

Political challenges, outreach and building a global network

- ✘ **La Simevep parteciperà all'incontro con Maurizio Ferri, nel Gruppo di lavoro**

La Simevep parteciperà all'incontro con Maurizio Ferri, nel Gruppo di lavoro. Il Whole genome sequencing (WGS) o Next (or second) generation sequencing (NGS) è una tecnica di tipizzazione molecolare basata sul sequenziamento dell'RNA, DNA o dell'intero genoma batterico. Inserita tra le scienze "omiche" è paradigmatica della cosiddetta epoca della "rivoluzione genomica".

Le sequenze possono essere ottenute per genomi interi o aree selezionate, quali specifici geni, sono univoche e possono essere facilmente catalogati e scambiati.

Il WGS sta gradualmente sostituendo la pletera dei metodi convenzionali fenotipici (coltura batterica e sierotipizzazione) e di tipizzazione molecolare (PFGE Pulse-field-gel-electrophoresis).

Diversamente dalla genotipizzazione batterica che si limita a "interrogare" piccole regioni del genoma batterico, il WGS possiede un'alta risoluzione e ha il vantaggio di fornire un'enorme quantità di dati attraverso miliardi di letture per ciascuna applicazione strumentale a costi inferiori rispetto alle tecniche tradizionali.

La produzione di miliardi di letture rappresenta una sfida sia per l'infrastruttura esistente della information technology quando si tratta di trasferire, memorizzare e controllare la qualità dei dati e di effettuare l'analisi computazionale (bioinformatica) per allineare o assemblare i dati prodotti, sia per i sistemi di gestione delle informazioni dei laboratori, in modo particolare la tracciabilità dei campioni e la gestione dei processi.

Con la disponibilità dunque di nuovi strumenti bioinformatici, le informazioni sui genomi dei batterici patogeni, se opportunamente condivise dai laboratori clinici e di sanità pubblica attraverso piattaforme dedicate, come quello promosso dal [Global Microbial Identifier-GMI](http://www.globalmicrobialidentifier.org/About-GMI) (<http://www.globalmicrobialidentifier.org/About-GMI>), consentono con un elevato livello di precisione la rapida identificazione, caratterizzazione e comparazione dei ceppi isolati in luoghi diversi, compresi i profili di antibiotico-resistenza, l'individuazione di focolai infettivi sporadici causati dallo stesso ceppo (facilitando gli studi di attribuzione delle fonti o source-attribution e l'identificazione delle vie di trasmissione), una maggiore rapidità ed efficacia nelle attività di controllo dei focolai di infezione alimentare a carattere transnazionale e la previsione delle epidemie emergenti. Poiché i dati comprendono il codice genetico, i risultati del WGS possono essere utilizzati per più scopi contemporaneamente, come ad esempio l'identificazione, sottotipizzazione (subtyping) e rilevamento dei marker di virulenza e le previsioni sullo sviluppo di antibiotico resistenza.

I dati possono anche essere estratti o rianalizzati in qualsiasi momento, e ciò può essere utile per la gestione nel tempo dei patogeni emergenti. Ci sono esempi di felice applicazione delle tecniche di WGS alla epidemiologia veterinaria e sanità pubblica. Negli Stati Uniti l'utilizzo del WGS ha consentito di ridefinire i clusters ottenuti con il metodo di genotipizzazione PFGE nel corso di un focolaio di infezione alimentare causato da *Listeria monocytogenes* in prodotti ready-to-eat e dunque di escludere alcuni casi-pazienti e di confermare il veicolo alimentare nelle fasi iniziali dell'indagine epidemiologica.

In Danimarca, il WGS è in uso dal 2013 per la sorveglianza in tempo reale delle infezioni umane di *L. monocytogenes*. In Inghilterra i laboratori di sanità pubblica iniziano il sequenziamento in tempo reale dei ceppi presunti di *Salmonella*

spp. ricevuti da aprile 2014. Nel mese di giugno 2014 una epidemia multinazionale di Salmonella enterica ser. Enteritidis viene associata al consumo di uova, con oltre 350 casi segnalati in diversi Stati membri. L'utilizzo del WGS consente di dimostrare una chiara correlazione statistica tra la rete di distribuzione di uova nel Regno Unito e la rete degli isolati nei focolai e di individuare le uova come veicolo alimentare del focolaio.

Questi temi verranno discussi il 23-25 maggio 2016, presso la sede della FAO a Roma in un incontro tecnico GMI 9 dal titolo "Technical Meeting on the impact of Whole Genome Sequencing (WGS) on food safety management – within a One Health Framework" promosso dal progetto Global Microbial Identifier in collaborazione con la FAO stessa e il WHO. Il progetto GMI, nato nel 2011, ha lo scopo di creare una piattaforma in grado di memorizzare all'interno di un database epidemiologico genomico, i dati dell'intero genoma di microrganismi ottenuto tramite il WGS, per l'identificazione su scala globale e per il confronto dei genomi ottenuti nell'ambito delle indagini epidemiologiche sui focolai causati da patogeni emergenti. GMI rappresenta una taskforce informale e a carattere globale, che riunisce scienziati e altri soggetti interessati i quali forti della loro capacità visionaria, condividono l'obiettivo di rendere le tecnologie genomiche innovative e sviluppare i necessari strumenti informatici per migliorare a livello globale la diagnostica umana e quella applicata alla sicurezza alimentare, la sorveglianza, la ricerca e le risposte in sanità pubblica. Per raggiungere questo obiettivo GMI intende promuovere e favorire gli strumenti di scambio e di analisi dei dati da parte dell'utente finale per la caratterizzazione delle informazioni genomiche degli organismi microbici e delle comunità microbiche.

Analogamente ai meeting precedenti (Bruxelles, 2011; USA 2011-2012-2013; Danimarca 2013;UK 2014; Cina, 2015) il GMI 9 sarà strutturato in due parti: – programma di un giorno:

rivolto ai valutatori e gestori del rischio per la sicurezza alimentare per lo scambio globale di informazioni sull'impatto di WGS/NGS sulla gestione della sicurezza alimentare, per la tutela dei consumatori, l'agevolazione degli scambi e la sicurezza alimentare; – programma di due giorni durante i quali si riuniranno cinque gruppi di lavoro GMI con presentazioni da parte di esperti internazionali e discussioni interattive.

La Simevep parteciperà all'incontro con Maurizio Ferri, nel Gruppo di lavoro 1: Political challenges, outreach and building a global network.

[La Sicurezza Alimentare nell'Era "Omica" e della Bioinformatica di Maurizio Ferri](#)