştir. Hijyenik davranış ile ilişkili Aday SNP2'ye ait elde edilen veriler incelendiğinde ise, Kafkas arısı popülasyonun neredeyse eşit üç gruba bölündüğü gözlenmiştir. Kafkas arısı popülasyonu yaklaşık üçte birinin düşük derecede hijyenik davranış ile ilişkili SNP'e sahip olduğu, üçte birinin heterozigot yapıda her iki SNP'e de sahip olduğu ve kalan üçte birlik kısmının ise her iki SNP'e de sahip olmadığı tespit edilmiştir. Karadeniz arısı ve Kafkas x Karadeniz melezi popülasyonlarına ait örneklerin neredeyse tamamının heterozigot yapıda her iki SNP'e de sahip olduğu gözlenmiştir.



4. SONUÇ VE ÖNERİLER

Genetik çeşitlilik, koruma programların başarılı olması için önemlidir ve programların planlanması sırasında dikkate alınması gereken bir faktördür. Dünya çapında bal arısı koloni kayıplarının ana nedenlerinden biri olan genetik çeşitliliğin azalması, gen kaynaklarının korunmasının önemini açıkça göstermektedir. Afrika, Asya ve Avrupa kıtaları arasında bir geçiş bölgesi olan ülkemiz, genetik kaynakların korunması açısından önemli bir pozisyonundadır. Anadolu coğrafyası özgün genotipli bal arısı popülasyonlarına sahip olması sebebi ile, bölgemiz ve dünya için bir bal arısı genetik çeşitlilik kaynağı olma potansiyeline sahiptir.

Hijyenik davranış bakımından seleksiyona tabi tutulmuş çalışmada kullanılan örneklerde *Varroa*'ya karşı hassas hijyenik davranış ile ilişkili bu SNP'lerin beklenenin aksine sonuç vermesi, araştırılan SNP'lerin *Varroa* akarına karşı hijyenik davranış ile ilişkili olmaları ve yapılan hijyenik davranış testleri ile açıklanabilir. Dondurarak ya da iğneleme yöntemiyle yapılan hijyenik davranış testlerinde *Varroa*'nın giriş yapmış olduğu gözlerdeki aksine, bu gözlerdeki yavrular öldüğünden oluşan koku daha yoğun olmakta ve dolayısıyla yetişkin bal arılarında bu kokulara karşı oluşan tepkide yüksek olmaktadır. *Varroa*'nın giriş yaptığı gözdeki yavru ölmediğinden dolayı oluşan koku miktarı daha azdır ve dolayısı ile koku duyusu daha az hassas olan yetişkin arılar kapalı gözdeki *Varroa* istilasına uğramış yavruyu tespit edememektedir.

Hijyenik davranış testlerinde klasik yöntemlerin kullanılması verimli olmamaktadır çünkü bal arılarının hijyenik davranış performansı birçok stres faktörü tarafından etkilenmektedir. Testler gerçekleştirilir iken bu stres faktörlerinin ortadan kaldırılması gerekmektedir. Hijyenik davranış gibi karmaşık davranışlar; arının genetik yapısı, psikolojik durumu, sosyal etkileşimleri ve koloni üzerindeki çevre etkilerinin kompleks etkileşimleri ile ayarlanmaktadır. İşçi arıların davranış yapısı yaş, tecrübe, feromonlar ve genotip ile değişmesine rağmen hijyenik davranış performansı bakımından koloni içindeki bireylerin arasında farklılık gözlenmesi genetik varyasyonlar ile açıklanabilir. Çevre şartlarının bal arısı kolonisinin hijyenik davranış performansı üzerine etkisi büyük olmaktadır. Özellikle koloninin sağlık durumu, koloninin hijyenik davranış performansını direkt olarak etkilemektedir. Sağlık durumu kötü durumda olan kolonilerin hijyenik davranış performansı düşmektedir.

Hijyenik davranışın ayarlanmasında koku duyusu sisteminin farklı aşamalarında

görev alan belirli genlerin, bu davranış üzerindeki etkisi büyük olmaktadır. Bu genler arıların kimyasal kokulara karşı tepki vermesinde ve hijyenik davranış gibi koku duyusu ile ilişkili davranışlara büyük bir etki göstermektedir. Özellikle *Varroa* akarına karşı hijyenik davranış yönünden yapılan ıslah çalışmalarının başarılı olabilmesi için bu parazitin üremesini tetikleyen ve *Varroa*'nın gözüne giriş yaptığı bireyin ortaya çıkardığı kimyasal sinyaller ortaya çıkarılmalıdır.

Bal arılarının hastalık ve parazitlere karşı dayanıklılığının artırılması hem ekonomik hem de ekolojik açıdan önemlidir. Bal arılarının hem kendi ürünlerinin yetiştiriciliği ile hem de üretimi yapılan birçok meyve ve sebze türünün tozlaştırmasındaki rolü ile tarımsal açıdan önemli bir hayvandır. Dünya bal arısı yetiştiriciliği için önemli bir tehdit olan *Varroa destructor* paraziti ile etkili ve kalıcı mücadele yöntemlerinin bulunmaması sebebi ile bu akara karşı dayanıklı hatların geliştirilmesi gerekmektedir. Hali hazırda kalıcı bir etkin mücadele yöntemi bulunmayan *Varroa* akarı, önümüzdeki yıllarda da ülkemiz ve dünya arıcılığı için önemli bir sorun olarak kalmaya devam edecektir.

