

Nutrizione e invecchiamento attivo mediante l'analisi del microbioma intestinale e delle varianti genetiche umane

Stefania Vendramin, PhD

SalusNet - BMR Genomics



Al servizio della Ricerca, della Diagnostica e dell'Innovazione da 20 anni



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

BMR nasce come spin-off
unipd all'interno del CRIBI

2004

Azienda partner nei progetti
europei Fishboost e
Aquatrace. Intro Cell Profile

2012

2008

Intro Next-Generation
Sequencing (Roche 454).
ISO 9001. Premio Start-up
dell'anno

2015

Intro Micro Molecolare 16S
NGS. Gruppo Ribes-Nest.
Nasce test microbioma
italiano (SalusBioma®)



Nasce SalusNet come
network dei professionisti
della salute.

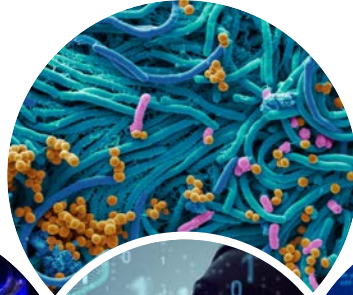
2022

2023

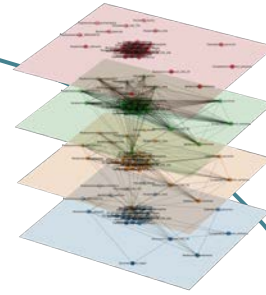
Intro a ChrySalus®
Nutrition e Active-Aging.



**Analisi del
Microbioma**



**Community
Detection**



Bioinformatica



Research Article | [Open Access](#) |
Published: 25 January 2018
**Scuba: scalable kernel-based gene
prioritization**

**Prioritization
Tools**

Software | [Open Access](#) | [Published: 28 April 2017](#)
**QueryOR: a comprehensive web
platform for genetic variant
analysis and prioritization**

**Analisi
Genetica**



**Automazione
di Laboratorio**



Sanger-seq

Auth. linee cellulari

Next Generation Sequencing

Bioinformatics

Progetti Custom / Collaborazioni

Shotgun Metagenomics

WExomeS / WGenomeS

Long-read seq

Metabarcoding: 16S, ITS, 18S, COI

Transcriptomics

OPEN Insights on the bacterial composition of Parmigiano Reggiano Natural Whey Starter by a culture-dependent and 16S rRNA metabarcoding portrait

Laura Sola¹, Emanuele Quadri¹, Elena Bortolazzo², Loris Bertoldi³, Cinzia L. Randazzo^{4,5}, Valentina Pizzaniglio⁶ & Lisa Solieri^{1,7*}



International Journal of
Molecular Sciences



Article

New Insights into Pediatric Kidney Transplant Rejection Biomarkers: Tissue, Plasma and Urine MicroRNAs Compared to Protocol Biopsy Histology

Andrea Carraro¹*, Piera De Gaspari^{1,2,*}, Benedetta Antonello¹, Diana Marzenta^{1,3}, Emanuele Vianello³, Benedetta Bussolati⁴, Stefania Tritta⁴, Federica Collino^{5,6}, Loris Bertoldi⁷, Giuseppe Benvenuto⁷, Luca Vedovelli⁸, Elisa Benetti^{1,3,9} and Susanna Negrisola^{1,3,9}

¹ Laboratory of Immunopathology and Molecular Biology of the Kidney, Department of Women's

GUT MICROBES
2022, VOL. 14, NO. 1, e2028366 (12 pages)
https://doi.org/10.1080/19490976.2022.2028366



Taylor & Francis
Taylor & Francis Group

RESEARCH PAPER

OPEN ACCESS Check for updates

A specific microbiota signature is associated to various degrees of ulcerative colitis as assessed by a machine learning approach

Brigida Barberio¹, Sonia Facchin¹, Ilaria Patuzzi¹, Alexander C. Ford^{2,3}, Davide Massimi⁴, Giorgio Valle⁵, Eleonora Sattin⁶, Barbara Simonati⁶, Elena Bertazzo⁷, Fabiana Zingone⁸, and Edoardo Vincenzo Savarino⁹

