

COMUNICATO STAMPA

Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni

Il 15 marzo, a Teramo, una giornata studio per presentare il nuovo Centro di Referenza Nazionale GenPat attivato presso l'IZS dell'Abruzzo e del Molise

Il Ministero della Salute, con il Decreto del 30 maggio 2017, ha istituito il "*Centro di Referenza Nazionale per Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni (GenPat): banca dati e analisi di Bioinformatica*" presso l'IZS dell'Abruzzo e del Molise. L'importante riconoscimento premia il lavoro dell'Istituto che ha svolto un ruolo pionieristico, adottando già da alcuni anni le indagini di genetica molecolare e dotandosi di una moderna strumentazione in continuo aggiornamento: proprio per potenziare l'operatività nel settore, è stato creato di recente il Reparto di Bioinformatica all'interno del Laboratorio Ricerca e Sviluppo.

Giovedì 15 marzo, nella sala convegni del CIFIV di Collettarrato (TE), alle ore 10:00, è in programma la prima giornata studio per presentare il nuovo Centro di Referenza Nazionale GenPat. L'incontro, aperto e concluso dal Direttore Generale dell'Istituto Mauro Mattioli, è rivolto ai referenti per la bioinformatica degli Istituti Zooprofilattici Sperimentali, dell'Istituto Superiore di Sanità e ai ricercatori del mondo accademico.

Negli ultimi anni la caratterizzazione molecolare dei microrganismi ha conosciuto un rapido sviluppo, soprattutto per quanto riguarda la sorveglianza epidemiologica delle malattie infettive nel corso di indagine su focolai d'infezione. In passato i microrganismi patogeni venivano identificati attraverso indagine microscopica e con test sierologici: approcci progressivamente rimpiazzati da indagini genomiche che consentono oggi di rilevare e caratterizzare gli agenti patogeni con maggior precisione, permettendo di differenziare i numerosi isolati appartenenti a una stessa specie microbica.

Emblematico il focolaio di Listeriosi nell'uomo verificatosi nella Regione Marche nel periodo 2015-2016. In quella occasione l'IZSAM ha coordinato l'attività diagnostica e utilizzando le tecniche di ultima generazione, tra cui la Next Generation Sequencing NGS, ha caratterizzato i ceppi di *Listeria monocytogenes* isolati dalle persone colpite, dagli alimenti e dall'ambiente. Attraverso l'analisi dei dati (bioinformatica) ottenuti è stato possibile rintracciare l'alimento responsabile del focolaio (la coppa di testa) e la sorgente di contaminazione (lo stabilimento di produzione), quindi adottare tutte le misure sanitarie del caso e chiudere in tempi relativamente rapidi il focolaio.

I dati che derivano dal sequenziamento completo dei genomi (Whole-Genome Sequencing WGS) sono ormai utilizzati sistematicamente per comprendere l'evoluzione dei microrganismi, studiare i loro meccanismi di virulenza e di resistenza ai farmaci, sviluppare metodi diagnostici nuovi e più efficaci e rintracciare, come nel caso della Listeriosi nelle Marche, le fonti di infezione. Questa mole di dati, tuttavia, pone l'esigenza di sviluppare nuovi strumenti informatici in grado di archiviare, gestire e analizzare i suddetti dati grezzi. Il Centro di Referenza Nazionale GenPat dell'IZS dell'Abruzzo e del Molise ha tra i principali compiti proprio la realizzazione di una



Comunicazione Istituzionale
Tel. 0861332265 - comunicazione@izs.it
Istituto Zooprofilattico Sperimentale
dell'Abruzzo e del Molise "G. Caporale"
Campo Boario - 64100 Teramo

piattaforma nazionale per la raccolta e la conservazione delle sequenze genomiche di microrganismi patogeni e l'esecuzione di analisi bioinformatiche, a tutela della salute degli animali, delle produzioni agroalimentari nazionali e quindi della salute dei consumatori.

La giornata studio è finalizzata ad assolvere a questi compiti, a condividere con gli attori del *network* interistituzionale lo scenario presente e futuro del CRN e a illustrare lo stato dell'arte dell'estensione alle analisi WGS del database condiviso dall'Autorità Europea per la Sicurezza Alimentare (EFSA) e dal Centro Europeo per la Prevenzione e il Controllo delle Malattie (ECDC): un database dedicato alla raccolta di dati sulla tipizzazione molecolare dei principali patogeni trasmessi dagli alimenti, a livello europeo, che consente anche al nostro Paese di affrontare in un mondo globalizzato le problematiche di Sanità Pubblica con gli strumenti tecnologicamente più avanzati.

Manuel Graziani
Comunicazione Istituzionale
TERAMO, 14 MARZO 2018