Hijyenik davranış, bal arısı yetiştiriciliğinde *Varroa* paraziti gibi önemli ekonomik zararlara yol açan hastalık ve zararlılarına karşı en etkin ayrıca hali hazırda bal arısının sahip olduğu bir davranış şekli olduğu içinde en ucuz mücadele yöntemidir. Ülkemiz arıcılığı için büyük bir sorun haline gelen *Varroa* paraziti ile mücadele etmek için, bu parazite karşı dayanıklı ve yüksek seviyede hijyenik davranış gösteren ırkların geliştirilmesi gerekmektedir. Bu ırklar genetik ıslah çalışmaları ile başarılı bir şekilde geliştirilebilirler fakat ıslah çalışmalarının başarılı olabilmesini için uygun moleküler markörlerin geliştirilmesi gerekmektedir.

Genetik ıslah çalışmalarında kullanılacak moleküler markörlerin geliştirilmesi için; hijyenik davranış sürecindeki biyokimyasal süreçlerin, hijyenik davranışı ayarlayan genlerin, bu genlerin ifadesini düzenleyen genetik ve epigenetik faktörlerin ortaya çıkarılması önem arz etmektedir. Hijyenik davranışın ayarlanmasında indirekt genetik etkilerinde göz ardı edilmemesi önemli görülmektedir. Ülkemiz bal arısı genetik kaynaklarının kaybolmaması ve birçok vatandaşımızın ekonomik gelir kaynağını oluşturan arıcılık sektörünün zayıflaması için hijyenik davranışın ayarlanması üzerinde etkili bütün faktörlerin ortaya çıkarılması için bilimsel çalışmalar mümkün olan kısa sürede yapılmaya başlanmalıdır. Bu çalışmaların başarılı bir şekilde yapılması için ilgili devlet kurumlarının, üniversitelerin, sektörel şirketlerin ve yetiştirici birliklerinin iş birliği elzemdir.

KAYNAKLAR

- Adam, B. (1983). In search of best strains of honeybees. 2nd Edition, Northern Bee Books, Mytholmroyd, Hebden Bridge, UK.
- Adhikari, S., Saha, S., Biswas, A., Rana, T. S., Bandyopadhyay, T. K., and Ghosh, P. (2017). Application of molecular markers in plant genome analysis: a review. *Nucleus (India)*, 60(3), 283–297. <https://doi.org/10.1007/s13237-017-0214-7>
- Al-Ghamdi, A., Ali Khan, K., Javed Ansari, M., Almasaudi, S. B., and Al-Kahtani, S. (2018). Effect of gut bacterial isolates from *Apis mellifera jemenitica* on *Paenibacillus* larvae infected bee larvae. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 25(2), 383–387. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2017.07.005>
- Anderson, D. L., and Trueman, J. W. H. (2000). *Varroa jacobsoni* (Acari: Varroidae) is more than one species. *Experimental and Applied Acarology*, 24(3), 165–189. <https://doi.org/10.1023/A:1006456720416>
- Anonymous1, (2023). https://en.wikipedia.org/wiki/Cuevas_de_la_Ara%C3%B1a.
- Arias, M. C., and Sheppard, W. S. (1996). Molecular phylogenetics of honey bee subspecies (*Apis mellifera* L.) inferred from mitochondrial DNA sequence. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 5(3), 557–566. <https://doi.org/10.1006/mpev.1996.0050>
- Arias, M. C., and 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(1), 25–35. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.02.017>
- Aronstein, K. A., Saldivar, E., Vega, R., Westmiller, S., and Douglas, A. E. (2012). How varroa parasitism affects the immunological and nutritional status of the honey bee, *Apis mellifera*. *Insects*, 3(3), 601–615. <https://doi.org/10.3390/insects3030601>
- Aumeier, P., Rosenkranz, P., and Francke, W. (2002). Cuticular volatiles, attractivity of worker larvae and invasion of brood cells by *Varroa* mites. A comparison of Africanized and European honey bees. *Chemoecology*, 12(2), 65–75. <https://doi.org/10.1007/s00049-002-8328-y>
- Ball, B. V. (1983). The association of *Varroa jacobsoni* with virus diseases of honey bees. *Experimental and Applied Acarology*, 19, 607–613. <https://doi.org/10.3/JQUERY-UI.JS>
- Ball, B. V., and Allen, M. F. (1988). The prevalence of pathogens in honey bee (*Apis mellifera*) colonies infested with the parasitic mite *Varroa jacobsoni*. *Annals of Applied Biology*, 113(2), 237–244. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1988.tb03300.x>
- Baracchi, D., Fadda, A., and Turillazzi, S. (2012). Evidence for antiseptic behaviour towards sick adult bees in honey bee colonies. *Journal of Insect Physiology*, 58(12), 1589–1596. <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2012.09.014>
- Beuzen, N. D., Stear, M. J., and Chang, K. C. (2000). Molecular markers and their use in animal breeding. *Veterinary Journal*, 160(1), 42–52. <https://doi.org/10.1053/tvj.2000.0468>
- Bodenheimer, F.S. (1941). Türkiye’de bal arısı ve arıcılık hakkında etütler (Studies on the honey bee and beekeeping in Turkey). Merkez Ziraî Mücadele Enstitüsü Ankara. Numune Matbaası, İstanbul.
- Boecking, O., and Genersch, E. (2008). Varroosis - The ongoing crisis in bee keeping. *Journal Fur Verbraucherschutz Und Lebensmittelsicherheit*, 3(2), 221–228. <https://doi.org/10.1007/s00003-008-0331-y>

