

LIBRO DE RESUMENES

CONGRESO CHILENO QUÍMICA CLÍNICA Y CIENCIAS DEL LABORATORIO

CENTRO DE CONVENCIONES / HOTEL INTERCONTINENTAL
SANTIAGO - CHILE - 18 y 19 DE AGOSTO 2022



SOCIEDAD CHILENA DE
QUÍMICA CLÍNICA

Patrocinan





TABLA DE CONTENIDOS

3	Introducción.
4	Saludo Presidenta Sociedad Chilena de Química Clínica.
6	Breve historia de los Veinte Congresos celebrados por la Sociedad Chilena de Química Clínica.
7	Directorio - Comité Organizador / Comité Científico del 20 ^{avo} Congreso.
9	Hotel Sede del XX Congreso Chileno de Química Clínica.
10	Programa Científico del XX Congreso.
14	Cursos Pre Congreso.
18	Conferencistas Invitados.
21	Resumen de Conferencias Plenarias y Simposios.
33	Temas Libres: Trabajos Libres (49); Modalidad Presentación Oral (12) / E - Poster (37).
83	Destacados: Premiación al Mejor Trabajo Libre Modalidad: Presentación Oral y E - Poster.
91	Patrocinios - Auspicios - Colaboradores.
92	ExpoLab.
93	Página web Sociedad Chilena de Química Clínica: //schqc.cl/congreso2022/
94	Acta de Clausura.





INTRODUCCIÓN

Con cierta frecuencia, la Sociedad Chilena de Química Clínica, se esmera por propiciar la movilización y encuentros presenciales de los Profesionales de las Ciencias del Laboratorio Clínico de nuestro país.

Los Objetivos de estos Eventos Científicos, qué duda cabe, son entre otros; difundir la investigación en el ámbito de nuestro quehacer profesional, contribuir al fortalecimiento de nuestras competencias profesionales y por ende a la formación continua de éstos, logrando de esta manera contribuir desde cada lugar o puesto de desempeño al engrandecimiento de nuestra profesión y al fortalecimiento de los Programas de Salud de nuestra nación.

Históricamente, nuestros Congresos; han sido, y esperamos lo sigan siendo: eventos que motiven a nuestros colegas especialistas a reunirse con cierta periodicidad, para intercambiar experiencias, estrechar redes de apoyo, tener la oportunidad de una puesta al día, conocer hacia dónde apuntan, cual es el futuro, de las Ciencias del Laboratorio Clínico.

Nuestra consigna: “Mejorar los Laboratorios Clínicos”, insertos en el Sistema de Salud, ya sea público, privado u otro; es lograr que estos puedan funcionar correcta, eficaz y eficientemente en los diferentes niveles de atención en los cuales participan; prestando servicios de Calidad, la Seguridad del Paciente es hoy en día es una de nuestras principales preocupaciones. Estamos comprometidos, además, en responder a los requerimientos y/o necesidades de nuestros usuarios a tiempo y de manera eficiente en cuanto al gasto se refiere.

Los retos del Laboratorio Clínico hoy en día, dada la vorágine del avance tecnológico, son, entre otros; la transformación digital, la investigación molecular: proteómica, genómica y metabolómica, los cuales cada vez están más al alcance de los mesones analíticos de los Laboratorios Clínicos de rutina.

La transición demográfica, la migración, pandemias globales y endemias, la otra pandemia: las enfermedades crónicas no transmisibles, el cambio climático, la resistencia a los antibióticos; son algunos de los desafíos imprescindibles que los profesionales de los laboratorios clínicos debemos tener presente en cada uno de los servicios actuales y futuros que otorgamos y otorgaremos.

La actual Pandemia nos permitió salir de los subterráneos, afortunadamente, ya son los menos, y dar un salto cualitativo y cuantitativo, para merecidamente, estar en “Salones de Palacio”. No debemos desaprovechar esta oportunidad que la historia natural de las enfermedades nos ha impuesto. Aceptemos responsable y dignamente, con la rigurosidad profesional que nos caracteriza: este desafío del siglo XXI.

Por último; la elaboración de este Libro de Resúmenes, pretende modestamente; dejar trazabilidad del abordaje e impacto que tuvo el XX Congreso de la Sociedad Chilena de Química Clínica y Ciencias del Laboratorio Clínico en nuestra esfera de acción y el sector salud de nuestro país y de Latinoamérica.

Levertón Ortiz Cáceres

Miembro de la Sociedad Chilena de Química Clínica
Secretario Ejecutivo del Comité Científico





SALUDO PRESIDENTA SOCIEDAD CHILENA DE QUÍMICA CLÍNICA

Estimados profesores, investigadores, colegas, amigos bienvenidos al XX Congreso Chileno de Química Clínica y Ciencias de Laboratorio Clínico.

Hace 3 años, a días de la inauguración del XX Congreso, estábamos en un escenario inesperado, que se manifestó en la forma de un fenómeno social potente, a veces incontenible, que no tuvo un curso de acción previsible, llamado estallido social, que nos obligó a tomar la decisión de suspender el evento programado para 23 al 25 de octubre del 2019 y reprogramarlo para el mes de abril 2020.

Nada hacía suponer que el año 2020 enfrentaríamos la mayor crisis sanitaria y humanitaria sin precedentes en el último siglo la crisis que nos ha dejado el Covid-19 que hizo tomar restrictivas medidas que se mantuvieron por más de 2 años, para tratar de contener la epidemia de coronavirus, y que nos ha traído desafíos enormes para la humanidad representando una amenaza desproporcionada para la vida, el bienestar y los derechos de las personas mayores, pero también ha traído oportunidades de construir sociedades inclusivas y más amigables.

Conscientes del desafiante escenario al que nos encontrábamos durante la pandemia, los laboratorios clínicos y sus profesionales sufrieron una rápida transformación para hacer frente al Covid-19. El compromiso durante este complejo período de dos años, su entrega en agotadores turnos, enfrentados a un estrés que aumentaba debido al exigente ritmo de trabajo, no fue impedimento para demostrar el rol y contribución del laboratorio en el diagnóstico de esta enfermedad, logrando conformar una red de laboratorios de exámenes de diagnóstico para covid-19 que comenzó con menos de 10 laboratorios en marzo de 2020, y tras dos años cuenta con más de 190 laboratorios y más de 140 mil exámenes diarios procesados....

¡Nos hicimos visible!

Este nuevo contexto permitió realizar mejoras en los procesos y protocolos internos, implementar nuevas metodologías y capacitar al personal que transformó el trabajo convencional en especializado.

A pesar del aumento de los contagios por la variante ómicron, creemos como entidad científica, que estamos mejor preparados, para enfrentarla y cada vez más cerca de aprender a convivir con el nuevo virus, lo que nos alentó a realizar nuestro XX Congreso, creando un espacio de reencuentro y de compartir conocimientos.

Hemos convocado académicos, investigadores y profesionales nacionales y extranjeros, especialistas del mas alto nivel con trayectoria reconocida que expondrán y compartirán sus conocimientos a lo largo del desarrollo del programa científico.

Tendremos la oportunidad de abrir un enriquecedor espacio de dialogo al inaugurar la Expolab donde la industria de diagnostico nos compartirá las nuevas tecnologías y los más recientes avances. Queremos como sociedad agradecerles por su permanente apoyo en todas las materias que nuestra entidad ha llevado a cabo y muy especialmente en nuestro congreso.





Un especial reconocimiento a quienes hicieron posible la organización de este evento presencial, los profesionales del Comité Científico y Organizador por su arduo trabajo, esfuerzo y dedicación para lograr el éxito de un evento de esta magnitud y la ayuda inestimable de nuestra asistente y todos aquellos que de alguna manera participaron en la Organización.

Solo me resta desearles que disfruten este encuentro.

Muchas Gracias



Angélica Lagos V.

Presidenta

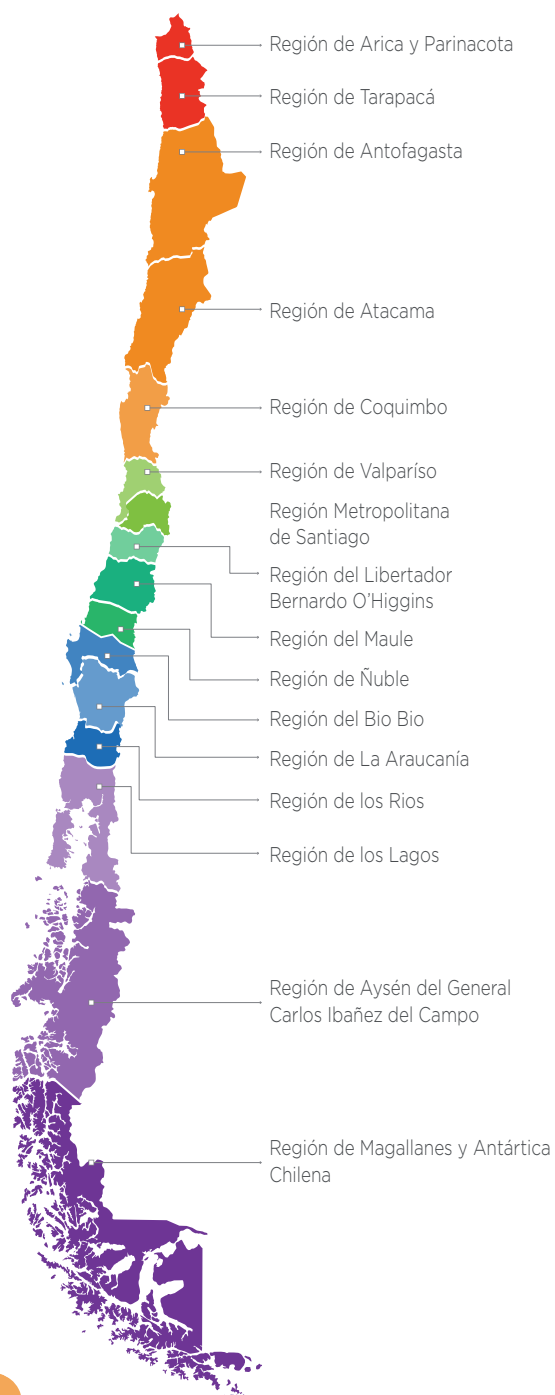
Químico Farmacéutico, Miembro Comité Ético-científico Servicio de Salud Sur.





NUESTRA HISTORIA

Breve historia de los Veinte Congresos de la Sociedad Chilena de Química Clínica



Ciudad Sede: La Serena

Nº	Año	Responsable
XI	1999	Leverton Ortiz C.

Ciudad Sede: Reñaca

Nº	Año	Responsable
XIV	2005	S. Leticia Luna

Ciudad Sede: Santiago

Nº	Año	Responsable
I	1980	Milena Monari C.
III	1983	Alfonso Salinas T.
IV	1985	Fernando Ruiz C.
V	1988	Carmen Campino J.
VI	1990	Yerka García S.
VII	1992	Carmen Romero O.
VIII	1994	Carlos Wolff F.
IX	1995	Teresa Palma D.
XVI	2010	Milena Monari C. (más COLABIOCLI)
XVII	2012	Eduardo Aranda
XVIII	2014	María Elena Arredondo
XIX	2017	René Gómez
XX	2022	Angélica Lagos

Ciudad Sede: Linares

Nº	Año	Responsable (Termas de Quinamavida)
X	1997	Lola Ramos I.

Ciudad Sede: Chillán

Nº	Año	Responsable
XIII	2003	Eliana Artigues B.

Ciudad Sede: Concepción

Nº	Año	Responsable
II	1981	Carlos Calvo M.

Ciudad Sede: Pucón

Nº	Año	Responsable
XII	2001	Nancy Fernández N.
XV	2007	Ingrid Arroqui L.



DIRECTORIO



Angélica Lagos V.

*PRESIDENTA
Químico Farmacéutico,
Miembro Comité
Ético-científico Servicio
de Salud Sur*



María Elena Arredondo

*VICEPRESIDENTA
Tecnólogo Médico,
Jefe Técnico de Red de
Laboratorios Clínicos
Bionet S.A.*



Natalia Serrano

*SECRETARIA
Bioquímico, Docente
Coordinadora Técnicos
Laboratorio Clínicos DUOC,
Docente Universidad Andes*



Eduardo Aranda

*TESORERO
Laboratorio de Trombosis y
Hemostasia, Red de Salud
UC-Christus, Representante
Nacional ante IFCC*

COMITÉ ORGANIZADOR



Angélica Lagos

*PRESIDENTA
Químico Farmacéutico,
Miembro Comité
Ético-científico Servicio
de Salud Sur*



María Elena Arredondo

*VICEPRESIDENTA
Tecnólogo Médico,
Jefe Técnico de Red de
Laboratorios Clínicos
Bionet S.A.*



Natalia Serrano

*SECRETARIA
Bioquímico, Docente
Coordinadora Técnicos
Laboratorio Clínicos DUOC,
Docente Universidad Andes*



Katherine Montoya

*INTEGRANTE
Bioquímico, jefe del
laboratorio de química
automatizada, Hospital
clínico San Borja Arriarán*



Pamela Díaz

*SECRETARÍA
ADMINISTRATIVA
Asistente ejecutiva bilingüe*

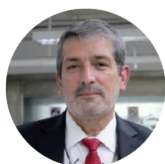


Karen Lazo

*PRODUCCIÓN CONGRESO
CONKL Congresos y
eventos*



COMITÉ CIENTÍFICO



Claudio Lobos

*PRESIDENTE
Departamento
Laboratorios, Servicio
Médico Legal*



Levertón Ortiz

*SECRETARIO EJECUTIVO
Tecnólogo Médico
Especialista, Ciencias Médicas
de Laboratorio Clínico*



Eduardo Aranda

*INTEGRANTE
Laboratorio de Trombosis y
Hemostasia, Red de Salud
UC-Christus, Representante
Nacional ante IFCC*



Cecilia Tapia

*INTEGRANTE
Médico Asesor
Microbiología y Biología
Molecular, Laboratorio
Clínico Dávila*



Paulina Bustos

*INTEGRANTE
Químico Farmacéutico
Departamento de Bioquímica
Clínica, Facultad de Farmacia,
Universidad de Concepción.*



Carolina Ochoa

*INTEGRANTE
Bioquímico, MCs.,
PhD., Investigadora en
epidemiología, Universidad
de Concepción*



Leonardo Aguirre

*INTEGRANTE
Tecnólogo Médico,
Miembro Grupo de Trabajo
Gestión de Acreditación,
COLABIOCLI*



Enrique Guzmán

*INTEGRANTE
Tecnólogo Médico,
MCs., PhD., Investigador
Departamento Bioquímica
e Inmunología Facultad de
Farmacia, U.de Concepción*



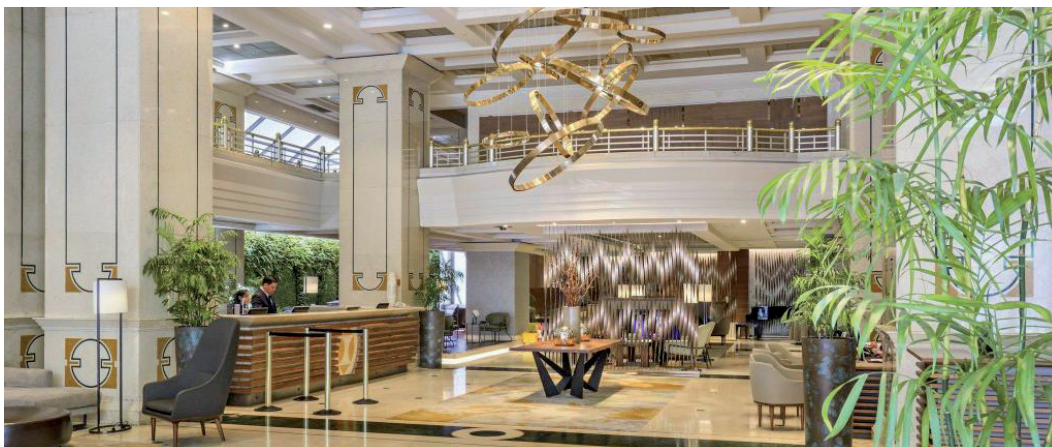
Susana Valdebenito

*INTEGRANTE
Químico Farmacéutico
Hospital San Juan de Dios*



HOTEL SEDE

En esta oportunidad, la Sociedad Chilena de Química Clínica convino, dada las circunstancias del devenir histórico de nuestro país; realizar este Evento en las dependencias del Hotel Intercontinental de Santiago de Chile. (Avda. Vitacura 2885)



8:30 A 10:00 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Plenario

Conferencias Plenarias

- Actualización de las Guías de Diabetes, Enfermedad Renal y Cardiovasculares como aplican al Laboratorio Clínico

Luis Figueroa M. / Perú

- Gestión de Riesgos Clínicos indispensables en la Seguridad del Paciente

Alba Cecilia Garzón / Colombia

10:00 A 10:30 HRS. (30 MIN.)

Visita Expolab - Coffee Break

10:30 A 12:00 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Sudamérica

Simposio 1

Enfermedades Crónicas No Transmisibles
Moderador: **Enrique Guzmán / Chile**

Diabetes Mellitus: Utilización de la Inteligencia Artificial para el diagnóstico temprano de la Diabetes Gestacional

Enrique Guzmán / Chile

Insuficiencia Renal: La Proteína NGAL como Biomarcador temprano del Daño Renal

Cristián Amador / Chile

Infarto al Miocardio:
Troponinas: Cual, cómo, cuando y por que?

Luis Figueroa M. / Perú

Salón Centroamérica

Simposio 2

Gestión de Riesgo y Bioseguridad
Moderador: **Leonardo Aguirre / Chile**

Enfoque de la Gestión de Riesgo en Salud y Seguridad del Trabajo, vinculado a los Procesos de Recursos Humanos y operaciones

Nestor Bruno Morales / Chile

Cumplimiento del laboratorio Clínico de las normas sanitarias que garantizan la seguridad del paciente: Perspectiva desde la Autoridad Sanitaria

Agustín Ortiz / Chile

Cultura de Bioseguridad más allá de un programa

Alba Cecilia / Colombia

12:00 A 13:00 HRS. (1:00 HRS.)

Salón Sudamérica

Workshop Empresas / Snack

PRO CIRURGICA

Diagnóstico de HbA1c y las interferencias en su medición por presencia de las Hemoglobinopatías

Lourdes López

Salón Centroamérica

Workshop Empresas / Snack

SYSMEX

Optimización de procesos de uroanálisis basados en automatización

Carolina Prieto Castillo



13:00 A 14:00 HRS. (1:00 HRS.)

Salón Sudamérica

Presentación y Defensa de Trabajo de Investigación

Salón Centroamérica

Presentación y Defensa de Trabajo de Investigación

14:30 A 16:00 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Plenario

Conferencias Plenarias

Desarrollo y Resultados de Programas de Pesquisa Neonatal Ampliada: búsqueda de 24 enfermedades metabólicas, genéticas y endocrinas

Juan Grancisco Cabello / Chile

16:00 A 16:30 HRS. (30 MIN.)

Visita Expolab - Coffee Break

16:30 A 18:00 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Sudamérica

Simposio 3

Alteraciones Metabólicas / Pesquisa Neonatal
Moderador: Susana Valdebenito / Chile

Experiencia y Resultados Laboratorio Regional
Pesquisa Neonatal de Hipotiroidismo
Congénito y Fenilcetonuria. Hospital Grant
Benavente

Roberto Vega / Chile

Métodos Analíticos de Tamizaje y Confirmación
utilizados en Pesquisa Neonatal

Alf Valiente / Chile

30 años de historia y desarrollo del Laboratorio
Regional de Pesquisa Neonatal en el Hospital
San Juan de Dios

Susana Valdebenito / Chile

Salón Centroamérica

Simposio 4

Calidad y Seguridad del Paciente
Moderador: Leverton Ortiz C. / Chile

Estandarización - Fortalecimiento del Proceso
Pre Analítico

Leverton Ortiz C. / Chile

Aseguramiento de la Calidad Analítica y su
impacto en la Seguridad del Paciente

Yelika Martinez Campos / Chile

Evaluación Sistemática de los Resultados-
Notificación de Valores Críticos - Análisis y
Monitoreo

Luis Figueroa Montes / Perú

14:30 A 16:00 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Plenario

CEREMONIA INAUGURAL

Discurso de Bienvenida Angélica Lagos, Presidenta Sociedad Chilena de Química Clínica.

LA GESTA CIENTÍFICA RESPONSABLE DE LAS VACUNAS PARA COVID 19

Alexis M. Kalergis / Chile





PROGRAMA CIENTÍFICO

DÍA 2: 19 DE AGOSTO 2022

8:30 A 10:00 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Plenario

Conferencias Plenarias

- Data Science: Ciencia e ingeniería; Contribución de la Academia a las exigencias de la Cuarta Revolución Industrial

Steffen Härtel / Chile

- Biomarcadores del Envejecimiento

Dra. Natalia Vilor / España

10:00 A 10:30 HRS. (30 MIN.)

Visita Expolab - Coffee Break

10:30 A 12:00 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Sudamérica

Simposio 5

Inteligencia Artificial,

Moderador: Levertón Ortiz C. / Chile

Concepción y Utilización de la I.A. en salud y su impacto en los Laboratorios Clínicos

Esteban Hebel / Chile

Desafíos de la Industria Diagnóstica para el soporte del Laboratorio Clínico 4.0

Claudio Suarez / Chile

¿Puede la I.A. mejorar la gestión y contribución de los Laboratorios Clínicos a la Seguridad del Paciente

Marcela Henríquez / Chile

Salón Centroamérica

Simposio 6

Estilos de Vida y Envejecimiento Saludable

Moderador: Carolina Ochoa / Chile

Edad Biológica vs. Edad Cronológica: El Reloj epigenético

Carolina Ochoa / Chile

Evidencia del Estudio ALFA (Alzheimer and Families): Biomarcadores de envejecimiento acelerado en personas cognitivamente sanas

Natalia Vilor / España

Marcadores para el manejo de la obesidad: lo antiguo, lo nuevo y lo olvidado

Marcelo Villagrán / Chile

12:00 A 13:00 HRS. (1:00 HRS.)

Salón Sudamérica

Workshop Empresas / Snack

SNIBE / CLINITEST

TRAB en la Enfermedad Tiroidea Autoinmune: ¿Qué Medimos?

Eduardo Juan Moratto

Salón Centroamérica

Workshop Empresas / Snack

SYSMEX

Tele Hematología: Comprenda que es la morfología digital automatizada y cómo puede ayudar a su laboratorio

Wagner Miyaura





13:00 A 14:30 HRS. (1:50 HRS.)

Salón Sudamérica

Simposio 7

Inmunología, Oncología e Investigación en
Biología Molecular

Moderadora: Paula Bustos / Chile

Rol de la dinámica Mitocondrial en la
progresión y diagnóstico del cáncer de
próstata

Francisco Roa / Chile

Estrategias de tratamiento antitumoral en la
era de la Inmunoterapia y rol jugado por la
microbiología en estas terapias

Erick Riquelme / Chile

La Inmunomodulación en cáncer oral: en
busqueda de biomarcadores tempranos

Estefanía Nova Lamperti / Chile

Salón Centroamérica

Simposio 8

Enfermedades Infecciosas

Moderadora: Cecilia Tapia / Chile

Importancia de la Microbiología Molecular en el
control de infecciones asociadas a la atención de
salud y uso racional de Antimicrobianos

Cecilia Tapia / Chile

Respuesta Inmune- Tormeta de Citoquinas:
Ajustes del Laboratorio Clínico en tiempos de
Pandemia

Mercedes López / Chile

Microbioma en el diagnóstico clínico: avances y
desafíos

Fabien Magne / Chile

14:30 A 15:00 HRS. (30 MIN.)

Visita Expolab - Coffee Break

15:00 A 16:00 HRS. (1:00 HRS)

Salón Plenario

Conferencias Plenarias

- Farmacogenómica: Retos y oportunidades en la práctica clínica

Mónica Acuña / Chile

16:30 A 18:30 HRS. (1:50 HRS)

Salón Plenario

CEREMONIA DE CLAUSURA Y PREMIACIÓN

Conferencia de Clausura

Fortalecimiento de los Profesionales de Laboratorio Clínico en Latinoamérica;
Rol de la COLABIOCLI

Álvaro Justiniano Grosz, Presidente COLABIOCLI / Bolivia





17 agosto
2022

Universidad Santo Tomás
Barrio Universitario:
Ejército 146, Edificio A
Auditorio B - 04, Santiago
(Metro Los Héroes).

CURSO PRECONGRESO

“Validación – Verificación evaluación de Métodos Cualitativos”

Docentes:

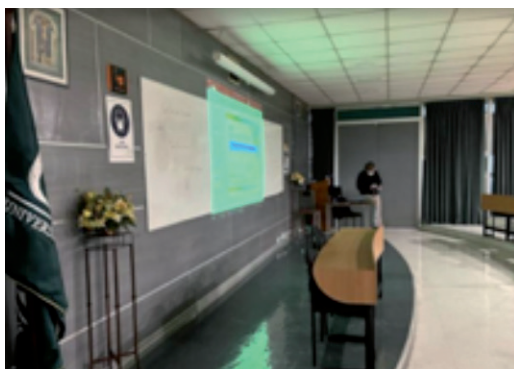
- Alba Cecilia Garzón (Colombia)
- Leverton Ortiz C (Chile)

Objetivos

- Introducir los Conceptos que aplican en los Procesos de Validación – Verificación Evaluación de Métodos Cualitativos.
- Conocer los Estándares que respaldan este tipo de Requisitos.
- Aplicar las Metodologías establecidas para Evaluar los Métodos Cualitativos; en el cumplimiento del Desempeño previsto en las aplicaciones analíticas cualitativas del Laboratorio Clínico.
- Realizar ejercicios prácticos de las Metodologías revisadas.

Organiza:

- Sociedad Chilena de Química Clínica





PROGRAMA

8:00 - 8:30	Acreditación
8:35 - 8:50	Palabras de Bienvenida Leverton Ortiz Cáceres Director Centro Médico y de Diagnostico Health Genetics La Serena - Chile. Claudio Lobos. Presidente Comité Científico Congreso 2022. Sociedad Chilena de Química Clínica
8:55 - 9:25	Introducción: Validez y Confiabilidad de los Procesos de Validación / Verificación y Evaluación de Métodos Cualitativos. Leverton Ortiz C / Chile
9:30 - 10:00	Definiciones y Estándares: A considerar en los Procesos de Validación / Verificación y Evaluación de Métodos Cualitativos. Alba Cecilia Garzón / Colombia
10:05 - 10:15	Receso- Café
10:20 - 11:05	Abordaje del Proceso de Validación / Verificación y Evaluación de Métodos: Características - Componentes - Parámetros a determinar. Alba Cecilia Garzón / Colombia
11:05 - 11:15	Receso
11:20 - 12:05	Acciones y Responsabilidades involucradas; a definir, asignar, establecer: Quien, Cuando, Como y Porque; Validar, Verificar, Evaluar. Alba Cecilia Garzón / Colombia
12:10 - 13:15	Taller Verificación Analítica Alba Cecilia Garzón (Colombia) Leverton Ortiz C (Chile)
13:20 - 14:00	Receso Colación - Almuerzo
14:05 - 15:05	Taller Verificación Clínica Alba Cecilia Garzón (Colombia) Leverton Ortiz C (Chile)
15:10 - 15:30	Receso - Café
15:35 - 16:35	Taller Sensibilidad y Especificidad Diagnostica Alba Cecilia Garzón (Colombia) Leverton Ortiz C (Chile)
16:40 - 17:40	Evaluación del Desempeño: Atributos - Requerimientos -Resultados Alba Cecilia Garzón (Colombia).
17:45 - 18:00	Conclusiones
18:00 - 18:30	Finalización





17 agosto
2022

Vergara 275, Auditorio de
Psicología,
Universidad Diego Portales,
Santiago

CURSO PRECONGRESO SOBRE AUTOINMUNIDAD

“Diagnóstico de Laboratorio en Enfermedades Autoinmunes

Expositores:

- **Orlando Gabriel Carballo**, Hospital Carlos G. Durand, Buenos Aires, Argentina
- **Verónica Mezzano**, Clínica Las Condes
- **Rebeca Montalva**, Red de Salud UC-Christus
- **Carolina Pavez**, Facultad de Medicina PUC
- **Marcelo Ramírez**, Hospital Sotero del Río

Valores de inscripción:

Profesionales	\$ 35.000
Inscritos al Congreso	\$ 20.000
Estudiantes	\$ 15.000

Patrocina:

Sociedad Chilena de Reumatología, IFCC, Universidad Diego Portales

Auspicia:

Biosystems Diagnostic SPA

Organiza:

Sociedad Chilena de Química Clínica

Informaciones:

contacto@schqc.cl
www.schqc.cl



BioSystems



PROGRAMA

8:30 - 9:00	Acreditación
9:00 - 9:15	Palabras de Bienvenida BQ. Carolina Valenzuela, Instituto de Salud Pública de Chile Dra. Angélica Lagos, presidenta Sociedad Chilena de Química Clínica
9:15 - 9:45	Generalidades de la Autoinmunidad Dr. Orlando Gabriel Carballo
9:45 - 10:30	Enfermedades autoinmunes sistémicas y laboratorio: Lupus Eritematoso Sistémico, Artritis reumatoide, Vasculitis
10:30 - 11:00	Receso- Café
11:00 - 11:30	Enfermedades gastrointestinales y hepáticas autoinmunes
11:30 - 12:00	Anticuerpos anti-Citoplasmáticos de neutrófilos: Uso en vasculitis y enfermedad inflamatoria intestinal Dr. Orlando Gabriel Carballo
12:00 - 12:30	Estudio de laboratorio de anticuerpos en afecciones intestinales y hepáticas TM. Rebeca Montalva
12:30 - 13:15	Conversatorio de casos clínicos Dr. Orlando Gabriel Carballo, TM. Rebeca Montalva
13:15 - 13:20	Finalización



CONFERENCISTAS INVITADOS



Cecilia Tapia P.

