

مطالعه تنوع مورفولوژیک جمعیت‌های زنبور عسل سراسر ایران بر اساس روش‌های آماری تجزیه خوشه‌ای و حداقل واریانس

حسین هادوی چهاربرج^{۱*}، حسین مرادی شهربابک^۲، غلامعلی نهضتی^۲ و اردشیر نجاتی جوارمی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران ۲- استادیار دانشگاه تهران، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

۳- دانشیار دانشگاه تهران، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

*نویسنده مسؤل: hadavihossein@ut.ac.ir

تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۱/۱۹

تاریخ دریافت: ۹۴/۰۹/۲۴

چکیده

از آنجاکه صفات فنوتیپی، تنوع ژنتیکی مستقیمی را نشان می‌دهند، هدف از این مطالعه تنوع موجود در جمعیت‌های زنبور عسل که یکی از اهداف مهم در اصلاح نژاد زنبور عسل محسوب می‌شود، بوده است. بدین ترتیب در پاییز ۹۳ از کلنی‌های زنبور عسل ۱۶ استان کشور به طور تصادفی نمونه‌گیری و جمع‌آوری گردید. گروه‌بندی جمعیت کلنی‌های مورد بررسی بر اساس صفات کلیدی مورفولوژیک با روش تجزیه خوشه‌ای (PCA) و به روش حداقل واریانس وارد (WARD) مورد مطالعه قرار گرفت. از نتایج بدست آمده مشخص شد صفت طول خرطوم با طول پای جلو و طول پای عقب با همبستگی (۰/۶۸)، ایندکس b با قطر شکم با همبستگی (۰/۵۶)، و زاویه G18 با زاویه D7 با همبستگی (۰/۴۶) و همه این صفات روی بال جلو دارای سطح معنی‌داری با احتمال ($p < 0.001$) داشتند، که تفاوت معنی‌داری بین زنبوران عسل استان‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد. توده‌های زنبور عسل ۱۶ استان براساس میانگین داده‌های صفات، ضریب تغییرات (طول بال جلو، عرض بال جلو، طول بال عقب، طول خرطوم، طول شاخک، طول پای جلو، طول پای عقب، ایندکس a، ایندکس b، قطر شکم، زاویه G18، زاویه A4، زاویه D7) به پنج گروه مجزا تقسیم شدند. بر این اساس استان‌های البرز، فارس، کردستان، زنجان در گروه یک، استان‌های بوشهر، لرستان، آذربایجان شرقی در گروه دوم، استان‌های قزوین و همدان در گروه سوم، استان‌های کرمان، اصفهان گهکلیویه بویراحمد در گروه چهارم و در نهایت استان‌های آذربایجان غربی، اردبیل، مازندران و گلستان در گروه پنجم قرار گرفتند. بر این اساس می‌توان نتایج آنالیز PCA زنبوران عسل را در کلاستر بندی به ۵ گروه مجزا دسته‌بندی نمود. این یافته‌ها جدایی مورفولوژیک توده‌های ایرانی و نژادهای خارجی را می‌تواند توجیه کند.

کلمات کلیدی: تنوع، مورفولوژیک، زنبور عسل، تجزیه خوشه‌ای، حداقل واریانس

مقدمه

در گستره آفریقا، اروپا و قسمت‌های مرکزی و غرب آسیا می‌باشد. در حدود ۲۶ زیر گونه و اکوتیپ‌های (موجود سازش یافته با یک زیستگاه خاص) متعدد گونه *Apis mellifera* براساس رفتار، صفات ظاهری و شواهد مولکولی معرفی شده است. برخی نژادها منطقه جغرافیایی وسیع و برخی دیگر مناطق کوچکی را اشغال می‌کنند (ترو، ۲۰۰۰). بعضی از محققین از تفاوت‌هایی همچون واکنش به سرما، ابتلا به بیماری، ریتم‌های (رقص‌های) حین برقراری ارتباط و ویژگی‌های یادگیری به عنوان عامل تعیین کننده تمایز بین گونه‌ها استفاده کرده‌اند (استرانگ، ۲۰۰۷). طهماسبی (۱۳۷۵) با استفاده از روش‌های مورفولوژیک و بیوشیمیایی به بررسی توده زنبور عسل موجود در ایران و رابطه آن با نژادهای جهان پرداخت. وی در قسمت مطالعات مورفومتریک خود با استفاده از روش مورفومتریک سنتی، ۱۲ صفت ظاهری را روی بیش از ۱۳۰۰۰ زنبور کارگر برداشت شده از ۱۳۲۰ کلنی اندازه‌گیری کرد. ایشان بر اساس تجزیه و تحلیل آماری نتایج به دست آمده با روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) نشان داد که توده زنبور عسل موجود در ایران همان نژاد زنبور عسل ایرانی است و از نژادهای اروپایی وارد شده به ایران مثل کارنیولان، ایتالیایی، قفقازی و حتی نژادهای آناتولی، سوری، یمنی و مصری فاصله زیادی دارد (طهماسبی، ۱۳۷۵). این مطالعه به منظور بررسی تنوع بین جمعیت‌های زنبورعسل موجود در مناطق مختلف کشور با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی انجام شد. تا با توجه به واردات نژادها و هیبریدهای مختلف زنبور عسل به ایران بین سال‌های ۱۳۶۴-۱۳۴۰ و جلوگیری از واردات ملکه، در طی ده سال اخیر، تلاش شد تا با استفاده از خصوصیات ظاهری توده‌های زنبوران عسل ایران و مقایسه آن با خصوصیات نژادهای دیگر جهان، وضعیت فعلی توده‌های موجود در ایران در بین نژادهای زنبور عسل جهان تعیین شود و مشخص گردد که واردات وسیع ملکه و جلوگیری از ورود آن در سال‌های اخیر چه اثری روی خصوصیات ژنتیکی نژاد ایرانی داشته است؟

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از ۱۶ استان کشور نمونه‌گیری شد. بر این اساس که از هر استان سه شهرستان و از هر شهرستان سه زنبورستان برای نمونه‌گیری انتخاب شد. برای انجام مقایسات مورفولوژیکی توده‌های زنبور عسل ایران از زنبورستان‌های

