

“ ELABORAZIONE DI DATI DI WHOLE GENOME SEQUENCING PER LA CORRELAZIONE DI ISOLATI BATTERICI DI LEGIONELLA SPP”.

Lo scopo del progetto è quello di applicare le analisi bioinformatiche a supporto dei dati ottenuti mediante l'applicazione di tecnologie di Next Generation Sequences (NGS) nell'ambito della sorveglianza ambientale di *Legionella*. Questo approccio prevede l'estrazione del DNA e l'analisi del genoma, attraverso piattaforme di sequenziamento NGS e indagini bioinformatiche avanzate, del materiale genetico presente in un determinato campione ambientale. Questo approccio permetterà di superare le barriere dei metodi classici basati sull'isolamento e la coltivazione di singole specie.

I dati metagenomici ottenuti, in associazione con i metadati relativi alle caratteristiche geografiche e ambientali del campione prelevato, possono essere sottoposti ad analisi bioinformatiche comparative (sia spaziali che temporali) che permetteranno di capire come viene modulata la microflora e in particolare le specie sottostanti esame. Il metodo NGS sarà esteso alla banca di *Legionella* del laboratorio per ottenere una tipizzazione attraverso sequenziamento genico.