



*Pubblicata su Nature Communications la ricerca della Biologia computazionale della Fondazione Edmund Mach*



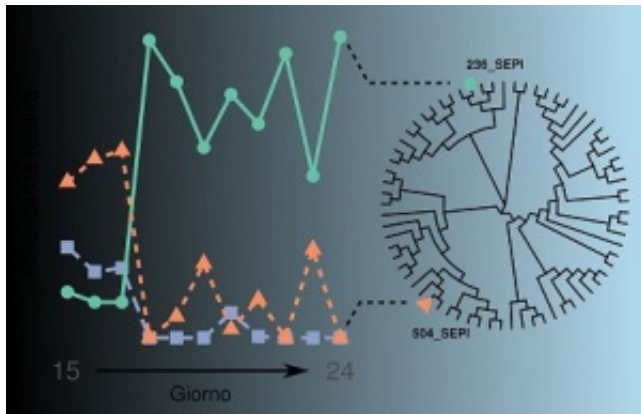
San Michele all'Adige, 12 febbraio 2018 - Un sofisticato algoritmo in grado di identificare e quantificare con precisione i ceppi batterici in un campione di microbiota è stato messo a punto dall'unità di Biologia Computazionale della Fondazione Edmund Mach. La ricerca scientifica è stata recentemente pubblicata sulla prestigiosa rivista scientifica *Nature Communications*.

I recenti progressi nelle tecniche di sequenziamento del DNA hanno ampliato la capacità di caratterizzare il microbioma, ovvero il contenuto genetico dei microorganismi che popolano un ambiente, consentendo di studiare il suo ruolo negli ecosistemi e nella salute.



Davide Albanese e Claudio Donati

“Le tecniche di sequenziamento di nuova generazione - spiegano i ricercatori Davide Albanese e Claudio Donati - hanno evidenziato che le comunità microbiche sono spesso composte da migliaia di specie diverse, e che all'interno di ogni singola specie coesistono diverse varianti (ceppi) con effetti profondamente diversi sulla salute dell'organismo ospite. Ogni singolo ceppo ha un profilo genetico caratteristico che può essere usato per identificarlo con grande precisione”.



I ceppi di *Staphylococcus epidermidis* (stafilococco della cute) presenti nell'intestino di un bambino nei primi giorni di vita

La metodologia proposta usa le sequenze genomiche note dei batteri per costruire un archivio delle varianti genetiche dei singoli ceppi ed è in grado, mediante sofisticate tecniche statistiche e di “machine learning” (apprendimento automatico), di identificare i singoli profili in campioni di microbioma.

Le applicazioni di questo algoritmo vanno dalla epidemiologia delle malattie infettive alla caratterizzazione delle dinamiche della colonizzazione microbica.