

**BORSA DI STUDIO SUL TEMA DI RICERCA:**

***“Sviluppo e validazione di un metodo multiplex real-time PCR per l'identificazione rapida di ceppi virulenti di *Listeria monocytogenes* in prodotti ready to eat (RTE)”***

*Listeria monocytogenes* (Lm) è un batterio Gram positivo, asporigeno, aerobio, anaerobio facoltativo, capace di svilupparsi in un ampio range di temperatura (da 3 °C a 45 °C) e dotato di mobilità a temperatura ambiente. Le sue caratteristiche fisiologiche gli consentono di sopravvivere e moltiplicarsi anche in condizioni ambientali estreme, quali pH < 5, concentrazioni di NaCl < 10% e temperature di +1/+4 °C. Pertanto la capacità di crescere anche in ambiente refrigerato rende questo microrganismo un marcato pericolo nell'ambito della produzione alimentare, in particolare per quanto riguarda gli alimenti Ready To Eat (RTE). Gli alimenti RTE sono prodotti alimentari destinati dal produttore al consumo umano diretto senza cottura o altro trattamento per eliminare o ridurre i microrganismi presenti (Regolamento CE 2073/2005). I prodotti RTE che risultano essere maggiormente permissivi verso il patogeno sono i prodotti della pesca affumicata, vegetali, prodotti lattiero-caseari e prodotti a base di carne. Lm è responsabile della listeriosi i cui effetti variano da lievi sintomi simil-influenzali, come nausea, vomito e diarrea, a infezioni più gravi, quali meningite e altre complicanze potenzialmente letali. I soggetti più a rischio di listeriosi sono anziani, donne in gravidanza, neonati e immunodepressi. I dati epidemiologici più recenti (EFSA 2013) riportano 1476 casi confermati di listeriosi in Europa, con un tasso di mortalità del 12,7%. I metodi analitici attualmente in uso identificano la specie *Listeria monocytogenes* ma non distinguono i ceppi virulenti da quelli non virulenti. Tutti gli alimenti risultati positivi alla specie vengono considerati a rischio per il consumatore poiché non si analizza la patogenicità. La mancanza di un metodo standardizzato rapido, capace di distinguere i ceppi patogeni di Lm, potrebbe indurre a sovrastimare le positività rilevate ed il reale rischio per la salute del consumatore. Pertanto lo scopo di questo progetto è quello di sviluppare e validare un metodo in multiplex real-time PCR per l'identificazione di Lm e la presenza dei principali marker genetici di virulenza di questa specie. Recentemente sono stati descritti nuovi geni di virulenza specifici di *Listeria monocytogenes* che codificano per le internaline coinvolte in quelle fasi dell'infezione associate ai ceppi patogeni responsabili della mortalità del topo. Pertanto è stato sviluppato un metodo in multiplex-PCR standard per la distinzione dei ceppi virulenti in maniera rapida e sensibile (Liu et al., 2007). Nel progetto si propone di convertire il metodo sopradescritto in un saggio in multiplex-real-time PCR aumentando la sensibilità e riducendo i tempi analitici.

Firma