¹Division of Gastroenterology, Department of Surgery, Oncological and Gastroenterological Sciences, University of Padua, Padua, Italy; ²Research & Development Division, EdüBiome Srl, Via della Croce Rossa 112, Padova, Italy; ³Leeds Gastroenterology Institute, St. James's University Hospital, Leeds, UK; ⁴Leeds Institute of Biomedical and Clinical Sciences, University of Leeds, Leeds, UK; ⁵Department of Biology and Cribi Biotechnology Centre, University of Padova, Padova, Italy; ⁶BMR Genomics, Via Redipuglia 22, Padova, Italy

frontiers | Frontiers in Nutrition

TYPE Original Research
PUBLISHED 25 October 2022
DOI 10.3389/fnut.2022.979653

Check for updates

OPEN ACCESS

EDITED BY
Aliy Nuzik,
University of Health Sciences, Turkey

REVIEWED BY
Francois-Pierre Martin,
HBM Group, Switzerland
Thérèse Le Roy,
INSERM UMRS 1269 Nutrition et
Obésités (Nutriminque), France

*CORRESPONDENCE
Antonio Paoli
antonio.paoli@unipd.it

SPECIALTY SECTION

Effect of 30 days of ketogenic Mediterranean diet with phytoextracts on athletes' gut microbiome composition

Laura Mancini^{1,2}, Stefano Amatori³, Massimiliano Caprio^{4,5}, Eleonora Sattin⁶, Loris Bertoldi⁶, Lorenzo Cenci^{1,2}, Davide Sisti¹, Antonino Bianco⁷ and Antonio Paoli^{1,2,8*}

¹Department of Biomedical Sciences, University of Padua, Padua, Italy; ²Human Inspired Technology

Piattaforma sviluppata a disposizione della salute che fornisce un punto di riferimento nella consulenza genetica e della nutrizione umana, riducendo la distanza tra professionisti e pazienti

An innovative platform, where doctors meet their patients

Health Professionals

A bridge towards high quality professional counseling

A landmark for nutritional and genetic counseling

salusnet

Full management of:

- Patient cases
- Kit orders
- Reports
- Counseling

salusnet.eu

info@salusnet.eu





REPORT ANALISI SALUSBIOMA® MYCO

www.salusbioma.it

Processati **23.000** campioni

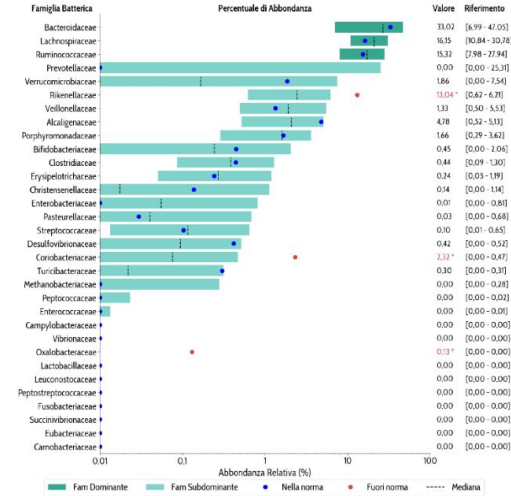


- ✦ Primo analisi del microbioma intestinale in Italia (2015).
- ✦ Mediante il sequenziamento del gene **16S** o **ITS2** rileva lo stato di **disbiosi** riuscendo a correlare con lo stile di vita e nutrizione.
- ✦ Tassonomia, metabolismo e funzioni sistemiche del microbioma intestinale.
- ✦ **Professionisti Collaboratori:** commenti personalizzati, aggiornamenti e consulenze per l'interpretazione del referto.



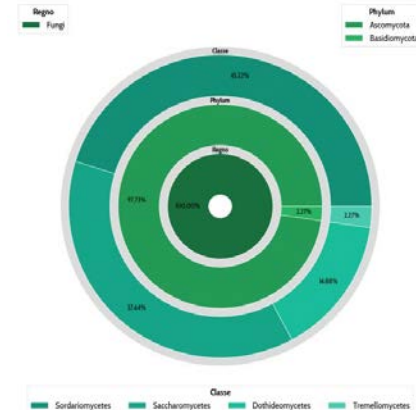
Microbioma

- Indice di biodiversità
- Indice di disbiosi
- Phyla batterici principali
- Batteri rari / benefici / patogeni
- Stima del potenziale metabolico e fermentativo, sintesi delle vitamine
- □ -glucuronidasi, TMA, glutine e istamina



Micobioma

- Percentuale phyla fungini
- Abbondanze relative dei taxa fungini
- Rapporto Basidiomycota / Ascomycota
- Generi fungini rilevanti
- Miceti clinicamente rilevanti

