

Novità dalla ricerca

di Luca Fontanesi*

Il progetto BEE-RER dell'Università di Bologna per l'apicoltura della Regione Emilia Romagna (e non solo)



La definizione di genomica ci permette di spiegare meglio le sue potenzialità: la genomica è la disciplina che si occupa dello studio, della funzione e della sequenza del genoma di tutte le specie; il genoma rappresenta tutta l'informazione genetica che è contenuta nel DNA.

BEE-RER sfrutta l'analisi del DNA del miele per ottenere informazioni su tutti gli organismi che a vario titolo sono intervenuti nel processo di produzione, dal fiore alla tavola

Il progetto di ricerca BEE-RER, che ha come titolo completo “L'analisi del DNA ambientale del miele e di contaminanti per la valorizzazione e la difesa delle produzioni apistiche e per il monitoraggio degli aggressori dell'alveare in Emilia-Romagna” (<https://site.unibo.it/bee-rer/it>) è un progetto coordinato dal Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-alimentari dell'Università di Bologna (<https://distal.unibo.it/it>) e finanziato dalla Regione Emilia Romagna nell'ambito della Misura F - OCM Apicoltura 2019/2020.

Il Progetto ha diversi obiettivi che sono affrontati utilizzando gli strumenti della genomica, associati a diverse altre tipologie di indagine. L'utilizzo della genomica in apicoltura, per coprire diversi ambiti di studio, è un aspetto particolarmente innovativo, che può permettere di rispondere in modo nuovo alle sfide che l'apicoltura deve affrontare.

Gli strumenti della genomica che sono utilizzati da BEE-RER sono quelli del sequenziamento del

DNA di nuova generazione, con le così dette tecniche di Next Generation Sequencing, della bioinformatica per l'analisi dei dati di sequenziamento del DNA e dell'amplificazione del DNA in real time.

BEE-RER sfrutta l'analisi del DNA del miele per ottenere informazioni su tutti gli organismi che sono venuti a contatto con il miele o che hanno contribuito alla sua produzione. Infatti, nel suo percorso di formazione e produzione, il miele “incontra” un elevato numero di diversi organismi che vanno dall'ape che lo ha prodotto, alle piante da cui deriva il nettare utilizzato dalle api, alla melata prodotta da diversi insetti e ai numerosissimi microorganismi che si trovano nell'alveare. E questo è solo un primo parziale

elenco degli organismi che interagiscono e contribuiscono alla produzione di questo prodotto dell'alveare.

Tutti questi organismi lasciano una loro traccia nel miele, una traccia a base di DNA. Il miele, infatti non ha un suo specifico DNA ma possiede il DNA dei vari organismi che hanno contribuito, nei vari passaggi, alla sua produzione o che lo hanno solo “toccato”.

Le tipologie di indagine che si possono effettuare analizzando il DNA presente nel miele sono varie e dipendono dalle informazioni e risposte che si vogliono e si possono estrarre dal genoma la cui traccia è stata lasciata nel miele come impronta di questi organismi.

BEE-RER, con l'analisi del DNA pre-

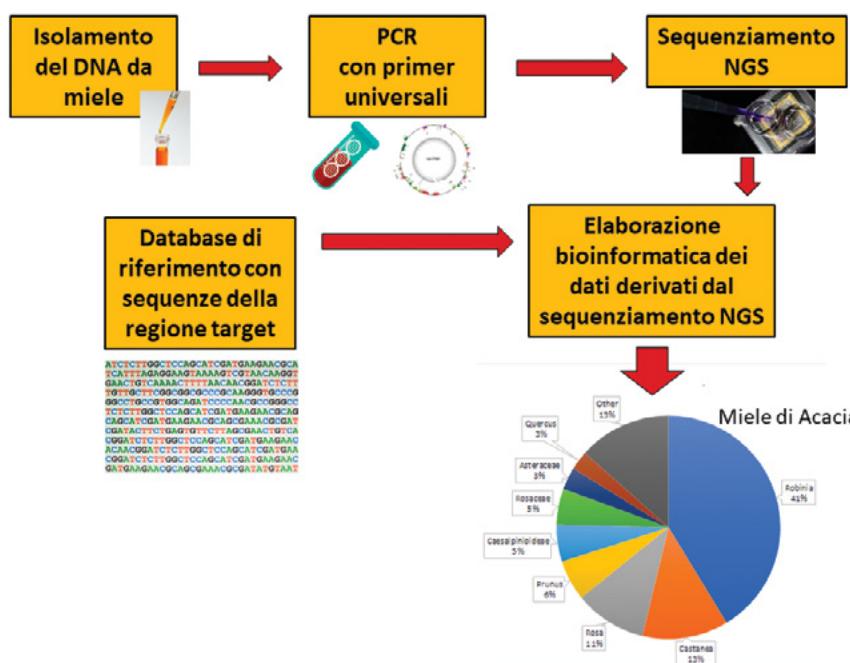
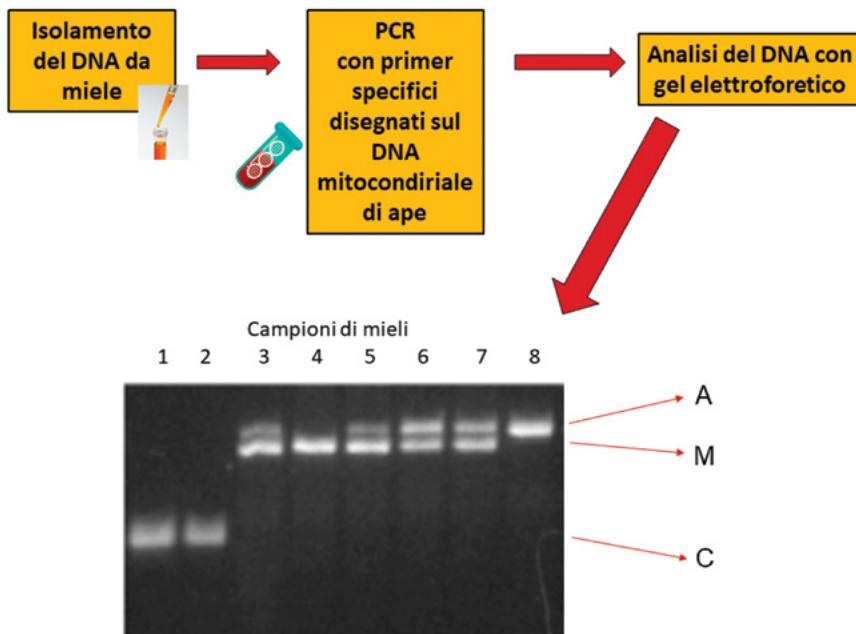


