Analisi del genoma delle api mellifere svizzere

Uno studio pubblicato recentemente da Agroscope e dall'Università di Berna ha analizzato la struttura delle colonie e la diversità genetica (varietà) delle api mellifere svizzere tramite il sequenziamento del genoma. Le colonie svizzere attestano una diversità genetica elevata, un elemento importante per l'adattamento a condizioni ambientali sempre diverse.

Melanie Parejo e Markus Neuditschko
Agroscope, Centro di ricerche apicole
Istituto per la salute delle api
Università di Berna

Origine delle api mellifere in Svizzera

Per rintracciare l'origine della nostra ape mellifera occorre spostarsi in Asia dove è nata circa 6-9 milioni di anni fa insieme ad altre specie *Apis*. Circa un milione di anni or sono, l'ape mellifera *(Apis mellifera)* si è diffusa dall'Asia all'Africa e all'Europa dove si è dovuta adeguare alle nuove condizioni ambientali. Tramite questo processo di adeguamento sono nate quattro grandi linee evolutive: il gruppo M (Europa dell'Ovest e del Nord), il gruppo C (Europa dell'Est), il gruppo O (Medio oriente e Asia centrale) e il gruppo A (Africa).

Lo spazio vitale naturale dell'ape mellifera si estende dunque dalla punta più a sud dell'Africa fino alla Scandinavia meridionale passando per savana, foresta pluviale, deserto e Mar Mediterraneo. Non è un sorpresa che – vista la grande diversità di spazi vitali, condizioni climatiche, flora e fauna – siano nate tante sottospecie capaci di adeguarsi in modo ottimale al loro ambiente naturale tramite caratteristiche particolari. Al giorno d'oggi sono descritte oltre 28 sottospecie di api mellifere.

In Svizzera, al momento, esistono quattro sottospecie o razze dell'ape mellifera. L'ape nera europea autoctona (*Apis mellifera mellifera*, chiamata Mellifera), l'ape carnica (*Apis mellifera carnica*, chiamata Carnica), l'ape italiana (*Apis mellifera ligustica*, chiamata Ligustica) e l'ape Buckfast. La Mellifera appartiene al gruppo M, mentre Carnica, Ligustica e Buckfast fanno parte del gruppo C.

Lo scopo del presente studio era il rilevamento attuale di struttura e diversità delle colonie di api mellifere svizzere, nonché la determinazione delle ibridazioni tra le diverse sottospecie. In seguito sono stati analizzati nuovi marcatori genetici che possono essere utilizzati per la selezione di api mellifere svizzere.

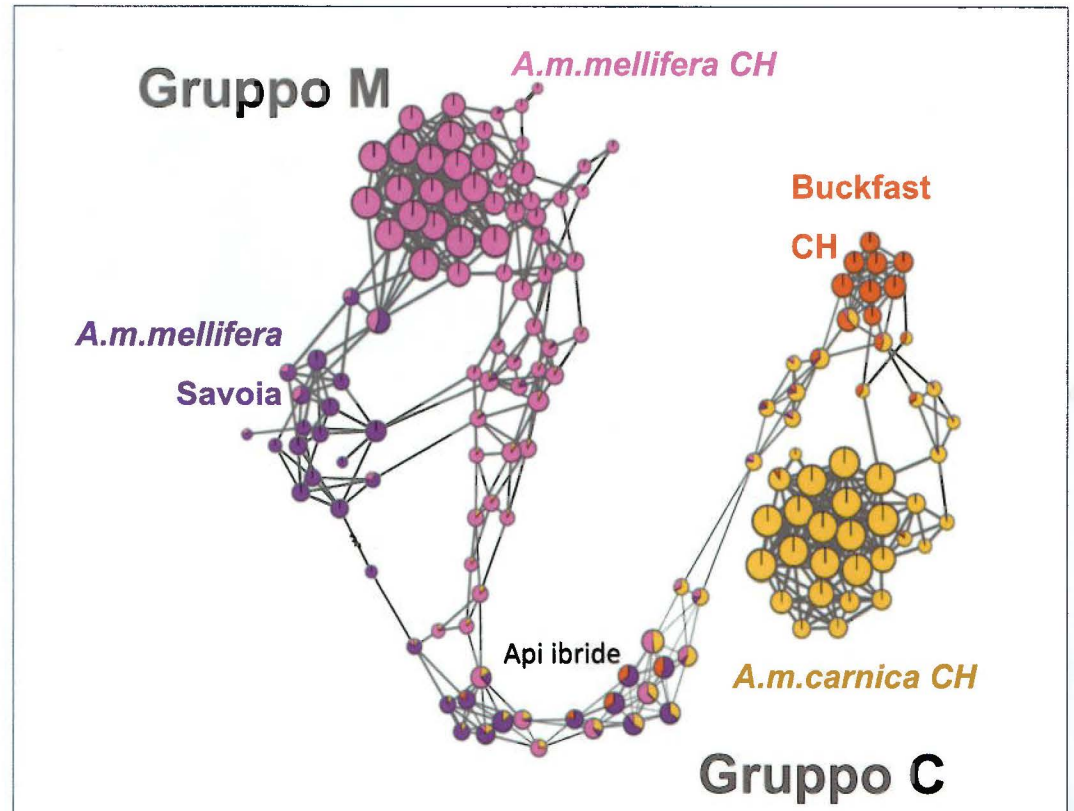
Informazioni relative al genoma di 120 fuchi sequenziati provenienti dalla Svizzera