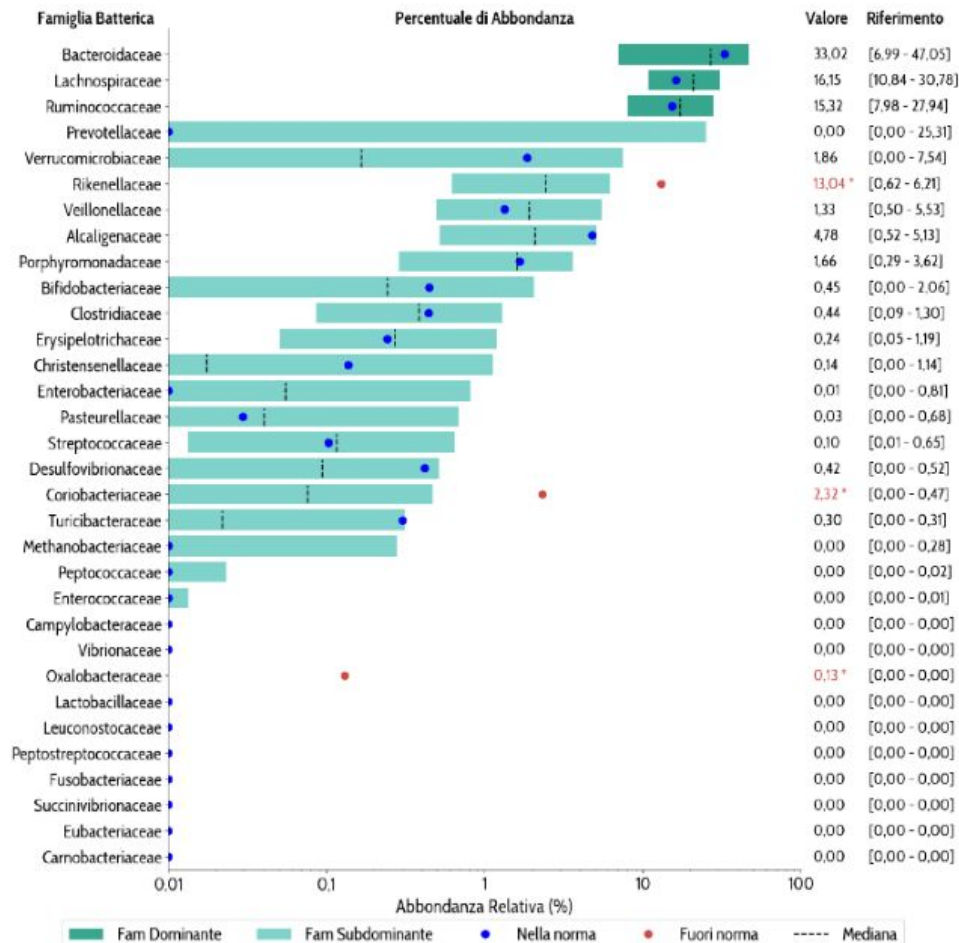


Famiglie batteriche principali

Le famiglie batteriche sono raggruppamenti di generi microbici che mostrano una funzione relativamente simile e studiata nel microbiota intestinale umano.

L'intervallo di riferimento è rappresentato dai box verde scuro e verde chiaro e dalle linee laterali. I valori degli intervalli e dei dati sono descritti a destra di ogni box. L'asterisco (*) ed il colore rosso indicano un valore fuori range. Ogni box verde del grafico mostra una linea tratteggiata nel punto in cui è più probabile trovare il dato dei soggetti sani.

Ogni punto indica la percentuale con la quale una determinata famiglia batterica è presente sul totale dell'ecosistema batterico del campione. Le famiglie identificate da un punto rosso possono costituire un elemento di disbiosi poiché sono presenti con un'abbondanza superiore o inferiore rispetto ai parametri considerati per i controlli sani, mentre le famiglie che rientrano nei parametri sono rappresentati da un punto blu.



Stima del potenziale metabolico

I batteri intestinali producono diverse molecole rilevanti per la salute, tra cui gli acidi grassi a catena corta (butirato, acetato, propionato) per l'energia e la protezione dell'intestino, l'acido lattico per lo scudo intestinale e il lipopolisaccaride per l'allenamento del sistema immunitario.

La freccia stima l'efficienza metabolica del microbiota intestinale nelle principali funzioni fisiologiche in cui è coinvolto: il verde se l'attività è ottimale, il giallo se in leggero eccesso o carenza o il rosso se eccessivamente alta o carente.

