

## Buongiorno, mi presento: Sono il microbiota

Paola Pini

Ambulatorio Ulcere Cutanee Ospedale di Gazzaniga, ASST Bg EST, Gazzaniga, Bergamo, Italia

Sono costituito da batteri, virus, funghi e altri organismi eucarioti unicellulari e colonizzo ogni superficie dell'organismo umano che sia in contatto con l'ambiente esterno: intestino, cute, cavo orale, vie aeree, genitali, e vie urinarie.

Sono costituito da non meno di 100.000 miliardi di microorganismi che sono dieci volte più numerosi delle cellule dell'organismo umano e che appartengono a centinaia di specie diverse; ho un corredo genetico dai 3 agli 8 milioni di geni: tenete presente che il DNA dei 10.000 miliardi di cellule che compongono l'organismo umano è costituito "solo" da circa 20.000 geni.<sup>1</sup>

Le mie colonie più numerose, circa il 70%, sono localizzate nel tratto gastrointestinale, in particolare nel colon; sulla superficie cutanea conto circa mille miliardi di elementi, ma colonizzo anche derma, ghiandole sebacee, sudoripare e follicoli piliferi in un rapporto di 1.3:1 microorganismi/cellule umane.<sup>2</sup> All'incirca un milione di batteri x cmq.<sup>3</sup>

Il mio peso totale raggiunge, in un essere umano, almeno 1.5 Kg, più del fegato e quasi il doppio del cuore.<sup>1</sup>

Le conoscenze approfondite sulle mie caratteristiche sono piuttosto recenti. Da quando è stato chiaro che con l'esame colturale tradizionale era possibile coltivare solo una frazione esigua del mio intero, si è intrapreso lo studio del mio patrimonio genetico. Con la tecnica del sequenziamento dell'RNA ribosomiale viene determinata la sequenza del gene per la subunità 16s dell'RNA ribosomiale che è condiviso da tutti i batteri, ma non dagli esseri umani e che funziona come un "codice a barre" per identificare e contare i microorganismi presenti. Per i funghi, invece, viene codificata la subunità 18s RNA. Con la più recente tecnica della *shotgun metagenomic sequencing*, si è in grado ora di ricostruire anche il genoma di virus e microeucarioti e quindi di ampliare le conoscenze su di me come "Microbioma" nella consapevolezza che ancora molto si conoscerà in futuro.<sup>3</sup>

Corrispondenza: Paola Pini, Ambulatorio Ulcere Cutanee Ospedale di Gazzaniga, ASST Bg EST, Via Manzoni 130, 24025 Gazzaniga, Bergamo, Italia.  
E-mail: paolapini.mmg@libero.it

Parole chiave: Microbioma cutaneo; sequenziamento di nuova generazione; microbioma.

Conflitto di interessi: L'autore dichiara l'assenza di conflitti di interessi.

Disponibilità di dati e materiali: Tutti i dati analizzati in questo studio sono disponibili nel presnete articolo.

Approvazione etica e consenso alla partecipazione: Non applicabile.

Consenso alla pubblicazione: Non applicabile.

Ricevuto per la pubblicazione: 28 settembre 2021.  
Accettato per la pubblicazione: 28 settembre 2021.

This work is licensed under a Creative Commons Attribution Non-Commercial 4.0 License (CC BY-NC 4.0).

©Copyright: the Author(s), 2022  
Licensee PAGEPress, Italy  
Italian Journal of Wound Care 2022; 6(1):82  
doi:10.4081/ijwc.2022.82

### BIBLIOGRAFIA

1. Pignatti M. Dermobiotica. Alimentazione, microbiota, pelle. Ed. Minerva Medica; 2018.
2. Ederveen THA, Smits JPH, Boekhorst J, et al. Skin microbiota in health and disease: From sequencing to biology. *J Dermatol* 2020;47:1110-8.
3. Ferretti P, Farina S, Cristofolini M, et al. Experimental metagenomics and ribosomal profiling of the human skin microbiome. *Exp Dermatol* 2017;26:211-9.