در آزمایشات مختلف برای تعیین نقش عوامل مختلف در گرده افشانی گیاهان مشخص شده که ۱ درصد مجموع گرده افشانی‌ها توسط باد، ۶ درصد آن توسط بقیه حشرات منهای زنبور عسل و ۹۳ درصد باقیمانده را زنبور عسل به تنهایی انجام می‌دهد. در بررسی‌های مختلف ارزش گرده افشانی زنبور عسل را از حدود ۶۰ تا ۱۴۳ برابر ارزش تولیدات مستقیم کندو برشمرده‌اند (امانی، ۱۳۹۲). برای درک اهمیت زنبور عسل و نقش بسیار مهم آن در حفظ طبیعت و بوم‌نظام تنها کافیست که به تعداد کندوهای موجود در ایران اشاره شود که بیش از ۶ میلیون کلنی می‌باشد. در مورد تکامل زنبورهای عسل دو فرضیه عنوان شده است. بر اساس یک فرضیه، زنبوران عسل حاصل تکامل در مناطق نزدیک ایتوپیی در آفریقا بوده و پس از آن در آفریقا و خاورمیانه و اروپا گسترش یافته‌اند (زهری، ۱۳۹۲). فرضیه‌ی دیگر بیان می‌نماید که به رغم اینکه ظاهراً بیشتر گونه‌های زنبور عسل دارای منشأ از تمام کشورها می‌باشند ولی زنبورهای متعلق به جنس آپیس به لحاظ منشأ در ابتدا فقط در دنیای قدیم و اساساً در قسمت جنوبی دریای خزر وجود داشته‌اند و پس از آن در آفریقا و اروپا گسترش یافته‌اند. جنس آپیس، بومی جهان قدیم می‌باشد: آسیا، اروپا و تمام آفریقا. از میان زنبورهای عسل، ملیفرا و سرانا دارای بیشترین پراکندگی هستند (الکساندر، ۱۹۹۱). سرانا عمدتاً در دنیای شرق پراکنده شده است در حالیکه ملیفرا قبل از اینکه به دنیای جدید وارد شود، در اروپا و آفریقا پراکنش داشته است (بنیفلد، ۱۹۹۵). ویان رو و همکارانش (۱۹۸۷) طبق بررسی‌های خود صفات مختلفی برای جدا کردن گونه‌های زنبور عسل کوچک و *Apis andrenifomis* بکار بستند ولی ساده‌ترین و متمایزکننده‌ترین صفت، مربوط به زائده کنار پنجه اول است که این زائده در جنس ماده هر گونه زنبور عسل کوچک کوچکتر است. جدایی جغرافیایی می‌تواند منجر به تمایز ژنتیکی جمعیت‌ها و رانش ژنی به واسطه انتخاب محلی شود و در نهایت باعث ایجاد گروه‌هایی^۲ شود که نژاد نامیده می‌شوند (کلارک، ۲۰۰۲). از مدتها قبل برای زنبور عسل فقط چهار گونه شناخته شده بود. در حالی که طبق مطالعه فیلوژنتیکی، حداقل شش گونه از جنس آپیس در دنیا انتشار دارد (کندمیر، ۲۰۰۶). زنبورعسل حشره‌ای بسیار سازش یافته با اکوسیستم‌های متغیر

1- Local selection

2- Gene flow

تقریبی ارتباطی میان داده‌ها وجود ندارد. داده‌های نمونه برداری شده، اطلاعات مربوط به ژنوتیپ‌ها به همراه صفت‌های مورد مطالعه وارد برنامه Excel و ویرایش شد. ویژگی‌های آماری صفات شامل حداقل، حداکثر، میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات همه صفات مورد مطالعه در همه جمعیت‌ها با استفاده از برنامه آماری SAS 9.2 و رویه Means محاسبه شد.

نتایج

از نتایج بدست آمده مشخص شد که صفات عرض بال جلو با طول پای عقب دارای سطح معنی‌داری ۰/۴۷، طول پای عقب با طول شاخک دارای سطح معنی‌داری ۰/۴۳، طول شاخک با طول بال جلو ۰/۵۸، ایندکس کوپیتال b با طول بال جلو ۰/۱۲ و زاویه A4 روی رگبال‌های زنبور عسل با ۰/۶۲ تفاوت معنی‌داری بین نمونه‌های استان‌های مختلف نداشتند و همچنین صفات فوق دارای کای اسکور پایین داشتند. در نتیجه این صفات دارای پراکندگی بالایی در بین زنبوران عسل استان‌های مختلف نشان داده نشد. همچنین صفات عرض بال جلو، طول خرطوم، طول پای جلو، طول پای عقب، ایندکس b، قطر شکم، G18 و D7 دارای سطح معنی‌داری پایین‌تری زیر ۰/۰۰۱ داشتند، که تفاوت معنی‌داری بین زنبوران عسل استان‌های مورد مطالعه مشاهده شد. در نتیجه این صفات دارای پراکندگی بالایی در بین زنبوران عسل استان‌های مختلف نشان می‌دهند. مطالعات رونتر (۲۰۰۲) نیز روی صفات ظاهری زنبوران عسل نشان می‌دهد که همبستگی مثبت بالایی بین طول بال جلو، طول خرطوم و قطعات مختلف پای عقبی وجود دارد، ولی همبستگی بین رگبال a و صفات فوق ضعیف است. نتیجه بررسی‌های انجام شده توسط بینفلد و همکاران در مؤسسه اصلاح نژاد آلمان و در مقایسه با نژادهای وارد شده نیز این پراکندگی صفات فوق را تایید می‌کرد (بینفلد، ۱۹۹۵؛ رونتر، ۱۹۸۸).