Coordinadora de enlace de
Laboratorio, Clínica Dávila,
Chile



Erick Riquelme

Profesor Asistente,
Universidad Mayor, Chile



Esteban Hebel

Médico Radiólogo, Servicio
de Salud Araucanía Sur, Chile



Álvaro Justiniano

Presidente de la
Confederación
Latinoamericana de
Bioquímica, Bolivia



Enrique Guzmán

Profesor Asistente,
Investigador académico,
Universidad de Concepción,
Chile



Carolina Ochoa-Rosales

Investigadora, Centro de
Vida Saludable, Universidad
de Concepción, Chile



Alba Cecilia Alarcón

Bacteriólogo y Bioanalista
Clínico, Especialista en
Sistemas de Gestión de
Calidad, Profesor Visitante
Programa IFCC-Abbott,
Colombia



Marcela Henríquez

Médico especialista y
doctora en Ciencias Médicas,
Directora de Laboratorio Elsa
de Integramédica, Chile



Leverton Ortiz

Tecnólogo Médico,
Especialidad de Laboratorio
Clínico, Director Técnico
Centro Médico y de
Diagnóstico Health Genetics,
Chile



Luis Figueroa

Médico Patólogo en Hospital
Suarez Angamos de la
Seguridad Social, Miembro
fundador Asociación Médica
Peruana de Patología Clínica,
Profesor Visitante IFCC-
Abbott, Perú



Steffen Härtel

Profesor titular, Instituto de
Neurociencia Biomédica
BNI, Director Centro de
Informática Médica y
Telemedicina CIMT, Centro
Nacional de Información en
Salud, Chile



Natalia Vilor-Tejedor

Investigador postdoctorado,
Centro de Regulación
Genómica (CRG),
BarcelonaBeta Brain
Research Center, Profesor
Visitante IFCC-Abbott,
España



CONFERENCISTAS INVITADOS



Alexis M. Kalergis.

Profesor Titular y
Director, Millennium
Institute Immunology and
Immunotherapy, Facultad
de Ciencias Biológicas
y Facultad de Medicina,
Pontificia Universidad
Católica de Chile, Chile



Claudio Suarez

Médico Especialista
Laboratorio Clínico, Member
Task Force on Outcome
Studies, in Laboratories
Medicine (TF-OSLM) IFCC,
Director Médico LATAM,
Ortho Clinical Diagnostics,
Chile



**Estefanía Nova-
Lamperti**

Profesor Asistente,
Departamento de
Bioquímica Clínica e
Inmunología, Facultad de
Farmacia, Universidad de
Concepción, Chile



Marcelo Villagrán

Profesor Asociado, Jefe
de Programa en Ciencias
Biológicas, Facultad de
Medicina, Universidad
Católica de la Santísima
Concepción, Chile



Katia Gysling

Profesora Titular,
Departamento de Biología
Celular y Molecular, Facultad
de Ciencias Biológicas,
Pontificia Universidad
Católica de Chile, Chile



Eduardo Juan Moratto

Jefe del Laboratorio
Endocrinología Hospital
Nacional "Prof. A. Posadas",
Esp. en BQ Endocrinológica,
Ginecológica y Reproductiva,
Esp. en Gestión y Dirección
de Instituciones de Salud
de Universidad Austral,
Argentina



Juan Francisco Cabello

Neurólogo Pediatra, Director
Centro de Diagnóstico, INTA
Universidad de Chile, Chile



Mercedes López N.

Profesora Asociada,
Directora del Programa
Molecular, Universidad de
Chile, Chile



Néstor Morales E.

TAsesor SST, Mutua de
Seguridad, CChC, Chile



Susana Valdebenito

Subjefe Laboratorio Regional
Pesquisa Neonatal HC-PKU,
Hospital San Juan de Dios,
Chile



Roberto Vega M.

Director técnico Laboratorio
Clínico, Hospital Regional
Concepción, Chile



Agustín Ortiz

ICoordinador Sub
Departamento Profesiones
Médicas, Seremi de Salud
Metropolitana, Chile





CONFERENCISTAS INVITADOS



Cristian Amador

Investigador Académico,
Profesor Asistente,
Universidad Autónoma de
Chile, Chile



Sabina Vargas Z.

Especialista en aplicaciones
y productos, Asesora en
Aseguramiento de la Calidad
y Procesos de Acreditación,
Chile



Fabien Magne

Profesor Asistente, Instituto
de Ciencias Biomédicas,
Facultad de Medicina,
Universidad de Chile, Chile



Alf Valiente

Laboratorio Enfermedades
Metabólicas, INTA.
Universidad de Chile, Chile



Yelika Martinez C

Unidad de Calidad,
Laboratorio BanMédica,
Chile



Francisco Roa

Investigador, Facultad
de Ciencias Biológicas,
Universidad de Concepción,
Chile



Carolina Prieto C.

Médico especialista
Laboratorio Clínico, Jefe
de laboratorio Hospital
DIPRECA, Directora de
Formato Clínico, Chile



Mónica Acuña P.

Profesora, Universidad
de Chile





Actualización de las Guías de Diabetes, Enfermedad Renal Crónica y Enfermedad Cardiovascular

Dr. Luis Figueroa

*Fundador de Medicina del Laboratorio,
Miembro de la Asociación Médica Peruana de Patología Clínica
Programa de profesores visitantes de IFCC - Abbott
patologoclinico@gmail.com*

Es primordial que los países de bajos y medianos ingresos, inicien una campaña agresiva para implementar programas de prevención precoz de las enfermedades crónicas no transmisibles como la diabetes, enfermedad renal crónica y enfermedades cardiovasculares.

Las pruebas de laboratorio para realizar el diagnóstico precoz de:

- La prediabetes y diabetes son la glucosa plasmática en ayunas, la hemoglobina glicosilada y la prueba de tolerancia oral a la glucosa.
- La enfermedad renal crónica con el perfil renal conformado por la creatinina sérica, la albumina en orina y la creatinina en orina. Con estas pruebas estimo la tasa de filtración glomerular y la tasa albumina-creatinuria respectivamente.
- Las enfermedades cardiovasculares son evaluadas mediante el tradicional perfil lipídico: colesterol total, HDL, LDL, VLDL y triglicéridos. Sin embargo existe una evidencia médica creciente del uso de la apolipoproteína B y el cálculo del colesterol No HDL. Destacar que realizar estas pruebas no tienen sentido si no se calcula el riesgo cardiovascular en los pacientes.





Infarto agudo de Miocardio Troponinas: cuál, cómo, cuándo, y por qué?

Dr. Luis Figueroa

Fundador de Medicina del Laboratorio,
Miembro de la Asociación Médica Peruana de Patología Clínica
Programa de profesores visitantes de IFCC - Abbott
patologoclinico@gmail.com

Los profesionales de la medicina de laboratorio deben generar espacios de dialogo con los actores del sector sanitario y creadores de las políticas públicas, para hacer visible esta necesidad.

Existen diferentes biomarcadores que abordan la progresión del aterosclerosis, como principal causa de las enfermedades cardiovasculares.

Existe evidencia médico científico que el biomarcador por elección para evaluar la ISQUEMIA MIOCARDICA es la troponina T o I, y desde el 2010 con el uso de la troponina altamente sensible.

El uso de esta troponina altamente sensible debe ser implementada de forma articulada entre los usuarios: emergencistas, cardiólogos y los profesionales del laboratorio para definir sobre que guía de práctica clínica se van a definir los flujos de intervención en los pacientes con infarto de miocárdico 1 o 2.

Es crucial comprender los conceptos de percentil 99, URL, límite de detección y cuantificación en su implementación.

Se debe definir los criterios de rule-in, rule-out y deltas, según el tipo de troponina expresada en ng/L.

- Los puntos de corte son específicos del ensayo y se derivan para cumplir con los criterios predefinidos de sensibilidad y especificidad para el infarto de miocardio sin elevación del segmento ST.
- Se están desarrollando estudios con la troponina altamente sensible relacionados a la detección de injuria cardiaca crónica en pacientes con coronariopatía crónica estable, insuficiencia cardiaca aguda y crónica, enfermedad renal crónica.





Evaluación sistemática de los resultados de laboratorio. Notificación de Valores Críticos

Dr. Luis Figueroa

*Fundador de Medicina del Laboratorio,
Miembro de la Asociación Médica Peruana de Patología Clínica
Programa de profesores visitantes de IFCC - Abbott
patologoclinico@gmail.com*

La medicina de laboratorio ha evolucionado de forma significativa en las últimas décadas. Las innovaciones técnicas y diagnósticas están ayudando a que esta profesión médica sea una de las más estandarizadas y con las más bajas tasas de error.

Este impulso ha permitido a los laboratorios proporcionar un espectro más amplio de pruebas con una mejor calidad en un tiempo más corto. Sin embargo, estos logros pueden tener un menor valor, si el resultado específico, se diluye por una sobrecarga o dispersión de la información. Como consecuencia, la principal información puede perderse o malinterpretarse, lo que puede ocasionar un peligro en la seguridad del paciente.

La presentación de los resultados no ha cambiado de forma drástica durante los últimos 50 años. La secuencia en la que se muestran los resultados y su información, es muy heterogénea entre los laboratorios, porque no existe una directriz o recomendación disponible.

Existen diferentes guías sobre qué contenido debe mostrarse como mínimo en un resultado de laboratorio, pero no hay recomendaciones disponibles sobre cómo formatear un informe de este tipo en términos de diseño de la información.

Para abordar este tema, se expuso lo que expertos de la European Federation of Clinical Chemistry and Laboratory Medicine (EFLM) revisaron las publicaciones y establecieron propuestas para mejorar la presentación de los resultados de laboratorio.

Además, se comentó la importancia de implementar el procedimiento de reporte de valores críticos en los laboratorios. Definir que pruebas, cuáles serán sus límites, como se escalará la información, quién recibirá el valor, los registros y la mejora continua.





Cultura de Bioseguridad; mas allá que un Programa.

Dra. Alba Cecilia Garzón

Bacterióloga y Bioanalista clínico .Universidad Mayor de Cundinamarca. Magister en Seguridad Clínica de la Universidad Internacional de la Rioja España. Especialista en sistemas de gestión de calidad y auditoria de servicios de salud de la Escuela de Medicina Juan N Corpas.

Miembro Comité técnico de Laboratorios clínicos Colombia,

Miembro Comité de Seguridad de paciente ICONTEC Colombia, Miembro de la Sociedad Española de Química Clínica y medicina del laboratorio, Miembro del Work Group IFCC Iberoamérica RIA IFCC..

Durante la pandemia del COVID 19, el SARS COV- como el mejor gestor de cambios puso de manifiesto la necesidad de fortalecer ras buenas prácticas de Bioseguridad, entendidas como ese conjunto de normas y barreras destinadas a reducir el riesgo de transmisión de microorganismos de fuentes reconocidas o no reconocidas de infección en los Servicios de Salud donde los Profesionales del Laboratorio están en un riesgo alto y permanente de accidentes por exposición a sangre y fluidos corporales.

Durante muchos años en los Laboratorio clínicos la Bioseguridad fue entendida únicamente en términos de cumplimiento con la implementación de un Manual Documentado, y el uso de Elementos de Protección personal.

El desafío y el aprendizaje dejado durante la Pandemia puso de manifiesto la necesidad de dinamizar el programa Bioseguridad, de mejorar el aprendizaje organizacional sobre nuevos conceptos como la Biocontención, el bioriesgo, pero especialmente genero conciencia social de la importancia de asegurar la adherencia a las normas, de los cambios de comportamiento centrados en exceso de confianza en la labor diaria que se realiza en la práctica del profesional del Laboratorio.

La cultura de la Bioseguridad se traduce en lograr la forma en que se gestione en el lugar de trabajo una decisión personal de cada colaborador del laboratorio clínico para que sus actitudes, creencias, percepciones y valores relacionada con la seguridad soportados en el conocimiento, en la mejor evidencia científica disponible , pero especialmente en valores compartidos y objetivos comunes de preservar la vida y su calidad de vida en el ambiente del laboratorio clínico.

Los Profesionales del Laboratorio clínico hoy tiene mas herramientas conceptuales para mejorar los elementos de entrada en la trnasformacion de esa cultura , y se hace importante revisar las Norma Técnica ISO 35001:2020 “Gestión del bioriesgo para los laboratorios y otras organizaciones relacionadas “que define el proceso para identificar, evaluar, controlar y monitorear los riesgos asociados con materiales biológicos peligrosos y es aplicable a cualquier laboratorio u otra organización que trabaje, almacene, transporte, y/o deseche materiales biológicos peligrosos.





Métodos Analíticos de Tamizaje y Confirmación utilizados en Pesquisa Neonatal.

Alf Valiente

INTA, Universidad de Chile.

avaliente@inta.uchile.cl

La Pesquisa Neonatal corresponde a un programa de salud que se instala en una región o país, el cual idealmente debe estar bajo la tutela del Ministerio de Salud del país. Es decir, los ensayos de laboratorio aplicados dentro de este programa, son sólo una parte del engranaje dispuesto para la búsqueda, confirmación, tratamiento y seguimiento de pacientes afectados por una de las patologías incluidas en este programa.

Nos centraremos en los métodos de pesquisa que hacen uso de gotas de sangre seca en tarjeta de papel filtro (GSS) como muestra primaria.

Niveles de aminoácidos, hormonas, actividades de enzimas seleccionadas y otros metabolitos específicos, pueden ser cuantificados en GSS. Las técnicas más ampliamente usadas son Fluorometría, Inmunofluorometría, Espectrometría de Masas en Tandem (MSMS). Cada uno de estos test tiene sus versiones "in house", kits manuales, kits automatizados a distintos equipos. Para MSMS se describen ensayos con y sin derivatización, incluyendo el análisis de más o menos metabolitos, según la definición del programa del país, entre otras variables.

Para la confirmación de casos sospechosos del programa también existen distintas alternativas, pero más acotadas: Cuantificación de metabolitos específicos para cada patología por ensayos bioquímicos tradicionales, HPLC con distintos tipos de detección incluyendo MS y MSMS, Cromatografía Gaseosa asociada a MS y Tests Genético moleculares entre otras.





El Fortalecimiento de los Profesionales de Laboratorio Clínico en Latinoamérica: Rol de la COLABIOCLI.

Álvaro Justiniano

Confederación Latinoamericana de Bioquímica Clínica (COLABIOCLI)
laboratoriosmedicomp@hotmail.com

Las dos últimas décadas han supuesto un cambio radical para los laboratorios clínicos, debido a un conjunto de circunstancias:

- El gran avance tecnológico, que ha permitido realizar un gran número de pruebas sin menoscabo de la calidad en los resultados.
- La llegada de la informática, que ha permitido manejar grandes volúmenes de información
- El desarrollo de un gran número de nuevas pruebas diagnósticas, en todas las áreas de conocimiento de los laboratorios.
- El hecho de que, en gran medida, las muestras pueden viajar sin necesidad de trasladar a los pacientes.

El profesional del laboratorio clínico debe combinar sus conocimientos en el área de diagnóstico con su experiencia analítica para aconsejar a sus colegas clínicos acerca de las propiedades de los exámenes, cómo seleccionar el examen idóneo y cómo dar una interpretación adecuada de los resultados.

La participación activa de estos profesionales en los proyectos de investigación, en las consultorías, en las auditorías, en la evidencia de las pruebas de laboratorio, en la informática, la atención al paciente desde la toma y recepción de la muestra hasta el reporte de los informes.

Se deben considerar los aspectos pre analítico, analítico y post analítica del proceso de calidad en la gestión total de la calidad en el laboratorio clínico.

La Confederación Latinoamericana de Bioquímica Clínica organización promotora de la mejora continua de la calidad, el desarrollo integral del laboratorio clínico, con fuerte liderazgo en la región, con la participación activa de las entidades nacionales integrantes y sus miembros en cada país de Latinoamérica.





Importancia de la microbiología molecular en el control de infecciones asociadas a la atención de salud y uso racional de antimicrobianos

Dra. Cecilia Tapia P. MD, PhD

*Médico Asesor
Microbiología y Biología Molecular Laboratorio Clínica Dávila*

Los avances en medicina, han prolongado notablemente la esperanza de vida de las personas, sin embargo aparece el desafío cada vez mayor de controlar las enfermedades infecciosas asociadas a la atención de la salud. Con el fin de gestionar este problema, de forma oportuna y completa se requiere vigilancia para detectar primero y luego realizar intervenciones para prevenir la propagación infecciones. El laboratorio de microbiología clínica tiene un importante rol entregando información para aislar a los pacientes y dar un tratamiento antimicrobiano ajustado. A partir de la normativa de detectar y aislar inicialmente a los pacientes que provienen de otros centros hospitalarios y aquellos que se encuentran internados en Unidades de Paciente Crítico y otros servicios, la incorporación de la vigilancia molecular de mecanismos de resistencia, constituye una herramienta que ha permitido agilizar este proceso y conocer estos mecanismos para reducir su transmisión al interior del hospital.

Objetivos: Presentar la experiencia en el uso de la vigilancia molecular en la monitorización al ingreso y su importancia en la reducir la transmisión al interior del hospital y el uso racional de antimicrobianos

Eje principal: Discutir los sistemas de vigilancia al ingreso, los microorganismos involucrados y los mecanismos de resistencia relevantes que deben ser monitorizados.

Temas a tratar:

- Vigilancia al ingreso
- Métodos de Vigilancia
- Rol del laboratorio de microbiología
- Ventajas de la vigilancia molecular de mecanismos de resistencia
- Importancia del conocimiento de mecanismos de resistencia en el uso racional de antimicrobianos





Data Science: Ciencia e Ingeniería; contribución de la Academia a las exigencias de la Cuarta Revolución Industrial

Dr. Steffen Härtel

BNI, CIMT, CENS, RESDUE, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Fue subdirector de investigación del Instituto de Ciencias Biomédicas ICBM 2014-18, fundador de CEDAI SpA (2012), director del primer Centro Chileno de Patología Digital, fundador y director del Centro de Informática Médica y Telemedicina desde 2014 y del Master Internacional de Informática Médica desde 2012. En 2016, fue director fundador del Centro Nacional de Sistema de Información en Salud (CENS) conformado por 5 universidades nacionales y socios de la industria y el gobierno. En 2022, es coordinador académico de la Red de Salud Digital de las Universidades del Estado de Chile (RSDUE) formada por 13 instituciones nacionales de educación superior.
shartel@uchile.cl

La Cuarta Revolución Industrial o Industria 4.0 hace referencia a la digitalización integral de la producción industrial con el fin de equiparla mejor para el futuro. La producción se interconecta con las Tecnologías de la Información y la Comunicación TICs en base de sistemas inteligentes en red o en la nube.

El fin es una cadena de valor autoorganizada donde personas, máquinas, plantas de producción, elementos de la logística y productos se comunican y cooperan directamente entre sí. La conexión permite optimizar una cadena de valor entera, incluyendo todas las fases del ciclo de vida de un producto o servicio: desde la idea, el desarrollo, la producción, el uso, el mantenimiento, y el reciclaje.

La presente presentación resume las experiencias y avances logrados desde institutos de investigación biomédicos, centros de informática médica y sistemas de información en salud en el contexto de los ocho principios rectores sobre la transformación digital en el sector de la salud de la Organización Panamericana de la Salud OPS.

Investigación, innovación, formación de capital humano avanzado y competencias en el ámbito profesional y técnico convergen para la generación de un marco de calificaciones en el país, la creación y organización de valores, confianza y una buena cultura y gobernanza de datos al servicio de nuestra calidad de vida y salud.





Desafíos de la Industria Diagnóstica: Innovación en los Sistema de Integración y de Inteligencia en los Laboratorios Clínicos 4.0”

Dr. Claudio Suarez

Médico Especialista Laboratorio Clínico, Magíster en Ingeniería Industrial y Sistemas de la Universidad del Desarrollo

Certificación Laen Health de la Universidad de Michigan Ann Arbor, MI. USA Member Task Force on Outcome Studies, in Laboratories Medicine (TF-OSLM) IFCC, Director Médico LATAM. Chile

Los sistemas de producción han ido experimentando cambios radicales en la historia humana de acuerdo a la organización e integración de personas y procesos, junto a la incorporación tecnologías para maximizar la eficiencia en la utilización de los recursos frente a las crecientes demandas. Es así como estos cambios radicales han definido revoluciones industriales, siendo el laboratorio clínico influenciado constantemente por estas innovaciones a lo largo de su desarrollo organizacional.

Uno de los actores que ha contribuido al desarrollo de la medicina de laboratorio es la industria IVD, la cual debe tener una visión a futuro en forma constante para promover las innovaciones que la sociedad demanda, junto con satisfacer las necesidades actuales, cada vez más demandantes en calidad y oportunidad.

El laboratorio clínico ha ido a la par de las revoluciones industriales en los últimos 70 años, y este avance ha estado influenciado por la contribución de la industria IVD en la investigación y desarrollo de la medicina de laboratorio, la que constantemente debe sortear los desafíos relacionados a la innovación y nuevos modelos de negocio en un mundo actual de un dinamismo organizacional y tecnológico sin precedentes.

Esta revisión da cuenta de dichos desafíos que la industria IVD enfrenta ante el laboratorio clínico 4.0, y como se perfila su contribución en el futuro mediano.





Cumplimiento del Laboratorio Clínico de las Normas Sanitarias que garanticen la Seguridad del Paciente; perspectiva desde la Autoridad Sanitaria.

Agustín Ortiz Estay

Tecnólogo Médico con Mención en Morfofisiopatología y Citodiagnóstico

Coordinador Subdepartamento de Profesiones Médicas

Departamento de Acción Sanitaria

Secretaría Regional Ministerial de Salud Región Metropolitana

Subsecretaría de Salud Pública

Ministerio de Salud

Agustin.ortize@redsalud.gob.cl

Los Laboratorios Clínicos son Establecimientos del área de la Salud, que realizan o contribuyen a la ejecución de acciones de promoción, protección y recuperación de la salud y rehabilitación de las personas enfermas. Requieren para su instalación, ampliación, modificación o traslado, autorización sanitaria, emitida por la Secretaría Regional Ministerial de Salud de la región en que se encuentren situados, de acuerdo a lo establecido en el Artículo 121º del Código Sanitario, aprobado por el Decreto con Fuerza de Ley N° 725 de 1968.

Existen diversos cuerpos jurídicos que regulan la actividad realizada en este tipo de Establecimientos, tales como el Reglamento de Laboratorios Clínicos (DS N° 20/2011), las Normas Técnicas Básicas para obtener Autorización Sanitaria de los Establecimientos de Salud (DS N° 58/2008), entre muchos otros que inciden tanto en lo técnico propiamente tal, como en las condiciones laborales del Personal, además de recomendaciones o guías emanadas por los distintos organismo del Ministerio de Salud.

Es importante señalar que la Autorización Sanitaria constituye el piso, o el primero de los procesos consecutivos que buscan asegurar la Seguridad y Calidad de la Atención al Paciente, como Política de Salud Pública, siendo un requisito indispensable para la Acreditación en Salud.





Biomarcadores de Envejecimiento

Natalia Vilor-Tejedor

*Programa de Microbiología y Micología,
Instituto de Ciencias Biomédicas,
Facultad de Medicina,
Universidad de Chile.
fmagne@uchile.cl*

El microbioma humano codifica más de tres millones de genes, superando en número a los genes humanos en más de 100 veces, mientras que las células microbianas en la microbiota humana superan en número a las células humanas en hasta 10 veces. La relación de simbiosis desarrollada entre estos microorganismos y nuestro organismo a lo largo de la vida, tiene profundas implicaciones en la salud humana.

Varios estudios mostraron que cambios en la composición de nuestro microbioma, están asociados a enfermedades, sugiriendo que el microbioma podría desencadenar o predisponernos a una patología, antes que se presente clínicamente.

El microbioma podría regular la fisiología y el metabolismo del ser humano, a través de la producción de metabolitos secretados por los microorganismos. Esto ha generado un interés en la comunidad médica y científica, dado que el microbioma humano constituye una fuente importante de biomarcadores de enfermedades, así como también de objetivos terapéuticos.

Esta conferencia tiene como objetivo presentar las posibles aplicaciones del uso del microbioma en el diagnóstico clínico y las limitaciones para su uso de forma rutinaria





Armonización de los procesos del laboratorio

Sabina Vargas Zúñiga

sabina@dgvsigmaconsultores.cl

El Laboratorio Clínico está sujeto a una serie de procesos que confluyen en etapas para el logro de servicios y productos que satisfagan las necesidades de sus usuarios tanto internos como externos. Internacionalmente la tarea de armonizar estos procesos dentro del laboratorio propone, entre otros, mejorar la forma de analizar los datos que son la base de toda mejora continua mediante el uso de diferentes herramientas tales como los indicadores de Calidad o participación en Programas de Intercomparación. Frente al status actual de análisis de datos, la etapa analítica dentro de los procesos del laboratorio presenta la mayor cantidad y disponibilidad de información y herramientas dándonos la oportunidad y desafío de llevar las etapas pre y post analítica a similares instancias de robustez que permitan en su conjunto y con evidencia objetiva demostrar el real aporte del laboratorio clínico al cuidado, seguimiento, diagnóstico y tratamiento, cumplimiento de sus requisitos y satisfacción de nuestros usuarios.

30 Años de Historia y Desarrollo del Laboratorio Regional de Pesquisa Neonatal Hospital San Juan de Dios.

Susana Valdebenito

Hospital San Juan de Dios (HSJD).

susana.valdebenito@redsaludo.gov.cl

Los Programas de Pesquisa Neonatal (PPN) son estrategias de Salud Pública esencialmente preventivas, que permiten identificar precozmente diversas patologías que ocasionan discapacidad intelectual irreversible, muerte o secuelas neurológicas. Dentro del PPN chileno el Laboratorio Regional de Pesquisa Neonatal (LRPN) es una Unidad de apoyo diagnóstico tiene una historia de 30 años de funcionamiento en el Hospital San Juan de Dios asociado al Programa Nacional de Búsqueda Masiva de Hipotiroidismo Congénito (HC) y Fenilcetonuria (PKU) ;utiliza métodos de análisis en sangre seca y estrategias de búsqueda masiva en la población de Recién Nacidos (RN) del sector público provenientes del 73% de las Regiones de Chile.

El laboratorio ha tenido un rol protagónico en el desarrollo de esta actividad en el país implementando diferentes técnicas de tamizaje sujetas a rigurosos estándares de calidad a nivel internacional sometiendo métodos a programas de control de calidad internos y externos de organismos internacionales como CDC de USA.

Referenzinstitut für Bioanalytik de Alemania y la Fundación Bioquímica Argentina.

Los métodos automatizados que utilizamos corresponden a los de excelencia recomendados a nivel internacional para esta actividad .En el laboratorio se desarrolla el 70 % del tamizaje neonatal de Hipotiroidismo congénito (HC) y Fenilcetonuria (PKU) en los recién nacidos del sistema público de salud. Esta actividad ha sido reconocida como plenamente exitosa habiendo prevenido el retardo mental en 1219 niños ,con baja tasa de falsos negativos .Actualmente ejecutamos además el plan piloto para la pesquisa de Fibrosis Quística en RM y VR iniciado el 2013.





Proceso Pre Analítico: Fortalecimiento, Estandarización y Robustez.

Prof. Levertón Ortiz C

*Tecnólogo Médico Universidad de Chile
Director Centro Médico y de Diagnóstico Health Genetics.
La Serena. Chile*

Los Laboratorios Clínicos del siglo XXI, dado el avance y expansión de la digitalización, el forzoso manejo y/o gestión eficiente de información y/o datos del sector salud, el creciente y permanente desarrollo tecnológico, sumando a lo anterior la creciente demanda de la cual somos parte; nos compromete permanentemente a no descuidar la rutina que proporcionamos en la prevención, diagnóstico, monitoreo de las enfermedades, tanto las crónicas, como las emergentes, por nombrar algunas; más los últimos descubrimientos que aterrizan vertiginosamente en nuestros mesones analíticos; de manera imperativa, nos demandan a evidenciar nuestras capacidades para proporcionar servicios que satisfagan los requerimientos de los Médicos, Pacientes Usuarios, de la Autoridad Sanitaria, de las Instituciones aseguradoras.

Esta evidencia, se pone de manifiesto, al enfrentar exigencias de Acreditación del más alto nivel, como es una ISO 9001, ISO 15189, ISO 20658; donde la alineación de Gestión por Procesos es una obligatoriedad a desarrollar, implementar en nuestras Unidades.

De los cinco Procesos Claves que se manejan al interior del Laboratorio Clínico, el Proceso Pre Pre y Pre Analítico: demanda toda nuestra atención, dado los riesgos y errores que le son característicos, según la mayoría de la bibliografía que permanentemente se actualiza y revisa; es donde encontramos el mayor porcentaje de fallos.

Se destacaran en la presentación, en la medida que se avanza desde la Habilitación hasta la Acreditación; cuatro aspectos que son trascendentales en el abordaje de estandarización y robustez de este Proceso (Pre Pre y Pre Analítico); tales como:

- Diseño del Proceso Pre Analítico.
- Diseño del Producto del Proceso Pre Analítico
- Evaluación del Desempeño del Proceso Pre Analítico
- Mejora Continua del Proceso Pre Analítico





TEMAS LIBRES: AMBIENTACIÓN Y ABSTRACTS

Salones: se dispusieron, por parte de la Organización y del Comité Científico, según Programa;

- Habilitar Dos Salones para la Presentación de los Trabajos Libres Modalidad Presentación Oral



Salón Sudamérica

Presentación y Defensa Oral de Seis Trabajos Libres/Investigación

Grupo N° 3: Enfermedades Crónicas No transmisibles

Trabajos N° 7, 8, 30 y 42

N° 7: Diagnóstico Genético en Hipercolesterolemia

Familiar: Estandarización de Técnicas Moleculares para las Mutaciones S326c Y D47n del Gen del Receptor de Ldl.

