



## جهت‌گیری تحقیقات اصلاح نژاد زنبور عسل در چهل و چهارمین کنگره جهانی زنبور عسل / (کره جنوبی-۲۰۱۵)

زهرا طهماسبی<sup>۱</sup>، غلامحسین طهماسبی<sup>۲</sup>

۱- عضو باشگاه پژوهشگران و نخبگان جوان، واحد کرج، دانشگاه آزاد اسلامی، کرج، ایران.  
۲- استاد پژوهش مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور- سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی - کرج، ایران

تاریخ دریافت: تیر ۹۵ تاریخ پذیرش: آبان ۹۵  
رایانامه: zahra\_tahmasbi@yahoo.com

### چکیده:

چهل و چهارمین کنگره جهانی زنبور عسل در سال ۲۰۱۵ و در کره جنوبی برگزار شد. در سمپوزیوم ژنتیک و اصلاح نژاد، مقالات در خصوص حفظ ذخایر ژنتیکی در مناطق مختلف جهان، ایجاد مقاومت ژنتیکی در مقابل آفات و بیماری‌های زنبور عسل، بهره‌گیری از روش‌های نوین مولکولی برای اصلاح نژاد زنبور عسل و حفظ ذخایر ژنتیکی با استفاده از روش‌های کمی متداول در جهان ارائه شد. تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد زنبور عسل دنیا در جهت بهره‌گیری از روش‌های جدید بیوتکنولوژی و مولکولی اصلاح نژاد با استفاده از روش ژنومیک، اصلاح نژاد برای مقاومت به آفات و بیماری‌های زنبور عسل از قبیل مقاومت به بیماری لوک

اروپایی و امریکایی، نوزاد گچی و مایت واروا متمرکز شده است. یکی از عواملی که در بروز کاهش جمعیت کلنی‌ها نقش دارد مایت واروا است، که سبب کاهش تنوع ژنتیکی در بسیاری از جمعیت‌ها شده است. تلاش برای ایجاد مقاومت ژنتیکی زنبور عسل علیه مایت واروا از مهمترین جهت‌گیری‌های تحقیقات زنبور عسل در کشورهای جهان می‌باشد که باروش‌های گوناگون در دست انجام می‌باشد.

### مقدمه:

چهل و چهارمین کنگره جهانی زنبور عسل در قالب هفت کمیسیون علمی، ۹۰ میزگرد و ۲ کارگاه آموزشی در سال ۲۰۱۵ و در کره جنوبی برگزار شد. در کمیسیون





واروا در جهان می داند. وی معتقد است در آسیا و بخصوص در آسیای جنوب شرقی که نژادها و جمعیت های محدودتری از زنبورعسل اروپایی را وارد نموده و مورد استفاده قرار داده اند کاهش تنوع ژنتیکی در خسارت بالای بیماری ها و مایت واروا بسیار موثر است. شپارد معتقد است که با توجه به عدم وجود تنوع ژنتیکی طبیعی در این مناطق استفاده از اسپرم منجمد و امکان انتقال اسپرم منجمد جمعیت های مختلف نژادهای ایتالیایی و کارنیولان می تواند از کاهش تنوع ژنتیکی جلوگیری نماید.

پیشرفت های اخیر در تکنولوژی حفاظت از ژرم پلاسما به کمک سرما<sup>۱</sup>، امکان نگه داری از اسپرم زنبورعسل برای زمان های متمادی جهت استفاده در برنامه های اصلاحی و حفاظتی را فراهم آورده است. بعلاوه برای افزایش تنوع ژنتیکی در برنامه های جاری اصلاح نژاد و ژنتیک زنبورعسل از طریق تلقیح مصنوعی، با وارد کردن اسپرم فریز شده ی زیرگونه های دلخواه می توان به تولید جمعیت های جدید از طریق تلقیح و تلاقی های برگشتی تکرار شونده نایل آمد. شپارد [۱] استفاده از اسپرم فریز شده زیرگونه های کارنیکا<sup>۲</sup> و ایتالیایی<sup>۳</sup> را برای تکمیل برنامه جاری اصلاح نژاد ایالات متحده و نیز استفاده از اسپرم زیرگونه های قفقازی<sup>۴</sup> و پومونلا<sup>۵</sup> برای معرفی زیرگونه های جدید جهت مدیریت جمعیت های زنبورعسل، رازگارش نموده است [۱].

