

Ricerca corrente IZS VE 13/17

Armonizzazione e ottimizzazione di metodiche di *Whole Genome Sequencing* per la sierotipizzazione molecolare di *Salmonella enterica*

Responsabile Scientifico: Antonia Ricci

Salmonella enterica rappresenta una delle principali cause di gastroenteriti in molti Paesi. Nel 2015, sono stati riportati in Europa un totale di 94.625 casi umani di salmonellosi.

La tipizzazione di *Salmonella* si basa sull'identificazione del sierotipo, che rappresenta uno strumento essenziale per la classificazione epidemiologica degli isolati. Lo schema di Kauffman-White è il metodo universalmente accettato per l'identificazione dei sierotipi di *Salmonella*. Questa classificazione tiene conto della variabilità antigenica dei lipopolisaccaridi di membrana, delle proteine flagellari e dei polisaccaridi capsulari. La combinazione di tali antigeni determina 2.659 sierotipi di *Salmonella*, attualmente descritti. Nonostante l'utilità della sierotipizzazione tradizionale, questo metodo fenotipico presenta alcuni aspetti negativi: richiede notevole esperienza da parte degli operatori, necessita di tempi di analisi variabili dipendenti dalle caratteristiche dell'isolato e non sempre consente di ottenere un risultato soddisfacente in termini di completezza della formula antigenica. Questi evidenti limiti hanno spinto la comunità scientifica a ricercare metodi alternativi basati sulla definizione del genotipo. L'implementazione routinaria delle metodiche basate su whole-genome sequencing (WGS) può soddisfare questa richiesta consentendo ai laboratori di eseguire la sub-tipizzazione e, contemporaneamente, di capitalizzare il dato prodotto per la caratterizzazione degli isolati (es. MLST, identificazione di plasmidi e di geni di antibiotico resistenza) in un'unica sessione sperimentale.

Il progetto ha dunque lo scopo di definire un protocollo basato sul WGS per l'identificazione *in silico* dei più frequenti sierotipi di *Salmonella* circolanti in Italia. I saggi saranno ottimizzati per identificare il pannello più ampio possibile di sierotipi.