



ISPRA
Istituto Superiore per la Protezione
e la Ricerca Ambientale

 **CESME**
Centro di Riferenza Nazionale

Rischio di introduzione di zecche alloctone e virus emergenti lungo le rotte dell'avifauna migratrice



Teramo, 26 giugno 2020

Elisa Mancuso



 **CESME**
Centro di Referenza Nazionale



Progetto MSRCTE0314

“Rischio di introduzione e diffusione di virus trasmessi da vettori in Italia”



Obiettivo

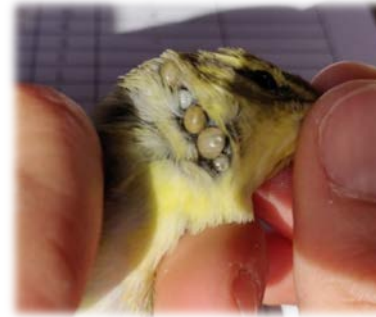
- ✓ **Valutare la via introduzione del CCHFV attraverso introduzione di zecche trasportate da uccelli migratori provenienti dall’Africa sub-sahariana**

- Indagine specie di zecche
- Ricerca CCHFV





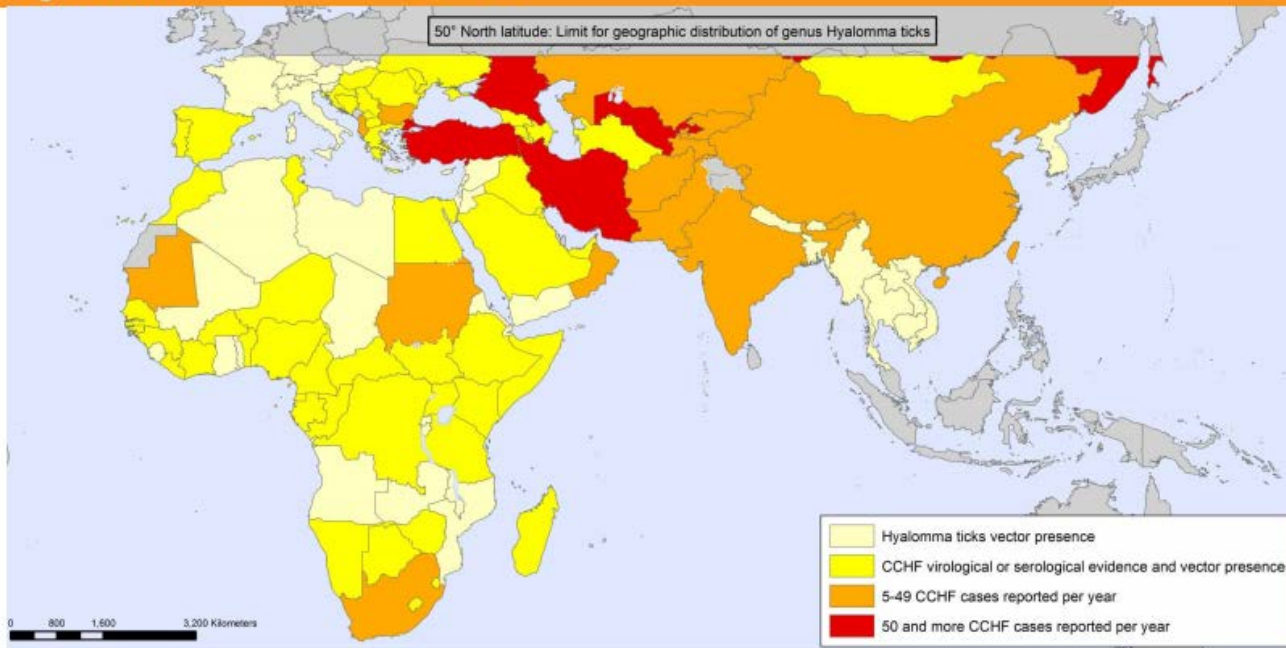
I movimenti migratori tra Africa ed Europa



❖ Crimean Congo haemorrhagic fever virus (CCHFV)



Geographic distribution of CCHF



Unico ospite sintomatico:
Homo sapiens

Principale vettore:
Zecche genere *Hyalomma*



Il campionamento

Da avifauna e ambiente



SITI COINVOLTI:

- Asinara (2017-2018)
- Ustica (2017-2018)
- Ventotene (2017-2018-2019)

