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