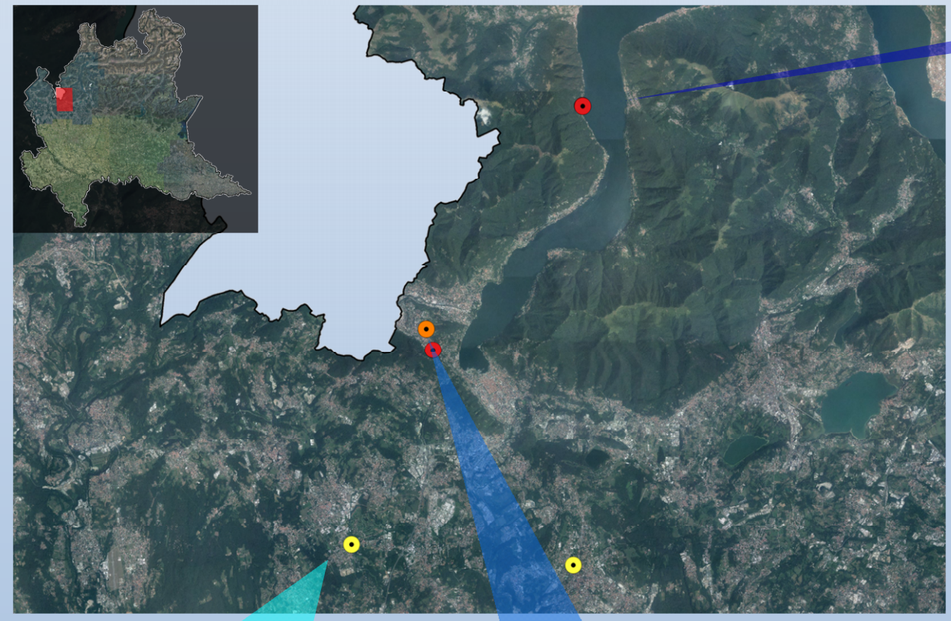
C'É ZANZARA E ZANZARA!

CusMiBio | UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

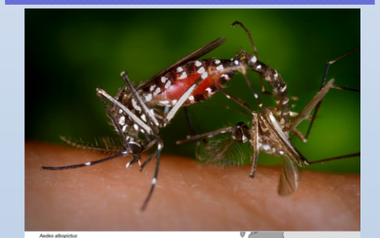
PONTIFICIO COLLEGIO GALLIO

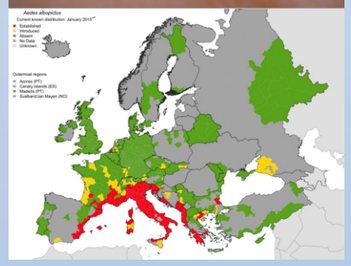
The question ...

- La distribuzione geografica delle specie è il risultato di molteplici fattori ed è mutevole nel tempo
- Il riscaldamento globale è un fenomeno ormai conclamato e può avere ripercussioni sulle distribuzioni geografiche delle specie
- Alcune specie possono approfittarne ed espandere il proprio areale
- L'*uomo* può facilitarne la dispersione su lunghe distanze.
- Alcune specie di zanzare, originariamente confinate nelle regioni dell'est e sud-est asiatico, oggi sono presenti in Europa e in Nord America
- La loro diffusione viene monitorata perché possono essere vettori di patogeni pericolosi per l'uomo.
- L'identificazione di queste specie non è semplice su base morfologica
- Strumenti di identificazione molecolare risultano fondamentali
- **Scopo del lavoro è verificare la presenza di zanzare alloctone in alcune località del comasco.**



Aedes albopictus



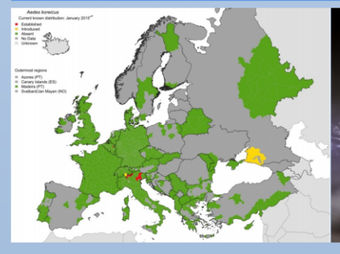


Origine: alloctona (sud-est asiatico)
Attività: diurna
Vettore: febbre gialla, febbre del Nilo, dengue, SINV, encefalite, chikungunya ...

Culex pipiens

Origine: autoctona
Attività: crepuscolare/notturna
Vettore: febbre del Nilo, SINV, filariosi

Aedes koreicus



Origine: alloctona (sud-est asiatico, Giappone, Corea)
Attività: diurna
Vettore: encefalite giapponese, filariosi

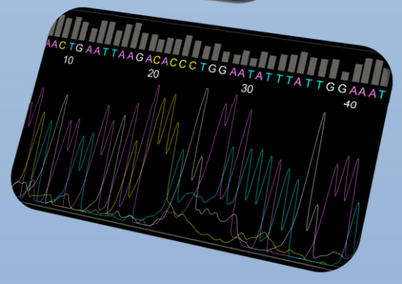
Campionamento
- Sessioni di cattura a maggio, in cinque siti differenti, tutti urbani e periurbani.

Identificazione e stoccaggio
- Gli individui catturati sono stati identificati come culicidi o non culicidi e quindi conservati in frigorifero a 4 °C per massimo 5 giorni

Estrazione del DNA
- Presso i laboratori del CusMiBio si è estratto il DNA secondo il protocollo disponibile al sito: http://www.cusmibio.unimi.it/sperimenta.html

Amplificazione
- Usando *primer* opportuni, si è effettuata una PCR della regione COX 1 (codificante per la citocromo C ossidasi mitocondriale)

Sequenziamento e confronto
- L'amplificato, sequenziato presso l'*Iga Tecnology Services* di Udine, è stato confrontato con le banche dati utilizzando BLAST (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi).



... results ...

- **21** campioni con DNA estratto e amplificato.
- **10** sequenze utili complessive, di lunghezza compresa tra 187 e 532 bp
- **3** gruppi specifici identificati: *Culex pipiens* complex (complex di *C. pipiens* e *C. quinquefasciatus*; 3 sequenze); *Aedes albopictus* (5 sequenze); *Ae. Koreicus / japonicus* (3 sequenze; impossibile risolvere a livello specifico tra le due sulla base del gene COX1).
- **Score** di allineamento per tutte le sequenze sempre superiori a 200
- **copertura** media delle sequenze del 99,7% (98% - 100%)
- **probabilità** media di identificazione del 99,7% (98% - 100%).

... the answer

- **la maggior parte dei campioni sequenziati appartiene a specie alloctone (genere *Aedes*)**
- la specie *Ae. koreicus* è stata segnalata per la prima volta in Italia nel 2011, nel Bellunese. Dal 2014 risulta presente anche in provincia di Como, fatto che spinge a credere che i campioni incerti *Ae. koreicus / japonicus* appartengano alla prima delle due specie. Tuttavia, essendo il sito di rinvenimento adiacente ad una zona doganale commerciale (Chiasso), non si può escludere che si tratti di ***Ae. japonicus***. Se fosse confermata, questa sarebbe la **prima segnalazione italiana** per questa specie.
- l'uso del DNA permette il riconoscimento di specie di difficile determinazione (*Aedes albopictus*, *Ae. koreicus / japonicus*)