

Türkiye'nin Farklı Coğrafi Lokasyonlarına Ait Bal Arısı (*Apis Mellifera* L.) Genotiplerinin Morfolojik Özelliklerine Göre Kümeleme Analizi ile Sınıflandırılması

İrfan Öztürk¹

Özet

Bu çalışmada, Türkiye'nin farklı lokasyonlarına ait bal arısı (*Apis mellifera* L.) genotipleri bazı morfolojik özelliklerine göre sayısal sınıflandırma yöntemleri ile karşılaştırmalı olarak incelenmiştir.

Bal arılarının dış yapılarına ilişkin morfolojik özellikler farklı ölçü birimlerine sahip olduklarından, bu değerlerin standardize Z-skorlarının Öklid ve karesel Öklid uzaklıkları kullanılarak benzerlik matrisi elde edilmiştir. Cluster modülü aracı ile Tek Bağlantı (Singel Linkage), Tam Bağlantı (Complete Linkage) ve Ward yöntemleri ile karşılaştırılarak en uygun sınıflandırmayı sağlayan yöntemin Ward yöntemi olduğu belirlenmiştir. Bu analiz sonucunda genotipler arası benzerlik matrisinin oluşturduğu kümeleme çözümleri, Hotelling Lawley İz ve Wilks Lamda istatistikleri kullanılarak değerlendirilmiştir.

Her üç yöntemle göre yapılan sınıflandırma sonucunda en anlamlı sınıflandırmayı Ward yöntemi sağlamış olup, bu yöntemde bal arısı genotipleri 5 farklı gruba ayrıldığı görülmektedir ($P < 0,001$).

1.GİRİŞ

Farklı morfolojik özellikler bakımından birbirinden önemli ölçüde ayrılan bal arısı türlerinin, aynı türe ait ırkların veya bir ırkın farklı ekotiplerinin tanımlanması ve birbirinden ayırt edilmesi, uzun süredir arıcılık ve sistematik biyoloji alanlarında tartışılmakta olan bir konudur (1).

Bal arılarının tanımlanması ve sınıflandırılmasında yaklaşık 42 morfolojik karakterin kullanılabileceği bildirilmektedir (2). Ancak birçok araştırmacı,

1 Doç. Dr., Harran Üniversitesi OSB MYO Gıda Teknolojileri Bölümü, ozirfan23@yahoo.com,

değerlendirilebilecek karakter sayısının, çalışılan arı ırkı veya tipine bağlı olarak değişebileceğini belirtmektedir (3).

Farklı genotiplere ait bireyler, çeşitli morfolojik karakterler açısından birbirleriyle ilişkili özellikler sergilemektedir. Ancak çok sayıda morfometrik karaktere ait verilerin yalnızca tek değişkenli istatistiksel yöntemlerle analiz edilmesi, genotip gruplarının doğru şekilde tanımlanması ve sınıflandırılması açısından yetersiz kalmaktadır (1).

Bu nedenle, sınıflandırma çalışmalarında tek bir özelliğe dayalı yöntemler yerine, çok sayıda morfolojik karakteri aynı anda değerlendirebilen çok değişkenli istatistiksel yöntemlere ihtiyaç duyulmaktadır (4). Bu tür analizler, genotiplerin üzerinde durulan morfolojik özelliklere bağlı olarak ya belirgin biçimde ayrılmasını ya da kısmen örtüşen yapılar sergilemesini mümkün kılmaktadır (1).

Bu doğrultuda, bu çalışmanın amacı, Türkiye'nin farklı coğrafi bölgelerine ait bal arısı genotiplerini belirli morfolojik özellikler temelinde sayısal sınıflandırma yöntemleri kullanarak analiz etmek ve genotipler arasındaki morfolojik benzerlik ve farklılıkları ortaya koymaktır.

