

Abstracts

ID: ZZ1

TEMA: Hiperpotasemia en enfermedad renal crónica en personas con diabetes mellitus

NOMBRE: Kenny Ellian Cantos Murillo

CORREO: kennyellian04@gmail.com

TELÉFONO: +593990465230

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: JIPIJAPA

INSTITUCIÓN: Universidad Estatal del Sur de Manabí

ESPECIALIDAD: Bioquímica

Introducción: La hiperpotasemia es un trastorno electrolítico que se caracteriza por el aumento de concentraciones séricas de potasio por encima de 5,0 mmol/L, en pacientes con enfermedad renal crónica, al capacidad de excreción de potasio se encuentra reducida de manera progresiva, favoreciendo la retención de este ion, adquiere mayor relevancia clínica en personas con diabetes mellitus. En países latinoamericanos, el limitado acceso a un diagnóstico temprano de enfermedad renal crónica, un control glucémico insuficiente y las barreras a un tratamiento oportuno sobre el deterioro progresivo de la función renal. **Objetivo:** Analizar la relación entre hiperpotasemia en la enfermedad renal crónica con las personas diabéticas.

Método: La investigación se trató de un meta-análisis, con enfoque cualitativo. Se realizó una búsqueda en las bases de datos: PubMed, Dialnet, Google Scholar y SciElo. Se siguió el protocolo para revisiones sistemáticas y meta-análisis PRISMA, los datos recabados se importaron al programa Jamovi versión 2.3.28., para los análisis estadísticos correspondientes a este tipo de investigación.

Resultado: Se meta-analizaron un total de $k=14$ estudios que expresaron relaciones entre las variables estudiadas, la prueba Q, presentaron resultados homogéneos ($Q=0,27$, $p=1$, $t^2=0,00$, $I^2=0\%$), mientras que la revisión de heterogeneidad de Egger's Regression mostró valores de $p=0,730$.

Conclusión: La hiperpotasemia demostró tener relación en los casos de fallo renal en personas diabéticas, evidenciado la importancia de un seguimiento bioquímico completo en personas con enfermedades crónicas, además de, que se tiene que evaluar la interacción entre patologías que provoquen un desenlace desfavorable, por último, se debe impulsar mejoras en la atención primaria, logrando evitar la progresión y complicación de la diabetes mellitus en adultos.

Palabras clave: Bioquímica, cuidados, electrolitos, glucosa, riñón.

FECHA: 2026-05-26 00:09:29.820

ID: ZZ2

TEMA: DESENTRAÑANDO LA DINÁMICA DE LA FOSFORILACIÓN DE LA SER126 EN LA PAXILINA: UN ENFOQUE EN LA ACTIVIDAD DE LAS FOSFATASAS

NOMBRE: Fernanda Pérez Santamaría

CORREO: feperezs93@gmail.com

TELÉFONO: 963988486

PAÍS: Hungría

CIUDAD: Debrecen

INSTITUCIÓN: Universidad de Debrecen

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

Introducción:

La paxilina es una proteína adaptadora de adhesión focal que regula la adhesión y migración celular mediante interacciones con la matriz extracelular y el citoesqueleto. Su actividad depende de mecanismos de fosforilación reversible que influyen en procesos endoteliales como la angiogénesis y la permeabilidad vascular. La proteína contiene motifs LD, dominios LIM, regiones ricas en prolina y múltiples sitios de fosforilación regulados por quinasas como Src, FAK y PKC. La alteración de estos mecanismos se ha asociado con cáncer y otras enfermedades relacionadas con defectos en la adhesión y motilidad celular.

Objetivos:

Este estudio evaluó la fosforilación reversible de la paxilina en la serina 126 (Ser126) en células endoteliales de arteria pulmonar bovina (BPAECs), con el objetivo de identificar la fosfatasa responsable de su desfosforilación, un mecanismo aún no descrito.

