



<https://www.elsevier.es/gastroenterologia>

## 95 - DIFERENCIAS EN LA MICROBIOTA INTESTINAL ENTRE PACIENTES CON INFECCIÓN POR *CLOSTRIDIUM DIFFICILE* Y PACIENTES CON ENFERMEDAD INFLAMATORIA INTESTINAL

J. Amoedo<sup>1,2</sup>, S. Ramió-Pujol<sup>1</sup>, M. Serra-Pagès<sup>1</sup>, E. Park<sup>3</sup>, N. Pollock<sup>3</sup>, C. Kelly<sup>3</sup>, J. Guardiola<sup>4</sup>, A. Moss<sup>3</sup>, X. Aldeguer<sup>1,5,6</sup> y L.J. García-Gil<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>GoodGut SL, Girona. <sup>2</sup>Departament de Biologia, Universitat de Girona. <sup>3</sup>Beth Israel Deaconess Medical Center, Boston, EEUU. <sup>4</sup>Servicio de Aparato Digestivo, Hospital Universitari de Bellvitge, Hospitalet de Llobregat. <sup>5</sup>Institut d'Investigació Biomèdica de Girona-IdIBGI, Girona. <sup>6</sup>Servicio de Aparato Digestivo, Hospital Universitari Doctor Josep Trueta, Girona.

### Resumen

**Introducción:** La infección por *Clostridium difficile* (ICD) es la causa principal de diarrea asociada a antibióticos y su incidencia ha aumentado en los últimos años. Sus manifestaciones clínicas se asemejan a las de la enfermedad inflamatoria intestinal (EII). Ambas enfermedades van asociadas a disbiosis bacteriana. El objetivo de este estudio fue comparar la abundancia de diferentes marcadores bacterianos, en muestras de heces, entre pacientes con ICD y EII. Esta comparativa puede ser importante para hallar biomarcadores capaces de discriminar entre ambas enfermedades.

**Métodos:** Se recogieron 20 muestras de heces procedentes de pacientes con ICD y 22 muestras de pacientes con EII. Todas las muestras fueron recogidas en Beth Israel Deaconess Medical Center (Boston, EEUU). Todos los pacientes incluidos presentaron sintomatología clínica activa y no estaban en tratamiento con antibióticos. La abundancia relativa de los siguientes marcadores bacterianos fue determinada por qPCR: *Faecalibacterium prausnitzii* (Fpra), *Escherichia coli* (Eco), *F. prausnitzii* filogrupo I (PHG-I), *F. prausnitzii* filogrupo II (PHG-II), *Akkermansia muciniphila* (Akk), *Ruminococcus* sp. (Rum), *Lactobacillus* sp. (Lac), *Bacteroidetes* (Bac) y *Methanobrevibacter smithii* (Msm).

**Resultados:** En pacientes de ICD, la abundancia de Fpra, sus dos filogrupos (PHG-I y PHG-II) y Rum fue significativamente inferior ( $p = 0,021$ ,  $p = 0,037$ ,  $p = 0,009$  y  $p = 0,002$ , respectivamente), mientras que la abundancia de Eco y Msm fue significativamente superior ( $p = 0,044$  y  $p = 0,001$ , respectivamente).

**Conclusiones:** Los pacientes con ICD presentaron una menor abundancia de aquellos marcadores bacterianos considerados beneficiosos, como es el caso de *Ruminococcus* sp., *F. prausnitzii* y sus filogrupos y una abundancia mayor de especies con propiedades inflamatorias como *E. coli*. Estos resultados demuestran que condiciones con un fenotipo similar (síntomas y apariencia endoscópica), presentan diferencias en la microbiota intestinal que pueden ser usadas para el diagnóstico, ayudando a distinguir, claramente, un brote inflamatorio de la EII de una ICD en una EII.