

# Caracterización del microbioma intestinal en pacientes con Lupus Eritematoso Sistémico

Maria Camila Osorio Sanjuan<sup>1</sup>, Cilia Peralta Ginés<sup>1</sup>, Alexander Trisancho Baró<sup>2</sup>, Elena Cañadillas Sánchez<sup>2</sup>, Pilar Susana del Rio Martinez<sup>1</sup>

1. Hospital Clínico Universitario Lozano Blesa, Zaragoza, 2. Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza

## Objetivos

El objetivo principal de este estudio es **caracterizar la composición del microbioma intestinal** en individuos diagnosticados con LES en comparación con un grupo control sin antecedentes personales ni familiares de enfermedades inflamatorias inmunomediadas (IMIDs). Los objetivos secundarios incluyen evaluar los cambios en los **índices de diversidad alfa y beta**, analizar la abundancia relativa de **OTUs** entre los grupos, identificar asociaciones entre los **cambios en la composición bacteriana** y el uso de fármacos inmunosupresores, explorar la relación entre la dieta y la diversidad microbiana, y examinar las variaciones en el microbioma según los fármacos recibidos

## Métodos

Se realizó un estudio piloto **observacional de casos y controles** con la participación de 30 individuos (20 pacientes con LES y 10 controles sanos), reclutados en un centro Hospitalario en Zaragoza entre septiembre de 2023 y enero de 2024. Las muestras fecales se procesaron empleando tecnología de secuenciación de nueva generación mediante la plataforma **Ion Torrent**, dirigida al gen ARNr 16S. Los datos obtenidos fueron analizados utilizando herramientas bioinformáticas, como **QIIME2**, para evaluar índices de diversidad alfa (Shannon, Pielou) y beta (Bray-Curtis, UniFrac), así como la abundancia relativa y distribución taxonómica de las OTUs.

## Resultados

Los pacientes con LES presentaron una relación ***Firmicutes/Bacteroidetes*** significativamente reducida (p=0.03) en comparación con los controles sanos (**imagen 1**). En el subgrupo con nefritis lúpica, se observó un aumento en *Desulfovibrio* y *Ruminococcaceae*. Los pacientes tratados con GC mostraron una disminución en *Lachnospiraceae* y *Butyricimonas*, junto con una reducción general en la diversidad bacteriana (**imagen 2**). Globalmente, se detectó un aumento en las familias *Rikenellaceae*, *Ruminococcaceae* y *Enterobacteriaceae*, y una reducción en las especies *Parabacteroides distasonis* y *Prevotella copri* (**imagen 3**). Aunque no se encontraron diferencias estadísticamente significativas en relación con la dieta, el tabaco o el alcohol, se observaron tendencias hacia una mayor diversidad en individuos con hábitos más saludables