- Zecche raggruppate per uccello
- Conservate in etanolo 70%

**Campionamento dall'ambiente
tramite *dragging***



Metodi di analisi

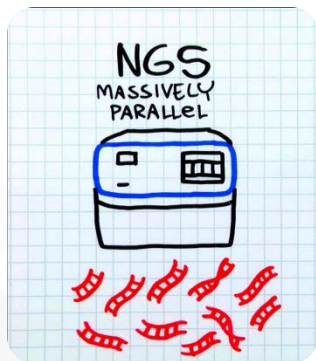
Identificazione
morfologica
delle zecche



Estrazione
DNA e RNA
dalla singola zecca



Sequenziamento positivi



Real time RT-PCR
CCHFV

Identificazione
molecolare
(12S e 16S rDNA, COI)

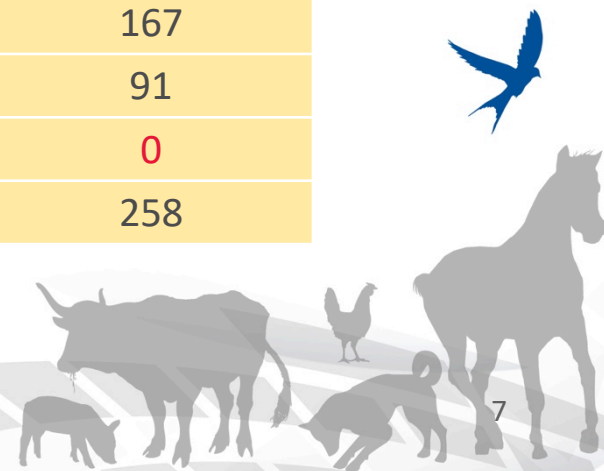


Risultati

Campionamento da avifauna

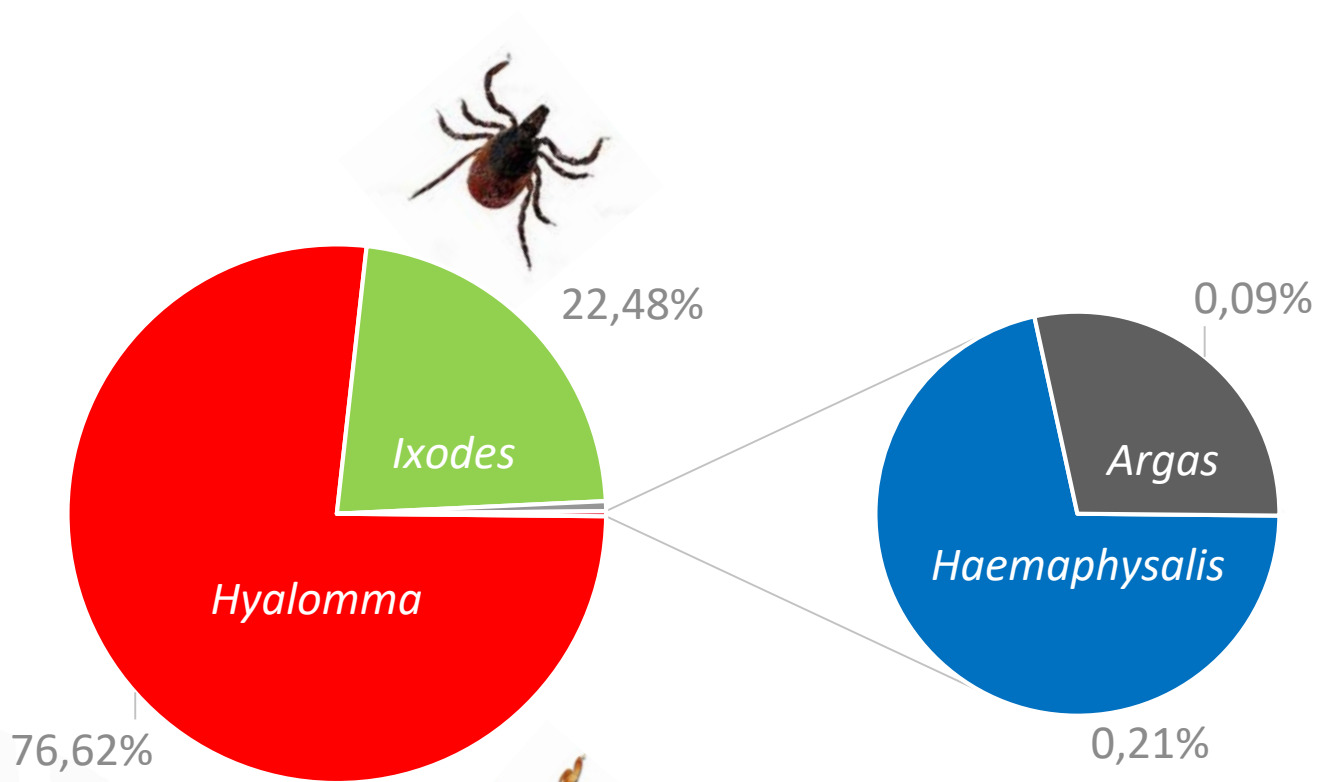
- Circa 49000 uccelli catturati
- Circa 80% ispezionati per presenza di zecche
- 43 specie di uccelli parassitate
- 2346 zecche da 1079 uccelli

