



Endocrinología, Diabetes y Nutrición



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

Ó. Moreno-Pérez^{1,2}, M.P. Ventero³, C. Molina-Pardines³, J.C. Rodríguez^{2,3}, E. Merino⁴, M.D. Tejedo¹, T. Argüello¹, C. Soriano¹ y A. Pico^{1,2}

¹Endocrinología y Nutrición. Hospital General Universitario de Alicante-ISABIAL. Alicante. ²Medicina Clínica. Universidad Miguel Hernández. Alicante. ³Microbiología; ⁴Unidad 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 bivalente 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.