Imagen 1. Heat Map de la abundancia de firmicutes y bacteroidetes

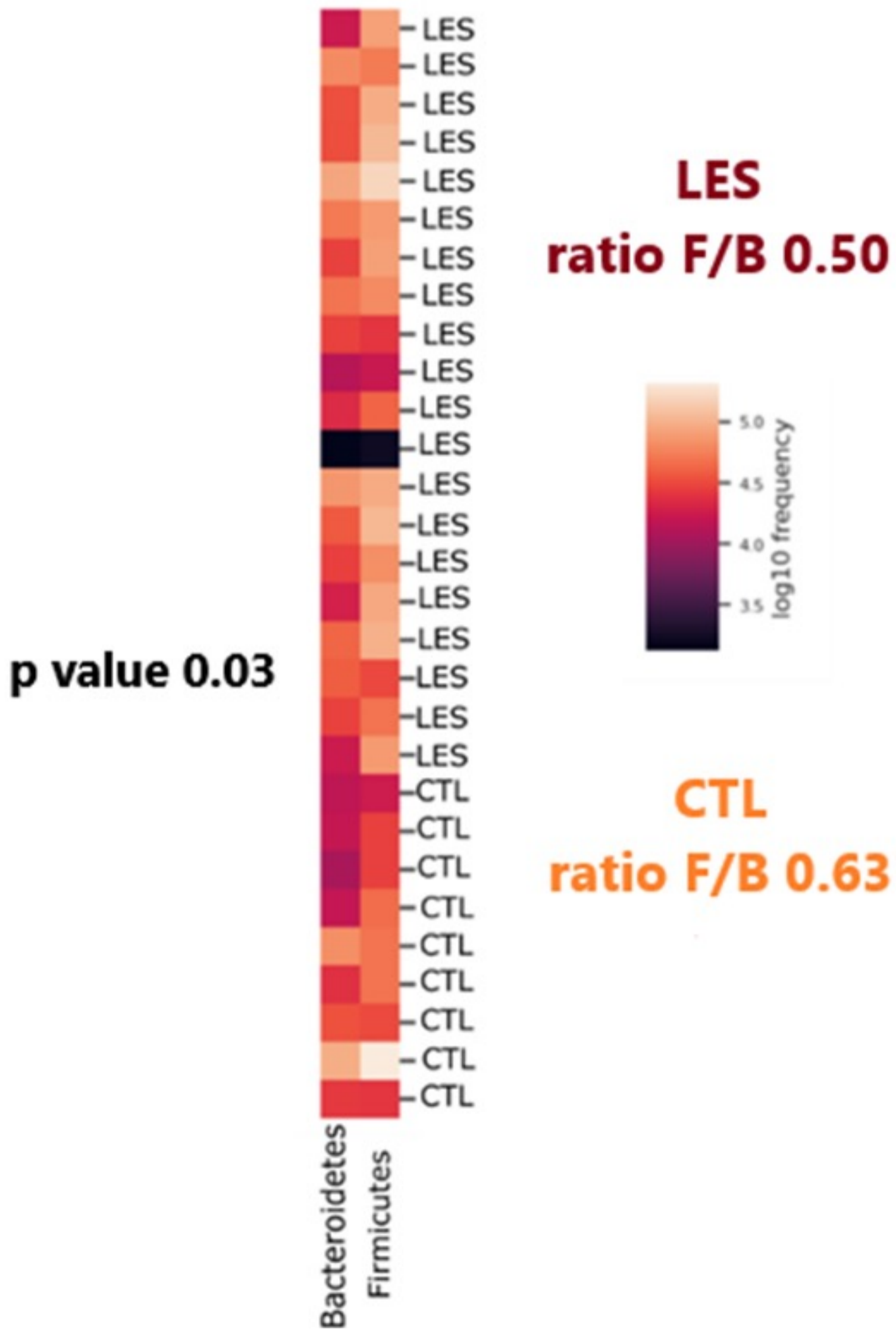


Imagen 2. Box plot de índices de diversidad alfa

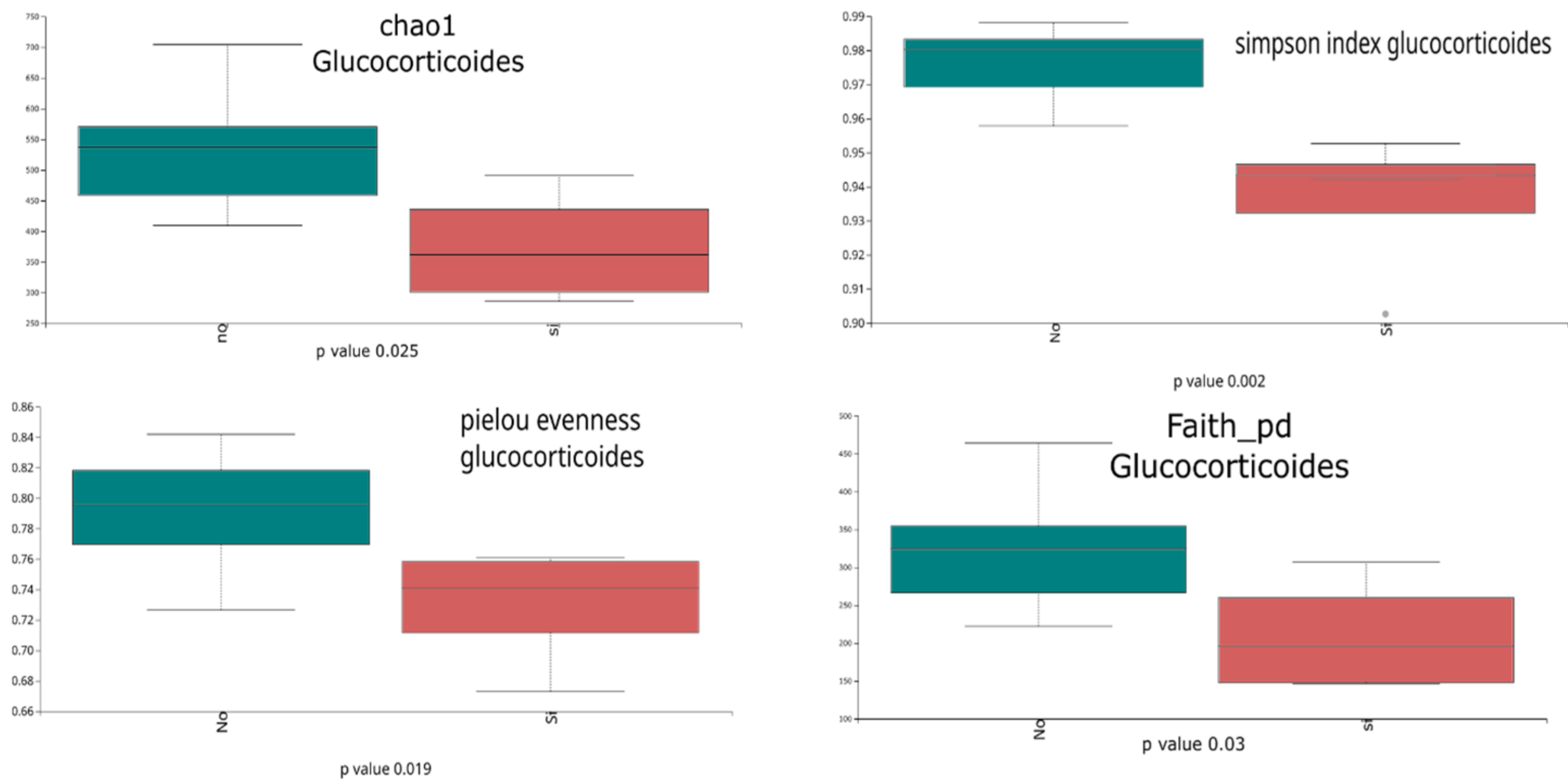
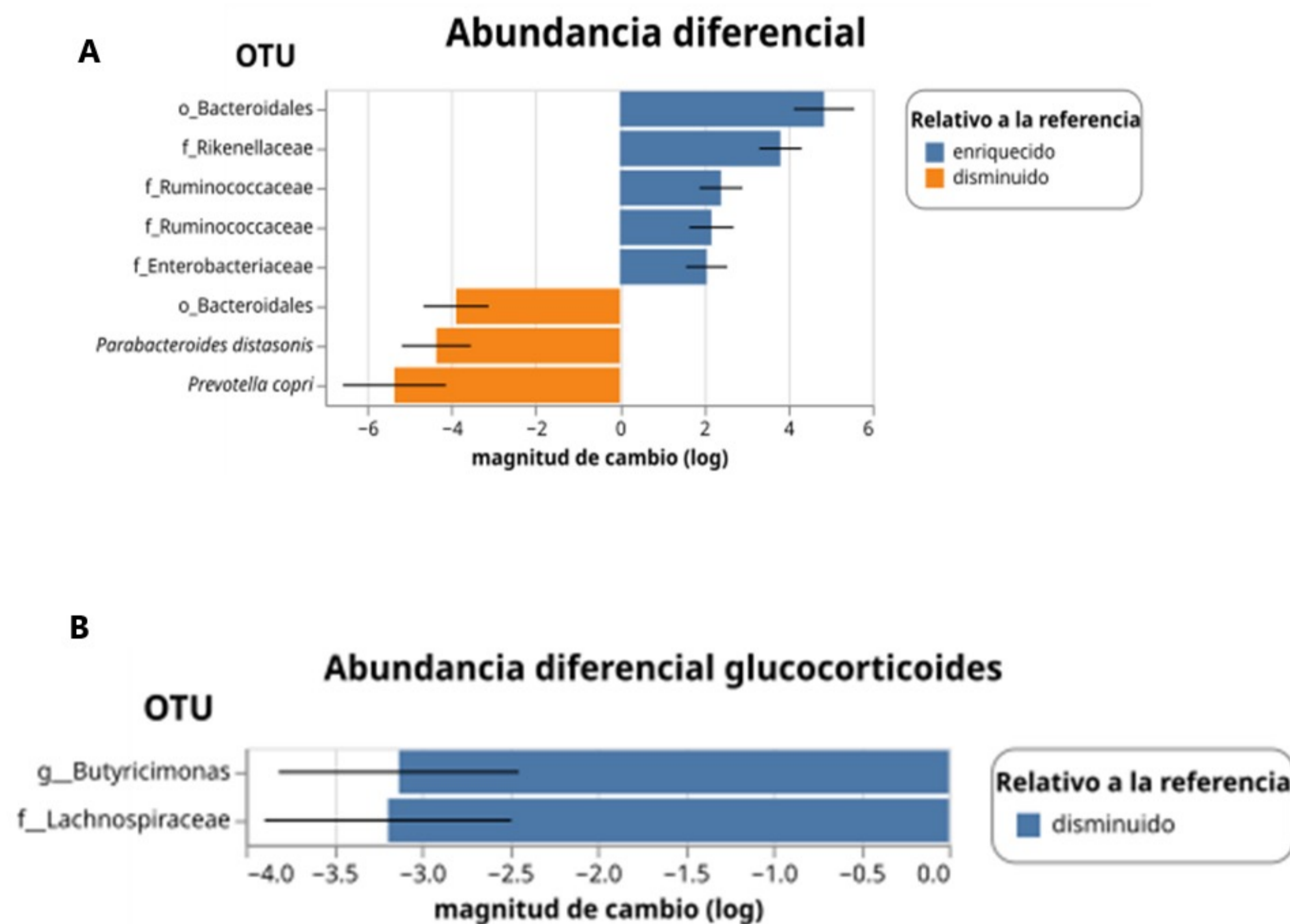


Imagen 3. Abundancia diferencial según OTUs



## Conclusiones

Este estudio pone de manifiesto cambios en la microbiota intestinal de pacientes con LES, lo que indica su **posible implicación en la fisiopatología** de la enfermedad. Los factores clínicos, como el uso de GC, y variables externas relacionadas con el estilo de vida, parecen influir en los cambios observados en la microbiota. La identificación de patrones específicos en subgrupos clínicos, como aquellos con nefritis lúpica, resaltan la importancia de un **enfoque personalizado** en la investigación y tratamiento del LES.

Se requieren estudios adicionales con un **mayor tamaño muestral** para confirmar estos hallazgos y explorar de forma más detallada las interacciones entre la microbiota y las características clínicas del LES