

IL TRATTAMENTO RIABILITATIVO NEI PAZIENTI BPCO PUÒ MIGLIORARE L'INTEGRITÀ DELLA MUCOSA INTESTINALE

ROBERTO PORTA¹, EVASIO PASINI², CRISTIAN TESTA³, LUCA BIANCHI¹, SIMONETTA SCALVINI², MICHELE VITACCA¹

1U.O. Pneumologia Riabilitativa, Istituti Clinici Scientifici Maugeri - Lumezzane (BS) Italia, 2U.O. Cardiologia Riabilitativa, Istituti Clinici Scientifici Maugeri - Lumezzane (BS) Italia, 3Laboratorio di Microbiologia e Virologia Clinica, Functional Point - Bergamo Italia

INTRODUZIONE

La BPCO è caratterizzata dalla progressiva limitazione del flusso aereo con elevata risposta infiammatoria polmonare. Negli stadi avanzati la BPCO è ritenuta una sindrome infiammatoria cronica sistemica viste le complesse comorbidità croniche associate. L'ecosistema intestinale ha un ruolo chiave nel processo infiammatorio cronico associato all'invecchiamento e ci sono evidenze che la composizione della flora batterica intestinale e la sua interazione con la mucosa intestinale influenzano l'infiammazione sistemica, le funzioni digestive intestinali e di assorbimento con conseguenze sul metabolismo globale del paziente.

OBIETTIVI

Lo scopo dello studio è stato di valutare la flora batterica intestinale di pazienti BPCO con fenotipo enfisematoso e valutare i possibili effetti di un programma di riabilitazione respiratoria (PRR) che è associato avere effetti positivi sui sintomi nei BPCO.

METODI

Abbiamo raccolto un campione di feci in 22 pazienti BPCO stabili di età media 67 ± 6 anni con grave alterazione funzionale ($FEV_1 46.6 \pm 18.1\%$; $FEV_1/VC 39.6 \pm 10.5$; $RV 190 \pm 41\%$; $IC 95.4 \pm 28.7\%$); 16 pazienti (73%) appartenevano allo stadio di gravità GOLD 3 e 4 e 9 di questi (56%) presentavano insufficienza respiratoria cronica (IRC). Undici pazienti (50%) al momento della raccolta del campione erano impegnati in un PRR in regime di MAAC o di degenza ordinaria (Gruppo 1) e 11 (50%) non eseguivano PRR (Gruppo 2).

RISULTATI

La funzione di barriera intestinale è risultata alterata nel 77% dei pazienti (Zonulina 194.5 ± 62 ng/ml; v.n. < 60). Disbiosi intestinale con ridotta concentrazione di Bifidi (185 ± 67 CVF/ml; v.n. > 200) e di Lactobacilli (58 ± 79 CVF/ml; v.n. > 150) era presente rispettivamente nel 63% e nel 91% dei pazienti. Nel 95% dei pazienti è stata riscontrata carica fungina elevata (189 ± 62 CVF/ml) con presenza di candida nel 32% di questi.

La funzione di barriera intestinale nel Gruppo 1 risultava significativamente meno alterata rispetto al Gruppo 2 con Zonulina rispettivamente 155 ± 126 vs 288 ± 102 ng/ml; $p < 0.05$. Il Gruppo 1 mostrava valori di carica fecale per funghi significativamente minore al Gruppo 2 rispettivamente 165 ± 62 vs 213 ± 33 CVF/ml, $p < 0.05$; non vi sono differenze per Candida e per le altre specie batteriche isolate. (vedi tabella).

Non vi sono differenze in relazione alla classe di gravità GOLD o alla condizione di IRC.

	Gruppo 1 media (ds)	Gruppo 2 media (ds)	p
Zonulina (ng/ml)	155±126	288±102	0.05
Bifidi (CVF/ml)	167±63	201±68	ns
Lactobacilli (CVF/ml)	85±105	31±31	ns
E. Coli (CVF/ml)	124.5±108	95.5±91	ns
Gruppo Kess (CVF/ml)	134±84.5	149±104.6	ns
Gruppo FMP (CVF/ml)	0	0	ns
Enterococchi (CVF/ml)	3±3.2	21±35.6	ns
Streptococchi (CVF/ml)	0.3±0.9	1.5±3.3	ns
Bacteroidi (CVF/ml)	145±73	81±49	ns
Clostridium (CVF/ml)	45.6±66	127±93	ns
Campylobacter (CVF/ml)	6±3.5	37±68	ns
Salmonella (CVF/ml)	19±44.0	20±39.7	ns
Shigella (CVF/ml)	29±63	16.7±44.7	ns
Yersinia (CVF/ml)	46.5±71	103±101.6	ns
Miceti (CVF/ml)	165±62	213±33	0.05
Candida (CVF/ml)	21±37	9±19	ns

Figura 1. Microbioma intestinale nei 2 gruppi in studio dove Gruppo 1 = pazienti in PRR e Gruppo 2 = Pazienti non in PRR; CVF/ml = formazione colonie per ml.

CONCLUSIONI

Questi dati preliminari mostrano che: a) i pazienti con BPCO presentano un'alterata funzione di barriera intestinale con massiccia colonizzazione micotica intestinale indipendentemente dallo stadio di gravità, b) se sottoposti ad un programma di training, i pazienti BPCO, sembrano presentare una carica fungina e disfunzione intestinale meno patologica.

BIBLIOGRAFIA

Pasini et al. Pathogenic Gut Flora in Patients with Chronic heart failure. JAAC: Heart Failure. Vol.4 n. 3, March 2016:220-7.