بیماری لاروگچی<sup>۶</sup> به طور چشمگیری باعث آسیب به رشد لاروها و کاهش تولید کلنی می شود. لیو و همکاران [۲] با توجه به خسارت بیماری لاروگچی زنبورعسل در چین، روی مقاومت به این بیماری در کلنی های کشور چین تحقیق نمودند. استفاده از اسنپ چیپ<sup>۷</sup> ها به عنوان نشانگرهای مولکولی در ایجاد مقاومت به لاروگچی توسط ایشان مورد استفاده قرار گرفت. زنبورعسل به طور طبیعی می تواند نسبت به این بیماری مقاومت نماید، بر اساس تحقیقات صورت گرفته محل زن های مقاومت به بیماری لاروگچی روی کروموزم های ۲ و ۱۱

اقتصاد زنبورداری ۴۲ مقاله شفاهی و ۱۱ مقاله پوستر، در کمیسیون بیولوژی زنبورعسل ۵۹ مقاله شفاهی و ۳۶ مقاله پوستر، در کمیسیون بهداشت زنبورعسل ۸۵ مقاله شفاهی و ۵۹ مقاله پوستر، در کمیسیون گرده افشانی و گیاهان مورد استفاده زنبورعسل ۵۱ مقاله شفاهی و ۳۲ مقاله پوستر، در کمیسیون تکنولوژی زنبورداری ۵۰ مقاله شفاهی و ۴۶ مقاله پوستر، در کمیسیون زنبور درمانی ۷۱ مقاله شفاهی و ۴۶ مقاله پوستر و در کمیسیون زنبورداری و توسعه روستایی ۷۰ مقاله شفاهی و ۲۵ مقاله پوستر و در مجموع ۶۶۳ مقاله در قالب ۴۲۸ مقاله شفاهی، ۲۳۵ مقاله پوستر ارائه گردید.

تحقیقات مربوط به سمپوزیوم های ژنتیک و اصلاح نژاد، تغذیه و فیزیولوژی، رفتارشناسی، ژنومیکس و مارکرهای مولکولی، محیط و جمعیت های زنبورعسل و تنوع ژنتیکی و اکولوژی زنبورعسل در کمیسیون بیولوژی زنبورعسل ارائه گردید که در مجموع ۵۹ مقاله شفاهی در این کمیسیون ارائه شد که ۸ مقاله شفاهی در زمینه ژنتیک و اصلاح نژاد زنبورعسل و ۳ مقاله مرتبط با اصلاح نژاد در سمپوزیوم محیط و جمعیت های زنبورعسل وجود داشت.

در سمپوزیوم ژنتیک و اصلاح نژاد مقالات در خصوص حفظ ذخایر ژنتیکی در مناطق مختلف جهان، ایجاد مقاومت ژنتیکی در مقابل آفات و بیماری های زنبورعسل، بهره گیری از روش های نوین مولکولی برای اصلاح نژاد زنبورعسل و حفظ ذخایر ژنتیکی و اصلاح نژاد زنبورعسل با استفاده از روش های کمی متداول در جهان ارائه شد که خلاصه مهمترین مقالات ارائه شده در این بخش بشرح زیر بود.

گسترش جغرافیایی زنبورعسل عمدتاً به دلیل جابجایی توسط انسان صورت گرفته است به نحوی که گونه های آن در قاره های مختلف و نیز قسمت هایی از آسیا که قبلاً وجود نداشته، یافت می شود. این میزان از گستردگی همراه با مشکلات و موانعی است، یکی از عواملی که در بروز کاهش جمعیت کلنی ها نقش دارد مایت واروا است، که سبب کاهش تنوع ژنتیکی در بسیاری از جمعیت ها شده است. شپارد [۱] اساس برنامه اصلاح ژنتیکی را تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت های شروع کننده می داند، یک الزام که می تواند چالشی باشد برای یافتن نقاطی است که زنبورهای عسل از آن جمعیت ها اشتقاق یافته اند. وی کاهش تنوع ژنتیکی را از مهمترین عوامل گسترش خسارت بیماری های زنبورعسل بخصوص گسترش خسارت مایت