Métodos:

Se generó una proteína recombinante de paxilina fusionada a GST y se realizaron ensayos de quinasa in vitro utilizando PKC purificada para analizar la fosforilación en Ser126. En células endoteliales se emplearon activadores de quinasas e inhibidores específicos de fosfatasas, seguidos de análisis por western blot con un anticuerpo específico para paxilina fosforilada en Ser126. Además, mediante mutagénesis dirigida se construyeron variantes de paxilina fosfonula (S126A) y fosfomimética (S126D), las cuales fueron transfectadas en células endoteliales para estudiar la localización subcelular de la proteína.

Resultados y conclusiones:

La paxilina recombinante fue fosforilada por PKC in vitro y el PMA, activador de PKC, indujo la fosforilación de Ser126 en células endoteliales. El uso de inhibidores de fosfatasas permitió

identificar a la calcineurina como reguladora de la desfosforilación de este residuo. Asimismo, se observó que la fosforilación de Ser126 favorece la localización de la paxilina en adhesiones focales. Estos resultados describen un mecanismo dinámico de regulación de la paxilina en células endoteliales y destacan la importancia de la fosforilación de Ser126 en la organización de adhesiones focales y en la señalización celular.

FECHA: 2026-05-26 13:20:19.874

ID: ZZ3

TEMA: Daño en el ADN en muestras sanguíneas de estudiantes de la carrera artes plásticas de entre 22 a 26 años, pertenecientes a la Universidad Central del Ecuador ubicada en Quito, Pichincha

COAUTORES: Camila Acosta (Universidad Central del Ecuador); Ana Poveda (Universidad Central del Ecuador)

NOMBRE: Douglas Edwards Torres Ushiña

CORREO: douglastorresbiologo@gmail.com

TELÉFONO: 998192772

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Central del Ecuador

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

Introducción:

En el ejercicio cotidiano de sus expresiones artísticas, ya sea a través de la escultura, el grabado o la cerámica, los estudiantes de artes plásticas se ven expuestos constantemente a mezclas químicas peligrosas que podrían incidir negativamente en su salud.

Objetivo:

En respuesta a esta inquietud, el presente trabajo de investigación busca evaluar e identificar daños estructurales en el material genético, que sugieren un deterioro temprano en la salud.

Metodología:

Para este fin, se tomaron muestras sanguíneas de estudiantes de últimos semestres de la carrera de artes plásticas con mínimo un año de especialización en uno de los talleres de grabado, escultura o cerámica (n=25) y de estudiantes no artistas (n=16). Ambos grupos estuvieron conformados por estudiantes jóvenes de edades comprendidas entre los 22 y 26 años, caracterizados por la ausencia de hábitos tabáquicos, tratamiento farmacológico y exentos de enfermedades sistémicas graves. El daño estructural del ADN se evaluó mediante el ensayo cometa en linfocitos aislados. Dicho método, se usa ampliamente en contextos de exposiciones ocupacionales. Los parámetros

evaluados fueron la longitud de la cola, porcentaje de ADN en la cola y el momento de la cola del cometa a través del software de análisis de imágenes (Comet score 2.0).

Resultados:

Los resultados señalan la existencia de un daño en el ADN significativamente mayor en los estudiantes de la carrera de artes plásticas con respecto al grupo control. Así también, los estudiantes especializados en grabado y escultura presentaron un mayor daño en el ADN que aquellos especializados en cerámica.

Conclusiones:

Los resultados evidencian un mayor daño en el ADN en estudiantes de artes plásticas en comparación con el grupo control, lo que es consistente con la evaluación de riesgo laborales llevada a cabo con anterioridad, y sugiere posibles afecciones a la salud asociados a la exposición a materiales utilizados en las actividades artísticas. Además, los estudiantes de grabado y escultura mostraron mayores niveles de daño genético que los de cerámica, posiblemente debido a la exposición a mezclas complejas de contaminantes.

