

Designação do Projeto | Tickgenomi – Os ixodídeos do grupo *Ixodes ricinus* na região Mediterrânica Ocidental e Norte de África: Novas abordagens à sua genética populacional e comunidade microbiana / The *Ixodes ricinus* group of ticks in the western Mediterranean region and North Africa: new insights in to their population genetics and microbiome fauna

Código do Projeto | PTDC/SAU-PAR/28947/2017

Proponente | Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge

Participantes | Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT)

Investigador Responsável | Maria Margarida Santos Silva – m.santos.silva@insa.min-saude.pt;
Co-IR- Ana Santos – ana.santos@insa.min-saude.pt; **Investigador Responsável no IHMT** | Ana Domingos

Data de início | 1-10-2018

Data de conclusão | 30-09-2021

Investimento total elegível | 238 995,42€

Investimento total elegível-INSa | 222 120.42€

Programa financiador | OE

Breve Descrição do Projeto | Na Europa e Norte de Africa a carraça *I. ricinus*, é o mais importante artrópode vetor de agentes de doença com importância médica e veterinária. Entre as principais doenças associadas a *I. ricinus* estão a Borreliose de Lyme, rickettsioses do Grupo das Febres Exantemáticas, Anaplasmose humana, Babesiose humana e Encefalite Transmitida por Carraças. Durante o seu ciclo de vida, *I. ricinus* apresenta vários hospedeiros vertebrados como mamíferos incluindo o Homem, aves e répteis. Estudos anteriores, enzimáticos e genéticos em *I. ricinus* Europeus revelaram uma relativa ausência de estrutura genética nas suas populações e uma distância genética das populações Africanas. Assim as populações Norte Africanas podem corresponder à espécie recentemente descrita, *I. inopinatus*, também pertencente ao complexo *I. ricinus*, com distribuição no sul de Espanha, Portugal e Norte Africa. A distribuição real deste novo táxon e os agentes infecciosos que podem albergar necessita ser averiguada, uma vez que podem ter sido incorretamente identificados como *I. ricinus*. Os estudos de organização do genoma e estrutura populacional permitirão avançar a investigação determinando a base genética dos fenótipos de carraças e suas diferenças comportamentais. Também a atual investigação direcionada para o estudo do microbioma das carraças tenta encontrar uma forma de interromper os ciclos transmissão dos agentes infecciosos usando microrganismos. Uma melhor compreensão da composição da microbiota e das interações dinâmicas entre esta e as espécies de carraças poderá permitir implementar futuras estratégias biológicas inovadoras para o controlo das carraças. Neste projeto propomo-nos estudar as populações de *I. ricinus*/*I. inopinatus* de Portugal, Espanha e Tunísia através de sequenciação de nova geração (NGS) para analisar a variabilidade genética intraespecífica e a composição da microbiota. Propomos ainda estudos experimentais de cruzamentos entre as duas espécies de carraças para avaliar se produzem descendência viável.

A identificação molecular destas subpopulações é fundamental para uma melhor compreensão dos ciclos naturais de transmissão dos agentes infecciosos e também para a avaliação epidemiológica informada dos fatores de risco epidemiológico que lhes estão associados na área em estudo.

Project Summary

In Europe and northern Africa, the tick *Ixodes ricinus* is the most important arthropod vector of diseases. It transmits several agents of medical and veterinary importance. Among the most important human tick-borne diseases associated with *I. ricinus* are Lyme borreliosis, Spotted Fever Group rickettsiosis, Human Anaplasmosis, Human Babesiosis and Tick-borne Encephalitis. During its life, several vertebrates are used as feeding hosts like mammalian, including humans, avian and reptilian species. Previous enzymatic and genetic studies on *I. ricinus* from Europe showed a relative lack of genetic structure within European populations, and a distance between European and African populations of *I. ricinus*. Genetically distant North-African populations might correspond to the recently described, *Ixodes inopinatus*, a species belonging to the *I. ricinus* complex, from southern Spain, Portugal and northern Africa. The real distribution of this new taxon and if they transmit distinct groups of pathogens needs to be determined, as this tick has probably been incorrectly identified as *I. ricinus* in past studies. The studies on genome organization and population structure will advance research aiming at determining the genetic basis of tick phenotypic and behavioral differences. Also, ongoing research efforts are targeting the microbiome of ticks to find a possible way of using micro-organisms to disrupt transmission cycles. A more thorough understanding of the microbiota composition and of the dynamic interactions between microbial elements within tick species, might allow the future implementation of innovative biological strategies for tick control. In this project, we propose a study *I. ricinus*/*I. inopinatus* population from Portugal, Spain and Tunisia using next generation sequencing (NGS) in analyzing the intraspecific genetic variability of tick species and the analysis of microbiota composition. Also, we propose laboratory cross-breeding experiments to verify whether the two species can produce viable offspring. The clear identification of tick subpopulations is a crucial step towards a better understanding of the transmission cycles of pathogens occurring in nature and for an informed evaluation of the epidemiological risk factors in the studied area.