1-Germplasm Cryopreservation

2- Carnica

3- Lingustica

4- Caucasia

5- Pomonella

6- Chalkrood

7 - snip chip





می باشد. جزئیات مکانیسم مقاومت به این بیماری هنوز به خوبی روشن نشده است. همچنین هیچ روشی جهت انتخاب و اصلاح زنبورهای مقاوم در دسترس نیست. استفاده از مارکر ژنتیکی<sup>۸</sup> SNP می تواند برای یافتن ژن های دخیل در افزایش مقاومت کمک کند. چندریختی تک نوکلئوتید به طور مخفف SNP، که اسنیپ خوانده می شود، یک تغییر در دنباله ی DNA است که در یک نوکلئوتید (A,C,G,T) در ژنوم بین افراد یک گونه بیولوژیک یابی یک جفت کروموزوم در یک فرد این نوکلئوتید فرق دارد. به عنوان مثال، دودنباله از قطعات DNA از دو فرد متفاوت، AAGCCTA به AAGCTTA، در یک نوکلئوتید با هم متفاوتند.

کازموس [۳] از اسلوونی نتایج مربوط به عملیات اصلاح نژاد و انتخاب کلنی های برتر را در بین کلنی های زنبور عسل کارنیکای اسلوونیایی ارائه داد. کارنیکا تنها نژاد موجود در اسلوونی و دومین نژاد زنبور عسل دنیا از نظر سطح پراکنش است. در اسلوونی عملیات اصلاح نژادی زنبور عسل روی نژاد مذکور در دو سطح انجام می شود. در سطح اول در کلنی های موجود در کشور اسلوونی ارزیابی ها و انتخاب صورت می گیرد و در سطح دوم در زنبورستان های پرورش ملکه تحت پوشش اتحادیه زنبورداران اسلوونی این ارزیابی ها انجام می گردد.

ارزیابی صفات تولید عسل، آرام بودن کلنی، آرامش روی قاب، بچه دهی و مقاومت به مایت واروا در کلنی های این دو مجموعه انجام شده و از نتایج حاصل در انتخاب کلنی های برتر استفاده می شود. این ارزیابی ها روی ۷۰۰ کلنی انجام می شود و ملکه های حاصل در ۴۰ زنبورستان توزیع می گردد. سپس ارزیابی صفات در زنبورستان های پرورش ملکه در روی ۳۰۰۰۰ ملکه انجام می شود [۳].

در ترکیه نیز با توجه به اهمیت آفات و بیماری های زنبور عسل ایجاد مقاومت به بیماری ها در جمعیت های موجود زنبور عسل این کشور، در کانون توجه محققین قرار گرفته است. ککه کوقلو و همکاران [۴] تلاش برای ارتقای رفتار بهداشتی در کلنی های استان دوزک در نزدیکی دریای سیاه را در دستور کار خود قرار دادند. در این تحقیق با استفاده از روش کشتن شفیره ها با سوزن و ارزیابی صفت در پوش برداری و تخلیه شفیره های مرده

8- Single nucleotide polymorphism

پس از ۲۴ و ۴۸ ساعت کلنی های بهداشتی انتخاب شدند. کلنی های با تخلیه شفیره بیش از ۹۵ درصد بعد از ۴۸ ساعت کلنی های بهداشتی محسوب می شوند و در این تحقیق از بین ۲۵۰ کلنی تحت بررسی ۵ کلنی بهداشتی برتر انتخاب شدند که در مراحل بعدی و برای ایجاد نسل های آتی مورد استفاده قرار گیرند [۴].

بر اساس گزارش بوروداچف [۵] در سال های اخیر روسیه روی روش های نوین حفظ ذخایر ژنتیکی زنبور عسل، انتخاب کلنی ها برتر و ایجاد لاین های زنبور عسل برای اصلاح نژاد و نیز روش های نوین پرورش ملکه و تولید ملکه های انتخاب شده متمرکز شده است. محققین زیادی در روسیه با استفاده از DNA میتوکندریایی و هسته ای در جهت اصلاح نژاد زنبور عسل این کشور تلاش می کنند [۵].

با توجه به گستردگی روسیه و وجود سه نژاد مختلف زنبور عسل سیاه یا ملیفرا، زنبور عسل نژاد قفقازی و نیز زنبور عسل نژاد کارپتیکا در این کشور تلاش برای حفظ و اصلاح این نژادها در مناطق مختلف اقلیمی این کشور در دست انجام می باشد.

بیماری های زنبور عسل و لزوم استفاده از داروها سموم شیمیایی از مشکلات زنبورداران در نقاط مختلف جهان می باشد. مقاومت طبیعی کلنی های زنبور عسل به آفات و بیماری ها و بهره گیری از این پتانسیل می تواند از مصرف زیاد داروهای شیمیایی و مشکلات زیست محیطی مربوط به آن جلوگیری نماید.