NB: Il test non effettua un'analisi quantitativa dei metaboliti, ma esprime esclusivamente il potenziale del microbiota rispetto a determinate attività metaboliche.

Funzione Metabolica	Carenza << Optimum >> Eccesso
Acido Butirico	
Acido Acetico	
Acido Propanoico	
Acido Lattico	
Acido Solfidrico	
Lipopolisaccaride	
Attività Mucolitica	
Attività Proteolitica	



CHRYSALUS

Processati **27.000** campioni



Analisi delle variante genetiche (SNPs / polimorfismi)



SNP che contribuiscono a tratti complessi e sono usati come marcatori biologici



Predisposizioni genetiche studiate scientificamente



Report Nutrition + Active-Aging



Bead-based microarray technology

Global Screening Array

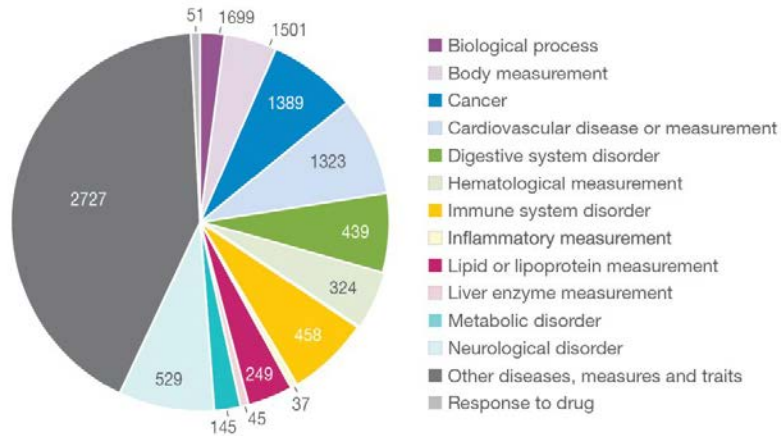


Figure 7: NHGRI Disease Categories– Infinium GSA-24 v1.0 BeadChip clinical research content features over 7000 markers across 20 disease categories based on the NHGRI database.

Illumina GSA Datasheet

ChrySalus Custom Content

~ 2000 SNPs correlati con la salute e benessere

Methylation Arrays

Livello di metilazione di oltre 930.000 siti di metilazione in tutto il genoma umano alla risoluzione di un singolo nucleotide



Nutrition

- Lattosio
- Celiachia
- Istamina
- Carboidrati
- Lipidi
- Caffeina
- Vitamine
- Omocisteina
- Capacità Antiossidante
- Capacità Detossificante
- Risposta Infiammatoria



Active-Aging

- Sarcopenia
- Osteoporosi
- Lesioni articolari
- Tolleranza allo Stress
- Memoria
- Funzioni Cognitive
- Stress Ossidativo
- Glicazione
- Skin-aging
- Immunosenescenza
- Inflammaging

PANORAMICA DI RISULTATI

Nutrition

Analisi	Risultato	Commento
Carboidrati		Elevata predisposizione alla sensibilità ai carboidrati
Colesterolo HDL		Livelli di colesterolo-HDL più alti
Colesterolo LDL		Livelli di colesterolo-LDL più alti
Massa Corporea		Predisposizione intermedia all'aumento del peso corporeo
Metabolismo dell'omocisteina		Predisposizione a livelli intermedi di omocisteina
Predisposizione alla Celiachia		Varianti identificate
Intolleranza al Lattosio		Alta predisposizione all'intolleranza al lattosio
Vitamina D		Bassa predisposizione ai disturbi correlati a BMD
Vitamina E		Predisposizione a livelli bassi di vitamina E
Stress Ossidativo		Risposta antiossidante protettiva
Capacità Detossificante - Fase I		Metabolizzatore lento di fase I - minore attività del CYP1A2
Capacità Detossificante - Fase II		Metabolizzatore rapido di fase II - maggiore attività COMT
Inflammaging		Risposta infiammatoria media

PANORAMICA DI RISULTATI

Active Aging

Analisi	Risultato	Commento
Sarcopenia	84	Bassa predisposizione alla sarcopenia
Osteoporosi	67	Bassa predisposizione all' osteoporosi
Lesioni alle Articolazioni	34	Predisposizione intermedia a lesioni delle articolazioni
Tolleranza allo Stress	54	Predisposizione intermedia allo stress
Memoria	13	Alta predisposizione
Funzioni Cognitive	AG	Attività COMT e livelli di dopamina intermedi
Inflammaging	60	Risposta infiammatoria media
Immunosenescenza	22	Alta predisposizione all'immunosenescenza
Stress Ossidativo	100	Risposta antiossidante protettiva
Glicazione	50	Predisposizione intermedia alla glicazione
Skinaging Chrono	65	Predisposizione intermedia al chrono-aging
Skinaging Photo	85	Predisposizione bassa al photo-aging