استان‌های، آذربایجان شرقی، آذربایجان غربی، گلستان، فارس، کرمان، اردبیل، زنجان، کهگیلویه بویراحمد، مازندران، همدان، اصفهان، لرستان، قزوین، البرز (مرکز تحقیقات علوم دامی) بوشهر، کردستان نمونه برداری صورت گرفت به این ترتیب که از بین زنبودارانی که دارای بیش از ۱۰۰ کلنی که حدود چند سال به طور متمرکز در یک جا زنبورداری داشتند، پنج کندو انتخاب شده و به طور تصادفی نمونه برداری انجام شد. اندازه‌گیری صفات ظاهری توسط DinoCapture انجام و اطلاعات برنامه در Excel جهت ویرایش و تجزیه تحلیل وارد شد. بیومتری صفات مورد نظر مرتبط با شاخص‌های تنوع و تولید شامل صفات طول بال جلو، عرض بال جلو، طول بال عقب، طول خرطوم، طول شاخک، طول پای جلو، طول پای عقب، ایندکس a، ایندکس b، قطر شکم، زاویه G18، زاویه A4، زاویه D7 براساس یافته‌های رونتر و همکاران اندازه‌گیری شدند (رونتر، ۱۹۹۸). برای تجزیه و تحلیل داده‌ها، ابتدا براساس نژاد، استان و مناطق میانگین‌گیری و سپس حجم داده‌ها به روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی کاهش داده شده و به تبع آن همبستگی‌های میان صفات به صفر رسید. از آنجا که صفات ظاهری دارای همبستگی‌های بالایی هستند قرار دادن هر کدام از این صفات به عنوان یک متغیر مستقل در مدل‌های تابعیت چندگانه اصطلاحاً ایجاد هم‌خطی یا هم‌راستایی چندگانه را ایجاد و برآورد را دچار اربب می‌کند در نتیجه از آنجا که شرط لازم برای مدل‌های تابعیت چندگانه مستقل بودن متغیرهای مستقل از یکدیگر است، روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی راهی مناسب جهت کاهش این همبستگی‌هاست. سپس از مؤلفه‌های جدید برای خوشه‌بندی حیوانات براساس نژاد، استان و منطقه به دو روش میانگین گروه‌ها استفاده شده است. در بررسی همبستگی میان داده‌ها تنها از صفات بیومتریکی استفاده و میانگین صفت اندازه‌گیری به طور مستقل از روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی خوش‌بندی شد. به همین منظور از نرم‌افزار SAS 9.3 جهت انجام تجزیه مؤلفه‌های اصلی و خوشه‌بندی استفاده شده است. رویه مورد استفاده جهت انجام تجزیه مؤلفه‌های اصلی در این نرم‌افزار، رویه PrinComp و برای خوشه‌بندی رویه کلاستر می‌باشد. همچنین جهت متمرکز کردن افراد حول مرکز صفحه مختصات از روش دوران متعامد و دستور روش بیضی استفاده شد. این کار از آن جهت اهمیت دارد که با ایجاد دوران متعامد و متمرکز کردن داده‌ها حول مرکز صفحه مختصات یعنی جایی که خطوط کلی داده‌ها یا همان محور X ها و Y ها بر هم عمود هستند و این یعنی در مرکز مختصات و تا یک شعاع

جدول ۱- سطح احتمال معنی داری هر صفت در استان‌های مورد مطالعه

L	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳
P	۰/۴۷ns	۰/۰۰۱**	۰/۴۳ns	۰/۰۰۱**	۰/۵۸ns	۰/۰۰۱**	۰/۰۰۱**	۰/۰۰۱**	۰/۱۲ns	۰/۰۰۱**	۰/۰۰۱**	۰/۶۲ns	۰/۰۰۲**

۱- طول بال جلو ۲- عرض بال جلو ۳- طول بال عقب ۴- طول خرطوم ۵- طول شاخک ۶- طول پای جلو ۷- طول پای عقب ۸- ایندکس a ۹- ایندکس b ۱۰- قطر شکم ۱۱- زاویه G18 ۱۲- زاویه A4 ۱۳- زاویه D7

L جایگاه، P سطح احتمال، ns وجود تعادل صفت در بین کل جمعیت ** عدم تعادل صفت در بین کل جمعیت در سطح یک هزارم

سپس مؤلفه‌های جدید با توجه به مقادیر به دست آمده محاسبه می‌گردد که (جدول ۲) میزان توجیه واریانس هر مؤلفه از بین ۸ مؤلفه اصلی نشان می‌دهد. با توجه به مؤلفه های اصلی بین صفات طول بال جلو، طول پای جلو و ایندکس کوپیتال a اهمیت بیشتری داشته و این صفات درصد بیشتری از همبستگی بین صفات را به خود اختصاص می‌دهند. که

نشان از تنوع تعداد جایگاه‌های موثر بر صفت، فراوانی آلی، عدم انتخاب، معماری آلی، توزیع فراوانی ژن‌ها و اثر متقابل بین محیط و ژنتیک برگردد. لذا این صفات اهمیت و اثر زیادی در تنوع توده زنبور عسل داشته، و درصد بیشتری از واریانس بین صفات و پراکندگی توده‌های زنبور عسل را به خود اختصاص داده است.