N° 8: Caracterización Fenotípica Y Análisis Estructural de la Mutación D47n Del Ldlr asociada a Hipercolesterolemia Familiar en una población Chilena.

N° 30: Efecto de Vesículas Extracelulares obtenidas de Cordón Umbilical de embarazados con Diabetes Mellitus Gestacional, en la Regulación Metabólica de Células Adiposas.

N° 42: Correlación entre Leptina Sérica, indicadores Antropométricos y parámetros metabólicos en pacientes de 5 a 15 años con sobrepeso u obesidad

Grupo N° 5: Hematología e Inmunología

Trabajos N° 2 y 15

N° 2: Análisis de la Transferencia Mitocondrial Artificial desde línea celular hsc3 hacia linfocitos tCd4+, como un mecanismo impulsor de un Fenotipo Exhausto

N° 15: Parámetros de laboratorio como factor pronóstico en pacientes con Mieloma Múltiple.

Experiencia en el Hospital Naval Almirante Nef.



Salón Centroamérica

Presentación y Defensa Oral de Seis Trabajos Libres/Investigación

Grupo N° 1: Estandarización de nuevas Metodologías para el Laboratorio Clínico.

Trabajo N° 20

N° 20: Optimización de la obtención de Vesículas Extracelulares desde líquidos biológicos para su uso en diagnóstico clínico.

Grupo N° 4: COVID - 19

Trabajos N° 21, 35 y 38

N° 21: COVID-19 Patients with glucidic Metabolic Disorders Promotes the formation of Neutrophil Extracellular Traps.

N° 35: Análisis De La Producción De Anticuerpos IgG Anti-Sarscov-2 Y En Pacientes COVID-19 chilenos leves y severos.

N° 38: Los niveles circulantes de CXCL-9, CXCL-10 E IL-6 aumentan en pacientes con disfunción pulmonar de larga duración 4 meses después de COVID-19

Grupo N° 6: Oncología

Trabajo N° 19

N° 19: Identificación de Biomarcadores Metabólicos asociados a Quimiorresistencia en células de cáncer de ovario mediante Metabolómica.

Grupo N° 7: Inteligencia Artificial

Trabajo N° 17

N° 17: Estrategia basada en Inteligencia Artificial para Identificar Subtipos De Pacientes Con Tirosinemia Tipo-1 En Seguimiento Activo



TEMAS LIBRES: AMBIENTACIÓN Y ABSTRACTS

Pendones: se dispuso, por parte de la Organización y el Comité Científico;

- Confeccionar Tres pendones identificatorios (A, B y C); a fin de señalar los sitios donde se presentarían los E-Poster asociados a los grupos previamente establecidos, considerando además jornada de mañana y tarde





ABSTRACTS

Nº 1:

ESTANDARIZACIÓN DE UN PROTOCOLO DE FT-IR PARA DISCRIMINAR MUESTRAS DE SUERO REDUCIDAS DE PROTEÍNAS

Cabezas A.*, Mennickent D., Araya J., Guzmán-Gutiérrez E.
Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, CHILE.
acabezas2016@udec.cl

Introducción: nuevos métodos de espectroscopía infrarroja (IR) han sido estudiados para su implementación como posible método diagnóstico o predictivo de patologías en las que las proteínas contribuyen mayormente a estos espectros. Su remoción podría permitir estudiar señales asociadas a otras biomoléculas de menor concentración sérica.

Objetivo: estandarizar un protocolo para discriminar muestras de suero de proteínas mediante el uso de espectroscopía infrarroja por transformada de Fourier (FT-IR).

Método: se seleccionaron cinco muestras de suero sanguíneo de voluntarios sin ninguna restricción. Se realizó precipitación de proteínas séricas con acetona en distintas proporciones suero:acetona (1:1; 2:1; 3:1; 1:2; 1:3; 1:4 y 1:5) por quintuplicado. La cuantificación de proteínas remanentes se hizo mediante método de Biuret y el análisis estadístico de los datos obtenidos se hizo con la prueba de Kruskal-Wallis. La medición de FT-IR se realizó en los rangos del infrarrojo medio (4000-750 cm⁻¹) y cercano (10500-4000 cm⁻¹) y se estableció un protocolo de preparación de muestra específico para cada uno.

Resultados: la muestra en proporción 1:2 de suero:acetona mostró mayor precipitación en todos los casos, con respecto al control ($p < 0,05$). Con esta condición se optimizó un protocolo de preparación de muestra para adquisición espectral en el IR medio y cercano. En el IR medio se añadió una gota de suero control y se midió el espectro en el centro de la gota seca y para la gota con proporción 1:2 de suero:acetona debió concentrarse dos veces y se midió en el borde de la gota seca. En el espectro se notaron diferencias en absorbancia y modificación en bandas (3000-3500 cm⁻¹, por ejemplo). Para el IR cercano se hizo el mismo procedimiento para el suero control, pero para la proporción 1:2 se concentró 5 veces y se midió en el borde de la gota seca. En el espectro se notaron diferencias en absorbancia y modificación en bandas (4900-4500 cm⁻¹, por ejemplo).

Conclusión: se puede evidenciar que las proteínas séricas contribuyen en la visualización de los espectros, por lo que la precipitación de éstas podría ser útil para la discriminación de sueros provenientes de situaciones fisiológicas o patológicas.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiado por el proyecto FOVI 210057.





Nº 2:

ANÁLISIS DE LA TRANSFERENCIA MITOCONDRIAL ARTIFICIAL DESDE LÍNEA CELULAR HSC3 HACIA LINFOCITOS T CD4+, COMO UN MECANISMO IMPULSOR DE UN FENOTIPO EXHAUSTO.

Antilef B., Cisterna S., Quiroga R., Sanhueza S., Cabrera C., Muñoz C., Zúñiga F., Ferrada L., Luz-Crawford P., Nova-Lamperti E., Facultad de farmacia, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Universidad de Concepción. Chile
bantilef2016@dec.cl

Introducción: El carcinoma oral de células escamosas (OSCC) es el tipo de cáncer oral más frecuente en Chile y el mundo. El microambiente tumoral del OSCC induce una alteración del linfocito T, promoviendo un fenotipo exhausto y una reprogramación metabólica. El organelo principal del metabolismo es la mitocondria y en los últimos años se ha indicado que diversas células tienen la capacidad de transferir mitocondrias, incluyendo la cancerosa y que tal transferencia induce diversos efectos en la célula receptora. Sin embargo, a la fecha no se ha evaluado si existe la transferencia de mitocondrias desde células cancerosas hacia los linfocitos T y si tal fenómeno explicaría el fenotipo exhausto del linfocito T.

Objetivo: El objetivo de este trabajo fue analizar el fenotipo exhausto en linfocitos TCD4+ post transferencia artificial de mitocondrias (MitoCeption) obtenidas desde la línea celular de cáncer oral HSC-3.

Metodología: La metodología se basó en la estandarización de la transferencia mitocondrial artificial utilizando mitocondrias aisladas marcadas con MitoTracker desde células tumorales de cáncer oral sobre linfocitos T CD4+ a través de MitoCeption. Luego, se analizó la expresión de moléculas de superficie, proliferación y secreción de citoquinas mediada por transferencia mitocondrial tumoral a través de citometría de flujo.

Resultados: En los resultados se observó que los linfocitos TCD4+ que adquirieron mitocondrias presentaron un alza en la expresión de 2 proteínas inhibitoras (TIGIT y CTLA4) y 3 asociadas con fenotipo exhausto (PD-1, PLD-1 y LAG3), en comparación con el grupo control (p: 0,0184; p: 0,0299; p: 0,0088; p: 0,0205; p: 0,0232 respectivamente). Además, los linfocitos mitoceptados exhibieron una disminución significativa en la proliferación en comparación con las células control, no mitoceptadas. Para el análisis de citoquinas, se observó una disminución significativa en el grupo mitoceptado en la secreción de IFN-gamma, TNF-alpha, IL-10 e IL-4, citoquinas de la vía TH1 y TH2 (p: 0,0149; p: 0,0149; 0,0150; p: 0,0353 respectivamente) en comparación con el control.

Conclusión: Por lo tanto, se concluyó que la adquisición de mitocondrias aisladas desde células cancerosas HSC-3 por el linfocito T CD4+ induce efectos a nivel funcional induciendo un alza en los receptores inhibitorios y de fenotipo exhausto e inhibiendo la proliferación y la secreción de citoquinas tipo TH1 y TH2. Estas características son de un fenotipo exhausto, por ende, se concluye que la transferencia de mitocondria desde una célula cancerosa induce un fenotipo exhausto en el linfocito TCD4+.

Financiado por proyecto Fondecyt 1211480





N° 3:

CAMBIOS EN LA PREVALENCIA DE GENOTIPOS DE VPH EN CASI UNA DÉCADA DE DIAGNÓSTICO MOLECULAR (2013-2021)

Campos M¹, Sardá A², Tapia C³

Laboratorio de especialidad Omesa-Dávila¹, Red de laboratorios Banmédica², Dirección Clínica Dávila³.

Introducción: La infección por el virus papiloma humano (VPH) es la principal causa del cáncer cérvico-uterino (CCU). La presencia de VPH se ha implicado en más del 99% de los CCU en todo el mundo, incluyendo tanto el carcinoma de células escamosas como el adenocarcinoma de cuello de útero. Ciertos genotipos del VPH (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68) se consideran de alto riesgo para el desarrollo del cáncer de cuello uterino y sus lesiones precursoras. Los genotipos 16 y 18 están asociados a la progresión hacia el cáncer de cuello uterino. El VPH-16 es el más cancerígeno y se asocia a aproximadamente el 60% de todos los CCU, mientras que el VPH-18 representa aproximadamente entre el 10% y el 15% de los CCU. Desde el año 2015, se incorporó al Programa Nacional de Inmunizaciones (PNI) la vacuna tetravalente en niñas escolares y en 2018 en niños, que incluye los genotipos del VPH tipos 6, 11, 16 y 18. Las cepas 16 y 18 son las que más se asocian con el CCU mientras que las cepas 6 y 11 están relacionadas con la aparición de verrugas genitales.

Objetivo: El objetivo de este estudio fue detectar cambios en la tendencia general de genotipos de VPH que se realizaron por genotipificación mediante PCR en tiempo real durante una década (2010-2021).

Metodología: Se estudiaron muestras provenientes de 4013 pacientes (mujeres y hombres). La genotipificación fue realizada mediante PCR en tiempo real (HPV AnyplexTM II HPV28 detección, Seegene, Korea), desde 2014. Previamente las muestras fueron enviadas a tipificar a un laboratorio externo.

Resultados: Se observó una tendencia estadísticamente significativa a la reducción de la prevalencia de VPH16 (de 18,2% en 2013 a 9,6% en 2021, valor p 0,0003 y una ligera tendencia (no significativa) a la reducción de VPH18 (7,2% en 2013 a 3,0% en 2021) y VPH11 (3,2% en 2013 a 1,7% en 2021) mientras, se observó una tendencia al aumento en la prevalencia de VPH6 (7,3% en 2013 a 9,2% en 2021, aumento no significativo).

Conclusiones: Los resultados obtenidos, podrían explicarse en parte por la vacunación, que involucra a los genotipos estudiados y en parte al aumento de estudio de pacientes de sexo masculino. La vigilancia de genotipos es una herramienta importante para observar la tendencia de genotipos circulantes tanto en mujeres como en hombres.





N°4:

VERIFICACIÓN KITS COMERCIALES PARA LA PESQUISA NEONATAL AMPLIADA; TRIPSINA INMUNOREACTIVA (IRT), 17-OH-PROGESTERONA (17OHP), BIOTINIDASA (BIO), GALACTOSA TOTAL (GAO) Y GALACTOSA 1-FOSFATOURIDILTRANSFERASA (GALT).

Quitral Y*, Soto V. Laboratorio de Enfermedades Metabólicas, Instituto de Nutrición y Tecnología de los alimentos, Universidad de Chile.

yorka.quitral@inta.uchile.cl

Introducción: Los errores innatos del metabolismo son enfermedades en su mayoría de herencia autosómica recesiva. La gran parte de estas patologías se manifiestan en la edad pediátrica, desde las primeras horas de vida, con signos y síntomas inespecíficos, similares a otras patologías. La estrategia para evitar las complicaciones de estas patologías es implementar una pesquisa neonatal, la cual ayuda a llegar en forma temprana al diagnóstico y evita secuelas de la enfermedad.

Objetivo: Asegurar la confiabilidad de los resultados entregados por los kits comerciales de cada técnica de pesquisa neonatal realizando la verificación de cada kit entregado por empresa Labsystems.

Método: Se procesaron un n de al menos 250 muestras con cada kit a verificar mediante fluorimetría, los parámetros que fueron verificados son: precisión, veracidad y linealidad. Mediante la selección de 2 muestras con concentración conocida, se analizó una corrida por día con tres replicas para cada una de las dos concentraciones de control de calidad, diariamente por cinco días, se incluyó las muestras diarias de control de calidad usadas normalmente y se realizó la calibración como se especifica en las instrucciones del fabricante para operadores, se realizó la comparación de la repetibilidad definida por el fabricante con la calculada por el laboratorio y se realizó el cálculo de los límites de verificación para evaluar veracidad. Para la linealidad se utilizaron 5 niveles de concentración incluyendo un blanco, a partir de calibradores con valores asignados, se obtuvieron las medias de la concentración o de la actividad para cada patrón y se calculó la ecuación de la recta, así como el coeficiente de correlación.

Resultados: Kit IRT posee precisión, veracidad y linealidad. Kit 17OHP posee precisión, veracidad y linealidad. Kit BIO posee precisión, veracidad y linealidad. Kit GAO no posee precisión, si posee veracidad y linealidad. Kit GALT no posee precisión en nivel I de control, si posee veracidad y linealidad.

Conclusión: La implementación de estos kits en el procesamiento diario de muestras implica un aumento en la tasa de rellamados a los pacientes para repetición en las técnicas de IRT-17OHP-GALT en comparación con otros proveedores. Además GAO posee limitaciones para el cambio de proveedor, por inestabilidad de la resuspensión de mix de reacción. Los costos de los kits están por debajo del promedio en el mercado, lo cual implica un ahorro anual significativo para el laboratorio. Estos ensayos pueden ser de fácil implementación en laboratorios clínicos y no requieren de un equipamiento tecnológico mayor.





N° 5:

OBTENCIÓN DE LA CERTIFICACIÓN NGSP PARA LA DETERMINACIÓN DE HEMOGLOBINA A1c EN UN LABORATORIO CLÍNICO CHILENO

Guerrero S.¹ *¹Laboratorio Clínico Aclin de Viña del Mar, Chile.*

Introducción: Diversas guías clínicas internacionales describen varias ventajas en la utilización de hemoglobina A1c como criterio de diagnóstico de la Diabetes Mellitus por sobre la medición de glicemia en ayuno o 2 horas post carga de 75 gramos de glucosa. Algunas ventajas son; no requiere ayuno, menor variabilidad individual, nula influencia de condiciones de estrés, entre otras. Sin embargo, se requiere que la determinación de A1c se realice con un método certificado por el National Glycohemoglobin Standardization Program (NGSP) y sea trazado al estándar internacional del Centers for Disease Control and Complication Trial (DCCT). En Chile, el Programa de Evaluación Externa de la Calidad ha observado que existe gran variabilidad de equipos y un alto coeficiente de variación en los resultados. Por lo tanto, el Instituto de Salud Pública no recomienda la medición de A1c como criterio diagnóstico exclusivo en el país. De acuerdo a esta problemática nos hemos propuesto lo siguiente.

Objetivo: Obtener la certificación NGSP Nivel II para la determinación de hemoglobina A1c por la metodología HPLC de intercambio iónico utilizada en el Laboratorio Aclin.

Metodología: Se intercambiaron muestras de 40 pacientes entre Laboratorio Aclin y el Laboratorio de Referencia Secundario (E-SRL) en Países Bajos Department of Clinical Chemistry, Queen Beatrix Hospitals. En ambos laboratorios las muestras fueron almacenadas y procesadas para la determinación de A1c según el protocolo del NGSP. Los resultados obtenidos fueron enviados al coordinador de redes para su evaluación, siendo el criterio de aprobación de la certificación que a lo menos 36/40 muestras tengan un BIAS no mayor al 5%. Las muestras fueron procesadas, en ambos laboratorios, en un equipo de cromatografía líquida de alta eficacia de intercambio iónico marca Akray, modelo Adams A1c HA-8180V.

Resultados: Los resultados de las muestras se encontraron a lo largo de todo el rango de linealidad de la metodología: 20% entre 5.0-6.0%, 30% entre 6.0-7.0%, 30% entre 7.0-8.5% y 20% entre 8.5-10.0%. El BIAS promedio observado fue de -0,250. Del total de muestras comparadas 36 se encontraron dentro del criterio establecido.

Conclusión: El presente método cumple los criterios de aceptación de la NGSP tanto en la certificación del Proveedor como del Laboratorio, por lo que ahora es considerado trazable al método de referencia de DCCT.

El presente trabajo es un paso adelante en el aseguramiento de la calidad de las mediciones de laboratorio y demuestra que la certificación NGSP es una herramienta al alcance de laboratorios clínicos de pequeño y mediano tamaño.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Agradecimientos a Grupo Bios.





N° 6:

IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES GENÉTICAS ASOCIADAS A HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR EN UNA POBLACIÓN PEDIÁTRICA DE LA REGIÓN DEL BIO-BÍO.

Radojkovic, C. (1), Honorato, P. (1), Barriga, N. (1), Bustos P. (1), Aburto, C (1), Sáez K. (3), Elim, C. (4), Asenjo, S. (5), Sánchez, A. (1). 1. Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, 2. Departamento Estadística, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Concepción, 3. Laboratorio de Genética, Instituto del Corazón (INCOR), Sao Paulo, Brasil, 4. Hospital Las Higueras, Talcahuano, 5. Departamento Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción.

Introducción: La Hipercolesterolemia Familiar (HF) es una alteración genética autosómica dominante que cursa con niveles elevados de colesterol LDL (C-LDL), asociada a elevado riesgo cardiovascular y enfermedad cardiovascular (ECV) prematura. La HF es un trastorno genético del metabolismo del colesterol, determinado en el 80-90% de los casos por mutaciones en el gen que codifica para el receptor de la LDL (LDLR), en un 5% por mutaciones de la apolipoproteína B100 (Apo B100) y en un 1% por mutaciones en la convertasa de proteínas subtilisina/kexina 9 (PCSK9), cifras que varían en distintas poblaciones.

Objetivo: Pesquisar las mutaciones asociadas a HF en una población pediátrica de Concepción.

Metodología: Estudio descriptivo de corte transversal. Se reclutó una población de 55 niños (edad promedio $9,5 \pm 3,6$ años) referidos por el antecedente de hipercolesterolemia y/o historia familiar de hipercolesterolemia y/o ECV precoz o la presencia de xantomas, sugerentes de HF. Se determinó el perfil lipídico y, en los niños con sospecha diagnóstica de HF, se realizó la secuenciación de los genes: LDLR, APOB, PCSK9, LDLRAP1, LIPA y APOE a través de NGS (Next Generation Sequence) en la plataforma Illumina (Agilent).

Resultados: Se identificaron 17 niños portadores de mutaciones asociada a HF y se catalogaron como casos índices (CIs) de HF, lo que representa el 30.9% de la población estudiada. Al comparar el perfil lipídico de los niños con y sin HF, los niveles de colesterol total (CT) y C-LDL fueron significativamente superiores en los portadores de mutación comparado con el grupo sin mutación (CT: 308 ± 73 vs. 213 ± 34 mg/dL ($p > 0,0001$), respectivamente; C-LDL: 238 ± 75 y 137 ± 33 mg/dl ($p > 0,0001$), respectivamente. La distribución de las mutaciones asociadas a HF identificadas en los CIs fue: 76% sólo una mutación en el gen de LDLR (13/17), 6% en ApoE (1/17), 12% heterocigoto compuesto (2/17) y un 6% heterocigoto doble (1/17). Dentro de las mutaciones asociadas al gen de LDLR, se encontró un 23% de niños portadores de la mutación S326C (3/13), un 31% de la D47N (4/13) y un 46% de la duplicación de exones 13-15 (6/13). Se identificó 2 niños heterocigotos compuestos con las mutaciones D47N/duplicación de exones 13-15 con niveles muy elevados de C-LDL (353 ± 17 mg/dL) y un heterocigoto doble, con alteraciones genéticas en los genes de ApoE (p.Ile268Met) y LDLR (duplicación de exones 13-15) con C-LDL de 307 mg/dL.

Conclusión: El análisis genético permitió 1) establecer el diagnóstico de certeza de HF a temprana edad; 2) conocer las mutaciones más prevalentes en una población de niños chilenos, siendo la duplicación de exones 13-15 del LDLR la más frecuente.

Estos resultados contribuyeron a identificar casos índices de HF y a instaurar un tratamiento oportuno. Además, permiten proyectar el estudio en cascada familiar para confirmar el diagnóstico de HF en familiares directos y así colaborar con la prevención de la ECV en nuestro país.

Financiamiento: Fondecyt de Iniciación 11220497, VRID Multidisciplinario N°2021000299MUL





Nº 7:

DIAGNÓSTICO GENÉTICO EN HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR: ESTANDARIZACIÓN DE TÉCNICAS MOLECULARES PARA LAS MUTACIONES S326C Y D47N DEL GEN DEL RECEPTOR DE LDL.

Honorato, P. (1), Barriga, N. (1), Bustos P. (1), Abarzúa, D. Radojkovic, C. (1), Sáez K. (2), Elim, C. (3), Asenjo, S.(4), Sánchez, A. (1). 1. Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción; 2. Departamento Estadística, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Concepción; 3. Laboratorio de Genética, Instituto del Corazón (INCOR), Sao Paulo, Brasil. 4. Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción.

Introducción: La Hipercolesterolemia Familiar (HF) es uno de los trastornos hereditarios más frecuentes del metabolismo lipídico, producido por mutaciones en genes relacionados con el metabolismo del colesterol, caracterizada por niveles elevados de colesterol LDL (C-LDL) desde el nacimiento y, por tanto, con aterosclerosis acelerada y enfermedad coronaria prematura. Las mutaciones en el gen del receptor de LDL (LDLR) son las más frecuentes, siendo las mutaciones S326C y D47N identificadas como más prevalentes en nuestra población.

Objetivo: Estandarizar técnicas de diagnóstico molecular para las mutaciones S326C y D47N del LDLR.

Metodología: Estudio descriptivo de corte transversal. Portadores de la mutación S326C y D47N, fueron previamente reclutados por antecedentes clínicos. Con el ADN purificado, se realizó la secuenciación de los genes: LDLR, APOB, PCSK9, LDLRAP1, LIPA y APOE (Next Generation Sequence) en plataforma Illumina (Agilent) y se estandarizaron las técnicas de SSP-PCR (PCR con primers de secuencia específica) para la mutación S326C y HRM (PCR de alta resolución de fusión) para D47N. El estudio en cascada familiar se realizó con el perfil lipídico y genotipificación de las mutaciones confirmadas por secuenciación.

Resultados: La caracterización genética y lipídica de los casos índices (CI) fue: 3 niños con la mutación S326C y 3 con la D47N, cuyos niveles de C-LDL promedio fueron de 216 ± 44 y 340 ± 69 mg/dL, respectivamente. Los CI para S326C fueron heterocigotos (HT) con niveles de C-LDL: 174, 261 y 212 mg/dL. El estudio en cascada familiar del CI-1 comprendió un familiar homocigoto (HM) (C-LDL 434 mg/dL); el CI-2 mostró que 4 eran HT (205 ± 92 mg/dL) y para CI-3 se presentó 1 HT (199 mg/dL). Al clasificar según genotipo, los HT presentaron un C-LDL mayor que los WT (201 ± 25 vs 106 ± 9 mg/dL, $p < 0,05$).

Los 3 CI para D47N mostraron: CI-1 HM (C-LDL: 262 mg/dL); CI-2 y CI-3 HT compuestos con la mutación D47N y duplicación de exones 13-15 (C-LDL: 365 y 392 mg/dL, respectivamente). En el estudio en cascada familiar del CI-1 se encontró 3 HT (C-LDL 167 ± 26 mg/dL). En las familias de CI-2 y CI-3 se encontró 5 HT y 3 HT compuestos (C-LDL 177 ± 27 vs 288 ± 6 mg/dL), respectivamente. Al clasificar según genotipo, los HT presentaron C-LDL mayor que los WT (173 ± 25 vs 100 ± 28 mg/dL; $p < 0,0003$).

Las variables analíticas de las técnicas moleculares fueron: 100% de sensibilidad y especificidad para los genotipos WT y HT de ambas mutaciones.

Conclusión: Las técnicas moleculares confirmaron el diagnóstico de HF en niños y sus familiares, permitiendo la identificación de pacientes con sospecha de HF y así prevenir ECV prematura.

Financiamiento: Fondecyt Iniciación 11220497, VRID-UDEC Multidisciplinario N° 2021000299MUL y N°219.072.041M.





N° 8:

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y ANÁLISIS ESTRUCTURAL DE LA MUTACIÓN D47N DEL LDLR ASOCIADA A HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR EN UNA POBLACIÓN CHILENA.

Barriga, N. (1), Honorato, P. (1), Bustos P. (1), Burgos, C.F. (2), Martínez, Radojkovic, C. (1), Sáez K. (3), Elim, C. (4), Asenjo, S. (5), Sánchez, A. (1).

1. Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción; 2. Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción; 3. Departamento Estadística, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Concepción; 4. Laboratorio de Genética, Instituto del Corazón (INCOR), Sao Paulo, Brasil; 5. Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción.

Introducción: La Hipercolesterolemia Familiar (HF) es una de las enfermedades metabólicas crónicas heredables más frecuente, caracterizada por niveles elevados de Colesterol-LDL (C-LDL) y asociada a una alta tasa de morbi-mortalidad por enfermedad cardiovascular precoz. Más del 80% de los casos de HF son causados por mutaciones en el gen del receptor de LDL (LDLR). Dentro de ellas se encuentra la mutación p.Asp47Asn (D47N) localizada en el dominio de unión al ligando, clasificada su patogenicidad como de significado incierto y sin caracterización clínica conocida, de acuerdo a las bases de datos.

Objetivo: Caracterizar la mutación D47N del LDLR asociada a HF en 3 familias chilenas.

Metodología: Estudio descriptivo. Se estudiaron 3 niños portadores de Hipercolesterolemia Familiar (casos índices, CIs), de 7, 9 y 10 años, y familiares directos por estudio en cascada familiar. La secuenciación de los CIs se realizó a través de NGS y el estudio en cascada familiar mediante el análisis del perfil lipídico y genotipificación de la mutación D47N por HRM-PCR y confirmación por secuenciación. La estructura de D47N-LDLR fue realizada a través de mutagénesis in silico utilizando como templatado la estructura LA1-2/LDLR (PDB ID: 1F5Y) con BioLuminate. El efecto de la mutación sobre la estructura fue realizado con Prime, la unión de calcio en el servidor MIB y la interacción LDLR-Ligando fue realizado con Piper. Los complejos generados fueron analizados estructural y energéticamente por PRODIGY y los perfiles y cambios de energía SASA (Superficie Accesible a Solventes) con Prime. Los potenciales superficiales electrostáticos para WT y D47N se calcularon con PBE1-Solver. Todas las imágenes se crearon usando PyMol.

Resultados: Los genotipos encontrados fueron: CI-1 homocigoto para la mutación D47N (C-LDL: 262 mg/dL); CI-2 y CI-3 heterocigotos compuestos con la mutación D47N y duplicación de exones 13-15 (C-LDL: 365 y 392 mg/dL, respectivamente). El estudio en cascada familiar del CI-1 comprendió un total de 12 familiares directos, encontrando en 3 de ellos la mutación D47N en heterocigosis con un C-LDL de 167±26 mg/dL. En la familia del CI-2, se reclutó 3 familiares, identificando a un heterocigoto para la D47N con niveles de C-LDL de 143 mg/dL. Para el CI-3, se analizaron 13 familiares, identificando a 4 portadores de la mutación en heterocigosis para la D47N, dos adultos y dos niños con niveles de C-LDL promedio de 198±26 mg/dL y 174±16 mg/dL, respectivamente. Al comparar el perfil lipídico de los pacientes pediátricos según sus genotipos, se observó un mayor nivel de CT y C-LDL en pacientes heterocigotos comparados con los wildtype, sin afectar los niveles de C-HDL ni TG. Al evaluar por ensayos in-silico el efecto de la mutación sobre la estructura del LDLR y la capacidad de interacción con las ApoB100 y E, se observó un aumento significativo de la afinidad de unión (IG) y de la constante de disociación (Kd) de las estructuras con la mutación, sugiriendo una disminución de la afinidad del LDLR a sus ligandos.

Conclusión: Los resultados muestran que la presencia de la mutación D47N del LDLR se correlaciona con un fenotipo clínico asociado a HF. Los estudios in silico sugieren una disminución en la capacidad de unión del LDL-R mutado con sus ligandos, lo que podría explicar el aumento de los niveles plasmáticos de C-LDL.

Financiamiento: Fondecyt de Iniciación 11220497, VRID multidisciplinario N°2021000299MUL.



Nº 9:

VERIFICACIÓN DE LA LINEALIDAD EN TÉCNICAS DE QUÍMICA CLÍNICA EN EL LABORATORIO

Durán C., Guzmán C., Contreras M., Barrera R., Tapia D., Tapia C.
Laboratorio de Especialidad Clínica Dávila-Vidaintegra
cduran@vidaintegra.cl

Introducción: La verificación de la linealidad se basa en la obtención de evidencia objetiva de que un analito satisface los requisitos especificados por el fabricante con respecto al rango de medición analítica del método (RMA), como referencia se utiliza la guía CLSI EP06 “Evaluación de la linealidad para procedimientos de medida cuantitativos”.

