



103 - LA MICROBIOTA INTESTINAL Y SU POSIBLE INTERACCIÓN EN LA INTOLERANCIA A METFORMINA

C.M. Díaz Perdigones², I. Moreno Indias³, A. Muñoz Garach⁴, M.D. Álvarez Bermúdez^{1,3}, I. Mancha Doblás¹ y F.J. Tinahones Madueño^{1,3}

¹Endocrinología y Nutrición. Hospital Universitario Virgen de la Victoria. Málaga. ²Endocrinología y Nutrición. Hospital Universitari Joan XXIII. Tarragona. ³Instituto de Bioinvestigación de Málaga. Hospital Universitario Virgen de la Victoria. Málaga. ⁴Endocrinología y Nutrición. Hospital Universitario Virgen de las Nieves. Granada.

Resumen

Objetivos: El tratamiento de la diabetes tipo 2 (DM2) con metformina es ampliamente usado por su perfil de seguridad cardiovascular. La intolerancia gastrointestinal (IG) favorece la discontinuación entre 5-10% de los casos. La estrategia de fraccionar e incrementar la dosis puede atenuar los síntomas. En estudios recientes se ha demostrado que el perfil de microbiota en DM2 con metformina se asemeja más a población sana. Así pues, la microbiota intestinal podría interferir en IG.

Métodos: Estudio prospectivo de intervención con 39 pacientes con DM2 e historia probable de IG a metformina, en el área sanitaria de Hospital Virgen Victoria. Iniciamos metformina 475 mg/d con aumento de dosis cada dos semanas hasta alcanzar 1.700 mg/d. Clasificamos a los pacientes en tres grupos: intolerantes a dosis mínimas (INT), intolerantes durante la progresión de dosis (NOTOL) y tolerantes (TOL). Se recogieron muestras fecales antes de iniciar tratamiento y se tomaron muestras finales sólo de TOL y NOTOL. La diferencias taxonómicas entre los tres grupos se evaluaron con el algoritmo "Linear discriminant analysis (LDA) effect size (LEfSe)".

Resultados: De los 10 pacientes fueron TOL; 10 se clasificaron como NOTOL y 15 como INT. En muestras fecales basales no hubo diferencias estadísticamente significativas a nivel de Filos, ni Familias. En Género Megamonas (LDAScore 4,91) y las Especies Megamonas Rupelensis (LDA score 4,69) y Phascolabacterium sp (LDA score 4,61) fueron superiores entre TOL respecto a INT y NOTOL. En las muestras fecales finales filos y familias no mostraron diferencias, a nivel de Género Eubacterium fue superior en NOTOL (LDAScore -5,31). Megamonas funiformes (LDA score 4,65), Bacteriodes Xylanisolvens (LDA 4,27), y Blautia producta (LDAScore 4,16) presentaron una mayor abundancia relativa entre TOL.

Conclusiones: La microbiota podría interferir en la presencia de IG, a nivel de la taxonomía se visualizan diferencias en géneros y especies entre los grupos.