

29 SHOTGUN METAGENOMICS Y 16S REVELAN PATRONES BACTERIANOS DISTINTIVOS EN COLITIS ULCEROSA CHILENA

congastro2025-29

Perez-Jeldres T.^{1,2}; Valdes I.³; Hernandez-Rocha C.¹; Ascui G.⁴; Pavez C.¹; Segovia R.¹; Hernández E.¹; Silva V.²; Amagada E.²; Azocar L.¹; Miquel JF.¹; Alvarez-Lobos M.¹; Riquelme E.^{3,1}. Departamento de Gastroenterología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.². Departamento de Gastroenterología, Hospital San Borja Arriarán, Instituto Chileno Japonés, Santiago, Chile. ³. Departamento de Enfermedades Respiratorias, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago. ⁴. La Jolla Institute for Immunology, La Jolla, California, USA.

Introducción: La microbiota intestinal influye en la EII y está modulada por dieta, ambiente y demografía, pero Latinoamérica está poco representada en estudios. **Objetivo:** Caracterizar el perfil bacteriano en pacientes chilenos con CU activa (CUA), inactiva (CUI) y controles (C). **Métodos:** Se analizaron lavados mucosos sigmoideos (LMS) de 115 individuos (CUA 34, CUI 48, C 39) mediante shotgun-metagenomics (Illumina NovaSeq) y a un subconjunto de estos mismos individuos con biopsias con 16S rRNA sequencing (Illumina MiSeq). Se evaluaron diversidad alfa/beta y abundancia diferencial con phyloseq (agregación especie/género, filtro baja abundancia, transformación CLR para normalizar datos) y MaAsLin2 que aplica modelos lineales multivariados. En 30 sujetos (20CU, 10C) se compararon LMS-shotgun y 16S-biopsias para evaluar concordancia. **Resultados:** No hubo diferencias en alfa diversidad, pero sí en beta. *Faecalibacterium prausnitzii* aumentó en CU (CUA+CUI) vs C, mientras *E.coli*, *Ruminococcus torques* y *Akkermansia muciniphila* disminuyeron (FDR<0.1). En CUA y CUI, *Faecalibacterium* se mantuvo elevado frente a C, mientras *E.coli* y *R.torques* se redujeron. Ambas técnicas mostraron incrementos en *Faecalibacterium* y reducción de *Fusobacterium* y *Escherichia/Shigella* en CU vs C (FDR<0.25). **Conclusión:** Se observó un patrón distinto al descrito en otras poblaciones, con aumento de *E.coli* en controles y de especies protectoras en CU.

Diferencias regionales en *Bifidobacterium* y *Faecalibacterium* han sido reportadas; *Akkermansia* predominó en controles, como en estudios previos en Chile. Hubo concordancia entre técnicas, analizando distintos tipos de muestra (LMS vs biopsias).

