



CO-032 - MICROBIOTA INTESTINAL PREVIA A CIRUGÍA COMO FACTOR PREDICTIVO DE REMISIÓN DE DIABETES TIPO 2 TRAS GASTRECTOMÍA VERTICAL

J.I. Martínez Montoro^{a,b,c}, R. Sancho Marín^{a,b}, L. Garrido Sánchez^{a,b,c}, L. Ocaña Wilhelmi^{b,d}, R. Soler Humanes^d, N. Ruiz Campos^{a,b}, M.J. García López^{a,b}, F.J. Tinahones^{a,b,c} y C. Gutiérrez Repiso^{a,b,c}

^aServicio de Endocrinología y Nutrición, Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga, España. ^bInstituto de Investigación Biomédica de Málaga-Plataforma en Nanomedicina (IBIMA-Plataforma BIONAND), Málaga, España. ^cCentro de Investigación Biomédica en Red de la Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España. ^dServicio de Cirugía General y Digestiva, Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga, España.

Resumen

Introducción y objetivos: El papel predictivo de la microbiota intestinal basal en la remisión de la diabetes tipo 2 (DM2) tras cirugía bariátrica ha sido poco explorado. En este estudio, nuestro objetivo fue identificar perfiles específicos de microbiota intestinal previos a cirugía asociados con la remisión de la DM2 tras gastrectomía vertical (GV).

Material y métodos: Estudio observacional retrospectivo que incluyó a participantes con un índice de masa corporal (IMC) > 40 kg/m² y DM2 que se sometieron a GV y que disponían de muestras de heces preoperatorias. La microbiota intestinal se analizó mediante secuenciación de ARN ribosómico 16S. Los participantes fueron clasificados en dos grupos, remisión y no remisión, según el estado de la DM2 un año después de la GV.

Resultados: Un total de 46 participantes fueron incluidos. Después de ajustar por potenciales factores de confusión basales (edad, niveles de HbA_{1c}, duración de la DM2 y tratamiento con insulina), la diversidad de la microbiota intestinal preoperatoria no mostró diferencias estadísticamente significativas entre los grupos, excepto para el índice de uniformidad de Pielou, que fue significativamente mayor en el grupo de no remisión (p = 0,01). El análisis ANCOM-BC2 identificó un enriquecimiento de *Fusicatenibacter*, *Holdemanella* y *Senegalimassilia* en el grupo de no remisión, mientras que *Eggerthella*, *Flavonifractor* y *R. gnavus* estuvieron enriquecidos en el grupo de remisión. Además, la clasificación mediante *random forest* destacó a *Eggerthella* y *Flavonifractor* como géneros clave para predecir la remisión de la DM2. El análisis funcional mediante PICRUST2 reveló un incremento de las rutas relacionadas con el metabolismo de carbohidratos en el grupo de remisión.

Conclusiones: La composición basal de la microbiota intestinal podría ser un biomarcador útil como predictor independiente de la remisión de la DM2 a corto plazo en pacientes intervenidos de GV.