Microbiota e genomica

Sabrina Rita Giglio e Andrea Perra

Microbiota e genomica

Colao A. Graziottin A. Stanghellini V. (a cura di), Atti e approfondimenti di farmacologia del corso ECM su "Microbiota, infiammazione e dolore nella donna", organizzato dalla Fondazione Alessandra Graziottin per la cura del dolore nella donna Onlus, Milano, 13 settembre 2023, p. 65-68

Sabrina Giglio, Andrea Perra

SC Genetica Medica e Unità di Oncologia e Patologia Molecolare, Università di Cagliari

Il microbiota intestinale può essere considerato un ecosistema complesso che comprende batteri, virus, protozoi, archei, lieviti e funghi.

In generale, tutti gli esseri umani hanno un microbiota intestinale i cui phyla principali appartengono a Bacteroidetes e Firmicutes. Più di 50 specie batteriche sono condivise da tutti gli individui appartenenti al genere umano, ma ogni persona ha un suo microbiota specifico e unico, che interagisce con il suo genoma. Pertanto, esiste un corrispondente nucleo batterico funzionale preservato dall'estinzione da un comune metagenoma intestinale umano, necessario per il corretto funzionamento del microbiota intestinale e dell'intestino, e considerato parte di un ecosistema perfetto.

Ma in che modo il microbioma intestinale "reagisce" al genoma umano e influenza la struttura e la composizione delle comunità batteriche? E soprattutto, qual è l'effetto di questo impatto sulla salute umana?