- Boecking, O., and Spivak, M. (1999). Behavioral defenses of honey bees against *Varroa jacobsoni* Oud. *Apidologie*, 30(2–3), 141–158. <https://doi.org/10.1051/apido:19990205>
- Boutin, S., Alburaki, M., Mercier, P. L., Giovenazzo, P., and Derome, N. (2015). Differential gene expression between hygienic and non-hygienic honeybee (*Apis mellifera* L.) hives. *BMC Genomics*, 16(1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1714-y>
- Brodschneider, R., Gray, A., Adjlane, N., Ballis, A., Brusbardis, V., Charrière, J. D., Chlebo, R., Coffey, M. F., Dahle, B., de Graaf, D. C., Maja Dražić, M., Evans, G., Fedoriak, M., Forsythe, I., Gregorc, A., Grzęda, U., Hetzroni, A., Kauko, L., Kristiansen, P., ... Danihlik, J. (2018). Multi-country loss rates of honey bee colonies during winter 2016/2017 from the COLOSS survey. *Journal of Apicultural Research*, 57(3), 452–457. <https://doi.org/10.1080/00218839.2018.1460911>
- Brown, W. L. (1983). Genetic diversity and genetic vulnerability-an appraisal. *Economic Botany*, 37(1), 4–12. <https://doi.org/10.1007/BF02859301>
- Bülbül, C. E., Bilgi, F., Mercan, L., and Maraklı, S., (2023). Use of SNP Chips For Genome-Wide Association Studies in Livestock. Recent Advances in Agricultural Research (pp.11-27), Livre de Lyon.
- Chen, Y., Pettis, J. S., Evans, J. D., Kramer, M., and Feldlaufer, M. F. (2004). Transmission of Kashmir bee virus by the ectoparasitic mite *Varroa destructor*. *Apidologie*, 35(4), 441–448. <https://doi.org/10.1051/apido:2004031>
- Cornuet, J. M., and Garnery, L. (1991). Mitochondrial DNA variability in honeybees and its phylogeographic implications. *Apidologie*, 22(6), 627–642. <https://doi.org/10.1051/apido:19910606>
- Cremer, S., Armitage, S. A. O., and Schmid-Hempel, P. (2007). Social Immunity. *Current Biology*, 17(16), R693–R702. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2007.06.008>
- Cridland, J. M., Tsutsui, N. D., and Ramírez, S. R. (2017). The complex demographic history and evolutionary origin of the western honey bee, *Apis Mellifera*. *Genome Biology and Evolution*, 9(2), 457–472. <https://doi.org/10.1093/gbe/evx009>
- Çobanoğlu, Ö. (2018). Genetic Diversity in terms of GHR Gene in Some Cattle Breeds Raised in Turkey. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, 6(10), 1329–1333. <https://doi.org/10.24925/turjaf.v6i10.1329-1333.1804>
- Dainat, B., Evans, J. D., Chen, Y. P., Gauthier, L., and Neumann, P. (2012). Predictive markers of honey bee colony collapse. *PLoS ONE*, 7(2). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0032151>
- Danka, R. G., Harris, J. W., Villa, J. D., and Dodds, G. E. (2013). Varying congruence of hygienic responses to *Varroa destructor* and freeze-killed brood among different types of honeybees. *Apidologie*, 44(4), 447–457. <https://doi.org/10.1007/s13592-013-0195-8>
- Dechatre, H., Michel, L., Soubeyrand, S., Maisonnasse, A., Moreau, P., Poquet, Y., Pioz, M., Vidau, C., Basso, B., Mondet, F., and Kretzschmar, A. (2021). To treat or not to treat bees? Handy varload: A predictive model for varroa destructor load. *Pathogens*, 10(6). <https://doi.org/10.3390/pathogens10060678>
- DeGrandi-Hoffman, G., Ahumada, F., Zazueta, V., Chambers, M., Hidalgo, G., and deJong, E. W. (2016). Population growth of *Varroa destructor* (Acari: Varroidae) in honey bee colonies is affected by the number of foragers with mites. *Experimental and Applied Acarology*, 69(1), 21–34. <https://doi.org/10.1007/s10493-016-0022-9>
- Donzé, G., and Guerin, P. M. (1994). Behavioral attributes and parental care of *Varroa* mites parasitizing honeybee brood. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 34(5), 305–319. <https://doi.org/10.1007/BF00197001>
- Donzé, G., Herrmann, M., Bachofen, B., and Guerin, P. M. (1996). Effect of mating frequency