Objetivo: Presentar dos alternativas de análisis para evaluar la linealidad del rango de medición analítica (RMA) en técnicas de química clínica utilizando como referencia la guía CLSI EP06.

Método: El laboratorio evaluó la linealidad utilizando dos metodologías en periodos diferentes. La primera evaluación se realizó “in house” con muestras de pacientes de diferentes concentraciones, que idealmente se encuentran dentro del rango de medición de las técnicas seleccionadas, se determinó la linealidad mediante el procesamiento en triplicado de cada concentración, obteniendo la diferencia entre los valores, las cuales se encuentran aceptadas si se sitúan dentro del RMA y las diferencias obtenidas no supere el 50% del requisito de calidad de cada técnica.

La segunda, se realizó por medio de un programa de participación internacional con material conmutable y con concentraciones que evaluaron el RMA mediante el procesamiento en duplicado de cada analito. Se compararon los resultados obtenidos con un grupo consenso-par desde el cual se establecieron los límites y criterios de aceptación para cada técnica.

Resultados: En la verificación del RMA “in house” se logró verificar 31 analitos de un total de 46, la gran mayoría de los analitos que no pudieron ser verificados corresponden a muestras inestables y concentraciones difíciles de obtener en nuestra población de pacientes.

En la verificación del RMA realizada por el programa de participación internacional se lograron verificar los 46 analitos, incluyendo la verificación de la calibración en donde, en la mayoría de los analitos, se logró desafiar el RMA declarado por el fabricante.

Conclusión: Para la evaluación de la linealidad es importante tener en consideración la realidad de cada laboratorio, en cuanto a recursos disponibles, como el personal, tiempo, costos de calidad. Si bien con la técnica In House es posible verificar la linealidad en la mayoría de los analitos, fue gracias al programa de participación internacional que se lograron detectar diferencias con respecto al RMA declarado por el fabricante, que no pudieron detectarse por la primera alternativa debido a la escasez de muestras que posean ese tipo de concentraciones.





N° 10

PROTEÍNA C REACTIVA COMO PREDICTOR DE SEVERIDAD DE COVID-19 EN PACIENTES DEL CENTRO DE SALUD FAMILIAR SAN FRANCISCO DE MOSTAZAL

Autor: Vidal Benavides J F

Institución: Centro de salud familiar San Francisco de Mostazal

Resumen

En este estudio se evaluó el valor predictivo de severidad de la proteína C reactiva sérica en pacientes COVID-19 al ingreso y alta de la enfermedad durante enero y diciembre 2020 en el CESFAM San Francisco de Mostazal.

Al comienzo de la pandemia el laboratorio de la institución realizó una propuesta técnica a los clínicos, esta consistía; en una canasta de exámenes a todo paciente con sospecha COVID-19 que ingresara al servicio de urgencia y a los pacientes de alta de la enfermedad. Un total de 3.190 pacientes sospechosos de COVID-19 tuvieron acceso a exámenes de ingreso y alta. Del total, solo 186 pacientes fueron considerados para este estudio, debido a los criterios de inclusión fijados: pacientes con PCR positiva para SARS COV2 y pacientes que contasen con dos proteínas C reactivas séricas, una de ingreso y otra al alta de la enfermedad.

Se describe este estudio como observacional, analítico, longitudinal y prospectivo. Para el análisis se utilizaron las plataformas: SISTELAB. 3.0, RAYEN, Fonendo y DRIVE de la unidad de epidemiología.

Es común encontrar niveles séricos de proteína C reactiva elevados en pacientes que cursan con la enfermedad COVID-19. Se considera como una proteína inespecífica y que se eleva en fases agudas y procesos inflamatorios. Valores > 4 mg/dl de proteína c reactiva pudieran ser considerados como predictores de enfermedad COVID-19, en pacientes sospechosos de la enfermedad.

Los resultados indicaron que la concentración sérica promedio de proteína c reactiva en pacientes que ingresaron al servicio de urgencia fue de 24,9 mg/dl, sin embargo, los pacientes de altas tuvieron un promedio de 15,3 mg/dl. El 26 % de las proteínas de ingreso fueron superiores a 40 mg/dl y al momento del alta un 8%. El 65% de los pacientes presentó niveles mayores a 4 mg/dl. Los 11 pacientes hospitalizados presentaron una concentración en promedio de 76,6 mg/dl al ingresar al servicio de urgencia. El único paciente fallecido presentó una concentración de ingreso de 66,9 md/dl y al momento de fallecer una de 143,4 mg/dl.

Se concluye que 1 de 4 pacientes de este estudio presentaron concentraciones séricas superiores a 40 mg/dl. Según lo indicado en el estudio Dominic S. et al. (Reino Unido, 2021), niveles mayores a 40 mg/dl son asociados a casos de severidad para COVID-19. La enfermedad cursa con un componente inflamatorio, ratificado en el 65% de los pacientes, estos presentaron niveles superiores a 4 mg/dl durante la enfermedad.





Nº 11:

PSEUDOTROMBOCITOPENIA EDTA DEPENDIENTE EN EL CENTRO DE SALUD FAMILIAR DE MOSTAZAL

Autor: Vidal Benavides J F

Institución: Centro de salud familiar San Francisco de Mostazal

Resumen

El objetivo del estudio es analizar el comportamiento de anticuerpos EDTA y temperatura dependiente en un paciente perteneciente al centro de salud Familiar de san Francisco de Mostazal, y a la vez resaltar la importancia del laboratorio clínico en la pesquisa oportuna de estos casos. Este paciente gran parte de su vida presentó exámenes hematológicos con recuentos plaquetarios bajos en varios laboratorios del país, que llevaron a los clínicos a pensar por muchos años que su diagnóstico era un púrpura trombocitopénico idiopático.

La Pseudotrombocitopenia es conocida como una falsa disminución plaquetaria frente al recuento que entrega un contador de hematología, esta disminución está por debajo del valor normal de plaquetas ($< 150.000 \text{ uL}$). Se cree que pudiera estar mediada por anticuerpos del tipo IgG temperatura independiente, IgM temperatura dependientes, anticuerpos fríos y EDTA independientes. Existen algunos estándares de laboratorio establecidos para proceder frente a estos casos (toma de muestra en tubo con citrato). La metodología de este trabajo es exploratoria y descriptiva. Se realizaron mediciones automatizadas de las tres líneas celulares (glóbulos rojos, leucocitos y plaquetas) en tiempos distintos y estandarizados. Los tiempos estandarizados consistían en mediciones en un autoanalizador hematológico a los 0, 60, y 120 minutos para los tubos sin incubación de EDTA, citrato y Heparina y otro tubo EDTA con incubación a 37°C con los mismos tiempos. De manera paralela se realizó el extendido sanguíneo y tinción de cada medición.

En relación a los resultados obtenidos se observaron diferencias significativas para las muestras tomadas en tubos con EDTA, citrato, Heparina (sin incubación) y EDTA (con incubación), este último presentó recuentos de plaquetarios normales, leucocitos normales y no se observaron agregados plaquetarios en el frotis, los cuales si estaban presentes en los otros tubos sin incubación.

Se puede concluir que el caso del paciente pudiera estar mediado por anticuerpos IgM EDTA y temperatura dependiente y no asociado al diagnóstico de púrpura trombocitopénico idiopático. La baja cantidad de estudios en el país sobre este fenómeno, llevaría a pensar que es primordial establecer protocolos estandarizados que hagan mención de las variables presentes en pseudotrombocitopenias.

El aporte de este estudio es refrescar conocimientos sobre este fenómeno que no es menor en el universo de trombocitopenias diagnosticadas (7-17%) y a la vez proponer que no todas la pseudotrombocitopenias por EDTA se debiesen trabajar de la misma manera, considerando y evaluando el tipo de anticuerpo presente.





N° 12:

EVALUACIÓN DE RENDIMIENTO DE UN TEST DE ANTÍGENO COMPARÁNDOLO CON RT-PCR PARA SARS-COV-2 CON MUESTRAS NASOFARINGEAS.

Silva V¹., Silva-Febré C²., Silva-Febré C³., Campos C¹., Cabrera M¹., Abarca C¹. ¹VSV-Consulting-LATAM y Laboratorio Clínico Chile. ²Estudiante Bioquímica UNAB y ³Estudiante Medicina U. Mayor. contacto@victorsilvavargas.com

Introducción: En el marco de la situación epidemiológica debido a SARS-CoV-2, uno de los aspectos críticos en el control de este brote pandémico para disminuir su transacción del virus en muestras biológicas y ampliar su uso a la población, principalmente en zonas apartadas de las grandes ciudades, donde no hay laboratorios de Biología Molecular. La autoridad sanitaria exige que los test tengan al menos sensibilidad y especificidad de >95% y 98% en pacientes y de >60% y 98% en sanos.

Objetivo: Evaluar el rendimiento en terreno del kit SARS-CoV-2 Rapid Antigen Test (SD Biosensor, Inc y Roche), comparándolo con RT-PCR para detectar en forma directa SARS-CoV-2 en muestras nasofaríngeas.

Método: El presente estudio es descriptivo, prospectivo y analítico. Se reclutaron a 122 personas, 57 con síntomas de Covid-19 y 65 voluntarios sanos. Luego de firmar consentimiento informado, se procedió a tomar muestra nasofaríngea donde un hisopo fue destinado al test de antígeno para SARS-CoV-2 y otro depositado en medio MTU para ser enviado al Laboratorio de Biología Molecular para el RT-PCR.

Resultados: El rendimiento del test de antígenos comparado con el RT-PCR para la detección de SARS-CoV-2 en personas sintomáticas de Covid-19 (N=57) presentó 100% de sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo, con una correlación de 100% entre ambos métodos. El rendimiento entre los voluntarios sanos (N=65) fue 67% sensibilidad, 100% especificidad y valor predictivos positivo, 98% valor predictivo negativo y correlación entre ambos métodos. Al agrupar el total de muestras analizadas, (N=122) se obtiene sensibilidad de 98% y especificidad de 100%.

Conclusión: Los resultados obtenidos tanto en personas con síntomas de Covid-9, como en los voluntarios sanos, muestra que el test de antígeno evaluado, presenta rendimiento superior a los exigidos por nuestra autoridad sanitaria. El test de antígeno presentó un elevado rendimiento en la detección de SARS-CoV-2 al ser comparado con el método estándar de RT-PCR. El test de antígenos generó resultado en 10 minutos y se pudo aplicar en distintos escenarios en terreno.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki





N°13:

PORTACIÓN DE LEVADURAS EN MANOS DE ESTUDIANTES DEL ÁREA DE SALUD.

Silva-Febré C²., Salas P²., Ramírez F³., Gacitúa R⁴., Silva-Abello V⁴., Alburquenque C⁴., Silva V¹.

¹VSV-Consulting-LATAM y American Society for Microbiology. Estudiante de 2Medicina, ³Enfermería y ⁴Escuela Tecnología Médica U. Mayor.

@victorsilvavargas.com

Introducción: Especies de *Candida* spp son importantes agentes de infecciones Asociadas a Atención de Salud – IAAS. La colonización permanente o transitoria de levaduras en manos del personal de salud es un potencial vehículo de transmisión a pacientes en forma directa o por contaminación de instrumental médico, contribuyendo al aumento de tasas de candidemia.

Objetivo: Determinar la prevalencia de portación de levaduras en manos de estudiantes del área de la salud en distintos niveles de formación.

Método: El presente estudio es descriptivo, prospectivo y analítico. Se reclutaron a 260 estudiantes, agrupados en ciclo básico, preclínico y clínico, según el avance curricular. La muestra se tomó posterior a un lavado de manos con 10 ml de suero fisiológico con tórula estéril desde ambas palmas. La muestra fue trasladada en tubo con 0,5ml de SF para ser sembrada en placa Petri con agar Sabouraud-glucosado con cloranfenicol, incubándose a 37°C hasta 72h. La identificación de levaduras se realiza por metodología estándar con pruebas fisiológicas, microcultivo y pruebas bioquímicas con apoyo de galerías API 32C (BiomerieuxTM). Los datos demográficos y microbiológicos fueron registrados en fichas epidemiológicas. LA identificación de especies de levaduras del complejo *C. parapsilosis* fue realizada por genotipificación. El análisis estadístico fue por chi2 con 95% de poder para significancia.

Resultados: Se detectó colonización de levaduras en 27 estudiantes (10,4%), 12 en enfermería (13,5%), 8 en medicina (10,3%) y 7 en Tecnología Médica (7,5%). La portación de levaduras en los ciclos básicos (13,5%) y preclínico (13,5%) fue significativamente superior al ciclo clínico (2,7%). Se observó mayor colonización (P:0,016) en estudiantes que se aplican crema hidratante hasta 1 vez al día (16,5%) vs los que se aplican más de 2 veces al día (3,4%). No se evidenció diferencias en la colonización entre los estudiantes según número de lavado de manos y aplicaciones de alcohol gel. La especie ampliamente predominante fue *C. parapsilosis* (85,7%), seguida de *C. guilliermondii* (7,1%).

Conclusión: Se detectó una prevalencia de colonización de levaduras en manos de estudiantes de levaduras baja (10,4%) con una portación significativamente menor en el ciclo clínico (2,7%) siendo *C. parapsilosis* la especie predominante.





N° 14

LIPOPROTEÍNA DE BAJA DENSIDAD OXIDADA (oxLDL) INDUCE RESISTENCIA A ABIRATERONA EN UN MODELO CELULAR DE CÁNCER DE PRÓSTATA RESISTENTE A LA CASTRACIÓN.

Rivas Morales, Y^{1,2}., Robles Muñoz, C¹., Duprat Duprat, F^{1,3}., María Paz Castillo,^{1,3}., Mondaca Coronado, M¹., Díaz Blas, G¹., González-Chavarría, I^{1*}.
ivangonzalez@udec.cl

1. Laboratorio de Lipoproteínas y Cáncer, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. 2. Programa de Magíster en Biotecnología Molecular, Universidad de Concepción. 3. Programa de Doctorado en Biotecnología Molecular, Universidad de Concepción.

Introducción:

En Chile, el cáncer de próstata (CaP) corresponde a la neoplasia maligna con mayores tasas de incidencia y mortalidad. La progresión de las células de CaP es dependiente de la vía del receptor de andrógenos (AR), por lo que CaP es tratado con terapia de privación de andrógenos (ADT), sin embargo, algunos pacientes presentarán una resistencia al tratamiento desarrollando cáncer de próstata resistente a la castración (CRPC). CRPC es tratado con terapias de nueva generación como el acetato de abiraterona, un inhibidor específico de 17-alfa hidroxilasa (CYP17A1), enzima clave en la esteroidogénesis.

La evidencia muestra que receptores scavenger se encuentran sobreexpresados en líneas celulares de CRPC y se les asocia con una mayor progresión tumoral in vivo, por lo cual, el aumento del precursor colesterol, adquirido a través LDL oxidadas podría jugar un papel importante en la resistencia a abiraterona, promoviendo una mayor androgénesis intracrina.

Objetivo: Analizar el efecto de oxLDL en la progresión bioquímica de la línea celular de CRPC C42B.

Metodología: Se realizó el cultivo de la línea celular C4-2B en presencia y ausencia de oxLDL. Los cultivos fueron tratados con abiraterona en concentraciones crecientes y los porcentajes de sobrevida fueron graficados en una curva dosis/respuesta.

La expresión de los marcadores de progresión bioquímica, PSA, AR y enzimas clave en la esteroidogénesis CYP17A1 y 3BHSB fueron medidos mediante Western Blot.

Resultados: Los resultados muestran una mayor sobrevida de células tratadas con oxLDL frente al fármaco abiraterona. Los marcadores de progresión PSA y AR, así como las enzimas CYP17A1 y 3BHSB se encuentran sobreexpresadas en las células tratadas con oxLDL con relación al control.

Discusión: En conjunto, los resultados obtenidos apoyan la hipótesis de la síntesis intratumoral de andrógenos como mecanismo de resistencia en células de CRPC. Sin embargo, se requiere de la medición de otras enzimas clave en la esteroidogénesis de novo, como CYP11A1 y la cuantificación de los metabolitos intermediarios de las vías de síntesis androgénicas.

Agradecimientos: Investigación financiada por proyecto Fondecyt de Iniciación n° 11181105 de ANID.





N° 15:

PARÁMETROS DE LABORATORIO COMO FACTOR PRONÓSTICO EN PACIENTES CON MIELOMA MÚLTIPLE. EXPERIENCIA EN EL HOSPITAL NAVAL ALMIRANTE NEF

Figueroa C¹, Henríquez G¹, Valdivia-Cortés K², Barría K³, Salvo C^{3,4}, Cortés M^{1,5}.*

¹Programa de Magíster en Análisis Clínico, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Chile.

²Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

³Hospital Naval Almirante Nef, Viña del Mar, Chile.

⁴Centro de Sangre de Valparaíso.

⁵Centro de Investigación Farmacopea Chilena (CIFAR), Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

[magdalena.cortes@uv.cl](mailto:magdalenacortes@uv.cl)

Introducción: El mieloma múltiple (MM), prototipo maligno de gammapatía monoclonal, ha cobrado relevancia los últimos años para el Ministerio de Salud, incorporándola al plan de Garantías Explícitas en Salud, garantizando el acceso a su diagnóstico y tratamiento, convirtiéndola así en una enfermedad más abordable.

Objetivo: Evaluar los parámetros clínicos y de laboratorio utilizados en el Hospital Naval Almirante Nef, como factor pronóstico de sobrevida de pacientes con MM.

Metodología: Se realizó un estudio de cohorte retrospectivo, a partir de la revisión de inmunofijación de proteínas en suero y orina, informadas entre 2005 y 2013. Seleccionando un total de 307 exámenes positivos correspondientes a 189 pacientes. Se excluyeron pacientes con un diagnóstico distinto a MM, que fueron diagnosticados y/o tratados en otro establecimiento, o que no contaron con el consentimiento informado. Se realizó análisis de sobrevida hasta abril de 2019 con método de Kaplan-Meier, contrastando factores pronósticos mediante la prueba Log-Rank.

Resultados: La sobrevida global (SG) de los 50 pacientes con MM, a 6 meses y a 5 años, fue de un 86% y 44%, respectivamente; siendo la mediana de 49 meses. La proteína M fue 54% clase IgG, 24% clase IgA y 22% cadenas livianas.

En relación a los parámetros de laboratorio del sistema Durie y Salmón, al momento diagnóstico, 22% de los pacientes presentó Calcemia >10,5 mg/dL, 22% cReatinina >2 mg/dL, 52% hemoglobina <10,5 g/dL (Anemia), y 54% lesiones óseas (inglés, lytic Bone lesions), acrónimo CRAB. Según este sistema, 26% se clasificó en etapa-I, 10% en etapa-II, 62% en etapa-III y 2% no clasificado.

El International Staging System (ISS) basado en β 2-microglobulina y albúmina, describe una mediana de SG para la etapa I, II y III, de 62, 45 y 29 meses; mientras que en el presente estudio los valores fueron de 67, 51 y 12 meses. Los pacientes se etapificaron 14% en ISS- I, 50% en ISS-II, 24% en ISS-III y 12% no clasificado.

El análisis de las curvas de sobrevida de los parámetros de laboratorio, mostró una menor SG de los pacientes con valores alterados respecto al control, siendo significativamente menor en la determinación de lactato deshidrogenasa; incorporada al ISS en revisiones posteriores.

Conclusión: Estos antecedentes sumados a la literatura científica internacional, plantean la necesidad de implementar exámenes de genotipificación del tumor, como factor pronóstico y orientación para un tratamiento personalizado de acuerdo a las guías actuales a nivel nacional.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.



N° 16

EFFECTO DE QUERCETINA EN LA PREVENCIÓN DE LA RESISTENCIA A ENZALUTAMIDA INDUCIDA POR LOX-1/OXLDL EN CÉLULAS DE CÁNCER DE PRÓSTATA RESISTENTE A CASTRACIÓN.

Duprat F^{1,3*}, Robles C¹, Castillo-Cáceres MP^{1,3}, Rivas Y^{1,2}, Mondaca M¹, Díaz G¹, Paz C⁴, González-Chavarría I¹.

1. Laboratorio de Lipoproteínas y Cáncer, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

2. Programa de Magister en Biotecnología Molecular Universidad de Concepción. 3. Programa de Doctorado en Biotecnología Molecular Universidad de Concepción.

4. Laboratorio de Productos Naturales y Descubrimiento de Fármacos, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad de La Frontera.

felixdavid.duprat@gmail.com

Introducción: El cáncer de próstata resistente a castración (CRPC), es tratado con enzalutamida, antagonista del receptor de andrógenos. Lamentablemente los pacientes desarrollan resistencia a enzalutamida mediante la sobreexpresión de receptor de andrógenos y su variante AR-V7. Su transcripción está regulada por el factor transcripción NF-κB, que puede ser activado por especies reactivas de oxígeno (ROS). El receptor LOX-1, ha demostrado en diferentes modelos inducir la generación de ROS y activación de NF-κB. Variados metabolitos secundarios tienen actividad antioxidante, como quercetina, el cual hemos aislado desde *Maytenus disticha*.

Objetivo: Analizar el efecto de LOX-1/oxLDL en la resistencia a enzalutamida y determinar si el flavonoide quercetina, proveniente de *M. disticha* puede prevenir este efecto a través de la disminución de la generación de ROS y la consecuente inactivación de la vía NF-κB.

Método: Se evaluó la generación de ROS de tratamiento de 50 µg/mL en células C4-2B, además de la fosforilación de NF-κB e IκB mediante western blot. Se realizaron también western blot sobre AR y AR-V7 para establecer el efecto de LOX-1/oxLDL en la expresión de marcadores asociados a la resistencia a enzalutamida y el efecto de LOX-1/oxLDL en la citotoxicidad de este fármaco. Se purificó quercetina desde *M. disticha* y se analizó su capacidad en la prevención de formación de ROS, activación de NF-κB, expresión de AR y AR-V7, y la generación de resistencia a enzalutamida inducida por LOX-1/oxLDL con tratamientos de 25 µM de quercetina, utilizando las técnicas antes mencionadas.

Resultados: La activación de LOX-1 mediada por oxLDL aumenta los niveles de ROS, fosforilación de NF-κB-p65 e IκB, la expresión de AR y AR-V7, además de disminuir la citotoxicidad de enzalutamida. Quercetina previene la generación de ROS, las fosforilaciones de IκB y NF-κB-p65, además de la expresión de AR, y AR-V7 inducidos por oxLDL. La evaluación de la citotoxicidad de enzalutamida demostró que un pre-tratamiento de 25 µM de quercetina en células tratadas con oxLDL previno los efectos de resistencia provocados por oxLDL.

Conclusiones: Quercetina podría posicionarse como un potencial adyuvante para tratamientos con enzalutamida en pacientes con CRPC. Sin embargo, es necesario profundizar en estos estudios, ya que en contexto clínico es importante asegurar que no promueva una resistencia a otros fármacos utilizados en paralelo o posterior a enzalutamida, como abiraterona o los taxanos docetaxel y cabazitaxel.

Financiado por Proyecto Fondecyt de Iniciación N° 11181105 de ANID.





N°17:

ESTRATEGIA BASADA EN INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA IDENTIFICAR SUBTIPOS DE PACIENTES CON TIROSINEMIA TIPO-1 EN SEGUIMIENTO ACTIVO

Acevedo A (1,2); Gudenschwager-Ruiz C (1); Leal-Witt MJ (1); Arias C (1); Cornejo V (1); Fuenzalida K. (1);

Laboratorio de Genética y Enfermedades Metabólicas, INTA-Universidad de Chile.

Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas, INTA-Universidad de Chile.

Introducción: La tirosinemia tipo 1 hereditaria (HT-1) es un error metabólico congénito autosómico recesivo que produce la acumulación de succinilacetona (SA). En Chile no existe pesquisa neonatal para HT-1, por ende los pacientes son diagnosticados en base a manifestaciones clínicas. En consecuencia, se pueden desarrollar problemas hepáticos, incluyendo carcinoma hepatocelular. Para prevenir la acumulación de succinilacetona, los pacientes deben seguir un tratamiento con NTBC. Identificar tempranamente señales de no-adherencia al tratamiento puede evitar problemas hepáticos. El aprendizaje de máquina puede revelar asociaciones ocultas entre variables (registros clínicos y análisis bioquímicos) lo que permite identificar grupos de pacientes no detectados por expertos. Así, este tipo de estrategias puede monitorear la adherencia al tratamiento y eventualmente prevenir complicaciones clínicas importantes.

Objetivo: Desarrollar clasificadores basados en aprendizaje de máquina capaces de distinguir pacientes adherentes de no-adherentes en base a sus datos clínicos y bioquímicos de seguimiento.

Método: Nuestro estudio incluyó 16 pacientes que han seguido el tratamiento con NTBC por más de 1 año. Se consideraron perfiles bioquímicos y clínicos recolectados cada tres meses. El preprocesamiento de datos consideró estandarización y completar valores faltantes. Se aplicaron dos reducciones de dimensionalidad de manera secuencial, siendo la segunda no lineal. La aumentación de datos se hizo empleando redes neuronales adversarias generativas. Se consideraron tres clasificadores; máquinas vectoriales de soporte, árboles de decisión y vecinos cercanos.

Resultados: Se encontró que los clasificadores no logran separar pacientes adherentes de no-adherentes, principalmente debido a sobre-ajuste. Para solucionar esto se adoptó una estrategia de aumentación de datos. Luego de aumentar el set de datos con datos artificialmente generados, los clasificadores lograron diferenciar entre pacientes adherentes de no-adherentes.

Conclusión: Mediante el aumento de datos a través de la síntesis de datos, se logró identificar categorías de pacientes HT-1 de acuerdo a adherencia. Este procedimiento basado en el aumento de datos puede ser útil para otras enfermedades con conjuntos de datos escasos.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiamiento: Fondecyt Regular #1221848; Fondecyt Postdoctorado #3200726.





N° 18:

VALIDACIÓN DE UN MÉTODO FLUOROMÉTRICO PARA MEDICIÓN DE ACTIVIDAD PROCOAGULANTE DEPENDIENTE DE FACTOR TISULAR PLAQUETARIO.

Panes Olga, Becerra M. Francisca, Mezzano Diego.

Dpto. Hematología-Oncología, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Introducción: Las Plaquetas poseen Factor Tisular (TF), activable a través de GPIIb/IIIa. La determinación de actividad de TF plaquetario, podría ser de gran utilidad en procesos patológicos que involucran a las plaquetas. Sin embargo las técnicas utilizadas para medir esta actividad son complejas y de uso exclusivo de Laboratorios de investigación. Actualmente nuestro laboratorio utiliza la medición de actividad procoagulante dependiente de TF plaquetario (APC-TF Plaquetario) por Generación de FXa en Plaquetas Lavadas (WP), post activación con agonistas plaquetarios, con sustrato cromogénico. Este procedimiento es complejo y con excesiva manipulación de la muestra.

El objetivo de este trabajo fue desarrollar una técnica para medir APC-TF plaquetario, con menor manipulación y susceptible de ser implementada en un laboratorio de asistencia.

Método: PRP obtenido de muestras de Sangre citratada es activado con agonistas plaquetarios, se agrega sustrato Fluorescente para FXa y cuantifica generación de FXa con curva estándar construida a partir de FXa.

Resultados: El rango de medición de FXa generado es de 66 a 8500 equivalentes nM FXa.

El CV% intra-ensayo para valores bajos es <5%, valores altos < 12% el CV % interensayo < 20%.

El rango Normal obtenido en 40 Controles expresado en Mediana con percentiles 5%95%: PRP sin estimular = 0 (0-1544), Ristocetina = 2789 (173.6 a 8263), TRAP = 1632 (0.8 a 7557) nM eq. de FXa/2x10⁻⁷ Plq. La comparación con la técnica en WP mostró una buena concordancia.

La Generación de FXa en PRP mostro ser dependiente de la activación plaquetaria. No encontramos diferencias significativas en la generación de FXa en PRP tomado con CTI (inhibidor de la vía Intrínseca). La actividad de FXa fue inhibida por inhibidores específicos de FXa (Rivaroxaban y LMWH) e inhibidores de activación de GPIIb/IIIa

Conclusión: La medición de TF Plaquetario en PRP, se comporta similar a la técnica en WP. Esta nueva forma de determinar APC-TF de plaquetas permitiría realizar en forma simultánea estudios de función plaquetaria y APC-TF, lo que la transforma en una herramienta útil en el diagnóstico de patologías en que las actividades plaquetarias están involucradas.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiado por FONDECYT1181681





N°19:

IDENTIFICACIÓN DE BIOMARCADORES METABÓLICOS ASOCIADOS A QUIMIORRESISTENCIA EN CÉLULAS DE CÁNCER DE OVARIO MEDIANTE METABOLÓMICA.

Alarcón-Zapata P¹, Pérez AJ², Contreras H.¹, Toledo K.¹, Tapia K.³, Valenzuela F.³, Cordonier M.¹, Acevedo M.¹, Nova-Lamperti E.¹, Ormazabal V.³, Zúñiga F^{1*}.

Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. 2 Plant Metabolomics Lab, Departamento de Análisis Instrumental. Facultad de Farmacia. 3Departamento Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. Chile
* fzuniga@udec.cl

Introducción: El cáncer de ovario es la quinta causa principal de muerte por cáncer en mujeres en todo el mundo y la segunda causa principal de muerte de todas las neoplasias malignas ginecológicas la cual se asocia a un diagnóstico tardío con y a que un 85% de las pacientes tratadas presenta quimiorresistencia. Actualmente no se cuenta con alternativas diagnósticas que permitan pronosticar el desarrollo de resistencia a tratamiento quimioterapéutico.

Objetivo: Identificar diferencias metabólicas y metabolitos asociados entre células de cáncer de ovario quimiorresistentes (SK-OV-3) y células de cáncer de ovario quimiosensibles (OVCAR-3) a través de una estrategia analítica basada en la metabolómica.

