



O-141 - DIFERENCIAS EN LA MICROBIOTA INTESTINAL DE PACIENTES CON Y SIN CÁNCER COLORRECTAL Y SU RELACIÓN CON EL IMC

De la Serna, Sofía¹; Rivera, Daniel¹; Dziakova, Jana¹; Domínguez, Inmaculada¹; Tesolato, Sofía²; Garré, María del Dulce Nombre¹; Iniesta, Pilar²; Torres, Antonio José¹

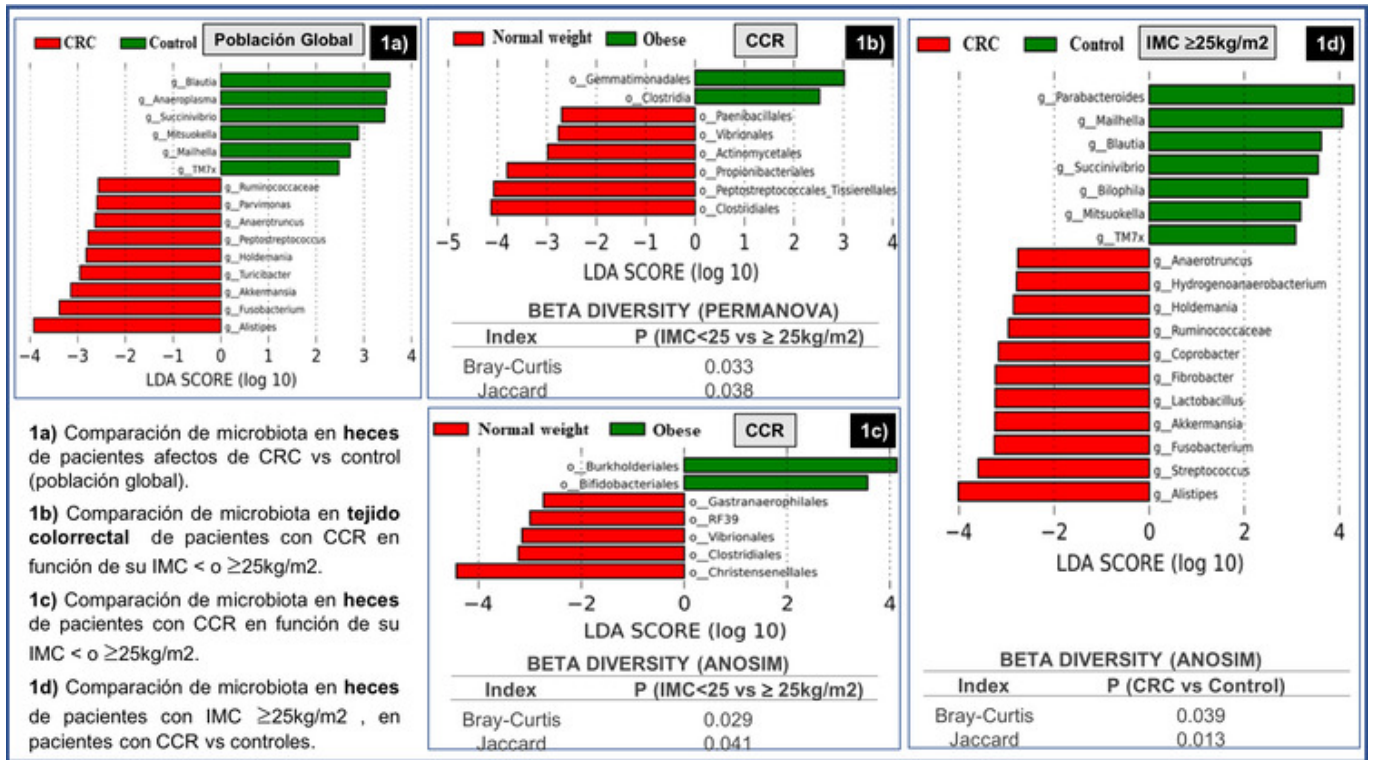
¹Hospital Clínico San Carlos, Madrid; ²Universidad Complutense, Madrid.

Resumen

Objetivos: Analizar y comparar el patrón de microbiota en pacientes con y sin cáncer colorrectal (CCR) y determinar su relación con el índice de masa corporal (IMC).

Métodos: Estudio prospectivo realizado en 2021-2022 incluyendo 23 pacientes afectados de CCR, sometidos a cirugía con intención curativa y 9 pacientes control sin CCR. Se recogieron en todos ellos, muestras de heces y en el grupo CCR además muestras de tejido colorrectal tumoral y no tumoral, para el análisis metagenómico de microbiota intestinal, mediante la amplificación del gen bacteriano del ARN ribosomal 16S y secuenciación utilizando la tecnología Ion Torrent™. Se catalogó a los pacientes como normopeso o sobrepeso/obesidad en función de su IMC inferior a 25 kg/m² o igual o superior a 25 kg/m² respectivamente. El estudio fue aprobado por el comité ético del hospital y todos los pacientes mostraron su consentimiento.

Resultados: En el grupo CCR se incluyeron 18 hombres y 5 mujeres con una edad media de 71,8 ± 2,4 años. La localización más frecuente del tumor fue colon derecho (12) seguido de colon izquierdo (7) y recto (4). Respecto al IMC, 4 pacientes presentaban IMC < 25 kg/m² y 19 ≥ 25 kg/m². El grupo control estaba formado por 3 hombres y 6 mujeres sin patología tumoral; 7 de ellos presentaban IMC ≥ 25 kg/m² y 2 presentaban IMC < 25 kg/m². Al comparar la microbiota en heces de individuos con CCR vs. controles, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas en la b-diversidad, sin embargo sí se encontraron diferencias significativas taxonómicas en cuanto a géneros y filos. En heces de pacientes CCR se objetivó una abundancia relativa significativamente mayor de *Peptostreptococcus* y *Fusobacterium* comparado con el grupo control [fig. 1a)]. Al analizar la composición de la microbiota en heces y tejido colorrectal del grupo con CCR en función de su IMC, se encontraron diferencias estadísticamente significativas tanto en b-diversidad como taxonómicas en cuanto al género entre ambos subgrupos [figs. 1b) y 1c)]. En el análisis detallado del grupo de pacientes con IMC ≥ 25 kg/m², se observaron diferencias estadísticamente significativas entre aquellos pacientes con CCR y pacientes control, en cuanto a b-diversidad y diferencias taxonómicas de la microbiota en heces, con un aumento significativo de los géneros *Fusobacterium* y *Streptococcus* en el grupo con IMC ≥ 25 kg/m² [fig. 1d)].



Conclusiones: La microbiota de las heces de pacientes afectados de CCR presentan diferencias taxonómicas respecto a los pacientes sin CCR. Además, existen diferencias estadísticamente significativas en función del IMC del paciente, en la b-diversidad de la microbiota tanto en tejido colorrectal como en heces, con un predominio de *Fusobacterium* y *Streptococcus* en el grupo de pacientes con CCR con IMC igual o superior a 25kg/m^2 . El análisis de heces parece ser un método válido para detectar microorganismos potencialmente asociados con el desarrollo de CCR y este se ve influenciado por el IMC de los pacientes.