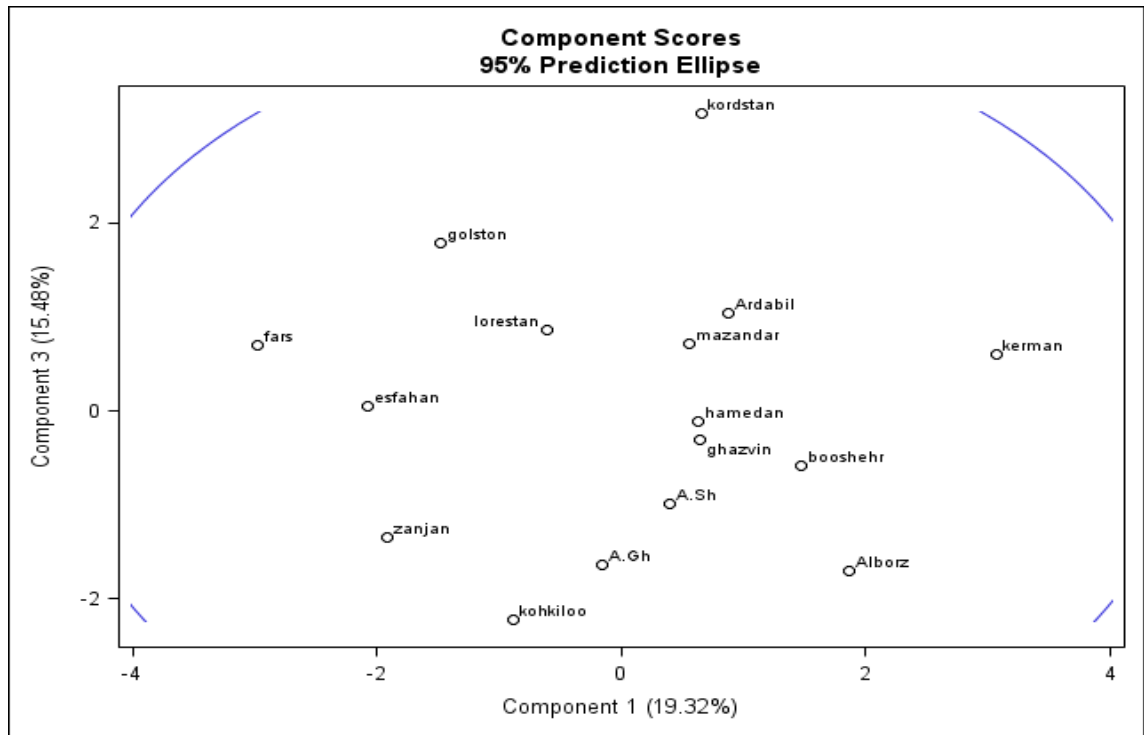
جدول ۲- خصوصیات مؤلفه‌های اصلی صفات مورفولوژیک

صفات	مؤلفه ۱	مؤلفه ۲	مؤلفه ۳	مؤلفه ۴	مؤلفه ۵	مؤلفه ۶	مؤلفه ۷	مؤلفه ۸
طول بال جلو	۰.۱	-۰.۱۳	۰.۵۹	-۰.۱۳	۰.۲۱	-۰.۱۵	۰.۲۰	۰.۲۰
عرض بال جلو	۰.۴۰	-۰.۱۴	۰.۱۲	-۰.۰۷	۰.۱۵	۰.۵۱	-۰.۳۳	-۰.۳۱
طول بال عقب	۰.۳۴	-۰.۱۷	۰.۰۰	-۰.۳۷	-۰.۴۵	۰.۰۶	۰.۱۹	۰.۱۴
طول خرطوم	۰.۳۰	۰.۳۴	-۰.۲۲	-۰.۲۵	-۰.۲۸	۰.۰۶	۰.۳۵	-۰.۱۱
طول شاخک	۰.۲۰	-۰.۴۹	-۰.۱۴	-۰.۰۳	۰.۰۸	-۰.۱۲	۰.۲۳	۰.۵۰
طول پای جلو	۰.۳۲	۰.۳۳	۰.۰۹	۰.۲۳	۰.۰۲	-۰.۳۳	-۰.۳۶	۰.۳۱
طول پای عقب	-۰.۰۹	۰.۳۰	۰.۳۳	۰.۲۲	۰.۲۴	۰.۲۵	۰.۵۹	۰.۰۱
ایندکس a	۰.۳۷	۰.۲۴	۰.۰۶	۰.۳۹	-۰.۱۷	-۰.۲۰	-۰.۰۳	۰.۰۸
ایندکس b	۰.۰۵	۰.۰۰	-۰.۵۶	۰.۲۹	۰.۱۶	-۰.۲۰	۰.۳۱	-۰.۱۳
قطر شکم	۰.۳۷	۰.۲۹	۰.۰۳	-۰.۳۴	۰.۳۳	-۰.۱۶	۰.۰۷	-۰.۲۲
زاویه G18	۰.۳۱	-۰.۳۹	-۰.۰۷	۰.۱۵	۰.۴۰	-۰.۲۱	۰.۰۷	-۰.۳۰
زاویه A4	۰.۰۵	۰.۲۱	-۰.۳۰	-۰.۱۴	۰.۴۲	۰.۴۳	-۰.۱۲	۰.۵۴
زاویه D7	۰.۲۵	-۰.۱۴	۰.۱۰	۰.۵۱	-۰.۲۴	۰.۴۴	۰.۰۷	۰.۰۴

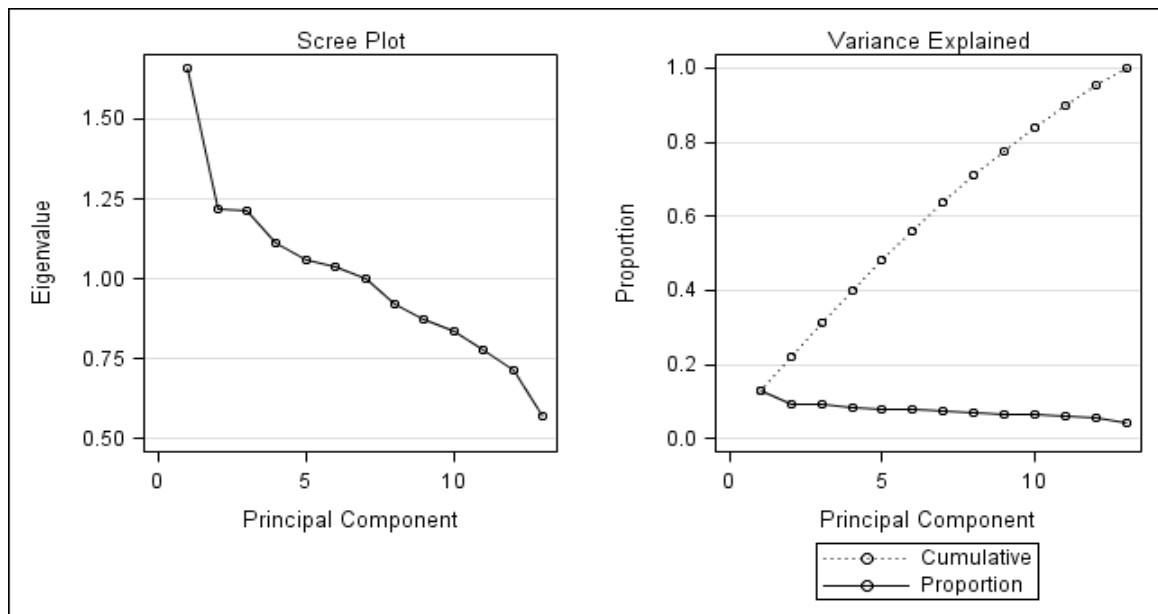
۱- پربین معادل مؤلفه‌های اصلی

بیشترین فاصله هستند. که تنوع بین این استان‌ها را برای تفکیک زنبوران عسل را به وجود می‌آورد اما با افزایش مؤلفه‌های اصلی استان کردستان از بین استان‌های دارای پراکندگی بالا جدا می‌شود (شکل ۱).

