
**ANÁLISIS DEL MICROBIOMA ORAL Y MICROBIOMA TUMORAL
BACTERIANO EN EL CARCINOMA ORAL DE CÉLULAS ESCAMOSAS**

**TAMARA BEATRIZ ROJAS ROCCO
INGENIERO CIVIL EN BIOINFORMÁTICA**

RESUMEN

El cáncer oral es un problema de salud altamente preocupante a nivel mundial. Se encuentra dentro de los 10 cánceres más comunes en el mundo, y se espera que sus casos para el 2040 aumenten en un 47%. El carcinoma de células escamosas orales (OSCC), es el tipo de cáncer oral más prevalente, el cual puede llegar a tener un gran impacto en el estilo de vida de los pacientes afectando funciones vitales tales como la respiración y la deglución. Actualmente se estima que del total de casos diagnosticados con OSCC en Chile en el año 2020, el 51,1% de los pacientes falleció. Los principales factores de riesgos de padecer cáncer oral son el consumo excesivo de tabaco, alcohol, nuez de areca, el Virus de Papiloma Humano (VPH) y el estado del microbioma oral bacteriano. En el caso del microbioma oral en cáncer, denominado microbioma tumoral, se ha reportado que la presencia de algunas bacterias en saliva induce inflamación, promueve la proliferación e invasión tumoral y también inhibe la apoptosis a través de alteraciones genómicas de la célula huésped. Sin embargo, existe poca evidencia de la composición del microbioma tumoral oral en pacientes chilenos. A partir de muestras de secretoma de biopsias de 5 pacientes con cáncer oral y 5 pacientes sanos como control, se analizó el microbioma tumoral mediante herramientas bioinformáticas de proteómica cuantitativa. El análisis de los resultados reveló la identificación de 1131 proteínas en las muestras de cáncer y 441 proteínas en las muestras control. Se identificaron las principales especies de bacterias en cada condición y *Fusobacterium nucleatum* fue la bacteria predominante en muestras de secretoma de cáncer. Se identificaron 537 proteínas de *Fusobacterium nucleatum* y mediante la herramienta STITCH se identificaron redes de interacción para dos subespecies de *Fusobacterium nucleatum*: *Polymorphum* y *Nucleatum*, las cuales presentan genes asociados a funciones biológicas vinculadas directamente con el desarrollo del cáncer. En conclusión, el microbioma oral de

pacientes chilenos con cáncer oral presenta mayor abundancia de proteínas bacterianas y un predominio de *Fusobacterium nucleatum* en comparación al microbioma oral de individuos sanos.

ABSTRACT

Oral cancer is a worldwide health problem of great concern. It is among the 10 most common cancers in the world, and its cases are expected to increase 47% by 2040. Oral squamous cell carcinoma (OSCC) is the most prevalent type of oral cancer, which can have a major impact on patient's lifestyles, affecting vital functions such as breathing and swallowing. Currently, it is estimated that 51.1% of the total cases diagnosed with OSCC died in 2020. The main risk factors for oral cancer are excessive consumption of tobacco, alcohol, areca nut, Human Papilloma Virus (HPV) and the state of the oral microbiome. In the case of the oral microbiome in cancer or "oral tumor microbiome", it has been reported that the presence of some bacteria in saliva induces inflammation, promotes tumor proliferation and invasion and inhibits apoptosis through genomic alterations of the host cell. However, there is little evidence of the composition of the oral tumor microbiome in Chilean patients. From biopsy secretome samples from 5 oral cancer patients and 5 healthy control patients, the tumor microbiome was analyzed using quantitative proteomics bioinformatics tools. Analysis of the results revealed the identification of 1131 proteins in the cancer samples and 441 proteins in the control samples. Then, the main bacterial species in each condition were identified and *Fusobacterium nucleatum* was the predominant bacterium in cancer secretome samples. A total of 537 *Fusobacterium nucleatum* proteins were identified and using the STITCH tool, interaction networks were identified for two subspecies of *Fusobacterium nucleatum*: *Polymorphum* and *Nucleatum*, which present genes associated with biological functions directly linked to cancer development. In conclusion, the oral microbiome of Chilean patients with oral cancer presents a higher abundance of bacterial proteins and a predominance of *Fusobacterium nucleatum* compared to the oral microbiome of healthy individuals.