2. MATERYAL VE METOT

Çalışmanın materyalini, bazı araştırmacılar (5,6,7,8) tarafından bildirilen ve Türkiye'nin 39 farklı lokasyonuna ait bal arısı genotipleri üzerinde ölçülen 12 morfolojik karaktere ilişkin ortalama değerler oluşturmuştur. Bu değerler üç farklı sınıflandırma yöntemi ile analiz edilerek bal arısı genotiplerinin yayılım alanları ve yakınlık düzeyleri bölgelere göre belirlenmeye çalışılmıştır.

Bu çalışmada değerlendirilen morfolojik özellikler farklı ölçü birimlerine sahip olduğundan, karşılaştırılabilir hale getirilmek amacıyla standartlaştırılmış ve bu işlem sonucunda 39×12 boyutlarında bir standart Z-puan veri matrisi oluşturulmuştur. Elde edilen bu standart Z matrisi kullanılarak, genotip çiftleri arasındaki morfolojik benzerlikleri yansıtan bir benzerlik matrisi hesaplanmıştır.

Genotipler Arası Uzaklıkların Hesaplanması:

Orijinal veri matrisi oransal ölçekli veriler içerdiğinden, genotip çiftleri arasındaki morfolojik uzaklıklar Öklid ve karesel Öklid uzaklık ölçütleri kullanılarak hesaplanmıştır (9,10,11).

Ward yönteminin uygulanabilmesi için karesel Öklid uzaklığının kullanılması gereklidir. Ancak, karesel Öklid uzaklığı hesaplamalarında uç değerlerin (outliers) uzaklık ölçümleri üzerinde olumsuz etkiler

oluşturabilmesi nedeniyle, orijinal veri matrisi standart Z-skorlarına dönüştürülmüştür (12,13,14).

Bu standardizasyon işlemi, tüm değişkenlerin ortak bir ölçekte değerlendirilmesini sağlayarak, analiz sonuçlarının daha güvenilir ve karşılaştırılabilir olmasına olanak tanımıştır.

39 farklı lokasyona ait bal arısı genotipi ve 12 morfolojik özelliğe ilişkin oluşturulmuş standart-Z veri matrisinden i. ve j.'ci birimleri arasındaki öklid uzaklığı;

$$d_2(x_i, x_j) = \left[\sum_{k=1}^p |x_k - x_k|^2 \right]^{1/2} \text{ olarak,}$$

Karesel Öklid Uzaklığı ise;

$$d_2^2(x_i, x_j) = \sum_{k=1}^p |x_k - x_k|^2 \text{ eşitliği ile hesaplanmıştır (10,15).}$$

2.1. Kümeleme Yöntemleri

Bal arısı genotiplerinin coğrafi bölgelere göre sınıflandırılmasında, bazı hiyerarşik (aşamalı) kümeleme analizleri kullanılmıştır. Bu yöntemler arasında tek bağlantı (single linkage) kümeleme yöntemi de yer almaktadır.

2.1.1. Tek Bağlantı Kümeleme Yöntemi (Single Linkage Cluster Analysis)

Tek bağlantı kümeleme yöntemi, her bir bireyin veya bireye ait karakterlerin başlangıçta ayrı birer küme olarak değerlendirildiği bir yaklaşımdır. Yani analiz başlangıcında, toplam birey sayısı kadar (nnn) tek elemanlı küme mevcuttur. Bu kümeler arasında, uzaklık matrisi $D = \{d_{ik}\}$ kullanılarak en küçük uzaklık değeri tespit edilir ve birbirine en yakın iki küme birleştirilir. Böylece kümeler arası benzerlik esasına dayalı olarak aşamalı birleştirmelerle yeni kümeler oluşturulmaya devam edilir.

Eğer başlangıçta (U) ve (V) kümeleri birleştirilmiş ise 3. Adımda (U,V) kümesine en yakın olan (W) kümesi arasındaki uzaklık ve benzerlik ölçümleri;

$$d(U,V)W = \min \{d_{UW}, d_{VW}\},$$

bağıntısı ile hesaplanmaktadır. Buradaki d_{UW} ve d_{VW} uzaklıkları sırasıyla, U ve W kümesi ile V ve W kümelerinin en yakın komşuları

arasındaki uzaklıktır. Bu işlemlerin sonunda söz konusu matrisin boyutu $(n-1)$ birim indirgenerek, matris yenilenir. Ele alınan yöntem tekrarlanarak devam eder (10, 16, 17).

