COMUNICATO STAMPA

**Dall’analisi del microbiota intestinale uno strumento in più per la diagnosi del Covid-19: una ricerca dell’INMI e dell’IRCCS Casa Sollievo della Sofferenza apre nuove prospettive per la gestione clinica dei pazienti**

**-----------------------------------------------**

Roma-San Giovanni Rotondo, 22 febbraio 2021 – L’infezione da Sars-Cov-2 provoca alterazioni della flora intestinale che, opportunamente analizzate con sistemi di sequenziamento genomico di nuova generazione, possono fornire nuovi strumenti per la diagnosi e per la terapia del Covid-19, e per la stratificazione dei pazienti per profili di rischio. Sono questi i risultati più importanti di una ricerca condotta congiuntamente dall’Istituto Nazionale Malattie Infettive “Lazzaro Spallanzani” di Roma e dall’IRCCS “Casa Sollievo della Sofferenza” di San Giovanni Rotondo (FG), appena pubblicata dalla rivista scientifica PLOS ONE.

Il Covid-19, come noto, è una malattia che interessa le basse vie respiratorie, ma il virus Sars-Cov-2 che la provoca è stato individuato anche in altri distretti corporei. In particolare, la presenza del virus in tamponi rettali dimostra che, oltre che nei polmoni, esso può aggredire anche altri organi, come l’intestino: d’altra parte il recettore ACE2, che è la porta d’ingresso attraverso la quale il virus penetra nelle cellule umane, è abbondantemente presente anche nelle cellule del tratto gastro-intestinale.

Per di più una importante proporzione di pazienti Covid-19 evidenzia sintomi gastrointestinali, e diverse ricerche in passato hanno dimostrato che le infezioni respiratorie, e tra esse il Covid-19, si associano ad alterazioni della composizione del microbiota intestinale, quella complessa “comunità” composta soprattutto da batteri, ma anche da lieviti, parassiti e virus, che comunemente chiamiamo “flora intestinale” e che svolge una funzione essenziale nel mantenere l’equilibrio (la cosiddetta “eubiosi”) dell’organismo. Recenti ricerche hanno evidenziato l’esistenza di un “asse polmoni-intestino”, nel quale il microbiota intestinale, quando le cellule immunitarie intestinali hanno individuato patogeni estranei, rilascia prodotti microbici e immuno-modulatori che aiutano la regolazione dell’immunità polmonare, e viceversa.

Sulla base di queste premesse, i ricercatori dell’INMI e della Casa Sollievo della Sofferenza hanno ipotizzato che la polmonite da Sars-Cov-2 possa influenzare il microbiota intestinale, e che da queste alterazioni si possano estrarre marcatori diagnostici che potrebbero essere di grande aiuto nella stratificazione dei pazienti e dei relativi profili di rischio di malattia grave.

Per la ricerca sono stati raccolti, tra aprile e maggio 2020, i tamponi rettali di 23 pazienti ricoverati presso l’INMI, suddivisi in tre gruppi: nove positivi al Sars-Cov-2 ricoverati in degenza ordinaria (w-COVID19), sei positivi al Sars-Cov-2 ricoverati in terapia intensiva (i-COVID19), e otto pazienti ricoverati in degenza ordinaria o terapia intensiva ma negativi al test per Sars-Cov-2, utilizzati come gruppo di controllo. I campioni di questi pazienti sono stati quindi sottoposti a sequenziamento genomico dell’RNA ribosomiale 16S, tecnica che permette di individuare i diversi microorganismi presenti nel microbiota in maniera assai più rapida ed efficiente rispetto alle tecniche microbiologiche classiche.

Dall’analisi sono emerse significative differenze nella composizione del microbiota tra i tre gruppi di pazienti. Rispetto al gruppo di controllo e ai pazienti w-COVID19, i pazienti i-COVID19 hanno per esempio evidenziato un calo dell’indice Chao1, che misura la ricchezza microbica. I pazienti w-COVID19, invece, hanno evidenziato una maggiore quantità di *Proteobacteria*, mentre i pazienti i-COVID19 mostravano maggiori quantità delle famiglie *Staphylococcaceae*, *Microbacteriaceae*, *Micrococcaceae*, *Pseudonocardiaceae*, *Erysipelotrichales*.

“*La nostra ricerca costituisce soltanto il primo passo di una nuova e promettente area di ricerca, che andrà approfondita con gruppi più ampi di pazienti ed includendo anche pazienti paucisintomatici o asintomatici*”, hanno dichiarato Antonio Mazzarelli e Maria Letizia Giancola dell’INMI; “*Ciò che appare chiaro tuttavia è che la flora intestinale dei pazienti Covid-19 presenta significative differenze: sia rispetto ai pazienti non Covid, sia in relazione al diverso grado di severità della malattia. Una evidenza, questa, di grande importanza, che apre la strada a successive promettenti applicazioni diagnostiche e cliniche*”.

“*Questi dati possono aprire nuove prospettive anche in campo terapeutico in un prossimo futuro*” ha aggiunto Valerio Pazienza, biologo del Laboratorio di ricerca in Gastroenterologia dell’IRCCS Casa Sollievo della Sofferenza. “*È possibile presupporre una opzione terapeutica adiuvante agli attuali trattamenti oggi disponibili, dove l’integrazione di specifiche miscele di probiotici, opportunamente selezionati per competere selettivamente con i microorganismi dannosi aumentati nei pazienti Covid-19, possa sia attenuare la perdita di ricchezza del microbiota intestinale che mitigare il decorso della malattia, evitando magari il rischio di trasferimento nel reparto di terapia intensiva per i pazienti SARS-CoV-2 positivi*”.

Antonio Mazzarelli, Maria Letizia Giancola, Anna Farina, Luisa Marchioni, Martina Rueca, Cesare Ernesto Maria Gruber, Barbara Bartolini, Tommaso Ascoli Bartoli, Gaetano Maffongelli, Maria Rosaria Capobianchi, Giuseppe Ippolito, Antonino Di Caro, Emanuele Nicastri, Valerio Pazienza and INMI COVID-19 study group.

***16S rRNA Gene Sequencing of Rectal Swab in Patients Affected by COVID-19***

PLOS ONE, February 17, 2021 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247041>

Per ulteriori informazioni:

Salvatore Curiale

Istituto Nazionale Malattie Infettive “Lazzaro Spallanzani” IRCCS

Tel. +39 3384860207 – salvatore.curiale@inmi.it

Nicola Fiorentino

Fondazione IRCCS Ospedale Casa Sollievo della Sofferenza - Opera di San Pio da Pietrelcina

Tel. +39 3666511656 - n.fiorentino@operapadrepio.it