

التحليل الوراثي لنحلة العسل السورية *Apis mellifera syriaca* ودراسة تنوعها الحيوي باستخدام معلومات جزيئية متخصصة

محمد علي البراقي (١،٢)، ليونيل كارنوري (٢)، علي خالد البراقي (٣).

(١) الهيئة العامة للتقانة الحيوية، ص.ب ٣١٩٠٢ دمشق، سورية. (٢) المركز الوطني للبحث العلمي CNRS، فرنسا (٣) قسم وقاية النبات، كلية الزراعة، جامعة دمشق ص.ب ٣٠٦٢١ دمشق، سورية.
بريد إلكتروني: alburaki@legs.cnrs-gif.fr, alburaki@gmail.com

لقد قطعت التقانات الحيوية أشواطاً كبيرة ومذهلة في مختلف مجالات العلوم، إذ تُستخدم هذه التقانات حديثاً في دراسة التنوع الحيوي عند العديد من الكائنات الحية. تقوم اليوم بتسخير هذه التقنيات وتطبيقها على نحل العسل، الكائن المذهل والفردي في سلوكه وطريقة حياته، وذلك للوصول إلى فهم دقيق ومفصل لماهية التنوع الحيوي لهذه الحشرة الاقتصادية وترجمته على المستوى الوراثي حيث كان يعتمد سابقاً على القراءات المورفولوجية أو بأحسن الأحوال دراسة الآثار الذي يحدثها الحمض النووي كرحلان البروتينات وما شابه ذلك. تتركز دراستنا الحالية على سلالة نحل العسل السوري *Apis mellifera syriaca* لفهم القصة التطورية لهذه السلالة المحلية المهمة، ودراسة موقعها الوراثي والتطوري بين قريناتها من سلالات نحل العسل العالمية الأخرى. لتحقيق ذلك قد تم إجراء عتيان مهم من مختلف المحافظات السورية ونقوم حالياً وبواسطة معلومات جزيئية بدراسة ثلاث مواقع على (الدنا) DNA الخاص بهذه العينات هي كل من المنطقة الواقعة بين جيني الأوكسيداز ١ و٢ (COI-II)، السيتوكروم ب (CytB) والمنطقة الخاصة بالجين المشفر للـ ND6. من ناحية أخرى نقوم بدراسة ١٠ مواقع لتتابع دقيقة (Microsatellites loci) على الحمض النووي الجينومي (المجين) والتي تسمح لنا بتحديد وبدقة كبيرة الخلط أو الصفاء الوراثي الموجود في سلالتنا المحلية. مجمل البيانات المتحصلة عن هذه الدراسة، ستقودنا إلى تمييز بين المناطق الجغرافية ذات الخلط الوراثي الأعلى العائدة لوجود نحل أجنبي دخيل فيها، والمناطق التي تظهر صفاءً وراثياً أكبر وحضوراً أعلى للنحلة السورية. ستعتمد في ما بعد المواقع التي أظهرت نقاءً وراثياً ملحوظاً لإنشاء محميات فعالة لحماية سلالة النحل السوري المحلية من التدهور والمحافظة عليها وتأصيلها، والحد أو إيقاف الانجراف الوراثي الذي يحصل للأسف لهذه النحلة التي تعد ثروة وراثية واقتصادية مهمة.

Genetic analysis of Syrian honeybee *Apis mellifera syriaca* and the study of its diversity by using specific molecular markers

M. Alburaki (1,2), L. Garnery (2), A. Alburaki (3)

(1) National Commission for Biotechnology NCBT, Po Box 31902 Damascus, Syria. (2) Centre National de la Recherche Scientifique CNRS, Avenue de la Terrasse, Gif-sur-Yvette 91198, France. (3) Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Univ. of Damascus, Po Box30612, Damascus, Syria.

Recent advances in the application of biotechnology have led to important progress in many scientific fields e.g agriculture and pharmaceutical industries. In Apiculture it has been used to trace the biodiversity down to genetic levels. Until recently, this kind of study was completely dependant on morphometrical measurements and/or, in better cases, by proteomics such as protein migrations. Here, we present a study of the evolutionary history and genetic placement of *Apis mellifera syriaca* amongst other honeybee subspecies. A large number of Syrian honeybee specimens have been collected from different Syrian regions. DNA samples from these are being analyzed for their genetic diversity by using several molecular markers in three genetic regions: the intergenic region COI-COII, Cytochrome B and ND6. Furthermore, to obtain a good indication concerning the introgression (due to the importation of foreign honeybees) and the purity of our local honey bee subspecies, ten microsatellite loci are studied on each genomic DNA. The data obtained will enable distinction to be made among the geographical regions on the basis of purity and introgression. Subsequently, genetic conservation zones will be established in the areas that show high abundance and purity of Syrian honeybee. These zones will enable the protection of the economic and genetic resource of our local honeybee from further genetic degradation and introgression