

## Research Article

# بررسی هموزیگوتی و تعداد آللهای جنسی و تاثیر آن بر عملکرد کلنی های نسل هجدهم طرح جامع اصلاح نژاد زنبورعسل ایرانی

حیدر زاهدی<sup>۱</sup>، رحیمه سپهری<sup>۱</sup> و غلامحسین طهماسبی<sup>۲</sup> 

۱- گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران  
۲- بخش تحقیقات زنبورعسل، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

**چکیده:** مکانیسم ژنتیکی تعیین جنسیت در زنبورعسل، محدودیتهایی را در سیستم های اصلاح نژادی به وجود آورده است. در جوامع تحت انتخاب که آمیزش خویشاوندی در آنها انجام می شود، احتمال افزایش هموزیگوتی آللهای جنسی و تولید نرهای دیپلوئید بیشتر است. این امر منجر به کاهش جمعیت و کاهش تولیدات کلنی های زنبورعسل می گردد. پژوهش حاضر با هدف بررسی این موضوع و تاثیر آن بر میزان جمعیت و تولید عسل، روی کلنی های نسل هجدهم طرح جامع اصلاح نژاد زنبورعسل ایرانی انجام شد. براساس نتایج به دست آمده، متوسط هموزیگوتی آللهای جنسی ۲۰/۰۸ درصد به دست آمد. بر این اساس، تعداد آللهای جنسی در زنبورستان ۴/۹۸ عدد برآورد شد. تجزیه رگرسیونی متغیرهای مورد بررسی نیز نشان داد، هموزیگوتی آللهای جنسی تاثیر منفی و معنی داری بر میزان جمعیت بالغین (۰/۰۷-) و میزان تولید عسل (۰/۲-) دارد. به عبارت دیگر با افزایش یک درصد به هموزیگوتی، ۰/۰۷ قاب از جمعیت بالغین و ۰/۲ کیلوگرم از تولید عسل کم می شود. میزان همبستگی به دست آمده بین هموزیگوتی و صفات جمعیت (۰/۷۶-) و تولید عسل (۰/۷۵-) نیز منفی و معنی دار بود. تعداد آللهای جنسی در مقایسه با نسل اول این توده کاهش ۳ آلی را داشته است ولی از نسل هشتم به بعد روند کاهشی تقریباً متوقف شده است. بنظر می رسد افزایش تعداد کلنی های پدری از ۲۰ به ۴۰ عدد (در اواسط طرح) نقش مثبتی در این زمینه داشته است. لذا با کنترل مداوم هموزیگوتی و جلوگیری از کاهش تعداد آللهای جنسی در جوامعی که کار اصلاح نژادی در آنها انجام می شود می توان از کاهش عملکرد کلنی های زنبورعسل جلوگیری نمود.

**اطلاعات مقاله****دریافت:** ۱۴۰۳/۰۷/۱۰**پذیرش:** ۱۴۰۴/۰۲/۰۳**انتشار:** ۱۴۰۴/۰۴/۲۹**دبیر تخصصی:** رسول بحرینی**نویسنده مسئول:** رحیمه سپهری**ایمیل:** sepehri\_r@znu.ac.ir**کلمات کلیدی:** زنبور نر دیپلوئید، ژن مکمل تعیین جنسیت، جمعیت، تولید عسلDOI: <https://doi.org/10.22034/jesi.45.3.8>

## مقدمه

کارایی برنامه های اصلاح نژادی در زنبورعسل، تحت تاثیر پیچیدگی های تولیدمثلی و ژنتیکی در این موجود قرار می گیرد (Kistler *et al.*, 2021). به دلیل وجود ساختار ژنتیکی هاپلویدیلوئیدی در زنبورعسل، زنبوران ماده یعنی ملکه و کارگرها از تخم های لقاح یافته که دیپلوئید بوده و دو مجموعه کامل از کروموزوم ها را دارا هستند، به وجود می آیند، بنابراین دو آلل جنسی دارند. ولی زنبوران نر نرمال که در نتیجه بکرزایی به وجود می آیند هاپلوئید بوده و تنها یک مجموعه کامل از کروموزوم ها را دارا می باشند، بنابراین یک آلل جنسی دارند (Ruttner, 2013). از طرف دیگر، مکانیسم ژنتیکی تعیین جنسیت در زنبورعسل با سایر دام ها متفاوت بوده و توسط آللهای جنسی صورت می گیرد و نه کروموزوم های جنسی. طبق نظریه آللهای جنسی، جنسیت توسط یک جایگاه ژنی جنسی (Complementary sex determiner (csd) Gene تعیین می گردد. بطور کلی، ژن های متعددی می توانند در این جایگاه ژنی خاص قرار بگیرد به این ژن ها آلل های تعیین کننده جنس یا آللهای جنسی گفته می شود (Woyke, 1980; Heimpel & De Boer, 2008). بر این اساس، تنها آن سری از تخم های دیپلوئید که دو آلل جنسی مختلف داشته باشند به زنبور ماده تبدیل می شوند. در واقع، تخم های تلقیح شده (۲n) با دو آلل جنسی متفاوت (هتروزیگوت از لحاظ این جایگاه ژنی) به افراد ماده (ملکه و کارگر) و تخم های تلقیح شده با دو آلل جنسی یکسان (هموزیگوت از لحاظ این جایگاه ژنی)، به زنبوران نر دیپلوئید تبدیل می شوند؛ که طی چند ساعت اول دوران لاروی پس از تفریح، توسط زنبوران پرستار برداشته و یا خورده می شوند (Tarpay & Page, 2002). لذا بخشی از نوزادان دیپلوئید؛ که باید به زنبوران کارگر تبدیل می شدند؛ به دلیل تشابه آللهای جنسی شان از کلنی حذف می شوند. به این پدیده هموزیگوتی آللهای جنسی می گویند که در واقع حاصل کاهش تنوع ژنتیکی در جایگاه آللهای جنسی است (Kistler *et al.*, 2021). در واقع آمیزش های خویشاوندی سبب بالا رفتن میزان همخونی شده و با بالا رفتن در صد همخونی در جوامع زنبورعسل، احتمال کاهش تنوع ژنتیکی در جایگاه ژنی جنسی و هموزیگوتی آللهای جنسی نیز افزایش می یابد. ادامه این روند می تواند سبب کاهش رشد جمعیت (نسل) تا ۵۰٪ گردد (Uzunov *et al.*, 2017; Rahimi *et al.*, 2023).