- and brood cell infestation rate on the reproductive success of the honeybee parasite *Varroa jacobsoni*. *Ecological Entomology*, 21(1), 17–26. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2311.1996.tb00261.x>
- Earl, D. A., and vonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4(2), 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- Ellis, J. (2007). Colony Collapse Disorder (CCD) in Honey Bees. *Edis*, 0. <https://doi.org/10.32473/edis-in720-2010>
- Emsen, B., Hamiduzzaman, M. M., Goodwin, P. H., and Guzman-Novoa, E. (2015). Lower virus infections in *Varroa destructor*-infested and uninfested brood and adult honey bees (*Apis mellifera*) of a low mite population growth colony compared to a high mite population growth colony. *PLoS ONE*, 10(2). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0118885>
- Evanno, G., Regnaut, S., and Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- FAO. (2023). <https://www.fao.org/faostat/en/#home>
- Francis, R. M., Nielsen, S. L., and Kryger, P. (2013). *Varroa*-Virus Interaction in Collapsing Honey Bee Colonies. *PLoS ONE*, 8(3), 57540. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057540>
- Garnery, L., Cournet, J. -M, and Solignac, M. (1992). Evolutionary history of the honey bee *Apis mellifera* inferred from mitochondrial DNA analysis. *Molecular Ecology*, 1(3), 145–154. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1992.tb00170.x>
- Garrido, C., and Rosenkranz, P. (2003). The reproductive program of female *Varroa destructor* mites is triggered by its host, *Apis mellifera*. *Experimental and Applied Acarology*, 31(3–4), 269–273. <https://doi.org/10.1023/B:APPA.0000010386.10686.9f>
- Gour, D. S., Malik, G., Ahlawat, S. P. S., Pandey, A. K., Sharma, R., Gupta, N., Gupta, S. C., Bisen, P. S., and Kumar, D. (2006). Analysis of genetic structure of Jamunapari goats by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 66(1–3), 140–149. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2005.07.053>
- Gramacho, K. P., and Spivak, M. (2003). Differences in olfactory sensitivity and behavioral responses among honey bees bred for hygienic behavior. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 54(5), 472–479. <https://doi.org/10.1007/s00265-003-0643-y>
- Güler, A., and Toy, H. (2013). Relationship between dead pupa removal and season and productivity of honey bee (*Apis Mellifera*, Hymenoptera: Apidae) colonies. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 37(4), 462–467. <https://doi.org/10.3906/vet-1205-48>
- Güler, A. (2017). Bal Arısı (*Apis mellifera* L.) Yetiştiriciliği, Hastalıkları ve Ürünleri. Azim Matbaacılık.
- Guzmán-Novoa, E., Eccles, L., Calvete, Y., McGowan, J., Kelly, P. G., and Correa-Benítez, A. (2010). *Varroa destructor* is the main culprit for the death and reduced populations of overwintered honey bee (*Apis mellifera*) colonies in Ontario, Canada. *Apidologie*, 41(4), 443–450. <https://doi.org/10.1051/apido/2009076>
- Han, F., Wallberg, A., and Webster, M. T. (2012). From where did the western honeybee (*Apis mellifera*) originate? *Ecology and Evolution*, 2(8), 1949–1957. <https://doi.org/10.1002/ece3.312>
- Harris, J. W., Danka, R. G., and Villa, J. D. (2012). Changes in infestation, cell cap condition,

- and reproductive status of *Varroa destructor* (Mesostigmata: Varroidae) in brood exposed to honey bees with *Varroa* sensitive hygiene. *Annals of the Entomological Society of America*, 105(3), 512–518. <https://doi.org/10.1603/AN11188>
- Hassett, J., Browne, K. A., McCormack, G. P., Moore, E., Society, N. I. H. B., Soland, G., and Geary, M. (2018). A significant pure population of the dark European honey bee (*Apis mellifera mellifera*) remains in Ireland. *Journal of Apicultural Research*, 57(3), 337–350. <https://doi.org/10.1080/00218839.2018.1433949>
- Howard, R. W., and Blomquist, G. J. (2004). Ecological, behavioral, and biochemical aspects of insect hydrocarbons. *Annual Review of Entomology*, 50, 371–393. <https://doi.org/10.1146/annurev.ento.50.071803.130359>
- Hunter, W., and Kole, C. (2008). Genome Mapping and Genomics in Arthropods. *Genome Mapping and Genomics in Arthropods*, 1. <https://doi.org/10.1007/978-3-540-73833-6>
- Ifantidis, M. D. (1983). Ontogenesis of the mite *varroa jacobsoni* in worker and Drone Honeybee brood cells. *Journal of Apicultural Research*, 22(3), 200–206. <https://doi.org/10.1080/00218839.1983.11100588>
- Ifantidis, M. D. (1988). Some Aspects of the Process of *Varroa Jacobsoni* Mite Entrance Into Honey Bee (*Apis Mellifera*) Brood Cells. *Apidologie*, 19(4), 387–396. <https://doi.org/10.1051/apido:19880406>
- Ilyasov, R. A., Lee, M. Iyeol, Takahashi, J. ichi, Kwon, H. W., and Nikolenko, A. G. (2020). A revision of subspecies structure of western honey bee *Apis mellifera*. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 27(12), 3615–3621. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.08.001>
- İvgin Tunca, R., (2009). Determination and comparison of genetic variation in honeybee (*Apis mellifera* L.) populations of turkey by random amplified polymorphic dna and microsatellite analyses, Doktora tezi, Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, ANKARA
- Jack, C. J., and Ellis, J. D. (2021). Integrated Pest Management Control of *Varroa destructor* (Acari: Varroidae), the Most Damaging Pest of (*Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae)) Colonies. *Journal of Insect Science*, 21(5), 6–7. <https://doi.org/10.1093/jisesa/ieab058>
- Jamal, Z. A., Abou-Shaara, H. F., Qamer, S., Alhumaidi Alotaibi, M., Ali Khan, K., Fiaz Khan, M., Amjad Bashir, M., Hannan, A., AL-Kahtani, S. N., Taha, E. K. A., Ishtiaq Anjum, S., Attaullah, M., Raza, G., and Ansari, M. J. (2021). Future expansion of small hive beetles, *Aethina tumida*, towards North Africa and South Europe based on temperature factors using maximum entropy algorithm. *Journal of King Saud University - Science*, 33(1), 101242. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2020.101242>
- Johnson, B. R. (2010). Division of labor in honeybees: Form, function, and proximate mechanisms. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 64(3), 305–316. <https://doi.org/10.1007/s00265-009-0874-7>
- Kalinowski, S. T. (2004). Counting alleles with rarefaction: Private alleles and hierarchical sampling designs. *Conservation Genetics*, 5(4), 539–543. <https://doi.org/10.1023/B:COGE.0000041021.91777.1a>
- Kandemir, I., Özkan, A., and Fuchs, S. (2011). Reevaluation of honeybee (*Apis mellifera*) microtaxonomy: A geometric morphometric approach. *Apidologie*, 42(5), 618–627. <https://doi.org/10.1007/s13592-011-0063-3>
- Kara, M., and Keskin, M. (2013). Türkiyenin Mevcut Bal Arısı Genetik Varlığı , Islahı ve Seleksiyonda Kullanılan Koloni Performans Karakterleri. *Arıcılık Araştırma Dergisi*, 5(9), 30–34. <http://arastirma.tarim.gov.tr/aricilik/Menu/30/Arıcılık-Arastırma-Dergisi>
- Karabag, K., Tunca, R. I., Tüten, E., and Dogaroglu, T. (2020). Current genetic status of honey