اوزکای و همکاران [۶] در منطقه مولگا در ترکیه تلاش نمودند تا در زنبور عسل نژاد آناتولی در مقابل بیماری لوک آمریکایی مقاومت ژنتیکی ایجاد نمایند. در این تحقیق آن ها با استفاده از روش کشتن شفیره ها با استفاده از سوزن و ارزیابی رفتار بهداشتی کلنی ها بعد از ۲۴ ساعت کلنی های برتر را انتخاب نمایند. این کلنی ها دو بار در فروردین ارزیابی شده و کلنی های با بیش از ۹۵ درصد رفتار بهداشتی برای تاسیس نسل بعد انتخاب شدند. ملکه های حاصل با استفاده از روش تلقیح مصنوعی و با اسپرم جمع آوری شده از کل کلنی های مقاوم تلقیح شدند. در این طرح که با استفاده از روش اصلاح نژاد در جمعیت های بسته انجام شد در طی سال های انجام طرح رفتار بهداشتی کلنی ها علیه لوک آمریکایی به ترتیب از ۴۳ درصد در سال ۲۰۱۲ به ۶۳ درصد و نهایتاً به ۹۱ درصد افزایش یافت. همچنین وراثت پذیری این





بازبینی ناحیه ژنومی اطراف این مارکرها سبب شناخت ژن‌های کاندید صفت مذکور شد. به علاوه برای یافتن مارکرها ژنتیکی مربوط به صفات دلخواه می‌توان از مارکر ژنتیکی اسنیپ چیپ استفاده نمود. برنامه‌های اصلاح نژاد سنتی زنبور عسل عمدتاً بر اساس خصوصیات ظاهری و اطلاعات شجره‌نامه‌ای صورت می‌گیرد. انتخاب ژنومیک با استفاده از مارکرها ژنتیکی در کل ژنوم، یک راه جدید برای بهبود صفات کمی می‌باشد. پیش‌بینی ژنتیکی، با ترکیب اطلاعات بدست آمده از مارکرها، فنوتیپ و اطلاعات دودمانی در کنار هم، سبب افزایش صحت و دقت اصلاح نژاد و در نهایت ارزش ژنوتیپی می‌شود. برای استفاده از ترادف یابی نسل‌های بعدی نژاد کارنیکا، حدود ۱۰۰۰۰۰ اسنیپ چیپ در دست تحقیق هستند که این پژوهش با هدف آغاز انتخاب ژنومی برای صفات مقاومت به مایت واروا، تولید و کاهش رفتار تهاجمی در زنبور عسل در حال انجام است [۹].

ترشحات غدد آرواره‌ای<sup>۱۴</sup> عملکردهای ویژه‌ای در ارتباط با تکامل اجتماعی در زنبور عسل دارند. در ملکه غدد آرواره‌ای فرمون‌هایی را تولید می‌کنند که در تنظیم رفتار و تولید مثل دیگر افراد کلنی نقش دارد، ترشحات این غدد در زنبورهای کارگر، حاوی اسیدهای چرب تشکیل دهنده ژله رویال می‌باشد. تنظیم پیچیده عملکرد غدد آرواره‌ای تحت تأثیر سیگنال‌های محیطی موثر بر تولید مثل می‌باشد. وو و همکاران [۱۰] برای شناسایی ژن‌های کاندید مرتبط، به مقایسه الگوهای مختلف بیان ژن غدد آرواره‌ای بین ملکه‌ها، کارگرهای ملکه دار و کارگرهای بدون ملکه با تخمدان‌های فعال شده، به وسیله تکنیک ترادف یابی «های تروپوت»<sup>۱۵</sup> RNA، پرداختند. در این تکنیک محلولی شامل انواع ار.ان.ای به دستگاه داده می‌شود و دستگاه به سرعت همه آن‌ها را ترادف یابی می‌نماید.

در مجموع در این نمونه‌ها، ۵۴۵۷ ژن مختلف بیان شدند که ۲۹۲۶ از آن‌ها در مقایسه ملکه‌ها و کارگرهای ملکه دار و ۲۷۶۱ در مقایسه این کارگرها و کارگرهای بدون ملکه و اما بیش از همه ۴۶۶۲ ژن در مقایسه بیان ژن‌های کارگرها و ملکه‌ها دیده شد. ژن‌های مختلف مرتبط با سنتز ترشحات غدد آرواره‌ای شناسایی شدند که از آن جمله می‌توان چند

صفت در طی سال‌های مذکور از ۳۵ درصد به ۷۷ درصد در سال دوم رسید و در سال سوم نیز به ۶۱ درصد کاهش یافت [۶].