Palabras clave:

Daño en el ADN, Exposición ocupacional, Mezclas químicas, Ensayo cometa, Artes plásticas

FECHA: 2026-05-28 00:17:56.534

ID: ZZ4

TEMA: Eficacia del sistema CRISPR-Cas9 en el abordaje de la farmacorresistencia bacteriana.
Revisión Sistemática

COAUTORES: Dayanara Isabel Gómez Chamba (Universidad Nacional de Loja); Alicia Silvana Villavicencio Obando (Universidad Nacional de Loja)

NOMBRE: Dayanara Isabel Gómez Chamba

CORREO: dayanara.gomez@unl.edu.ec

TELÉFONO: +593 993239378

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Loja

INSTITUCIÓN: Universidad Nacional de Loja

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

Introducción. El sistema CRISPR-Cas9 es una herramienta de edición genómica que permite modificar el ADN mediante el reconocimiento y corte de secuencias específicas. La resistencia antimicrobiana representa una grave amenaza para la salud pública; en Ecuador, se han reportado casos preocupantes de bacterias resistentes a antibióticos comúnmente utilizados. CRISPR-Cas9

podría revertir esta resistencia eliminando o inactivando los genes responsables, restaurando así la susceptibilidad de las bacterias a los antibióticos. Objetivo. Este estudio tiene como finalidad revisar la aplicación de CRISPR-Cas9 en bacterias farmacorresistentes, detallando las bacterias más susceptibles, los mecanismos genéticos modificados, la aplicabilidad clínica, la eficacia y los desafíos de implementación. Materiales y métodos. Se realizó una revisión sistemática que incluyó 17 estudios cuasi-experimentales obtenidos de las bases de datos PubMed y Scopus en el período 2014-2024, evaluados con la herramienta JBI, demostrando un bajo riesgo de sesgo. Resultados. Escherichia coli se identificó como la bacteria más susceptible a la edición genética mediante CRISPR-Cas9, representando el 50% de los casos. Los investigadores detallaron los mecanismos genéticos modificados, destacando el plásmido portador de mcr-1, responsable de la resistencia a colistina, con un 18,8%. Finalmente, al evaluar la eficacia de CRISPR-Cas9 comparando la concentración mínima inhibitoria antes y después de la edición genómica, el sistema CRISPR-Cas9 demostró ser eficaz en la reversión de la farmacorresistencia en bacterias, reduciendo significativamente la concentración mínima inhibitoria tras la aplicación de esta técnica. Conclusiones. Los estudios han demostrado la eficacia del sistema CRISPR-Cas9, mostrando resultados prometedores para su aplicación en bacterias farmacorresistentes.

Palabras Clave - CRISPR-Cas9, farmacorresistencia, antibiótico, edición del genoma, bacterias.

FECHA: 2026-05-28 10:08:15.119

ID: ZZ5

TEMA: EVOLUCIÓN CLÍNICA Y RESPUESTA TEMPRANA AL TRATAMIENTO DE INDUCCIÓN EN UN PACIENTE PEDIÁTRICO CON LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA PRE-B CON REORDENAMIENTOS BCR-ABL1 Y ETV6-RUNX1.

COAUTORES: Marcos Di Stefano (Colegio Ciencias de la Salud (COCSA), USFQ); Beatriz Luna (Colegio Ciencias de la Salud (COCSA), USFQ); Betty Vega (Hospital SOLCA Núcleo de Quito); Galo Granda (Hospital SOLCA Núcleo de Quito); Jossue Ramirez (Hospital SOLCA Núcleo de Quito); Claudia Arias (Hospital SOLCA Núcleo de Quito); Dylan Ron (Hospital SOLCA Núcleo de Quito); Damian Calero (Hospital SOLCA Núcleo de Quito)

NOMBRE: Oscar Ramos

CORREO: ramososcar915@gmail.com

TELÉFONO: 963277935

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Hospital de SOLCA Núcle de Quito

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

Introducción: La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es la neoplasia hematológica más frecuente en la infancia. La caracterización molecular y la monitorización de la enfermedad residual mínima (ERM) son fundamentales para la estratificación del riesgo y la selección terapéutica.

Objetivo: Describir las características clínicas, inmunofenotípicas y moleculares, así como la evolución y respuesta al tratamiento de un paciente pediátrico con LLA de células B pre-B.

Métodos: Reporte de caso basado en la revisión de datos clínicos, estudios hematológicos, citometría de flujo, citogenética, análisis molecular, evaluación de ERM y seguimiento hospitalario.