Método: Se determinó la tasa de inhibición del crecimiento (GR50) en células SK-OV-3 y OVCAR-3 expuestas a doxorubicina (DOX) y cisplatino (CDDP) mediante el método de la Sulforodamina B. Para el análisis metabolómico, extractos celulares fueron analizados a través de UHPLC-HR-QTOF-MS (Compact, Bruker) utilizando una columna hidrofílica (HILIC, Waters) con modos de ionización electrospray positivo y negativo. Los datos fueron procesados y analizados con el software Metaboscape (Bruker) y la plataforma online Metaboanalyst.

Resultados: El análisis GR50 indicó un efecto citotóxico de DOX y CDDP sobre células OVCAR-3 con valores de $1,16 \pm 0,13 \mu\text{M}$ y $25,24 \pm 0,16 \mu\text{M}$ respectivamente. En células SK-OV-3 se observó solo efecto citostático de ambas drogas con valores de GR50 de $2,25 \pm 0,12 \mu\text{M}$ para DOX y $3,49 \pm 0,12 \mu\text{M}$ para CDDP. Respecto al análisis metabolómico, en general se observaron diferencias en el metabolismo del nitrógeno, CoA, vitamina B5, de arginina y prolina, el glutatión, de ácidos grasos y la vía PPP. En relación a las células SK-OV-3 quimiorresistentes las diferencias estuvieron marcadas por metabolitos como: 2-aminoadenosina, uridina, glutatión y carnitina entre los más importantes; en células OVCAR-3 quimiosensibles, estas diferencias estuvieron marcadas por metabolitos como: glutamina, aspartato, N-Acetil-L-asparto, entre otros.

Conclusión: El estudio metabólico permite observar diferencias entre células de cáncer de ovario resistentes y sensibles al tratamiento con quimioterapéuticos con metabolitos característicos, los cuales podrían ser propuestos como candidatos biomarcadores pronósticos de sensibilidad a drogas en este tipo de cáncer utilizando estrategias analíticas dirigidas.

Financiado por ANID Doctorado Nacional Folio 21201654 (PA), Proyecto FONDECYT 1170809 y Fondecip-EQM-170023 (AP), VRID-UDEC 220.072.043-M (FZ), FONDECYT 11190522 (VO).





Nº 20:

OPTIMIZACIÓN DE LA OBTENCIÓN DE VESÍCULAS EXTRACELULARES DESDE LÍQUIDOS BIOLÓGICOS PARA SU USO EN DIAGNOSTICO CLÍNICO.

Contreras H¹, Alarcón-Zapata P¹, Nova-Lamperti E¹, Toledo K.¹, Tapia K.², Valenzuela F.², Cordonier M.¹, Acevedo M.¹, Ormazabal V.², Zúñiga F^{1*}.

¹Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. Facultad de Farmacia. ²Departamento Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. Chile

* fzuniga@udec.cl

Introducción: Las vesículas extracelulares (VE) son nanopartículas que se encuentran en todos los líquidos biológicos capaces de transportar material biológico (ADN, miRNA, proteínas y metabolitos) alrededor del cuerpo. Las VE reflejan el estado metabólico de las células que la producen, se han estudiado como biomarcadores (Biopsias líquidas) en diversas patologías, como cáncer, alteraciones cardiovasculares, trastornos del embarazo, etc. La piedra de tope en el uso de VE como biomarcadores es el método de aislamiento, el cual requiere de tiempos prolongados de ultracentrifugación y separación por gradiente de densidad. Por lo tanto, es necesario evaluar otros métodos de aislamiento y purificación que mantengan las propiedades descritas para las VE.

Objetivo: Comparar y evaluar la eficiencia de aislamiento de VE utilizando cromatografía de exclusión por tamaño (SEC) derivados de medio de cultivo y fluidos corporales.

Método: Para aislamiento VE por SEC se evaluaron 2 columnas empaquetadas inhouse. La cantidad de muestra y el volumen de recolección fueron optimizados para obtener el mejor rendimiento. Se evaluó la recuperación mediante el análisis de seguimiento de nanopartículas (NTA), citometría de flujo y ELISA; para la pureza de las fracciones se utilizó electroforesis en gel y Westernblot. El método optimizado fue utilizado en muestras de plasma, orina y saliva.

Resultados: Ambas columnas SEC son capaces de aislar VE mediante la metodología optimizada. Los marcadores exosomales Alix y TSG-101 están entre las fracciones 2 y 7 recogiendo 1 mL de eluido por fracción. La reducción del volumen mejora la relación entre el número de vesículas y el contenido proteico (V/P). La columna G200/40 ofrece un mayor enriquecimiento de las vesículas ($88,3 \pm 2,9\%$ frente a $82,3 \pm 2,7\%$) con un tamaño medio de $85,9 \pm 3,6$ nm (Modo: 72,8 nm) frente a $103,2 \pm 10,6$ nm (Modo: 93,7 nm) y la menor relación V/P con más del 80% de vesículas que expresan los marcadores CD63 y CD81. Las fracciones derivadas de muestras de plasma muestran un enriquecimiento de más del 80% de vesículas entre 55 - 150 nm.

Conclusión: A través de la metodología propuesta fue posible obtener VE purificadas de alta calidad, evaluado por su pureza y cantidad a partir de medios de cultivo celulares y líquidos biológicos. Este método no requiere equipo especial, preserva la integridad y la actividad biológica de las VE, tiene una reproducibilidad superior y es fácil de escalar para ser implementado en un Laboratorio Clínico de rutina.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Agradecimientos a Beca de Doctorado, Dirección de Postgrado UdeC. VRID-UDEC 220.072.043-M (FZ), FONDECYT 11190522 (VO)





N° 21

COVID-19 PATIENTS WITH GLUCIDIC METABOLIC DISORDERS PROMOTES THE FORMATION OF NEUTROPHIL EXTRACELLULAR TRAPS.

Authors: Cabrera C.¹, Quiroga R.¹, Sahueza S.¹, Antilef B.¹, Fraga M.¹, Llerena F.¹, Henriquez M.², Labarca G.^{1,3} & Nova-Lamperti E.^{1,4}

¹Molecular and Translational Immunology Laboratory, Clinical Biochemistry and Immunology Department, Pharmacy Faculty, Universidad de Concepcion, Concepcion, Chile

²Kinesiology School, Escuela de ²Kinesiología, Facultad de Salud, Universidad Santo Tomás. Los Angeles. Chile ³Complejo Asistencial Dr. Victor Rios Ruiz, Los Angeles. Chile

CONTACT19

Consortium Background: Severe Coronavirus 2019 disease (COVID-19) infection has been associated with neutrophilia and the formation of neutrophil extracellular traps (NETosis). In addition, glucidic metabolism is affected during acute COVID-19, and diabetes mellitus type 2 (DMT2) has been associated with worse prognosis. However, whether glucidic metabolism is associated with NETosis after COVID-19 remains unknown.

Aim: In this study, we evaluated the association between NETosis and alterations in glucidic metabolism in COVID-19 patients.

Methods: 60 COVID-19 patients were recruited from Víctor-Rios-Ruiz Hospital, 6 months after acute phase. Serum samples were used to determine glycemia, insulin and HOMA. Vital NETosis was measured in neutrophils from patients using flow cytometry with SytoxBlue and Live/Dead dye, whereas the effect of plasma from patients on healthy neutrophils was analysed using Incucyte with SytoxGreen.

Results: In our cohort, 19 patients had insulin resistance (IR) or DMT2 before COVID19, whereas 41 reported no previous disease. Six-months after acute infection, 26 from those 41 patients with no previous alteration developed IR, thus we had 45 patients with metabolic alteration and 15 patients with normal parameters. Our analysis showed that COVID-19 patients with glucidic metabolic disorders have a significant increment of vital NETosis and their plasma significantly increased NETosis in healthy neutrophils at 2 and 6-hours after exposure.

Conclusion: These results suggest that patients develop IR as a result of COVID-19 pandemic and that glucidic metabolic alterations promote NETosis that may contribute with COVID-19 severity.

This study complied with the ethical principles for medical research involving human subjects, in accordance with the Declaration of Helsinki.

Funded by ANID project COVID-1005.





N° 22

EL GENOTIPO FTO SNP rs9939609 SE ASOCIA A UNA REDUCCIÓN DE LA ADIPONECTINEMIA, Y LA ADIPOSIDAD CORPORAL MEDIA UNA PROPORCIÓN DEL EFECTO

Ochoa-Rosales C*, Martorell M., Gleisner A., Aguayo C., Riffo B., Zilic M., Celis-Morales C. y Ulloa N. Facultad de Farmacia, Facultad de Medicina, Centro de Vida Saludable, Universidad de Concepción. Chile, Bhf, Centro de Investigación Cardiovascular, G12 8TA, Universidad de Glasgow, UK.

*caroochoa@udec.cl

Introducción: Los escolares chilenos tienen una prevalencia del exceso de peso de hasta el 64%. Previamente, demostramos que niños portadores del alelo de riesgo 'A' del polimorfismo rs9939609 del gen FTO, presentan mayor adiposidad corporal y prevalencia de síndrome metabólico. La adiponectina, una citoquina insulinosensibilizadora y antiinflamatoria, disminuye con la obesidad. La relación entre la triada FTO-adiposidad-adiponectina ha sido menos estudiada.

Objetivo: Estudiar la asociación de la adiponectina plasmática con el polimorfismo rs9939609 del FTO y la adiposidad corporal. Determinar el rol de la adiposidad como mediadora de la asociación FTO-adiponectina en escolares chilenos.

Método: estudio transversal de 323 escolares de 6-11 años de una comuna urbana de la región del Biobío (n=164 niñas, n=111 normopeso, n=212 exceso de peso). El puntaje Z del índice de masa corporal (Z-IMC) se calculó como peso/talla² según sexo y edad. El % de grasa corporal se obtuvo por impedanciometría. El perímetro de cintura y cadera se usó para calcular la razón cintura/cadera (WHtR). La adiponectina plasmática (ug/mL) se determinó mediante ELISA con un kit comercial. Los genotipos del rs9939609 FTO (TT, TA y AA) fueron determinados mediante high resolution melting y RT-PCR. El logaritmo natural de la concentración de adiponectina (variable dependiente) se estudió mediante regresión lineal multivariada con las variables independientes Z-IMC, %grasa, WHtR y variantes del rs9939609 (modelo aditivo y categórico). Los resultados se expresaron como coeficiente β log-adiponectina [95%IC].

Resultados: La adiponectina está inversamente asociada a la adiposidad corporal (Z-IMC, %grasa, WHtR), independiente del sexo, edad y Tanner. Por ejemplo, el aumento en un punto del Z-IMC se asoció con una menor adiponectina circulante ($\beta = -0,130$ [-0,176; -0,085] ($P = 4,63 \times 10^{-08}$)). La presencia de un alelo de riesgo adicional se asoció a una menor adiponectina ($\beta_{\text{aditivo}} = -0,075$ [-0,124; -0,025], $P = 0,003$). En comparación al genotipo TT, los homocigoto para la mutación (AA) tuvieron concentraciones de adiponectina significativamente menores ($\beta_{\text{AA}} = -0,150$ [-0,253; -0,048], $P = 0,004$), mientras que los heterocigoto (TA) no tuvieron niveles significativamente distintos, ajustando por sexo, edad y Tanner. Al ajustar adicionalmente por Z-IMC, la asociación se atenuó levemente, permaneciendo significativa ($\beta_{\text{aditivo}} = -0,052$ [-0,101; -0,004], $P = 0,035$; $\beta_{\text{AA}} = -0,104$ [-0,205; -0,004], $P = 0,041$). El análisis de mediación sugirió que diferencias en el nivel de adiposidad podría mediar entre 23,9%-29,8% del efecto del polimorfismo rs9939609 sobre la adiponectina ($P < 0,006$).

Conclusión: La concentración adiponectina plasmática está inversamente asociada con la adiposidad corporal y con el polimorfismo rs9939609 FTO. La relación adiponectinaFTO podría explicarse por diferencias en la adiposidad corporal.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiado por INNOVA CHILE N° 07CN13ISM-196 y Centro de Vida Saludable de la





N° 23

CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y EPIDEMIOLÓGICA DE LOS CASOS POSITIVOS DE COVID-19 DIAGNOSTICADOS EN EL LABORATORIO CLÍNICO DE LA CORPORACIÓN MUNICIPAL DE VIÑA DEL MAR (CMVM).

Morales G., Collao X., Peña C., Henríquez C. Facultad de Farmacia y Escuela de Química y Farmacia, Universidad de Valparaíso. Chile.

* gabriela.moralesc@postgrado.uv.cl

Introducción: La enfermedad por el COVID-19 es causada por el coronavirus del síndrome respiratorio agudo severo 2 (SARS-CoV-2) que ha sido descubierto recientemente (China, 2019). Debido a los alarmantes niveles de propagación y gravedad, la OMS (Organización Mundial de la Salud) declaró el brote como pandemia.

Objetivo: Caracterizar los casos positivos de COVID-19 diagnosticados en el Laboratorio Clínico de la Corporación Municipal de Viña del Mar (CMVM), mediante el análisis de datos de variables demográficas, clínicas y diagnósticas.

Método: Se realizó un estudio descriptivo y retrospectivo de los casos positivos de COVID-19, en el Laboratorio Clínico CMVM mediante RT-PCR positivo para SARS-CoV-2. Las muestras para RT-PCR corresponden a torulas nasofaríngeas de pacientes atendidos en los establecimientos de salud y Búsqueda activa de casos (BAC) de Viña del Mar, que son derivadas al laboratorio clínico CMVM para el análisis de RT-PCR. De la población en estudio, se utilizaron los siguientes datos; variables demográficas (sexo, residencia y edad,) clínicas (presencia y/o ausencia síntomas y signos) y diagnóstica (ct, cycle threshold de RT-PCR). El análisis estadístico fue mediante el software STATA/SE, se obtuvieron tablas de frecuencia (número absolutos y porcentaje de casos COVID-19), distribución de casos COVID-19 y estadísticas básicas (media, desviación estándar, valor mínimo y máximo).

Resultados: Entre el 03 de noviembre del 2020 y el 31 de mayo de 2021, el laboratorio clínico CMVM contaba con un total de 3.786 casos COVID-19 positivos. De ellos, 1.969 (52%) corresponden al sexo femenino y 1.817 (48%) al masculino. La media de edad fue 39 años, el caso con menor edad tenía ≤ 12 meses, mientras que el mayor tenía 93 años. Según la residencia, los sectores con mayor porcentaje fueron Reñaca Alto (18,5%), Forestal (15,7%), entre otros. El 84,7% de los casos fueron sintomáticos y el 15,2% fueron asintomáticos, el síntoma más frecuente fue cefalea (56,7%), seguido de mialgia (52%), tos (46,5%) y fiebre (27,1%). Otros síntomas, fueron anosmia (11,5%), ageusia (9,5%), diarrea (5,4%) y vómito (1,3%). Con respecto al ct de RT-PCR, el valor mínimo y valor máximo fueron 12,4 y 39,9, respectivamente.

Conclusión: La población estudiada manifiesta porcentajes de positividad similares a las descritas a nivel nacional con respecto al sexo y la media de edad (media de 38 años). Los síntomas de cefalea, tos y mialgia son coincidentes, pero difiere del síntoma de fiebre, el cual a nivel global se presenta en la mayoría de los casos (83-99%) de la enfermedad.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.





N° 24

ALTERACION DE METABOLITOS E INDICADORES DE INSULINO RESISTENCIA EN SUJETOS ADULTOS CON FENILCETONURIA.

Leal-Witt MJ¹, Rojas-Agurto E¹, Hamilton V¹, Peñaloza F¹, Salazar MF¹, Arias C¹, Acevedo A², Fuenzalida K¹, Bunout D³, Cornejo V¹.

¹Laboratorio de Genética y Enfermedades Metabólicas. ²Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas; ³Laboratorio de Investigación en Nutrición y Actividad Física. Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile.

* mj.leal@inta.uchile.cl

Introducción: La Fenilcetonuria (PKU) es un defecto autosómico recesivo provocado por una mutación en el gen que codifica para la enzima fenilalanina hidroxilasa, la cual cataliza la conversión del aminoácido fenilalanina (Phe) a tirosina. El diagnóstico debe ser temprano ya que concentraciones elevadas de este aminoácido es neurotóxico y provoca discapacidad intelectual irreversible. El tratamiento principal consiste en una dieta restringida en Phe y la utilización de un sustituto proteico (SP)-sinPhe, el cual es subvencionado por el estado chileno. En adultos, se ha reportado una baja adherencia al tratamiento y se ha relacionado con riesgo cardiovascular.

Objetivo: Comparar perfiles de glucosa, insulina y lipídico, como también perfil de aminoácidos (PA) en sujetos con PKU que cumplen y que no cumplen con el tratamiento convencional.

Método: Estudio de casos y controles. Se establecieron 3 grupos, G1: sujetos PKU en tratamiento con SP-sinPhe (n=10), G2: PKU sin tratamiento y sin SP-sinPhe (n=16) y G3: control (n=26) pareados por edad, género e índice de masa corporal. El PA fue determinado mediante gota de sangre seca a través de MS/MS. Se utilizó test de Kruskal Wallis y Mann-Whitney para la comparación de grupos y test de Spearman para la correlación ($p < 0,05$). Para analizar el perfil metabolómico de cada grupo se realizó el análisis de componentes principales (PCA), reduciendo la dimensionalidad y consolidando las variables.

Resultados: La edad promedio fue 23 ± 4 años (46% mujeres). La concentración de Phe en sangre fue menor en G1 que en G2 ($407 \pm 308 \mu\text{mol/L}$ vs $747 \pm 298 \mu\text{mol/L}$; $p < 0,05$; vr: $120\text{-}240 \mu\text{mol/L}$). G2 presentó niveles de insulina plasmática mayor ($18,1 \pm 13 \mu\text{IU/mL}$; vr: $\leq 16 \mu\text{IU/mL}$), con diferencia significativa entre grupos ($p < 0,03$). En cuanto a los indicadores de IR: HOMA2-IR, HOMA2-S y HOMA2-B, se observaron diferencias significativas entre los grupos ($p < 0,05$). Se obtuvo una correlación negativa entre la concentración de Phe con HOMA-S ($p = 0,02$); y positiva con HOMA2-IR, HOMA-B y circunferencia de cintura ($p < 0,05$). Se observó correlación positiva entre glicemia e insulina en ayuna, triglicéridos e indicadores de IR, con aminoácidos ramificados (leucina/isoleucina, valina), Phe y alanina ($p < 0,05$), ya observado en la literatura. Al realizar el PCA, los grupos extremos (G2 y G3), se separan completamente en PCA1 (48,6% varianza total), pudiendo evidenciar que el perfil metabólico entre ellos es distinto.

Conclusión: El no cumplimiento del tratamiento convencional en sujetos con PKU puede llevar a aumentar el riesgo para desarrollar Insulino Resistencia, empeorando la calidad de vida de estos individuos.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki. Estudio aprobado por Comité de ética del INTA en Junio 2019.

Financiado por Corporación para Apoyo de Investigación Científica de Nutrición, INTA, Universidad de Chile.





N° 25

SALMONELLA ENTERITIDIS PRODUCTORA DE CARBAPENEMASA TIPO KPC.

Stuardo, C.

Laboratorio de Microbiología, Laboratorio de Especialidades Omesa, Clínica Dávila, Santiago. Chile
cstuardo@vidaintegra.cl

Introducción: las carbapenemasas son enzimas que confieren resistencia a los antibióticos carbapenémicos. Pueden ser cromosomales o plasmidiales, por lo cual, su identificación temprana es de gran relevancia para dirigir la terapia antibiótica y para disminuir su transmisión al ambiente hospitalario. Estas enzimas pueden ser detectadas a través de métodos de screening o métodos confirmatorios específicos como inmunocromatografía o ensayos moleculares. En Chile existe vigilancia activa de carbapenemasas en enterobacterias, sin embargo hasta ahora el Instituto de Salud Pública (ISP) no ha difundido el hallazgo de carbapenemasas tipo KPC en Salmonella.

Objetivo: presentar el hallazgo de una cepa de Salmonella Enteritidis productora de carbapenemasa tipo KPC en muestra de hemocultivo de un paciente con previa vigilancia de portación rectal positiva para el mismo mecanismo.

Metodología: se aisló cepa de Salmonella grupo D desde muestra de hemocultivo de paciente hospitalizado y se realizó estudio de susceptibilidad a ampicilina, ciprofloxacino, sulfatrimetroprim y cefotaxima. Luego se amplió el antibiograma a carbapenémicos y se realizó un test inmunocromatográfico para la detección de carbapenemasas (NG-Test® CARBA 5, NG Biotech). Se envió la cepa al ISP para confirmación de especie y mecanismo de resistencia. Se compararon los resultados obtenidos en la vigilancia de portación rectal de carbapenemasas y los resultados obtenidos en hemocultivo.

Resultados: la cepa fue tipificada por el ISP como Salmonella Enteritidis blaKPC positivo resistente a ampicilina y sulfatrimetroprim; intermedio a ciprofloxacino y cefotaxima. La CIM de imipenem fue ≤ 0.5 ug/mL y meropenem fue ≤ 0.125 ug/mL. La vigilancia de portación rectal fue positiva para CTX-M y KPC. El test inmunocromatográfico para carbapenemasas realizado desde la cepa de hemocultivo fue positivo para KPC.

Conclusión: según la vigilancia realizada por el ISP, desde el año 2014 al 2018 se detectó un 60% de prevalencia del serotipo Salmonella Enteritidis, principalmente en muestras de origen intestinal y con escasa resistencia antimicrobiana durante el periodo evaluado. Así también, durante ese periodo, el 76,7% del total de enterobacterias portadoras de carbapenemasas estudiadas fueron KPC positivo, de las cuales el 58,7% fueron aisladas de hisopados rectales. Este hallazgo de laboratorio demuestra la importancia de correlacionar la vigilancia molecular de carbapenemasas de hisopados rectales de pacientes hospitalizados con las bacterias encontradas posteriormente en cuadros clínicos.





N° 26

EVALUACIÓN DE DESEMPEÑO DE UN TEST NO TREPONÉMICO (RPR) EN PLATAFORMA AUTOMATIZADA

Parra A*. Laboratorio Central Vidaintegra, Maipú, Chile. aparra@vidaintegra.cl

Introducción: La Sífilis, causada por *Treponema pallidum*, de reservorio humano exclusivo y que cursa clínicamente en etapas, se transmite por contacto sexual, contacto directo con las lesiones u otros fluidos y transmisión vertical. Existen diferentes técnicas para el diagnóstico serológico de sífilis: las pruebas treponémicas (ej. FTA-Abs, MHTPA), que son confirmatorias; y las pruebas no treponémicas (ej. VDRL, RPR), que se basan en la detección de reaginas o anticuerpos anti-lipídicos (inespecíficos) en respuesta al daño tisular provocado por la bacteria. Éstas últimas son técnicas de bajo costo, fáciles de efectuar, se utilizan como pruebas de tamizaje y para evaluar la respuesta al tratamiento.

Objetivo: Evaluar el desempeño del reactivo Mediace RPR Gen.2 en plataforma cobas c502 para la determinación cualitativa de anticuerpos no treponémicos en suero humano mediante un estudio de acuerdo diagnóstico con muestras caracterizadas por la técnica de VDRL.

Método: Se realizó una verificación de la precisión del reactivo Mediace RPR Gen.2 empleando el protocolo EP15-A3 de la CLSI. Para el estudio de acuerdo diagnóstico se empleó un total de 88 muestras, 79 correspondían a muestras de pacientes y 9 a envíos de programa de CCE. Las muestras de pacientes corresponden a 41 hombres y 38 mujeres, entre 7 y 90 años. Las muestras fueron procesadas y caracterizadas por VDRL, con los siguientes resultados: 39 no reactivas, 4 reactivas débiles y 45 reactivas, con títulos entre R1 y R128. Estas muestras fueron procesadas en condiciones de rutina con el kit en evaluación. Se evaluó sensibilidad, especificidad y grado de acuerdo diagnóstico, además de una evaluación según Kappa de Cohen.

Resultados: En nuestro estudio se obtuvo un resultado falso positivo y 3 resultados falsos negativos. Para los resultados falsos negativos se observó la lipemia como interferente en dos de los casos; el restante correspondía a un resultado en zona gris de un paciente con antecedentes de inmunodeficiencia. En el estudio comparativo se obtuvo una sensibilidad de 93,0% (IC95 81,4 – 97,6%), una especificidad de 97,8% (IC95 88,4 – 99,6%), un acuerdo diagnóstico de 95,5% y una evaluación según Kappa de Cohen igual a 0,91 (Casi perfecto).

Conclusión: La normativa vigente del Instituto de Salud Pública recomienda una evaluación cualitativa con al menos un 90% de concordancia entre los métodos comparados. La verificación del reactivo Mediace RPR Gen 2 cumple con las especificaciones del fabricante y su uso previsto cumple con la normativa técnica vigente por lo que el resultado es aceptable.

Agradecimientos: a las secciones de Hematología, Inmunología y Química del Laboratorio Central Vidaintegra.





N° 27

EFFECTO DE LA LIPOPROTEÍNA DE BAJA DENSIDAD OXIDADA EN LA RESISTENCIA A DOCETAXEL Y CABAZITAXEL INDUCIDA POR ACTIVACIÓN DE LA VÍA DE SEÑALIZACIÓN NF-KB EN MODELOS CELULARES DE CÁNCER DE PRÓSTATA RESISTENTE A CASTRACIÓN.

Castillo-Cáceres, MP^{1,3}., Duprat Duprat, FI³., Rivas Morales, YI²., Mondaca Coronado, MI¹., Díaz Blas, G¹., González-Chavarría, I¹.

4. Laboratorio de Lipoproteínas y Cáncer, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

5. Programa de Magíster en Biotecnología Molecular Universidad de Concepción.

6. Programa de Doctorado en Biotecnología Molecular Universidad de Concepción.

Introducción: El CaP resistente a castración (CRPC) es tratado con Docetaxel, sin embargo, un porcentaje importante de pacientes generará resistencia al tratamiento, generando un CRPC resistente a Docetaxel. El tratamiento para este tipo de cáncer es Cabazitaxel, pero la efectividad del tratamiento se limita por la aparición de resistencia al tratamiento en muchos pacientes. La vía NF- κ B está relacionada con la resistencia a Docetaxel, y se cree que también con la resistencia a Cabazitaxel, promoviendo la expresión de ABCB1 y TUBB3. Interesantemente, la lipoproteína de baja densidad oxidada (oxLDL) está aumentada en el plasma de pacientes con CRPC y en otras patologías se ha visto que promueve la activación de NF- κ B, pero su función en la generación de resistencia a estas drogas en el cáncer no ha sido descrita.

Objetivo: Analizar el efecto de oxLDL sobre la activación de NF- κ B p65 y p52 en células de CRPC, en la expresión de marcadores de resistencia a taxanos como TUBB3 y MDR1 y su efecto en la supervivencia celular a estas drogas.

Metodología: Se utilizaron las líneas celulares CRPC DU145, C4-2B y 22RV1, se trataron con 50 μ g/mL de oxLDL por 1 hora o 24 horas según correspondiera. Se extrajeron y cuantificación proteínas, y 30 μ g de proteínas totales de las células tratadas se analizaron mediante western blot para los marcadores MDR1 y TUBB3 y para determinar la activación de la vía NF- κ B p65/p52. Para estudiar la expresión de MDR1 en la membrana celular, se realizó inmunocitoquímica en las líneas celulares antes mencionadas tratadas con 50 μ g/mL de oxLDL por 24 horas. Las imágenes se obtuvieron mediante microscopía de epifluorescencia. Para determinar la expresión de receptores scavenger para oxLDL en distintos estadios del CaP se analizaron datos de expresión de los receptores obtenidos de bases de datos públicas de GEO PROFILE NCBI, (grupo de datos GDS2545). Posteriormente estos datos se analizaron mediante una prueba one-way-ANOVA (**** $p \leq 0,0001$) en el software Graphpad Prism v. 9.0.2.

Resultados: Los resultados mostraron un aumento en la expresión de NF- κ B p65/p52, TUBB3 y MDR1, y un aumento en la supervivencia celular para las líneas tratadas con oxLDL, y taxanos. Observamos la sobreexpresión de receptores scavenger para oxLDL en distintos estadios de la enfermedad que pueden contribuir a los efectos observados por interacción con oxLDL.

Conclusión: Podemos concluir en base a los resultados, que la activación NF- κ B p52/p65, por acción de oxLDL, inducen la resistencia a Docetaxel y Cabazitaxel mediante la sobreexpresión de MDR1 y TUBB3 en los modelos celulares de CRPC estudiados.

Agradecimientos: Financiamiento otorgado por proyecto Fondecyt de Iniciación n° 11181105 ANID.





N° 28

DETERMINACIÓN DE LA ASOCIACIÓN ENTRE HIPOTIROIDISMO SUBCLÍNICO (HSC) Y LA DIABETES MELLITUS TIPO 2 (DMT2) EN LA POBLACIÓN CHILENA.

Rivas V., Ochoa-Rosales C., Celis-Morales C. y Ulloa N*.

Facultad de Farmacia, Centro de Vida Saludable, Universidad de Concepción, Chile Bhf, Centro de Investigación Cardiovascular, G12 8TA, Universidad de Glasgow, UK, en representación de consorcio ELHOC.

* nulloa@udec.cl

Introducción: Se ha reportado una mayor prevalencia de hipotiroidismo subclínico (HSC) en personas con diabetes mellitus tipo 2 (DMT2). Sin embargo, esta asociación no ha sido estudiada en población chilena.

Objetivo: Determinar la asociación entre HSC y la DMT2 en la población chilena a partir de los datos entregados por Encuesta Nacional de Salud (ENS) 2016-2017.

