



CO-031 - PROGRAMACIÓN INTRAUTERINA EN LA DIABETES PREGESTACIONAL: ¿CUMPLE UN PAPEL LA MICROBIOTA PLACENTARIA?

M.C. Valverde Tercedor^a, B. Vega Guedes^b, F. Jroundi^c, V. Dávila Batista^a, J.S. Álvarez Cuenod^b, V. González Rosa^b y A.M. Wägner^{a,b}

^aInstituto Universitario de Investigaciones Biomédicas y Sanitarias (iUIBS), Las Palmas de Gran Canaria, España.

^bComplejo Hospitalario Universitario Insular Materno-Infantil de Gran Canaria, Las Palmas de Gran Canaria, España. ^cUniversidad de Granada, Granada, España.

Resumen

Introducción: La diabetes (DM) pregestacional se asocia a mayor riesgo de obesidad y DM en la descendencia. Hay eventos intrauterinos que pueden explicar parte del riesgo y la microbiota de los niños podría tener un papel. Sin embargo, los microorganismos de la placenta han sido poco estudiados.

Objetivos: 1) Caracterizar y comparar la microbiota placentaria de mujeres con DM tipo 1 (DM1), tipo 2 (DM2) y sin DM. 2) Estudiar la relación entre la microbiota encontrada y diversos factores materno-fetales.

Material y métodos: Se ha analizado (por triplicado) la microbiota de la cara fetal de 14 placentas de mujeres con DM1, 16 con DM2 y 18 sin DM (almacenadas a -80 °C). Para descartar posibles contaminaciones, se han analizado 3 muestras del kit de extracción de ADN y 6 placentas de cesáreas recogidas en fresco y en esterilidad. El estudio fue aceptado por el comité de ética y las mujeres firmaron un consentimiento informado. Se extrajo el ADN mediante el kit E.Z.N.A Universal Pathogen (Omega Bio-tek, Inc.). Se amplificó y secuenció [Illumina MiSeq PE300 (StabVida, Portugal)] la región V3-V4 del 16S del ARN ribosómico bacteriano. Se calculó el índice Alpha de diversidad y Test de Wilcoxon para analizar géneros significativos, mediante el software Explicet (Robertson CE).

Resultados: Se analizaron en total 15 placentas DM1, 16 DM2 y 23 sin DM. El 33,3% fueron cesárea y 66,7% recibieron antibiótico en el parto. Se identificaron 4 filos principales: *Firmicutes*, *Proteobacteria* (*Alphaproteobacteria* y *Gammaproteobacteria*), *Bacteroidetes* y *Actinobacteria*. *Firmicutes* fue dominante en mujeres con DM2 y DM1 y *Proteobacteria*, en controles. Se identificaron 20 géneros con abundancia $\geq 1,0\%$ y 140 con abundancia $\geq 0,1\%$. El índice de Shannon indicó una diversidad microbiana menor en el kit y mayor en las mujeres con DM que sin DM. Las diferencias de géneros entre grupos se muestran en la tabla.

DM1 vs. DM2

Prevotella

Eubacterium eliens

DM1 vs. control

Alistipes

Haemophilus

DM2 vs. control

Pantoea

Campylobacter

Subdoligranulum
Ruminococcus
Lactobacillus
Campylobacter
Parabacteroides
Eubacterium hallii
Corynebacterium
Blautia

Lactobacillus
Blautia
Parabacteroides
Subdoligranulum
Bifidobacterium
Paracoccus
Ruminococcaceae/uncultured
Faecalibacterium

Chloroplast
Mitochondria
Haemophilus
Ezakiella
Kocuria
Alistipes

$p < 0,05$ para todos los casos.

Conclusiones: Se ha detectado microbiota en todos los grupos de placentas estudiados (incluso en las cesáreas recogidas en condiciones de esterilidad y en los kits de extracción) y diferencias entre grupos. Entre los géneros más significativos se encuentra *Blautia*, relacionado previamente con enfermedades autoinmunes. Quedan pendientes los análisis de la relación entre los géneros más significativos y diversas variables de las madres y su descendencia.

Financiación: ISCIII-FEDER (PI 16/00587), XIII Ayudas SED a Proyectos de Investigación Básica y Clínica en Diabetes dirigidos por jóvenes investigadores, VII Edición Premios Fundación DISA a la Investigación Biomédica.