- bees in Anatolia in terms of thirty polymorphic microsatellite markers. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 44(3), 333–346. <https://doi.org/10.16970/ENTOTED.678808>
- Kekecoglu, M., and Soysal, M. I. (2010). Genetic diversity of bee ecotypes in Turkey and evidence for geographical differences. *Romanian Biotechnological Letters*, 15(5), 5646–5653.
- Kekeçoğlu, M. (2010). Türkiye’deki Bal Arısı Çeşitliliği. *Arıcılık Araştırma Dergisi*, 2(2), 5–12.
- Khan, K. A., and Ghramh, H. A. (2021). An investigation of the efficacy of hygienic behavior of various honey bee (*Apis mellifera*) races toward *Varroa destructor* (Acari: Varroidae) mite infestation. *Journal of King Saud University - Science*, 33(3), 101393. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2021.101393>
- Kırıkçı, K. (2017). Karayaka koyun ırkının genetik karakterizasyonu. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı, 126, Samsun.
- Kim, J. S., Kim, M. J., Kim, H. K., Vung, N. N., and Kim, I. (2019). Development of single nucleotide polymorphism markers specific to *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae) line displaying high hygienic behavior against *Varroa destructor*, an ectoparasitic mite. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 22(4), 1031–1039. <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2019.08.005>
- Kotzé, A., and Muller, G. H. (1994). Genetic relationship in South African cattle breeds. In: Proceedings of the 5th world congress on genetics applied to livestock production, Guelph, Canada. University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada, (21): 413–416.
- Kuenen, L. P. S., and Calderone, N. W. (1997). Transfers of *Varroa* mites from newly emerged bees: Preferences for age- and function-specific adult bees (Hymenoptera: Apidae). *Journal of Insect Behavior*, 10(2), 213–228. <https://doi.org/10.1007/BF02765554>
- Kulhanek, K., Steinhauer, N., Rennich, K., Caron, D. M., Sagili, R. R., Pettis, J. S., Ellis, J. D., Wilson, M. E., Wilkes, J. T., Tarpy, D. R., Rose, R., Lee, K., Rangel, J., and vanEngelsdorp, D. (2017). Encuesta nacional 2015–2016 sobre pérdidas anuales de colonias de la abeja de la miel manejada en los EE.UU. *Journal of Apicultural Research*, 56(4), 328–340. <https://doi.org/10.1080/00218839.2017.1344496>
- Lapidge, K. L., Oldroyd, B. P., and Spivak, M. (2002). Seven suggestive quantitative trait loci influence hygienic behavior of honey bees. *Naturwissenschaften*, 89(12), 565–568. <https://doi.org/10.1007/s00114-002-0371-6>
- Leclercq, G., Pannebakker, B., Gengler, N., Nguyen, B. K., and Francis, F. (2017). Inconvenientes y beneficios del comportamiento higiénico de la abeja de la miel (*Apis mellifera* L.): una revisión. *Journal of Apicultural Research*, 56(4), 366–375. <https://doi.org/10.1080/00218839.2017.1327938>
- Lee, K. V., Steinhauer, N., Rennich, K., Wilson, M. E., Tarpy, D. R., Caron, D. M., Rose, R., Delaplane, K. S., Baylis, K., Lengerich, E. J., Pettis, J., Skinner, J. A., Wilkes, J. T., Sagili, R., and vanEngelsdorp, D. (2015). A national survey of managed honey bee 2013–2014 annual colony losses in the USA. *Apidologie*, 46(3), 292–305. <https://doi.org/10.1007/s13592-015-0356-z>
- Liu, F., Shi, T., Huang, S., Yu, L., and Bi, S. (2016). Genetic structure of Mount Huang honey bee (*Apis cerana*) populations: Evidence from microsatellite polymorphism. *Hereditas*, 153(1), 1–6. <https://doi.org/10.1186/s41065-016-0010-4>
- Liu, Z. J., and Cordes, J. F. (2004). DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238(1–4), 1–37. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2004.05.027>
- Maa, T. (1953). An inquiry into the systematics of the tribus apidini or honeybee (Hym.).

Treubia, 21 (3) 525-640.