Métodos: Estudio transversal. Se usaron datos de la ENS 2016-2017, representativa de la población ≥ 15 años a nivel nacional. Se incluyó aquellos con datos completos de glicemia y TSH circulante, y DMT2. Se excluyó aquellos con hipo- e hipertiroidismo y cáncer a la tiroides. La muestra total consistió en $n=1.156$ personas. Para identificar factores confundentes se usó una adaptación de la metodología PRISMA (The Preferred Reporting Items for Systematic reviews and Meta-Analyses). La dieta se obtuvo mediante cuestionario validado en la ENS. La asociación entre HSC (desenlace) y la DMT2 (exposición) se determinó mediante regresión logística binaria y multivariada. Para asegurar la representatividad, se usó un factor de expansión. Los resultados se expresaron como razón de odds (OR) y 95%IC. La asociación entre el logaritmo natural (log-) de TSH ($\mu\text{UI/mL}$) (variable dependiente) y log-glicemia (mg/dL) en ayunas (variable independiente), se determinó mediante regresión lineal multivariada. Su resultado se expresó como coeficiente β del log-TSH (95%IC).

Resultados: Las variables confundentes identificadas son: índice de masa corporal (IMC), consumo de sal y calidad de la dieta. Las prevalencias de HSC en personas con y sin DMT2, fueron 24% y 17%, respectivamente. Al corregir por sexo, edad, IMC, consumo de sal y cumplimiento de guías alimentarias, no se encontró asociación significativa entre HSC y DMT2 (OR=1.5, 95%IC 0.75;3.00, $P = 0.26$). El aumento en una unidad del log-glicemia se asoció a una menor concentración de log-TSH ($\beta = -0.324$, 95%IC: -0.635; -0.012, $P = 0.042$).

Conclusiones: Este es el primer estudio que analiza la relación entre HSC y DMT2 en una muestra representativa de la población chilena. Encontramos que una mayor concentración de glicemia se asoció con una menor concentración de TSH circulante. Al comparar las variables binarias (con/sin) HSC y DMT2, no se detectó asociación.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.





N° 29

VESÍCULAS EXTRACELULARES OBTENIDAS DE PLASMA DE PACIENTES CON DIABETES REGULAN EL METABOLISMO DE CÉLULAS ADIPOSAS

Valenzuela F.¹, Tapia K.¹, Contreras H.², Alarcon P.², Toledo K.², Cordonier M.², Acevedo M.², Nova-Lamperti E.², Zúñiga F.², Ormazabal V.¹.

Departamento Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción.

Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. Facultad de Farmacia CHILE

* vormazabal@udec.cl

Introducción: La comunicación intercelular es crítica para el crecimiento y desarrollo de los organismos teniendo un papel importante en mediar procesos fisiológicos y patológicos. Cuando las células no interactúan adecuadamente o decodifican incorrectamente los mensajes, se producen enfermedades. Recientemente, se ha descrito a las vesículas extracelulares (VE's) como una vía de comunicación celular. Las VE's, pueden modular el comportamiento de las células blanco a distancia de acuerdo a su contenido, el que es dependiente del estado fisiopatológico de las células que las secretan. Las VE's son capaces de empaquetar dentro de ellas biomoléculas como DNA, RNA y proteínas. En diabetes mellitus tipo II (DM Tipo II), se ha demostrado que existe un incremento de las VE's, circulantes en el plasma comparado con individuos con normoglicemia. Sin embargo, se desconoce cuál es el origen del incremento de las vesículas secretadas y cuál es la función y el impacto de éstas en tejidos metabólicamente activos como lo es el tejido adiposo.

Objetivo: Aislar y caracterizar vesículas extracelulares obtenidas desde plasma de pacientes diabéticos tipo II y evaluar su efecto como regulador del metabolismo de carbohidratos en células 3T3L1, modelo celular de tejido adiposo.

Metodología: Se utilizaron muestras de sangre de 8 pacientes, 4 de ellos a DM tipo II y los otros 4 de pacientes normoglicémicos, catalogados por los niveles de HbA1c. De éstas muestras se aislaron VE's mediante cromatografía de exclusión por tamaño. El tamaño de las vesículas fue analizado por z-score y la cuantificación por ELISA. Las células 3T3L1 fueron tratadas con VE's por 24, 48 y 72 hrs y se analizó la expresión de genes de la vía Glicolítica y de la vía de transducción de señales de insulina, por RTqPCR.

Resultados: Se obtuvieron VE's de las muestras de plasma en un orden de 10^{12} vesículas/ μ L. Más del 90 % de las VE's aisladas tienen un tamaño entre 50-120 nm, correspondiente a vesículas denominadas como exosomas. La exposición de las células 3T3L1 a VE's provenientes de plasma de pacientes con DM tipo II induce cambios en la expresión de genes asociados a la glicólisis y de la vía de señalización de insulina.

Conclusión: Las vesículas extracelulares obtenidas de pacientes con DM tipo II, tienen la capacidad de modular cambios en la expresión de genes asociados al metabolismo de carbohidratos en adipositos. Estos resultados entregan información relevante para implementar planes de prevención en salud metabólica.

Financiado por Proyecto Fondecyt de Iniciación 11109522 y VRID-UDEC 220.072.043-M





N° 30

EFFECTO DE VESÍCULAS EXTRACELULARES OBTENIDAS DE CORDÓN UMBILICAL DE EMBARAZOS CON DIABETES MELLITUS GESTACIONAL, EN LA REGULACIÓN METABÓLICA DE CÉLULAS ADIPOSAS.

Tapia K.¹, Valenzuela F.¹, Contreras H.², Alarcon P.², Toledo K.², Cordonier M.², Acevedo M.², Nova-Lamperti E.², Zúñiga F.², Ormazabal V.¹.

Departamento Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción.

Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. Facultad de Farmacia Chile

** vormazabal@udec.cl*

Introducción: La relación existente entre los desbalances metabólicos como la hiperglicemia, durante el embarazo y el riesgo de desarrollar patologías de carácter metabólico en la vida adulta ha sido bastante reportado. La diabetes mellitus gestacional (DMG) corresponde a la alteración metabólica más frecuente del embarazo, cursa con un estado de hiperglicemia y resistencia a la insulina. Hasta ahora, se desconoce como la exposición durante la etapa gestacional a DMG impactan en el riesgo futuro de desarrollar anomalías metabólicas responsables de enfermedades crónicas no transmisibles, durante la vida adulta, tales como mayor incidencia de diabetes tipo II y enfermedades cardiovasculares. Todas patologías que impactan en la función de células metabólicamente activas, como las del tejido adiposo. En la última década las vesículas extracelulares (VE's) se han establecido como un mediador importante de la comunicación célula-célula, pudiendo actuar como un medio de regulación del metabolismo desde la madre al hijo y estar involucradas en las anomalías metabólicas responsables del mayor riesgo de padecer enfermedades crónicas no transmisibles.

Objetivo: Aislar y caracterizar vesículas extracelulares obtenidas desde sangre de cordón umbilical y evaluar su efecto como regulador del metabolismo en células 3T3L1, modelo celular de tejido adiposo.

Método: Se utilizaron muestras de sangre de cordón umbilical de 8 pacientes, 4 de ellos correspondían a embarazos con DMG y los otros 4 a embarazos fisiológicos ambos a término. De estas muestras se aislaron VE's mediante cromatografía de exclusión por tamaño. El tamaño de las vesículas fue analizado por z-score y la cuantificación por ELISA. Las células de adipocitos humanos 3T3L1 fueron tratadas con VE's por 24, 48 y 72 hrs y se analizó la expresión de genes de la vía Glicolítica y de la vía de transducción de señales de insulina, por RT-qPCR.

Resultados: Se obtuvieron VE's de las muestras de cordón umbilical en un orden de 1012 vesículas/μL. Más del 90 % de las VE's aisladas tienen un tamaño entre 50-120 mM, correspondiente a vesículas denominadas como exosomas. La exposición de las células 3T3L1 a VE's provenientes de sangre de cordón umbilical de DMG induce cambios en la expresión de genes asociados a la glicólisis y de la vía de señalización de insulina.

Conclusión: Las vesículas extracelulares han generado modificaciones en genes involucrados en el metabolismo de la glucosa. Este hallazgo, tienen relevancia clínica con potencial, de ser un biomarcador temprano, de alteraciones metabólicas.

Financiado por Proyecto Fondecyt de Iniciación 11109522 y VRID-UDEC 220.072.043-M





N° 31

DETECCION MOLECULAR DE HELICOBACTER PYLORI EN MUESTRAS DE SALIVA

Cordonier M.¹, Garcia, A.², Zúñiga F^{1*}.

Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. Facultad de Farmacia.,

Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. Chile

* fzuniga@udec.cl

Introducción: Helicobacter pylori (HP) es una bacteria silenciosa presente en el 70% de los chilenos y en el 50% de la población a nivel mundial. HP se asocia a diversas patologías gástricas como úlceras y gastritis crónica, siendo además el principal factor causal prevenible de cáncer gástrico. El diagnóstico de la bacteria se realiza durante endoscopías, procedimiento clínico de alto costo y demanda; además de biomarcadores de aliento y deposiciones. En los últimos años se ha descrito la presencia de reservorios de HP en la cavidad oral lo cual abre la posibilidad de implementar su detección en saliva y mejorar así su diagnóstico temprano.

Objetivo: Estandarizar la detección por qPCR de Helicobacter pylori y sus genes de virulencia en muestras de Saliva

Método: Para el proceso de qPCR se seleccionaron 4 genes: región 16S rRNA específico para bacterias y HP y los genes de virulencia de HP cagA y vacA. Como control positivo se utilizó la cepa de H.pylori J99. Para la estandarización de la detección se realizó una optimización de la concentración de los set de primers a utilizar y se determinó la eficiencia de reacción de cada gen. Como estudio piloto, se utilizaron 26 de muestras de saliva tomadas desde personas sanas las cuales se les realizó extracción de ADN por columna.

Resultados: La optimización de 16SHP, 16SBac, HPcagA y HPvacA y la posterior amplificación de los genes respectivos utilizando las distintas concentraciones de primers según la matriz permitieron dilucidar que la concentración óptima a utilizar para los set de primers corresponde a un rango entre 400 y 800 nM. El porcentaje de eficiencia corresponde a 76% para 16SHP, 119% para 16SBAC, 98% para HPcagA y 80% para HPvacA, respectivamente. El qPCR para muestras de saliva permitieron detectar que 8 de las 26 muestras, es decir un 30% aproximadamente, dieron positivo para el gen 16S rRNA de HP.

Conclusión: Es posible determinar la presencia de Helicobacter pylori en muestras de saliva a través de un método de detección molecular como qPCR. Aun es necesario estandarizar métodos eficientes de extracción desde saliva y aumentar el tamaño muestras de manera de validar resultados.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.





N° 32

INCIDENCIA DE ANEMIA AL INGRESO A UCI POR COVID 19, CAUSAS DE DESARROLLO DE ANEMIA DURANTE LA HOSPITALIZACIÓN EN LA SEGUNDA OLA PANDÉMICA EN EL HOSPITAL METROPOLITANO

Roco A, Alburquenque L, Martínez A, Troncoso N, Rebolledo F, Soto N, Fernandez M, Pérez G, Machuca L, Huaiquipán Y, Alcayaga N.

Hospital Metropolitano.

* angela.roco@redsalud.gov.cl

Introducción: La anemia es un problema clínico común en el paciente crítico, que se traduce en un alto requerimiento de transfusiones de glóbulos rojos. La Organización Mundial de la Salud define a la anemia como un nivel de hemoglobina (Hb) menor a 13 g/dl en hombres y menor a 12 g/dl en mujeres. Aproximadamente el 29% de los pacientes internados tiene una Hb menor a 10 g/dl. El 95% de los pacientes críticos que permanecen en las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) durante 72 horas o más sufre anemia y alrededor del 40% de ellos recibe transfusiones de glóbulos rojos alogénicos (GRA). La etiología de la anemia es multifactorial y compleja, desde: sangrado gastrointestinal, factores de riesgo: ventilación mecánica, insuficiencia nutricional, insuficiencia renal aguda, anticoagulantes, procedimientos quirúrgicos, coagulopatías, hemólisis, hipoadrenalismo y flebotomías repetidas (vampirismo). Objetivo: Determinar el impacto de anemia primaria o secundaria en pacientes en UCI relacionándola con solicitud de transfusión de Glóbulos rojos.

Método: Estudio observacional retrospectivo sin intervención desde marzo a julio del año 2021 en pacientes hospitalizados en UCI.

Resultados: En el periodo en estudio se hospitalizaron 615 pacientes (63 % hombres), con una edad promedio de $56,2 \pm 14$ años, con un promedio de días de estada de $21,4 \pm 16,7$ días. Un 70,6 % egresó vivo. La Hemoglobina al ingreso (g/dL) fue de $12,8 \pm 1,7$ y al egreso de $10,1 \pm 2,1$, el Hematocrito al ingreso (g/dL) fue $38,4 \pm 7,6$ y al egreso $30,8 \pm 5,9$. Un 43 % de los hombres presentaron anemia al ingreso y un 50 % de las mujeres. En el transcurso de la hospitalización se transfundió a 127 pacientes (20,7%) con un total de 406 unidades de glóbulos rojos. Un 43 % de estos pacientes fallecieron. Conclusiones: Un alto porcentaje de pacientes tenía anemia al ingreso que no había sido diagnosticada. La principal causa de anemias desarrollada la estadía en UCI fue el "Vampirismo" con una extracción diaria en promedio de 46 mL para exámenes, sin considerar la toma de muestra de hemocultivos.

Autorización Comité Ética del SSMO Carta del 22 marzo 2022





N° 33

CARACTERÍSTICAS CLÍNICO-DEMOGRÁFICAS DE PACIENTES CON COVID-19 DEL HOSPITAL METROPOLITANO DURANTE LA PRIMERA OLA PANDÉMICA EN CHILE.

Rojó M.^{1,2} * Roco A.¹, Treuer M.¹, Nachar C.¹, Samamé M.¹; Bahamondes L.¹; Silveira V.¹; Valenzuela S.¹, Hurtado I.¹, Cavada G.²

¹Hospital Metropolitano (SSMO), ²Escuela Salud Pública, Universidad de Chile.

* mario.rojo@redsalud.gov.cl

Introducción: El Hospital Metropolitano formó parte de dicha estrategia de refuerzo de la red pública de salud frente a pandemia de SARS-CoV-2. Abrió sus puertas en mayo de 2020 solo para atender pacientes hospitalizados con COVID-19 en Unidad de Cuidados Medios (UCM) y en Unidad de Paciente Crítico (UPC).

Objetivo: Describir las características clínico-demográficas de los pacientes hospitalizados en la primera ola de COVID-19 en Chile en el Hospital Metropolitano. Método: Estudio observacional retrospectivo sin intervención, desde el 15 de mayo al 31 de agosto de 2020.

Resultados: Se recibieron 409 pacientes (40,6% mujeres y 59,4% hombres), con una edad promedio de $61,3 \pm 13,6$ años, con un promedio de días de estadía de 13,1 días (rango 1 a 91 días). Un 83,6% de los pacientes egresaron vivos. Se observó que nuestros pacientes tenían un alto nivel de complejidad, evaluado por GRD Peso medio del Hospital Metropolitano versus 65 hospitales públicos (2,43 versus 1,19 respectivamente) y en UPC (5,8 versus 1,19). Los resultados de laboratorio en pacientes hospitalizados en UCM vs UPC, muestran una disminución en niveles de albúmina y bilirrubina total (p-value < 0,001 y 0,002), niveles aumentados en CK total (p-value 0,014), Troponina (p-value 0,001), creatinina (p-value < 0,001), GGT (p-value 0,028), AST (p-value 0,039), LDH (p-value 0,001), Dímero D, PCR, VHS y recuentos de leucocitos, monocitos, neutrófilos y linfocitos; todos ellos con diferencia estadística significativa.

Conclusiones: Esta investigación demostró que algunos exámenes de laboratorio al ingreso de la hospitalización podrían ser utilizados para evaluar tiempo de estadía hospitalaria y riesgo de muerte en pacientes COVID-19 positivos.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki. Además de ser aprobado por Comité de ética correspondiente.





Nº 34

DIAGNÓSTICO MOLECULAR NO INVASIVO DE *HELICOBACTER PYLORI*, Y GENOTIPIFICACIÓN DE CEPAS AGRESIVAS, EN MUESTRAS FECALES DE POBLACIÓN DE LA REGIÓN DE COQUIMBO.

Bitrán-Ambler M¹, Ramírez-Rivera S¹, Flores J², Bernal G¹.

¹Laboratorio de Biología Molecular y Celular del Cáncer, Departamento de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad Católica del Norte. Coquimbo, Chile. ²Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Católica del Norte. Coquimbo, Chile.

Correspondencia a: Dr. Giuliano Bernal. email: gbernal@ucn.cl

Introducción: En Chile, la prevalencia de *Helicobacter pylori*, supera el 70%, lo cual podría dar cuenta, en parte, de la alta tasa de cáncer gástrico en nuestro país. La virulencia de *H. pylori* se asocia fuertemente a la presencia de la isla de patogenicidad *cag* (*cagPAI*) que codifica a la oncoproteína *CagA*, responsable del mayor potencial carcinogénico de las cepas que la expresan.

Objetivo: Determinar mediante nested-qPCR, en muestras fecales de individuos de la región de Coquimbo, la presencia de la bacteria *H. pylori*, y posteriormente, en las muestras positivas, determinar aquellas cepas agresivas, mediante la detección del gen *cagA*.

Métodos: Se reclutaron 212 individuos, mayores de edad, de la región de Coquimbo, con y sin sintomatología gástrica, a los que se les solicitó una muestra fecal, previa firma del Consentimiento Informado. Se realizó la extracción de DNA desde las muestras fecales, para luego, amplificar el gen *ureC* mediante nested-qPCR, utilizando sondas de hibridación. En aquellas muestras positivas para *H. pylori*, se amplificó, mediante la misma técnica, una región del gen *cagA*, para determinar la agresividad de la cepa. A continuación se realizó el cálculo estadístico para la determinación de la prevalencia de *H. pylori* y sus cepas agresivas en esta población.

Resultados: De las 212 muestras fecales analizadas, 85 resultaron positivas, lo que arroja una prevalencia de *H. pylori* del 40,10% en esta población. Posteriormente, en estas 85 muestras positivas, 10 de ellas mostraron la presencia del gen *cagA*, con una prevalencia de cepas agresivas del 11,76%.

Conclusión: La prevalencia para *H. pylori* reportada en este estudio es inferior a lo anteriormente registrado por nuestro Laboratorio y algunos registros nacionales, que se sitúan por sobre el 70% de prevalencia para la infección. Asimismo, la prevalencia de cepas agresivas, *cagA+*, también fue menor a lo anteriormente reportado por nuestro laboratorio, ya que el 11,76% encontrado, está bajo el 25,0% encontrado en 2018. Creemos que, probablemente, estas cifras de prevalencia encontradas se deben a que nuestra población era general, con un número importante de individuos sin sintomatología digestiva o pacientes que tuvieron la bacteria años atrás y siguieron tratamiento antibiótico.

Nuestros resultados son alentadores porque indican una disminución de la prevalencia de la bacteria en nuestra población, similar a la de países desarrollados.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki y ha sido aprobado por el Comité Ético Científico de la Facultad de Medicina de la Universidad Católica del Norte.

Financiado por FIC-R 2019 40014371-0





Nº 35

ANÁLISIS DE LA PRODUCCIÓN DE ANTICUERPOS IgG ANTI-SARS-CoV-2 Y EN PACIENTES COVID-19 CHILENOS LEVES Y SEVEROS.

Quiroga R.^{*1}, Sepúlveda C.^{*1}, Sahueza S.¹, Antilef B.¹, Cabrera C.¹, Fraga M.¹, Llerena F.¹, Henríquez M.², Labarca G.^{1,3}, Nova-Lamperti E.^{1,4†} Laboratorio de Inmunología Molecular y Traslacional, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile² Escuela de Kinesiología, Facultad de Salud, Universidad Santo Tomás. Los Ángeles. Chile³ Complejo Asistencial Dr. Víctor Ríos Ruiz, Los Ángeles. Chile. ⁴ CONTAC19 Consortium.

Introducción: La investigación sobre la producción de anticuerpos durante la enfermedad por Coronavirus 2019 (COVID-19) ha cobrado importancia debido a su capacidad para potenciar la eliminación viral y el desarrollo de una respuesta de memoria. Recientes publicaciones han evidenciado una desregulación de la respuesta inmune en pacientes afectados, donde se observan diferencias en la generación de anticuerpos según la severidad del cuadro infeccioso, sin embargo, el rol de estos durante la patología aún no está dilucidado.

Objetivo: Relacionar los niveles de anticuerpos IgG anti-SARS-CoV-2 4 meses post infección con la severidad de la COVID-19, secuelas pulmonares y alteraciones glucídicas presentadas en los pacientes pre o post COVID-19.

Métodos: Entre agosto y septiembre del año 2020, se obtuvieron muestras de suero de 60 pacientes COVID-19 del Hospital Víctor Ríos Ruiz 4 meses después de la fase aguda para medir los niveles de IgG anti-SARS-CoV-2 utilizando un ensayo CLIA comercial. Las secuelas pulmonares fueron evaluadas como: secuela estructural, analizada mediante tomografía computarizada (TC) de tórax y disfunción pulmonar, la cual se evaluó a través del examen de difusión de monóxido de carbono (DLCO). Las alteraciones del metabolismo glucídico pre-COVID-19 fueron notificadas por cada paciente, mientras que las alteraciones post-COVID-19 fueron calculadas utilizando los valores de glicemia en ayuna y HOMA-IR de cada individuo. Además, se determinó el porcentaje de células B RBD específicas anti-SARS-CoV-2 para analizar la respuesta inmune a nivel celular mediante citometría de flujo.

Resultados: Se observó que, tras 4 meses, los pacientes COVID-19 severo o con síndrome respiratorio agudo (SDRA) presentaron niveles de IgG significativamente mayores que el resto de los pacientes en estudio. Este aumento se encontró asociado a la presencia de secuelas pulmonares estructurales y alteraciones de metabolismo glucídico desarrolladas previamente. Por otro lado, todos los pacientes presentaron células B RBD específicas, pero éstas no se relacionaron con ningún parámetro analizado.

Conclusión: Los niveles de IgG se encuentran relacionados con la severidad en pacientes chilenos, posiblemente debido a la respuesta inmune exacerbada que se ha documentado en estos pacientes. El aumento de la respuesta humoral se asoció con daño pulmonar estructural y alteraciones glucídicas previas, pero no con la población de células B RBD específicas. Los resultados demuestran que todos los pacientes generaron una respuesta humoral antígeno-específica y que la severidad no se asocia con fallas en la capacidad de generar anticuerpos IgG anti-SARS-CoV-2, ni con problemas en la generación de la respuesta de linfocitos B.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiado por PROYECTO COVID1005, ACT210085 y Fondecyt Regular 1211480.





N° 36

EFFECTO DE LA REPROGRAMACIÓN METABÓLICA SOBRE LA RESISTENCIA A DROGAS ANTINEOPLÁSICAS EN CÉLULAS DE CÁNCER DE OVARIO

Toledo K.¹, Alarcon-Zapata P.¹, Contreras H.¹, Tapia K.², Valenzuela F.², Cordonier M.¹, Acevedo M.¹, Nova-Lamperti E.¹, Ormazabal V.², Zúñiga F.^{1*}

¹Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. Facultad de Farmacia. ²Departamento Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. CHILE

* fzuniga@udec.cl

Introducción: El cáncer de ovario es una de las neoplasias malignas ginecológicas con mayor tasa de mortalidad debido una alta tasa de recidiva, sobre el 85%, acompañada de resistencia a la quimioterapia. Uno de los sellos del Cáncer corresponde a la presencia de un Metabolismo desregulado, donde las células cancerígenas prefieren Glicolisis por sobre otras vías metabólicas (efecto Warburg). Esto se asocia a un aumento en el grado de resistencia a agentes quimioterapéuticos.

Objetivo: Evaluar la sensibilidad a doxorubicina en las líneas celulares de cáncer de ovario OVCAR-3 (sensibles) y SK-OV-3 (resistentes) al reprogramar su metabolismo celular.

Método: Células de cáncer de ovario sensibles y resistentes a drogas antineoplásicas, OVCAR-3 y SK-OV-3 fueron tratadas con concentraciones crecientes de 2-desoxi-Dglucosa (2-DG), un inhibidor de Glicolisis, por 24, 48 y 72 hrs y se analizó la expresión de genes de la vía Glicolítica por RT-qPCR, secreción de Lactato y consumo de Glucosa. Una vez reprogramado el metabolismo de las células de cáncer de ovario, se determinó el grado de resistencia a Doxorubicina por 24 hrs mediante el ensayo de Sulforodamina B, analizando citotoxicidad y efecto citostático mediante GR50 en ambas líneas celulares de cáncer.

Resultados: En ambas líneas celulares se observaron cambios en la expresión de genes asociados a glicolisis. La línea celular SK-OV-3, disminuye en casi un 90% la expresión de GLUT1 a 72 hrs post tratamiento con 2-DG, disminuyendo además la secreción de Lactato y consumo de Glucosa. Al combinar inhibición de Glicolisis y efecto de Doxorubicina en células de cáncer de ovario se pudo observar que las células OVCAR-3 fueron las más sensibles aumentando su potencia. Por otro lado, no encontramos cambios en la relación dosis-respuesta para SK-OV-3, aun cuando la inhibición de la vía glicolítica fue máxima.

Conclusión: Aunque mucho se ha avanzado en el estudio de factores y condiciones que predisponen al cáncer de ovario, se conoce muy poco sobre los mecanismos asociados a su quimiorresistencia por lo que continúa siendo una problemática de salud y desafío a nivel mundial. El cáncer de ovario es altamente heterogéneo y podemos observar que la inhibición de la Glicolisis generó un cambio importante en la sensibilidad a drogas. Sin embargo, en aquellas células más resistentes no hay cambio en la potencia lo que indica que glicolisis no es la vía determinante y es necesario explorar otras vías metabólicas para generar el mismo efecto.

Financiado por VRID-UDEC 220.072.043-M (FZ), FONDECYT 11190522 (VO)





N° 37

EFFECTO DE LA BUTIONINA SULFOXIMINA (BSO) SOBRE EL IC50 DE ENZALUTAMIDA Y EN LA EXPRESIÓN DE SUS MARCADORES DE RESISTENCIA EN CÉLULAS HUMANAS DE CÁNCER DE PRÓSTATA RESISTENTE A CASTRACIÓN.

Mondaca M.*, Castillo-Cáceres MP., Duprat F., Rivas Y., González-Chavarría I.

Laboratorio de Lipoproteínas y Cáncer, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, CHILE.

* mmondaca2018@udec.cl

Introducción: El cáncer de próstata es un tumor dependiente de hormonas que requiere de la señalización del receptor de andrógenos (AR). En su tratamiento se emplea la terapia de privación de andrógenos, pero algunas células logran progresar en ella debido a la sobreexpresión de AR y a la expresión de su variante de splicing AR-V7, dando lugar al cáncer de próstata resistente a castración (CRPC). Frente a esto se utiliza Enzalutamida, un inhibidor competitivo de AR. A pesar de su eficacia inicial, se genera resistencia a este fármaco producto de la sobreexpresión de AR y AR-V7, que son mediadas por la activación de NF- κ B. Debido a esto, se propone el uso de BSO, un inhibidor de la síntesis de glutatión, como un inhibidor de la señalización de NF- κ B que contribuye a la disminución de los marcadores de resistencia de CRPC, al mismo tiempo que aumenta la citotoxicidad de Enzalutamida.

Objetivo: Determinar los efectos de BSO sobre los marcadores de resistencia de Enzalutamida en las líneas celulares de cáncer de próstata resistente a castración y en el IC50 de Enzalutamida.

Método: Se cultivó la línea de cáncer de próstata resistente a castración C4-2B y se les aplicó un tratamiento de BSO a concentraciones de 25 μ M, 50 μ M y 100 μ M, como control se utilizó un tratamiento con DMSO. El análisis de la expresión de los marcadores de CRPC (AR, AR-V7 y PSA) se realizó mediante un Western-Blot. Finalmente, se realizó un ensayo de citotoxicidad para determinar el efecto de BSO sobre el IC50 de Enzalutamida en la línea celular C4-2B.

Resultados: BSO disminuyó la expresión de AR, AR-V7 y de PSA en la línea celular C42B. Además, disminuyó el IC50 de Enzalutamida cuando se empleó como un pretratamiento, lo que se traduce en un aumento del efecto citotóxico de Enzalutamida en la línea celular C4-2B.

Conclusión: En base a los resultados obtenidos, se determina que el uso de BSO reestablece la capacidad de respuesta de las células de cáncer de próstata resistente a castración frente a Enzalutamida por medio de la disminución de AR y AR-V7 in vitro. Debido a esto, se sugiere el uso de BSO como un potencial adyuvante en el tratamiento de Enzalutamida con el fin de evitar la aparición de resistencia para este fármaco en el CRPC. Sin embargo, es necesario evaluar adecuadamente la metodología de tratamiento de BSO antes de pasar a ensayos clínicos.

Financiado por proyecto FONDECYT de iniciación 11181105.





N° 38

LOS NIVELES CIRCULANTES DE CXCL-9, CXCL-10 E IL-6 AUMENTAN EN PACIENTES CON DISFUNCIÓN PULMONAR DE LARGA DURACIÓN 4 MESES DESPUÉS DE COVID-19

Sergio Sahueza^{1*}, Camilo Cabrera¹, Romina Quiroga¹, Bárbara Antilef¹, Marco Fraga¹, Faryd Llerena¹, Mario Henríquez², Gonzalo Labarca^{1,3} & Estefanía Nova-Lamperti^{1,4}

¹Laboratorio de Inmunología Molecular y Traslacional, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. ²Escuela de Kinesiología, Escuela de Kinesiología, Facultad de Salud, Universidad Santo Tomás. Los Ángeles. Chile. ³Complejo Asistencial Dr. Víctor Ríos Ruiz, Los Ángeles. Consorcio Chile. ⁴CONTAC19

sergiosanhueza@udec.cl*

Introducción: El síndrome respiratorio agudo severo coronavirus-2 (SARS-CoV-2) es el agente etiológico de la enfermedad por Coronavirus 2019 (COVID-19). La COVID-19 severa se caracteriza por una marcada liberación de citoquinas y disfunción pulmonar, lo que según varios estudios trae consigo diversos problemas, especialmente respiratorios, después de la enfermedad aguda por COVID-19. En base a esto es que aún se desconoce qué mediadores sostienen la disfunción pulmonar post-COVID-19

Objetivo: Determinar la asociación entre los niveles de citoquinas y quimioquinas con la disfunción pulmonar de pacientes que cursaron COVID-19 en sus estados leve, moderado y severo.

