Rev Esp Cardiol. 2019;72(Supl 1): 430

Revista Española de Cardiología

7010-14. ALTERACIONES DE LA MICROBIOTA GASTROINTESTINAL EN PACIENTES CON SÍNDROME CORONARIO AGUDO

Ana I. Fernández[1], Nuria Lozano[2], Irene Martín-Demiguel[1], Rebeca Lorca Gutiérrez[1], Enrique Gutiérrez-Ibañes[1], Ricardo Sanz Ruíz [1], Elena Reigadas[2], Silvia Vázquez[2], Pablo Martínez-Legazpi[1], Darío García de Viedma[2], Jaime Elízaga Corrales[1], Francisco Fernández-Avilés[1], Javier Bermejo[1] y HGUGM Microbiome Group[3], del [1]Servicio de Cardiología, Hospital General Universitario Gregorio Marañón, CIBERCV, Madrid, [2]Servicio de Microbiología, Hospital General Universitario Gregorio Marañón, CIBERCV, Madrid y [3]Hospital General Universitario Gregorio Marañón, Madrid.

Resumen

Introducción y objetivos: Alteraciones de la microbiota pueden generar una alteración del estado inflamatorio subclínica y podrían tener un papel en la aparición de síndrome coronario agudo (SCA) en pacientes con ateroesclerosis crónica. El estudio prospectivo *MIGATER. El Microbioma como diana para la medicina de precisión. De indicadores establecidos a innovadores en ateroesclerosis* estudia la interacción entre el sistema inmune, la microbiota y la inestabilización de la ateroesclerosis. Se presentan resultados preliminares del estudio de la microbiota gastrointestinal de pacientes con SCA.

Métodos: Se estudiaron prospectivamente 10 pacientes ingresados por SCA (edad 61 ± 11 años, 80% varones; muestras de heces recogidas en las primeras 24 horas del episodio; 4 con SCASEST) y se compararon con 10 controles sanos. Se analizó la microbiota a partir de ADN extraído con la estrategia de análisis de unidades taxonómicas operacionales (OTU) del amplicón V4 del gen ARNr 16S. La identificación, cuantificación, clusterización y clasificación taxonómica de OTU se realizó en Mothur usando la base de datos RDP.

Resultados: A pesar de que no se detectó una pérdida significativa de diversidad, el análisis global de los datos con un modelo de escalamiento multidimensional permitió discriminar claramente el *cluster* de pacientes con SCA del de controles (figura, p 0,005). El análisis específico de los resultados (tabla) indica que uno de los principales *phylum* de la microbiota humana, *Bacteroidetes*, aparece reducido en el grupo de pacientes con SCA, con ratio *Firmicutes/Bacteroidetes* incrementado en estos -indicador de microbiota no sana. Asimismo, se observa un incremento patológico de Actinobacterias y un detrimento de bacterias relacionadas con el metabolismo del TMAO, como *Roseburia*, -indicador de inflamación. Las arqueas *Methanobrevibacter* (generadoras de productos metanógenos asociados a enfermedades cardiacas), también se encontraron incrementadas en los pacientes.

Principales diferencias de la microbiota gastrointestinal en pacientes con síndrome coronario agudo frente a personas sanas

	Sano (n = 10)	Paciente SCA (n = 10)	Pr (F)

	media(de)	media(de)	
Actinobacteria	0,066 (0,071)	0,253 (0,150)	0,002
Bacteroidetes	0,380 (0,097)	0,205 (0,102)	0,001
Firmicutes/Bacterioidetes	1,463 (0,476)	2,909 (2,159)	0,018
Firmicutes-Roseburia	0,037 (0,025)	0,137 (0,012)	0,045
Archeas-Methanobrevibacter	0,002 (0,004)	0,019 (0,021)	0,004

MANOVA (modelo = Edad × Condición: Sano/SCA). SCA: síndrome coronario agudo.

Clusters *de microbiota gastrointestinal según modelo de escalamiento multidimensional según Bray-Curtis en pacientes con síndrome coronario agudo frente a sanos.*

Conclusiones: Los pacientes con SCA presentan alteraciones patogénicas de su microbiota gastrointestinal. El estudio de la evolución temporal de estos perfiles permitirá aclarar de forma definitiva el papel de los cambios en la microbiota en la génesis del SCA.