

Il DNA del miele per lo studio genetico dell'ape

di Luca Fontanesi

L'ape (*Apis mellifera*) è un importante anello nel mantenimento degli agro-ecosistemi. Il servizio di impollinazione che svolge è fondamentale per molte colture e i prodotti dell'alveare (miele, cera, pappa reale e propoli) forniscono il reddito per la sostenibilità economica del settore apistico. Quindi è essenziale salvaguardare la biodiversità di questa specie che presenta diverse sottospecie ben adattate ai diversi ambienti in cui si sono evolute.



Come è ben noto le api sono anche ottimi bioindicatori: la loro attività di esplorazione porta questi insetti sociali ad entrare in contatto con l'ambiente circostante e ne subiscono un impatto a seconda del livello di inquinanti che vi trovano. Meno nota è invece la possibilità di combinare l'attività di esplorazione delle api con l'analisi del DNA ambientale (*environmental DNA* o *eDNA*). Le api, infatti, oltre che con diversi inquinanti, possono venire a contatto con molti altri organismi presenti nell'ambiente che frequentano. La traccia di questi organismi si ritrova nel DNA ambientale

che si accumula nei prodotti dell'alveare e in particolare nel miele. Questo DNA rappresenta la *firma biologica* di tutti gli organismi che entrano o contribuiscono direttamente o indirettamente nel processo di formazione del miele. Questa firma può essere analizzata attraverso il sequenziamento del DNA isolato da questa matrice alimentare. La maggior parte del DNA presente nel miele deriva tuttavia dalle api che lo hanno prodotto. Quindi, il DNA del miele può essere utilizzato per studiare la genetica delle api anche senza analizzare direttamente le api.

Il Progetto **BEE-RER**, coordinato dal DISTAL e finanziato dalla Regione Emilia-Romagna (<https://site.unibo.it/bee-rer/it>), sfrutta le potenzialità dell'analisi del DNA del miele per caratterizzare le popolazioni di *Apis mellifera* presenti nella Regione. L'obiettivo principale del progetto si allaccia a quello della legge regionale del 4 Marzo 2019 n. 2 “*Norme per lo sviluppo, l'esercizio e la tutela dell'apicoltura in Emilia-Romagna*” che nell'articolo 7 pone le basi per la “*Tutela dell'Apis mellifera sottospecie ligustica*”.

Esistono diverse sottospecie di *Apis mellifera*, riconosciute sulla base di caratteristiche morfologiche e genetiche. La sottospecie ligustica, nota anche come ape italiana, è quella autoctona nella maggior parte della nostra penisola e della Regione Emilia-Romagna. Questa sottospecie presenta in modo preminente la linea C di DNA mitocondriale. Le altre principali sottospecie presenti in Europa sono: l'*Apis mellifera mellifera* (con DNA mitocondriale della linea M), diffusa originariamente nel nord Europa ed in Italia quasi esclusivamente nella parte occidentale della Liguria; l'*Apis mellifera siciliana* presente in Sicilia (con DNA mitocondriale della linea A); l'*Apis mellifera iberiensis*, caratteristica della penisola iberica (con il DNA mitocondriale di due tipi: M oppure A); l'*Apis mellifera carnica*, della stessa linea mitocondriale della ligustica. Vi sono poi diversi ibridi commerciali comunemente conosciuti con il nome di Buckfast, che derivano dall'incrocio di diverse sottospecie.



Rappresentazione del DNA mitocondriale di ape delle tre principali linee genetiche



BEE-RER utilizza un metodo sviluppato da Utzeri, Ribani e Fontanesi (2018) <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2018.04.010>, basato sull'analisi del DNA dell'ape, che si ritrova nel miele, per identificare le diverse sottospecie. Il metodo, messo a punto per il progetto BEE-RER, permette di identificare le diverse linee genetiche di ape (a cui corrispondono le varie sottospecie) sulla base di polimorfismi del DNA mitocondriale. Il vantaggio nell'utilizzo del miele deriva dal fatto che questo prodotto, così come si ritrova nei vasetti comunemente commercializzati, è la miscela del miele di molte famiglie o addirittura di diversi apiari. Quindi l'analisi di un singolo campione di miele permette di analizzare contemporaneamente il DNA di alcune decine di famiglie di api e quindi il DNA di centinaia di migliaia di api. Grazie a questa metodologia, il miele prodotto in Regione è stato utilizzato per mappare la distribuzione delle diverse sottospecie e linee genetiche di *Apis mellifera* sul territorio regionale. Il metodo, dopo validazione tramite analisi aggiuntive quali l'analisi morfometrica direttamente sulle api e l'analisi del DNA nucleare di questi imenotteri, verrà utilizzato per applicare l'art. 7 della legge regionale in un sistema di autocontrollo e di verifica ispettiva che è in via di definizione.

Questo approccio genomico rappresenta il primo caso mondiale di applicazione della genetica dell'ape attraverso l'analisi del DNA del miele per la valutazione della biodiversità dell'*Apis mellifera*.