2.1.2-Tam Bağlantı Kümeleme Yöntemi (Complete Linkage Cluster Analysis):

Bu yöntem Tek bağlantı kümeleme yöntemine çok benzemekle beraber, Tek bağlantı kümeleme yönteminden ayıran tek özelliği küme elemanları arasındaki uzaklığın maksimum derecelerinin alınmasıdır. Yani kümeler oluşturulurken en uzak komşu niteliğine sahip bireyler (birimler) birbirleriyle birleştirilerek bir araya getirilmektedir. Tam bağlantı kümeleme tekniği basit olmakla beraber küme yapısını belirlemede iyi sonuç veren bir tekniktir (10,16).

Bu yöntemde uzaklık veya ilişki matrisi elde edildikten sonra n tane bireyden birbirine en yakın olan (U) ve (V) gibi iki küme (UV) kümesi olarak birleştirildikten sonra üçüncü bir (W) kümesi ile arasındaki uzaklığın belirlenmesi için uzaklık türü benzerlik ölçüsü kullanıldığında;

$$d(U,V)W = \max \{d_{UW}, d_{VW}\} \text{ bağıntısından yararlanılır (16, 17).}$$

2.1.3. Ward Kümeleme Tekniği

En küçük varyans yöntemi olarak da adlandırılan Ward metodu, çok genel aşamalı bir kümeleme yöntemidir. Bu yöntemin en etkileyici özelliği, birey sayısı (n) çok fazla olduğunda ($n > 50$), diğer aşamalı kümeleme metodlarına göre daha iyi sonuçlar vermesidir (10).

İstatistiksel anlamda, kümeleme yayılımının minimize edilmesine dayanan Ward metodunda, kümeler içi varyansın minimize edilmesi amaçlamaktadır. Kümeleme analizinin herhangi bir aşamasında kümelerdeki bireylerin gruplanmasından dolayı bir miktar bilgi kaybı olmaktadır. Bu bilgi kaybı, belli bir kümeye ait olan her noktanın küme ortalamasından sapmaların genel kareler toplamı ile (HKT) ölçülür.

Diğer bir özellik; Ward metodun da benzerlik matrisi elemanlarının kareli Öklid uzaklığının kullanılarak hesaplanmasıdır.

Hata kareler toplamı (HKT); k kümesinde yer alan n_k noktanın k kümesinin ortalamalar vektörüne olan öklid uzaklıkları toplamı,

$$HKT_k = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{n_k} X_{ijk}^2 - \frac{(\sum_{i=1}^p X_k)^2}{n_k}$$

şeklinde hesaplanır. HKT_k değeri tüm $k = 1, 2, \dots, n$ kümede hesaplanıp toplam küme içi Hata Kareler Toplamı;

$$HKT = \sum_{i=1}^{k=n} HKT_k$$

şeklinde hesaplanır. Bu ölçütler hesaplandıktan sonra bireylerin kümelerde birleştirilmeleri aşamalı olarak aşağıdaki gibi gerçekleştirilir.

1- Birinci aşamada $HKT_k=0$ olacak şekilde her birim bir küme kabul edilerek ilk aşama yerine getirilir.

2- İkinci aşamada HKT 'ında en küçük artış sağlayan (U) ve (V) kümeleri birleştirilip (UV) kümesi oluşturulur. HKT 'daki bu artış;

$$\Delta HKT_{UV} = HKT_{(UV)} - HKT_{(U)} - HKT_{(V)}$$

olarak hesaplanmaktadır. Bu suretle n birim (n-1) kümeye ayrılmış olur.

3- Üçüncü aşamada, Küme sayısı $k=1$ oluncaya kadar 2. Adım tekrarlanarak bireylerin aşamalı olarak birbirine bağlanmaları sağlanmaktadır. Bu suretle her aşamada HKT 'ın da oluşan minimum artış, birleştirilen kümelerin merkez noktaları arasındaki Öklid uzaklığının karesi ile orantılı olarak gerçekleştirilmiş olur (10, 11).

