P062

Batteriologia

IL MICROBIOTA UMANO: LE INFORMAZIONI INDISPENSABILI PER LA CLINICA CON NGS PROFILE

A. Colombo [1], M. Gambino [1], A. Merlo [1], S. Roccio [1], M. Valisi [1], M.S. Caroppo [2], S. Andreoni [2], A. Stangalini [1]
[1]*Fleming Research Service Lab – Via Quaranta 57 – Milano*
[2]*S.C. Microbiologia e Virologia, A.O.U. Maggiore della Carità di Novara*

INTRODUZIONE

Il microbiota intestinale umano (Human Gut Microbiota) è costituito da tutti i microrganismi che vivono nel nostro intestino e rappresenta un habitat tra i più densamente popolati sulla Terra. Ne deriva che il suo studio sia di fondamentale importanza per valutare lo stato di salute di un individuo.
Lo scopo di questo lavoro è stato quello di analizzare il HGM attraverso lo studio del gene 16sRNA dei batteri presenti nelle feci mediante tecnologia NGS (Next Generation Sequencing), non solo valutando lo stato di benessere dei pazienti a livello gastro-intestinale dal punto di vista clinico ma anche suggerendo migliorie e/o integrazioni della loro dieta in base ai risultati ottenuti.

METODI

Sono stati testati 41 campioni freschi di feci di pazienti diversi per valutarne la popolazione batterica presente e stilare così un referto personalizzato. Sono state esaminate le sequenze delle regioni variabili V3 e V4 del gene 16sRNA ottenute tramite NGS (MiSeq Illumina®). L'analisi in silico del dato grezzo è stata effettuata sulla piattaforma Basespace (Illumina®) con il software "16S metagenomics" (Illumina®) che utilizza come templato il "16S rRNA gene database" Greengenes (http://greengenes.lbl.gov).
Sono stati valutati i seguenti aspetti: la frequenza dei principali Phyla, la presenza di probiotici (nello specifico, Lactobacillus e Bifidobacterium) e quella di batteri patogeni, la produzione di gas, nonché la capacità di ogni paziente di metabolizzare lipidi, carboidrati e fibre in base a determinate specie batteriche presenti.

RISULTATI

I Phyla maggiormente rappresentati sono risultati essere: Bacteroidetes e Firmicutes. Solo in 5 casi, i Proteobacteria rilevati erano maggioritari. La presenza di Lactobacillus e di Bifidobacterium è risultata carente per entrambi i generi nel 17% dei pazienti. La produzione di gas è stata riscontrata come critica nel 17% dei casi. Il metabolismo dei lipidi è risultato sbilanciato in circa un terzo dei soggetti esaminati, mentre quello dei carboidrati e quello delle fibre rispettivamente nel 20% e nel 17%.

CONCLUSIONI

Analizzando i dati, è risultato uno stretto legame tra alimentazione e microbiota, infatti una dieta equilibrata predispone a un HGM equilibrato. Valutando i Phyla presenti, si può intuire che la dieta della popolazione indagata sia prevalentemente equilibrata e con un ottimo apporto di vegetali, con i Bacteroidetes maggioritari rispetto ai Firmicutes nella maggior parte dei casi. Il profilo del HGM risulta quindi essenziale dal punto di vista clinico per comprendere al meglio come e dove intervenire per migliorare la qualità della vita di ogni individuo, non solo rilevando eventuali patogeni ma studiando le popolazioni batteriche nel loro complesso.