



## 118 - MICROBIOMA COMO MARCADOR PRONÓSTICO EN PACIENTES CON DIABETES Y COVID-19 GRAVE (PÓSTER SELECCIONADO)

Ó. Moreno-Pérez<sup>1,2</sup>, M.P. Ventero<sup>3</sup>, C. Molina-Pardines<sup>3</sup>, J.C. Rodríguez<sup>2,3</sup>, E. Merino<sup>4</sup>, M.D. Tejedo<sup>1</sup>, T. Argüello<sup>1</sup>, C. Soriano<sup>1</sup> y A. Picó<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Endocrinología y Nutrición. Hospital General Universitario de Alicante-ISABIAL. Alicante. <sup>2</sup>Medicina Clínica. Universidad Miguel Hernández. Alicante. <sup>3</sup>Microbiología; <sup>4</sup>Unidad de Enfermedades Infecciosas. Hospital General Universitario de Alicante-ISABIAL. Alicante.

### Resumen

**Introducción:** Este trabajo estudia el microbioma nasofaríngeo, con el fin de identificar características o géneros que podrían usarse como marcadores de pronóstico de gravedad para la infección por SARS-CoV-2.

**Métodos:** Pacientes diabéticos ingresados por COVID-19, con muestras de aspirados nasofaríngeos a partir del kit “QIAamp MiniElute Virus Spin Kit”; se prepararon las librerías -protocolo Illumina “16S Metagenomics Sequencing Library Preparation” - secuenciador MiSeq (Illumina). Se analizó la calidad con FastQC y el “denoising” mediante DADA2 en QIIME2. Variable de resultado: mortalidad. Variables explicativas: análisis de diversidad alfa y beta y asignación taxonómica se realizó en QIIME2 - base de datos SILVA (Release 132). Presencia de géneros diferenciales según las abundancias - paquete DESeq2 de Bioconductor (R). Se empleó U-Mann-Whitney para diferencias en diversidad y un modelo de regresión logística bivariante y ajustado por los principales factores de confusión (OR, IC95%), para cuantificar la asociación entre géneros diferenciales y mortalidad.

**Resultados:** De 177 pacientes con muestras disponibles, 47 eran DM (78 [72-83] años, 53,2% mujeres; índice comorbilidad Charlson años 6 [4-8]). En población con DM, 16 (34%) fallecieron. Los pacientes con evolución fatal presentaban una menor diversidad alfa: índices de Shannon 3,28 vs. 4,13 ( $p = 0,035$ ) y Evenness 0,51 vs. 0,69 ( $p = 0,05$ ). La presencia de *Abiotrophia* spp. y/o *Mycobacterium* spp. en el microbioma se asoció a un menor riesgo de exitus (OR 0,10 [IC95 0,01-0,90],  $p = 0,04$ ). El modelo multivariante para mortalidad ajustado edad, comorbilidad y sexo mostró para la presencia de *Abiotrophia* spp. y/o *Mycobacterium* una OR 0,11 [IC95% 0,01-1,21],  $p = 0,07$ .

**Conclusiones:** En pacientes con DM y COVID-19 grave, aquellos con evolución fatal presentan una menor riqueza en el microbioma nasofaríngeo. La presencia de los géneros *Abiotrophia* spp. y/o *Mycobacterium* spp. se asocian a una evolución favorable.