



Resistenza agli antibiotici tra i bifidobatteri intestinali umani

Gennaio 2023

Durante i primi mesi dopo la nascita, i bifidobatteri rappresentano una delle componenti dominanti del microbiota intestinale umano, ma finora si avevano scarse conoscenze del loro armamentario genico di antibiotico-resistenza (resistoma).

Nello studio [Prevalence of Antibiotic Resistance Genes among Human Gut-Derived Bifidobacteria](#) pubblicato nel 2017 su *Applied and Environmental Microbiology*, i ricercatori hanno valutato il resistoma del genere *Bifidobacterium* sulla base di dati fenotipici e genotipici di membri di tutte le specie di bifidobatteri attualmente riconosciute.

Il fenomeno dell'antibiotico-resistenza

La diffusione della resistenza agli antibiotici tra le comunità batteriche ha rappresentato una delle principali preoccupazioni sin dalla scoperta degli antibiotici nel secolo scorso. Il rischio di trasferimento genetico di geni di resistenza tra microrganismi è stato ampiamente studiato a causa della sua rilevanza per la salute umana.

Al contrario, ci sono solo limitate informazioni disponibili sulla resistenza agli antibiotici tra i microrganismi commensali dell'intestino umano come i bifidobatteri, che sono ampiamente sfruttati dall'industria alimentare o a scopo salutistico come integratori probiotici. In questo studio, oltre ad esplorare la presenza di geni di resistenza agli antibiotici nei genomi dei bifidobatteri, è stata anche valutata la loro mobilità genetica verso altri microrganismi commensali intestinali.

Caratteristiche del microbiota intestinale bifidobatterico infantile

I bambini sani nati a termine ed allattati al seno mostrano una percentuale media più alta di letture metagenomiche corrispondenti ai bifidobatteri, pari al 6,1% rispetto allo 0,1% degli adulti, mentre i neonati pretermine e i bambini trattati con antibiotici hanno mostrato una media dell'1,5%. Ciò è coerente con i precedenti risultati a sostegno del comportamento ecologico dei bifidobatteri come microrganismi intestinali centrali dell'intestino umano sano durante la fase di allattamento.

Il confronto tra i set di dati del resistoma bifidobatterico e del metagenoma intestinale di adulti e neonati mostra che la comunità bifidobatterica presente nella prima settimana dopo la nascita possiede un resistoma ridotto rispetto a quello presente nella popolazione bifidobatterica nelle settimane successive.

Valutazione della sensibilità antibiotica dei bifidobatteri

La suscettibilità verso otto diversi antibiotici, cioè ampicillina, vancomicina, gentamicina, streptomina, eritromicina, tetraciclina, cloramfenicolo e clindamicina, che rappresentano quelli indicata dall'EFSA, è stata determinata per 91 ceppi di *Bifidobacterium*, tutti componenti della lista di Presunzione Qualificata di Sicurezza (QPS) dell'EFSA, come *Bifidobacterium bifidum*, *Bifidobacterium breve*, *Bifidobacterium adolescentis*, *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* e *Bifidobacterium animalis* spp.

Si evidenzia una distribuzione unimodale della resistenza agli antibiotici nei confronti dell'ampicillina, vancomicina, gentamicina, eritromicina, clindamicina e cloramfenicolo per tutte le specie bifidobatteriche dell'elenco QPS, mentre si sono osservate variazioni della suscettibilità a streptomina e tetraciclina a livello intraspecifico per *B. bifidum* così come *B. breve* e per *B. bifidum*, *B. animalis* e *B. adolescentis*, rispettivamente.

Origine del resistoma bifidobatterico

Le informazioni raccolte indicano che la resistenza agli antibiotici nei bifidobatteri non sembra seguire un percorso di evoluzione verticale ma potrebbe essere stato acquisito attraverso un trasferimento genico orizzontale. In particolare, il 6% del resistoma bifidobatterico sembra essere stato acquisito da generi microbici come *Gardnerella* e *Lactobacillus*, taxa batterici che condividono la stessa nicchia ambientale dei bifidobatteri.

I risultati indicano che solo una piccola frazione (1%) del resistoma rilevato nel genere *Bifidobacterium* risiede in elementi mobili, che possono facilitare il trasferimento dei geni di antibiotico-resistenza ad altri batteri. La distribuzione di tali geni tra i bifidobatteri può quindi essere dovuta a pressione selettiva imposta dall'ampio uso di antibiotici nei loro ospiti animali e umani, un fenomeno che si ritiene rappresenti un esempio di coevoluzione microbo-ospite.

Importanza dei bifidobatteri nell'intestino infantile

I dati dello studio mostrano che le comunità bifidobatteriche nell'intestino del neonato possiedono un arsenale di antibiotico-resistenza ridotto rispetto a quello presente nel microbiota intestinale bifidobatterico di un bambino più grande.

Questi dati rafforzano l'idea che il microbiota intestinale infantile, in particolare quello presente durante le prime settimane dopo il parto, sia più soggetto a perturbazioni in seguito a terapia antibiotica e può quindi essere altamente suscettibile a disturbi a lungo termine.

La terapia antibiotica può quindi prevenire o ritardare il successivo sviluppo di un normale microbiota, con tutte le conseguenze che questo comporta a livello di una corretta maturazione del sistema immunitario.