



5015-4. RELACIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL Y LA ACTIVIDAD NEUROHORMONAL E INFLAMATORIA EN PACIENTES CON INSUFICIENCIA CARDIACA

Daniel García Fuertes¹, Elena Villanueva Fernández¹, Ana Cosmen Sánchez¹, Juan Gómez de Oña², Manuel Crespín Crespín¹, Francisco José Castillo Bernal¹, Rita Martínez Manzanal¹, Elías Cuesta Llavona², Virgilio Martínez Mateo³ y Manuel José Fernández Anguita³

¹Hospital Santa Bárbara, Puertollano, Ciudad Real. ²Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo, Asturias. ³Complejo Hospitalario La Mancha Centro, Alcázar de San Juan.

Resumen

Introducción y objetivos: Las alteraciones de la flora intestinal se han relacionado con la actividad y pronóstico de distintas enfermedades de perfil inflamatorio. Nuestro objetivo fue evaluar las relaciones existentes entre las abundancias relativas de los distintos componentes del microbioma intestinal y la activación neurohormonal e inflamatoria en pacientes con insuficiencia cardiaca.

Métodos: Entre marzo 2018 y junio 2019 se incluyeron pacientes con diagnóstico de IC que hubieran presentado un ingreso en el último año o pacientes ambulatorios con elevación significativa de péptidos natriuréticos. Se realizó secuenciación metagenómica del microbioma basado en ARN ribosomal 16S. Se analizó la correlación existente entre los niveles de NT-proBNP y PCR con la abundancia relativa de las diferentes unidades taxonómicas.

Resultados: Se incluyeron 49 pacientes (edad media $69,1 \pm 10,8$; 63% varones, FEVI deprimida 59%). La abundancia relativa de *Bifidobacterium bifidum* ($R = -0,309$; $p = 0,031$), así como su *genus Bifidobacterium* ($R = -0,334$; $p = 0,019$), su familia *Bifidobacteriaceae* ($R = -0,334$; $p = 0,019$) y su *phylum Actinobacteria* ($R = -0,283$; $p = 0,048$), se correlacionaron de forma inversa con los niveles de NT-proBNP. También se encontraron correlaciones inversas entre NT-proBNP y la abundancia relativa de 2 miembros de la familia *Lachnospiraceae*, *Blautia obeum* ($R = -0,319$; $p = 0,025$) y *Tyzzellerella* ($R = -0,323$; $p = 0,024$), así como con el *genus Barnesiella* ($R = -0,286$; $p = 0,046$), perteneciente al *phylum Bacteroidetes*. El *genus Bilophila* ($R = 0,585$; $p = 0,001$), su familia *Desulfovibrionaceae* ($R = 0,450$; $p = 0,001$) y su *phylum Proteobacteria* ($R = 0,288$; $p = 0,047$), así como el *genus Parabacteroides* ($R = 0,287$; $p = 0,048$), perteneciente al *phylum Bacteroidetes*, se correlacionaron de forma directa y significativa con los niveles de PCR, mientras que el *phylum Firmicutes* ($R = -0,289$; $p = 0,048$) y el *genus Prevotella* ($R = -0,311$; $p = 0,032$), perteneciente al *phylum Bacteroidetes*, mostraron una correlación inversa.

Conclusiones: Existen alteraciones de la microbiota intestinal que se correlacionan con una mayor activación inflamatoria o neurohormonal. La abundancia relativa de *bifidobacterium* se correlaciona de forma inversa con los niveles de NT-proBNP mientras que la abundancia relativa de *proteobacteria* se correlaciona de forma directa con niveles más elevados de PCR.