

## Ricerca corrente IZS VE 03/15

**Ecologia e West Nile virus: studio dell'impatto della biodiversità nella trasmissione della malattia**

**Responsabile Scientifico: Paolo Mulatti**

La continua riduzione dei livelli di biodiversità nell'ultimo decennio, intesa come diminuzione della variabilità di specie e di ecosistemi, suscita grande preoccupazione a livello internazionale sia dal punto di vista di biologico che di sanità pubblica. Nel giugno del 2010 è stato istituito l'International Platform on Biodiversity and Ecosystem Services (IPBES), organismo internazionale il cui scopo è quello di monitorare i cambiamenti nella biodiversità e di valutare come questi possano influire sulla salute e sul benessere dell'uomo (Marris, 2010). Recentemente è stato inoltre ampiamente studiato l'effetto della biodiversità di specie sull'introduzione e trasmissione di malattie infettive, con un particolare interesse per malattie a trasmissione vettoriale come le infezioni da West Nile Virus (WNV) (Keesing et al., 2010). Nello specifico è stato osservato che la biodiversità nei volatili selvatici può influire sul rischio della trasmissione di WNV all'uomo, con livelli più alti di biodiversità generalmente associati ad una diminuzione di incidenza dei casi umani di infezione da WNV (Ezenwa et al., 2006). Questo effetto è noto come 'effetto diluizione', e si manifesta quando l'ospite maggiormente efficiente a mantenere il ciclo della malattia rappresenta solo una piccola frazione della popolazione totale di ospiti potenziali (Swaddle and Calos, 2008).

Dopo la sua ricomparsa in Italia nel 2008, il WNV è stato ripetutamente osservato nelle regioni del nord-est, evidenziando la necessità di sviluppare metodi adeguati, per un'individuazione precoce della riattivazione virale, al fine di prevenire la trasmissione all'uomo. Alcuni studi effettuati nell'ultimo decennio hanno iniziato ad approcciare il rischio di diffusione di malattie trasmesse da vettori, valutando quali fossero i determinanti ecologici maggiormente correlati alla diffusione di WNV, incluse l'ecologia e le dinamiche di popolazione della principale specie vettrice nell'area (Mulatti et al., 2014). Tuttavia le dinamiche di diffusione della malattia sono solo parzialmente note. Nonostante WNV sia diventato endemico in una macro-area che include le regioni del nord-est Italia, le aree dove WNV è stato identificato negli ultimi anni sono varie e spesso non sovrapponibili. Questo evidenzia la limitata capacità di pianificare correttamente e ottimizzare le attività di sorveglianza sulla base di dati storici, indicando nel contempo la verosimile presenza di ulteriori fattori che influenzano i movimenti di WNV nell'area e che sono stati fino ad ora ignorati.

Nel presente progetto si cercherà di migliorare la conoscenza sull'ecologia di WNV nel nord-est Italia. Verranno a tal proposito raccolte informazioni sui livelli di biodiversità delle specie di zanzare vettrici per WNV, sugli ospiti più proprietà genetiche del virus tramite sequenziamento genetico e analisi filogenetiche. I dati risultanti forniranno le basi per generare ipotesi se la biodiversità può contribuire a spiegare il pattern geografico della diffusione della malattia, e la trasmissione all'uomo. Dati ambientali verranno raccolti per definire delle mappe di distribuzione di specie di volatili selvatici e zanzare censite. Algoritmi di *map-algebra* verranno quindi utilizzati per ottenere mappe di biodiversità che dimostrino dove l'effetto diluizione potrebbe essere maggiore, e, conseguente, quali siano le aree esposte a un minor rischio di diffusione di WNV agli umani. Dati storici ed informazioni raccolte circa la sorveglianza di WNV nell'uomo verranno utilizzate per validare i risultati.

Sebbene il progetto sarà focalizzato solo su WNV nella regione Veneto, il risultato finale comprenderà una procedura/frame work per studi dettagliati su malattie in cui l'aspetto ecologico è predominante come ad esempio altre infezioni trasmesse da vettori o malattie della fauna selvatica.

## **Bibliografia**

- Ezenwa, V.O., Godsey, M.S., King, R.J., Guptill, S.C., 2006. Avian diversity and West Nile virus: testing associations between biodiversity and infectious disease risk. *Proc. Biol. Sci.* 273, 109–117.
- Keesing, F., Belden, L.K., Daszak, P., Dobson, A., Harvell, C.D., Holt, R.D., Hudson, P., Jolles, A., Jones, K.E., Mitchell, C.E., Myers, S.S., Bogich, T., Ostfeld, R.S., 2010. Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature* 468, 647–52.
- Marris, E., 2010. New UN science body to monitor biosphere. *Nature*. doi:10.1038/news.2010.297
- Mulatti, P., Ferguson, H.M., Bonfanti, L., Montarsi, F., Capelli, G., Marangon, S., 2014. Determinants of the population growth of the West Nile virus mosquito vector *Culex pipiens* in a repeatedly affected area in Italy. *Parasit. Vectors* 7, 26.
- Swaddle, J.P., Calos, S.E., 2008. Increased avian diversity is associated with lower incidence of human West Nile infection: observation of the dilution effect. *PLoS One* 3, e2488.