



Agenzia nazionale per le nuove tecnologie,
l'energia e lo sviluppo economico sostenibile

Prof.ssa Annamaria Bevivino: “Identificare il patrimonio genetico microbico associato alla fibrosi cistica potrebbe fornire ai medici nuove conoscenze, dai biomarcatori per identificare la progressione della malattia a nuovi ‘bersagli’ per la terapia antibiotica”



Roma,

29 settembre 2020 - Terapie personalizzate per curare la fibrosi cistica in modo sempre più efficace. È l'obiettivo della ricerca coordinata da ENEA e finanziata dalla Fondazione per la Ricerca sulla Fibrosi Cistica, i cui risultati sono stati pubblicati sulla rivista 'open access' Microorganisms-MDPI. Per l'indagine, il team di ricerca ha selezionato 22 pazienti di età compresa tra gli 11 e i 55 anni, affetti da forme moderate o gravi di fibrosi cistica, in cura presso tre ospedali italiani: il Bambino Gesù di Roma, il Meyer di Firenze e il Gaslini di Genova.

“L'indagine

è durata 15 mesi e durante questo periodo abbiamo raccolto 79 campioni di espettorato, da cui è stato estratto il DNA che abbiamo sottoposto a un

sequenziamento massivo, ovvero dell'intero genoma raccolto da tutti i microrganismi presenti. Con il gruppo di ricerca abbiamo lavorato per determinare la composizione del microbioma, il patrimonio genetico della comunità microbica presente in ogni campione. Questo ci ha permesso di ottenere, per ogni singolo paziente, una visione ad alta risoluzione dell'evoluzione del microbioma, mettendo in relazione lo stato clinico, il repertorio genetico microbico e il resistoma, ossia l'insieme dei geni di resistenza antibiotica", spiega la biologa ENEA Annamaria Bevivino, coordinatrice della ricerca.

Dall'indagine

è emerso un dato significativo: il microbioma dell'espettorato dei pazienti è altamente specifico. In pratica, ogni persona ha mostrato distinte comunità microbiche polmonari e c'è meno variazione all'interno dello stesso individuo in momenti diversi (anche durante i casi di infiammazione o di cure antibiotiche) che tra individui nello stesso periodo. Questo dimostra, da un lato, un certo grado di stabilità nel tempo della comunità microbica di un individuo e, dall'altra, un'elevata eterogeneità tra pazienti, ma non per una gamma di geni batterici, come quelli di resistenza agli antibiotici che sono risultati comuni a tutto il campione della ricerca.

“Identificare il patrimonio

genetico microbico associato alla fibrosi cistica potrebbe fornire ai medici nuove conoscenze, dai biomarcatori per identificare la progressione della malattia a nuovi 'bersagli' per la terapia antibiotica. Questo consentirebbe di individuare interventi terapeutici e terapie antibiotiche in base alla composizione del microbioma polmonare e 'all'abbondanza' di geni di resistenza agli antibiotici. Il nostro obiettivo, quindi, punta dritto a come migliorare la gestione dell'infezione cronica grazie una maggiore personalizzazione dell'assistenza e del trattamento clinico, tagliati su misura del paziente", sottolinea Bevivino.

La

comunità di microbi presenti nel polmone dell'individuo affetto da fibrosi cistica rappresenta, appunto, una sorta di "nicchia ecologica personale" da studiare nel corso del tempo e nei vari momenti della malattia, con indagini genomiche che permettano l'analisi dei geni presenti nella complessa comunità batterica, possibilmente utili alle scelte antibatteriche.

“Ma

al momento, né questo studio né altri sullo stesso tema ci hanno ancora dato indicazioni per orientare tali scelte in modo più appropriato rispetto a quelle basate sulle analisi colturali. A differenza di altre indagini condotte finora, nei nostri campioni è stata rilevata, in abbondanza, la presenza di un particolare batterio, *Rothia mucilaginosa*.

La scoperta può suggerire un potenziale coinvolgimento di questo microrganismo nella dinamica e nella patogenicità del microbioma della fibrosi cistica, che merita ulteriori approfondimenti”, conclude la scienziata ENEA.

Questa

ricerca prosegue gli studi ENEA-Fondazione Fibrosi Cistica nel campo del microbioma polmonare di pazienti affetti da fibrosi cistica, perché solo una profonda comprensione delle interazioni ospite-microbo e microbo-microbo (che mediano l'assemblaggio del microbioma) e delle complesse relazioni tra microbioma respiratorio, stato della malattia e risposta al trattamento antibiotico permetterà di prevenire, diagnosticare e curare la malattia con interventi terapeutici di precisione e personalizzati”, conclude Bevivino.