2.2. Test İstatistikleri:

2.2.1. Wilks'in Olabilirlik Oran Testi

Wilks tarafından ileri sürülen yöntem, genelleştirilmiş olabilirlik oran temeline (generalized likelihood ratio principle) dayanmaktadır. Test istatistiği olarak önerilen Λ ,

$$\Lambda = \frac{|W|}{|T|} = \frac{|W|}{|W + B|} \text{ veya } \Lambda = \prod_{i=1}^p \frac{1}{1 + \lambda_i}$$

biçimindedir. Söz konusu test istatistiği 0 ile 1 arasında değerler almaktadır. Λ 'nın 0'a yakın olması H_0 hipotezinin reddedildiğini, 1'e yakın olması durumunda kabul edileceğini gösteren bir işarettir. Bu yöntemde F istatistiği kritik değer olarak kullanılacağından,

$$F = \frac{1 - \Lambda^{1/t}}{\Lambda^{1/t}} \cdot \frac{r \cdot t - 2 \cdot u}{p \cdot q} \sim F_{(p \cdot q, r \cdot t - 2 \cdot u) \alpha}$$

dönüşümü yapılır. Burada sırasıyla;

$$r = v - (p + q + 1)/2 \quad t = \sqrt{\frac{(p^2 q^2 - 4)}{(p^2 q^2 - 5)}} \quad \text{Eğer} \quad (p^2 q^2 - 5) > 0$$

değilse $t=1$ dir.

$u = (pq - 2)/4$ $q = k-1$ $v =$ Hata serbestlik derecesi,

$k =$ grup sayısı, $p =$ değişken sayısı dır (17, 18).

2.2.2. Hotelling Lawley İz Yöntemi

Söz konusu yöntemde (BW^{-1}) matrisinin determinantından elde edilen köşegen elemanlarının toplamı; yani [trace (BW^{-1})] bize Hotelling- T^2 değerini vermektedir. Diğer bir ifade ile λ_p BW^{-1} matrisinin determinantından elde edilen r 'inci karakteristik kök olmak üzere,

$$T_o^2 = \sum_{r=1}^p \lambda_r$$

test istatistiği kullanılmaktadır. T_o^2 değerinin büyüklüğü H_o hipotezinin reddedileceğini ifade etmektedir. Burada;

$$F = \frac{p(n-p-1)+2}{(k-1)p^2} \cdot T_o^2 \text{ dönüşümü yapılarak;}$$

$F_{[k-1)p^2, p(n-p-1)+2]} \alpha$ serbestlik dereceli F tablo değerleri kritik değer olarak kullanılmıştır (16, 17).

3.ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

Farklı 39 lokasyondan elde edilen bal arısı genotipleri, Tek Bağlantı (Single Linkage), Tam Bağlantı (Complete Linkage) ve Ward kümeleme yöntemleri kullanılarak sırasıyla 2, 3, 4 ve 5 grup oluşturacak şekilde sınıflandırılmıştır. Sınıflandırma işlemleri, Statistica ve SPSS/PC paket programlarının “Cluster” modülü aracılığıyla gerçekleştirilmiştir. Uygulanan yöntemlerin sonuçları birlikte değerlendirildiğinde, optimum grup sayısının dört olabileceği belirlenmiştir. Bu doğrultuda analizler, özellikle 4 ve 5 küme temel alınarak yürütülmüştür.

Kümeleme analizleri sonucunda elde edilen grup yapıları, **Wilks' Lambda** ve **Hotelling's Lawley Trace** istatistikleri ile değerlendirilmiş olup, bu istatistiklere ilişkin bulgular Çizelge 1'de sunulmuştur.

