

31. agosto

## La metagenomica shotgun svela presenza in quello che mangiamo di batteri utili per il nostro microbioma

*La caratteristica più notevole della storia della vita è il costante dominio dei batteri.*

Stephen Jay Gould

### **Premessa**

I microrganismi hanno avuto un ruolo fondamentale nella storia della scienza alimentare. L'umanità ha sempre dovuto affrontare pericoli dovuti all'intossicazione alimentare microbica e al deterioramento e le tecnologie di conservazione (ad esempio, cottura, salatura e fermentazione) sono state migliorate per raggiungere gli attuali standard di sicurezza alimentare, qualità e resa produttiva.

*De Filippis, F. et al. Environmental microbiome mapping as a strategy to improve quality and safety in the food industry. Curr. Opin. Food Sci. 2021; 38:168-176*



La fermentazione di piante crude, latticini e carne è un processo dinamico che può migliorare la qualità, la diversità e la sicurezza dei prodotti alimentari controllando i batteri potenzialmente dannosi e migliorando le proprietà organolettiche e le caratteristiche che promuovono la salute.

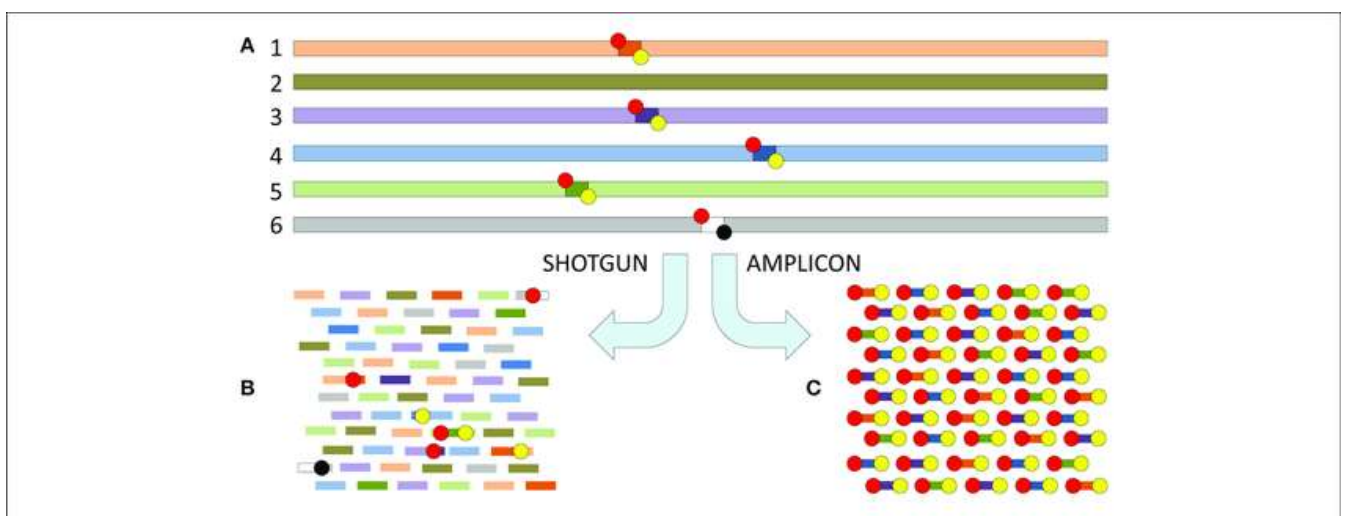
Anche in assenza di taxa potenzialmente patogeni, il livello di biodiversità negli alimenti è eterogeneo e spazia da singole associazioni microbiche (ad esempio, alimenti fermentati con colture starter selezionate industrialmente) a microbiomi complessi. L'importanza di caratterizzare le comunità microbiche associate agli alimenti per migliorare gli alimenti e comprendere il loro impatto sulla salute umana è sempre più riconosciuta, ma gran parte di questa diversità rimane inesplorata.

Nel tentativo di caratterizzare la composizione microbica delle fonti alimentari, il campo ha ricevuto una spinta quando la coltivazione *in vitro*

*Mayo B et al Impact of next generation sequencing techniques in food microbiology. Curr Genomics. 2014 Aug;15(4):293-309.* è stata completata dalla tipizzazione molecolare a livello di comunità,

inizialmente utilizzando il sequenziamento del gene 16S rRNA e attualmente anche la **metagenomica shotgun**

*Il sequenziamento metagenomico shotgun è un metodo alternativo agli approcci di sequenziamento di ampliconi, come il sequenziamento dell'RNA ribosomiale (rRNA, ribosomal RNA) 16S e dello spaziatore trascritto interno (ITS, internal transcribed spacer), per la valutazione della diversità microbica in campioni complessi. A differenza degli approcci basati sugli ampliconi, il sequenziamento metagenomico shotgun che impiega il sequenziamento di nuova generazione (NGS, next-generation sequencing) acquisisce informazioni genomiche complete per ogni organismo presente in un campione. La capacità di catturare genomi completi fa sì che la metagenomica shotgun possa identificare le specie non rilevate dal sequenziamento di ampliconi<sup>1</sup> e che i dati risultanti contengano informazioni funzionali non disponibili con i metodi basati sugli ampliconi.*



La **metagenomica shotgun** è l'unico approccio in grado di esaminare in modo completo la composizione microbica di un campione e di scoprire il suo potenziale genomico insieme alla ricostruzione dei genomi di più ceppi.