Método: Entre los meses de Agosto y Septiembre del año 2022, se obtuvieron muestras de suero de 60 pacientes COVID-19 del Hospital Víctor Ríos Ruiz, 4 meses después de la fase aguda, y se cuantificaron 6 citoquinas y 4 quimioquinas mediante un ensayo de array por citometría de flujo. Además, se analizó la secuela pulmonar de los pacientes, 4 meses post-COVID-19, mediante tomografías computarizadas (TC), el test de capacidad de difusión de monóxido de carbono pulmonar (DLCO), espirometría, test de marcha y handgrip. Finalmente, se analizó la relación entre los parámetros inflamatorios con la condición pulmonar alterada de los pacientes.

Resultados: Catorce pacientes con TC y DLCO alterado fueron clasificados como pacientes con disfunción pulmonar a largo plazo (DPLP), los que además presentaron alteraciones en las pruebas de espirometría, capacidad aeróbica reducida, fuerza de prensión reducida y más fatiga que los pacientes sin secuelas o pacientes con TC alterado solamente. Cuando se analizaron los parámetros inflamatorios, se observó que IL-6, CXCL-9 y CXCL-10 y el recuento plaquetario aumentaron en pacientes con DPLP.

Conclusión: Nuestros datos demostraron que los pacientes con DPLP tenían una condición pulmonar restrictiva, favorecida por vías inflamatorias, dentro de las cuales destacaron IL-6, CXCL9 y CXCL-10.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiado por PROYECTO COVID1005, ACT210085 y Fondecyt Regular 1211480.





Nº 39

IMPLEMENTACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL LABORATORIO DE BIOLOGÍA MOLECULAR (LBM) BIONET INDISA

Undurraga A., Tapia M., Burgos R., Espinoza Y., Cárcamo MC., Muñoz M., Aguayo N., Rebolledo N.
Laboratorio de Biología Molecular Bionet-Indisa. Chile
natalia.rebolledo@bionet.cl

Introducción: La pandemia de COVID-19 impactó al mundo entero con 555 millones de casos y 6.3 millones de muertes¹. En Chile el primer caso positivo se registró en marzo de 2020, y actualmente se acumulan 4 millones de casos y 47 mil fallecidos². Las autoridades sanitarias y tanto como el sistema público como privado se vieron colapsados los primeros meses al requerir un aumento exponencial de su capacidad de testeo de SARS-CoV-2 mediante la técnica de PCR.

Objetivo: Implementar un LBM con capacidad diagnóstica SARS-CoV-2 para atender la creciente demanda de pacientes hospitalizados de Clínica Indisa y posteriormente los pacientes ambulatorios que acuden a los centros pertenecientes a red de laboratorios Bionet.

Metodología: El laboratorio inicia su operación en junio del 2020, con 2 profesionales (un bioquímico y un tecnólogo médico) para cubrir la demanda de Clínica Indisa, con una capacidad 180 muestras/día, y un tiempo de respuesta de 12 a 16 h (promedio) en un turno 12/7. Tanto el proceso de extracción, como preparación de mezclas, se realizó de manera manual, optimizando costos y tiempos de trabajo. Posteriormente, el laboratorio expandió su capacidad de procesamiento a muestras de regiones y tomas de muestra de Santiago, integrándose cuatro nuevos profesionales al laboratorio y junto con ello se amplió el procesamiento a un turno de 24/7

Resultados: El explosivo aumento de casos Covid-19 durante la cuarta ola, implicó el procesamiento de 2000 muestras /día con un tiempo de respuesta de 12 horas para el servicio de urgencias (SU). Se generaron nuevos protocolos del proceso preanalítico para priorizar al SU. Se adquiere un contenedor con buffer de transporte y una resina, para proteger las muestras y se optimizó el proceso de extracción de los ácidos nucleicos al igual que el proceso analítico mediante kits con reactivos listos para cargar la muestras disminuyendo aún más el tiempo de procesamiento.

Conclusión: El proyecto llegó en un momento clave de la pandemia permitiendo agilizar los resultados de los exámenes. El cambio más reciente en el protocolo incluye una mejora en el kit de PCR que permite que el actual perfil térmico sea de 1 h 10 min y la implementación de tests moleculares rápidos (Cobas-Liat, n=2) que procesa una muestra en 20 min orientado a muestras de mayor urgencia (SARS-Cov-2+ Flu A y B). En estos momentos, el tiempo de procesamiento (TAT) para el SU es de 6 a 8 h contribuyendo a una atención oportuna del paciente.

1. https://ourworldindata.org/covid-vaccinations?country=OWID_WRL

2. <https://www.gob.cl/pasoapaso/cifrasoficiales/>





Nº 40

RENDIMIENTO DEL ENSAYO DE LA RESISTENCIA A LA PROTEÍNA C ACTIVADA EN LA DETECCIÓN DE MUTACIÓN DEL FACTOR V LEIDEN

Rodríguez D^{1,2}, Hidalgo P¹, Aranda E¹, Morroni C¹, Riquelme P¹, Kovacs P¹, Rodríguez S¹, Rodríguez MS¹.

1. Red de Salud UC-CHRISTUS

2. Pontificia Universidad Católica de Chile

Introducción: La resistencia a la acción anticoagulante de la Proteína C Activada (RPCA) es el resultado de una ineficiente inactivación del Factor V activado por la PCA. Sobre el 90% de los pacientes que presentan RPCA, ésta se encuentra asociada a la presencia de la mutación del Factor V Leiden (FVL) y se relaciona con un mayor riesgo de trombosis. El FVL está presente en 20-50% de los pacientes que desarrollan trombosis venosa. En los portadores heterocigotos del FVL, el riesgo relativo de sufrir un evento trombótico aumenta 3-7 veces y en homocigotos 80 veces.

RPCA se puede demostrar mediante un método coagulométrico (con mayor accesibilidad en los laboratorios clínicos), y el FVL mediante biología molecular.

Objetivo: Calcular el rendimiento (sensibilidad y especificidad) para detección de FVL mediante el ensayo de RPCA coagulométrico.

Metodología: Se accedió a todos los estudios individuales realizados desde enero 2017 hasta Julio 2022 en el laboratorio de hemostasia y trombosis de la Red de Salud UC-CHRISTUS que de manera concomitante tuviesen resultados para FVL realizados mediante q-PCR con análisis de melting (método de comparación) y ensayo de resistencia a la PCA mediante coagulometría (método a comparar), calculándose la sensibilidad y especificidad con intervalo de confianza al 95%.

Resultados: Se recolectaron 1463 estudios, de los cuales 106 (7.2%) presentaron FVL y de estos 10/106 (9.4%) en estado homocigoto.

Del total de estudios, 105 (7.2%) demostraron RPCA, de los cuales 103/105 (98.1%) presentaron FVL; 3/1358 (0.2%) no demostraron RPCA, pero presentaron FVL; resultando en una sensibilidad de 95% (93-97%) y especificidad de 99.8% (99-100%).

Conclusión: Si bien >90% de los pacientes con RPCA tienen de manera concomitante FVL, existe un pequeño porcentaje en que la etiología no es genética, si no adquirida. Aun así, la RPCA, debería ser el estudio inicial (tampoco justifica su ejecución concomitante) ante esta sospecha, por su gran sensibilidad y especificidad. Además, es importante mencionar la diferencia de costos, donde el estudio de FVL puede llegar a ser hasta 3.25 veces más que TPCA, sin mencionar las mayores implicaciones técnicas, metodológicas y de infraestructura para llevarse a cabo. Es por lo anterior, que, como abordaje diagnóstico, los profesionales de laboratorio podamos orientar a la comunidad clínica con un adecuado análisis costo-beneficio.





N° 41

METODOLOGÍAS DE LABORATORIO PARA DIAGNÓSTICO DE GAMMAPATIAS MONOCLONALES

Maripan K., Altamirano S

Laboratorio Central Vidaintegra, Maipú, Chile kmaripan@vidaintegra.cl

Introducción: Las gammapatías monoclonales corresponden a trastornos linfoproliferativos clonales de células plasmáticas, con producción excesiva de un único tipo de cadena, ya sea ligera y/o pesada de la inmunoglobulina. Las pruebas de laboratorio desempeñan un papel muy importante en las distintas etapas del manejo clínico de los pacientes con GM, tanto en el apoyo al diagnóstico diferencial, como en el pronóstico y en la monitorización para evaluar la respuesta al tratamiento. Las metodologías de laboratorio con mayor utilidad y recomendadas para la evaluación clínica del paciente son: electroforesis de proteínas (suero y/u orina), inmunofijación (suero y/u orina) y cuantificación de cadenas ligeras libres en suero.

Objetivo: Evaluar diversas metodologías de laboratorio útiles en diagnóstico de gammapatías monoclonales.

Método: Se realizó una revisión bibliográfica, de cada una de las técnicas de utilidad en diagnóstico y seguimiento de gammapatías monoclonales que se realizan en el Laboratorio Central Vidaintegra, Inmunología.

Resultados: En esta revisión bibliográfica de las metodologías utilizadas en el Laboratorio Central Vidaintegra, obtenemos que la EPS en suero tiene una sensibilidad de 500-2000 mg/L, siendo estos niveles 50 veces superiores a la concentración normal de kappa y lambda presentes en suero. La inmunofijación es más sensible, pudiendo detectar niveles de entre 150-200 mg/L. La mayor sensibilidad analítica se encuentra en la técnica de CLL, ya que en ella es posible cuantificar cantidades menores a 1 mg/L. Tanto las técnicas de electroforesis e inmunofijación en orina se verán alterados cuando los mecanismos de reabsorción renal se vean sobrepasados por la alta producción de proteína monoclonal.

Conclusión: La información obtenida en nuestra revisión bibliográfica concuerda con protocolos nacionales e internacionales sobre diagnóstico de estos trastornos proliferativos. Se debe sugerir siempre la utilización de las pruebas de EPS, IF y cadenas ligeras libres en suero, ya debido a la baja sensibilidad que otorga la electroforesis de proteínas en suero, es que podemos obtener trazados normales en pacientes con trastornos proliferativos no secretor o amiloidosis, retrasando el diagnóstico al paciente, conllevando a interferir en su buen pronóstico de tratamiento. Por ello es de gran importancia la medición de cadenas ligeras libres, ya que es una técnica que podemos identificar clonalidad a concentraciones bajas de estas proteínas, además de su utilidad en el diagnóstico, ayuda en el monitoreo de la respuesta al tratamiento y entrega valor pronóstico de progresión desde el diagnóstico. Para el diagnóstico, no necesariamente debemos esperar la alteración de las tres técnicas simultáneamente.





N° 43

IDENTIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS DE LA ENZIMA CONVERTIDORA DE ANGIOTENSINA 2 ASOCIADOS A CAMBIOS EN LA AFINIDAD POR EL DOMINIO RBD DEL SARS-COV-2

Urra M*, Lamperti L.

Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia,
Universidad de Concepción, Chile.

* mychelurra2016@udec.cl

Introducción: el síndrome respiratorio agudo severo causado por Coronavirus (SARSCoV-2), surgió en China en diciembre de 2019 y actualmente se ha extendido por todo el mundo causando la pandemia por COVID-19 con más de 6,3 millones de muertes a nivel mundial. La morbilidad y mortalidad causadas por COVID-19 aumentan drásticamente con la edad y condiciones de salud coexistentes, incluyendo el cáncer, diabetes y las enfermedades cardiovasculares. Además de estos, los factores genéticos tienen un papel importante en la infección por COVID-19, ya que pueden contribuir a la transmisibilidad del SARS-CoV-2 y a la progresión de la enfermedad, pero estos factores son en gran parte desconocidos. La identificación de estos factores es clave para comprender mejor la etiología de la enfermedad, pudiendo ayudar a predecir el riesgo y prevenir la infección por COVID-19. Actualmente se conoce que la proteína ACE2 (enzima convertidora de angiotensina II) es el receptor de SARS-CoV-2 en células humanas. La región de unión a receptor (RBD) de la proteína Spike de SARS-CoV-2 se une al dominio peptidasa extracelular (PD) del receptor ACE2 y en este, se han identificado polimorfismos que pudieran afectar a la unión de RBD con el receptor.

Objetivo: identificar variantes polimórficas en el gen ACE2 que se asocien con mayor/menor afinidad al dominio RBD en la proteína Spike del SARS-CoV-2 en estudios publicados en la plataforma PubMed.

Método: se realizó una búsqueda sistemática de estudios publicados entre agostodiciembre 2021 de acuerdo a los criterios PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) para evaluar si los polimorfismos en este gen afectan a la enfermedad del COVID-19.

Resultados: se encontraron 6 polimorfismos, específicamente SNPs asociados a afinidad aumentada: T92I (rs763395248), K26R (rs4646116), S19P (rs73635825) y afinidad reducida: E37K (rs146676783), K31R (rs758278442), I21T (rs1244687367).

Conclusión: existen varios estudios que analizan la afinidad entre ACE2 y SARS-CoV-2, pero la mayoría son estudios in silico. Estos estudios, logran demostrar a través de diferencias de fuerzas de atracción molecular computarizada, como afectarían los polimorfismos a esta afinidad, llevando así a conclusiones apresuradas sobre lo que pasaría en estudios in vivo. Hay que recalcar, que la enfermedad del COVID-19 se ve afectada por múltiples factores, los cuales dificultan saber cuál es la relevancia genética en los cuadros asintomáticos o graves. Como proyección, se podría identificar un segmento polimórfico y analizarlo en población que haya presentado el cuadro asintomático y cuadros graves, para analizar si hay diferencias significativas entre ellos.





N° 44

PARTO PRETÉRMINO: PREDICCIÓN TEMPRANA UTILIZANDO MACHINE LEARNING

Appel-Rubio, J¹; Mennickent, D^{1,2}; Rodríguez, A³; Araya, J²; Guzmán-Gutiérrez, E^{1*}

¹ Laboratorio de Patologías del Embarazo, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

² Departamento de Análisis Instrumental, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Chile

³ Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío, Chile

* eguzman@udec.cl

Introducción: El parto pretérmino (PT) se define como todos aquellos nacimientos ocurridos previo a las 37 semanas de gestación. Esta condición posee una prevalencia de un 20% a nivel mundial y corresponde a la principal causa de mortalidad perinatal y morbilidad infantil en niños menores de 5 años. En la actualidad no existe un método diagnóstico para PT, sin embargo, se emplea la medición de largo de cérvix durante la consulta perinatal de segundo trimestre de gestación como un método de estimación del riesgo de ocurrencia de PT.

Objetivo: Desarrollar un modelo de predicción temprana para parto pretérmino utilizando parámetros obstétricos y perinatales de primer trimestre de gestación de mujeres embarazadas.

Método: El presente estudio correspondió a un estudio retrospectivo en el cual fueron analizados datos de 71 pacientes embarazadas reclutadas en Concepción (Chile) entre los años 2015 y 2018. La data recolectada constaba de 22 parámetros obstétricos y perinatales, de los cuales 8 de ellos provenían del primer trimestre de gestación: edad materna (años), estatura (metros), peso (kg), IMC (kg/m²), glicemia basal (mg/dL), niveles hormonales de: TSH (mIU/L), FT4 (ng/dL), TT4 (ug/mL) y TT3 (ng/mL). Se utilizó el algoritmo PCA para la exploración de patrones desconocidos entre las muestras y el algoritmo SIMCA para la asignación binaria o multiclase de la data. Finalmente, los modelos fueron evaluados según su sensibilidad (Se), Especificidad (Sp) y tasa de error (ER).

Resultados: Un 19,7% de las pacientes incluidas en este estudio cursaron con parto PT y un 80,3% con parto de término. Al comparar ambos grupos de estudio se obtuvo diferencias significativas en los niveles hormonales de TT3 de primer trimestre de gestación ($p < 0,05$). Al utilizar PCA fue posible observar una tendencia a la agrupación espontánea de las muestras en el gráfico de score plot. (Fig 1A). En el gráfico de loading plot, los niveles hormonales de TT3 y TT4 correspondían a los principales involucrados en la distribución de las muestras (Fig 1B). Mientras que al utilizar SIMCA las muestras eran localizadas principalmente sobre la zona de superposición de clases en el gráfico de distancia de clases, sin embargo, la evaluación de los modelos fue favorable. Obteniendo una sensibilidad, especificidad y tasa de error de: 1.0, 0.81 y 0.15, respectivamente (Fig 1C).

Conclusión: Al utilizar parámetros obstétricos y perinatales recolectados durante el primer trimestre de gestación fue posible generar un modelo de predicción de parto pretérmino por medio de machine learning.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiado por ANID FOVI210057





N° 45

MACROSOMIA: PREDICCIÓN TEMPRANA UTILIZANDO MACHINE LEARNING

Appel-Rubio, J1; Mennickent, D1,2; Rodriguez, A3; Araya, J2; Guzmán-Gutiérrez, E1*

1Laboratorio de Patologías del Embarazo, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

2Departamento de Análisis Instrumental, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Chile

3Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío, Chile

* eguzman@udec.cl

Introducción: La macrosomía es definida a todo aquel recién nacido que pese >4000 g al nacer. Esta condición es una de las principales condiciones adversas del embarazo con una prevalencia de 9% a nivel mundial. Entre sus principales consecuencias se tiene la muerte fetal, asfixia perinatal y hemorragia, como aquellas de mayor severidad. Estas consecuencias podrían ser evitadas o controladas si existiera una detección temprana de macrosomía, lo cual hasta el día de hoy no es posible.

Objetivo: Desarrollar un modelo de predicción temprana para macrosomía utilizando parámetros obstétricos y perinatales de primer trimestre de gestación de mujeres embarazadas.

Método: El presente estudio correspondió a un estudio retrospectivo en el cual fueron analizados datos de 71 pacientes embarazadas reclutadas en Concepción (Chile) entre los años 2015 y 2018. La data recolectada constaba de 22 parámetros obstétricos y perinatales, de los cuales 8 de ellos provenían del primer trimestre de gestación: edad materna (años), estatura (metros), peso (kg), IMC (kg/m²), glicemia basal (mg/dL), niveles hormonales de: TSH (mIU/L), FT4 (ng/dL), TT4 (ug/mL) y TT3 (ng/mL). Se utilizó el algoritmo PCA para la exploración de patrones desconocidos entre las muestras y el algoritmo SIMCA para la asignación binaria o multiclase de la data. Finalmente, los modelos fueron evaluados según su sensibilidad (Se), Especificidad (Sp) y tasa de error (ER).

Resultados: Un 11,3% de los recién nacidos provenientes de las pacientes incluidas en este estudio cursaron con macrosomía y un 88,7% con peso adecuado al nacer. Al comparar ambos grupos de estudio se obtuvo diferencias significativas en los niveles hormonales de TT3 de primer trimestre de gestación ($p < 0,05$). Al utilizar PCA fue posible observar una tendencia a la agrupación espontánea de las muestras en el gráfico de score plot. (Fig 1A). En el gráfico de loading plot, los niveles hormonales de TT3, TT4, FT4 y edad materna, correspondían a los principales involucrados en la distribución de las muestras (Fig 1B). Mientras que al utilizar SIMCA las muestras eran localizadas principalmente sobre la zona de superposición de clases en el gráfico de distancia de clases, sin embargo, la evaluación de los modelos fue favorable. Obteniendo una sensibilidad, especificidad y tasa de error de: 0.88, 0.94 y 0.07, respectivamente (Fig 1C).

Conclusión: Al utilizar parámetros obstétricos y perinatales recolectados durante el primer trimestre de gestación fue posible generar un modelo de predicción temprana de macrosomía por medio de machine learning.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.

Financiado por ANID FOVI210057





N° 46

ANÁLISIS Y VISUALIZACIÓN DE DATOS COVID-19 DEL PRIMER TRIMESTRE DEL AÑO 2022 DE LA POBLACIÓN BENEFICIARIA DE LA CORPORACIÓN MUNICIPAL DE VIÑA DEL MAR UTILIZANDO LAS HERRAMIENTAS MICROSOFT EXCEL, STATA Y GOOGLE DATA STUDIO.

Gómez VI., Hernández JS.

Corporación Municipal de Viña del Mar, Viña del Mar, Chile.

* victor.gomez@uv.cl

Introducción: La Atención Primaria de Salud (APS) es fundamental para una vigilancia eficaz de la pandemia Covid-19. En ella se proporcionan datos importantes que permitan prevenir, controlar y rastrear la distribución de la infección. Sin embargo, la pandemia ha dejado en manifiesto la necesidad, por parte de la APS, de desarrollar capacidades tecnológicas para recolectar, analizar y visualizar los datos a través de reportes sistemáticos en tiempo real, pues es esta la única forma de generar información de alta calidad, accesible y armonizada para la elaboración de políticas efectivas, la planificación eficiente y disponibilizar el conocimiento requerido por los profesionales de la salud.

Objetivo: Analizar y visualizar los datos Covid-19 obtenidos durante el primer trimestre del año 2022 de la población beneficiaria de la Corporación Municipal de Viña del Mar utilizando las herramientas Microsoft Excel, Stata y Google Data Studio.

Método: Se recolectaron los resultados de muestras procesadas para Covid-19 de test de antígeno y qRT-PCR del primer trimestre del año 2022. Se generó una base de datos utilizando Microsoft Excel en la cual se sistematizó y clasificó la información según edad, sexo y jurisdicción de inscripción. A través, del software Stata se analizó la base de datos y se calcularon los siguientes indicadores generales y específicos para cada jurisdicción: incidencia acumulada, número de casos positivos (sin repetición) por sexo, número de casos positivos (sin repetición) por rango etario, positividad de los casos sospechosos y número de exámenes según edad, sexo y tipo de método de detección. Finalmente, los parámetros obtenidos se visualizaron empleando tanto el software Stata como Google Data Studio.

Resultados: La sistematización y clasificación de la información en conjunto con el análisis de los datos Covid-19 basada en los parámetros calculados permitió obtener una caracterización específica de la población beneficiaria por cada una de las jurisdicciones. En cuanto a la visualización se construyeron dos herramientas de gestión de la información: un reporte y un dashboard actualizable. Ambos formatos se conformaron por diferentes gráficas y tablas, tanto estáticas como dinámicas, de los distintos parámetros calculados para cada jurisdicción y de sus respectivas comparaciones.

Conclusión: El uso en APS de las tres herramientas a saber Microsoft Excel, Stata y Google Data Studio, permite no solo analizar y visualizar los datos Covid-19 sino que también monitorizar en tiempo real los cambios en distintos parámetros, entregando información crucial para la toma de decisiones y la definición de estrategias.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación en seres humanos, de acuerdo a la declaración de Helsinki. Este estudio no requirió la aprobación de un comité ético científico, pues no utilizó datos personales ni tampoco datos que permitan la reidentificación de los pacientes.





N° 47

COMPARACION DE METODOS: ANALISIS EN PARALELO DE MUESTRAS DE PESQUISA NEONATAL POR DOS LABORATORIOS, METODO AUTOMATIZADO VERSUS SEMIAUTOMATIZADO.

Lobo G, Berrios CG, Valdebenito S, Ortega V, Espinoza X, Valiente AG (2).

(1) Laboratorio de Pesquisa Neonatal, Servicio de Medicina Nuclear, Hospital San Juan de Dios.

Chile (HSJD). (2) Instituto de Nutrición y tecnología de los Alimentos (INTA), Santiago-Chile.

carmengloria.berrios@redsalud.gov

Resumen: Como parte del proyecto de ampliación de la pesquisa neonatal en Chile se analizan en paralelo por dos laboratorios los niveles de Tripsina Inmunoreactiva (IRT) y TSH en muestras de sangre seca en papel de filtro de recién nacidos (RN), en el presente estudio se compara los resultados obtenidos por ambos laboratorios.

Objetivo: Comparar resultados de IRT y TSH neonatal a partir de muestras de pesquisa neonatal analizadas en paralelo por dos laboratorios.

Metodología: Concentración de IRT y TSH de 2811 muestras de sangre seca en papel de filtro correspondientes a 2305 RN, nacidos en el HSJD durante periodo 2 Octubre 2017 a 17 Mayo 2018, es determinada en paralelo por laboratorios INTA y HSJD. HSJD utilizó plataforma automatizada GSP y kits marca Perkinelmer. INTA utilizó kit TSH marca Labsystems FEIA Plus, y equipo NS Microplate Reader y kit DELFIA neonatal IRT y lector de microplacas VICTOR 2D marca PerkinElmer. Para el análisis se utiliza software Epidat versión 4.2

Resultados: IRT neonatal: R2 de 0,8767; límites de acuerdo Bland Altman : Media (+- 1,96 DE): 2,5162 (-9,6; 14,7). Coeficiente de correlación de Pearson 0,9362 indicando asociación positiva. Concordancia dos observadores entrega índice kappa de 0,7287, lo que es considerado buena concordancia. Gráfico de histograma muestra campanas gaussianas sobrepuestas. De los 2305 RN pesquisados (2799 tarjetas) se confirmó un caso de Fibrosis Quística (diagnostico positivo) el cual fue reportado como pesquisa positiva por ambos laboratorios.

TSH neonatal: R2 de 0,7229; límites de acuerdo Bland Altman : Media (+- 1,96 DE): 3,8846 (-2,7; 10,5). Coeficiente de correlación de Pearson 0,6573. Concordancia dos observadores entrega índice kappa de 0,6588, lo que es considerado buena concordancia. Gráfico de histograma muestra campanas gaussianas INTA desplazada a valores mayores, lo cual concuerda con uso de valor de corte superior por este laboratorio.

Conclusiones: Existe concordancia entre los resultados de IRT y TSH neonatal reportados por ambos laboratorios. Los métodos utilizados por HSJD (plataforma totalmente automatizada GSP y kits TSH-GSP, IRT-GSP) entregan valores más bajos que los métodos utilizados por INTA, lo cual se encuentra reflejado en los diferentes valores de corte utilizados por ambos laboratorios: para IRT HSJD utiliza 45 ng/mL versus INTA 60 ng/mL. Para TSH HSJD utiliza 15 uU/mL versus INTA 20 uU/mL.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki.





N° 48

PREDICCIÓN DE GLICEMIA POST CARGA EN EL SEGUNDO TRIMESTRE DE GESTACIÓN CON DATOS DE ANAMNESIS Y LABORATORIO DEL PRIMER TRIMESTRE DE EMBARAZO.

Mennickent D. ^{1,2,*}, Rodríguez A. ^{2,3}, Araya J. ^{1,2}, Guzmán-Gutiérrez E. ^{1,2}.

¹Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción. ²Machine Learning Applied in Biomedicine (MLAB). ³Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío. CHILE.

* dmennickent@udec.cl.

Introducción: La diabetes gestacional (DG) es un estado de hiperglicemia que se diagnostica en el segundo o tercer trimestre del embarazo, sin embargo para ese entonces el fenotipo fetal ya está alterado. El diagnóstico de DG se realiza mediante una prueba de tolerancia a la glucosa oral (PTGO), con valores de glicemia post carga que varían según el criterio utilizado. Por lo tanto, es necesario desarrollar metodologías que permitan predecir esta patología de manera más temprana, cualquiera sea el criterio diagnóstico aplicado.

Objetivo: Desarrollar y evaluar un método que permita predecir el valor de glicemia post carga que se tendrá en el segundo trimestre del embarazo (2T) en base a datos de anamnesis y laboratorio del primer trimestre de gestación (1T).

Metodología: Se reclutaron embarazadas de 10-14 semanas de gestación en Concepción, Chile (n=66). En el 1T se registraron 63 parámetros maternos: 53 de anamnesis y 10 de laboratorio, entre ellos 8 marcadores de función tiroidea. En el 2T se realizó una PTGO, tras la que se registraron los valores de glicemia post carga (75 g, 2 h). Diferentes combinaciones de datos maternos fueron preprocesadas por auto escalado, y analizadas mediante la técnica de machine learning de regresión mínimos cuadrados parciales (PLS). El desempeño de cada modelo fue evaluado mediante su error relativo (RE) en calibración y validación cruzada.

Resultados: El modelo que considera los 63 parámetros maternos de anamnesis y laboratorio tiene un RE en validación cruzada (RE-CV) de 21.6%. La exclusión de los marcadores de función tiroidea reduce el RE-CV a 21.4%. Los 10 parámetros maternos que más contribuyen al poder predictivo de este modelo son: genotipo FTO rs9939609, síndrome HELLP en embarazo anterior, septicemia en embarazo anterior, efusión pleural en embarazo anterior, historia personal de asma, historia familiar de diabetes tipo 2, diabetes gestacional en embarazo anterior, historia familiar de hipertensión, glicemia en ayunas e historia familiar de hipertiroidismo. La selección de los 7 primeros parámetros permitió obtener un modelo de mejor desempeño, con un RE-CV de 20.7%. La correlación entre la glicemia post carga real y la predicha por este modelo en validación cruzada se asocia a un coeficiente de Spearman de 0.259 (IC 95%: 0.0110.477, p<0.05).

Conclusión: El método desarrollado permite predecir la glicemia post carga del 2T en el 1T con un moderado porcentaje de error. Esta estrategia podría permitir la predicción temprana de DG, bajo cualquier criterio diagnóstico.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica en seres humanos, expresados en la Declaración de Helsinki.

Financiado por ANID (PFCHA 21190736; FOVI 210057) y UdeC/MINEDUC (Proyecto UCO 1866).