- Martin, S. J. (1995). Reproduction of *Varroa jacobsoni* in cells of *Apis mellifera* containing one or more mother mites and the distribution of these cells. *Journal of Apicultural Research*, 34(4), 187–196. <https://doi.org/10.1080/00218839.1995.11100904>
- Meng, E., Smale, M., Ruifa, H., Brennan, J. P., and Godden, D. (1999). Measurement of Crop Genetic Diversity in Economic Analysis. *Annual Conference of the Australian Agricultural and Resource Economics Society, January 1999*, 1–30. <https://doi.org/10.22004/AG.ECON.124089>
- Mercan, L., Bilgi, F., and Budak, M. (2019). Saf Gerze tavuğu ve Sinop ili köy tavuğu popülasyonlarının sekiz polimorfik mikrosatellit lokusu bakımından karşılaştırılması. *Anadolu Journal of Agricultural Sciences*, 34, 164–171. <https://doi.org/10.7161/omuanajas.480586>
- Mercan, L., and Okumuş, A. (2015). Genetic diversity of village chickens in Central Black Sea Region and commercial chickens in Turkey by using microsatellite markers. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 39(2), 134–140. <https://doi.org/10.3906/vet-1308-44>
- Minter, M., Nielsen, E. S., Blyth, C., Bertola, L. D., Kantar, M. B., Morales, H. E., Orland, C., Segelbacher, G., and Leigh, D. M. (2021). What Is Genetic Diversity and Why Does it Matter? *Frontiers for Young Minds*, 9. <https://doi.org/10.3389/frym.2021.656168>
- Mondet, F., de Miranda, J. R., Kretzschmar, A., Le Conte, Y., and Mercer, A. R. (2014). On the Front Line: Quantitative Virus Dynamics in Honeybee (*Apis mellifera* L.) Colonies along a New Expansion Front of the Parasite *Varroa destructor*. *PLoS Pathogens*, 10(8). <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1004323>
- Moritz, R. F. A. (1988). A reevaluation of the two-locus model for hygienic behavior in Honeybees (*Apis mellifera* L.). *Journal of Heredity*, 79(4), 257–262. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a110506>
- Nei, M. (1972). Genetic Distance between Populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283–292. <http://www.jstor.org/stable/2459777>
- Nogueira, M. B., de Faria, D. A., Ianella, P., Paiva, S. R., and McManus, C. (2022). Genetic diversity and population structure of locally adapted Brazilian horse breeds assessed using genome-wide single nucleotide polymorphisms. *Livestock Science*, 264, 105071. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2022.105071>
- Oldroyd, B. P. (1999). Coevolution while you wait: *Varroa jacobsoni*, a new parasite of western honeybees. *Trends in Ecology and Evolution*, 14(8), 312–315. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(99\)00163-4](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(99)00163-4)
- Oxley, P. R., Spivak, M., and Oldroyd, B. P. (2010). Six quantitative trait loci influence task thresholds for hygienic behaviour in honeybees (*Apis mellifera*). *Molecular Ecology*, 19(7), 1452–1461. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04569.x>
- Özsoy Taşkıran, N., Dayıoğlu, M., and Kabakçı, D. (2017). Bal Arılarının (*Apis mellifera* L.) Sınıflandırılması ve Ekolojik Koşulların Morfolojisi Üzerine Etkisi. *Arıcılık Araştırma Dergisi*, 9(2), 68–77. <https://dergipark.org.tr/tr/pub/aader/issue/33695/381951>
- Öztürk, A.I. (1990). Morphometric analysis of some Turkish honeybees (*Apis mellifera* L.). Master of Philosophy. Univ. Of Wales College of Cardiff, UK.
- Palacio, M. A., Rodriguez, E., Goncalves, L., Bedascarrasbure, E., and Spivak, M. (2010). Hygienic behaviors of honey bees in response to brood experimentally pin-killed or infected with *Ascosphaera apis*. *Apidologie*, 41(6), 602–612. <https://doi.org/10.1051/apido/2010022>
- Park, M. G., Orr, M. C., and Danforth, B. N. (2010). The role of native bees in apple

- pollination. *New York Fruit Quarterly*, 18(1), 21–25. <http://www.nass>.
- Peakall, R., and Smouse, P. E. (2012). GenALEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
- Peck, D. T., and Seeley, T. D. (2019). Mite bombs or robber lures? The roles of drifting and robbing in Varroa destructor transmission from collapsing honey bee colonies to their neighbors. *PLoS ONE*, 14(6), e0218392. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0218392>
- Peck, D. T., Smith, M. L., and Seeley, T. D. (2016). Varroa destructor mites can nimbly climb from flowers onto foraging honey bees. *PLoS ONE*, 11(12). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0167798>
- Peng, Y. S., Fang, Y., Xu, S., and Ge, L. (1987). The resistance mechanism of the Asian honey bee, *Apis cerana* Fabr., to an ectoparasitic mite, *Varroa jacobsoni* Oudemans. *Journal of Invertebrate Pathology*, 49(1), 54–60. [https://doi.org/10.1016/0022-2011\(87\)90125-X](https://doi.org/10.1016/0022-2011(87)90125-X)
- Posada-Florez, F., Childers, A. K., Heerman, M. C., Egekwu, N. I., Cook, S. C., Chen, Y., Evans, J. D., and Ryabov, E. V. (2019). Deformed wing virus type A, a major honey bee pathogen, is vectored by the mite Varroa destructor in a non-propagative manner. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47447-3>
- Primrose, S. B., and Twyman, R. M. (2006). Principles of Gene Manipulation and Genomics, 7th Ed., Blackwell Publishing, Malden, USA.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., and Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- Ramírez, S. R., Nieh, J. C., Quental, T. B., Roubik, D. W., Imperatriz-Fonseca, V. L., and Pierce, N. E. (2010). A molecular phylogeny of the stingless bee genus *Melipona* (Hymenoptera: Apidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 56(2), 519–525. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2010.04.026>
- Ramsey, S. D., Ochoa, R., Bauchan, G., Gulbranson, C., Mowery, J. D., Cohen, A., Lim, D., Joklik, J., Cicero, J. M., Ellis, J. D., Hawthorne, D., and Van Engelsdorp, D. (2019). Varroa destructor feeds primarily on honey bee fat body tissue and not hemolymph. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 116(5), 1792–1801. <https://doi.org/10.1073/pnas.1818371116>
- Reams, T., and Rangel, J. (2022). Understanding the Enemy: A Review of the Genetics, Behavior and Chemical Ecology of Varroa destructor, the Parasitic Mite of *Apis mellifera*. *Journal of Insect Science*, 22(1). <https://doi.org/10.1093/jisesa/ieab101>
- Richard, F. J., Aubert, A., and Grozinger, C. M. (2008). Modulation of social interactions by immune stimulation in honey bee, *Apis mellifera*, workers. *BMC Biology*, 6. <https://doi.org/10.1186/1741-7007-6-50>
- Richard, F. J., Holt, H. L., and Grozinger, C. M. (2012). Effects of immunostimulation on social behavior, chemical communication and genome-wide gene expression in honey bee workers (*Apis mellifera*). *BMC Genomics*, 13(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-558>
- Rinderer, T. E., Harris, J. W., Hunt, G. J., and De Guzman, L. I. (2010). Breeding for resistance to Varroa destructor in North America. *Apidologie*, 41(3), 409–424. <https://doi.org/10.1051/apido/2010015>
- Roberts, J. M. K., Anderson, D. L., and Tay, W. T. (2015). Multiple host shifts by the emerging honeybee parasite, *Varroa jacobsoni*. *Molecular Ecology*, 24(10), 2379–2391. <https://doi.org/10.1111/mec.13185>

