

Global studie av *Culex pipiens* myggor – viktiga vektorer för virus, även i Sverige

En vanlig svensk myggart, *Culex pipiens*, är inblandad i smittspridningen av flera olika virus som överförs mellan fåglar och människor. Dessa virus inkluderar tex West Nile virus som kan ge Nilfeber och hjärninflammation och Sindbis virus som kan ge Ockelbosjukan med feber och långvarig ledvärk. West Nile viruset har än så länge inte upptäckts i Sverige men sjukdomsfall finns i södra och centrala Europa, och viruset tycks röra sig norrut. Sindbis viruset är däremot etablerat i Sverige sedan många år, men det är mycket oklart hur många som drabbas varje år.

Culex pipiens är en av världens mest utbredda myggarter och den finns över hela norra halvklotet. Arten tar oftast blod från fåglar, men det finns även en människobitande variant: *Culex pipiens molestus*. Denna variant blev välkänd under andra världskriget när Londonbor blev myggbitna när de sökte skydd från de tyska bombanfallen, och kallades därför i folkmun för tunnelbanemyggen. Sedan dess har den hittats i många länder på flera underjordiska platser så som tunnlar och källare.

Biologer har länge antagit att *Culex pipiens molestus* har utvecklades från vanliga *Culex pipiens* när de hamnat i underjordiska miljöer under de senaste 200 åren, och den har ofta använts som exempel på hur snabbt evolutionen kan få en art att anpassa sig till nya miljöer. Denna nya studie, baserad på flera 100 prover från olika *Culex*-populationer världen över, kan dock visa att *Culex pipiens molestus* har ett helt annat ursprung.

De genetiska analyserna visar att denna människobitande variant utvecklades för mer än 1000 år sedan, troligtvis i områden runt södra Medelhavet/Mellanöstern. Den har sedan spritt sig över jorden, och etablerat sig på många nya platser. *Culex pipiens molestus* myggor har hittats även i Sverige, men de är väldigt ovanliga och det finns bara rapporter från enstaka platser. Av de svenska mygg som analyserats i den här studien är den fågelbitande och den människobitande varianten väl separerade och tycks inte para sig med varandra. På grund av de tydliga resultaten för de svenska myggen valdes den fågelbitande varianten även ut för sekvensering av hela artens genom, vilket gör att de kan användas som referensmaterial för genetisk beskrivning av arten *Culex pipiens*. Detta referensgenom kommer ha stor betydelse för kommande studier av *Culex pipiens*. Denna art, och dess varianter med preferenser för olika miljöer och för att bita fåglar eller människor, är extra viktig att studera med tanke på den ökande förekomsten av virus som sprids mellan djur och människor, så kallade zoonoser.

Text: Jenny Hesson

De vetenskapliga studierna är gjorda i samarbete med ett stort konsortium ledda av forskare vid Princeton University i USA.

"Ancient origin of an urban underground mosquito" av Haba et al. går att läsa i Science 2025; 390(6771): eady4515.

"A chromosomal reference genome sequence for the northern house mosquito, *Culex pipiens* form *pipiens*, Linnaeus, 1758" av Hesson et al. går att läsa i Wellcome Open Research 2025; 10: 107.