N° 49

DIFERENCIAS EN EL PERFIL METABOLOMICO Y BIOQUIMICO DE PACIENTES CON TIROSINEMIA TIPO-1 BAJO TRATAMIENTO CON NITISINONA A CORTO, MEDIANO Y LARGO TIEMPO.

Fuenzalida K*, Leal-Witt MJ., Gudenschwager C., Acevedo A., Arias C., Guerrero P. y Cornejo V. Laboratorio de Enfermedades Genéticas y Metabólicas, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile. kfuenzalida@inta.uchile.cl

Introducción: Tirosinemia tipo 1 (HT-1) es un error innato del metabolismo causado por un defecto en la vía de degradación de la tirosina caracterizado por la acumulación de la tirosina y de metabolitos tóxicos como la succinilacetona (SA). El tratamiento de HT-1 consiste en una dieta restringida en tirosina y fenilalanina y en la administración oral de nitisinona (NTBC), un herbicida y fuerte inhibidor de la enzima 4-hidroxi-fenilpiruvato deshidrogenasa. En nuestro centro, los pacientes con HT-1 son monitoreados en forma trimestral a nivel clínico, nutricional y bioquímico. Dado que nuestro grupo de pacientes es heterogéneo en relación al tiempo de uso de NTBC (1-20 años) y, que hasta la fecha se desconocen los efectos a largo plazo de NTBC, nos propusimos como objetivo evaluar el efecto de la exposición a NTBC en corto, mediano y largo plazo sobre el perfil metabólico y bioquímico en pacientes con HT-1.

Metodología: Analizamos retrospectivamente parámetros metabólicos (perfil de acilcarnitinas y aminoácidos-PAC) farmacológicos (niveles de NTBC), bioquímicos y hepáticos (niveles de SA, alfa-fetoproteína, transaminasas, bilirrubina, tiempo de protrombina, INR, fosfatasa alcalina) en 43 muestras de 15 pacientes con HT-1 durante un año de seguimiento (4 controles). Se realizó un análisis multivariado y de correlación de cada parámetro con el tiempo de exposición a NTBC (en años). Se usó Lenguaje R y JMP software para análisis estadísticos.

Resultados: Se logró diferenciar las variables que comparten características similares con la variable tiempo de exposición de NTBC (SA, bilirrubina, niveles de tirosina, fenilalanina, citrulina, tiempo de protrombina y acilcarnitina C3, C16 y C18). Por análisis de asociación encontramos una correlación positiva entre el tiempo de exposición a NTBC con acilcarnitina C3 y C16, concentración plasmática de tirosina y citrulina, y una correlación negativa con niveles de alfa-fetoproteína y aspartato aminotransferasa (Spearman $p < 0,001$).

Conclusiones: Usando un set limitado de variables metabólicas y bioquímicas fue posible agrupar ciertas variables con el tiempo de exposición a NTBC. Algunas acilcarnitinas (C16 y C3) que se han relacionado con el desarrollo de complicaciones cardiovasculares se observaron aumentadas en pacientes bajo tratamiento con NTBC sobre los 5 años. El PAC podría ser de utilidad para analizar el estado metabólico de sujetos que padecen enfermedades crónicas e identificar posibles factores de riesgo.

Este estudio cumple con los principios éticos para la investigación médica con sujetos humanos, de acuerdo con la Declaración de Helsinki. Estudio financiado por CINUT- Universidad de Chile



TRABAJOS LIBRES DESTACADOS: PREMIACION

MEJOR TRABAJO LIBRE

GRUPO N° 6: ONCOLOGIA

MODALIDAD: PRESENTACION ORAL N° 19

PREMIO: SOCIEDAD CHILENA DE QUÍMICA CLÍNICA

Universidad de Concepción **N° 19** Facultad de Farmacia

IDENTIFICACIÓN DE BIOMARCADORES METABÓLICOS ASOCIADOS A QUIMIORRESISTENCIA EN CÉLULAS DE CÁNCER DE OVARIO MEDIANTE METABOLÓMICA.

Alarcón-Zapata P.¹, Pérez AJ.², Contreras H.¹, Toledo K.¹, Tapia K.³, Valenzuela F.³, Cordonier M.¹, Acevedo M.¹, Nova-Lamperti E.¹, Ormazabal V.³, Zúñiga F.¹.

¹Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. ²Plant Metabolomics Lab. Departamento de Análisis Instrumental. Facultad de Farmacia. ³Departamento Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. CHILE. fzuniga@udec.cl

CONGRESO CHILENO QUÍMICA CLÍNICA Y CIENCIAS DEL LABORATORIO 18 Y 19 DE AGOSTO 2022 HOTEL INTERCONTINENTAL LAS CRUCES - SANTIAGO - CHILE

ifcc SOCIEDAD CHILENA DE QUÍMICA CLÍNICA COLABIOCLI

Universidad de Concepción **INTRODUCCIÓN** **CÁNCER DE OVARIO** CONGRESO CHILENO QUÍMICA CLÍNICA Y CIENCIAS DEL LABORATORIO 18 Y 19 DE AGOSTO 2022

Es la quinta causa de muerte por cáncer del mundo en mujeres.

Segunda causa con mayor número de muertes de las neoplasias malignas ginecológicas.

60 – 65% DE LAS MUJERES CON CÁNCER DE OVARIO VAN A FALLECER A LOS 5 AÑOS

Luvero, D., y col. Crit. Rev. Oncol. Hematol. (2019)
Kim, H. J. & Ledger, W. Womens Health (Lond) (2016)

Las pacientes tratadas con quimioterapia recaen a los 15 meses del tratamiento.

El 90 % de las pacientes mueren a los 10 años post tratamiento.

Quimiorresistencia

Falta biomarcadores de quimiorresistencia

SOCIEDAD CHILENA DE QUÍMICA CLÍNICA

Rattanapan, T. C. Genetics and Molecular Research (2019).
Prat, J. Gynecol Oncol (2015)
Han, C. Y., y col. Genes Cancer (2018)

I Localizado en los ovarios.

II Diseminación en trompas de Falopio, útero y borde pélvico.

III Diseminación fuera de la pelvis, abdomen, ganglios linfáticos.

IV Metástasis en áreas distantes como hígado y bazo.



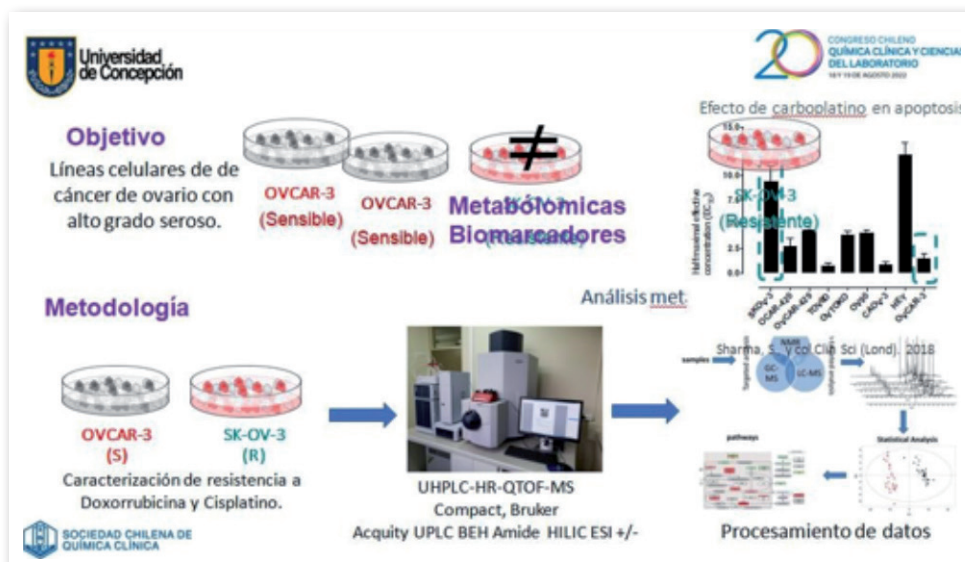
TRABAJOS LIBRES DESTACADOS: PREMIACION

MEJOR TRABAJO LIBRE

GRUPO N° 6: ONCOLOGIA

MODALIDAD: PRESENTACION ORAL N° 19

PREMIO: SOCIEDAD CHILENA DE QUIMICA CLINICA



TRABAJOS LIBRES DESTACADOS: PREMIACION

MEJOR TRABAJO LIBRE

GRUPO N° 6: ONCOLOGIA

MODALIDAD: PRESENTACION ORAL N° 19

PREMIO: SOCIEDAD CHILENA DE QUIMICA CLINICA





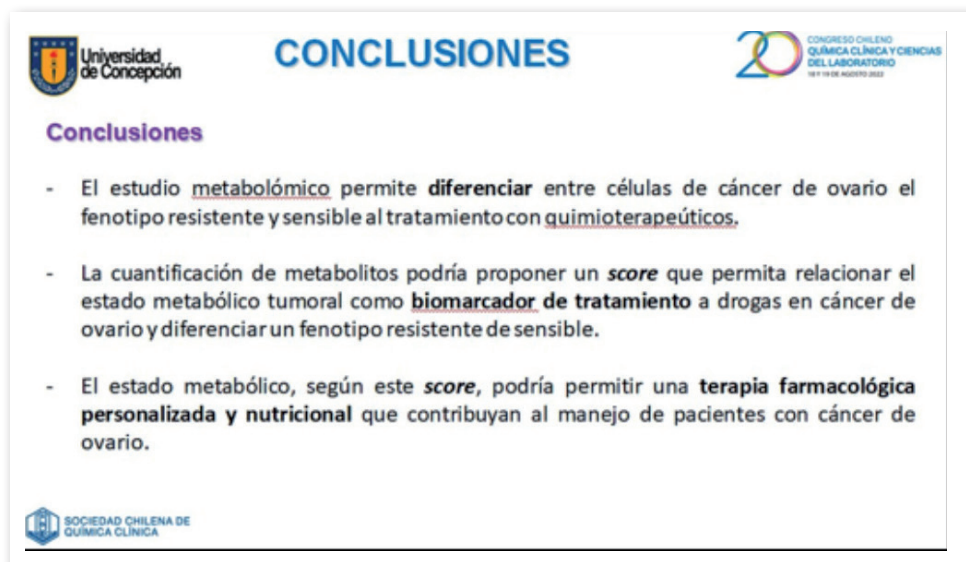
TRABAJOS LIBRES DESTACADOS: PREMIACION

MEJOR TRABAJO LIBRE

GRUPO N° 6: ONCOLOGIA

MODALIDAD: PRESENTACION ORAL N° 19

PREMIO: SOCIEDAD CHILENA DE QUIMICA CLINICA





TRABAJOS LIBRES DESTACADOS: PREMIACION

MEJOR TRABAJO LIBRE

GRUPO N° 6: ONCOLOGIA

MODALIDAD: PRESENTACION ORAL N° 19

PREMIO: SOCIEDAD CHILENA DE QUIMICA CLINICA



AGRADECIMIENTOS

FINANCIAMIENTO

Agradecimientos

- BIOTERLAB
- Doctorado en Ciencias y Tecnología Analítica, UdeC.
- Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, UdeC.
- Departamento de Análisis Instrumental, Facultad de Farmacia, UdeC.



Financiamiento

- ANID Doctorado Nacional Folio 21201654.
- Proyecto FONDECYT 1170809.
- Fondecuip-EQM-170023.





TRABAJOS LIBRES DESTACADOS: PREMIACION

MEJOR TRABAJO LIBRE

GRUPO N° 3: ENFERMEDADES CRONICAS NO TRANSMISIBLES

MODALIDAD: E - POSTER N° 49

PREMIO: ASOCIACION PERUANA DE GESTION DE CALIDAD enLABORATOIRO CLINICO

ASPEGC



UNIVERSIDAD DE CHILE
Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos
Doctor Fernando Macchabert Barros

Póster N° 49

DIFERENCIAS EN EL PERFIL METABOLOMICO Y BIOQUIMICO DE PACIENTES CON TIROSINEMIA TIPO-1 BAJO TRATAMIENTO CON NITISINONA A CORTO, MEDIANO Y LARGO TIEMPO

Fuenzalida K*, Leal-Witt MJ., Gudenschwager C., Acevedo A., Arias C.,
Guerrero P. y Cornejo V.

Laboratorio de Genética y Enfermedades Metabólicas. Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas; Laboratorio de Investigación en Nutrición y Actividad Física. Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile

Introducción

Tirosinemia tipo 1 (HT-1) es un error innato del metabolismo causado por un defecto en la vía de degradación de la tirosina caracterizado por la acumulación de la tirosina y de metabolitos tóxicos como la succinilacetona (SA). El tratamiento de HT-1 consiste en una dieta restringida en tirosina y fenilalanina y en la administración oral de nitisinona (NTBC), un herbicida y fuerte inhibidor de la enzima 4-hidroxi-fenilpiruvato deshidrogenasa. En nuestro centro, los pacientes con HT-1 son monitoreados en forma trimestral a nivel clínico, nutricional y bioquímico. Este trabajo cumple Declaración de Helsinki y/o Comisión de Ética

Objetivo

Dado que nuestro grupo de pacientes es heterogéneo en relación al tiempo de uso de NTBC (1-20 años) y, que hasta la fecha se desconocen los efectos a largo plazo de NTBC, nos propusimos como objetivo *evaluar el efecto de la exposición a NTBC en corto, mediano y largo plazo sobre el perfil metabolómico y bioquímico en pacientes con HT-1.*

Metodología

15 Pacientes Tirosinemia
Tipo-1

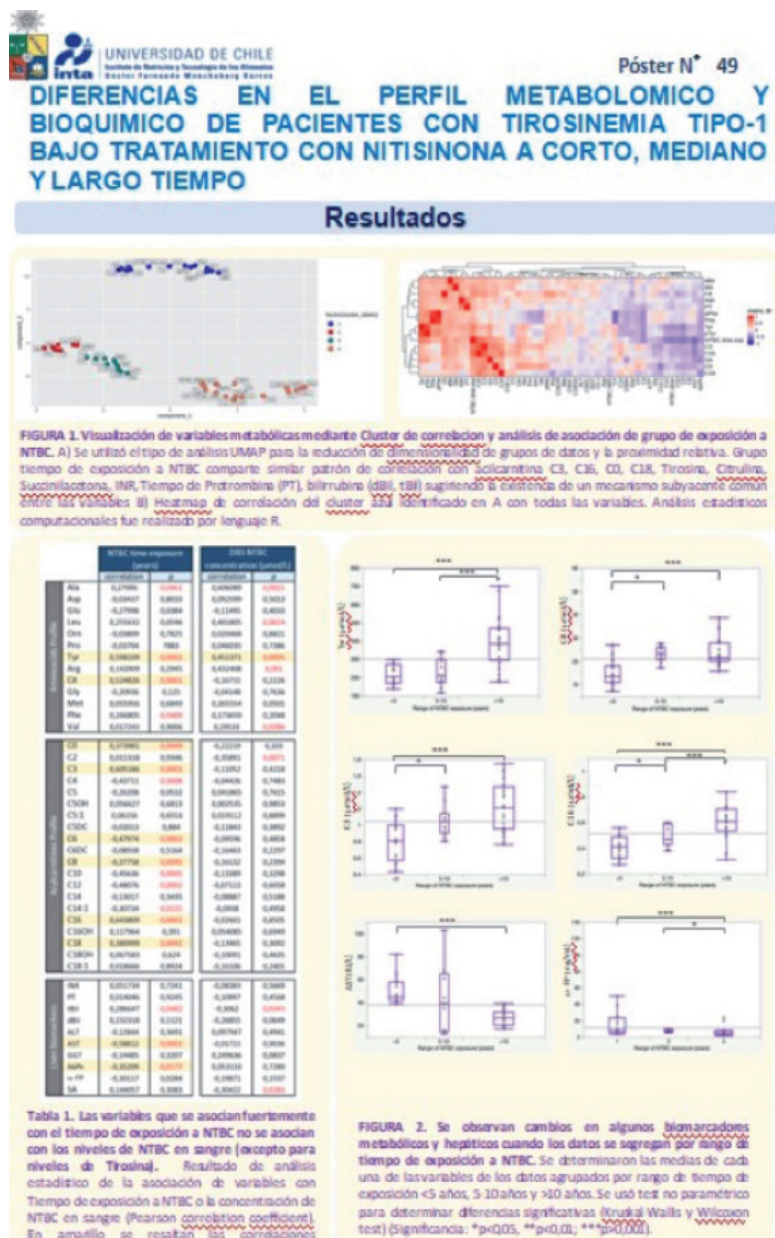


Nº de pacientes acorde al tiempo de exposición a NTBC

Corto (< 5 years) = 5
Mediano (5-10 years) = 3
Largo (> 10 years) = 7

- Un año de seguimiento en INTA (2019-2020)
- Controles clínicos y bioquímicos semestrales
- Análisis de asociación multivariado y estudios de correlación con del tiempo de exposición a NTBC fueron realizadas por método R (R core Team, 2020) y JMP (JMP statistical Discovery LLC Software)

Dataset: Se registraron 43 variables metabólicas (perfil de AA, AC y ácidos lipídicos) durante cada control médico-nutricional (cuatro veces/año) y se analizaron como datos independientes

ASPEGC



TRABAJOS LIBRES DESTACADOS: PREMIACION

MEJOR TRABAJO LIBRE

GRUPO N° 3: ENFERMEDADES CRONICAS NO TRANSMISIBLES

MODALIDAD: E - POSTER N° 49

PREMIO: ASOCIACION PERUANA DE GESTION DE CALIDAD enLABORATOIRO CLINICO

ASPEGC



Póster N° 49

DIFERENCIAS EN EL PERFIL METABOLOMICO Y BIOQUIMICO DE PACIENTES CON TIROSINEMIA TIPO-1 BAJO TRATAMIENTO CON NITISINONA A CORTO, MEDIANO Y LARGO TIEMPO

Conclusiones

Usando un set limitado de variables metabólicas y bioquímicas fue posible agrupar ciertas variables con el tiempo de exposición a NTBC. Algunas acilcarnitinas (C16 y C3) que se han relacionado con el desarrollo de complicaciones cardiovasculares se observaron aumentadas en pacientes bajo tratamiento con NTBC sobre los 5 años. El PAC podría ser de utilidad para analizar el estado metabólico de sujetos que padecen enfermedades crónicas e identificar posibles factores de riesgo.

Agradecimientos y Financiamiento

Se agradece la participación a cada uno de los pacientes y su familia, así como al equipo clínico y de laboratorio del Laboratorio de Enfermedades Metabólicas del INTA que participó de este estudio. También al Hospital Calvo Mackenna por su asistencia. Este estudio fue financiado por el Laboratorio de Enfermedades Metabólicas del INTA y la Cooperación de apoyo a la Investigación científica en Nutrición (CINUT)

Bibliografía

- 1.- Fuenzalida, K.; Leal-Witt, M.J.; Guerrero, P.; Hamilton, V.; Salazar, M.F.; Pedraza, F.; Arias, C.; Cornejo, V. NTBC Treatment Monitoring in Chilean Patients with Tyrosinemia Type 1 and Its Association with Biochemical Parameters and Liver Biomarkers. J. Clin. Med. 2021, 10, 5832. <https://doi.org/10.3390/jcm10245832>
- 2.- van Ginkel, W.G.; Boedberg, I.L.; Harding, C.O.; Hollak, C.E.M.; Heiner-Fokkema, M.R.; van Soromen, F.J. Long-Term Outcomes and Practical Considerations in the Pharmacological Management of Tyrosinemia Type 1. Pediatr. Drugs 2019, 21, 413-426
- 3.- Quirky, J.M.; Singh, R.; Fickling, C.; Van Kamelen, C.D.; Gronse, M.; Mitchell, G.; Wahlberg, S.E.; Gurayir-Calkoglu, M.; Wasserstein, M.P.; Coakley, K.; et al. Diagnosis and treatment of tyrosinemia type I: A US and Canadian consensus group review and recommendations. Genet. Med. 2017, 19, 1380.



CONGRESO CHILENO QUÍMICA CLÍNICA Y CIENCIAS DEL LABORATORIO

PATROCINADORES - AUSPICIADORES - COLABORADORES

AUSPICIADORES A



AUSPICIADORES B



COLABORADORES

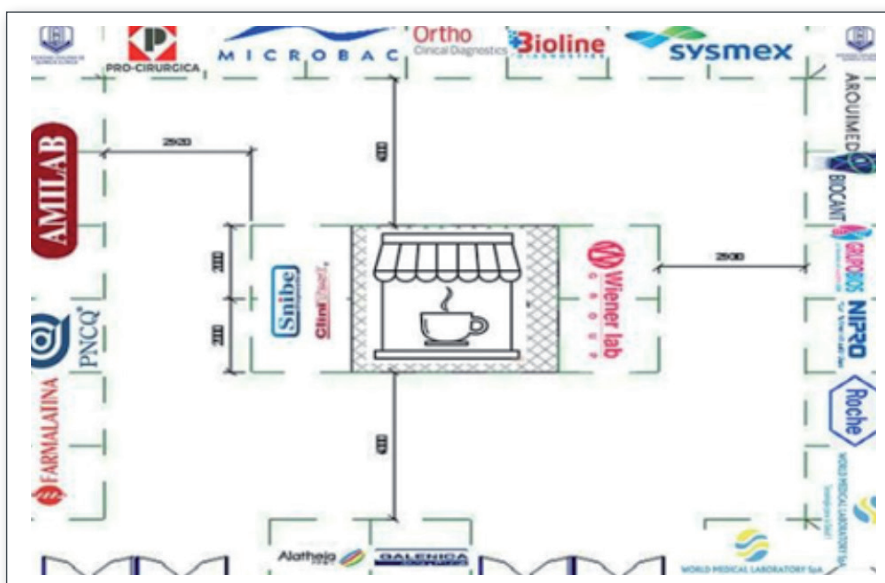


PATROCINADORES





EXPOLAB





ACTA DE CLAUSURA

La Directiva de la Sociedad Chilena de Química Clínica - Comité Organizador - Comité Científico; concentraron sus esfuerzos, sorteando una serie de inconvenientes, a fin de aunar esfuerzos y voluntades en pro de la concreción de este Congreso.

Se procedió a la Inauguración del Evento, con el saludo de Bienvenida de la Presidenta de la Sociedad Chilena de Química Clínica Dra. Angélica Lagos V. y la Conferencia Inaugural del destacado Investigador Nacional Profesor Titular y Director del Millennium Institute Immunology and Immunotherapy, de la Facultad de Ciencias Biológicas, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Dr. BQ. Alexis Kalergis: "La gesta científica responsable de las vacunas para COVID - 19"

Se matizó esta Ceremonia Inaugural con la participación del Grupo Folklórico Antumapu que deleitó a los asistentes con la puesta en escena de tradicionales bailes folklóricos característicos de diferentes regiones de nuestro país.

Por su parte, el Comité Científico del 20avo Congreso, definió para esta oportunidad; que dicho Evento, se centrara en el abordaje de Ocho Ejes Temáticos de actualidad a nuestro quehacer profesional armonizándolos con temas innovadores, los cuales insoslayablemente marcaran nuestro futuro. Estos Ejes, dada la trascendencia de los mismos, se destacan a continuación:

- Enfermedades Infecciosas
- Calidad y Seguridad del Paciente
- Inmunología, Oncología e Investigación en Biología Molecular.
- Gestión del Riesgo - Bioseguridad.
- Inteligencia Artificial - Big Data. Data Science. • Enfermedades Crónicas No Transmisibles
- Alteraciones Metabólicas - Pesquisa Neonatal • Estilos de Vida y Envejecimiento Saludable.

Estos temas fueron abordados, desarrollados in extenso, por 32 destacados profesionales conferencistas del ámbito de las Ciencias del Laboratorio Clínico, tanto nacionales como internacionales, estos últimos provenientes de Colombia, España, Perú y Bolivia. Dicha participación se concretó a través de 10 Conferencias Plenarias, mas 8 Simposios; en cada una de estas salas se pudo constatar la concurrida y participativa presencia de profesionales asistentes.

Previo a las actividades propias del Congreso; se desarrollaron dos Curso Pre Congreso, los cuales tuvieron una asistencia masiva de alumnos-profesionales participantes:

- Diagnóstico de Laboratorio en Enfermedades Autoinmunes.
- Validación / Verificación / Evaluación de Métodos Cualitativos

La Industria Diagnóstica también marco presencia en este Encuentro a través de 29 Stand, algunos de ellos, además, aportaron con ponencias de profesionales expertos en su área, tanto nacionales como extranjeros; en 4 prestigiosos Workshops.





ACTA DE CLAUSURA

Como corolario a esta Jornada Científica; se reunieron destacados investigadores tanto de la Academia como del área Asistencial Pública y Privada; quienes nos hicieron participe de sus respectivas experiencias investigativas a través de la presentación de 49 Trabajos Libres; se escogieron 12 para presentación oral y 37 para presentación de E-Poster. Asimismo, el Comité Científico procedió a agruparlos en 7 temas que les eran afines, facilitando de esta manera su posterior presentación y evaluación. Estos se concentraron en 7 Grupos:

- Grupo N° 1: Estandarización de nuevas Metodologías para el Laboratorio Clínico.
- Grupo N° 2: Microbiología Clínica.
- Grupo N° 3: Enfermedades Crónicas No Transmisibles.
- Grupo N° 4: COVID - 19.
- Grupo N° 5: Hematología e Inmunología.
- Grupo N° 6: Oncología.
- Grupo N° 7: Inteligencia Artificial.

Se procedió a destacar de manera sobresaliente, a través de Premios previamente establecidos; el Mejor Trabajo Libre Presentación Oral (Sociedad Chilena de Química Clínica), y al Mejor E - Poster (Asociación Peruana de Gestión de Calidad). En ambas Categorías además se subrayaron 2 Menciones Honrosas.

Esta selección se llevo a cabo de manera objetiva, a través de herramientas previamente confeccionadas (Pautas / Rubrica): tanto para la selección de los trabajos que irían en modo de presentación oral o poster y posteriormente se aplicó la rúbrica correspondiente para la evaluación de la totalidad de los trabajos libres que se presentaron en ambas modalidades durante los días del congreso.





ACTA DE CLAUSURA

Finalmente y habiendo realizado la tabulación correspondiente, se decide lo siguiente:

• **Mejor Trabajo Libre Modalidad Presentación Oral: Trabajo N° 19: Grupo N° 6: Oncología**

“Identificación de Biomarcadores metabólicos asociados a quimioresistencia en células de Cáncer de Ovario mediante Metabolómica”.

Alarcón-Zapata P et al. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. Chile.

• **Menciones Honrosas : Modalidad Presentación Oral:**

1era. Mención: Trabajo N° 2: Grupo N° 5 Hematología – Inmunología.

“Análisis de la transferencia mitocondrial artificial desde línea celular HSC3 hacia Linfocitos T CD4+; como mecanismo impulsor de un fenotipo exhausto”.

*Antilef B. et al. Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología,
Facultad de Farmacia Universidad de Concepción. Chile*

2da. Mención: Trabajo N° 30: Grupo N° 3: Enfermedades Crónicas No transmisibles.

“Efecto de vesículas extracelulares obtenidas de cordón umbilical de embarazos con Diabetes Mellitus gestacional, en la regulación metabólica de células adiposas”.

Tapia k. et al Departamento Bioquímica Clínica e Inmunología. Facultad de Farmacia Universidad de Concepción. Chile

• **Mejor Trabajo Libre Modalidad: E - Poster:**

Trabajo N° 49: Grupo N° 3: Enfermedades Crónicas no transmisibles.

“Diferencias en el perfil metabolómico y bioquímico de pacientes con tirosinemia tipo-1 bajo tratamiento con nitisinona a corto, mediano y largo tiempo”.

Fuenzalida K. et al
Laboratorio de Enfermedades Genéticas y Metabólicas.
Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile.*

• **Menciones Honrosas : Modalidad E - Poster:**

1era. Mención: Trabajo N° 46: Grupo N° 4 COVID – 19.

“Análisis y Visualización de datos COVID-19 del 1er Trimestre del año 2022 de la población beneficiaria de la Corporación Municipal de Viña del Mar utilizando las herramientas Microsoft Excel, Stata y Google data Studio”.

Gómez VI., Hernández JS. Corporación Municipal de Viña del Mar, Viña del Mar, Chile.





ACTA DE CLAUSURA

2da. Mención: Trabajo N° 33: Grupo N° 4 COVID - 19.

"Características clínico-demográficas de pacientes con covid-19 del hospital metropolitano durante la primera ola pandémica en Chile".

Rojo M. et al.

Hospital Metropolitano (SSMO).

Escuela Salud Pública. Universidad de Chile.

Se otorgó el Patrocinio, a esta actividad; de 10 destacadas Organizaciones; como son filiales Internacionales, Gubernamentales, Sociedades Médicas, Sociedades Científicas, Colegios Profesionales, Universidades, entre otros.

Finalmente, cabe destacar que el XX Congreso de la Sociedad Chilena de Química Clínica culminó en un ambiente grato de estimulante camaradería profesional, destacándose la activa y destacada participación de Profesionales del ámbito de las Ciencias del Laboratorio Clínico, venidos de todo Chile y del extranjero; que en número aproximado fueron del orden de 280 participantes. Nos destacaron, con su presencia, colegas provenientes de Perú, Bolivia, Panamá, Brasil y Argentina.

Nuestros más sinceros agradecimientos a todos y cada uno de quienes hicieron posible este magno Evento Científico.

Nos vemos en un par de años más.

Directorio

Comité Organizador

Comité Científico

XX CONGRESO

SOCIEDAD CHILENA DE QUÍMICA CLÍNICA

Agosto 2022.



CONGRESO CHILENO
QUÍMICA CLÍNICA Y CIENCIAS
DEL LABORATORIO
CENTRO DE CONVENCIONES / HOTEL INTERCONTINENTAL
SANTIAGO - CHILE