Figura 1. Schema delle analisi del DNA per l'identificazione dell'origine botanica del miele. Il risultato finale è schematizzato nel grafico a torta che rappresenta in blu la percentuale di sequenze di DNA assegnata a Robinia. Il risultato riportato nell'esempio indica che il miele analizzato è di acacia

Figura 2. Schema delle analisi del DNA per identificare il mitotipo delle api che hanno prodotto il miele. Il risultato finale è evidenziato nell'immagine del gel elettroforetico in cui sono mostrate le bande di DNA che corrispondono alle linee A, M e C



sente nel miele, affronta principalmente tre diversi aspetti:

1. l'autenticazione e l'origine botanica del miele e, quindi, indirettamente, anche la sua origine geografica;
2. l'identificazione della sottospecie di *Apis mellifera* che ha prodotto il miele;
3. l'identificazione di patogeni dell'alveare da cui deriva il miele.

Il primo aspetto viene analizzato con le tecniche di Next Generation Sequencing (NGS) che permettono di sequenziare il DNA vegetale presente nel miele, utilizzando un approccio di barcoding. Questo DNA deriva principalmente dal polline che si trova comunemente nel miele. Dopo l'estrazione del DNA dal miele, si passa ad una fase di amplificazione mediante la tecnica della polymerase chain reaction (la classica PCR) che viene effettuata con primer universali che hanno come target una regione del DNA cloroplastico altamente informativa e dalla cui sequenza è possibile risalire alla specie vegetale da cui deriva. Il sequenziamento NGS produce migliaia o milioni di corte sequenze di DNA che sono confrontate con quelle già presenti in una banca dati e da cui si può ricavare l'informazione della specie botanica da cui derivano questi frammenti di DNA amplificati e poi sequenziati. In questo modo, sequenziando milioni di sequenze delle regioni target di DNA

cloroplastico è possibile identificare tutti i gruppi botanici da cui deriva il polline che si ritrova nel miele e quindi risalire all'origine botanica. Tutta la procedura è stata testata da BEE-RER partendo da diversi mieli con diversa origine botanica (Figura 1). I dati ottenuti dall'analisi del DNA sono stati poi confrontati con quelli che derivano dall'analisi melissopalinologica per valutare la corrispondenza delle risposte provenienti dalle due metodologie.

Il secondo punto 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*". Nel miele si ritrova infatti anche il DNA delle api che lo hanno prodotto. BEE-RER ha messo a punto diversi metodi basati sull'analisi del DNA mitocondriale (Figura 2) e nucleare di ape per identificare la sottospecie a partire dal DNA del miele.

Il terzo aspetto riguarda la possibilità di identificare diversi patogeni delle api attraverso le tracce che questi lasciano anche nel miele. L'utilizzo

dell'analisi del DNA in questo contesto permette di effettuare monitoraggi su ampia scala a bassi costi. BEE-RER ha messo a punto varie metodiche basate sull'analisi del DNA del miele per identificare nuovi e vecchi patogeni dell'alveare. In particolare, il progetto ha permesso di ottenere una prima mappatura della distribuzione nella Regione Emilia-Romagna di due tripanosomi non ancora molto studiati in Italia: *Lotmaria passim* e *Critchidia mellifcae*.

Con l'analisi del DNA del miele, BEE-RER vuole mettere a disposizione dell'apicoltura strumenti utili per combattere le frodi, valorizzare la biodiversità delle api e prevenire e monitorare la diffusione di diverse malattie e aggressori dell'alveare.

L'impatto che BEE-RER potrà avere, considerando le numerose ricadute applicative, va oltre a quello della Regione Emilia-Romagna e si pone come un possibile modello di trasferimento di conoscenze e tecnologie avanzate al settore apistico a livello nazionale. ●

*

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-alimentari, Università di Bologna, Viale Giuseppe Fanin 46, 40127, Bologna | luca.fontanesi@unibo.it