Resultados: Niño de 4 años con fiebre, fatiga e hiporexia de un mes de evolución. Presentó hiperleucocitosis (121.430/ μ L) y 94 % de blastos en médula ósea. La citometría confirmó LLA de células B pre-B común. Los estudios moleculares identificaron t(12;21), un transcrito BCR-ABL1 de bajo nivel asociado a t(9;22) y una variante en ASXL1 (c.3814C>A). Recibió tratamiento con protocolo Total XV modificado, terapia intratecal e imatinib. Durante la inducción presentó neutropenia febril, bacteriemia por *Escherichia coli* productora de BLEE y colitis neutropénica, con evolución favorable tras tratamiento antimicrobiano y soporte transfusional. La ERM se negativizó tempranamente.

Conclusión: La coexistencia de t(12;21), BCR-ABL1 de bajo nivel y mutación en ASXL1 constituye una combinación infrecuente en la LLA pediátrica. La caracterización molecular integral permitió implementar una terapia dirigida y lograr una respuesta temprana favorable, destacando la importancia de la estratificación genómica en casos biológicamente complejos.

FECHA: 2026-05-31 16:14:04.369

ID: ZZ6

TEMA: Especialización transcripcional de células endoteliales linfáticas. Identidades específicas de tejido asociadas al nicho premetastásico

COAUTORES: David Olmeda (Instituto de Investigaciones Biomedicas Sols Morreale)

NOMBRE: Denisse Naomi Niles Cholango

CORREO: denisse.niles@gmail.com

TELÉFONO: +593979352575

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Instituto de Investigaciones Biomedicas Sols Morreale

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

INTRODUCCIÓN

La metástasis representa la principal causa de muerte por cáncer. Tradicionalmente, las células endoteliales linfáticas (LEC) se consideraban conductos pasivos para el flujo inmunitario.

Evidencia emergente sugiere que las LEC contribuyen activamente a la formación de nichos premetastásicos, creando microambientes dinámicos que favorecen la colonización de células tumorales en órganos específicos.

OBJETIVOS

Caracterizar la especialización transcripcional y funcional de las LEC de órganos con alta susceptibilidad metastásica (pulmón y ganglio linfático) y compararlas con las LEC de un órgano relativamente resistente a la metástasis (intestino)

METODOLOGÍA

- Fuente de datos: Análisis de transcriptómica unicelular de 66.623 células vasculares de 19 tejidos y 62 donantes del Human Vascular Cell Atlas.
- Identificación de genes diferencialmente expresados: FindMarkers Seurat (expresión en $\geq 25\%$ de las células, $\log \text{ fold-change} > 0.59$, $\text{adj. } p < 0.05$).
- Enriquecimiento funcional: clusterProfiler y enrichR ($\text{adj. } p < 0.05$)
- Enriquecimiento de conjuntos génicos a nivel de célula única: AUCell
- Para la validación experimental, se aislaron LEC primarias de pulmón y ganglio linfático de ratón mediante separación magnética (MACS-LYVE1).
- Modelo Organ-on-a-Chip: Sistema microfluídico utilizado para evaluar la capacidad de las LECs pulmonares para atraer células metastásicas de cáncer de mama (4T1).

RESULTADOS

- LECs muestran perfiles transcripcionales específicos de tejido.
- Pulmón y ganglio comparten programas inmunomoduladores y quimiotácticos ausentes en intestino.
- Las redes de citocinas y quimiocinas en órganos propensos a la metástasis favorecen la atracción de células tumorales.
- LECs pulmonares: metabolismo lipídico aumentado, mayor actividad antioxidante, características compatibles con un microambiente de soporte metastásico.
- El modelo organ-on -a-chip demostró la migración direccional de células tumorales 4T1 hacia LECs pulmonares.

CONCLUSIONES

- Las LEC no son uniformes: adoptan identidades específicas de cada órgano que podrían contribuir activamente a la formación del nicho premetastásico.
- Las LEC de pulmón y ganglio linfático presentan características pro-metastásicas incluso antes de la llegada de células tumorales. Incluyendo: señalización de quimiocinas, la inmunomodulación y el soporte metabólico.
- Estos hallazgos posicionan a la vasculatura linfática como un componente activo del nicho premetastásico y una prometedora diana terapéutica contra la metástasis.