Siti campionati	N° Campioni da Ornitofauna	N° Zecche da Ornitofauna	N° Zecche Ambiente
Asinara	86	160	167
Ustica	85	145	91
Ventotene	918	2041	0
Totali	1089	2346	258



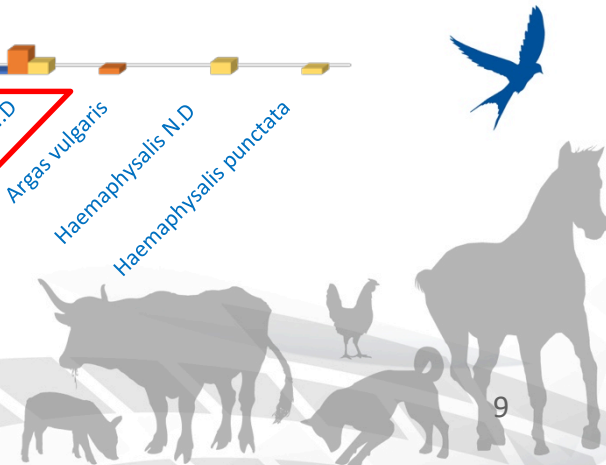
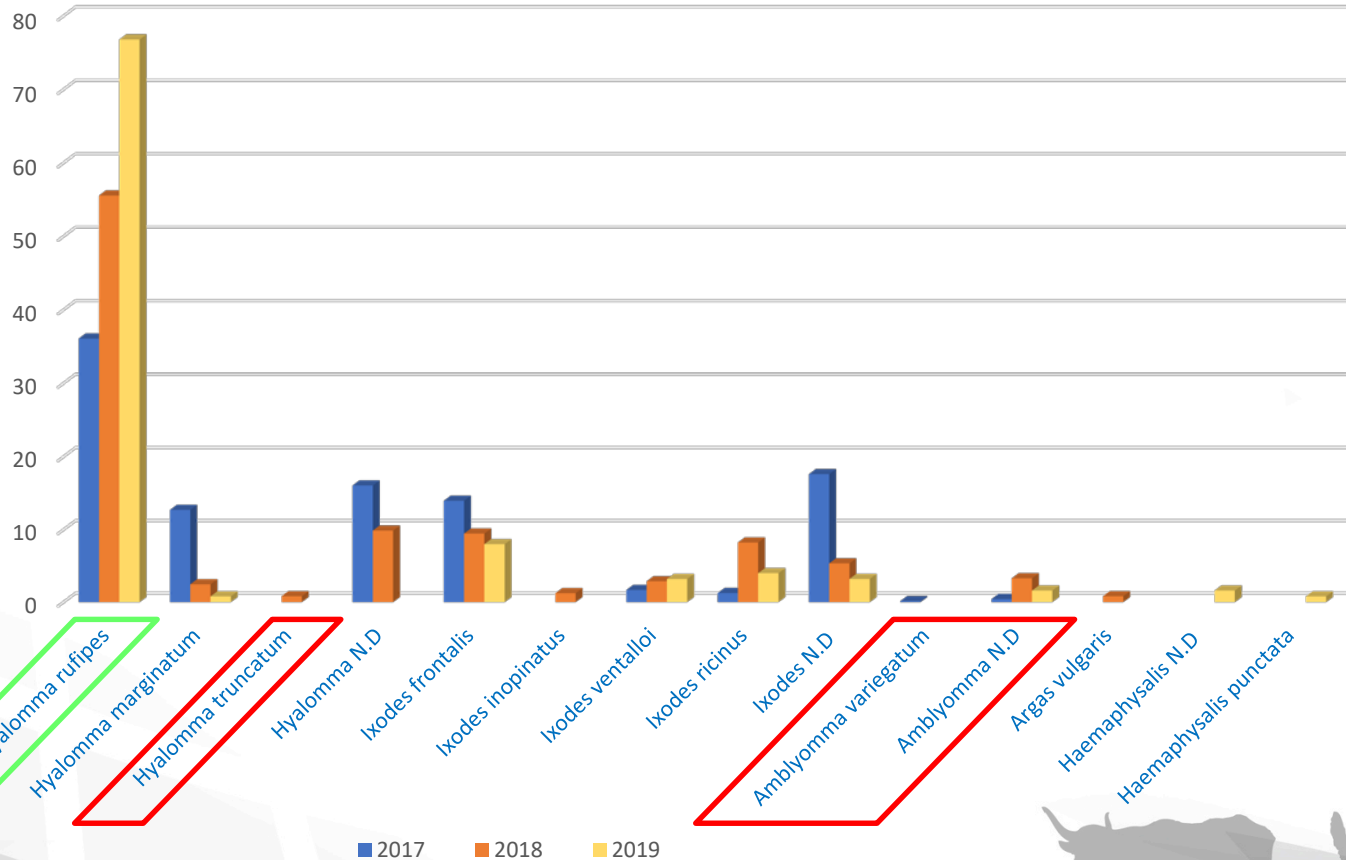
Risultati