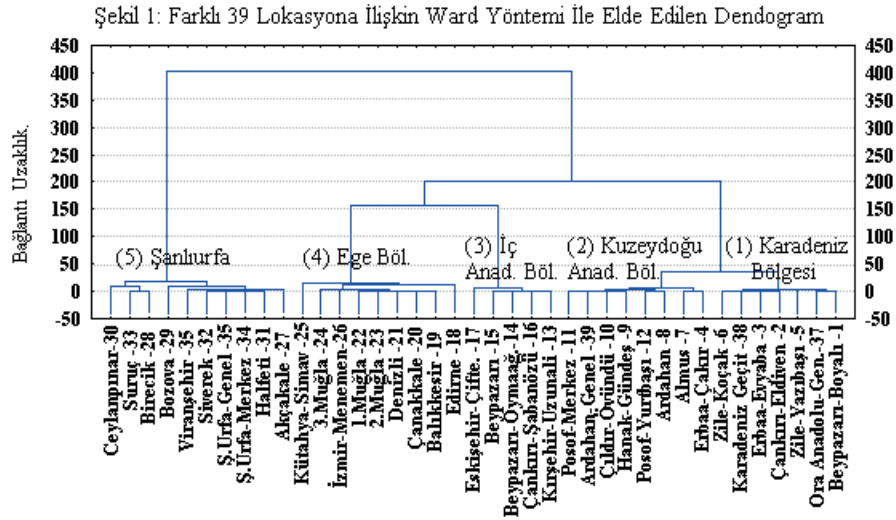
Çizelge 1. Bal Arısı Genotiplerinin Kümeleme Yöntemlerine Göre Sınıflandırılması

Küme Sayısı	Küme No	(Küme Elemanları) Ward Yöntemi	Wilk's Lambda	Hotelling Lawley İz
	1	(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 37, 38, 39)		
4	2	(13, 14, 15, 16, 17)	$\Lambda = 0,0000$	$T_0^2 = 389,73$
	3	(18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26)	$F = 169,3$	$F = 245,4$
	4	(27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36)	$P = 0,000$	$P = 0,000$
	1	(1, 2, 3, 5, 6, 37, 38)		
	2	(4, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 39)		
5	3	(13, 14, 15, 16, 17)	$\Lambda = 0,00000$	$T_0^2 = 398,01$
	4	(18, 21, 22, 23, 24, 25, 26)	$F = 90,7$	$F = 178,3$
	5	(27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36)	$P = 0,000$	$P = 0,000$
		Tam Bağlantı Yöntemi		
	1	(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 37, 38, 39)		
	2	(13, 14, 15, 16, 17)		
5	3	(18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26)	$\Lambda = 0,0000$	$T_0^2 = 416,136$
	4	(25)	$F = 77,2$	$F = 1864$
	5	(27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 40, 41, 42, 43, 44, 45)	$P = 0,000$	$P = 0,000$
		Tek Bağlantı Yöntemi		
	1	(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12,)		
	2	(13, 14, 15, 16, 17)		
5	3	(18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26)	$\Lambda = 0,00000$	$T_0^2 = 399,07$
	4	(27, 28, 29, 31, 32, 33, 34, 35, 36)	$F = 78,3$	$F = 178,75$
	5	(30)	$P = 0,000$	$P = 0,000$

***Birimler 4 kümeye ayrıldığında Tek ve Tam Bağlantı yöntemlerine göre elde edilen sınıflar Ward yöntemi ile aynı sonuçları verdiğinden Çizelge 1'de tekrar edilmemiştir.*

Her üç kümeleme yöntemine göre (Tek bağlantı, Tam bağlantı ve Ward kümeleme yöntemleri) elde edilen dendogramlar (ağaç diyagramları) incelendiğinde, farklı lokasyonlara ait bal arısı genotiplerinin benzer kümelerde sınıflandığı gözlemlenmektedir. Ancak küme sayısı 4 olduğunda alt gruplarda farklılık gözlenmektedir. Oluşan alt gruplardan en anlamlı sınıflandırmayı Ward yönteminin sağladığı görülmektedir. Oluşturulan kümelerin istatistiksel olarak anlamlılığı, **Wilks' Lambda** ve **Hotelling's**

Lawley Trace istatistikleri kullanılarak test edilmiştir. Yapılan analizler sonucunda, elde edilen küme yapılarının %0,1 anlamlılık düzeyinde ($P < 0,001$) istatistiksel olarak oldukça anlamlı olduğu belirlenmiştir.



