

## Ricerca corrente IZS VE 01/25

**Integrazione tra tecnologie di ultima generazione applicate alla microbiologia e tecniche di machine learning per l'identificazione e la caratterizzazione di specie batteriche, fungine e di artropodi d'interesse per la sanità pubblica e veterinaria (SPECTRA-VET)**

**Responsabile scientifico: Luca Bano**

La tecnologia MALDI TOF (Matrix Assisted Laser Desorption Ionization Time of Flight) si è largamente diffusa nei laboratori di microbiologia potenziando le capacità identificative di batteri, funghi e artropodi. L'attendibilità dell'identificazione dell'isolato batterico è essenziale per generare informazioni solide sulla resistenza agli antimicrobici che sostengono l'uso razionale dell'antibiotico. Tuttavia, tale tecnologia presenta dei limiti per alcune specie d'interesse veterinario che potrebbero essere ridotti implementando i database. Oltre a finalità identificative, lo spettro originato da MALDI TOF è stato recentemente utilizzato per individuare, tramite strumenti di machine learning (ML), tratti caratteristici collegati a profili di AMR di isolati clinici ospedalieri, o per ricercare caratteristiche di virulenza o per finalità epidemiologiche. La Fourier Transform Infrared Spectroscopy (FT-IR) è una tecnologia emergente che permette di caratterizzare componenti glucidiche, proteiche, lipidiche e gli acidi nucleici del ceppo batterico. Questa tecnologia "aperta" permette di mettere a punto classificatori di ML per individuare caratteristiche antigeniche o di virulenza importanti.

La proposta intende ridurre i gap identificativi per alcune specie d'interesse contribuendo a potenziare e armonizzare le procedure identificative degli isolati batterici, fungini e di artropodi vettori importanti per l'uomo e gli animali. Questo aumenterà la rilevanza dei dati di AMR prodotti per le specie batteriche d'interesse veterinario. La diagnostica batteriologica basata sull'identificazione di specie presenta alcuni limiti per batteri commensali rispetto al distretto d'isolamento (es. *E. coli* da intestino). È quindi importante caratterizzare tali microrganismi per fattori di virulenza noti (es. patotipi *E. coli*) o antigenici, oltre che per finalità diagnostiche, anche per eseguire test di sensibilità agli antimicrobici (AST) su ceppi clinicamente rilevanti e per selezionare isolati significativi da impiegare per i vaccini stabulogeni. Oggi la caratterizzazione si esegue attraverso costose tecniche di biologia molecolare che forniscono informazioni successive ai risultati dell'AST. Strumenti di ML applicati a spettri MALDI-TOF e FT-IR potrebbero permettere caratterizzazioni rapide e a costi contenuti.

La ricerca mira a produrre: (I) database nazionali e procedure condivise e verificate per l'identificazione di specie microbiche e di artropodi rilevanti per la sanità pubblica e/o veterinaria; (II) informazioni di caratterizzazione dell'isolato batterico importanti; (III) disponibilità di pipeline di ML che consentano di avere degli alert in fase identificativa tramite MALDI TOF, rispetto a particolari profili di resistenza dell'isolato. I database e le linee guida saranno resi disponibili a tutti gli IIZZSS. I veterinari di campo potranno ricevere informazioni rapide di caratterizzazione dell'isolato e decidere le strategie terapeutiche e/o profilattiche più appropriate, in considerazione anche dei vaccini disponibili.