FECHA: 2026-06-03 14:31:06.479

ID: ZZ7

TEMA: Evaluación de la inflamación por Factor de Necrosis Tumoral Alfa y Lipoproteínas Oxidadas en Cáncer Colorrectal

NOMBRE: Brandon Luis Simbaña Galarza

CORREO: luissimbana2911@gmail.com

TELÉFONO: +593 986483045

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

Introducción: El cáncer colorrectal (CCR) posee un microambiente tumoral donde factores inflamatorios y metabólicos, como el factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) y las lipoproteínas de baja densidad oxidadas (LDLox), participan en la progresión de la enfermedad. Los cultivos celulares tridimensionales (3D) permiten reproducir de manera más representativa las interacciones celulares y la matriz extracelular presentes in vivo, constituyendo una plataforma ideal para estudiar estos mecanismos.

Objetivos: Evaluar la influencia del TNF- α y las LDLox sobre la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS) y la viabilidad celular, determinando la activación de vías de supervivencia y muerte en modelos 3D de CCR.

Metodología: Estudio experimental in vitro. Se cultivaron las líneas celulares de CCR SW620 (adherente) y COLO320 (semi-adherente) en matrices semisintéticas de gelatina/alginato y gelatina metacrilada (GelMA) para formar esferoides. Se aplicaron tratamientos con TNF- α , LDLox y su cotratamiento. Se evaluó la viabilidad celular mediante fluorescencia (560/590nm) y la cinética de producción de ROS, tanto en presencia como en ausencia de inhibidor de ROS (DPI). Se aplicaron pruebas de significancia estadística (ANOVA, $p < 0,05$).

Resultados: En la línea COLO320, los tratamientos incrementaron la producción de ROS sin comprometer la viabilidad celular, manteniendo una estabilidad metabólica que incluso aumentó con el TNF- α . En contraste, en la línea SW620, la acumulación prolongada de ROS redujo drásticamente la viabilidad por daño celular. No obstante, en SW620 el cotratamiento evidenció

una viabilidad significativamente mayor frente a los tratamientos individuales; ventaja que desapareció al aplicar el inhibidor DPI, confirmando la activación de vías de rescate celular dependientes de ROS.

Conclusiones: Los estímulos con TNF- α y LDLox desencadenan una respuesta dual mediada por estrés oxidativo, activando simultáneamente vías de muerte y supervivencia celular. El desenlace depende de la línea celular: mientras SW620 sucumbe ante la citotoxicidad agravada por la falta de adhesión, COLO320 logra tolerar el estrés oxidativo canalizándolo hacia el mantenimiento y proliferación tumoral.

FECHA: 2026-06-11 20:08:11.592

ID: ZZ8

TEMA: DINÁMICAS ESTRUCTURALES DEL RIESGO PSICOSOCIAL: Identificación de Factores Predictivos en Empresas Ecuatorianas de los Sectores Industrial y de Servicios

NOMBRE: Andrés Artos

CORREO: medicalvip@zuritalaboratorios.com

TELÉFONO: 989329488

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: MedicalVip

ESPECIALIDAD: Salud Ocupacional

1. Introducción

Los riesgos psicosociales deterioran la salud mental y la productividad laboral. Aunque factores organizacionales como el liderazgo y la carga de trabajo son detonantes reconocidos, las evaluaciones tradicionales solo reportan niveles aislados de riesgo, omitiendo las relaciones estructurales entre dimensiones.

2. Objetivo

Identificar las dimensiones organizacionales que actúan como principales predictores del riesgo psicosocial, mediante análisis inferencial en dos empresas ecuatorianas (sectores industrial y de servicios).

3. Metodología

- Diseño: Estudio observacional, analítico y transversal.
- Población: Empresa A (Industrial): n = 45 y Empresa B (Servicios): n = 18.
- Instrumento: Cuestionario de Evaluación de Riesgo Psicosocial validado por el Ministerio del Trabajo del Ecuador.
- Análisis estadístico: Correlación de Spearman (ρ), prueba U de Mann-Whitney y corrección FDR (Python: Pandas, SciPy, NumPy).