*De Filippis F et al. The food-gut axis: lactic acid bacteria and their link to food, the gut microbiome and human health. FEMS Microbiol Rev. 2020 Jul 1;44(4):454-489.*

Tuttavia, gli studi metagenomici sono stati condotti principalmente su singoli tipi di alimenti e su campioni di dimensioni limitate, ostacolando le analisi integrative inter-studio attualmente disponibili solo per altri ambienti come l'intestino umano.

Studiare il contenuto microbico degli alimenti è fondamentale anche alla luce del suo impatto sulla salute umana. I collegamenti mediati dal microbioma tra dieta e salute sono stati prevalentemente studiati considerando il ruolo dei componenti abiotici degli alimenti. Tuttavia, la trasmissione microbica orizzontale e verticale da persona a persona recentemente descritta

*Valles-Colomer M et al The person-to-person transmission landscape of the gut and oral microbiomes. Nature. 2023 Feb;614(7946):125-135.*

non è probabilmente l'unica fonte di diversità del microbioma, e le prime prove che i microbi della dieta diventano membri del microbioma umano motivano un'indagine più completa di questo fenomeno tra i tipi di alimenti e le popolazioni umane. Sono quindi necessarie indagini complete

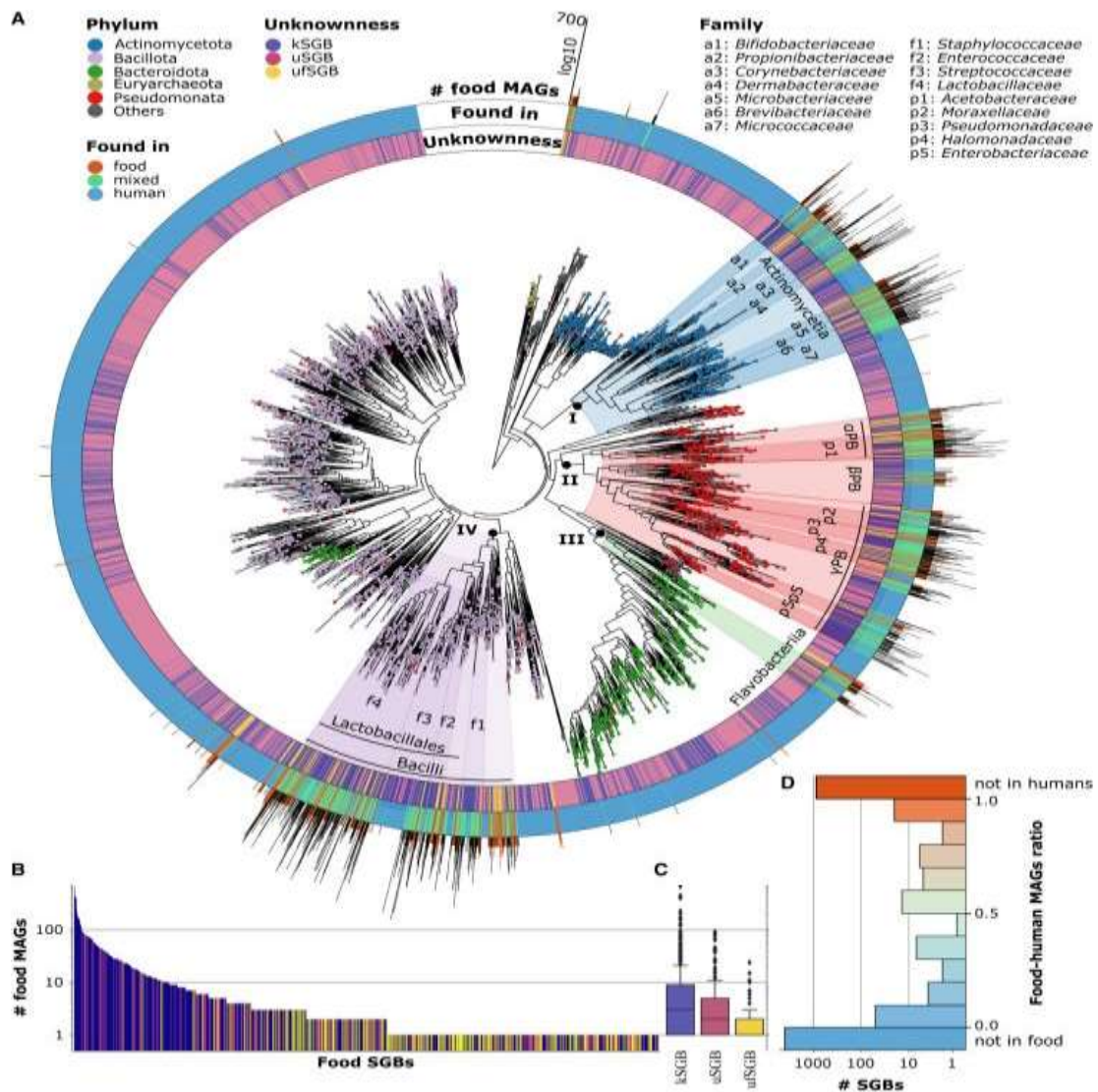
sulla sovrapposizione tra alimenti e microbiomi umani a una risoluzione su scala di popolazione e a livello di ceppo.

