



# Reumatología Clínica



<https://www.reumatologiaclinica.org>

## P297 - Asociación de la disbiosis intestinal con el daño estructural y la actividad en pacientes con espondiloartritis axial. Datos del registro COSPAR

P. Ruiz Limón<sup>1</sup>, I. Gómez García<sup>3</sup>, I. Moreno Indias<sup>1,2</sup>, M.C. Castro Villegas<sup>3</sup>, M.C. Ábalos Aguilera<sup>3</sup>, M.L. Ladehesa Pineda<sup>3</sup>, I.C. Aranda Valera<sup>3</sup>, C. Gutiérrez Repiso<sup>1,2</sup>, Y. Jiménez Gómez<sup>3</sup>, N. Barbarroja<sup>3</sup>, F.J. Tinahones<sup>1,2</sup> y E. Collantes Estévez<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Gestión Clínica de Endocrinología y Nutrición. Instituto de Investigación Biomédica de Málaga (IBIMA). Hospital Clínico Virgen de la Victoria. Málaga. <sup>2</sup>CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN). Instituto de Salud Carlos III. Madrid. <sup>3</sup>IMIBIC/Hospital Reina Sofía/Universidad de Córdoba.

### Resumen

**Introducción:** La etiopatogénesis de la espondiloartritis axial (EspAx) es multifactorial. Además de factores genéticos y ambientales, se ha sugerido el posible papel de la alteración en la microbiota intestinal (disbiosis) en este proceso. Sin embargo, aún se desconoce si existe una asociación de esta disbiosis con el daño estructural y son necesarios más estudios que evalúen su asociación con la actividad de la enfermedad.

**Objetivos:** Determinar las alteraciones en la microbiota intestinal en pacientes con EspAx. Analizar si los cambios en la microbiota intestinal en pacientes con EspAx están asociados al daño estructural o a la actividad de la enfermedad.

**Métodos:** Estudio transversal en 15 pacientes con EspAx (criterios ASAS) y 15 donantes sanos (DS) pareados en sexo y edad. Variables de actividad de la enfermedad como la proteína C reactiva y VSG, fueron recogidas. El daño estructural se midió mediante la realización de radiografías laterales de columna cervical y lumbar para establecer el índice mSASSS. Se realizó valoración de la movilidad axial mediante el índice BASMI y valoró la afectación entesítica mediante ecografía para la obtención del índice MASEI. La microbiota intestinal se evalúo mediante la plataforma Ion Torrent S5 y las secuencias obtenidas se procesaron mediante la plataforma de análisis QIIME2. Se emplearon los test chi-cuadrado y U de Mann-Whitney para variables cualitativas y cuantitativas, respectivamente y se determinaron las correlaciones mediante el test rho de Spearman. Diferencias significativas para valores de p < 0,05.

**Resultados:** Los indicadores de  $\beta$ -diversidad, como el número de OTUs (secuencias asignadas a una identidad potencial) y el índice *faith* mostraron un aumento de la riqueza en EspAx en comparación con DS ( $p = 0,03$  y  $p = 0,01$ , respectivamente). En la microbiota de EspAx se halló una disminución significativa de la familia Bacteroidaceae ( $p = 0,006$ ) y un incremento de las familias Synergistaceae y Bifidobacteriaceae ( $p = 0,036$ ,  $p = 0,049$ , respectivamente). En cuanto a género, *Bacteroides* disminuyeron en EspAx ( $p = 0,006$ ), mientras que *Dialister* y *Bifidobacterium* aumentaron en EspAx ( $p = 0,010$  y  $p = 0,046$ , respectivamente). Al relacionar las alteraciones en la microbiota intestinal con el daño estructural se encontró una correlación positiva entre el mSASSS lumbar ( $r = 0,508$ ,  $p = 0,019$ ) y la familia Synergistaceae. Esta misma familia se encontraba aumentada junto con el incremento del daño entesítico (índice MASEI ( $r = 0,656$ ,  $p = 0,028$ )) y la movilidad axial mediante el índice BASMI ( $r = 0,529$ ,  $p = 0,011$ ). Asimismo, existía una correlación significativa entre la disminución de la familia Bacteroidaceae y el género *Bacteroides* con la actividad de la enfermedad (ASDAS) ( $r = -0,697$ ,  $p = 0,025$ ;  $r = -0,770$ ,  $p = 0,009$ , respectivamente). Por otra parte, se

observó una correlación positiva entre el género Dialister con mSASSS ( $r = 0,549$ ,  $p = 0,010$ ) y BASMI ( $r = 0,512$ ,  $p = 0,015$ ).

**Conclusiones:** 1) Los pacientes con EspAx presentan una alteración significativa de la microbiota intestinal (familia Bacteroidaceae, Synergistaceae, Bifidobacteriaceae y géneros *Bacteroides*, *Dialister* y *Bifidobacterium*). 2) Estas alteraciones están asociadas al daño radiográfico, la actividad de la enfermedad, la afectación de entesis y la movilidad axial.

Agradecimientos: PRL, “Sara Borrell” (CD19/00216), IMI, “Miguel Servet tipo I” (CP16/00163), CGR JdC Incorporación (IJCI-2017-33065). Financiado por JA PI-0151-2018. Pablo Rodríguez Bada plataforma metagenómica CIBER-IBIMA.