



5024-12. RELACIÓN ENTRE DIETA, MICROBIOTA Y ATEROSCLEROSIS: UN ENFOQUE EN PACIENTES CON SÍNDROME CORONARIO AGUDO

Raquel López-Gálvez¹, Esteban Orenes-Piñero², José Miguel Rivera-Caravaca³, Darío Mandaglio-Collados⁴, López-García Cecilia⁵, Pilar Ramos-Bratos⁶ y Francisco Marín⁵

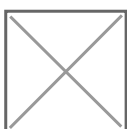
¹Departamento de Cardiología, CIBERCV. Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria Virgen de la Arrixaca, Murcia, España, ²Departamento de Bioquímica y Biología Molecular-A. Universidad de Murcia, Murcia, España, ³Facultad de Enfermería, CIBERCV. Universidad de Murcia, Murcia, España, ⁴Departamento de Cardiología, CIBERCV. Universidad de Murcia, Murcia, España, ⁵Departamento de Cardiología, CIBERCV. Hospital Clínico Universitario Virgen de la Arrixaca, Murcia, España y ⁶Departamento de Cardiología. Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria Virgen de la Arrixaca, Murcia, España.

Resumen

Introducción y objetivos: La aterosclerosis es una de las principales causas de enfermedad cardíaca y accidente cerebrovascular a nivel global. La microbiota intestinal juega un papel crucial en la liberación de diferentes metabolitos, proinflamatorios y antiinflamatorios, que pueden influir en la rotura de la placa aterosclerótica y, por ende, en la mortalidad de los pacientes. Aquí, estudiamos el impacto de mejorar los hábitos alimentarios en pacientes con síndrome coronario agudo (SCA) y su relación con la microbiota y la liberación de metabolitos.

Métodos: Pacientes ingresados por SCA tratados con hipolipemiantes y recomendaciones dietéticas fueron evaluados. Se recopilaron datos sobre hábitos alimentarios y se tomaron muestras de suero y heces al ingreso y a los 3 meses. Se compararon con individuos sanos. Se empleó la secuenciación del gen bacteriano 16S para el análisis de las heces y espectrometría de masas para el análisis del suero. La diversidad bacteriana se evaluó mediante el índice de Shannon y se compararon niveles de filo y género utilizando la prueba de Wilcoxon.

Resultados: Se incluyeron 29 pacientes (80% mujeres, mediana edad 55 años) y 56 controles (64% mujeres, mediana edad 45 años). Observamos una disbiosis en la diversidad bacteriana en los pacientes en comparación con los controles, con un predominio de los filos *Firmicutes*, *Bacteroidota* y *Proteobacterias*, y una mayor diferencia en la abundancia de este último. Esta disbiosis se asoció con un aumento del género *Bilophila* sp., una bacteria productora de lipopolisacáridos, vinculada a dietas grasas y a enfermedades inflamatorias. Tras reducir de consumo de alimentos no saludables durante 3 meses, se identificaron tres metabolitos que aumentaron su expresión significativamente: ácido hipúrico, derivado del catabolismo de los polifenoles, ácido indolacético, un metabolito del triptófano capaz de modular la homeostasis intestinal y la trigonelina, un producto catabólico del ácido nicotínico.



Alfa diversidad y metabolitos.

Conclusiones: El estudio revela un desequilibrio bacteriano en los pacientes, con un notable incremento del género *Bilophila* sp. asociado a dietas grasas e inflamación. Se identificaron tres metabolitos antiinflamatorios que aumentaron significativamente a los 3 meses. Estos hallazgos sugieren la relevancia de la microbiota y los metabolitos en la salud cardiovascular y metabólica, así como el potencial de intervenciones dietéticas para modular estos procesos.