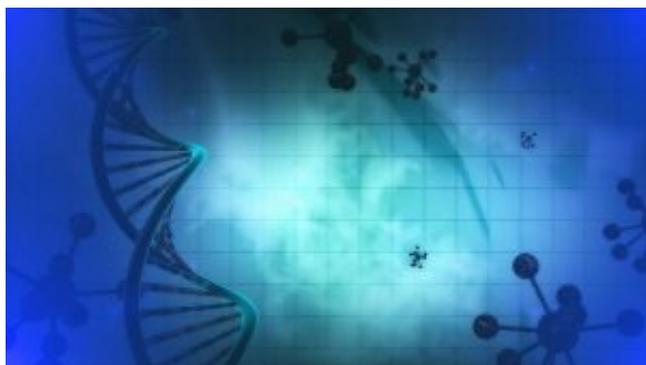


*I risultati della ricerca, diretta e coordinata dall'Istituto Nazionale dei Tumori di Milano, aprono nuove strade per identificare gli individui a più alto rischio e proporre trattamenti preventivi su misura per aumentare le popolazioni batteriche benefiche*



Milano, 12 luglio 2022 - È di pochi giorni fa la notizia di uno studio pubblicato sulla prestigiosa rivista internazionale *Scientific Reports*, del gruppo Nature che dimostra come la composizione del microbiota intestinale nei pazienti affetti da tumore del colon-retto, sia regolata geneticamente.

“È noto da tempo - spiega il dott. Tommaso Dragani, già Direttore di Epidemiologia Genetica e Farmacogenomica all'Istituto Nazionale Tumori di Milano e ideatore dello studio - il ruolo attivo del microbiota nello sviluppo del tumore al colon-retto, una delle più comuni neoplasie di natura maligna che insorge nell'intestino. Nessuno, tuttavia, fino ad oggi aveva mai dimostrato l'associazione tra le popolazioni batteriche e le varianti del patrimonio genetico nei pazienti affetti da tumori colorettali”.

Il microbiota è il termine scientifico per descrivere la flora batterica: l'insieme dei microrganismi che popola il tratto digerente; oltre mille miliardi di batteri, virus, funghi e protozoi, con un peso totale di circa un chilogrammo e mezzo che, comunicando tra loro, sono cruciali per la salute umana. Stabilendo una relazione basata sullo scambio di vantaggi reciproci, l'uomo fornisce le sostanze nutritive, mentre il microbiota svolge funzioni fisiologiche, metaboliche e immunologiche indispensabili per mantenere il nostro stato di benessere fisico e mentale.



*Dott. Alberto Vannelli*

“Il tumore colo-rettale - spiega il dott. Alberto Vannelli, Direttore della Chirurgia Generale dell’ospedale Valduce e tra gli autori dello studio - essendo la seconda causa di decessi al mondo è considerato tra i big killer dell’oncologia. Il rischio di sviluppare questo tumore dipende da fattori ambientali e genetici. Nel 5 % dei casi la causa è di tipo ereditario, ma la stragrande maggioranza è considerata sporadica e numerosi studi hanno indicato che sia il risultato di una complessa interazione tra varianti genetiche e fattori ambientali”.

“Grazie alle campagne di screening e ai corretti stili di vita si è assistito a una progressiva riduzione, eppure in occidente assistiamo a un aumento delle forme a esordio precoce (inferiore ai 50 anni), che non possono essere completamente attribuite a malattie ereditarie o malattie infiammatorie intestinali. Inoltre - prosegue Vannelli - l’incidenza dei tumori colo-rettali è in aumento nei paesi in via di sviluppo ove sono più evidenti le modifiche nello stile di vita e nei fattori ambientali. Tra i fattori ambientali, il microbiota intestinale è considerato importante per alcuni tumori, incluso proprio quello colo-rettale. Interagendo strettamente con le cellule dell’ospite, può influenzarne la formazione, attraverso una varietà di meccanismi. Tuttavia, il microbiota è influenzato anche dalla genetica dell’ospite”.

Il nostro studio pionieristico ha dimostrato che le varianti germinali modulano la composizione del microbiota. Infatti, finora non erano stati condotti studi che associassero i livelli di specifici generi di batteri alle varianti germinali nei pazienti affetti da cancro coloretale. Le varianti germinali sono variazioni comunemente presenti nel DNA degli individui e sono associate alla modulazione di una serie di fenotipi comuni, tra cui il colore degli occhi e dei capelli, l’altezza, ecc.

Diversi studi hanno dimostrato che alcune varianti genetiche sono associate al rischio e/o alla prognosi del cancro coloretale. I risultati del nostro studio aprono quindi la strada a nuove ricerche sul ruolo delle varianti genetiche recentemente identificate, che modulano il microbiota intestinale, nel rischio e nella prognosi del cancro coloretale.

“Abbiamo analizzato - conclude Vannelli - il tessuto di 93 pazienti operati per tumore del colon-retto ed esaminate le varianti germinali associate alle popolazioni della flora batterica alias microbiota, proprio nella mucosa colo-rettale normale (non coinvolta dal tumore) e abbiamo valutato il loro possibile ruolo nella malattia. Grazie all'analisi statistica, abbiamo identificato numerose varianti germinali associate ad alcuni batteri. Queste varianti sono risultate strettamente connesse con l'espressione di geni coinvolti in alcuni processi della vita di una cellula, quali: risposte infiammatorie, adesione cellulare, apoptosi (morte programmata di una cellula a un certo punto del suo ciclo vitale) e integrità della barriera. Geni e batteri sono risultati coinvolti negli stessi processi. Sia la composizione del microbiota che l'infiammazione locale sono regolate, almeno in parte, dalle stesse varianti germinali”.

Queste varianti possono regolare il microambiente in cui i batteri crescono e predisporre allo sviluppo del cancro. La loro identificazione rappresenta il primo passo per riconoscere gli individui a più alto rischio e proporre trattamenti preventivi su misura per aumentare quella parte di flora batterica capace di proteggerci.