



Microbiota dell'apparato digerente e glutine nella celiachia

Ottobre 2023

Studi recenti hanno dimostrato che il metabolismo del glutine è strettamente correlato al microbiota del tratto gastrointestinale (GIT).

Con la crescente prevalenza della malattia celiaca (CD), vi è la necessità di trattamenti alternativi e/o complementari alla GFD. La review del 2021 [“Gastrointestinal microbiome and gluten in celiac disease”](#) ha esaminato la relazione tra glutine e microflora dell'apparato digerente, l'effetto della GFD sulla microflora gastrointestinale e l'effetto dei probiotici sulla celiachia.

Glutine e flora orale

Al momento, la maggior parte degli studi si limitano in gran parte ad esplorare la relazione tra microflora e malattie intestinali. Tuttavia, il cavo orale è il primo organo digestivo che entra in contatto con il cibo ed è direttamente correlato alle malattie dell'apparato digerente. Pertanto, il microbiota salivare dovrebbe essere ulteriormente analizzato per migliorare la descrizione delle caratteristiche del microbiota del tratto digestivo.

Sebbene gli alimenti contenenti glutine rimangano per breve tempo nella cavità orale, il numero e le tipologie di batteri presenti nella saliva sono significativamente maggiori rispetto a quelli colonizzati nello stomaco e nel duodeno. I ricercatori hanno scoperto che il metabolismo iniziale della gliadina nella cavità orale può essere correlato ai generi *Rothia*, *Actinomyces*, *Neisseria* e *Streptococcus* che colonizzano la cavità orale.

Ad esempio, il peptide 33-mer dell'alfa-gliadina, altamente immunogenico e resistente alle proteasi, potrebbe essere completamente degradato dai batteri della placca dentale per ridurre l'immunogenicità.

La gliadina induce direttamente la disbiosi della flora intestinale

Nei pazienti celiaci l'equilibrio tra la microflora intestinale e il corpo umano potrebbe essere alterato dalla gliadina.

Dalla bocca e dallo stomaco, grandi quantità di gliadina non degradata vengono spinte nell'intestino tenue e crasso; ciò fornisce abbondante substrato nutritivo a diversi batteri nella cavità intestinale, promuovendo così la riproduzione dei batteri che degradano la gliadina.

Il microbiota duodenale di pazienti con CD attiva presentano un aumento dell'abbondanza di *Proteobacteria*, mentre l'abbondanza di *Firmicutes* e *Actinobacteria* diminuisce.

La gliadina non degradata viene trasportata dall'intestino tenue all'intestino crasso.

A causa dell'ampia biodiversità dei geni batterici nell'intestino crasso e dei loro diversi percorsi biochimici dal corpo umano, alcuni microrganismi intestinali hanno la capacità di metabolizzare la gliadina.

I ricercatori hanno scoperto che esiste un microbiota legato al metabolismo della gliadina nell'intestino, rappresentato dai generi *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Clostridium* e *Bifidobacterium*.

La gliadina interagisce col microbiota per indurre infiammazione intestinale

I ricercatori non possono determinare se la disbiosi del microbiota intestinale sia il risultato della malattia celiaca o un fattore ambientale per la malattia celiaca, oppure entrambe le cose.

Quello che è certo è che la gliadina evoca una disfunzione della barriera intestinale, che porta alla crescita eccessiva e alla traslocazione dei batteri patogeni intestinali, con conseguente squilibrio microecologico intestinale.

Lo squilibrio microecologico attiva la risposta immunitaria infiammatoria regolando le cellule B e T. I fattori infiammatori possono aumentare ulteriormente la permeabilità della mucosa intestinale distruggendo le cellule epiteliali intestinali e aggravando la malattia celiaca.

La risposta immunitaria della mucosa intestinale può distruggere direttamente la barriera biologica, influenzando così l'omeostasi microbica.

Lo squilibrio della flora, o disbiosi, agisce come fattore patogeno per contrastare la malattia celiaca, formando così un circolo vizioso che perpetua l'infiammazione.

