



342 - PATRONES DE MICROBIOTA INTESTINAL ASOCIADOS A LA ENFERMEDAD DEL HÍGADO GRASO NO ALCOHÓLICO EN PACIENTES CON OBESIDAD MÓRBIDA

Á. López-Montalbán¹, I. Cornejo-Pareja¹, C. Gutiérrez-Repiso¹, L. Garrido-Sánchez¹, I. Moreno-índias¹, R. Sancho-Marín¹, I. Arranz², R. Soler-Humanes³, L. Ocaña-Wilhelmi³ y F.J. Tinahones¹

¹Unidad de Gestión Clínica de Endocrinología y Nutrición, Hospital Clínico Universitario Virgen de la Victoria, CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN), Instituto de Investigación Biomédica de Málaga-Plataforma BIONAND, Málaga. ²UGC Anatomía Patológica, Complejo Hospitalario de Especialidades Virgen de la Victoria, Málaga, Instituto de Investigación Biomédica de Málaga-Plataforma BIONAND, Málaga. ³UGC Cirugía General y Digestiva, Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Universidad de Málaga, Málaga, Instituto de Investigación Biomédica de Málaga-Plataforma BIONAND, Málaga.

Resumen

Introducción: La enfermedad del hígado graso no alcohólico (EHGNA) ligada a la obesidad, engloba desde la esteatosis simple hasta la esteatohepatitis no alcohólica (EHNA) e incluso hepatocarcinoma. Recientemente, la microbiota intestinal (MI) ha mostrado ser un factor importante en la fisiopatología de EHGNA. Nuestro objetivo es describir la composición y funcionalidad de la MI en pacientes con obesidad mórbida (OM) con diferentes grados de EHGNA.

Métodos: 110 pacientes con OM sometidos a cirugía bariátrica se clasificaron en 3 grupos según el estudio de la biopsia hepática obtenida en la cirugía: grupo control (1), pacientes con esteatosis (2) y pacientes con esteatosis + EHNA (3). La MI se analizó con secuenciación de ARNr16S.

Resultados: El análisis de α -diversidad mostró un aumento en el índice de Pielou en el grupo 3 comparado con el grupo 2 ($p = 0,049$), el índice Observed Features fue mayor en el grupo 1 comparado con grupo 3 ($p = 0,04$), sin embargo, después de la corrección, las diferencias desaparecieron. El análisis LEfSe mostró un enriquecimiento en *Enterobacteriaceae*, *Acidaminococcus* y *Megasphaera* en el grupo 3, mientras que el grupo 1 estaba enriquecido en *Eggerthellaceae* y *Ruminococcaceae*. El análisis funcional mostró un enriquecimiento en las vías relacionadas la biosíntesis de aminoácidos proteinogénicos, quinol y quinona así como en la degradación de L-arginina, L-treonina, azúcar ácido, amina y poliamina en el grupo 3 comparado con el grupo 1. También se observó un enriquecimiento en la biosíntesis de quinol y quinona en el grupo 3 comparado con el grupo 2.

Conclusiones: Pacientes con OM y EHGNA mostraron alteraciones en la microbiota, lo que podría añadir información a los biomarcadores no invasivos para el diagnóstico de EHGNA, pudiendo ser un nuevo objetivo para EHGNA.

Agradecimientos: CIBEROBN es una iniciativa del ISCIII. Este trabajo fue apoyado en parte por una subvención de la Consejería de Salud y Familias de la Junta de Andalucía (PI-0108-2022).