موقعیت کروموزومی جایگاه ژنی تعیین جنسیت (csd Gene) در سال 1994، با استفاده از نشانگر ژنتیکی RAPD در دو آزمایشگاه از کشورهای آمریکا و آلمان روی ژنوم زنبورعسل تعیین شد (Beye *et al.*, 2003). نتایج این مطالعات نشان داد که این ژن در ناحیه‌ی انتهایی تلوامری کروموزوم شماره 8 زنبورعسل قرار دارد (Hasselmann & Beye, 2004). تعداد آلل‌های جنسی در جوامع مختلف متفاوت است و در مطالعات کمی مختلف تعداد آن‌ها بین ۶ تا ۲۰ آلل برآورد شده است (Adams *et al.*, 1977). (Mackensen 1951) ۱۱ آلل جنسی و (Adams *et al.*, 1977) ۱۸/۹ آلل را در جوامع مختلف برآورد نمودند. وویکه تنها شش آلل جنسی را در جمعیت زنبورعسل ایزوله کانگاری ایسلند برآورد نمود (Tarpy & Page, 2002). در سالهای اخیر و با پیشرفت ژنتیک مولکولی، پژوهش‌هایی با هدف بررسی تنوع آلی ژن csd، در جوامع بزرگ انجام شده است. در یکی از این پژوهش‌ها که روی نمونه‌های مربوط به چند ناحیه جغرافیایی وسیع در سراسر جهان استفاده شد، تنوع آلی این جایگاه ژنی به ۵۳ تا ۸۷ عدد که بسیار بیشتر از برآوردهای کمی قبل (که روی نمونه‌های مربوط به یک جمعیت انجام شده بودند ۲۲-۲۰ آلل) بود (Lechner *et al.*, 2014). در پژوهش دیگری که در دو جمعیت بزرگ (متشکل از چندین زنبورستان) با فاصله ۱۰۰ کیلومتری از هم و با مجموع ۱۹۳ کلنی مادری انجام شد، تعداد ۱۲۱ آلل مختلف (۸۵ و ۷۴ آلل در هر یک از جمعیتها) در این جایگاه ژنی شناسایی شد که همانند پژوهش قبلی (Lechner *et al.*, 2014) تنوع ژنتیکی بالایی را نشان می‌دهد؛ اگرچه بیشتر این آللها فراوانی بسیار کمی داشتند (Zareba *et al.*, 2017).

با توجه به پیچیدگی‌های ژنتیکی ذکر شده در زنبورعسل، حفظ تنوع ژنتیکی در طول زمان و در طی نسل‌های متمادی در این حشره اهمیت زیادی دارد و در واقع حافظ و ضامن بقای کلنی‌های زنبورعسل و صنعت زنبورداری خواهد بود (Rahimi *et al.*, 2018, 2022). زمانی که در داخل یک نژاد تلاقی‌های مکرر با در صد خوی‌شاوندی بالا انجام می‌پذیرد، پس از مدتی تنوع ژنتیکی در داخل کلنی کاهش یافته و آثار نامطلوب آن به تدریج دیده می‌شود (Uzunov *et al.*, 2022). عمده ترین دلیل نامطلوب بودن آمیزش‌های خوی‌شاوندی در زنبورعسل، افزایش احتمال ایجاد هموزیگوتی در آلل‌های جنسی و متعاقب آن تولید نرهای دیپلوئید می‌باشد. از آنجا که این گونه نرها به‌طور طبیعی قادر به ادامه زندگی نبوده و در ساعات اولیه لاروی توسط کارگران حذف می‌شوند، به تبع آن تعدادی از آلل‌های جنسی نیز حذف می‌گردد. بالا رفتن در صد هموزیگوتی آلل‌های جنسی معمولاً سبب کاهش جمعیت کلنی می‌شود که به‌طور مستقیم بر روی تولیدات کلنی تأثیر دارد. همچنین، باعث کاهش و یا عدم مقاومت زنبورها در مقابل آفات و بیماری‌های مختلف کندو خواهد شد (Tarpy & Page, 2002). تأثیر همخونی روی مقاومت زنبوران عسل به کنه واروا (Varroa) که یکی از مهمترین و خطرناک‌ترین آفات کندو در جهان و ایران است؛ توسط محققان مطالعه و گزارش نمودند که کلنی‌های با در صد هموزیگوتی پایین‌تر، مقاومت بهتری را در مقابل این آفت نشان دادند و تلفات کمتری در مقابل کنه واروا داشتند (Rinderer *et al.*, 2010). نتایج مطالعات دیگری نیز نشان داد کلنی‌های با در صد بالای هموزیگوتی آلل‌های جنسی، مقاومت کمتری در مقابل کنه تراشه ای (Acarapis woodi) زنبورعسل داشتند. همچنین افزایش در صد هموزیگوتی روی طول عمر زنبورهای جمع‌آوری کننده شهد تأثیر زیادی دارد که به‌طور غیرمستقیم باعث کاهش تولیدات زنبورعسل می‌شود (de Guzman *et al.*, 2002). با توجه به موارد ذکر شده، کنترل مداوم هموزیگوتی آلل‌های جنسی و جلوگیری از افزایش آن به‌ویژه در جوامع تحت انتخاب زنبورعسل از اقدامات اساسی و مهم محسوب می‌شود. پژوهش حاضر با توجه به اهمیت بررسی مداوم میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی و اثر آن در کاهش عملکرد کلنی‌های زنبورعسل به‌ویژه در زنبورستان‌هایی که کار اصلاح نژادی روی آنها در حال انجام است، انجام شد.

