

Impacto de la obesidad severa y la pérdida de peso sobre la microbiota y el metaboloma fecal

Alicja María Nogacka^{1,2}, Clara G. de los Reyes-Gavilán^{1,2}, Ceferino Martínez-Faedo^{2,3}, Patricia Ruas-Madiedo^{1,2}, Adolfo Suárez^{2,4}, Leonardo Mancabelli⁵, Marco Ventura⁵, Alejandro Cifuentes⁶, Carlos León⁷, Miguel Gueimonde^{1,2}, **Nuria Salazar**^{1,2}

(1) Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Microbiología y Bioquímica de Productos Lácteos, Paseo Río Linares s/n, 33300 Villaviciosa, España

(2) Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA), Avenida Hospital Universitario s/n, 33011 Oviedo, España

(3) Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA), Servicio de Endocrinología y Nutrición, 33011 Oviedo, España

(4) Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA), Servicio de Digestivo, 33011, Oviedo, España

(5) Universidad de Parma, Departamento de Química, Ciencias de la Vida y Sostenibilidad Ambiental, 43121 Parma, Italia

(6) Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL-CSIC), Laboratorio de Alimentómica, Nicolás Cabrera 9, 28049 Madrid, España

(7) Universidad Carlos III, Departamento de Bioingeniería, Leganés, Madrid, España

Introducción: Se ha descrito disbiosis en la microbiota intestinal (MI) en obesidad pero existen pocos estudios en los que se haya caracterizado la microbiota y el metaboloma fecal en obesidad severa. **Objetivo:** Evaluar los efectos de la obesidad severa y la pérdida de peso tras una dieta hipocalórica sobre la MI y el perfil metabólico fecal. **Métodos:** A partir de muestras de heces de adultos con normopeso y con obesidad severa y de individuos obesos antes y después de la pérdida de peso se evaluó la interacción de la línea intestinal HT29 con la MI mediante el empleo de un modelo in vitro basado en impedancia. Se analizó también la composición de la microbiota intestinal mediante secuenciación del gen ARNr 16S y qPCR y se cuantificaron los ácidos grasos de cadena corta (AGCC) y otros metabolitos fecales mediante metabolómica dirigida y no dirigida respectivamente. **Resultados:** La MI de sujetos obesos presenta una menor diversidad y un perfil microbiano diferente a los voluntarios normopeso y una mayor concentración de AGCC. El estudio del metaboloma fecal ha mostrado perfiles diferentes en los sujetos con obesidad y tras la pérdida de peso que se caracterizan por diferencias en varios metabolitos fecales relacionados con los ácidos biliares secundarios, el metabolismo lipídico y energético y la síntesis de catecolaminas. **Conclusiones:** El análisis conjunto de la microbiota y el metaboloma fecal ha revelado potenciales biomarcadores microbianos y metabolitos fecales asociados a obesidad severa y a la pérdida de peso

Financing: Agradecimientos: Proyectos AGL2013-43770-R, AGL2017-83653-R y RTI2018-098288-B-I00, contratos BES-2014-068796 y IJCI-2015-19885 .