

2.12

IL DISTURBO DA USO DI ALCOL E IL MICROBIOTA BATTERICO INTESTINALE: VERSO UN POSSIBILE APPROCCIO INTEGRATO E PERSONALIZZATO DI PREVENZIONE E CURA. UNA REVISIONE DELLA LETTERATURA

**Capretti N.*^[1], Gennari R.^[1], Ferrara A.^[1], Terracina S.^[4],
Greco G.^[2], Mastrostefano A.^[3]**

^[1]Dipartimento di Fisiologia e Farmacologia, Sapienza Università di Roma ~ Roma ~ Italy, ^[2]Dipartimento di Scienze della Vita e Sanità Pubblica, Università Cattolica del Sacro Cuore Roma ~ Roma ~ Italy, ^[3]Dipartimento Salute Mentale e Dipendenze, ASST Ovest Milanese ~ Milano ~ Italy,
^[4]Dipartimento di Scienze Diagnostiche, A.O. Universitaria Sant'Andrea ~ Roma ~ Italy

Il Disturbo da Uso di Alcol costituisce un burden in Sanità Pubblica. I pathway neurobiologici multifattoriali includono il microbiota intestinale. Gli studi scientifici distinguono batteri "protettivi", "predisponenti" e "ambivalenti". L'analisi della biodiversità consente un approccio integrato per indirizzare stili di vita e trattamenti.

Introduzione

Il Disturbo da Uso di Alcol (DUA), il più diffuso tra tutti i disturbi da uso di sostanze, comporta una compromissione per l'individuo e costituisce un burden sociale ed economico per la Sanità Pubblica. Il percorso clinico-assistenziale prevede una presa in carico con valutazioni specialistiche, trattamenti farmacologici, psicoterapia e assistenza socio-sanitaria.

Considerata la complessità e la multifattorialità del DUA, è necessario comprendere i pathway neurobiologici coinvolti, inclusa l'interazione tra il sistema nervoso enterico e il sistema nervoso centrale. Condizioni di squilibrio o alterazione del microbiota intestinale contribuiscono alla neuroinfiammazione. In particolare, il microbiota e le sue possibili alterazioni influenzano l'ezziopatogenesi di numerose alterazioni dello stato di salute, tra le quali il DUA.

Lo studio si propone l'obiettivo di mappare e descrivere le caratteristiche delle evidenze scientifiche presenti in letteratura sul ruolo del microbiota batterico nel DUA, evidenziando i principali aspetti dal punto di vista microbiologico.

Materiali e Metodi

La mappatura delle evidenze scientifiche è stata effettuata attraverso una ricerca degli studi della letteratura tramite una stringa di ricerca, costituita da keyword interconnesse, consultando 3 database: MEDLINE (via PubMed), CINAHL Complete (via EBSCOhost) e APA PsycInfo (via EBSCOhost). Gli studi sono stati individuati e selezionati secondo il metodo PRISMA-ScR in base alla tipologia (studi primari), alla lingua (inglese) e alla disponibilità di full text.

I criteri di eleggibilità sono stati i seguenti: popolazione umana affetta da DUA con età maggiore di 18 anni, presenza di esami di laboratorio per l'analisi del microbiota e l'associazione tra microbiota, inteso come fattore protettivo o predisponente nel DUA. Dopo la lettura dei full text, è stata completata l'inclusione degli studi. L'intero processo è stato illustrato nel diagramma di flusso (Figura 1). Successivamente sono state eseguite l'estrazione, la raccolta e la sintesi dei dati in apposite tabelle, individuando le caratteristiche degli studi, le caratteristiche della popolazione e tracciando una classificazione tassonomica relativa al microbiota batterico.

Risultati

La ricerca bibliografica ha prodotto inizialmente 585 contributi scientifici, pubblicati fino a maggio 2025. Sono stati eliminati 85 duplicati; il processo di selezione e inclusione ha condotto a 9 studi (Figura 1). Gli studi selezionati sono stati pubblicati dal 2021 al 2025.

L'attività scientifica è rilevante in Europa (Belgio, Finlandia, Francia e Irlanda) e negli USA, seguiti da Cina e Corea del Sud. La maggior parte degli studi è di tipo osservazionale e in particolare si distinguono 4 studi multicentrici. In 2 studi la popolazione osservata è di solo sesso maschile, mentre nei restanti 7 studi entrambi i sessi sono rappresentati. In quasi tutti gli studi la popolazione risulta essere anche affetta da comorbidità psichiatriche.

