

Ricerca corrente IZS VE 09/20

Applicazione di tecnologie di sequenziamento di nuova generazione (NGS) per l'identificazione e la caratterizzazione di patogeni emergenti e simbiotici di *Apis mellifera* nel territorio italiano e per incrementare le conoscenze sul trascrittoma dell'ape

Responsabile scientifico: Anna Granato

Apis mellifera gioca un ruolo fondamentale nell'impollinazione delle colture e gli eventi di mortalità e/o di spopolamento di famiglie di api riscontrati, a livello mondiale, nell'ultimo decennio potrebbe avere conseguenze importanti sull'ambiente e sull'economia. La presenza di patogeni e parassiti delle api noti (*Nosema spp. virus*, *Paenibacillus larvae*, *Melissococcus plutonius*, *Varroa destructor*, *Acarapis woodi*) o emergenti, l'utilizzo di pesticidi per la protezione delle colture o di antibiotici per il controllo delle infezioni batteriche e fungine dell'alveare, stress ambientali e pratiche apistiche errate o logoranti, come il nomadismo, sono fattori che, da soli o in associazione, possono contribuire ai sopramenzionati eventi di mortalità o spopolamento. Le colonie di api spesso ospitano più di un patogeno che, se noto, risulta facilmente identificabile con i test diagnostici disponibili; per contro, è difficile, se non impossibile, l'identificazione di patogeni nuovi o emergenti. Le odierne metodologie di Next Generation Sequencing (NGS), e in particolare l'approccio metagenomico e l'analisi del trascrittoma, possono consentire l'acquisizione di nuove informazioni sulle popolazioni di patogeni e simbiotici delle api, nonché meglio caratterizzare i trascritti espressi nei tessuti potenzialmente coinvolti nella risposta immunitaria dell'ape.

Il progetto intende effettuare, su un numero ristretto di alveari di regioni diverse d'Italia, uno studio preliminare volto a identificare, con un approccio metagenomico, i patogeni emergenti e simbiotici delle api e a caratterizzare il trascrittoma di intestino, cervello e ghiandole ipofaringee, organi nei quali i patogeni sono frequentemente rilevati. Questo approccio -omico, originale nel panorama apistico italiano, consentirà in prospettiva di generare un database di patogeni e simbiotici dell'ape e di mettere a punto nuovi e specifici test diagnostici per la loro identificazione. Il progetto permetterà, inoltre, di incrementare le conoscenze sul trascrittoma di *Apis mellifera*, requisito indispensabile per meglio caratterizzarne la risposta ai patogeni.

L'originalità del progetto sta nell'approccio -omico multidisciplinare, in particolare in quello metagenomico per i patogeni emergenti/simbionti delle api italiane.