



## 342 - PATRONES DE MICROBIOTA INTESTINAL ASOCIADOS A LA ENFERMEDAD DEL HÍGADO GRASO NO ALCOHÓLICO EN PACIENTES CON OBESIDAD MÓRBIDA

Á. López-Montalbán<sup>1</sup>, I. Cornejo-Pareja<sup>1</sup>, C. Gutiérrez-Repiso<sup>1</sup>, L. Garrido-Sánchez<sup>1</sup>, I. Moreno-índias<sup>1</sup>, R. Sancho-Marín<sup>1</sup>, I. Arranz<sup>2</sup>, R. Soler-Humanes<sup>3</sup>, L. Ocaña-Wilhelmi<sup>3</sup> y F.J. Tinahones<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Gestión Clínica de Endocrinología y Nutrición, Hospital Clínico Universitario Virgen de la Victoria, CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN), Instituto de Investigación Biomédica de Málaga-Plataforma BIONAND, Málaga. <sup>2</sup>UGC Anatomía Patológica, Complejo Hospitalario de Especialidades Virgen de la Victoria, Málaga, Instituto de Investigación Biomédica de Málaga-Plataforma BIONAND, Málaga. <sup>3</sup>UGC Cirugía General y Digestiva, Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Universidad de Málaga, Málaga, Instituto de Investigación Biomédica de Málaga-Plataforma BIONAND, Málaga.

### Resumen

**Introducción:** La enfermedad del hígado graso no alcohólico (EHGNA) ligada a la obesidad, engloba desde la esteatosis simple hasta la esteatohepatitis no alcohólica (EHNA) e incluso hepatocarcinoma. Recientemente, la microbiota intestinal (MI) ha mostrado ser un factor importante en la fisiopatología de EHGNA. Nuestro objetivo es describir la composición y funcionalidad de la MI en pacientes con obesidad mórbida (OM) con diferentes grados de EHGNA.

**Métodos:** 110 pacientes con OM sometidos a cirugía bariátrica se clasificaron en 3 grupos según el estudio de la biopsia hepática obtenida en la cirugía: grupo control (1), pacientes con esteatosis (2) y pacientes con esteatosis + EHNA (3). La MI se analizó con secuenciación de ARNr16S.

**Resultados:** El análisis de  $\alpha$ -diversidad mostró un aumento en el índice de Pielou en el grupo 3 comparado con el grupo 2 ( $p = 0,049$ ), el índice Observed Features fue mayor en el grupo 1 comparado con grupo 3 ( $p = 0,04$ ), sin embargo, después de la corrección, las diferencias desaparecieron. El análisis LEfSe mostró un enriquecimiento en *Enterobacteriaceae*, *Acidaminococcus* y *Megasphaera* en el grupo 3, mientras que el grupo 1 estaba enriquecido en *Eggerthellaceae* y *Ruminococcaceae*. El análisis funcional mostró un enriquecimiento en las vías relacionadas la biosíntesis de aminoácidos proteínogénicos, quinol y quinona así como en la degradación de L-arginina, L-treonina, azúcar ácido, amina y poliamina en el grupo 3 comparado con el grupo 1. También se observó un enriquecimiento en la biosíntesis de quinol y quinona en el grupo 3 comparado con el grupo 2.

**Conclusiones:** Pacientes con OM y EHGNA mostraron alteraciones en la microbiota, lo que podría añadir información a los biomarcadores no invasivos para el diagnóstico de EHGNA, pudiendo ser un nuevo objetivo para EHGNA.

**Agradecimientos:** CIBEROBN es una iniciativa del ISCIII. Este trabajo fue apoyado en parte por una subvención de la Consejería de Salud y Familias de la Junta de Andalucía (PI-0108-2022).