Componenti di ogni sezione

Predisposizione a
MEMORIA

Il modo in cui percepiamo il mondo che ci circonda attraverso i nostri sensi è immagazzinato brevemente dalla **memoria sensoriale**, che poi trasferisce le informazioni nella memoria a breve termine, che a sua volta le trasferisce alla **working memory** (memoria di lavoro). La corteccia cerebrale è coinvolta nella working memory, un sistema di capacità che consente l'archiviazione temporanea e la manipolazione continua delle informazioni necessarie per eseguire compiti complessi come la comprensione, l'apprendimento e il ragionamento.

D'altra parte, la **memoria a lungo termine** è un archivio avente capacità quasi illimitata, ci consente di memorizzare informazioni per periodi di tempo più lunghi ed è composta da memoria esplicita e implicita. La **memoria esplicita** si riferisce all'informazione che viene evocata consciamente e include la memoria episodica e semantica. La **memoria implicita** comprende tutti i ricordi inconsci, nonché determinate abilità e capacità. La **memoria episodica** richiede l'ippocampo e la corteccia adiacente, ed implica la consapevolezza cosciente delle esperienze personali che si verificano nella vita quotidiana come ricordare fatti, eventi, persone e oggetti.

La clusterina ha un'azione protettiva sul cervello. Il gene che la codifica presenta una variante genica (rs11136000), il cui allele T sembra avere un effetto protettivo contro la perdita di memoria. La proteina PICALM agisce nelle sinapsi, connessioni fra le cellule del cervello, ed è coinvolta nella formazione della memoria. L'allele A del polimorfismo rs3851179 del gene PICALM è stato associato a un miglior funzionamento cognitivo ed ha una funzione protettiva contro la perdita della memoria.

Il tuo risultato

Livello di protezione | **Bassa predisposizione**
88%

Rischioso | Protettivo

Lo sapevi che...

- La privazione del sonno può portare alla perdita della memoria
- La memoria non è infinita e non esistono memorie eterne
- La memoria decade con il tempo ma la si può allenare per preservarla
- Individui che imparano velocemente, raramente dimenticano

15

Introduzione
Generale

Informazioni
Genetiche

Risultato
Genetico

Informazione
pratica

Intolleranza all'istamina

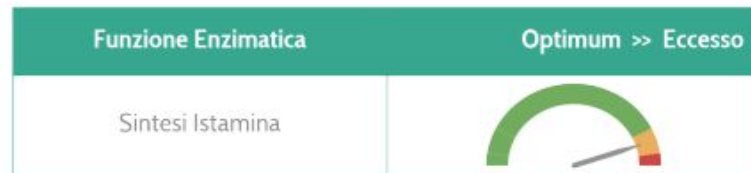
Importante nella risposta infiammatoria e autoimmune. Il livello interno di istamina dipende da un equilibrio tra la sua produzione endogena, l'acquisizione con gli alimenti e la sua degradazione.

DAO (Diamino Ossidasi) ridotta con allele T

Gene	rsID	Genotipo	Effetto
DAO	rs10156191	CC	●

Sintesi dell'istamina

Diversi batteri producono istamina o ne sono influenzati, partecipando positiva o negativamente alla modulazione di attività fisiologiche.



Prospettive Future

- Tecnologia basso costo per siti **metilazione** umana
- Analisi predisposizioni genetiche correlate con lo **sport**
- Analisi predisposizioni genetiche correlate con **IBD e IBS**
- Analisi sierologiche correlate con la **permeabilità intestinale (ELISA assay)**
- Report basato su **Metagenomica**
- Sviluppo di nuovi **indici di analisi** dello stato di salute
- Analisi del **microbioma vaginale e della pelle**



Recap servizi

- Sequenziamento sanger
- Autenticazione linee cellulari
- Metagenomics
- Transcriptomics
- Whole-Genome-Sequencing
- Metabarcoding 16S, ITS, 18S, COI
- Exome-sequencing
- Long-read sequencing (MinIon)
- Bioinformatics
- Progetti custom

Contatti

Ricerca

www.bmr-genomics.it

bmr@bmr-genomics.it



SalusNet

salusnet.eu

info@salusnet.eu

