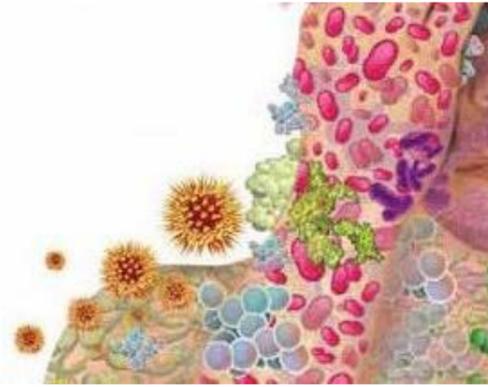


ESTUDIO DE LA MICROBIOTA NASOFARINGEA EN NIÑOS CON Y SIN DERMATITIS ATOPICA

Carla Gosálvez ¹, Laura Berbegal ¹, Javier Coy ¹, Agustín Hernández ¹, Antonio Galiana ², Noemi Marco ¹, Isabel Betlloch ¹, Juan Carlos Rodríguez ¹

¹ Hospital General Universitario de Alicante-ISABIAL, Alicante. ² Hospital General Universitario de Elche, Elche.
ELCHE



INTRODUCCIÓN

Hasta hace poco años no se conocía la relación entre el microbioma cutáneo y la salud de la piel y su respuesta inmune. El reciente desarrollo del análisis del **microbioma** permite estudiar las interacciones entre el huésped y el microbioma. Nuestro estudio pretende estudiar esta interacción en la **dermatitis atópica (DA)**.



MATERIALES Y MÉTODOS

Pacientes: 8 casos (niños con DA) y 10 controles (niños sin DA) (6 meses a 16 años de edad). Se recogieron las siguientes variables: edad, sexo, talla, peso, índice de masa corporal (IMC), antecedentes familiares de DA/asma/rinitis, antecedentes personales de rinitis/asma/alergias inhaladas/alergias alimentarias/enfermedad celiaca; SCORAD y alteraciones del sueño por prurito.

Muestras: Aspirados nasofaríngeos.

Pruebas realizadas: Tras la extracción y purificación del ADN bacteriano mediante el sistema comercializado por Molzym:MoYsis™ que elimina en genoma humano, se realizó un proceso de enriquecimiento del ADN bacteriano mediante amplificación por desplazamiento. La secuenciación masiva se realizó por el sistema Illumina MiSeq y el análisis posterior del gen 16 S rRNA se realizó con los programas ssualign y meta-rna. Finalmente las secuencias se compararon mediante BLAST con las bases de datos GreenGenes y RDP. La comparación de las muestras entre sí, se realizó mediante el programa Unifrac (desarrollado por el Consorcio del Microbioma Humano). Mediante el programa Qiime v 1.8.0. se realizó un estudio bioinformático que determinó las características del microbioma de los pacientes.

RESULTADOS

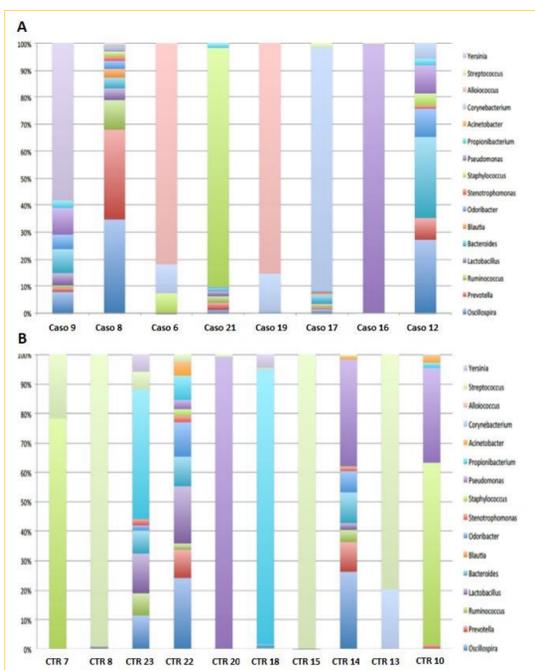


Fig1. Gráfico de barras que muestra la abundancia relativa de los géneros encontrados en los casos (A), y en los controles (B).