Şekil 1'de sunulan dendrogram incelendiğinde, 1 no'lu Karadeniz Bölgesi'ne ait bal arısı örnekleri ile 2 no'lu Kuzeydoğu Anadolu Bölgesi'ne ait örneklerin birbirlerine morfolojik açıdan yakınlık gösterdiği belirlenmiştir. Ancak, Karadeniz Bölgesi'ne ait Almus ve Erbaa-Çakır lokasyonlarından elde edilen örneklerin, Kuzeydoğu Anadolu Bölgesi'ne ait bireylerin oluşturduğu kümeye dahil olduğu görülmektedir. Bu durum, söz konusu bölgelerdeki arı popülasyonlarının geçit formu, ortak orijin yapısı veya gezginci arıcılık uygulamalarının etkisiyle açıklanabilir.

Ege Bölgesi'ne ait tüm lokasyon örneklerinin 4 no'lu kümede yer aldığı ve bu kümenin, 3 no'lu kümede sınıflanan İç Anadolu Bölgesi'ne ait örneklerle belirli düzeyde yakınlık gösterdiği gözlemlenmiştir.

Dendrogramda bağlantı uzaklığı 200 birimlik karesel Öklid uzaklığı temelinde değerlendirildiğinde, 1 ve 2 no'lu bölgeler ile 3 ve 4 no'lu bölgelerin birbirine yakın kümeler oluşturduğu görülmektedir. Bu bulgu, Türkiye'deki ana arı popülasyonunun morfolojik yapısının genel olarak Anadolu bal arısı (*Apis mellifera anatoliaca*) ve onun çeşitli ekotipleriyle temsil edildiğine yönelik Ruttner (19) tarafından bildirilen sonuçlarla örtüşmektedir.

Buna karşılık, 5 no'lu bölge olan Şanlıurfa iline ait bal arısı örneklerinin, diğer lokasyonlardan belirgin biçimde ayrılarak, bağımsız bir grup

oluşturduğu tespit edilmiştir. Bu durum, Güneydoğu Anadolu Bölgesi arılarının, İran menşeli A. m. meda alt türünün ekotiplerinden biri olduğu yönündeki **Ruttner (19)**'in bulgularını destekler niteliktedir (20), (21).

4. SONUÇ

Sonuç olarak, çok değişkenli yapıya sahip verilerin gruplandırılması ve sınıflandırılmasında tek değişkenli istatistiksel analiz yöntemlerinin yetersiz kaldığı ortaya konulmuştur. Bu bağlamda, söz konusu bireylerin (birimlerin) değerlendirilmesinde çok değişkenli istatistiksel analiz teknikleri, özellikle kümeleme analizi, daha etkin ve anlamlı sonuçlar sağlamaktadır.

Ayrıca, Şanlıurfa yöresine ait bal arısı genotiplerinin, morfolojik özellikler bakımından Anadolu arı ırkından ziyade İran arısı (**A. m. meda**) genotipine daha fazla benzerlik gösterdiği tespit edilmiş olup, bu bulgu **Ruttner (19)** tarafından daha önce ortaya konulan sonuçlarla uyumluluk arz etmektedir.

Bu çalışmanın, benzer veri yapılarına sahip araştırmalarda kullanılabilecek yöntemsel bir örnek sunması açısından literatüre katkı sağlayacağı değerlendirilmektedir.