تفکیک استانی توده‌های زنبورهای عسل ایران (طبق شکل ۱) و یافته‌های (رودلوف، ۲۰۰۰) براساس میانگین داده‌های صفات (طول بال جلو، عرض بال جلو، طول بال عقب، طول خرطوم، طول شاخک، طول پای جلو، طول پای عقب، ایندکس a، ایندکس b، قطر شکم، زاویه G18، زاویه A4، زاویه D7) اندازه‌گیری شده، به روش آنالیز مؤلفه‌های اصلی تجزیه تحلیل شده است. طبق این جدول استان‌های کردستان، کهگیلویه و بویراحمد، فارس، گلستان، کرمان دارای



شکل ۱- تفکیک استانی توده‌های زنبور عسل بر اساس آنالیز مؤلفه‌های اصلی (مؤلفه یک در مقابل مؤلفه سوم)



شکل ۲- نمودار میزان واریانس توجیهی و مقادیر ویژه مؤلفه‌های اصلی

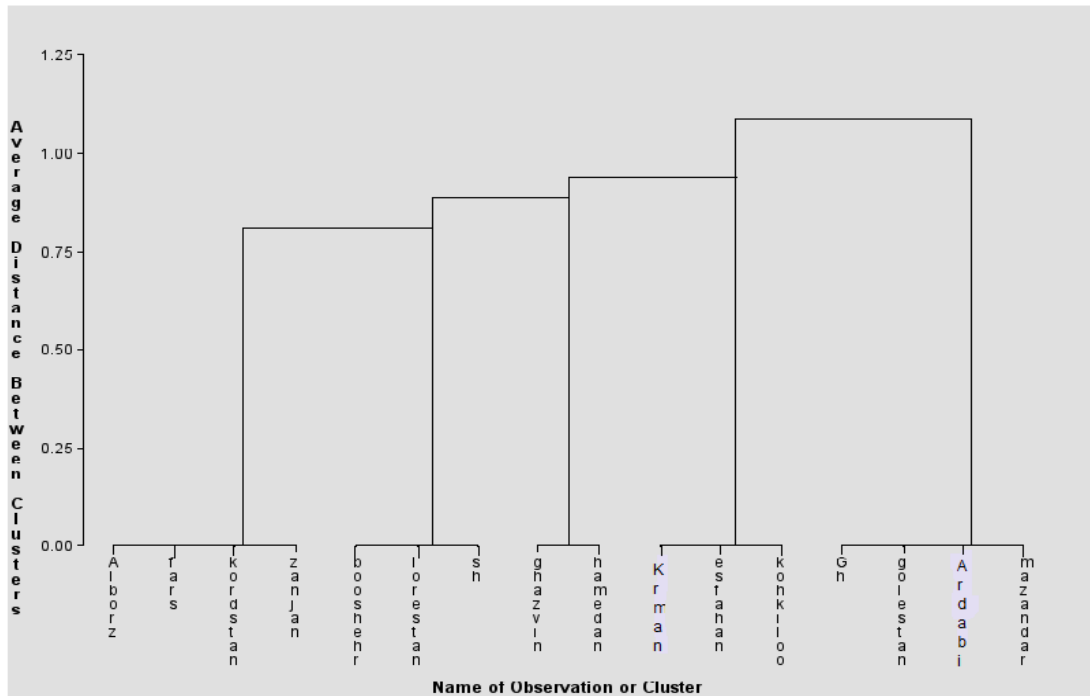
خوشه‌بندی

همانطور که مشاهده می‌شود توده‌های زنبور عسل ۱۶ استان کشورمان براساس میانگین داده‌های صفات (طول بال جلو، عرض بال جلو، طول بال عقب، طول خرطوم، طول شاخک، طول پای جلو، طول پای عقب، ایندکس a ، ایندکس b ، قطر

در نهایت خوشه‌بندی نتایج حاصل از PCA که هدف اصلی قسمت اول این پژوهش است به دو روش میانگین گروه‌ها و وارد انجام شد و نتایج آن در ذیل آمده است. به روش میانگین گروه‌ها، براساس استان به صورت زیر خوشه‌بندی انجام شد.

استان‌های کرمان، اصفهان کهگیلویه بویراحمد در گروه چهار و در نهایت استان‌های آذربایجان غربی، اردبیل، مازندران و گلستان در گروه پنجم قرار گرفتند.

شکم، زاویه G18، زاویه A4، زاویه D7) به پنج گروه مجزا تقسیم شدند. بر این اساس استان‌های البرز، فارس، کردستان، زنجان در گروه یک، استان‌های بوشهر، لرستان، آذربایجان شرقی در گروه دوم، استان‌های قزوین و همدان در گروه سوم،



شکل ۳- تقسیم بندی کلاستر استان‌های مختلف به روش میانگین با استفاده از صفات بیومتری شده زنبورها

