



O-09 - DIFERENCIAS EN MICROBIOTA ENTRE PACIENTES CON DIABETES MELLITUS GESTACIONAL TRATADAS CON INSULINA FRENTE A AQUELLAS TRATADAS CON METFORMINA

M. Molina Vega^a, M.J. Picón César^a, I. Moreno Indias^b, C. Gutiérrez Repiso^b, S. González Romero^c y F.J. Tinahones^b

^aHospital Clínico Universitario Virgen de la Victoria, Málaga. ^bInstituto de Investigación Biomédica de Málaga, IBIMA, Hospital Clínico Universitario Virgen de la Victoria, Málaga. ^cHospital Regional Universitario Carlos Haya, Málaga.

Resumen

Objetivos: Evaluar los cambios inducidos en la microbiota intestinal en aquellas gestantes con diabetes mellitus gestacional (DMG) tratadas con insulina vs aquellas tratadas con metformina.

Material y métodos: Se incluyeron 58 mujeres con DMG no controlada con dieta, participantes en el estudio MeDiGes (Eficacia del tratamiento con metformina en diabetes gestacional no controlada con dieta frente al uso de insulinoterapia) que fueron aleatorizadas a recibir insulina ($n = 28$) o metformina ($n = 30$). Se recogió muestra para análisis de microbiota intestinal basal (antes del inicio del tratamiento) y en la visita prepardo. Se comparan características clínico-analíticas basales y cambios en la microbiota intestinal entre ambos grupos de tratamiento.

Resultados: Las características clínico-analíticas basales de ambos grupos se muestran en la tabla. Se observa que metformina disminuye la diversidad de la microbiota y produce una reducción significativa en el filo Firmicutes y un aumento en el filo Proteobacteria. Con respecto a las familias, a tiempo final en el grupo de metformina, en comparación con el grupo insulina, hay mayores niveles de Enterobacteriaceae (filo Proteobacteria) y menores niveles de Peptostreptococcaceae (filo Firmicutes) (ambos $p < 0,001$). A nivel de especie, se observan significativamente menores niveles de *Coprococcus catus* a tiempo final en el grupo metformina ($p < 0,001$). Respecto a los cambios observados con cada tratamiento, con metformina, a nivel de familias, aumenta significativamente Enterobacteriaceae ($p < 0,001$), mientras que disminuyen significativamente Ruminococcaceae ($p = 0,049$), Lachnospiraceae ($p = 0,022$), Clostridiaceae ($p = 0,029$) y Peptostreptococcaceae ($p < 0,001$). No se observan cambios significativas con insulina entre el momento final y basal.

	Insulina	Metformina	p
Edad (años)	$34,1 \pm 5,2$	$35,8 \pm 4,2$	0,180
Antecedentes familiares de DM (%)	57,1	51,7	0,618

Antecedentes personales de DG (%)	40	40,9	0,952
Primípara (%)	21,4	26,7	0,641
Edad gestacional (semanas)	$25,5 \pm 7,0$	$26,4 \pm 6,5$	0,603
IMC pregestacional (kg/m^2)	$30,6 \pm 4,8$	$28,8 \pm 5,7$	0,202
Glucosa en ayunas (mg/dl)	$84,3 \pm 11,0$	$86 \pm 13,8$	0,612
HbA1c (%)	$5,2 \pm 0,3$	$5,3 \pm 0,4$	0,718

Conclusiones: Metformina produce cambios significativos en la microbiota intestinal de mujeres con diabetes gestacional. A tiempo final, en el grupo metformina vs el grupo insulina hay mayores niveles de Enterobacteriaceae y menores niveles de Peptostreptococcaceae y *Coprococcus catus*. En el grupo metformina se produce un aumento significativo de Enterobacteriaceae y un descenso significativo de Ruminococcaceae, Lachnospiraceae, Clostridiaceae y Peptostreptococcaceae. No se observan cambios significativos con insulina entre momento basal y final.