

92 PERFIL DE LA MICROBIOTA FÚNGICA EN COLITIS ULCEROSA CHILENA: YARROWIA, FILOBASIDIUM Y PENICILLIUM -“NEW KIDS ON THE BLOCK?”

congastro2025-92

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

INTRODUCCIÓN: La microbiota intestinal representa el 0,1% del microbioma y, aunque su alteración se ha descrito en la EII, los estudios en Latinoamérica son escasos. **OBJETIVO:** Caracterizar el perfil fúngico en pacientes chilenos con CU frente a controles. **MÉTODOS:** Se secuenciaron lavados mucosos (ITS1/ITS2, Illumina) de 101 sujetos (CU-activa 30, CU-inactiva 38, controles 33). Se evaluaron diversidad y abundancia; las diferencias se analizaron con Wilcoxon y LEfSe (Linear Discriminant Analysis Effect Size) para identificar biomarcadores. Posteriormente, se correlacionaron especies diferenciales con genes inflamatorios obtenidos por transcriptómica. **RESULTADOS:** La riqueza (Chao1) fue menor en CU respecto a controles y la diversidad beta mostró diferencias significativas. El índice Ascomycota/Basidiomycota estuvo disminuido en CU, sugiriendo disbiosis. No hubo cambios a nivel de familia, pero sí en géneros y especies: disminuyeron *Nakaseomyces*, *Filobasidium*, *Yarrowia* y aumentaron *Rhodotorula araucariae* y *Saccharomyces fermentans* en CU activa. *Filobasidium* (*S. chernovii*) y *Rhodotorula araucariae* se asociaron con genes inflamatorios, mientras *Penicillium* (*P. penicilloides*) se identificó como diferencial en LEfSe. **CONCLUSIÓN:** Los pacientes con CU presentaron menor riqueza fúngica e índice *Ascomycota/Basidiomycota* reducido. Estos cambios y la alteración de géneros y especies clave sugieren una interacción entre microbiota e inflamación, donde *Yarrowia* podría tener un rol protector y *Rhodotorula araucariae*, *S. chernovii* y *Penicillium* contribuir al estado inflamatorio.

Géneros y especies fúngicas diferenciales y su correlación con la respuesta inflamatoria en colitis ulcerosa

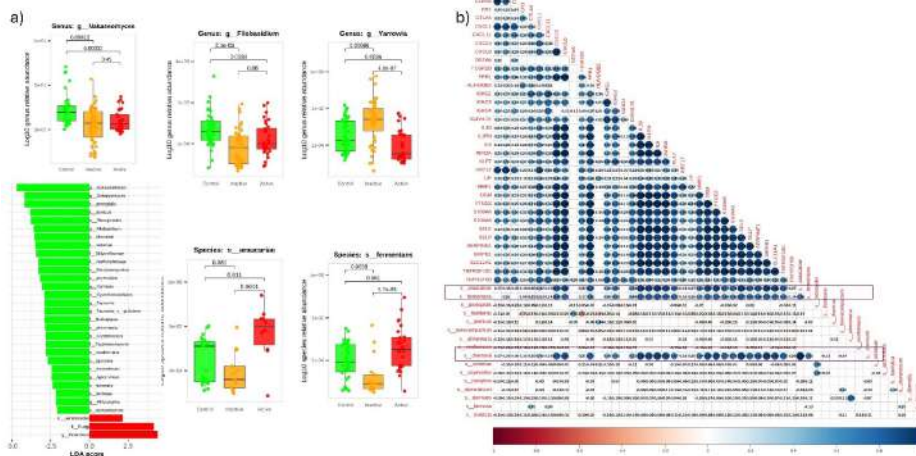


Figura 1. Géneros y especies fúngicas diferenciales y su correlación con la respuesta inflamatoria en colitis ulcerosa.
a) Boxplots de abundancia relativa (log10) de géneros (*Filobasidium*, *Yarrowia*, *Nakaseomyces*) y especies (*S. araucariae*, *S. fermentans*), con diferencias significativas evaluadas mediante test de Wilcoxon. El gráfico de barras corresponde al análisis LEfSe (Linear Discriminant Analysis Effect Size), que identifica géneros y especies enriquecidos diferencialmente entre grupos.
b) Heatmap de correlación entre especies fúngicas y genes inflamatorios expresados en mucosa intestinal a partir de datos de transcriptómica. Los coeficientes de correlación de Spearman se muestran en azul (positivos) y rojo (negativos). Se destacan asociaciones significativas de *Filobasidium chernovii* y *Rhodotorula araucariae* con genes inflamatorios.
Clasificación de pacientes y controles: Los controles sanos presentaron colonoscopia y biopsias normales. La CU Inactiva se definió por remisión clínica (Mayo total <3), remisión endoscópica (Mayo endoscópico =0) y remisión histológica (ausencia de erosión, ulceración, daño epitelial y neutrófilos). La CU activa correspondió a pacientes con Mayo total ≥3 más subescala endoscópica >1 y sin remisión histológica.