

La metabolomica basata su NMR nello studio del microbioma intestinale nelle patologie umane

Giorgia Conta^{1, *}, Maria Enrica Di Cocco¹, Alfredo Miccheli²

¹Dipartimento di Chimica, Università degli Studi di Roma La Sapienza, Roma, Italia

²Dipartimento di Biologia Ambientale, Università degli Studi di Roma La Sapienza, Roma, Italia

*giorgia conta@uniroma1.it

Abstract

I progressi e le applicazioni delle tecniche analitiche nella ricerca medica moderna sono notevolmente progrediti negli ultimi decenni [1].

Nell'ambito della metabolomica, la spettroscopia di risonanza magnetica nucleare (NMR) e la spettrometria di massa (MS) stanno apportando significativi contributi nel campo della diagnostica e del trattamento delle malattie umane [2].

Il metaboloma è l'insieme delle piccole molecole coinvolte nel processo del metabolismo, rappresentando lo stadio più a valle della "cascata omica". I cambiamenti nel metaboloma sono il risultato diretto di perturbazioni dovute a fattori ambientali, alla nutrizione o alla presenza di patologie. Il metaboloma viene studiato con l'obiettivo di identificare biomarcatori di diagnosi e di previsione delle malattie [3] in quanto permette di rivelare i meccanismi e i ruoli dei metaboliti nella regolazione dei processi biologici e il loro impatto sui diversi fenotipi umani.

La metabolomica basata su spettroscopia NMR è stata ampiamente utilizzata per studiare l'interazione tra microbiota e ospite, investigando il possibile ruolo del microbioma intestinale nella patogenesi di malattie, nel valutare l'effetto della dieta, come anche nell'identificare biomarcatori e profili metabolici caratteristici al fine di monitorare i trattamenti clinici.

Questo tipo di approccio si applica allo studio di diversi tipi di fluidi biologici e può essere integrato insieme ad altre scienze omiche tra cui la genomica, la trascrittomica, la proteomica. Dato l'ampio numero di features che si ottengono, l'applicazione di specifiche analisi chemiometriche risulta essere un passaggio necessario e fondamentale in quanto sono in grado di fornire una più chiara interpretazione del dato.

L'analisi univariata e multivariata (sia supervisionata che non-supervisionata) riduce la complessità del set di dati NMR o del set derivante dalla fusione dei dati di metabolomica e metagenomica, in modo che sia più facile evidenziare i metaboliti o le unità tassonomiche operative (OTU) statisticamente significative, importanti sia per la caratterizzazione del fenotipo nonché per l'individuazione di pathways specifici.

Verrà riportata una panoramica riguardo alcuni studi in cui è stato applicato l'approccio metabolomico basato su spettroscopia NMR nella valutazione del ruolo del microbiota intestinale in malattie come il diabete di tipo 1, il tumore del polmone [4], la sarcopenia nella cirrosi epatica [5].

[1] Sanders GD, Neumann PJ, Basu A et al. *JAMA* **2016**, 316, 1093-103.

[2] Edison AS, Colonna M, Gouveia GJ et al. *Anal. Chem.* **2021**, 93, 478-499.

[3] Rinschen MM, Ivanisevic J, Giera M et al. *Nat. Rev. Mol. Cell. Biol.* **2019**, 20, 353-367.

[4] Vernocchi P, Gili T, Conte F et al. *Int. J. Mol. Sci.* **2020**, 21(22):8730.

[5] Ponziani FR, Picca A, Marzetti E et al. *Liver. Int.* **2021**, 41, 1320-1334.