Una prima classificazione tassonomica dei batteri rilevati con le metodiche di analisi nei 9 studi ha condotto all'individuazione di 22 famiglie, raggruppabili in 10 classi. Analizzando gli studi è stato possibile individuare un gruppo di famiglie "protettive", che in ordine di frequenza sono: Bifidobacteriaceae, Lactoba-cillaceae, Rikenellaceae, Oscillospiraceae. È emerso anche un gruppo di famiglie "predisponenti" per lo sviluppo del DUA, tra le quali risultano più rappresentate: Veillonnellaceae, Tannerelaceae, Yersiniaceae e Enterobacteriaceae. Tuttavia, alcune famiglie, come le Lachnospiraceae e le Clostridiaceae, includono generi sia protettivi che predisponenti.

Conclusioni

Da una prima interpretazione dei risultati emerge come differenti composizioni del microbiota intestinale siano associate diversamente al DUA. Si distinguono

batteri "protettivi", "predisponenti" e in alcuni casi "ambivalenti". Considerata la ridotta numerosità degli studi, è necessario considerare l'avvio di ulteriori studi clinici, più ampi e a lungo termine, per comprendere meglio le possibili correlazioni, effettuando ulteriori approfondimenti microbiologici e neuro-farmacologici.

In una logica di prevenzione e di cura, la biodiversità del microbiota può essere analizzata per facilitare un approccio integrato alla persona con DUA, indirizzando cambiamenti di stili di vita e combinando trattamenti personalizzati, al fine di favorire o ripristinare l'equilibrio del microbiota batterico.

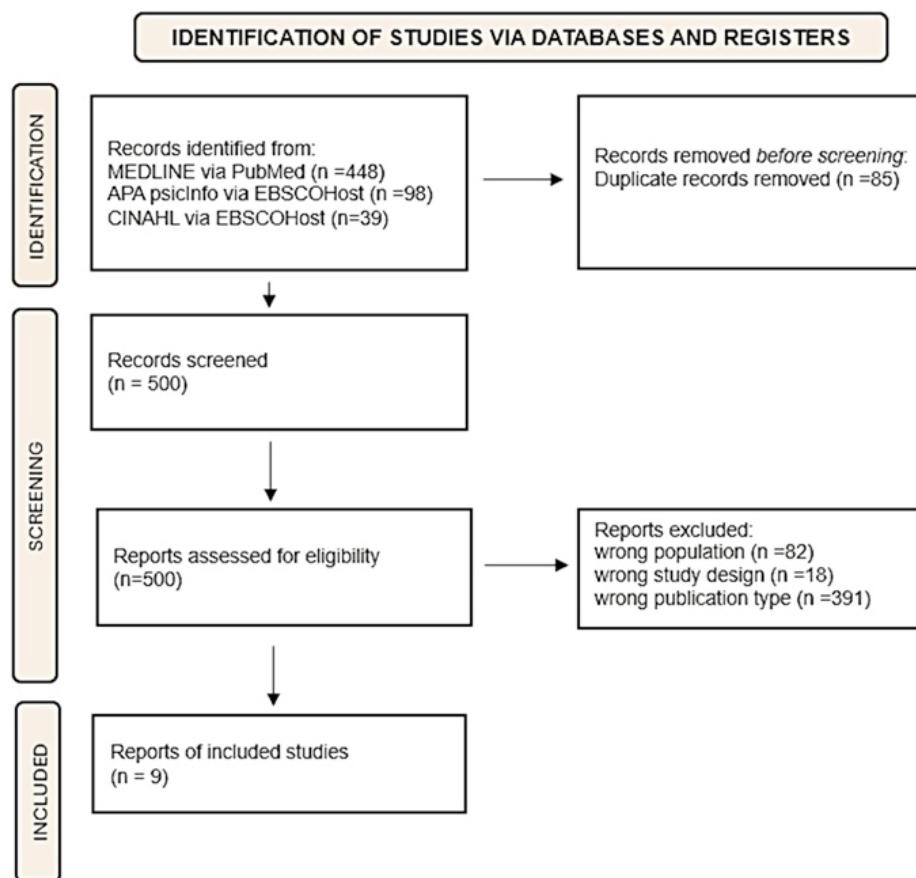


Figura 1. Flow Chart del processo di selezione degli studi.