کیم و همکاران [۷] با توجه به گران بودن روش استفاده از میکروساتلایت‌ها<sup>۹</sup> در تعیین تنوع ژنتیکی و حفظ ذخایر ژنتیکی تلاش کردند با ابداع روشی جدید و استفاده از مارکرها میکروساتلایت این هزینه‌ها را کاهش دهند. در این تحقیق کیم و همکاران موفق شدند شش نژاد زنبور عسل موجود در کره جنوبی را با استفاده از آغازگرهای خاص به ۷ گروه تفکیک نمایند [۷].

بر اساس تحقیقات نومن [۸] یکی از اثرات ناخواسته پدیده جهانی شدن، گسترش و پراکنش جهانی آفات و بیماری‌هاست. گسترش آفات و بیماری‌ها از جمله سوسک کوچک کندو<sup>۱۱</sup> از این دسته می‌باشد. این آفت بومی آفریقا بوده و تکثیر آن توسط زنبورهای عسل، زنبورهای بدون نیش و زنبورهای بامبوس<sup>۱۱</sup> می‌باشد. این آفت تبدیل به یک گونه مهاجم شده و از سال ۱۹۹۶ در قاره‌های آمریکا، آسیا، اروپا و استرالیا گزارش شده است. سوسک کوچک کندو، در آفریقا به عنوان یک آفت نه‌چندان مهم و بلکه فرعی، خسارت چندان بی‌جای نمی‌گذارد اما برعکس می‌تواند مسبب خسارات قابل توجهی در کلنی‌های زنبور عسل در مناطق غیر خاستگاه خود باشد [۸].

بینفلد و همکاران [۹] برای شناسایی ژن‌های دخیل در مقاومت زنبور عسل به مایت واروا، از اسنیپ چیپ‌ها (تنوع در یک نوکلئوتید) با ۴۴۰۰۰ مارکر ژنتیکی در اصلاح ژنتیک زنبور عسل در انستیتوی تحقیقاتی زنبور عسل «نوهن نوندورف»<sup>۱۲</sup> آلمان استفاده نموده‌اند. در مجموع ۲۲۰۰۰ زنبور کارگر لیبل شده، توسط تکنیک فیلمبرداری با اشعه مادون قرمز مشاهده و پاسخ رفتاری آن‌ها به سلول‌های آلوده به واروا بررسی شده است. ۱۲۲ زنبور کارگر که صفت بهداشتی<sup>۱۳</sup> را به میزان زیادی بروز داده بودند به همراه ۱۲۲ زنبور کارگر خواهی آن‌ها که فاقد این صفت بودند به کمک مارکر اسنیپ چیپ مورد آنالیز ژنتیکی قرار گرفتند. چهار مارکر ژنتیکی رابطه ژنتیکی قابل توجهی بین رفتار در پوش برداری سلول‌ها و سلول‌های آلوده به واروا نشان داد.

9- Microsatellite

10- Small hive beetles

11- Bumble bees

12- Hohen Neuendorf

13 Hygienic

14- Mandibular glands

15- High-throughput RNA- sequencing





سال های اخیر می باشد. مایت واروا با مکیدن همولنف یا خون زنبور عسل و نوزادان زنبور عسل بطور مستقیم سبب نقص بال ها و اندام های دیگر و ناقص الخلقه شدن زنبوران متولد شده می شود و کلنی ها را ضعیف می کند. از طرف دیگر با انتقال بیماری ها بخصوص بیماری های ویروسی با خسارت غیر مستقیم و بیمار شدن کلنی ها خسارت های جبران ناپذیری به صنعت زنبورداری در مناطق مختلف دنیا وارد می کند.

خسارت های چندگانه مایت واروا به زنبور عسل و عدم کارایی داروهای مورد استفاده در کنترل مایت واروا سبب شده که این پارازیت علاوه بر خسارت مشهود، بطور نامشهود نیز سبب ضعیف شدن کلنی ها شود و یکی از عوامل اصلی در ناپایداری و آسیب پذیری کلنی ها در سال های اخیر باشد. لذا تلاش برای ایجاد مقاومت ژنتیکی زنبور عسل علیه مایت واروا از مهمترین جهت گیری های تحقیقات زنبور عسل در کشورهای جهان می باشد که با روش های گوناگون در دست انجام می باشد.