4. Resultados

Vulnerabilidades identificadas:

- Empresa A: Liderazgo: 16%; Margen de Acción y Control: 13%
- Empresa B: Acoso Laboral: 17%; Acoso Sexual: 17%

Hallazgo principal:

El Liderazgo y la Organización del Trabajo se consolidaron como los principales predictores organizacionales del riesgo psicosocial, presentando las asociaciones estadísticas más fuertes de la red evaluada (ver Figura 1).

5. Conclusiones

Las dimensiones de gestión organizacional influyen de manera más determinante en el ecosistema de riesgo psicosocial que las variables individuales tradicionales. Este modelo predictivo aporta la información estratégica necesaria para rediseñar la prevención:

- Vectores de Origen: El Liderazgo y la Organización del Trabajo son los predictores estructurales con mayor capacidad de impacto sistémico.
- Eficacia Preventiva: Intervenir sobre las causas organizacionales (prevención primaria) genera un impacto estadísticamente superior frente al abordaje exclusivo de los síntomas o consecuencias individuales.

Ejes de Intervención:

Para mitigar empíricamente el riesgo, la evidencia exige priorizar:

- Fortalecimiento de competencias de liderazgo y nivelación de la carga operativa.
- Optimización del diseño y los procesos del trabajo.
- Despliegue de prevención primaria contra el acoso laboral y mejora del soporte sistémico.

FECHA: 2026-06-16 09:49:28.664

ID: ZZ9

TEMA: Divergencia fenotípica en dos mujeres ecuatorianas con baja estatura sindrómica severa: un análisis comparativo de los síndromes de Laron y Guevara-Rosenbloom.

COAUTORES: Jaime Guevara Aguirre (IEMYR); Alexandra Guevara (IEMYR)

NOMBRE: María Belén Tite Haro

CORREO: mtiteharo@estud.usfq.edu.ec

TELÉFONO: +593985623401

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: USFQ

ESPECIALIDAD: Endocrinología y Marcadores Tumorales

La talla baja sindrómica comprende un grupo heterogéneo de trastornos genéticos asociados con alteraciones del crecimiento, la proporcionalidad corporal y el metabolismo. Ecuador constituye un escenario excepcional para su estudio debido a la presencia de dos síndromes raros de talla baja severa: el síndrome de Laron (LS), causado por insensibilidad a la hormona de crecimiento, y el síndrome de Guevara-Rosenbloom (GRS), asociado con variantes de ganancia de función en CDKN1c. Las comparaciones directas entre ambas entidades son escasas.

Objetivos

Comparar las características clínicas, antropométricas, endocrinas y metabólicas de dos mujeres ecuatorianas adultas con talla baja sindrómica severa, una con LS y otra con GRS.

Metodología

Se realizó un estudio descriptivo comparativo de dos casos. Se incluyeron dos mujeres adultas ecuatorianas previamente caracterizadas clínicamente, una con LS y otra con GRS. Se registraron antecedentes clínicos y se realizaron mediciones antropométricas estandarizadas, incluyendo talla, peso, índice de masa corporal, circunferencias corporales, longitudes segmentarias y pliegues cutáneos. La evaluación bioquímica incluyó glucosa en ayunas, insulina, péptido C, fructosamina, hormona de crecimiento (GH), factor de crecimiento similar a la insulina tipo 1 (IGF-1) y proteína fijadora de IGF tipo 3 (IGFBP-3). El análisis fue descriptivo y comparativo.

Resultados

Ambas pacientes presentaron talla baja severa; sin embargo, mostraron fenotipos marcadamente diferentes. La paciente con LS presentó mayor compromiso de la talla, obesidad marcada y mayores circunferencias corporales y pliegues cutáneos. Además, mostró concentraciones profundamente reducidas de IGF-1 e IGFBP-3, compatibles con una alteración severa del eje GH-IGF. Por el contrario, la paciente con GRS presentó un fenotipo delgado, concentraciones relativamente conservadas de GH, IGF-1 e IGFBP-3 y alteraciones metabólicas caracterizadas por hiperglucemia sostenida, fructosamina elevada y disminución del péptido C.