## مواد و روش‌ها

تحقیق حاضر روی ۱۲۸ کلنی از کلنی‌های نسل هجدهم طرح جامع اصلاح نژاد زنبورعسل ایرانی در بخش زنبورعسل موسسه تحقیقات علوم دامی کشور انجام شد. جمعیت پایه این طرح با استفاده از کلنی‌های برتر چهار استان مرکزی کشور (تهران، قزوین، اصفهان و مرکزی) در سال ۱۳۷۸ ایجاد شد. صفات مورد نظر در این طرح اصلاح نژادی عبارت بودند از: جمعیت نوزاد و بالغ، رفتار بچه‌دهی، رفتار تهاجمی و تولید عسل. جفت‌گیری ملکه‌های پرورش یافته برای ایجاد نسل بعد نیز، به روش طبیعی و در مناطق ایزوله انجام می‌شد. پژوهش حاضر روی کلنی‌های نسل ۱۸ام این طرح انجام شد.

پس از آماده سازی اولیه کلنی‌ها شامل شماره گذاری و یکسان سازی نسبی جمعیت، برآورد میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی به روش Tarpy & page (2002) انجام شد. برای این کار از شابلونی به شکل لوزی و به ابعاد  $5/3 \times 5/3$  \* ۵/۳ با زاویه ۱۲۰ و ۶۰ درجه (ساخت شرکت هفت گوهر) استفاده شد. این شابلون به نحوی طراحی شده که دقیقاً ۱۰۰ سلول شان (حجره) را دربر می‌گیرد (شکل ۱). به هر یک از کلنی‌های مورد بررسی، یک پوک تیره یا نسبتاً تیره در محوطه‌ای که ملکه در حال تخم‌ریزی بود، داده و سه روز بعد وضعیت تخم‌ریزی ملکه بررسی شد. پس از مشاهده تخم، مناطق تخم‌ریزی یکدست به کمک شابلون (یک یا چند منطقه) علامت‌گذاری و تاریخ تخم‌ریزی یادداشت شد. ۹ روز بعد از تخم‌ریزی (که تخم‌ها تبدیل به شفیره شده بودند) شان مورد بررسی مجدداً بازدید شد و تعداد سلولهای خالی شده در مناطق علامت‌گذاری شمرده و اطلاعات حاصل بصورت درصد سلولهای خالی به سلولهای دارای تخم اولیه ثبت شد. میانگین درصد سالهای خالی شده در هر کلنی متوسط مرگ و میر در اثر تولید نرهای دیپلوئید و به عبارتی همان درصد هموزیگوتی آلل‌های جنسی را نشان می‌دهد. برای برآورد تعداد آلل‌های جنسی در جمعیت از رابطه  $N = \frac{100}{M}$  استفاده شد. در این رابطه، M متوسط کل درصد هموزیگوتی آلل‌های جنسی در جمعیت مورد بررسی و N برآوردی از تعداد آلل‌های جنسی در جامعه موردنظر می‌باشد (Tarpy & Page, 2002). میزان جمعیت بالغین یک‌ماه پس از شروع کار میدانی و برحسب قاب برآورد گردید. به نحوی که، آن دسته از قاب‌هایی که هر دو طرف آن پر از زنبور بود به عنوان یک قاب جمعیت محسوب شد و قاب‌هایی با جمعیت کمتر، به نسبت جمعیت موجود، کسری از عدد یک، در نظر گرفته شد. مجموع جمعیت قابها بعنوان برآوردی از جمعیت بالغین آن کلنی در نظر گرفته شد. میزان عسل تولیدی نیز از محاسبه مجموع عسل برداشت شده و باقیمانده در کندو بدست آمد (Sepehri *et al.*, 2007). پس از پایان عملیات رکوردبرداری، ضمن برآورد متوسط هموزیگوتی و نیز تعداد آلل‌های جنسی در جمعیت مورد مطالعه، تأثیر هموزیگوتی آلل‌های جنسی بر میزان جمعیت بالغین و تولید عسل و نیز میزان همبستگی بین صفات به روش اسپیرمن و به کمک نرم افزار SAS (v.9.4) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت.



