Borsa di studio: **Valutazione della prevalenza e della sensibilità antimicrobica di specie di *Neisseria* spp. isolate da orofaringe**

Alcune specie batteriche del genere *Neisseria* (*N. lactamica, N. subflava*…) sono importanti componenti del normale microbioma orofaringeo umano. Le evidenze suggeriscono che vi sia un allarmante aumento della resistenza ai farmaci antimicrobici in ceppi di neisserie commensali, sia nella popolazione generale che in popolazioni selezionate (es: MSM, ovvero uomini che fanno sesso con altri uomini). Questa scoperta è preoccupante in quanto questi microrganismi forniscono un significativo serbatoio di geni di resistenza che possono essere trasferiti orizzontalmente a batteri patogeni (es: *N. gonorrhoeae*), aumentando così il fenomeno dell’antibiotico resistenza. Ad esempio, è stato recentemente dimostrato che l'acquisizione di sezioni del gene codificante per la pompa di efflusso mtrCDE da parte di *N. gonorrhoeae* da batteri commensali del genere *Neisseria*, ha svolto un ruolo cruciale nell'emergere della resistenza ai macrolidi in gonococco.

Il progetto si propone di studiare la prevalenza e il tipo di specie batteriche commensali del genere *Neisseria* presenti a livello dell'orofaringe, in diverse popolazioni (es. studenti, MSM…). Sarà indagato il profilo di resistenza di tali microrganismi ai più comuni antibiotici come ciprofloxacina, ceftriaxone e azitromicina. Lo scopo è quello di migliorare le conoscenze sul fenomeno dell'antibiotico resistenza e sul potenziale ruolo dei microrganismi commensali come fonte di determinanti di resistenza. L'ipotesi è che questi batteri che per loro natura non sono patogeni, possano trasferire geni di resistenza a batteri patogeni, incrementando così il problema della resistenza ai farmaci. Tramite la raccolta di informazioni sul precedente consumo individuale di antibiotici, sarà inoltre possibile valutare se questo fenomeno rappresenta un fattore di rischio per la diffusione di ceppi di neisserie resistenti ai farmaci.

Verrà inoltre studiata la composizione del microbioma faringeo mediante tecniche di sequenziamento del gene 16s rRNA al fine di individuare eventuali profili microbici associati ad un maggio rischio di albergare neisserie resistenti a livello faringeo.