

Cod. progetto 5M-2021-23684006

Responsabile Scientifico:

Dott.ssa Vincenzina Monzillo

Unità Operativa:

Microbiologia e Virologia

Titolo progetto:

Next generation sequencing (NGS) of Salmonella enterica: outbreaks reconstructions, determination of antibiotic resistance genes and a valid alternative to the current gold standard serotyping method.

Sintesi Progetto - Abstract:

Salmonella enterica è la seconda causa di infezione batterica di origine alimentare più segnalata al mondo, sia nei Paesi sviluppati che in quelli in via di sviluppo. Nel 2020, in Europa, sono stati segnalati 53.169 casi di salmonellosi confermati in laboratorio, di cui 61 con esito fatale. Il tasso di notifica nell'UE/SEE è stato di 14,2 casi per 100.000 abitanti. Il CDC (Centro per il Controllo e la Prevenzione delle Malattie), invece, stima che negli Stati Uniti, Salmonella causi ogni anno circa 1,35 milioni di infezioni con 26.500 ricoveri e 420 decessi. Salmonella può infettare l'uomo attraverso l'ingestione di alimenti contaminati come frutta, verdura, pollame, manzo, germogli, farine e cibi pronti, causando nausea, diarrea, crampi addominali e febbre.

Lo studio sarà eseguito presso il Laboratorio di Batteriologia della S.C. Microbiologia e Virologia della Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia. I ceppi di Salmonella provenienti da tutta la provincia vengono inviati per essere sierotipizzati. Sugli isolati di Salmonella viene eseguita l'identificazione utilizzando la tecnologia della spettrometria di massa (MALDI-TOF MS), il test di sensibilità con il metodo automatizzato (PHOENIX™ M50) e la tipizzazione sierologica.

La sierotipizzazione consente di distinguere Salmonella in diversi sierogruppi in base alla loro composizione antigenica. Il sierotipo viene determinato mediante agglutinazione dei batteri con antisieri specifici che permettono di identificare le varianti degli antigeni somatici (O) e flagellari (H).

Su un numero selezionato di stipti verrà eseguito il sequenziamento mediante tecnologia Next-Generation Sequencing (NGS)

Lo studio si propone di effettuare un'analisi sia retrospettiva che prospettica con lo scopo di indagare su probabili focolai nel periodo definito, utilizzando la tecnologia molecolare NGS, di ricercare la presenza di geni di resistenza agli antibiotici e ai metalli pesanti, essenziali per un'analisi epidemiologica, di valutare la possibilità di sostituire il metodo di sierotipizzazione fenotipica, gold standard, con il metodo di sequenziamento emergente e alternativo (NGS) ed infine di confrontare i risultati molecolari con le identificazioni della sierotipizzazione fenotipica.

L'analisi dei risultati ci permetterà di:

mettere in relazione i dati NGS con eventuali focolai, sostenuti da ceppi clonali, legati a contaminazioni alimentari e a pratiche inappropriate in campo zootecnico, con l'obiettivo di adottare misure di contenimento adeguate; fare un'analisi comparativa tra i dati NGS e i risultati della sierotipizzazione fenotipica, al fine di sostituire il gold standard con il nuovo metodo molecolare; mettere in evidenza la presenza di geni di resistenza agli antibiotici e ai metalli pesanti, con l'obiettivo di fornire informazioni utili al clinico per la somministrazione di una terapia mirata ed infine di eseguire la sorveglianza epidemiologica sull'andamento di particolari serovar e di specifici geni di resistenza.

Inizio Progetto:

01/09/2023

Fine Progetto:

31/08/2025

Costo complessivo del progetto:

100.000,00

Totale quote 5 x mille:

50.000,00

Anno riferimento 5 x mille:

2021

Data percezione fondi 5 x mille:

22/11/2022

Budget

Voce	Quota assegnata
Personale di ricerca	0,00
Apparecchiature	0,00
Materiale uso destinato alla ricerca	50.000,00
Spese di organizzazione	0,00
Elaborazione dati	0,00
Spese amministrative	0,00
Altro (indicare quali)	0,00
	50.000,00