بحث

خواهد بود (رادلوف، ۲۰۰۵). در این تحقیق سعی شد، حتی الامکان فاصله نقاط نمونه برداری بیشتر باشد تا نتایج صحیح‌تری به دست آید. استان‌های اردبیل، آذربایجان غربی و شرقی، قزوین، البرز، همدان و کردستان با توجه به شرایط آب و هوای تقریباً مشابه در یک گروه قرار می‌گیرند که می‌تواند قابل توجه باشد. طوری که استان‌های شمالی کشور تقریباً نزدیک استان‌های غربی کشور قرار می‌گیرند و همچنین از مناطق مرکزی و جنوبی کشور استان‌های فارس، لرستان و اصفهان در یک گروه دیگر قرار گرفتند. استان‌های آذربایجان غربی، شرقی و اردبیل که از مناطق عمده زنبورداری کشور محسوب می‌شوند در مقایسات مذکور بطور تقریباً دسته جمعی در گروه‌های مناطق غربی و نزدیک مناطق مرکزی کشور قرار گرفته‌اند و با گروه مناطق شمالی نیز تداخلی کمتری دارند از دلایل عمده پراکندگی نقاط مربوط به این سه استان کوچ‌های متعدد زنبورداران می‌تواند باشد که بخصوص در قشلاق و در جنوب کشور به دلیل نزدیکی محل استقرار

زنبور عسل از نظر اقتصادی در تولید عسل وگرده افشانی گیاهان نقش داشته و از نظر ظرفیت کاربرد سم آنها (*Bee venom*) در درمان بیماری مالیتیل اسکلروزیس (*MS*) مورد توجه محققان قرار گرفته است. جدایی جغرافیایی می‌تواند منجر به تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها به واسطه انتخاب جغرافیایی جمعیت‌ها و رانش ژنی در جمعیت‌ها شده و باعث ایجاد گروه‌هایی شود که به اصطلاح زیر گونه یا نژاد نامیده می‌شوند (کلارک، ۲۰۰۵). برای مقایسه یک صفت باید تعداد زیادی از نمونه‌های یک منطقه را اندازه‌گیری کرد و بر روی نتایج به دست آمده از این اندازه‌گیری‌ها تجزیه و تحلیل آماری صورت گیرد. این کار به خصوص در سطح شناسایی نژادها بسیار رایج است. با وجودی که صفات فنوتیپی، تنوع ژنتیکی مستقیمی را نشان می‌دهند، به نظر می‌رسد که برای تمایز تاکسون‌ها در سطح موفولوژیکی و ظاهری مفید باشند (بادلوف، ۲۰۰۰). هر چقدر فاصله موقعیت‌های نمونه برداری بیشتر باشد، احتمال وجود مورفوکلاسترهای بزرگتر در آنالیز چند متغیره بیشتر

پای عقب، طول بال جلو و ایندکس کوبیتال a اندازه زاویه G18 بر روی سطح بال جلو کاهش می‌یابد. پوکلاکر و کریک برای بررسی همبستگی فنوتیپی بین سطح بال جلو با سطح بال عقب، مجموع مساحت بال‌های جلو و عقب و همچنین طول بال جلو با ایندکس کوبیتال b را به ترتیب ۰/۴۲، ۰/۹۰ و ۰/۰۷ برآورد شد. طول بال جلو بیشترین همبستگی را با طول بال عقب (۰/۸۰) و کمترین همبستگی را با عرض بال جلو (۰/۰۵) داشت. که کاملاً با نتایج بدست آمده از این مطالعه مطابقت دارد. طول خرطوم نیز با صفات بال جلو و پای عقبی به ترتیب همبستگی ۰/۵۴ و ۰/۵۳ سطح معنی‌داری ($P < 0/01$) حاکی از افزایش طول خرطوم با افزایش اندازه این صفات در توده‌های زنبور عسل می‌باشد. و صفت طول خرطوم بیشترین تأثیر را بر روی جمع‌آوری شهد دارد. ادریس و همکاران ۱۳۸۱ همبستگی مثبتی بین طول خرطوم با بال جلو و پای عقبی (۰/۵۶) گزارش کردند. و پوکلاکر و کریک نیز بیشترین همبستگی را بین صفات طول بال جلو و خرطوم بدست آوردند.

مطالعه رونتر و طهماسبی (۱۹۸۸) نیز نشان دهنده همبستگی مثبت بالایی بین صفت طول بال جلو، طول خرطوم و قطعات مختلف پای عقبی است که البته با توجه به اینکه فقط ۲۴۵ زنبور عسل در تعیین این همبستگی‌ها بکار رفته است، لذا این نتایج می‌تواند حاصل از تعداد نمونه باشد. در همین بررسی طول رگبال b که از اجزای لازم برای محاسبه ایندکس کوبیتال است همبستگی مثبت بسیار ضعیفی با طول خرطوم، طول بال جلو و قطعات پای عقبی نشان می‌دهد.

در مجموع می‌توان نتیجه گرفت که تفاوت قابل ملاحظه‌ای از نظر خصوصیات مورفولوژیکی بین زنبوران عسل کارگر در بین کلنی‌های کشور وجود دارد. دوتون و همکاران (۱۹۸۱) نیز در بررسی‌های خود روی زنبور عسل عمان تلاش کردند که کلنی‌های وحشی را با کلنی‌های پرورشی کشور عمان مورد مقایسه قرار دهند که به دلیل مشکلات مربوط به عدم دسترسی به کلنی‌های وحشی و یا غیر قابل اندازه بودن بعضی نمونه‌های برداشت شده نتیجه دقیقی حاصل نشد.

رونتر و پوراصغر (۱۹۸۵) در بررسی‌های خود روی توده زنبور عسل ایرانی با استفاده از ۳۶ کلنی داخلی و ۶۳ کلنی کشورهای همجوار شش جمعیت تفکیک توده‌ها در ایران مشخص کردند که عبارتند: جمعیت‌های مربوط به مرکز و غرب ایران، شمال کشور، شمال شرقی کشور، جنوب شرقی کشور، جمعیت نژاد ایرانی در عراق و جمعیت نژاد ایرانی در

