

Il Progetto BEENOMIX 2.0 si prefigge i seguenti obiettivi:

1. Realizzazione di un progetto selettivo ampliato e avanzato rispetto a quanto realizzato col precedente progetto (Beenomix), che valorizzerà **caratteristiche fenotipiche nuove**, in aggiunta a quelle tradizionali, orientate alla **mitigazione degli effetti indesiderabili del cambiamento climatico**.
2. Lo **schema selettivo** che si vuole realizzare si fonderà sulla **disponibilità di un SFC** in cui saranno fecondate le VQ di ogni ciclo selettivo ottenute per traslarvo dalle migliori madri del ciclo precedente. Il SFC sarà popolato da fuchi prodotti da un numero limitato di DPQ figlie del migliore individuo selezionato nel ciclo precedente.
3. All'interno di questo schema selettivo sarà messo a punto e utilizzato uno strumento diagnostico per la massimizzazione della **variabilità genetica presente al locus SDL**, a presidio dei possibili effetti indesiderati derivanti dalla consanguineità e quindi a garanzia di una maggiore vitalità delle covate deposte dalle VQ fecondate dai fuchi prodotti dalle DPQ selezionate e operanti nel SFC.
4. La selezione si avvarrà, per l'identificazione dei riproduttori, di **indici genetici BLUP** che includeranno anche le relazioni di parentela tra le famiglie.
5. **Realizzazione di un servizio di fecondazione gratuito e aperto al pubblico** in un'apposita Area di Accoppiamento (ADA) a partire dal secondo anno del progetto. Quest'area, popolata da fuchi selezionati e caratteristici del TG selezionato al punto 1, permetterà di mettere a disposizione del comparto apistico lombardo un modello completo (a titolo gratuito) e avanzato per la tutela, la valorizzazione e la fruizione pubblica dei risultati di un piano di miglioramento genetico in apicoltura, fornendo altresì uno strumento operativo di immediata utilità per le aziende lombarde.
6. Realizzazione di un pannello DNA-custom in grado di **definire in modo netto l'appartenenza di un individuo** ai TG Ligustica, Carnica, Buckfast, Sicula e Mellifera oltre a TG nuovi e di origine sintetica quale quello selezionato al punto 1.
7. Realizzazione di un **indice specifico Varroa Tolerance (VT)** per la selezione sul contenimento del tasso di infestazione di Varroa Destructor₂ includendolo nella valutazione genetica di cui al punto 4, che includa i fenotipi HB+VGR. A questo proposito si procederà anche alla messa a punto di strategie di campo efficaci per la misurazione del fenotipo VGR su un numero consistente di colonie, in linea con quanto già effettuato per il fenotipo HB nell'ambito del Progetto BEENOMIX (2016-2018). La validazione di questo indice aggregato HB+VGR potrà inoltre essere basata sui geni VSH (Varroa Sensitive Hygiene), grazie alle informazioni genetiche già a disposizione del GO.
8. **Validare le performance** delle famiglie guidate da regine fecondate in ambiente aperto rispetto a quelle fecondate in ADA, per sondarne l'efficacia e apportare tutte le eventuali modifiche tecniche atte a massimizzarne il vantaggio per gli apicoltori che ne fruiranno.