وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

جامعة ديالى

كلية التربية للعلوم الصرفة

قسم علوم الحياة

التحليل الوراثي الجزيئي والكمي لنحل العسل *Apis mellifera* Linnaeus,1758 باستعمال ثلاثة مناطق جينية من دنا المايتوكوندريا في العراق

رسالة تقدمت بها الطالبة

سارة ثامر محمد الحمداني

الى مجلس كلية التربية للعلوم الصرفة – جامعة ديالى كجزء من متطلبات نيل

درجة الماجستير في علوم الحياة / علم الحيوان

بكالوريوس علوم الحياة 2014

باشراف

أ.م. د عمار احمد سلطان القرة غولي

1438 هـ 2017م

المقدمة Introduction

لقد عرف نحل العسل منذ العصور القديمة كأحد اهم الحشرات الاجتماعية Social bees ، فقد تميزت افراد طائفة نحل العسل بالتعاون وتقسيم اعمال الطائفة فيما بينها اسوة ببقية الحشرات الاجتماعية كالنمل Ants، وبعض أنواع الزنابير Waspes ؛ وإنّ اهم هذه الأعمال هو البحث وتوفير الغذاء للطائفة وتربية الحضنة (سعيد وجرجيس،2010). وصف الله تعالى في الايتين 68 و69 من سورة النحل ، وبشكل موجز ودقيق طباع النحل في المسكن والمأكل ، وفوائد منتجاته من الناحية الطبية والتي توصل اليها الباحثون فيما بعد ، ثم لخصَّ في الاية 69 و التي تنبه العقل على التأمل في حياة النحل، ومسكنها، وعملها الجماعي ، في غذائها وجمعها للرحيق وفي اهتدائها الى اعشاشها مهما طال الطريق وتعقد وبذلك احتوت هاتان الأيتان خلاصة ما توصلت اليه الدراسات التي تناولت سلوك النحل على مدى السنوات الماضية (الخولي وعيسى،1994).

يعدُّ نحل العسل *Apis mellifera* L. من الحشرات ذات الأهمية الاقتصادية في العملية الإنتاجية للكثير من المحاصيل الزراعية والخضرية وأشجار الفاكهة، فهو بالإضافة الى ما ينتجه من عسل، وحبوب لقاح ،وغذاء ملكي وشمع وبروبولس (العكبر) التي لها اهميتها الدوائية والصناعية وتوفير فرص عمل لمجموعة كبيرة من الايدي العاملة (الجوراني واخرون ،1990). فهو يساهم وبشكل ملحوظ في زيادة نسبة تلقيح الأزهار، وبهذا فقد تغير المفهوم السائد حول أهمية النحل كحشرة منتجة للعسل والمواد الأخرى إلى حشرة ذات أهمية كبيرة في تحسين مستوى الإنتاج الزراعي كما ونوعا (الشدايده والعبادي، 2012) .

من الحقائق المعروفة إنّ النباتات المزهرة التي توجد في نفس المنطقة تتنافس فيما بينها من حيث قدرتها على جذب الملقحات بعدد زيارات اكبر ونسبة عالية من التلقيح الخلطي وهذا من خصائص النباتات الناجحة (فرج الله و الغامدي ، 2003)؛ وبالإعتماد على المؤشرات المورفولوجية قسم نحل العسل حول العالم إلى أربعة خطوط تطورية عامة Evolutionary lineages ، وهي الخط A الخاص بإفريقيا، الخط M لغرب البحر المتوسط، الخط O الخاص بالمنطقة الشرقية والخط C لمنطقة شمال البحر المتوسط (Ozdil ،2009). لم يبقِ تقسيم هذه الخطوط التطورية معتمداً على المؤشرات المورفولوجية فقط، إذ تم إثبات هذه الخطوط وتقويم الثغرات التي تركتها الدراسة المعتمدة على الصفات الشكلية بواسطة دراسات جزيئية في ما بعد (Dechamp ، 2003) .

