



V-017 - ALTERACIONES DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN EL SÍNDROME DE FATIGA CRÓNICA

L. El Bikri¹, I. Sakout²

¹Medicina Interna; ²Medicina Familiar y Comunitaria. Hospital de San Pedro. Logroño (La Rioja).

Resumen

Objetivos: Describir la composición de la microbiota intestinal y la concentración de marcadores de translocación bacteriana en pacientes diagnosticados de síndrome de fatiga crónica (SFC), y compararla con la de una población control.

Material y métodos: Estudio descriptivo con 9 pacientes diagnosticados de SFC en comparación con una población control de 15 individuos sanos (tabla 1). A cada participante se le recogieron 2 muestras de sangre para cuantificar los marcadores de translocación bacteriana por ELISA: LBP (Lipopolysaccharide Binding Protein) y sCD14 (CD14 soluble) y 1 muestra de heces para la secuenciación masiva del 16SrRNA.

Tabla 1. Tabla comparativa entre ambas poblaciones

Características generales	SFC	Controles	p
Sexo femenino	9 (100%)	8 (53,33%)	0,02
Edad (media)	54	44	0,04
Dislipemia	7 (77,78%)	4 (6,67%)	0,03
Obesidad	5 (55,55%)	2 (6,67%)	0,061

Resultados: La diversidad de la microbiota ha sido similar en ambos grupos. En cuanto a la abundancia relativa de cada filo, no se han encontrado diferencias significativas en los filos más abundantes (tabla 2). No se han encontrado diferencias en las concentraciones séricas de LBP y sCD14.

Tabla 2. Abundancia relativa de los filos principales en ambas poblaciones

Filos	SFC	Controles	p
Firmicutes	66,29 ± 4,46	63,69 ± 2,70	0,601
Bacteroidetes	26,25 ± 3,75	26,56 ± 2,65	0,964
Proteobacteria	1,51 ± 0,32	2,37 ± 0,32	0,128
Verrucomicrobia	0,07 ± 0,03	0,05 ± 0,02	0,613
Tenericutes	0,01 ± 0,00	0,08 ± 0,03	0,111

Discusión: Los pacientes con SFC podrían presentar alteraciones en la microbiota intestinal que

justificarían un estado inflamatorio crónico y ser una de las causas de la enfermedad. No hubo diferencias significativas en diversidad alfa ni beta ni en los marcadores de translocación bacteriana. La diferencia más llamativa es el filo *Tenericutes*, por su ausencia en la microbiota intestinal de los pacientes (p 0,111). Podría constituir un factor protector para SFC. La principal limitación son las características de la población estudiada por su pequeño tamaño, sus comorbilidades, y sus diferencias con la población control (tabla 1). Sería interesante comprobar nuestras hipótesis con un mayor tamaño muestral, poblaciones más homogéneas, y un análisis por subgrupos.

Conclusiones: No se han observado diferencias significativas en la diversidad, ni en la composición de la microbiota intestinal. Tampoco se han encontrado diferencias en los niveles de LPB y SCD14. Nuestro estudio debería completarse con una mayor profundidad taxonómica y un mayor tamaño muestral.