کلنی‌هایشان با کلنی‌های استان‌های دیگر تداخل ژنتیکی داشته و در این مناطق نرها و ملکه‌های دو گروه شانس تلاقی بیشتری داشتند. ضمن اینکه تشابهات اقلیمی نیز بین مناطق این سه استان و مناطق مساعد زنبورداری در استان‌های غربی وجود دارد. با روش تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد کلنی‌های مورد بررسی را به چهار گروه مجزا تقسیم نمود. این یافته‌ها جدایی مورفولوژیک نژاد زنبور عسل ایرانی و نژادهای خارجی آن را اثبات کرد. که نژادهای وارد شده به این منطقه شامل نژاد ایتالیایی و هیبرید استارلاین در گروه-های کاملاً مجزا قرار گرفتند ولی نژاد میدنایت کاملاً از نژاد استارلاین مجزا نشد (زهری، ۱۳۹۲). مطالعات انجام شده توسط عبدالطیف (۱۹۷۷) در عراق نشان می‌دهد که توده زنبور عسل موجود در عراق در مقایسه با نژاد ایرانی دارای جثه کوچک و نیز طول بال، خرطوم و پای کوچکتری می‌باشد. و از نظر خصوصیات بیومتری به زنبوران عسل آفریقایی شباهت بیشتری دارد. نتایج مربوط به همبستگی صفات ظاهری زنبوران عسل کارگر در جداول بالا قبلاً ذکر شده است. همبستگی صفات طول بال جلو با طول پای عقب (۰/۶۸) و صفت ایندکس کوبیتال a با طول شاخک (۰/۵۷) بود و این صفات از صفات تأثیرگذار در تنوع توده‌های زنبور عسل بودند. همبستگی صفت طول پای عقب با صفات طول بال جلو و ایندکس کوبیتال a دارای همبستگی ۰/۶۸ بود ($P < 0/01$). همبستگی مثبت بین صفات طول پای عقب با صفات طول بال جلو و ایندکس کوبیتال a وجود داشت که این همبستگی بالا می‌تواند به دلیل داشتن سبد گرده بزرگ‌تر در زنبوران عسل با جمع‌آوری گرده و شهد ارتباط داشته و عملکرد تولیدی بیشتری نیز خواهند داشت. بنفلد و پیرچنر همبستگی معنی‌داری بین تولید عسل و ایندکس کوبیتال نیافتند. سابو و لف کوچ نیز بین طول کوبیتال a و b و تولید عسل همبستگی معنی‌داری مشاهده نکرد. اما زهری و همکاران همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری بین طول کوبیتال a و تولید عسل تابستان بدست آورده بود. میلن و پرایس همبستگی بین تولید عسل و مساحت سبد گرده را در ۰/۵۵+ گزارش نمودند. میلن طی شش سال پی در پی همبستگی بین تولید و مساحت سبد گرده را در سال‌های مختلف از حداقل ۰/۵۰- تا حداکثر ۰/۶۵+ برآورد کرد. که با درصد همبستگی این مطالعه و اهمیت پای عقب در تولید بیشتر عسل را دارد و یک همبستگی منفی بین صفات طول پای عقب با صفات طول بال جلو و ایندکس کوبیتال a با زاویه G18 ($P < 0/01$) داشت. به طوری که با افزایش اندازه طول

شناسایی کلنی‌های بومی و غیر بومی فراهم می‌سازد (جباری، ۲۰۰۵). با توجه به نتایج به دست آمده در این تحقیق برای تعیین آماره‌هایی مانند میزان هتروزایگوسیتی، فراوانی آلل‌ها و فاصله ژنتیکی، میکروستلایت‌ها به عنوان ابزار مناسبی تشخیص داده شدند.

نتیجه‌گیری نهایی

در این بررسی مشخص شد با وجودی که کلنی‌های زنبورعسل در این مناطق توسط رانش ژنی و همچنین جایگزینی ملکه‌های سایر نژادهای زنبورعسل مورد تهدید قرار گرفته‌اند، اما هنوز نژاد بومی این مناطق حفظ شده است. با این وجود این نژاد در این مناطق حفظ شده‌اند و اما شباهت‌های زیادی با اکوتیپ‌های مختلف را دارند، که نشان می‌دهد توانایی تکاملی خاصی متناسب با آب هوای خاص هر منطقه سازگاری محلی پیدا کرده‌اند.

جنوب شرقی ترکیه بودند که خود این نشان از تنوع بالای زنبورعسل ایران دارد و طبقه‌بندی آن به عنوان نژاد ایرانی کاملاً درست نمی‌باشد که نیاز به بررسی با روش‌های امروزی مانند بررسی‌های مولکولی و غیره می‌باشد.

این نتایج نشان می‌دهد که توده زنبورعسل ایرانی در قسمت‌های مختلف کشور بخصوص در مناطق مرزی تحت تأثیر نژادها و توده‌های کشورهای همجوار قرار می‌گیرند. بطوریکه در شمال کشور خصوصیات ظاهری زنبوران عسل به نژاد قفقازی نزدیک است و خصوصیات زنبوران غرب کشور نیز به توده موجود در عراق و نژاد سوریه‌ای و ترکیه‌ای نزدیک است و زنبور سوریه‌ای مشابه توده‌های ایرانی نیز از نظر خصوصیات ظاهری تحت تأثیر توده ایرانی قرار گرفته است (فتایا، ۱۹۹۴).

گروه‌بندی زیر جمعیت‌های توده زنبورعسل ایران توسط رونتر (۱۹۸۸) و طهماسبی (۱۹۹۷) نشان می‌دهد که گروه شمال و شمال شرقی از بقیه جمعیت‌های جنوب شرقی ترکیه و عراق نیز کاملاً مجزا می‌شود ولی گروه مرکز و غرب و گروه جنوب ایران با یکدیگر تداخل زیادی دارند و جمعیت‌های جنوب شرقی ترکیه و عراق نیز کاملاً مجزا از جمعیت‌های داخل ایران هستند. بر این اساس، نتیجه‌گیری انجام شده توسط رونتر و طهماسبی با نتایج این بررسی مطابقت داشتند. به نظر می‌رسد که بررسی‌های مورفولوژیکی نسبت به مطالعات مولکولی جهت شناسایی جمعیت‌های مفیدتر باشند. داده‌های مولکولی *A. mellifera* محلی اطلاعات کمی را در