A partire dal 2014 e in collaborazione con le associazioni di apicoltori, sono stati raccolti campioni di covate di fuchi provenienti da tutta la Svizzera a da diverse sottospecie di api mellifere.

Tramite decodificazione del genoma dell'ape mellifera nel 2016 e grazie ai rapidi sviluppi delle nuove tecnologie di sequenziamento del DNA, oggi è possibile sequenziare l'intero genoma a costi vantaggiosi. Sono stati sequenziati 120 genomi di fuchi provenienti dalla Svizzera tramite la nuova tecnologia. Inoltre, abbiamo ricevuto i dati del sequenziamento di altri 31 fuchi provenienti dalla Savoia nei pressi della frontiera svizzera dai nostri partner scientifici in Francia (INRA Tolosa). In totale, siamo così riusciti ad analizzare un insieme di dati composto dal genoma di 151 fuchi. Dopo l'elaborazione bio-informatica dei dati di sequenza, siamo stati in grado di mappare oltre 3,3 milioni di marcatori genetici, i cosiddetti SNPs, sul genoma dell'ape e usarli per il rilevamento della struttura delle colonie e i calcoli relativi alla diversità.

Differenze importanti tra le api mellifere del gruppo M e del gruppo C

L'illustrazione sotto rappresenta una rete della struttura delle colonie delle api mellifere svizzere. Per ogni ape, è indicata l'origine tramite un



L'analisi reticolare mostra la struttura dettagliata delle colonie e il grado di ibridazione.

diagramma circolare. Le linee di collegamento rappresentano la parentela genetica tra le singole api: più la linea è spessa più il grado di parentela tra le api è stretto. Grazie a questa struttura reticolare, è possibile riconoscere bene le colonie delle singole razze di api. Le api ibride con origine mista (diversi colori nei diagramma circolare) si trovano chiaramente tra le api del gruppo M e C. L'analisi mostra anche che le api Buckfast hanno un legame di parentela genetico stretto con le api Carnica. È stato inoltre possibile dimostrare una struttura subordinata interessante tra le Mellifera francesi e quelle svizzere.

Inizialmente la nostra idea era quella di includere più campioni provenienti dal Canton Ticino e di analizzare la composizione genetica anche in questa regione, per esempio determinare quanta Ligustica è ancora presente. Sfortunatamente abbiamo ricevuto un numero limitato di campioni dal Canton Ticino. Alcuni di questi campioni erano api Buckfast e alcuni erano raggruppati nella popolazione Carnica. Siccome non avevamo una popolazione di riferimento di Ligustica, non è stato possibile trarre delle conclusioni sullo stato di questa sottospecie in Ticino.