- Rosenkranz, P., Aumeier, P., and Ziegelmann, B. (2010). Biology and control of Varroa destructor. *Journal of Invertebrate Pathology*, 103(SUPPL. 1), S96–S119. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2009.07.016>
- Rothenbuhler, W. C. (1964). Behavior genetics of nest gleaning in Honey bees. IV. responses of F1 and backcross generations to disease-killed brood. *Integrative and Comparative Biology*, 4(2), 111–123. <https://doi.org/10.1093/icb/4.2.111>
- Ruttner, F. (1988). Biogeography and Taxonomy of Honeybees. In *Biogeography and Taxonomy of Honeybees*. Springer Berlin Heidelberg. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-72649-1>
- Ruttner, F., Tassencourt, L., and Louveaux, J. (1978). BIOMETRICAL-STATISTICAL ANALYSIS OF THE GEOGRAPHIC VARIABILITY OF APIS MELLIFERA L. I. Material and Methods. *Apidologie*, 9(4), 363–381. <https://doi.org/10.1051/apido:19780408>
- Salgotra, R. K., and Chauhan, B. S. (2023). Genetic Diversity, Conservation, and Utilization of Plant Genetic Resources. *Genes*, 14(1), 174. <https://doi.org/10.3390/genes14010174>
- Salisu, I. ., Olawale, A. ., Jabbar, B., Koloko, B. ., Abdurrahaman, S. ., Amin, A. ., and Ali, Q. (2018). Molecular markers and their Potentials in Animal Breeding and Genetics. *Nigerian Journal of Animal Science*, 20(3), 29–48. <https://doi.org/10.4314/tjas.v20i3>
- Scannapieco, A. C., Mannino, M. C., Soto, G., Palacio, M. A., Cladera, J. L., and Lanzavecchia, S. B. (2017). Expression analysis of genes putatively associated with hygienic behavior in selected stocks of Apis mellifera L. from Argentina. *Insectes Sociaux*, 64(4), 485–494. <https://doi.org/10.1007/s00040-017-0567-6>
- Schork, N. J., Fallin, D., and Lanchbury, J. S. (2000). Single nucleotide polymorphisms and the future of genetic epidemiology. *Clinical Genetics*, 58(4), 250–264. <https://doi.org/10.1034/j.1399-0004.2000.580402.x>
- Sheppard, W. S. (1989). A history of the introduction of honey bee races into the United States. Part 1. *Am. Bee J*, 129(9), 617–619. <https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=US9009419>
- Sıralı, R., Cinbirtoğlu, Ş., and Develi, Z. Ş. (2017). ANADOLU ARISI (*Apis mellifera anatoliaca*)'NİN BAZI ÖNEMLİ ÖZELLİKLERİ Some Important Characteristics of Anatolian Bee (*Apis mellifera anatoliaca*). 17(2), 82–92.
- Smith, K. M., Loh, E. H., Rostal, M. K., Zambrana-Torrel, C. M., Mendiola, L., and Daszak, P. (2013). Pathogens, pests, and economics: Drivers of honey bee colony declines and losses. *EcoHealth*, 10(4), 434–445. <https://doi.org/10.1007/s10393-013-0870-2>
- Solignac, M., Vautrin, D., Loiseau, A., Mougél, F., Baudry, E., Estoup, A., Garnery, L., Haberl, M., and Cornuet, J. M. (2003). Five hundred and fifty microsatellite markers for the study of the honeybee (*Apis mellifera* L.) genome. *Molecular Ecology Notes*, 3(2), 307–311. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2003.00436.x>
- Spivak, M. (1996). Honey bee hygienic behavior and defense against Varroa jacobsoni. *Apidologie*, 27(4), 245–260. <https://doi.org/10.1051/apido:19960407>
- Spivak, M., and Danka, R. G. (2020). Perspectives on hygienic behavior in *Apis mellifera* and other social insects. *Apidologie*, 52(1), 1–16. <https://doi.org/10.1007/s13592-020-00784-z>
- Spivak, M., and Gilliam, M. (1998). Hygienic behaviour of honey bees and its application for control of brood diseases and varroa: Part II. Studies on hygienic behaviour since the Rothenbuhler era. *Bee World*, 79(4), 169–186. <https://doi.org/10.1080/0005772X.1998.11099408>
- Spivak, M., Masterman, R., Ross, R., and Mesce, K. A. (2003). Hygienic behavior in the honey

