

Il Progetto CON.API.IT: illustrati i risultati ottenuti per la conservazione dell'ape ligustica nel centro Italia

Il 25 giugno 2024 si è tenuto, con sede a Teramo, il primo incontro del secondo **ciclo di seminari del progetto CON.API.IT**, avviato nel centro Italia grazie ad una collaborazione tra il Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali (UNITUS-DAFNE) e dall'Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "G. CAPORALE" (IZS-AM), in collaborazione con il Consiglio Nazionale delle Ricerche – Istituto di Protezione Sostenibile delle Piante (CNR-IPSP). Il progetto, selezionato positivamente dal MASAF nell'ambito del Sottoprogramma Nazionale Apistico 2024, mira a salvaguardare l'ape italiana (*Apis mellifera ligustica* Spin.) e a valorizzare le risorse genetiche apistiche endemiche.

Durante questo secondo ciclo di seminari, i ricercatori coinvolti nelle varie task di progetto hanno presentato i risultati delle analisi condotte fino a questo momento. I campioni, prelevati da apicoltori nelle aree **Lazio/Toscana, Abruzzo, Molise e Campania**, coprono un totale di **112 alveari**

analizzati distribuiti omogeneamente nel centro Italia per un **totale di 33 postazioni "hot spot"**.

Il seminario è stato introdotto dal **Prof. Pier Paolo Danieli dell'Università della Tuscia**, responsabile scientifico e coordinatore del progetto, che ha delineato gli obiettivi ed il processo di scelta delle postazioni "hot spot" sulla base delle valutazioni espresse dagli apicoltori tramite appositi questionari.



Mappa delle postazioni "hot spot" CON.API.IT

Successivamente, in collegamento, il **Prof. Michele Amorena dell'Università degli Studi di Teramo** ha discusso il possibile collegamento tra cambiamento climatico, tempo e adattamento delle api, evidenziando come la selezione naturale possa

adattare l'ecotipo ai cambiamenti climatici locali e come il lavoro di identificazione di postazioni "hot spot" possa aiutare nella salvaguardia dei tipi locali di *A. m. ligustica* Spin.

Il **Prof. Danieli** ha poi illustrato i risultati delle analisi morfometriche condotte dal Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali (UNITUS-DAFNE), illustrando in dettaglio la metodologia utilizzata secondo il protocollo messo a punto da UNITUS e già testato in altri progetti simili. I

risultati sono stati confortanti: oltre il 50% delle colonie analizzate ha mostrato un buon grado di affinità con la conformazione morfologica descritta in letteratura per la sottospecie *Apis mellifera ligustica* Spin. Inoltre, il 33% di tutte le colonie sottoposte a screening morfometrico soddisfa anche i criteri

comportamentali auspicati dagli apicoltori.

Successivamente, il **Dott. Gennaro Di Prisco del CNR-IPSP** ha presentato i risultati delle analisi molecolari sul mtDNA (DNA mitocondriale). Secondo i dati presentati, il

52% dei campioni sono stati identificati, mediante allineamento delle sequenze ottenute con quelle in banca dati (NCBI), al 100% come *A. m. ligustica* Spin., e, considerando alcune situazioni di assegnazione plurima delle sequenze ad altre sottospecie (e.g., *A. m. carnica*) la percentuale di appartenenza raggiunge oltre il 75%. Parallelamente una campione rappresentativo pari al 20% della popolazione analizzata è

tutti i campioni analizzati sono stati identificati con la sottospecie di interesse.

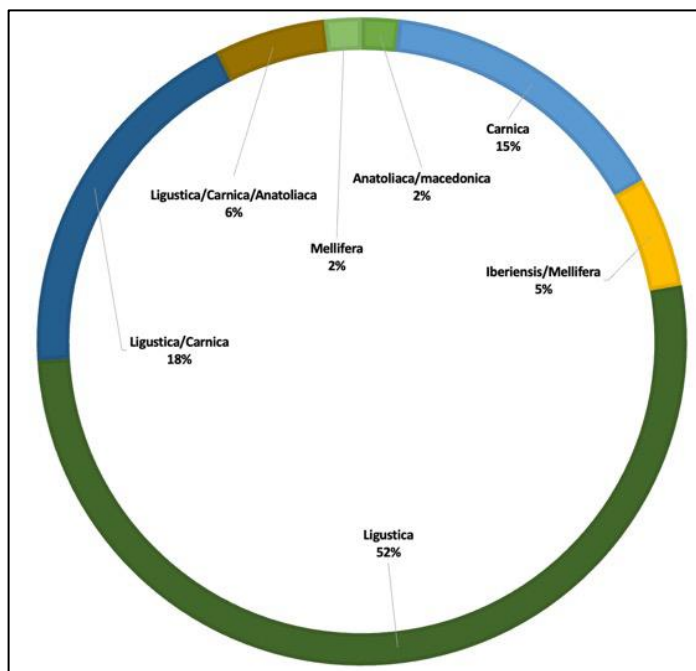
Il Dott. Luciano Ricchiuti infine ha trattato la profilazione parassitologica e patologica degli alveari del progetto CON.API.IT, fornendo una panoramica dettagliata della salute delle colonie analizzate evidenziando una presenza pressoché ubiquitaria del Black Cell Queen Virus (BCQV), cruciale per gli allevatori di

strettamente legato alle infestazioni da *Varroa destructor* e dalla presenza del microsporidio *Vairimorpha ceranae* (ex. *Nosema ceranae*).

Alla fine delle analisi parziali, circa un terzo delle colonie esaminate soddisfa sia i criteri comportamentali (secondo l'autovalutazione degli apicoltori) sia quelli morfometrici. Queste colonie rappresentano un pool promettente da includere in futuri schemi e piani di selezione e miglioramento genetico.

Il progetto CON.API.IT. continua a rappresentare un'importante iniziativa per la protezione dell'ape italiana nelle aree del Centro Italia e la valorizzazione delle risorse genetiche apistiche endemiche. I risultati presentati durante questo seminario offrono una solida base per ulteriori studi e interventi mirati, garantendo un futuro sostenibile per l'apicoltura italiana.

Il progetto è stato finanziato dal MASAF nell'ambito del Sottoprogramma Nazionale Apistico anno 20224.



Risultati dell'analisi molecolare (mtDNA) condotta da CNR-IPSP

stato sottoposto all'analisi degli SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) ed anche in questo caso, ad eccezione di un solo caso (5% sul totale),

regine in quanto porta a problemi nello sviluppo di celle reali, seguito da un'alta presenza del virus delle ali deformi (DWV) (circa il 60%)