

¹Departamento de Aparato Digestivo, Complejo Hospital Costa del Sol, Marbella. ²Departamento de Aparato Digestivo, Hospital San Cecilio, Granada. ³Departamento de Aparato Digestivo, Complejo Asistencial Universitario de León, León. ⁴Departamento de Aparato Digestivo, Complejo Asistencial Universitario de Burgos, Burgos. ⁵Departamento de Aparato Digestivo, Hospital Universitario Puerta de Hierro Majadahonda, Majadahonda. ⁶Departamento de Aparato Digestivo, Hospital Universitario Ramón y Cajal, Madrid. ⁷Departamento de Aparato Digestivo, Hospital Universitario del Tajo, Aranjuez. ⁸Departamento de Aparato Digestivo, Hospital General Universitario de Alicante, Alicante. ⁹Departamento de Aparato Digestivo, Hospital General Universitario de Valencia, Valencia. ¹⁰Departamento de Aparato Digestivo, Hospital Universitario Fundación Alcorcón, Alcorcón. ¹¹Departamento de Aparato Digestivo, Complejo Universitario La Paz, Madrid. ¹²Unidad de Gastroenterología y Hepatología, Hospital Clínic i Provincial de Barcelona, Barcelona. ¹³Departamento de Aparato Digestivo, Hospital Universitario de Cruces, Barakaldo. ¹⁴Departamento de Aparato Digestivo, Hospital Universitari i Politènic La Fe, Valencia.

Objetivos: Comparar la utilidad de los métodos NAFLD Fibrosis Score (NFS) y FIB4 para la predicción de la fibrosis en pacientes con EGHNA diagnosticados mediante biopsia hepática.

Métodos: El Registro HEPAmet, liderado por la Asociación Española para el Estudio del Hígado (AEEH), es una base de datos multicéntrica monitorizada, que incluye pacientes españoles con EGHNA diagnosticados mediante biopsia hepática. Deben cumplir al menos 2/4 criterios de inclusión (esteatosis definida por ecografía; ALT o AST por encima de los límites superiores de la normalidad (LSN); HOMA-IR > 4 o síndrome metabólico definido mediante criterios ATP III). Se registraron datos demográficos, antropométricos, analíticos, anatomopatológicos y ecográficos, así como enfermedades y medicación concomitante. Se determinó el área bajo la curva (AUROC) para fibrosis significativa (F2-F4) y avanzada (F3-F4). Los datos fueron analizados utilizando el paquete estadístico SPSS 22.0.

Resultados: Se incluyeron 1.214 pacientes NAFLD biopsiados, 57% (693/1.214) mujeres, edad media de 47,8 + 11,6 años. Según el SAF Score, el 60% (724/1.214) de los pacientes padecían NASH, el 26% (315/1.214) mostraron fibrosis significativa y el 12% (142/1.214) fibrosis avanzada según Kleiner. Los coeficientes de correlación entre NFS y FIB4 respecto a la fibrosis avanzada fueron 0,28 ($p < 0,01$) y 0,38 ($p < 0,01$) respectivamente. FIB4 alcanzó un AUROC mayor para la predicción de fibrosis avanzada: 0,78 [IC95% 0,74 a 0,82] que NFS: 0,73 [IC95% 0,69 a 0,76]; $p = 0,04$. De ellos, el 39,4% (478/1.214) y 21,6% (262/1.214) de los pacientes fueron clasificados como indeterminados para NFS y FIB4 respectivamente ($p < 0,01$). Para la predicción de fibrosis avanzada, el VPN fue 91% (964/1.055) y VPP 32% (51/159) utilizando un punto de corte en NFS > 0,67. Aplicando en FIB-4 un punto de corte > 2,67, el VPN obtenido fue 90,3% (1.053/1.166) y VPP 60% (29/48). Finalmente, para excluir fibrosis, un punto de corte de < -1,45 para NFS, alcanzó un VPP del 95% (550/577), y empleando el umbral en FIB-4 < -1,30, el VPP alcanzado fue 95% (859/904).

Conclusiones: En práctica clínica, ambos índices son útiles para excluir pacientes con fibrosis, con potencial como método de cribado para seleccionar aquellos con bajo riesgo de progresión. Otros métodos no invasivos son necesarios para evaluar con precisión el estadio de fibrosis de aquellos casos que caen en la zona gris.