شکل ۱- مشاهده و شمارش سلولهای خالی شده در روز نهم در منطقه تخم‌ریزی علامتگذاری شده با شابلون (دربرگیرنده ۱۰۰ سلول)

Fig. 1- Observation and counting of empty cells on the 9th day in the marked spawning area with shablon (containing 100 cells)

## نتایج و بحث

**آماره‌های توصیفی متغیرهای مورد بررسی.** جدول ۱ آماره‌های توصیفی متغیرهای مورد مطالعه را نشان می‌دهد. بر اساس نتایج به‌دست آمده از تجزیه و تحلیل داده‌های جمع‌آوری شده از کلنی‌های مورد بررسی، متوسط هموزیگوتی آلل‌های جنسی در این توده ۲۰/۰۸ درصد به‌دست آمد. براین اساس، تعداد آلل‌های جنسی برای این جمعیت ۴/۹۸ برآورد گردید. در پژوهشی که بر روی نسل اول همین توده انجام شد، متوسط هموزیگوتی و تعداد آلل‌های جنسی به‌ترتیب، ۱۲/۸۸ درصد و ۷/۷ عدد برآورد شد (Zarin *et al.*, 2003). در مطالعه‌ی کلنی‌های نسل چهارم این توده، میانگین هموزیگوتی و تعداد آلل‌های جنسی را به‌ترتیب، ۱۸/۸۳ درصد و ۵/۳۲ عدد (Sepehri *et al.*, 2007) و در بررسی نسل هفتم و هشتم همین توده اصلاح نژادی، هموزیگوتی آلل‌های جنسی به‌ترتیب ۲۰/۵ درصد و ۲۱/۸ درصد و تعداد آلل‌های جنسی به‌ترتیب ۴/۹ و ۴/۷ برآورد شد. در واقع با انجام اصلاح نژاد به‌صورت جمعیت بسته در توده مورد بررسی، در فاصله نسل اول تا نسل نهم میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی از ۱۲/۸۸ درصد به ۲۱/۸ درصد افزایش پیدا کرد. ولی از نسل نهم تا نسل مورد بررسی در پژوهش حاضر، تغییر قابل ملاحظه‌ای نداشته است. از آنجا که در اواسط اجرای طرح جامع، با توجه به شرایط هسته مرکزی طرح و نگرانی‌هایی که مجریان طرح از افزایش همخونی داشتند، تعداد کلنی‌های پدری انتخاب شده در هر نسل از ۲۰ به ۴۰ کلنی افزایش داده شد. اینکار توانست باعث جلوگیری از کاهش بیشتر تعداد آلل‌ها و حتی افزایش اندکی در تعداد آلل‌های جنسی در نسل‌های بعدی شود. در واقع با افزایش تعداد کلنی‌های پدری شانس حضور تعداد آلل‌های جنسی بیشتری در جامعه فراهم شد و لذا روند افزایشی میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی کنترل گردید.

میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی در مناطق دیگر (که تحت برنامه اصلاح نژادی قرار نداشتند) نیز بررسی شده است که عموماً میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی کمتر و تعداد آلل‌های جنسی در این زنبورستانها بیشتر از توده تحت اصلاح نژادی مورد بررسی در پژوهش حاضر بود. در اولین مطالعه در خصوص میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی در یک توده زنبورعسل، تعداد این آلل‌ها ۱۱ عدد (Mackensen, 1951) برآورد شد. در مطالعه دیگری روی یک توده هیبریدی، میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی ۵ درصد و تعداد آلل‌ها ۱۸/۹ عدد برآورد شد (Adams *et al.*, 1977). میانگین هموزیگوتی و تعداد آلل‌های جنسی در زنبورستان‌های استان آذربایجان غربی به‌ترتیب، برابر ۱۲/۷ درصد و ۹/۰۲ عدد آلل، و در زنبورستان‌های استان کردستان به‌ترتیب برابر ۱۳/۸۲ درصد و ۸/۱۵ عدد آلل برآورد شد (Usefi *et al.*, 2021). در مطالعه دیگری، میانگین درصد هموزیگوتی و تعداد آلل‌های جنسی در کل توده زنبورعسل مورد مطالعه (زنبورستان‌های استان آذربایجان شرقی و اردبیل) به‌ترتیب ۱۲/۸۶ درصد و ۸/۴۵ عدد برآورد گردید که این میزان در استان آذربایجان شرقی به‌ترتیب ۱۲/۸ درصد و ۸/۴۸ عدد و در استان اردبیل ۱۲/۸۶ درصد و ۸/۴۲ عدد به‌دست آمد (Farhangdost *et al.*, 2022). به‌طور کلی، میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی در هر زنبورستان، بسته به شرایط و ویژگی‌های ژنتیکی کلنی‌های آن زنبورستان، متفاوت می‌باشد. لذا با توجه به متفاوت بودن شرایط ژنتیکی، نوع و تعداد تلاقی‌ها و اندازه جوامع در مناطق مختلف، تفاوت میزان هموزیگوتی در آن‌ها کاملاً طبیعی می‌باشد.

جدول ۱- آماره‌های توصیفی صفات درصد هموزیگوتی آلل‌های جنسی، جمعیت بالغین در ابتدای آزمایش، جمعیت بالغین (در انتهای آزمایش) بر حسب قاب و تولید عسل (کیلوگرم)

Table 1- Descriptive statistics of homozygosity of sex alleles (%), primary adult population (Frame), final adult population (Frame) and honey yield (kg)

| Traits                           | Number of colonies | Mean $\pm$ SE    | Range        | C.V. (%) | SD   |
|----------------------------------|--------------------|------------------|--------------|----------|------|
| Homozygosity of sex alleles (%)  | 128                | 20.08 $\pm$ 0.82 | 7.45 - 45.26 | 46.28    | 9.29 |
| Primary Adult Population (Frame) | 128                | 4.24 $\pm$ 0.03  | 3.5 - 5      | 8.78     | 0.37 |
| Final Adult Population (Frame)   | 128                | 5.61 $\pm$ 0.50  | 4 - 7.5      | 14.44    | 0.81 |
| Honey yield (kg)                 | 128                | 5.97 $\pm$ 0.19  | 0.68 - 11.73 | 37.03    | 2.21 |

همچنین بدلیل انجام جفت‌گیری‌های طبیعی در مناطق باز (غیر ایزوله) در زنبورستان‌های سنتی و در نتیجه انتقال آلل‌ها از زنبورستانی به زنبورستان دیگر (بدلیل جفت‌گیری ملکه‌ها با نرهای زنبورستان‌های دیگر)، بندرت شاهد کاهش تعداد آلل‌ها در این جوامع می‌باشیم. در حالی که در زنبورستان‌هایی که عملیات اصلاح نژادی روی آنها انجام می‌شود و تلاقی‌ها در جمعیتی بسته و الزاما در محیط ایزوله صورت می‌گیرد، بالاتر بودن هموزیگوتی و کاهش تعداد آلل‌های جنسی دور از ذهن نیست.

**ضرایب رگرسیونی متغیرهای مورد بررسی.** جدول ۲ نتایج حاصل از تجزیه رگرسیونی متغیرهای مورد بررسی را نشان می‌دهد. بر این اساس، هموزیگوتی آلل‌های جنسی تأثیر منفی و معنی‌داری بر میزان جمعیت بالغین ( $-0.07$ ) و میزان تولید عسل ( $-0.2$ ) دارد (جدول ۲). عبارت دیگر، با افزایش یک درصد به هموزیگوتی آلل‌های جنسی، از جمعیت کلنی‌ها  $0.07$  قاب و از میزان تولید عسل  $0.2$  کیلوگرم ( $200$  گرم) کاسته شده است. در واقع، افزایش هموزیگوتی آلل‌های جنسی باعث تولید نرهای دیپلوئید می‌شود که به دنبال آن سبب کاهش میزان نوزادان در کلنی شده و این امر باعث کاهش میزان جمعیت بالغین در کلنی می‌شود (Page Jr & Laidlaw Jr, 1985). تأثیر هموزیگوتی آلل‌های جنسی بر میزان جمعیت بالغین و تولید عسل در پژوهش‌های متعددی بررسی شده است. میزان کاهش جمعیت به ازای یک درصد افزایش هموزیگوتی در پژوهش‌های دیگر محققان  $0.09$  (Zarin et al., 2003)،  $-0.05$  (Sepehri et al., 2007) و  $-0.17$  قاب (Usefi et al., 2021) گزارش شده است. این گزارشات با نتایج پژوهش حاضر مطابقت نسبی دارد و در همه موارد این تأثیر به لحاظ آماری کاملاً معنی‌دار بوده است. از دلایل تفاوت میزان ضرایب رگرسیونی به دست آمده، می‌توان به نوع و تعداد کلنی‌های مورد بررسی از نظر میزان انجام عملیات اصلاح نژادی و نیز مناطق مورد بررسی و شاید زمان، فصل، سن ملکه و عوامل محیطی محل مورد بررسی اشاره نمود.

میزان کاهش تولید عسل به ازای افزایش هر یک درصد به میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی نیز در مطالعات مختلف  $10.27$  گرم (Zarin et al., 2003)،  $13.0$  گرم (Sepehri et al., 2007)،  $6.0$  گرم (Bienefeld & Pirchner, 1992)،  $44.0$  گرم (Usefi et al., 2021) و  $49.2$  گرم (Farhangdost et al., 2022) گزارش شده است. به نظر می‌رسد پراکندگی در میزان تأثیر هموزیگوتی آلل‌های جنسی بر روی مقدار تولید عسل به دلیل عوامل محیطی گوناگون موثر در تولید عسل از جمله فصل (سال)، شرایط جوی، میزان و تنوع شهد گیاهی در منطقه، مدیریت کوچ، مدیریت پرورش و تغذیه باشد. در پژوهش حاضر، تأثیر میزان جمعیت بالغین بر تولید عسل مثبت و معنی‌دار ( $+0.2$ ) بود. به‌طوری‌که بر اساس ضریب رگرسیونی بدست آمده، با افزایش یک قاب به جمعیت بالغین،  $2$  کیلوگرم بر میزان تولید عسل افزوده می‌شود (جدول ۲). در حقیقت، یکی از عوامل مهم تأثیر گذار در میزان تولید عسل کلنی‌ها، میزان جمعیت کارگر و به خصوص زنبورهای چراگر کلنی می‌باشد که تأثیر مستقیمی بر عملکرد تولیدی کلنی‌ها دارد. هرچه میزان جمعیت کارگران در یک کلنی افزایش یابد، میزان عسل تولیدی نیز افزایش خواهد داشت. در پژوهش‌های دیگر نیز با افزایش یک قاب به جمعیت کلنی،  $2/47$  کیلوگرم (Farhangdost et al., 2022)،  $2/135$  کیلوگرم (Usefi et al., 2021) بر میزان عسل تولیدی افزوده شد. که هر دو با نتیجه بدست آمده در تحقیق حاضر همسو بوده و مطابقت نزدیکی دارد.

**همبستگی بین صفات.** ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه در جدول ۳ آمده است. با توجه به نتایج، هموزیگوتی آلل‌های جنسی همبستگی منفی و معنی‌داری با میزان جمعیت ( $-0.76$ ) و تولید عسل ( $-0.75$ ) دارد. این همبستگی‌ها در مطالعات دیگر محققان به‌ترتیب،  $-0.09$  و  $-0.1$  (Zarin et al., 2003)؛  $-0.45$  و  $-0.52$  (Tarpay & Page, 2002)؛  $-0.34$  و  $-0.44$  (Sepehri et al., 2007) و  $-0.79$  و  $-0.86$  (Usefi et al., 2021) گزارش شد که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت نسبی دارد. تفاوت در مقادیر همبستگی منفی بین این صفات می‌تواند بدلیل تعددی همچون سال اجرای پژوهش، تعداد و نیز ویژگی‌های ژنتیکی کلنی‌های مورد بررسی باشد. Zarin et al. (2003) کمترین همبستگی منفی را در این بین گزارش نمودند که بیشتر می‌تواند بدلیل تعداد کلنی زیاد مورد بررسی ( $610$  کلنی) و در نتیجه تنوع داده‌ای زیاد در آنها (اولین نسل طرح جامع اصلاح نژادی) باشد. بین میزان جمعیت و تولید عسل همبستگی مثبت و معنی‌داری ( $0.747$ ) مشاهده شد (جدول ۳). در مطالعات دیگر نیز این رابطه مثبت و معنی‌دار،  $0.8$  (Tarpay & Page, 2002)؛  $0.24$  (Zarin et al., 2003)؛  $0.71$  (Sepehri et al., 2007) و  $0.9$  (Usefi et al., 2021) گزارش شده است.

این نتایج نیز با نتایج پژوهش حاضر همخوانی بالایی دارد. همبستگی بدست آمده توسط Zarin et al. (2003) بطور محسوسی پایین‌تر از برآورد پژوهش حاضر و سایر پژوهش‌ها بود. بنظر می‌رسد تنوع داده‌ای ذکر شده در مشاهدات آن پژوهش می‌تواند عامل اصلی در این خصوص نیز باشد. به‌طور کلی، پژوهش حاضر با هدف بررسی میزان هموزیگوتی و تعداد آلل‌های جنسی در نسل هجدهم کلنی‌های طرح جامع اصلاح نژاد زنبورعسل ایرانی و تأثیر آن بر عملکرد کلنی‌ها انجام شد. بر اساس نتایج حاصله، میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی  $20.08$  درصد و تعداد آلل‌های جنسی  $4/98$  عدد بدست آمد. تعداد آلل‌های جنسی در مقایسه با نسل اول این توده کاهش  $3$  آلی را داشته است. کاهش تعداد آلل‌ها از نسل هشتم به بعد، بدنبال افزایش تعداد کلنی‌های پدري از  $20$  به  $40$  عدد، تقریباً متوقف شده است. تأثیر میزان هموزیگوتی بر میزان عملکرد کلنی‌ها (میزان جمعیت و تولید عسل) منفی و معنی‌دار بود. عبارت دیگر هرچه میزان هموزیگوتی آلل‌های جنسی کمتر باشد (تعداد آلل‌های جنسی در جامعه بیشتر باشد) میزان مرگ و میر نوزادان کمتر و در نتیجه میزان جمعیت زنبور در کندو بیشتر و در نتیجه میزان تولید نیز، در صورت وجود شهد در طبیعت، افزایش خواهد داشت.

جدول ۲- تجزیه رگرسیونی صفات درصد هموزیگوتی آلل‌های جنسی، جمعیت بالغین و تولید عسل

Table 2- Regression analysis of traits, homozygosity of sex alleles, adult population and honey yield

| Independent Variable            | Dependent Variable | Regression equation | R <sup>2</sup> | P-value |
|---------------------------------|--------------------|---------------------|----------------|---------|
| Homozygosity of sex alleles (%) | Adult population   | Y= 7.03-0.07 X      | 0.60           | <0.0001 |
| Homozygosity of sex alleles (%) | Honey yield        | Y=9.75 -0.2 X       | 0.58           | <0.0001 |
| Adult population (Frame)        | Honey yield        | Y= -5.3+2X          | 0.55           | <0.0001 |



جدول ۳- تجزیه همبستگی صفات درصد هموزیگوتی آللهای جنسی، جمعیت بالغین و تولید عسل

Table 3- Correlation analysis of traits: homozygosity of sex alleles, adult population and honey yield

|                             | Homozygosity of sex alleles | Adult population | Honey yield |
|-----------------------------|-----------------------------|------------------|-------------|
| Homozygosity of sex alleles | 1                           | -0.763***        | -0.755***   |
| Adult population            | -0.763***                   | 1                | 0.747***    |
| Honey yield                 | -0.755***                   | 0.747***         | 1           |

Correlations were Significant in p-value< 0.0001 were indicated by \*\*\*.

## Author's Contributions

**Heidar Zahedi:** Draft preparation, Methodology and Visualization; **Rahimeh Sepehri:** Conceptualization, Methodology, Formal analysis, Investigation, Final review and edit, Visualization, Supervision and Project administration; **Gholamhosein Tahmasbi:** Conceptualization, Methodology, Visualization, Supervision and Project administration and Funding acquisition.

## Author's Information

Heidar Zahedi                      ✉ [heidar\\_z64@yahoo.co.uk](mailto:heidar_z64@yahoo.co.uk)  
 Rahimeh Sepehri                      ✉ [sepehri\\_r@znu.ac.ir](mailto:sepehri_r@znu.ac.ir)                       <https://orcid.org/0000-0001-5378-7271>  
 Gholamhosein Tahmasebi                      ✉ [tahmasbigholamhosein@gmail.com](mailto:tahmasbigholamhosein@gmail.com)                       <https://orcid.org/0000-0003-1029-026X>

## Funding

This research supported financially by a grant from Research Deputy, the University of Zanjan to **Rahimeh Sepehri** for M.Sc. thesis of **Heidar Zahedi**.

## Data Availability Statement

All data supporting the findings of this study are available within the paper.

## Acknowledgments

This research was financially supported by the University of Zanjan and Animal Science Research Institute of Iran, which is greatly appreciated. The authors would like to express many thanks to the anonymous referees and the editor for their corrections and comments on this manuscript.

## Ethics Approval

Only insects were used in this study. All applicable international, national, and institutional guide lines for the care and use of animals were followed. This article does not contain any studies with human participants performed by any of the authors.

## Conflict of Interest

The authors declare that there is no conflict of interest regarding the publication of this paper.

## Generative AI statement

The authors declare that no Gen AI was used in the creation of this manuscript.

## REFERENCES

- Adams, J., Rothman, E. D., Kerr, W. E. & Paulino, Z. L. (1977) Estimation of the number of sex alleles and queen mating from diploid male frequencies in a population of *Apis mellifera*. *Genetics*, 86 (3), 583-596. <https://doi.org/10.1093/genetics/86.3.583>
- Beye, M., Hasselmann, M., Fondrk, M. K., Page, R. E. & Omholt, S. W. (2003) The gene *csd* is the primary signal for sexual development in the honeybee and encodes an SR-type protein. *Cell*, 114(4), 419-429. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(03\)00606-8](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(03)00606-8)

- Bienefeld, K. & Pirchner, F. (1991) Genetic correlations among several colony characters in the Honey Bee (Hymenoptera: Apidae) taking queen and worker effects into account. *Annals of the Entomological Society of America*, 84(3): 324-331. <http://dx.doi.org/10.1093/aesa/84.3.324>
- de Guzman, L. I., Rinderer, T. E., Delatte, G. T., Stelzer, J. A., Beaman, L. & Kuznetsov, V. (2002) Resistance to *Acarapis woodi* by honey bees from far-eastern Russia. *Apidologie*, 33(4), 411-415. DOI:10.1051/apido:2002031
- Farhangdost, A., Ghaffari, M., Rahimi, A. & Hashemi, A. (2022) Evaluation of sex alleles Homozigosity and study on their relationships with number of sex alleles, honey production and adult's population of honeybee colonies (*Apis mellifera meda*) in East Azerbaijan and Ardebil provinces. *Journal of Animal Research (Iranian Journal of Biology)*, 35(2), 101-112.
- Hasselmann, M. & Beye, M. (2004) Signatures of selection among sex-determining alleles of the honey bee. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(14), 4888-4893.
- Heimpel, G. E. & De Boer, J. G. (2008) Sex determination in the Hymenoptera. *Annual Review of Entomology*, 53(1), 209-230. <https://doi.org/10.1146/annurev.ento.53.103106.093441>
- Kistler, T., Basso, B. & Phocas, F. (2021) A simulation study of a honeybee breeding scheme accounting for polyandry, direct and maternal effects on colony performance. *Genetics Selection Evolution*, 53, 1-16. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00665-8>
- Lechner, S., Ferretti, L., Schöning, C., Kinuthia, W., Willemssen, D. & Hasselmann, M. (2014) Nucleotide variability at its limit? Insights into the number and evolutionary dynamics of the sex-determining specificities of the honey bee *Apis mellifera*. *Molecular Biology and Evolution*, 31(2), 272-287. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst207>
- Mackensen, O. (1951) Viability and sex determination in the honey bee (*Apis mellifera* L.). *Genetics*, 36(5), 500. <https://doi.org/10.1093/genetics/36.5.500>
- Page Jr, R. E. & Laidlaw Jr, H. H. (1985) Closed population honeybee breeding. *Bee World*, 66(2), 63-72. <http://dx.doi.org/10.1080/0005772X.1985.11098826>
- Rahimi, A., Mirmoayedi, A., Kahrizi, D., Zarei, L. & Jamali, S. (2018) Genetic variation in Iranian honey bees, *Apis mellifera meda* Skorikow, 1829, (Hymenoptera: Apidae) inferred from PCR-RFLP analysis of two mtDNA gene segments (COI and 16S rDNA). *Sociobiology* 65(3), 482-490. <https://doi.org/10.13102/sociobiology.v65i3.2876>
- Rahimi, A., Mirmoayedi, A., Kahrizi, D., Zarei, L. & Jamali, S. (2022) Molecular genetic diversity and population structure of Iranian honey bee (*Apis mellifera meda*) populations: implications for breeding and conservation. *Journal of Plant Diseases and Protection* 129(6), 1331-1342. <https://doi.org/10.1007/s41348-022-00657-w>
- Rahimi, A., Tahmasebi, G., Bahmani, H., Salehi, S., Zare, B., Parsanaseb, A. & Rokhzad, B. (2023) Comparative evaluation of performance for improved Iranian honey bee queens (*Apis mellifera meda* Skorikov 1929) in the climate conditions of Kurdistan province. *Research On Animal Production* 14(39), 102-111. <http://dx.doi.org/10.61186/rap.14.39.102>
- Rinderer, T. E., Harris, J. W., Hunt, G. J. & De Guzman, L. I. (2010) Breeding for resistance to *Varroa destructor* in North America. *Apidologie*, 41(3), 242-409. <http://dx.doi.org/10.1051/apido/2010015>
- Ruttner, F. (2013) *Biogeography and taxonomy of honeybees*: Springer Science & Business Media.
- Sepehri, R., Tahmasebi, G. & Zonoz, M. J. (2007) Estimating the number of sex alleles in honeybee colonies in central region of Iran and its relationship with stored pollen, colony population and honey yeild. *Journal of Crop Production and Processing* 11(41), 321-332 <http://dori.net/dor/20.1001.1.22518517.1386.11.41.26.3>
- Tarpy, D. R. & Page, R. E. (2002) Sex determination and the evolution of polyandry in honey bees (*Apis mellifera*). *Behavioral Ecology and Sociobiology* 52, 143-150. <http://dx.doi.org/10.1007/s00265-002-0498-7>
- Usefi, J., Mokhber, M., Hashemi, A. & Rahimi, A. (2021) Homozygosity of sex determination locus and It's correlation with population and honey production of honeybee (*Apis mellifera meda*) populations in West-Azerbaijan and Kurdistan rovinces. *Research On Animal Production* 12(32), 131-139. <http://dx.doi.org/10.52547/rap.12.32.131>
- Uzunov, A., Brascamp, E. & Büchler, R. (2017) The basic concept of honey bee breeding programs. *Bee World*, 94(3), 84-87. <http://dx.doi.org/10.1080/0005772X.2017.1345427>
- Uzunov, A., Brascamp, E. W., Du, M. & Büchler, R. (2022) Initiation and implementation of honey bee breeding programs. *Bee World*, 99(2), 50-55. <https://doi.org/10.1080/0005772X.2022.2031545>
- Woyke, J. (1980) Effect of sex allele homo-heterozygosity on honeybee colony populations and on their honey production I. Favourable development conditions and unrestricted queens. *Journal of Apicultural Research*, 19(1), 51-63. <http://dx.doi.org/10.1080/00218839.1980.11099997>

