



O-073 - ANÁLISIS DE LOS PERFILES DE MICROBIOTA INTESTINAL EN TEJIDO TUMORAL Y NO TUMORAL DE PACIENTES CON CÁNCER COLORRECTAL

Vicente-Valor, Juan¹; Rivera-Alonso, Daniel²; Tesolato, Sofía¹; Picaporte Fuentes, Pablo²; Domínguez Serrano, Inmaculada²; Jaimes León, Elka²; Iniesta Serrano, María Pilar¹; Torres García, Antonio José²

¹Universidad Complutense de Madrid, Madrid; ²Hospital Clínico San Carlos, Madrid.

Resumen

Introducción: El cáncer colorrectal (CCR) es el primer cáncer en incidencia y el segundo en mortalidad en España, resultando crucial investigar biomarcadores que faciliten su diagnóstico y seguimiento. La microbiota intestinal presenta un papel relevante en la carcinogénesis colorrectal.

Objetivos: Detectar biomarcadores relacionados con la microbiota tisular colorrectal y su utilidad potencial en el manejo del CCR.

Métodos: Se realizó un estudio prospectivo con 38 pares de muestras de tejido tumoral y no tumoral de pacientes intervenidos de CCR durante los años 2020-2022. Se obtuvo aprobación del Comité de Ética y los correspondientes consentimientos informados. El ADN bacteriano se extrajo del tejido mediante el kit QIAamp™ DNA miniKit. Las regiones hipervariables del gen ARNr 16S se secuenciaron con tecnología Ion™ Torrent. Se utilizaron las herramientas *QIIME2* y *PICRUSt2* para evaluar la ? y ?-diversidad, la composición microbiana y para inferir sus funciones. El análisis discriminante lineal del tamaño del efecto (LEfSe) permitió identificar géneros bacterianos diferenciales entre los tejidos tumorales y no tumorales y calcular parámetros de sensibilidad diagnóstica. Se empleó Stata IC16,1 para el análisis estadístico y *p*-valor significativo se fijó en *p* < 0,05.

Resultados: La ? y ? diversidad fue similar entre los tejidos tumorales y no tumorales. El análisis de la abundancia de los principales filos reveló al *phylum Fusobacteriota* como el único significativamente más abundante en los tejidos tumorales (4,48 vs. 0,62%, *p* = 0,016), siendo también el género *Fusobacterium* el más abundante en tejido tumoral (puntuación LDA = 4,36, *p* = 0,019), mostrando un potencial discreto como biomarcador de tumorigénesis tisular (área bajo la curva ROC = 0,655). La composición microbiana a nivel de filos fue similar entre los tejidos tumorales y no tumorales: El *phylum Firmicutes* fue dominante en ambos tipos tisulares (43,2 vs. 43,9%), seguido de *Bacteroidota* (19,4 vs. 21,9%). *Proteobacteria* y *Actinobacteriota* estuvieron ligeramente incrementados en los tejidos no tumorales (18,5 vs. 18,9% y 11,9 vs. 12,6%, respectivamente, *p* > 0,05). Las ratios *Firmicutes/Bacteroidota* (2,04 vs. 2,03), *Firmicutes/Proteobacteria* (2,56 vs. 2,43) y *Firmicutes/Actinobacteria* (8,55 vs. 3,52) siempre resultaron superiores en los tejidos tumorales frente a los no tumorales (*p* > 0,05). En el análisis por géneros, los 20 géneros más abundantes mostraron una fuerte correlación entre su par tumoral y no tumoral ($r_{xy} > 0,5$, *p* < 0,05). Asimismo, la distribución de abundancias de estos 20 géneros también fue similar entre tejidos: *Bacteroides* fue el género predominante en tejido tumoral y no tumoral (10,4 vs. 10,4%), seguido de *Cutibacterium* (6,5 vs. 6,2%) y *Escherichia-Shigella* (4,9 vs. 5,4%). Finalmente, el estudio funcional mostró ligera preponderancia de las

rutas relacionadas con la biosíntesis de antioxidantes y la activación del sistema inmune en los tejidos no tumorales, aunque estas diferencias no fueron significativas.

Conclusiones: El análisis de la microbiota tisular colorrectal de pacientes con CCR muestra características similares entre tejido tumoral y no tumoral. Sin embargo, existen algunas diferencias en cuanto a la composición microbiana y sus características funcionales, que podrían resultar relevantes para proporcionar nuevas evidencias en relación al estudio del desarrollo del CCR en futuras investigaciones.