Melanie Parejo analizza il DNA delle api mellifere svizzere.

Ibridazione debole ed elevata diversità genetica

Il grado di ibridazione tra la Mellifera autoctona e le api del gruppo C è in generale bassa ed è stato possibile assegnare in modo univoco la maggior parte dei campioni alla rispettiva sottospecie. Inoltre è stata calcolata la diversità genetica delle diverse colonie: per tutte le sottospecie analizzate la diversità è elevata ed è comparabile ad altri studi già pubblicati relativi alla diversità delle colonie di api appartenenti ai gruppi M e C. Fortunatamente, in Svizzera non vi sono dunque segni che riconducono a riproduzione in consanguineità. La diversità genetica più elevata si attesta nella colonia di Buckfast. Non è una sorpresa, visto che Buckfast è una sottospecie nata da un incrocio. Carnica attesta la diversità genetica più bassa. Questo risultato potrebbe essere ricondotto a selezione elevata nel programma di allevamento.

Marcatori genetici per l'uso nell'allevamento di razza

Siamo stati in grado di dimostrare che con una selezione di solo 50 marcatori genetici informativi (SNPs) è possibile distinguere le api del gruppo C da quelle di Mellifera autoctona. Questi marcatori genetici permettono inoltre di calcolare il grado di ibridazione in modo molto preciso. Si tratta pertanto di uno strumento preciso dai costi contenuti che potrebbe essere implementato nella selezione. In futuro, sarà anche possibile sviluppare e adeguare i propri marcatori genetici per importanti obiettivi di selezione. Tuttavia, a tale scopo occorrono molti dati estremamente precisi relativi ai più importanti fenotipi nel programma di selezione. Queste analisi sono rese difficili dalla complessità dell'accoppiamento e dalla genetica delle api mellifere.

Riassumendo si può affermare che tramite il sequenziamento del genoma è possibile distinguere in modo chiaro le diverse sottospecie di api e che il grado di ibridazione tra i gruppi C e M può essere calcolato con precisione. I risultati del presente studio e la raccolta di dati di oltre 3 milioni di SNPs per ape costituiscono la base per studi genetici futuri presso il Centro di ricerche apicole. Fortunatamente in tutte le colonie è presente una grande diversità genetica. Il mantenimento di questa diversità è fondamentale per far fronte a cambiamenti ambientali futuri e affrontare nuove malattie e parassiti.

Ringraziamenti

Cogliamo l'occasione per ringraziare nuovamente di cuore tutti gli apicoltori che hanno partecipato allo studio inviandoci campioni. Per il sostegno finanziario del progetto, ci teniamo a ringraziare l'Ufficio federale dell'agricoltura e la fondazione Sur-La-Croix.

L'analisi SNP

Con il termine genoma si definisce la totalità delle informazioni genetiche di un organismo. Queste informazioni sono codificate tramite le cosiddette basi A, T, G e C (lettere del codice genetico) e si trovano nel DNA di ogni cellula. Il genoma dell'ape mellifera è composto da 247 milioni di coppie di basi. Per un confronto, il genoma umano conta circa 3 miliardi di coppie di basi.

Le diverse varianti genetiche di una colonia sono chiamate SNPs (dall'inglese Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), pronunciato «Snips»). Gli SNPs caratterizzano una variante in una coppia di basi (AG --> AA) e descrivono così anche le più piccole divergenze nel codice genetico. Tramite il sequenziamento completo di 151 fuchi siamo stati in grado di localizzare 3,3 milioni di SNPs nel genoma che caratterizzano le varianti genetiche tra le api mellifere analizzate.

La maggior parte degli SNPs si trovano in tutte le colonie. Tuttavia esistono anche SNPs che si trovano soprattutto o unicamente in una colonia. Abbiamo identificato questi SNPs specifici a determinate colonie nelle api del gruppo M e quelle del gruppo C.

Ora possono essere utilizzati come marcatori genetici per testare le origini di un'ape o di una colonia.