نظرا لما تقدم من اهمية نحل العسل من الناحية الاقتصادية ولعدم او قلة وجود دراسات وراثية جزيئية حول التنوع الحيوي لنحل العسل العراقي ومن اي خط تطوري منحدرة لذا اقترح موضوع الدراسة ليشمل الجوانب الاتية :-

1- الجانب الوراثي الجزيئي والذي يتركز على استخلاص الدنا المايتوكونديري من منطقة الصدر لعينات نحل العسل جمعت من شمال ووسط وجنوب العراق ، ودراسة التنوع الوراثي الجزيئي عن طريق تضخيم ثلاثة جينات من دنا المايتوكوندريا وهي 16Sr DNA, CO1 ,ND5 مع عمل تسلسل نيوكلوتيدي لهذه الجينات لغرض مطابقتها مع بنك الجينات لمعرفة الخط التطوري للسلالة المحلية

2- الجانب الوراثي الكمي والذي سوف يتركز على دراسة التغاير الوراثي الكمي بين عينات المناطق الثلاث، عن طريق استخدام المقياس الهندسي لشكل او حجم الجناح الامامي للكشف عن التنوع الوراثي الكمي بين المجتمعات السكانية الثلاثة للسلالة المحلية .

الخلاصة

درست العلاقة الوراثية الجزيئية والكمية بين ثلاث مجتمعات لشغالات نحل العسل العراقي *Apis mellifera* L. والتي جمعت عيناتها من بعض مناطق شمال العراق متمثلا بمحافظة السليمانية ووسطهِ متمثلا بمحافظة ديالى وجنوبهِ متمثلا بمحافظة البصرة ، إذ جمعت 50 حشرة من شغالات نحل العسل من هذه المناطق لغرض الدراسة ؛ استخدم في هذه الدراسة الطرق الحياتية الجزيئية للكشف عن التنوع الوراثي الجزيئي والكمي الجيني لحشرة نحل العسل في العراق ، إذ عزل ألـ DNA من شغالات نحل العسل المجموعة بإستخدام عدةّ الاستخلاص Genomic DNA Mini Kit-Tissue ، بعد ذلك تمَّ تضخيم قطعة من DNA المايتوكوندريا المعزول التي تتألف من الجين 16Sr DNA، والجين CO1 وND5 بإستخدام تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل وبوجود ثلاثة أزواج من البوادئ المتخصصة Specific Primers بواقع زوجين لكَّل جين وباتجاهين مختلفين أمامي Forward ، وعكسي Reverse ؛ ثم جرى بعد ذلك دراسة التسلسل التتابعي لجزء من جين المايتوكوندريا COI وND5 المضخم بوساطة اختبار تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) ؛ اذ اعتمدت في هذه الدراسة على 6 عينات من هذا النوع للمجتمعات السكانية الثلاثة ، بواقع 2 منها لكل منطقة ، إذ أظهرت النتائج أنّ هناك تنوعاً وراثياً بسيطاً بين عينات الشمال و الوسط من جهةٍ ، وعينات المنطقة الجنوبية من جهة أخرى وهذا التنوع عبارة عن طفرات نقطية Point mutations من نوع الحذف والاستبدال عند مقارنة تسلسل القواعد النتروجينية بين المجموعات السكانية المدروسة ، كذلك تمَّ مقارنة العينة المحلية الأكثر تكراراً في تسلسل القواعد النتروجينية للجين COI ، و ND5 مع عينتي بنك الجينات لكلَّ جينٍ، و التي تعود أحداها للخط التطوري الخاص بغرب البحر المتوسط **M** ،الخط الخاص بإفريقيا **A** أماّ الجين الثاني: قورنت تسلسلاته مع عينات بنك الجينات العالمية التي تعود أحداها للخط التطوري الخاص باسيا ، لشمال البحر الابيض المتوسط **C** ، وقد وجد عند أجراء المقارنة بين عينة بنك