

“Análisis comparativo de virus y bacterias intestinales en niños con leucemia linfoblástica aguda y niños sanos”

Mariana Salmorán Pacheco¹ y Ma. del Rocío Baños-Lara^{1,2*}

¹Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla ²Centro de Investigación Oncológica

Una Nueva Esperanza-UPAEP

mariana.salmoran.pacheco@gmail.com, marocio.banos@upaep.mx*

Introducción

La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es un tipo de cáncer que provoca un aumento no controlado de leucocitos en la médula ósea; hoy su tasa de supervivencia a cinco años supera el 70%, lo que implica que la mayoría de los pacientes pueden curarse, sin embargo, la situación es diferente para los niños de los países en desarrollo pues su supervivencia al cáncer es entre 10% y 20% menor que la de aquellos en su misma situación en países desarrollados. En México existen anualmente entre 5,000 y 6,000 casos nuevos de cáncer en menores de 18 años, entre los que destacan principalmente las leucemias (LLA, 52% del total). Se conoce como microbiota intestinal al conjunto de microorganismos que residen en el intestino y establecen relaciones simbióticas entre ellos y el huésped, esta despertó gran interés en la última década a partir de trabajos que la vincularon con diversas patologías, entre ellas algunos tipos de cáncer, como el de colon.

Planteamiento del problema

Es importante comprender los factores que están involucrados en el inicio y evolución de la LLA, con el fin de aumentar la esperanza de vida, disminuir la incidencia y reducir el gasto que se genera en el sistema de salud. Existe evidencia de que hay diferencias en las poblaciones de bacterias y virus intestinales entre sujetos sanos y pacientes que cursan con alguna patología; en cuanto a la LLA pediátrica, se han observado algunos cambios que sufre la población bacteriana intestinal y también se ha apostado por la influencia de la población viral en la dinámica del ecosistema intestinal y su posible papel en el inicio y desarrollo de este tipo de cáncer. En una nación con pocos recursos para la atención médica y que no puede garantizar una supervivencia elevada en enfermedades como el cáncer, se considera una prioridad instrumentar medidas preventivas específicas que puedan disminuir los casos de esta enfermedad.

Objetivos

El objetivo general fue identificar las diferencias en la expresión genética de virus y bacterias intestinales en pacientes pediátricos con LLA al compararlos con una población pediátrica sana. Los objetivos

particulares fueron determinar los virus y bacterias que se identificarían, cuantificar la concentración de ácidos nucleicos en heces e identificar por PCR los virus y bacterias seleccionados.

Metodología

Se seleccionaron dos grupos de estudio: pacientes pediátricos (0-18 años) con LLA y controles pediátricos sanos (n=30); a cada participante se le solicitó una muestra de heces fecales a partir de la cual se realizó la extracción del material genético ADN/ARN total y viral (kits comerciales).

Se cuantificó la concentración de ácidos nucleicos (espectrofotometría) y a partir de las extracciones se identificaron por PCR (tiempo real) las secuencias específicas de virus (Torquetenovirus, Fago de *Bacteroides* B40-8, *Enterovirus* y *Parechovirus*) y bacterias (*Bacteroides* spp, *Lachnospiraceae* spp, *Firmicutes* spp).

Resultados

No se encontraron diferencias estadísticamente significativas en las concentraciones de ácidos nucleicos entre controles sanos y pacientes. Se observó que la expresión genética de los tres grupos bacterianos tiende a ser mayor en los controles que en los pacientes. La expresión genética de Torquetenovirus tiende a ser mayor en el grupo de pacientes que en los controles. Se encontraron diferencias estadísticamente significativas en el valor Ct de Torquetenovirus entre pacientes y controles, indicando una mayor expresión viral en pacientes.

Conclusiones

Los pacientes muestran una disminución aparente de los grupos bacterianos estudiados, miembros importantes de la microbiota y un aumento aparente en la expresión de Torquetenovirus. Se proyecta el estudio de otros virus y bacterias y el empleo de herramientas como secuenciación.

Palabras clave. Cáncer, leucemia linfoblástica aguda, bacterias, virus, microbiota.