منابع

- امانی، م. و اکبریور، ح. ۱۳۹۲. نقش زنبورعسل در گرده افشانی، مدیریت جهادکشاورزی شهرستان ساری.
- زهری، ص. و دادخواه، م. ۱۳۹۲. تنوع جمعیت‌های زنبورعسل بر اساس نشانگرهای مورفولوژیکی و ریزماهواره در استان اردبیل. مجله پژوهش‌های سلولی و مولکولی (مجله زیست‌شناسی ایران)، جلد ۲۶، شماره ۴.
- صفدری، م.، مهربانی یکنانه، ح.، پاکدل، ع.، نجاتی جوارمی، ا. و نهضتی پاقلعه، غ. ۱۳۹۱. تنوع منطقه‌ی بین ژنی I-I ژنوم میتوکندری در جمعیت زنبورعسل ایران
- طهماسبی، غ.، عبادی، ر.، اسماعیلی، ر. و کامبوزیا، ج. ۱۳۷۵. مطالعه مورفولوژیک زنبورعسل معمولی در ایران. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، جلد ۲ شماره ۱ ص ۸۹-۱۰۱.
- Abdellatif, M.A., Abou Elnaga, A.m., Ali, M.H. and Shakir, P.M., 1977. Biometrical studies on Iruaqi honey bee. Journal of Apicultural Research, 16 (3): 140 – 144.
- Alexander, A. B., 1991. Phylogenetic analysis of the genus Apis (Hymenoptera; Apidae). Annals of the Entomological Society of America. 84(2): 137-149.
- Bienefeld, K., Tahmasebi, G.H., Keller, R., Kauhausen – Keller, D. and Ruttner, F., 1995. Report on the present situation of Apis mellifera meda in Iran. Apidologie, 27(4): 307-308.
- Clarke, K. E., Rinderer, T. E., Frank, P., Quezada-Euan, J. G. and Oldroyd, P., 2002. The africanization of the honeybees (Apis mellifera L.) of the Yukatan: A study of a massive hybridization event across time. Evolution. 56:1462-1474.

- Dutton, R. W., Ruttner, F., Berkeley, A. and Manley, M. J. D., 1981. Observations on the morphology relationships and ecology of *Apis mellifera* of Oman. *Journal of Apicultural Research*, 20 (4): 201- 214.
- Ftayeh, A., Mixner, M. and Fuchs, S., 1994. Morphometrical investigation in Syrian honey bees. *Apidologie*, (25), 396-401.
- Jabbari Farhoud, H. and Kence, M., 2005. Morphometric and MtDNA analysis in honeybee populations (*Apis mellifera* L.) of north and northeast Iran. *Proceedings of the Balkanm Scientific Conference of Biology in Plovdiv*. P: 594-597.
- Kandemir, I., Pinto, M., Meixner, A., Marina, D. and Sheppard, W.S., 2006. Hinf-I digestion of cytochrome oxidase I region is not a diagnostic test for *A.m.lamarckii*. *Genetics and Molecular biology*. 29: 747-749.
- Trouve, S., Degen, L., Meunier, C., Tirads, C., Hurtrez-Bousses S., Durand P., Guegan, J.F., Goudet, J. and Renaud, F., 2000. Microsatellites in the hermaphroditic snail, *Lymnaea truncatula*, intermediate host of the liver fluke, *Fasciola hepatica*. *Molecular ecology*. 9:1661-1686.
- Strange, J.P., Garnery, L. and Sheppard, W.S., 2007. Morphological and molecular characterization of the Landes honeybee (*Apis mellifera* L.) ecotype for genetic conservation. *Journal Insect Conservation*. 12: 527-537.
- Radloff, S.E., Hepburn, H.R. and Fuchs, S., 2005. The morphometric affinities of *Apis cerana* of the Hindu Kush and Himalayan regions of western Asia. *Apidologie*. 36: 25-30.
- Radloff, S.E. and Hepburn, H., 2000. Population structure and morphometric variance in the *Apis mellifera* scutellata group of honeybees in Africa. *Genetics and Molecular Biology*. 23:305-316.
- Rutter, F., 1988. Principles of geographic variation in honey bee. In: *Africanized honey bees and bee mites*. Edited by Needham, G.H., R .E. Page, J. R., M. Delfinado-Baker, C.E. Bowood: 250-259.

Morphological diversity of honey bee populations across the country based PCA and minimum variance (WARD) methods

H. Hadavichaharborj^{*1}, H. Moradishahrbabak², G.A. Nehzati² and A. Nejatjavaremi³

1- MSc Student, Department of Animal Science, Agriculture and Natural Source Pardis, University of Tehran, Iran.

2- Assistant Professor, Department of Animal Science, Agriculture and Natural Source Pardis, University of Tehran, Iran. and 3- Associate Professor, Department of Animal Science, Agriculture and Natural Source Pardis, University of Tehran, Iran.

*Corresponding Author Email: hadavihosseini@ut.ac.ir

Submitted: 15 December 2015

Accepted: 8 February 2016

Abstract

Although phenotypic traits show direct genetic variation, the present study was to identify and study genetic diversity in populations of honey bees that is an important goal in bee breeding. Thus, colony samples of honeybees were collected from 16 different provinces of Iran randomly in autumn season of the year 93. Colony grouping was studied based on morphological traits using cluster analysis (PCA) and the least variance (WARD) methods. The results indicated that there was a correlation between front wings width or trunk and the antennae or front foot, the b index and diameter, d18 angle and d7 angle and also all mentioned trait had correlation with front wings in probability level of $P < 0.0001$. Moreover a significant difference was observed among the provinces. Honey bee populations of 16 provinces were divided into 5 groups based on the average of their trait data and their coefficient of variation (front wings length and width, the posterior wings length, the trunk length, antennae length, front foot length, posterior leg length, the index a, the index b, stomach diameter, angleG18, angleA4 and angleD7). According to the mentioned grouping, Alborz, Fars, Kurdistan and Zanzan provinces were assigned to group 1, Bushehr, Lorestan and East Azerbaijan to group 2, Qazvin and Hamedan to group 3, Kerman, Isfahan and Ghoklyvyh Boyer to group 4 and eventually West Azerbaijan, Ardabil, Mazandaran and Golestan were assigned to group 5. Based on this results the PCA analysis divided the studied honeybees to 5 different groups. These results indicated that in one breed, Iranian honey bee and foreign honey bee populations were different in Morphological traits and its not ignorable.

Keywords: Diversity, Morphological, Honeybee, PCA, WARD