

PROGETTI DI “RICERCA CORRENTE 2022”
RELAZIONE FINALE

N. identificativo progetto: IZS LT 06/22 RC

Progetto presentato da:

ISTITUTO ZOOPROFILATTICO SPERIMENTALE

LAZIO E TOSCANA “M. ALEANDRI”

Area tematica: Sanità animale

Titolo del progetto: “Studio del microbiota di *Culex pipiens* (Diptera, Culicidae) ed eventuale ruolo nella trasmissione di alcuni agenti patogeni ad esso associato, nei territori del Lazio e della Toscana”

Ricerca finanziata dal Ministero della Salute

Responsabile Scientifico: Manuela Iurescia

SINTESI

Titolo Studio del microbiota di *Culex pipiens* (Diptera, Culicidae) ed eventuale ruolo nella trasmissione di alcuni agenti patogeni ad esso associato, nei territori del Lazio e della Toscana

Parole chiave: microbiota, *culex*, HTS

Testo: Le zanzare sono tra i più importanti artropodi vettori di agenti infettivi per l'uomo e gli animali, come parassiti, virus responsabili di malattie infettive di importanza clinica (come, ad esempio, quelle dovute ai Flavivirus, West Nile Virus e Usutu Virus, o ai Togavirus quali Sindbis virus e i Sindbislike virus responsabili di patologie anche gravi negli uccelli selvatici e domestici e che possono infettare l'uomo) e potenzialmente batteri.

In Italia, le specie di zanzare di interesse sanitario come potenziali vettori di agenti patogeni appartengono a quattro degli otto generi presenti: *Anopheles*, *Aedes*, *Culex* e *Ochlerotatus*. Il Piano Nazionale di Prevenzione, Sorveglianza e Risposta alle Arbovirosi (PNA 2020-2025) concentra gli sforzi di sorveglianza sulle zanzare del genere *Aedes* (vettori di Chikungunya, Dengue e Zika) e su *Culex pipiens*, vettore di West Nile e Usutu. Poco si conosce però del microbiota di tali zanzare e del loro ruolo come ospiti biologici o semplici carrier nei confronti di altri agenti patogeni principali o opportunisti (ad es. batterici, micotici, protozoari e insect-specific viruses (ISVs) e dell'antimicrobicoresistenza ad essi associata. In questo studio il microbiota batterico e fungino di *Culex pipiens* è stato caratterizzato mediante amplicon sequencing dei geni 16S e ITS2. In aggiunta è stato caratterizzato anche il contenuto virale.

Lo scopo è stato quello di fornire una panoramica del microbioma delle zanzare, sottolineando specifici componenti altamente abbondanti che dovrebbero essere presi in considerazione negli approcci di manipolazione dei microrganismi per il controllo delle malattie trasmesse da vettori.

SUMMARY

Mosquitoes are among the most important arthropods that transmit infectious agents to humans and animals, such as parasites and viruses responsible for clinically significant infectious diseases (e.g., those caused by Flavivirus, West Nile Virus and Usutu Virus, or Togaviruses such as Sindbis virus and Sindbislike viruses responsible for serious diseases in wild and domestic birds and which can infect humans) and potentially bacteria.

In Italy, mosquito species of health interest as potential vectors of pathogens belong to four of the eight genera present: *Anopheles*, *Aedes*, *Culex* and *Ochlerotatus*. The National Plan for the Prevention, Surveillance and Response to Arboviruses (PNA 2020-2025) focuses surveillance efforts on mosquitoes of the genus *Aedes* (vectors of Chikungunya, Dengue and Zika) and on *Culex pipiens*, vector of West Nile and Usutu. However, little is known about the microbiota of these mosquitoes and their role as biological hosts or simple carriers of other major or opportunistic pathogens (e.g. bacterial, fungal, protozoan and insect-specific viruses (ISVs)) and the antimicrobial resistance associated with them. In this study, the bacterial and fungal microbiota of *Culex pipiens* was characterised by amplicon sequencing of the 16S and ITS2 genes. In addition, viral content was also characterized.

The aim was to provide an overview of the mosquito microbiome, highlighting specific highly abundant components that should be taken into account in approaches to manipulate microorganisms for the control of vector-borne diseases.



Key words: microbiota, *culex*, HTS