



6067-507. VALORACIÓN MULTIMODAL DE LAS ALTERACIONES DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN PACIENTES CON INSUFICIENCIA CARDIACA

Daniel García Fuertes¹, Ana Cosmen Sánchez², Elena Villanueva Fernández¹, Manuel Crespín Crespín¹, Francisco José Castillo Bernal¹, Sara Rodríguez Diego¹, Jorge Alfredo Pérez García³, Virgilio Martínez Mateo⁴, Manuel José Fernández Anguita⁴, Rita Martínez Manzanal², Asunción Rodríguez Cubero¹, Inmaculada Guerado Espinosa¹, Javier García Redondo⁵, Juan Gómez de Oña⁶ y María Carmen Lorenzo Lozano⁷

¹Sección de Cardiología, Hospital Santa Bárbara, Puertollano (Ciudad Real). ²Servicio de Análisis Clínicos, Hospital Santa Bárbara, Puertollano (Ciudad Real). ³Servicio de Microbiología, Hospital General Universitario de Ciudad Real. ⁴Servicio de Cardiología, Complejo Hospitalario La Mancha Centro, Alcázar de San Juan (Ciudad Real). ⁵Servicio de Análisis Clínicos, Complejo Hospitalario La Mancha Centro, Alcázar de San Juan (Ciudad Real). ⁶Laboratorio de Genética Molecular, Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo (Asturias). ⁷Servicio de Bioquímica Clínica, Hospital Virgen de la Salud, Toledo.

Resumen

Introducción y objetivos: Las alteraciones de la microbiota intestinal pueden desarrollar un papel en la fisiopatología de la insuficiencia cardiaca (IC) mediado por una permeabilidad intestinal aumentada a endotoxinas, componentes bacterianos o metabolitos, con efecto proinflamatorio. En 2016, Pasini et al reportaron la presencia de flora patógena en heces de hasta un 80% de pacientes con IC. Nuestro objetivo fue valorar la presencia de alteraciones de la flora intestinal en pacientes con IC, ya fuera en forma de disbacteriosis o por presencia de flora patógena.

Métodos: 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 cultivo de heces en todos los pacientes para valorar la presencia de flora enteropatógena (*Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Yersinia* enterocolitica, *Campylobacter* spp., *Aeromonas* spp) o la ausencia de flora. De forma aleatoria en una muestra de pacientes se realizó determinación de patógenos gastrointestinales (bacterias, virus y parásitos) mediante panel gastrointestinal (GI) FilmArray, sistema de PCR (Polymerase Chain Reaction) múltiple. Finalmente, se realizó, tras extracción del DNA, secuenciación metagenómica del microbioma basado en ARN ribosomal 16S.

Resultados: Entre marzo 2018 y junio 2019 se analizaron mediante coprocultivo las heces de 48 pacientes (56% varones, Edad: $69,8 \pm 9,8$ años, FEVI $38 \pm 15\%$; NTproBNP 3.410 ± 3.584 pg/mL). Solo un paciente presentó disbacteriosis diagnosticada mediante cultivo convencional, sin evidenciar en el resto de muestras la presencia de flora patógena. La realización del panel GI en 8 de estos pacientes detectó flora patógena en un único paciente (*E. coli* enteropatógeno). La secuenciación metagenómica se encuentra actualmente en fase de realización.

Conclusiones: Pese a la alta prevalencia de flora patógena comunicada en alguna publicación previa, en nuestra serie, la valoración mediante cultivo tradicional o mediante amplificación con PCR no corroboró dichos hallazgos. La secuenciación mediante 16s rRNA aportará información sobre la existencia o no de alteraciones en la flora comensal.