Sorveglianza genomica dei batteri da cibo e acqua: laboratori diversi, una lettura condivisa

Capire da dove arriva un'infezione e come si sta diffondendo è fondamentale per proteggere la salute pubblica. Alcuni microrganismi possono colpire l'uomo, gli animali o entrambi, trasmettendosi direttamente da un ospite all'altro, oppure attraverso alimenti o acqua contaminata. Per riuscire a collegare tra loro i casi, anche a distanza di tempo e di spazio, servono strumenti di indagine sempre più precisi. In questo contesto, la genomica sta cambiando le regole del gioco: analizzando l'intero DNA dei batteri, è possibile riconoscere legami che i metodi più tradizionali non riescono a vedere. È uno strumento che, affiancato alle indagini epidemiologiche, ovvero lo studio dei contagi nel tempo e nello spazio, rende più solida e tempestiva la ricostruzione dei casi.

Un nuovo studio pubblicato su *Nature Communications*, condotto nell'ambito del progetto europeo BeONE, ha verificato quanto siano affidabili e confrontabili i metodi genomici usati in un'ampia gamma di laboratori europei di sanità pubblica. Undici istituti di ricerca, tra cui l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise, hanno partecipato a un confronto su larga scala, analizzando gli stessi ceppi di batteri patogeni trasmessi con alimenti e acqua: *Listeria monocytogenes*, *Salmonella enterica*, *Escherichia coli* e *Campylobacter jejuni*.

Per rendere la valutazione più oggettiva, i laboratori hanno analizzato dati reali senza sapere in anticipo quali campioni fossero epidemiologicamente collegati tra loro. In questo modo è stato possibile confrontare la capacità dei diversi metodi di raggruppare i campioni in base alla loro vicinanza genetica. E i risultati hanno mostrato un'elevata coerenza tra le analisi.

"Abbiamo lavorato come se fossimo davvero in una rete di sorveglianza internazionale, ognuno usando il proprio metodo, ma tutti sugli stessi dati – spiega **Nicolas Radomski**, IZS Teramo – Gli obiettivi erano quelli di misurare le somiglianze e le divergenze analitiche tra le istituzioni e di capire fino a che punto parlavamo lo stesso linguaggio analitico".

Il cuore della ricerca è rappresentato dalla **WGS (Whole Genome Sequencing)**, la tecnica che permette di leggere l'intero genoma di un microrganismo. Rispetto ai metodi classici, che si concentrano su alcune regioni del DNA, la WGS offre una mappa completa, capace di distinguere anche tra ceppi molto simili. Questo rende possibile, ad esempio, capire se due casi di infezione registrati in Paesi diversi hanno la stessa origine.

Leggi l'articolo

Fonte: IZS Lazio e Toscana