

RNA sequencing per migliorare la conoscenza del comportamento igienico in *Apis mellifera ligustica*

*RNA sequencing to improve the knowledge of hygienic behaviour in *Apis mellifera ligustica**

Caterina Cambuli ¹, Cecilia Costa ², Marco Lodesani ², Andrea Galli², Marina Montedoro ¹.

¹Istituto Sperimentale Italiano Lazzaro Spallanzani, Rivolta d'Adda, Cremona, IT.

²CREA, Centro di ricerca Agricoltura e Ambiente, Bologna, IT.

³CREA, Centro di ricerca Zootecnia e Acquacoltura, Lodi, IT.

Apis mellifera ligustica è una sottospecie di ape da miele evoluta nell'area peninsulare, il suo patrimonio genetico è considerato a rischio per varie motivazioni tra le quali l'introduzione incontrollata di ibridi, la diffusione di patologie e la fragilità creata dall'impatto degli agrofarmaci. Le conseguenze negative relative alla tutela della biodiversità sono molteplici. Il rischio concreto è di non intervenire tempestivamente nel preservare una risorsa genetica unica, riconosciuta a livello mondiale come una delle più importanti sottospecie di *Apis mellifera* per l'alta adattabilità a differenti condizioni ambientali, le caratteristiche comportamentali e le capacità produttive. Inoltre, non è trascurabile il relativo impatto sulla biodiversità della flora spontanea e sulle produzioni agricole considerato il ruolo fondamentale svolto nell'impollinazione. La sinergia di vari interventi può dare un contributo alla tutela di questa preziosa risorsa genetica. Nell'ambito del miglioramento della tolleranza alle malattie degli alveari è riconosciuto il ruolo del comportamento igienico delle api che, tra le varie declinazioni comportamentali, hanno anche la capacità di riconoscere ed eliminare una covata danneggiata. In questo studio sono state applicate tecnologie di *Next Generation Sequencing* per approfondirne la conoscenza dei meccanismi molecolari alla base di questo comportamento. Il Test del comportamento igienico è stato effettuato trattando con azoto liquido un'area del telaino in presenza di covata e misurando dopo 24 ore la percentuale di covata danneggiata rimossa dalle api. Al fine dello studio dell'espressione genica differenziale le api sono state prelevate, prima delle 24 ore, nell'atto di svolgere il comportamento di rimozione ed è stato effettuato uno *snap frozen* in azoto liquido per bloccare lo stato dell'espressione genica; ai fini del controllo sono state utilizzate api inattive nel favo. L'*RNA sequencing* è stato effettuato con *HiSeq 2000* Illumina® che ha consentito un ampio *profiling* e una profonda indagine del trascrittoma. L'allineamento delle sequenze di *Apis mellifera ligustica* e lo studio di espressione genica differenziale hanno permesso di individuare oltre 40 geni differenzialmente espressi con *FDR p value correction* minore di 0,05. Tra i geni individuati nello studio di espressione genica, particolarmente interessanti sono

risultati i geni codificanti per la classe delle *Odorant Binding Protein* (OBP) che interagiscono in modo selettivo con sostanze in grado di stimolare il senso dell'olfatto. Lo studio ha consentito di contribuire alle conoscenze utili ad una maggiore comprensione dei meccanismi molecolari alla base del comportamento igienico, importante per favorire la resistenza alle patologie negli alveari.

Sessione Tematica

2 - Biodiversità animale.

Modalità di presentazione

POSTER