



P-035 - PROGRAMACIÓN INTRAUTERINA EN LA DIABETES PREGESTACIONAL: ¿CUMPLE UN PAPEL LA MICROBIOTA PLACENTARIA?

C. Valverde Tercedor^a, F. Jroundi^c, R. Jiménez Monzón^a, N. Martel Suárez^a, V. Dávila Batista^a, B. Vega Guedes^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. ^cDepartamento de Microbiología, Universidad de Granada, Granada, España.

Resumen

Introducción: La descendencia de mujeres con diabetes tiene un riesgo aumentado de obesidad y diabetes a lo largo de la vida. Hay eventos intrauterinos que pueden explicar parte de este riesgo y se piensa que la microbiota de los niños puede repercutir en el desarrollo de enfermedades metabólicas futuras. Sin embargo, los microorganismos de la placenta han sido poco estudiados.

Objetivos: Evaluar y comparar la diversidad de la microbiota de placenta de mujeres con diabetes *mellitus* tipo 1 (DM1), diabetes *mellitus* tipo 2 (DM2) y mujeres sin diabetes.

Material y métodos: Estudio de cohortes de 14 mujeres con DM1, 15 con DM2 y 10 controles. Se ha analizado la microbiota de 8 placentas (almacenadas a -80 °C) de partos eutócicos (4 placentas de mujeres sin diabetes (2 cuya pareja tenía DM1), 2 de mujeres con DM1 y 2 de mujeres con DM2 mediante metagenómica. El estudio fue aceptado por el comité de ética y las mujeres firmaron un consentimiento informado. Además, se analizarán 3 muestras del kit de extracción de ADN y 5 placentas de cesáreas recogidas en esterilidad (para descartar posibles contaminaciones). Se utilizaron 3 muestras de la cara materna y 3 de la cara fetal de cada placenta. Se extrajo el ADN a partir de 30 mg de tejido placentario utilizando el kit E.Z.N.A Universal Pathogen (Omega Bio-tek, Inc). Se amplificó la región V3-V4 del gen 16S del ARN ribosómico bacteriano y se secuenció en un Illumina MiSeq PE300 (StabVida, Portugal). Se calculó el índice Alpha de diversidad mediante el software Explicet (Robertson CE). Se analizará la relación entre el tipo de diabetes y el índice de diversidad mediante χ^2 , t de Student (variables cuantitativas) o U de Mann-Whitney (distribución no normal). Además, se evaluará según tipo de parto.

Resultados: La prueba de concepto con 8 pacientes indica que la metodología elegida es adecuada para detectar microbiota en placenta. Los resultados preliminares muestran una mayor diversidad de microbiota en las muestras de mujeres con diabetes. Esta microbiota está compuesta principalmente por 4 filos: Firmicutes, Proteobacteria (Gammaproteobacteria y Alphaproteobacteria), Actinobacteria y Bacteroidetes, siendo Firmicutes el filo dominante en mujeres con DM2 y DM1. Proteobacteria domina la microbiota en controles sanos. Se han identificado en total 26 géneros con una abundancia \geq 1,0% y 108 géneros con una abundancia \geq 0,1%.

Conclusiones: Los resultados preliminares sugieren una mayor diversidad de microbiota en las muestras de mujeres con diabetes que las de mujeres sin diabetes como ocurre en otros estudios. Sin embargo, en otros estudios la proporción de Firmicutes en mujeres con diabetes es menor que en mujeres sin diabetes. En la actualidad se está extrayendo el ADN de las muestras restantes y posteriormente se realizará el análisis estadístico descrito previamente.