PAPEL DE LA DISBIOSIS INTESTINAL EN LA PATOGÉNESIS DE LA ENFERMEDAD DE HÍGADO GRASO NO ALCOHÓLICO (NAFLD) ASOCIADA A OBESIDAD EN PACIENTES

E. Nistal^{1a,b}, S. Sánchez-Campos^{b,c}, M.V. García-Mediavilla^{b,c}, M.T. Arias^d, P. Linares^a, P. Iruzubieta^d, B. Álvarez^a, J.M. García Lobo^e, J.L. Olcoz^{a,c}, J. Crespo^d y F. Jorquera^{a,c}

^aServicio de Aparato Digestivo, Complejo Asistencial Universitario de León. ^bInstituto de Biomedicina (IBIOMED), Universidad de León. ^cCentro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Hepáticas y Digestivas (CIBERehd), Instituto de Salud Carlos III. ^dServicio de Aparato Digestivo, Hospital Universitario Valdecilla, Instituto de Investigación Valdecilla (IDIVAL), Santander. ^eDepartamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Santander.

Introducción: Existen numerosas evidencias que identifican a la microbiota intestinal como un factor clave en el desarrollo de obesidad, síndrome metabólico e hígado graso no alcohólico tanto en pacientes como en modelos experimentales, lo que plantea la posible utilidad de nuevas aproximaciones terapéuticas basadas en modulación de la microbiota intestinal en dichos pacientes.

Objetivos: Estudiar la composición y la diversidad de las comunidades de bacterias presentes en muestras fecales de 20 individuos sanos delgados, 36 pacientes obesos con NAFLD y 17 pacientes obesos sin NAFLD. Para ello, se amplificó la región V3-V4 del ARNr 16S, seguido de un análisis de pirosecuenciación.

Resultados: Tanto en los pacientes con o sin NAFLD, como en los individuos control, la mayoría de las secuencias pertenecieron a los filos Firmicutes y Bacteroidetes, y en menor proporción al filo Proteobacteria. El análisis estadístico manifestó diferencias significativas en el número de secuencias del filo Firmicutes entre pacientes con y sin NAFLD, siendo un factor determinante asociado a la enfermedad y un posible marcador de la misma. A nivel de género también se han encontrado cambios significativos asociados a NAFLD. El número de secuencias de Blautia, Akkalkiphilus y Flavobacterium fue significativamente menor en pacientes con NAFLD que en los individuos sanos. El género Akkermansia también mostró un número de secuencias menor en los pacientes tanto con o sin NAFLD con respecto a los individuos control. Además, el número de secuencias del género Streptococcus fue significativamente mayor en pacientes con NAFLD con respecto a pacientes sin dicha patología, constituyendo otro posible marcador de la enfermedad. La comparación de las comunidades de bacterias a nivel de género mediante un análisis de coordenadas principales (PCoA) mostró que las comunidades de bacterias de los individuos control tienden a agruparse de forma separada de las comunidades de bacterias de los pacientes sin NAFLD, en función del eje 1 que explica un 3,75% de la varianza total. Sin embargo, el factor de enfermedad NAFLD determina que no se agrupen las comunidades bacterianas, a diferencia de lo observado con los individuos no NAFLD.

Conclusiones: Los resultados muestran una disbiosis intestinal, fundamentalmente observada a nivel de género y posiblemente implicada en el desarrollo de NAFLD asociado a obesidad, justificando así la importancia de la modulación de la microbiota intestinal como posible alternativa terapéutica en el tratamiento o prevención de NAFLD.

Financiado por BFU2013-48141-R, LEU35U13, LE063U16 (Junta de Castilla y León) y Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y GRS 1428/A/16. CIBERehd está financiado por el Instituto de Salud Carlos III.

LA INFECCIÓN PASADA Y RESUELTA POR VHB NO INCREMENTA EL RIESGO DE DESARROLLAR CHC EN PACIENTES CON CIRROSIS ALCOHÓLICA O POR VHC

M.A. de Jorge^a, C. Rodríguez-Escaja^a, A. Castaño^a, L. González-Diéguez^a, C.A. Navascués^a, M. Varela^a, V. Cadahía^a, M. Rodríguez^b y M. Rodríguez^a

^aSección de Hepatología, Servicio de Aparato Digestivo; ^bServicio de Microbiología, Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo.