



Gastroenterología y Hepatología



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

P-159 - BIOMARCADORES ESPECÍFICOS PARA CÁNCER COLORRECTAL Y ENFERMEDAD INFLAMATORIA INTESTINAL PRESENTAN ABUNDANCIAS PARECIDAS EN PORTADORES DEL SÍNDROME DE LYNCH SANOS Y PACIENTES CON LESIONES CANCEROSAS

M. Malagón^{1,2}, S. Ramió-Pujol¹, M. Serrano¹, J. Amoedo¹, M. Serra-Pagès¹, A. Bahí², P. Gilabert³, L. Torrealba⁴, V. Piñol⁴, M. Pineda⁵, J. Saló⁶, J. Guardiola³, M. Navarro⁵, G. Capellà⁵, A. Castells⁷, J. García-Gil^{1,8}, X. Aldeguer^{1,2,4} y J. Brunet⁵

¹GoodGut. ²Institut d'Investigació Biomèdica de Girona, IDIBGI. ³Hospital Universitari de Bellvitge, Hospitalet de Llobregat. ⁴Hospital Universitari Dr. Josep Trueta, Girona. ⁵Programa de Càncer Hereditari, Institut Català d'Oncologia, ICO. ⁶Consorti Hospitalari de Vic. ⁷Servei de Gastroenterologia, Hospital Clínic, Barcelona. ⁸Departament de Biologia, Universitat de Girona.

Resumen

Introducción: Recientemente, diferentes estudios han asociado cambios en la abundancia de determinadas especies bacterianas intestinales con un mayor riesgo de desarrollar cáncer colorrectal (CCR). Estos indicadores de CCR pueden ser útiles para diferenciar pacientes con lesiones cancerosas de individuos sin hallazgos endoscópicos. Todos los estudios publicados hasta el momento hacen referencia a los CCR esporádicos, pero aún no se han estudiado las implicaciones de la microbiota intestinal de pacientes con síndrome de Lynch. El objetivo del presente estudio piloto es definir la abundancia de diferentes marcadores de CCR y de enfermedad inflamatoria intestinal (EII) en pacientes con síndrome de Lynch.

Métodos: Se reclutó una cohorte de 66 pacientes con síndrome de Lynch: 54 con colonoscopias normales (CN), 7 con adenomas no avanzados (ANA), 3 con adenomas avanzados (AA), 1 con adenoma serrado (AS) y 1 con CCR. Una segunda cohorte formada por 301 individuos se reclutó a través del programa de cribado regional (individuos asintomáticos, FIT positivos, 50-69 años) o por presentar síntomas compatibles con el CCR (CN = 136, ANA = 63, AA = 79, AS = 9, CCR = 14) para ser usada como control. Se extrajo y cuantificó el ADN de muestras de heces de todos los participantes. Posteriormente, se analizaron por qPCR las abundancias de 4 marcadores bacterianos indicadores de CCR (CRC1, 2, 3, 4) junto con 4 marcadores específicos de EII (IBD1, 2, 3, 4).

Resultados: Los individuos portadores de Lynch presentan las mismas abundancias bacterianas con todos los marcadores analizados independientemente del diagnóstico obtenido en la colonoscopia. Tampoco presentan diferencias significativas respecto al gen mutado. Cabe destacar que se hallan diferencias significativas en la abundancia de los biomarcadores cuando se comparan individuos Lynch no afectados con controles sanos (CRC1, $p = 0,007$; CRC3, $p = 0,016$; IBD3, $p = 0,040$; IBD4, $p = 0,010$). También existen diferencias cuando se comparan los Lynch sanos con individuos control con ANA (CRC2, $p = 0,002$; CRC3, $p < 0,001$; IBD1, $p = 0,009$; IBD2, $p = 0,006$; IBD3, $p = 0,004$; IBD4, $p < 0,001$) y con AA (CRC2, $p < 0,001$; CRC3, $p < 0,001$; IBD1, $p = 0,001$; IBD2, $p = 0,024$;

IBD3, $p = 0,001$; IBD4, $p < 0,001$). Contrariamente, cuando se comparan Lynch sanos con individuos control con CCR no hay diferencias significativas en la abundancia de los marcadores bacterianos analizados.

Conclusiones: Resultados preliminares indican que los pacientes sanos con síndrome de Lynch presentan una microbiota intestinal parecida a la de la población general con cáncer colorrectal.