- Zareba, J., Blazej, P., Laszkiewicz, A., Sniezewski, L., Majkowski, M., Janik, S. & Cebrat, M. (2017). Uneven distribution of complementary sex determiner (csd) alleles in *Apis mellifera* population. *Scientific Reports*, 7(1), 2317. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-02629-9>
- Zarin, F., Gharahdaghi, A., Tahmasebi, G., Yarahmadi, S. & Esfandarani, M. (2003) Estimation of homozygosity and its correlation with honey production in the honey bee population of Tehran, Markazi, Isfahan and Qazvin provinces . *Animal Sciences*, (59): 2-6 (CAB Abstract AN: 20043198768).

**Citation:** Zahedi, H., Sepehri, R. & Tahmasebi, Gh. (2025) Investigation on homozygosity and the number of sex alleles and its effect on productivity of colonies in 18<sup>th</sup> generation of Iranian honeybee (*Apis mellifera meda*) breeding plan. *J. Entomol. Soc. Iran*, 45 (3), 421–428.

DOI: <https://doi.org/10.22034/jesi.45.3.8>

URL: [https://jesi.areeo.ac.ir/article\\_131275.html](https://jesi.areeo.ac.ir/article_131275.html)



## Research Article

## Investigation on homozygosity and the number of sex alleles and its effect on productivity of colonies in 18th generation of Iranian honey bee (*Apis mellifera meda*) breeding plan

Heidar Zahedi<sup>1</sup>, Rahimeh Sepehri<sup>1</sup>  & Gholamhosein Tahmasebi<sup>2</sup> 

1- Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran

2- Honey bee Science Research Department, Animal Science Research Institute of Iran, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

**Abstract.** The genetic mechanism of sex determination in honeybees has created limitations in breeding systems. In selective breeding populations, the possibility of increasing the homozygosity of sex alleles and producing diploid drones is higher. This leads to a decrease in the population and production of bees. The present study was conducted with the aim of investigating this and its effect on the population and honey production, on the colonies of the 18th generation of the country's comprehensive honeybee breeding plan. Based on the obtained results, the average homozygosity and number of sex alleles was respectively 20.08% and 4.98. The regression analysis of data showed that the homozygosity of sex alleles has a negative and significant effect on population (-0.07) and honey yield (-0.2). So that, with a one percent increase in homozygosity, 0.07 frames of population and 0.2 kg of honey production decrease. The correlation between homozygosity and population (-0.76) and honey production (-0.75) was negative and significant. The number of sex alleles has decreased by 3 alleles compared to the first generation of this population, but the decreasing trend has almost stopped from the eighth generation onwards. It seems that increasing the number of paternal colonies from 20 to 40 (in the middle of the project) had a positive effect on the number of sex alleles. Therefore, by continuously controlling homozygosity and preventing the decrease in the number of sex alleles in breeding populations, it is possible to prevent the decrease in colony performance.

**Keywords:** Diploid drone, complementary sex determiner (csd) gene, population, honey yield

### Article Info

Received: 01 October 2024  
Accepted: 23 April 2025  
Published: 20 July 2025

Subject Editor: Rasoul Bahreini

Corresponding author: Rahimeh Sepehri

E-mail: [sepehri\\_r@znu.ac.ir](mailto:sepehri_r@znu.ac.ir)

DOI: <https://doi.org/10.22034/jesi.45.3.8>