ژن وابسته به هیدروکسیله شدن و اکسیده شدن همکاران چرب را نام برد. نتایج بدست آمده توسط وو و همکاران [۱۰] اساس مولکولی سنتز بیولوژیک غدد مربوطه را آشکار ساخت و بینش جدیدی در مورد مکانیسم مولکولی عملکرد غدد آرواره ای را ایجاد کرد [۱۰].

در مجموع مقالات ارایه شده در این کنگره و بحث های انجام شده در زمان ارایه مقالات نشان دهنده این است که تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد زنبور عسل دنیا در جهت بهره گیری از روش های جدید بیوتکنولوژی و مولکولی اصلاح نژاد با استفاده از روش ژنومیک، اصلاح نژاد برای مقاومت به آفات و بیماری های زنبور عسل از قبیل مقاومت به بیماری لوک اروپایی و امریکایی، نوزاد گچی و کنه واروا متمرکز شده است. بر اساس بحث های انجام شده در کنگره بسیاری از محققین زنبور عسل دنیا معتقدند که خسارت مستقیم و غیر مستقیم مایت واروا عامل اصلی پدیده ناپدید شدن کلنی<sup>۱۶</sup> می باشد که مشکل بزرگ زنبورداران در

16- Colony collapse disorder

#### منبع ها:

- 1- Sheppard W. S. The role of germplasm cryopreservation in honey bee breeding and conservation. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 147.
- 2- Liu Y, L. Yan, Zh. Li, W.-F. Huang, S. Pokhrel, X Liu, S Su. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 147-148.
- 3- Kozmus P. Breeding and selection activities for Carniolan honeybee (*Apis mellifera carnica*) in Slovenia, 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). p. 148.
- 4- Kekecoglu M, P Goc Rasgele, A. Burgut, M. kambur. Breeding and selection of yluca honey bee (*Apis mellifera L.*). 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 149.
- 5- Borodachev A, L Savushkina, V Borodachev. The directions of bee selection in Russia. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 150.
- 6- Oskay D., R. Vgn Tunca, M. Kence, A. Kence. Selecting Mulga honey bee (*A. m. anatoliaca*) for hygienic behavior. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 149-150.
- 7- Kim Hyek, I Kim, M- L Lee, Y- S Chio, B Rae Jin. Microsatellite markers through next-generation sequencing for bee breeding in *Apis mellifera* in Korea. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 150-151.
- 8- Neumann P. A global view of small hive beetles and the COLOSS network. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 138.
- 9- Bienefeld K, A Spotter, N Reinsch, M Mayer, P Gupta. A new approach for honeybee breeding- Genomic selection. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). p. 139.
- 10- Wu Y-Q. H.- Q. Zheng, Ch. Pirk, Fei Meng, Fu-Liang Hu, Transcriptome comparison among mandibular glands of the honey bee (*Apis mellifera L.*) queen and workers. 44 th Apimondia International Apicultural Congress, Deajeon, Korea. (2015). P. 146-147





## The orientation of honeybee breeding in 44<sup>th</sup> honeybee international congress (South Korea 2015)



Zahra Tahmasebi<sup>1</sup>, Gholamhossein Tahmasebi<sup>2</sup>

1- Young Researchers and Elite Club, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran.

2- Professor, Animal Sciences Research Institute of Iran, Agriculture Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

**Received:** 10 July 2016 **Accepted:** 16 November 2016

### Abstract

44<sup>th</sup> world honey bee congress was held in south Korea, 2015. Different articles were presented about genetic resources preserving, creation resistance against honey bee pests and diseases, using new molecular methods to breeding and conservation of genetic resources by utilizing common quantitative methods in the genetic and breeding symposium. Genetic researches and breeding taking advantages of new biotechnology and molecular breeding methods by using genomic procedure, trying to create resistance against pests and diseases like Chalkrood and Varroa mite. One of important factors which affect on decreasing of colonies population is Varroa mite, cause loss of genetic diversity in many honey bee populations in the world. Trying to make genetic resistance against Varroa is one of the most important honey bee researches in the world which is doing by different methods.

**Corresponding Author:** Zahra Tahmasebi

**Email:** zahra\_tahmasbi@yahoo.com

