



1856 - PAPEL DE LA MICROBIOTA VALVULAR EN LA ENFERMEDAD DE LA VÁLVULA AÓRTICA CALCIFICADA

Manuel Anselmo Bahamonde García, Alba Helices Collins, Alejandra Pina Martínez, Víctor Campanario González, Ignacio Sanchis Haba, Rocío Salsoso, Encarnación Gutiérrez y Francisco Javier Medrano Ortega

Hospital Universitario Virgen del Rocío, Sevilla, España.

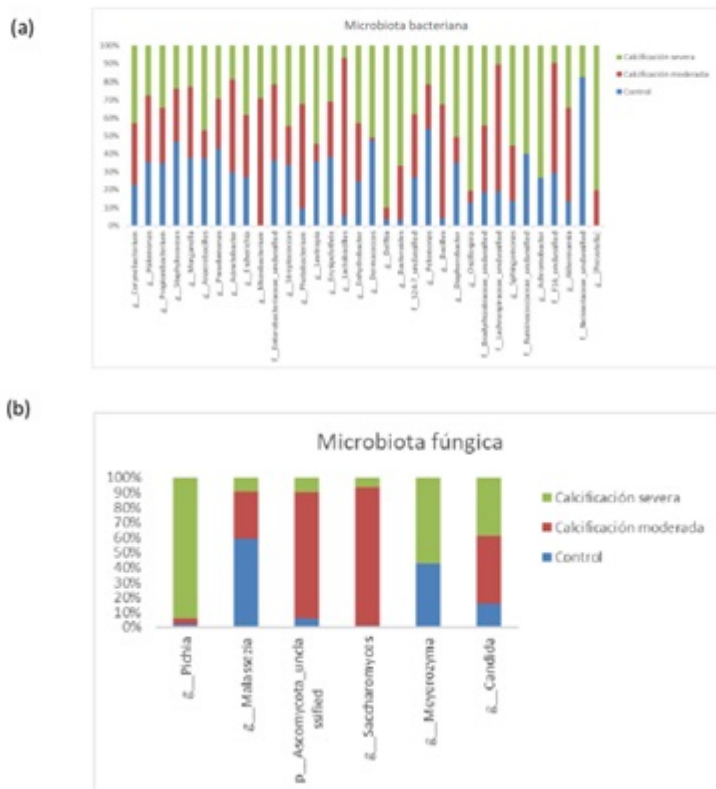
Resumen

Objetivos: Evaluar los cambios en la composición y función de la microbiota bacteriana y fúngica de la válvula aórtica que pudieran estar asociados con el desarrollo de calcificación en pacientes con EVAC.

Métodos: Estudio observacional, de cohortes retrospectivo en el que se evaluaron válvulas de 16 pacientes no seleccionados sometidos a cirugía de sustitución valvular aórtica en el Hospital Universitario Virgen del Rocío entre los años 2018 y 2021. Las válvulas se clasificaron según el grado de calcificación por técnicas inmunohistoquímicas en tres grupos: no calcificadas (control), calcificación moderada y calcificación grave. La identificación del microbioma se realizó mediante la amplificación del ADN tisular por PCR de la región v3-v4 del gen 16S rRNA (bacterias) y de la región ITS2 (hongos) con posterior secuenciación (MiSeq de Illumina) de los productos de amplificación. Los análisis de datos obtenidos de secuenciación se procesaron utilizando Mothur 1.43.0. Se utilizaron las bases de datos Silva NR (versión 138) para alinear las secuencias y Greengenes (versión 13_8_99) para la clasificación taxonómica.

Resultados: Se demostró la presencia de 35 unidades taxonómicas operacionales (OTUS) de origen bacteriano (fig. 1a) y 6 OTUS fúngicas (fig. 1b) en las 16 válvulas cardíacas humanas analizadas de los tres grupos considerados: no calcificadas (n = 4), moderadamente calcificadas (n = 4), y severamente calcificadas (n = 8). Se encontró mayor abundancia relativa en el género *Deftia* (p = 0,014; logFC = -2,288) en las válvulas calcificadas (moderadas y severas) comparadas con las no calcificadas; así como la presencia de *Microbacterium chocolatum* en todas las válvulas calcificadas (moderadas y graves) y en ninguna de las válvulas no calcificadas (p = 0,012; logFC = -2,491).

Figura 1. Proporciones relativas de géneros bacterianos (a) y fúngicos (b) en el tejido valvular aórtico proveniente de individuos sanos (n=4), con calcificación moderada (n=4), y calcificación severa (n=4) por técnicas de secuenciación del gen 16S e ITS2, respectivamente. Los resultados preliminares muestran la identificación de 35 OTUs bacterianas y 6 OTUs de origen fúngico, que podrían estar asociados al desarrollo de la EVAC.



Conclusiones: Con las limitaciones del tamaño muestral analizado nuestros resultados sugieren que la calcificación valvular en la EVAC podría asociarse con un patrón específico de microbioma bacteriano y/o fúngico, aunque no se conocen los cambios en la composición y función microbiana de la válvula aórtica, que pudieran estar asociados con una mayor susceptibilidad al proceso de calcificación.