



O-051 - DIFERENCIAS EN MICROBIOTA ENTRE PACIENTES CON DIABETES MELLITUS GESTACIONAL TRATADAS CON INSULINA FRENTE A AQUELLAS TRATADAS CON METFORMINA: DATOS PRELIMINARES

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

^aHospital Clínico Universitario Virgen de la Victoria, Málaga. ^bInstituto de Investigación Biomédica de Málaga (IBIMA), Universidad de Málaga, 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 frente a aquellas tratadas con metformina.

Material y métodos: Se incluyeron 31 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 insulino terapia) que fueron aleatorizadas a recibir insulina (n = 14) o metformina (n = 17). Se recogió muestra para análisis de microbiota intestinal basal (antes del inicio del tratamiento) y en la visita preparto. 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. No se observan diferencias significativas en ninguno de los parámetros analizados. Con respecto la diversidad de la microbiota, tras el tratamiento, se observa un índice de de Shannon significativamente inferior en el grupo de metformina frente al grupo de insulina (p 0,04). En cuanto a los cambios particulares en la microbiota, observamos que en el grupo de metformina se redujo significativamente el filo Firmicutes (p < 0,01) y aumentó significativamente el filo Proteobacteria (p < 0,01). No se observaron cambios en Bacteroidetes ni Verrucomicrobia, pero sí cierta tendencia a la reducción de Actinobacteria en el grupo de metformina, aunque no estadísticamente significativa.

| | Insulina | Metformina | p |
|---|------------|--------------|-------|
| Edad (años) | 33,7 ± 5,6 | 36,6 ± 2,7 | 0,081 |
| Antecedentes familiares de DM (%) | 73,3 | 64,7 | 0,599 |
| Antecedentes personales de DG (%) | 20 | 17,6 | 0,865 |
| Edad gestacional (semanas) | 29 (16-32) | 30 (23,5-32) | 0,737 |
| IMC pregestacional (kg/m ²) | 28,6 ± 3,8 | 28,9 ± 6,5 | 0,907 |
| IMC basal (kg/m ²) | 32,2 ± 4,5 | 32,1 ± 7,2 | 0,978 |

| | | | |
|---------------------------|-------------|-------------|-------|
| Glucosa en ayunas (mg/dl) | 85,1 ± 10,6 | 83,5 ± 11,2 | 0,646 |
| HbA1c (%) | 5,2 ± 0,3 | 5,2 ± 0,5 | 0,834 |

Conclusiones: La metformina disminuye la diversidad de la microbiota intestinal. La metformina induce cambios específicos en la microbiota, reduciendo el filo Firmicutes y aumentando el filo Proteobacteria.