*Tomofuji Yet al. Prokaryotic and viral genomes recovered from 787 Japanese gut metagenomes revealed microbial features linked to diets, populations, and diseases. Cell Genom. 2022 Nov 30;2(12):100219.*

Possiamo affermare che quello che normalmente mangiamo contiene un complesso “zoo microbico” che contiene batteri e funghi in gran parte sconosciuti come ha scoperto il più grande sondaggio del genere:

### Unexplored microbial diversity from 2,500 food metagenomes and links with the human microbiome

Niccolò Carlino · Aitor Blanco-Míguez · Michal Punčochář1 · Claudia Mengoni · Federica Pinto · Alessia Tatti- Paolo Manghi · Federica Armanini · Michele Avagliano · Coral Barcenilla · Samuel Breselge · Raul Cabrera-Rubio · Inés Calvete-Torre · Mairéad Coakley · José F. Cobo-Díaz · Francesca De Filippis5 · Hrituraj Dey1 · John Leech · Eline S. Klaassens · Stephen Knobloch · Dominic O’Neil · Narciso M. Quijada· Carlos Sabater· Sigurlaug Skirnisdóttir · Vincenzo Valentino · Liam Walsh· MASTER EU Consortium · Avelino Alvarez-Ordóñez · Francesco Asnicar · Gloria Fackelmann · Vitor Heidrich · Abelardo Margolles · Viggó Thór Marteinsson· Omar Rota Stabelli · Martin Wagner · Danilo Ercolini· Paul D. Cotter· Nicola Segata · Edoardo PasolliShow less



Lo studio ha scoperto 320 specie, un aumento del 40% rispetto a quanto noto, e ha determinato che non sembrano essere dannose. Raccogliendo campioni da 50 paesi in cinque continenti, i

ricercatori hanno incluso molti cibi e bevande fermentati, come kombucha, crauti e birra, che sono particolarmente ricchi di microbi, hanno riferito questa settimana su **Cell** .

### **Nel dettaglio**

curatedFoodMetagenomicData (cFMD), una risorsa open-access che raccoglie dati microbici associati al cibo per supportare l'uso della metagenomica nella scienza alimentare. La versione attuale comprende 2.533 metagenomi alimentari con metadati standardizzati, 1.950 dei quali sono stati recentemente sequenziati all'interno del consorzio MASTER EU. Sono stati generati 10.112 genomi assemblati di metagenomi procariotici e 787 eucariotici (MAG) dal cibo che sono stati raggruppati in 1.036 cluster di specie procariotiche e 108 eucariotiche, 320 dei quali sono risultati non caratterizzati se confrontati con >1 M di genomi esistenti. Questi MAG sono stati inclusi nelle pipeline dedingoli grippi di ricerca per una profilazione tassonomica sensibile e li abbiamo applicati a 19.833 metagenomi umani, rivelando sovrapposizioni a livello di specie e ceppo lungo l'asse cibo-uomo.

### **In sintesi**

**I microbi associati al cibo costituiscono il 3% dei batteri nel tratto digerente umano, dove svolgono simbioticamente funzioni benefiche, suggerendo che le persone hanno acquisito parte del loro microbioma dal cibo.**

*Sono stati 10.899 genomi assemblati tramite metagenoma che abbracciano 1.036 bin di genomi a livello di specie procariotiche e 108 eucariotiche (SGB), inclusi 320 taxa precedentemente non descritti. Gli SGB alimentari hanno mostrato una significativa diversità microbica all'interno e tra le categorie alimentari. L'estensione a >20.000 metagenomi umani ha rivelato che gli SGB alimentari rappresentavano in media il 3% del microbioma intestinale adulto. L'analisi a livello di ceppo ha evidenziato potenziali casi di trasmissione dal cibo all'intestino e colonizzazione intestinale (ad esempio, *Lactocaseibacillus paracasei* ) nonché SGB con strutture genomiche divergenti nel cibo e negli esseri umani (ad esempio, *Streptococcus gallolyticus* e *Limosilactobacillus mucosae* ). Il cFMD amplia le nostre conoscenze sui microbiomi alimentari, il loro ruolo nel plasmare il microbioma umano e supporta futuri utilizzi della metagenomica per la qualità, la sicurezza e l'autenticazione degli alimenti.*

Gli autori dello studio stimano che le specie appena identificate potrebbero aiutare i ricercatori a studiare l'influenza dei microbi sulla qualità e la sicurezza degli alimenti e potrebbero aiutare a rintracciare gli alimenti contaminati fino ai singoli produttori.