- bee (*Apis mellifera* L.) and the modulatory role of octopamine. *Journal of Neurobiology*, 55(3), 341–354. <https://doi.org/10.1002/neu.10219>
- Spivak, M., and Reuter, G. S. (2001). Resistance to American foulbrood disease by honey bee colonies *Apis mellifera* bred for hygienic behavior. *Apidologie*, 32(6), 555–565. <https://doi.org/10.1051/apido:2001103>
- Stathers, R. (2014). The Bee and the Stockmarket – An overview of pollinator decline and its economic and corporate significance. Schrodgers.
- Steinhauer, N., Kulhanek, K., Antúnez, K., Human, H., Chantawannakul, P., Chauzat, M. P., and vanEngelsdorp, D. (2018). Drivers of colony losses. *Current Opinion in Insect Science*, 26, 142–148. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2018.02.004>
- Tautz, J. (2008). The Buzz about Bees. In *The Buzz about Bees*. Springer Berlin Heidelberg. <https://doi.org/10.1007/978-3-540-78729-7>
- UNEP. (2014). <https://www.unep.org/resources/annual-report/unep-2014-annual-report>
- Wegener, J., Ruhnke, H., Scheller, K., Mispagel, S., Knollmann, U., Kamp, G., and Bienefeld, K. (2016). Pathogenesis of varroosis at the level of the honey bee (*Apis mellifera*) colony. *Journal of Insect Physiology*, 91–92, 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2016.06.004>
- 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., and Tsutsui, W. D. (2006). Thrice out of Africa: Ancient and recent expansions of the honey bee, *Apis mellifera*. *Science*, 314(5799), 642–645. <https://doi.org/10.1126/science.1132772>
- Wilson, E. O. (1971). The insect societies. Belknap Press, Harvard.
- Winston, M. L. (1991). The Biology of the Honey Bee, Havard University Press, Boston.
- Wright, S. (1951). The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, 15(4), 323–354. <https://doi.org/10.2307/2407273>
- Wright, S. (1969). *Evolution and Genetics of Populations: The Theory of Gene Frequencies*. University of Chicago Press, Chicago.
- Wright, S. (1984). *Evolution and the genetics of populations (Variability within and among natural populations)* (Vol. 4). University of Chicago Press. <https://press.uchicago.edu/ucp/books/book/chicago/E/bo3642015.html>
- Xie, X., Huang, Z. Y., and Zeng, Z. (2016). Why do Varroa mites prefer nurse bees? *Scientific Reports*, 6(1), 1–6. <https://doi.org/10.1038/srep28228>
- Yue, C., and Genersch, E. (2005). RT-PCR analysis of Deformed wing virus in honeybees (*Apis mellifera*) and mites (*Varroa destructor*). *Journal of General Virology*, 86(12), 3419–3424. <https://doi.org/10.1099/vir.0.81401-0>
- Zayed, A. (2009). Bee genetics and conservation. *Apidologie*, 40(3), 237–262. <https://doi.org/10.1051/apido/2009026>

ÖZ GEÇMİŞ

Fatih BİLGİ, İzmir Yunus Emre Anadolu Lisesi'ni bitirdikten sonra Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Zootečni bölümünden 13.06.2011 tarihinde mezun oldu. 2012 yılında OMÜ LEE Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı Yüksek Lisans programına girdi. OMÜ LEE Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı Yüksek Lisans programı 2015 tarihinde bitirdi ve 2015 yılında OMÜ LEE Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı Doktora programına başladı. Mezuniyetinden bu yana Araştırma Görevlisi olarak görev yapan Fatih BİLGİ, iyi derecede İngilizce bilmektedir (ÜDS: 66.25, KPDS: 86.25). Temel ilgi alanları; Ziraat, Figür boyama ve Tarih alanlarıdır.

İletişim Bilgileri

ORCID ID : <https://orcid.org/0000-0002-8239-2217>

Yayınlar:

1. Mercan, L., Bülbül C. E., Bilgi, F., Maraklı, S. (2022). Determination of plant-specific retrotransposons in chicken. Turkish Journal Of Veterinary and Animal Sciences, 46, 67-73, Doi: 10.3906/vet-2102-56.
2. Mercan, L., Bilgi, F., Budak, M. (2019). Saf Gerze tavuğu ve Sinop ili köy tavuğu popülasyonlarının sekiz polimorfik mikrosatellit lokusu bakımından karşılaştırılması. Anadolu Journal of Agricultural Sciences, 164-171, Doi: 10.7161/omuanajas.480586.
3. Bilgi, F., Demirtaş, Z., Mercan, L. (2016). Hayvan Islahında Güncel Bir Yaklaşım CRISPR Cas9 Genom Modifikasyon Sistemi. Türk Tarım-Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi, 4, 12, 1118-1122.
4. Demirtaş, Z., Bilgi, F., Mercan, L. (2016). Memelilerde Genomik Damgalanmanın Epigenetik Düzenleyicileri. Türk Tarım-Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi, 4, 12, 1139-1142.
5. Bülbül C. E., Bilgi, F., Mercan, L., Maraklı, S. (2022). The Detection of Barley-Specific Nikita Retrotransposon in Domestic Goose (*Anser anser domesticus*)

Genome by IRAP-PCR Method. ISPEC 9th International Conference on Agriculture, Animal Sciences and Rural Development, 73-74.

6. Gül, A., Arslan, S., Mercan, L., Bilgi, F., Ese, H., Güler, A. (2021). Some yield and performance parameters of Anatolian honey bee (*Apis mellifera* L.). 3. Uluslararası ve 12. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi.
7. Mercan, L., Bülbül C. E., Bilgi, F., Maraklı, S. (2020). Detection of Some Plant-Specific Retrotransposons in Gerze Chicken by IRAP-PCR Method. IV. International Congress on Domestic Animal Breeding, Genetics and Husbandry, 152-152.
8. Bülbül C. E., Bilgi, F., Mercan, L., Maraklı, S. (2023). Use of SNP Chips for Genome-Wide Association Studies in Livestock. Recent Advances in Agricultural Research, 1, 81, Livre de Lyon, ISBN: 978-2-38236-540-3.