En todos los niños estudiados predominan 4 phylum: Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes y Actinobacteria.

En cuanto a la diversidad de las muestras, se observó que había más biodiversidad según los índices de Chao1 y Shannon en los casos que en los controles (51 vs 34 y 3,29 vs 1,14 respectivamente), pero sin ser estas diferencias estadísticamente significativas (p: 0,23 y p: 0,37 respectivamente). El resultado más destacado es la mayor abundancia del género de *Oscillospira* en casos que en controles (p < 0,05)

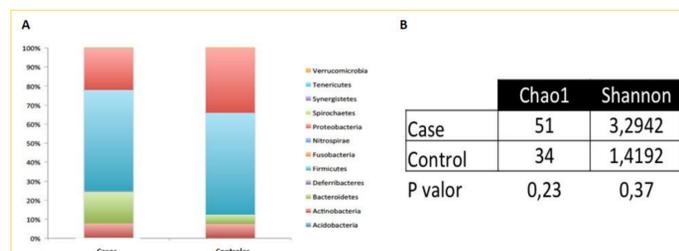


Fig2. Gráfico de barras que compara la abundancia relativa a nivel de phylum en los casos y en los controles (A). Índices de diversidad de Chao1 y Shannon, y p-valores de los casos y los controles (B).

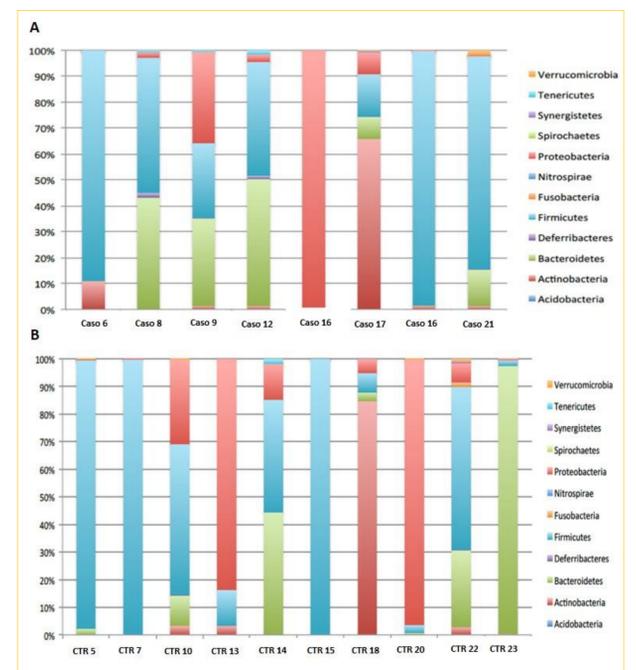


Fig3. Gráfico de barras que muestra la abundancia relativa a nivel de phylum encontrada en los casos (A), y en los controles (B).

CONCLUSIONES

Oscillospira spp. es una bacteria enigmática que nunca ha sido cultivada y cuyo papel se desconoce. Existen trabajos recientes que sugieren que estas bacterias aumentan a nivel intestinal en los niños expuestos a perros, gatos y otros animales con pelo durante los 3 primeros meses de vida, y que son beneficiosas para la salud ya que disminuyen el riesgo de alergia en la infancia, y también de obesidad. Nuestro trabajo confirma esta asociación ya que los casos presentaron menor IMC que los controles (donde el 50% (5/10) de los controles y el 25% (2/8) de los casos tenían sobrepeso u obesidad); por el contrario, nuestros datos contradicen el papel beneficioso de esta bacteria en las alergias infantiles ya que se encuentra en mayor proporción en los casos que en los controles. Estos datos nos dan una información que puede abrir un camino hacia futuras investigaciones para conocer verdaderamente qué papel juega la microbiota en la dermatitis atópica y en la salud infantil en general