

## Ricerca corrente IZS VE 08/20

**Zoonosi trasmesse da zecche: identificazione rapida, genotipizzazione e valutazione della farmaco-sensibilità di *Borrelia spp.* in un'area altamente endemica dell'Italia nordorientale**

**Responsabile scientifico: Ilenia Drigo**

Le zoonosi trasmesse da zecche del genere *Ixodes* (in particolare *I. ricinus*) sono frequenti nel Nordest italiano. Una delle più comuni è la malattia di Lyme, il cui agente eziologico *Borrelia burgdorferi* comprende diverse genospecie patogene per l'uomo. Cinque di queste, *B. burgdorferi sensu stricto*, *B. garinii*, *B. afzelii*, *B. bavarensis* e *B. spielmanii*, costituiscono il complex *B. burgdorferi sensu lato* e causano la forma tipica mentre altre, come *B. myiamotoi*, inducono quadri caratterizzati da febbri ricorrenti. Per altre genospecie come *B. valaisiana* invece il potenziale zoonosico è ancora incerto. I batteri del genere *Borrelia* sono annoverati tra i così detti "fastidious microorganisms" e quindi, data la difficoltà d'isolamento, scarse sono le informazioni sui genotipi circolanti e sulla loro sensibilità agli antimicrobici. Tale mancanza di dati rende difficile valutare l'ecologia dell'infezione nell'ambiente, il conseguente rischio zoonosico e l'esistenza di ceppi resistenti alla terapia antimicrobica standard. Viste tali premesse è quindi auspicabile focalizzare l'attenzione non solo sul vettore ma anche sul patogeno creando una collezione di ceppi di *Borrelia spp* che permetta di approfondirne l'epidemiologia. Inoltre, risulta strategico lo sviluppo di metodi per una rapida ed economica identificazione sia dei vettori sia dei patogeni zoonosici.

Il lavoro è finalizzato a migliorare la sorveglianza sulla borreliosi e a fornire informazioni utili per l'ottimizzazione della terapia nell'uomo. Lo studio si colloca nell'ambito dell'accordo quadro di collaborazione tra l'azienda ULSS 1 Dolomiti e l'IZSVE per il controllo e la prevenzione delle malattie trasmesse da vettori (DDG 669 del 31/12/2019).

L'approccio innovativo arricchirà i dati storici derivanti dal monitoraggio dei vettori e della presenza di *Borrelia* in questi ultimi. I dati sulla farmaco-sensibilità potranno chiarire se eventuali fallimenti della terapia standard siano da attribuire a profili di farmaco-sensibilità ceppo-specifici.