5. Kaynaklar

- (1) Genç, F., Dülger, C., Bilgin Ö. C., 1997. **Bazı balarısı (*Apis mellifera* L.) genotiplerinin morfolojik özelliklerine ilişkin diskriminant analizi sonuçları.** Teknik Arıcılık. 58, 2-9. Ankara.
- (2) Ruttner, F., Tassencourt L., Louveaux, J., 1978. **Biometrical-statistical analysis of geographic variability of *Apis mellifera* L.** Apidologie. 9 (4) 363-381.
- (3) Karacaoğlu, M., Fıratlı, Ç., 1992. **Ardahan izole bölge arılarının bazı morfolojik özellikleri.** Doğu Anadolu Bölgesi 1. Arıcılık Semineri (3-4 Haziran 1992). Atatürk Üniv. Zir. Fak. Ofset Tesisleri. Erzurum. 1-16.
- (4) Kence, A., 1997. **Fenetik taksonominin esasları.** Taksonomi Yaz Okulu (7-13 Eylül 1997) Ders Notları .118-119. Antalya.
- (5) Karacaoğlu, M., 1989. **Orta Anadolu, Karadeniz Geçit ve Ardahan İzole Bölgesi arılarının bazı morfolojik özellikleri üzerinde bir araştırma.** Doktora Tezi (Yayınlanmamış). Ankara Üniv. Fen Bilimleri Enstitüsü. Ankara. 98 s.
- (6) Öztürk, A. İ., Alataş, İ., Settar, A., Boduroğlu, Y., Uyguner, F. B., Bozkurt, M., 1992. **Ege bölgesi arı popülasyonlarında bazı morfolojik özelliklerin saptanması.** Sonuç Raporu. Ege Tar. Arşt. Enstitüsü. Mene-men-İzmir. 51 s.
- (7) Genç, V. H., 1996. **Orta Anadolu bal arısı (*A. m. anatoliaca*) ekotiplerinin ve bunların çeşitli melezlerinin yapısal ve davranışsal özellikleri üzerinde bir araştırma.** Doktora Tezi (Yayınlanmamış). Ankara Üniv. Fen Bilimleri Enstitüsü. Ankara. 100 s.
- (8) Sıralı, R., 1998. **Şanlıurfa ilinin farklı ekolojik koşullarında bulunan bal arılarının bazı morfolojik karakterlerinin belirlenmesi üzerine araştırmalar.** Doktora tezi (Yayınlanmamış). Harran Üniv. Fen Bil. Enst. Şanlıurfa. 208 s.
- (9) Stace, C.A. 1980. **Plant taxonomy and biosystematics.** Arnold, London.
- (10) Anderberg, M.R. 1973. **Cluster analysis for applications.** Academic Press. New York. 359 p.
- (11) Sharma S., 1996. **Applied Multivariate Techniques.** John Wiley & Sons. Inc. New York. 493 p.
- (12) Bağcı H., Özdamar K., Shareef S.R. 1991. **Bacillus thuringiensis varyetelerinin sınıflandırılmasında sayısal taksonominin uygulanması.** Doğa -Tr.J. of Biology. (15) 70-81.
- (13) *Statistica Inc, 2022. Statistica release, V 14.0.1.*
- (14) Norusis, M.J., 2019. **IBM SPSS Statistics, SPSS Inc., V.26.0 Chicago.**

- (15) Murtagh, F., 1983. **A probability theory of hierarchic clustering using random dendograms.** J. Statist. Comput. Simul., 13: 145-157.
- (16) Johnson, A.R. and Wichern, D.W., 1992. **Applied multivariate statistical analysis.** Prentice Hall International Inc. New Jersey.
- (17) Tatlıdil, H., 1992. **Uygulamalı çok değişkenli istatistik analiz.** Hacatepe Üniv., Ankara. 320 s.
- (18) Bek, Y., 1998. **Çok değişkenli varyans analizi ders notları.** Çuk. Ü. Adana.
- (19) Ruttner, F., 1988. **Biogeography and taxonomy of honey bees.** Springer-Verlag, Berlin. 283 p
- (20) Özbakır, G.Ö., 2011. **Türkiye'nin Güneydoğu sınır boyu bal arısı popülasyonlarının (Apis mellifera L.) morfolojik özellikleri.** Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootehni anabilim dalı Doktora Tezi, Ankara.
- (21) Özsoy Taşkiran, N., Dayıoğlu, M., Kabakcı, D., 2017. **Bal Arılarının (Apis Mellifera L.) Sınıflandırılması ve Ekolojik Koşulların Morfolojisi Üzerine Etkisi.** Arıcılık Araştırma Dergisi, Cilt: 9, Sayı:2, S:68-77.

