

Ricerca corrente IZS VE 04/19

Valutazione di ceppi di *Mycoplasma synoviae* mediante metodica MLVA e creazione di una banca dati utile per la comprensione dell'epidemiologia di tale specie microbica. Validazione del metodo e valutazione di eventuali sistemi software open access utili per una univoca denominazione e catalogazione dei ceppi.

Responsabile scientifico: Salvatore Catania

Mycoplasma synoviae (MS) è considerato un microrganismo patogeno a elevata prevalenza ed economicamente impattante per l'industria avicola. Lo studio della sua epidemiologia con un sistema di genotipizzazione a elevato potere discriminatorio è utile per contenerne la prevalenza. Attualmente sono disponibili diversi sistemi di genotipizzazione: l'analisi di sequenza del gene *vlhA* (Variable Lipoprotein and Haemagglutinin A), le metodiche MLST (Multi-Locus Sequence Typing) e MLVA (Multiple-Locus Variable-tandem repeats Analysis), e la più recente Core Genome Multilocus Sequence Typing (cgMLST). Tra queste, per l'analisi MLST "a 7 geni" e per cgMLST, sono disponibili database (PubMLST e cgMLST) utilizzabili per consultare, confrontare e depositare nuove sequenze generando una classificazione univoca dei ceppi. La metodica MLST presenta tempi e costi elevati per singolo campione, quindi mal si adatta alla routine di un laboratorio diagnostico, mentre cgMLST, oltre che a tempi e costi tuttora elevati per campione analizzato, necessita di personale altamente specializzato. Tali caratteristiche permettono di considerare questa metodica particolarmente utile per attività di ricerca molto specifiche.

Il metodo MLVA si basa sull'amplificazione di determinati loci di DNA contenenti un numero caratteristico di sequenze tandem repeat (TR), il quale definisce lo specifico profilo genotipico (GT). MLVA di MS ha evidenziato un indice discriminatorio simile a MLST (4), ma grazie alle sue specifiche tecniche risulta essere più economico e rapido, adattandosi quindi meglio alla routine di un laboratorio diagnostico. L'attuale lista di GT identificati è destinata a espandersi, ma la mancanza di un protocollo standardizzato e di una banca dati specifica potrà determinare in futuro una classificazione non univoca dei ceppi locali, nazionali o internazionali.

Obiettivi:

- definire un protocollo MLVA standardizzato con cui creare una banca dati multiparametrica da poter utilizzare per studi epidemiologici
- creare una pagina web pubblica, che presenterà la procedura e le informazioni di accesso alla banca dati. Tale pagina web costituirà il veicolo per permettere l'univoca classificazione dei ceppi circolanti durante le varie ondate epidemiche.