

Ricerca corrente IZS VE 11/18

Messa a punto di un modello di microbiologia predittiva basato sull'integrazione di metatassonomica e metabolomica per studiare la dinamica delle relazioni tra comunità microbica residente e contaminante nei formaggi a latte crudo

Responsabile scientifico: Michela Favretti

I microrganismi che colonizzano le matrici alimentari costituiscono una comunità ecologica di commensali, simbiotici e patogeni, il microbiota, che condivide una nicchia ecologica e influenza le caratteristiche degli alimenti. Una delle sfide centrali in sicurezza alimentare è rappresentata dallo studio delle dinamiche ecologiche che intercorrono tra i membri del microbiota residente sulle matrici alimentari al fine di predire l'impatto delle stesse sulla crescita e/o sopravvivenza dei batteri patogeni eventualmente contaminanti le matrici stesse. Questa tematica è particolarmente rilevante quando le matrici alimentari sono realizzate a partire da ingredienti ad elevato rischio biologico, quali ad esempio il latte crudo.

Gli studi di microbiologia predittiva sono stati storicamente basati sulla predizione della dinamica di crescita dei microrganismi patogeni o commensali, in relazione alla variazione di parametri chimico-fisici influenzanti la crescita microbica (tempo, temperatura e acqua libera). La limitazione di questi studi in vitro consiste nel fatto che la dinamica di crescita del microrganismo target, non tiene conto dell'effetto derivante dalla restante comunità microbica naturalmente residente nelle matrici alimentari complesse. Quest'ultima corrisponde al 98% del totale delle specie microbiche presenti.

Grandi progressi in questo settore sono stati ottenuti grazie alla disponibilità di metodiche "omiche" che si basano sul sequenziamento di nuova generazione (NGS) e sull'analisi dei metaboliti associati alla comunità microbica residente attraverso la spettrometria di massa ad alta risoluzione, che permettono di studiare nel dettaglio la composizione e la funzione del microbiota residente nelle matrici complesse. Questo approccio è molto promettente e potrebbe consentire l'implementazione di strategie innovative per il controllo della crescita di microrganismi patogeni negli alimenti.

Alla luce di queste considerazioni scopo del progetto è lo sviluppo di modelli matematici per predire il comportamento di *Staphylococcus aureus* e *Listeria monocytogenes* nei formaggi a latte crudo attraverso l'integrazione di dati di ecologia microbica (metatassonomica e metabolomica) e di microbiologia di base. Partendo da dati di ecologia microbica dei formaggi a latte crudo il progetto si prefigge di predire la conformità degli stessi ai criteri di sicurezza alimentare alla data di messa in commercio. Ciò potrà contribuire alla riduzione dei controlli attualmente necessari per garantire la sicurezza di tali prodotti e a definire i tempi di stagionatura necessari alla piena conformità microbiologica dei prodotti.