Identificazione morfologica zecche su uccelli:



Identificazione molecolare zecche su uccelli:

% specie_ident. molecolare



Risultati

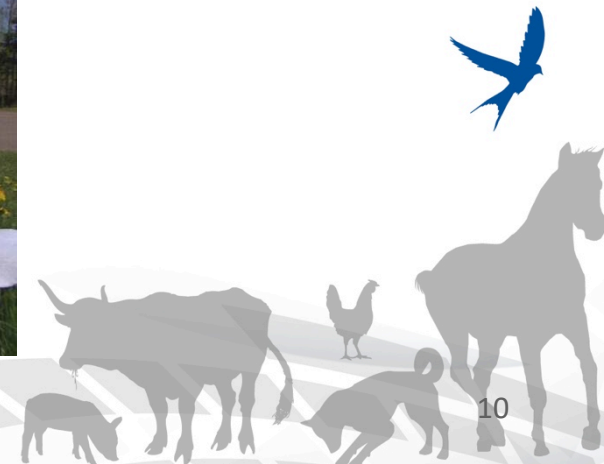
Identificazione morfologica zecche dall'ambiente:

Ustica:

- *Hyalomma marginatum*
- *Rhipicephalus sanguineus*
- *Rhipicephalus turanicus*
- *Ixodes ventalloi*
- *Ixodes* sp.

Asinara:

- *Hyalomma marginatum*
- *Rhipicephalus sanguineus*
- *Rhipicephalus turanicus*
- *Rhipicephalus bursa*



2017

- ❖ Ninfa di *Hyalomma rufipes*
- ❖ Stiaccino (*Saxicola rubetra*)
- ❖ Genotipo Africa III

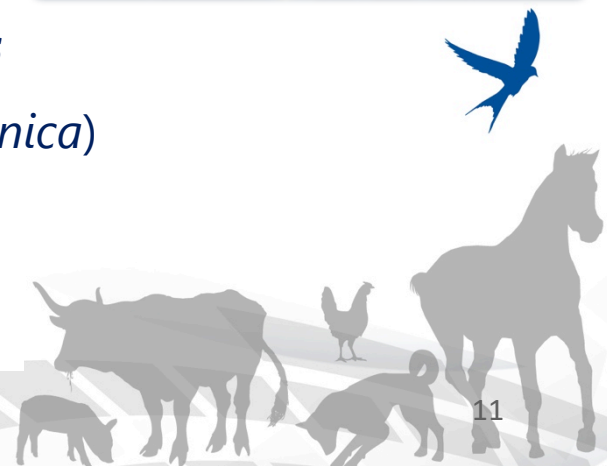


- ❖ Larva di *Hyalomma rufipes*

PMID: [31211933](#)
PMID: [31211933](#)

- ❖ Monachella (*Oenanthe hispanica*)
Fever Virus Genome in Tick from Migratory

Di Luca, [Massimiliano Orsini](#), [Marco Di](#)
[Goffredo](#), and [Federica Monaco](#)



Conclusioni

I risultati confermano:

- ✓ il ruolo degli uccelli migratori nella dispersione di zecche e relativi patogeni, come il **CCHFV**, su lunghe distanze e sul territorio Italiano
- ✓ la necessità di proseguire la ricerca di vettori alloctoni e del virus
- ✓ La necessità di svolgere indagini molecolari e sierologiche sulla fauna selvatica per escludere la presenza passata e presente del virus in Italia.





Un ringraziamento a tutti coloro che hanno contribuito al lavoro...

 **CESME**
Centro di Referenza Nazionale



...e ai responsabili e volontari delle stazioni di inanellamento di Ventotene, Ustica e Asinara

**Grazie per
l'attenzione!**