Conclusiones

A pesar de compartir el fenotipo de talla baja severa, el LS y el GRS representan entidades biológicas distintas. El LS se asoció con una alteración profunda del eje GH-IGF y aumento de la adiposidad con relativa preservación de la homeostasis glucémica, mientras que el GRS presentó señalización de GH conservada, pero un compromiso metabólico significativo y disminución de la reserva endocrina pancreática. Estos hallazgos resaltan la importancia de una evaluación integral.

FECHA: 2026-06-23 15:04:06.761

ID: ZZ10

TEMA: Frecuencia de positividad y distribución de patrones de anticuerpos antinucleares por inmunofluorescencia indirecta en pacientes hospitalizados y ambulatorios atendidos en Laboratorio Ochoa

NOMBRE: ANGELA CAROLINA JACOME LARA

CORREO: angelajacome@lemochoa.med.ec

TELÉFONO: +593992791990

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Ambato

INSTITUCIÓN: LEM Ochoa

ESPECIALIDAD: Inmunología

Introducción:

Los anticuerpos antinucleares evaluados por inmunofluorescencia indirecta en células HEp-2 constituyen una herramienta relevante para el tamizaje y apoyo diagnóstico de enfermedades autoinmunes sistémicas. La interpretación del resultado requiere integrar positividad, patrón, titulación y contexto clínico del paciente. La clasificación del Consenso Internacional de Patrones de Anticuerpos Antinucleares permite estandarizar la nomenclatura y mejorar la comunicación entre el laboratorio y el médico solicitante.

Objetivo:

Describir la frecuencia de positividad, distribución de patrones, titulaciones y relación clínico-demográfica de anticuerpos antinucleares en pacientes hospitalizados y ambulatorios atendidos en Laboratorio Ochoa.

Metodología:

Estudio descriptivo retrospectivo de 1161 resultados de anticuerpos antinucleares procesados entre febrero de 2024 y el 30 de junio de 2026. Las muestras correspondieron a suero humano. El método empleado fue inmunofluorescencia indirecta sobre células HEp-2 con reactivos marca ZEUS. La lectura fue realizada por dos operadores capacitados y con experiencia en patrones de anticuerpos antinucleares. Los patrones fueron clasificados según el Consenso Internacional de Patrones de Anticuerpos Antinucleares. Se analizaron frecuencias de positividad, patrones, titulaciones, edad, sexo, manifestaciones clínicas y diagnósticos previos.

Resultados:

De 1161 registros analizados, 251 fueron positivos, correspondientes al 21,6 %, y 910 negativos,

equivalentes al 78,4 %. La positividad fue mayor en mujeres, con 216 casos positivos de 889 registros, frente a 35 positivos de 272 registros en hombres. Los patrones individuales más frecuentes fueron AC-1, con 114 menciones, AC-4 con 54, AC-3 con 25, AC-8 con 17 y AC-5 con 16. Las titulaciones positivas más frecuentes fueron 1/1280, 1/80, 1/160, 1/640 y 1/320. Entre los positivos, las manifestaciones clínicas más registradas fueron artralgias, compromiso renal, alteraciones hematológicas y manifestaciones pulmonares. Los diagnósticos previos más frecuentes fueron lupus eritematoso sistémico, artritis reumatoide y tiroiditis de Hashimoto.

Conclusiones:

La frecuencia de positividad de anticuerpos antinucleares fue del 21,6 %, con predominio en mujeres y mayor positividad en edades superiores a 60 años. Los patrones AC-1 y AC-4 fueron los más frecuentes. La integración de patrón, titulación, edad, sexo, clínica y diagnóstico previo fortalece el valor interpretativo del resultado y aporta información útil para la correlación clínico-serológica en la población atendida.

Palabras clave:

Anticuerpos antinucleares; inmunofluorescencia indirecta;

FECHA: 2026-07-02 12:42:02.130

ID: ZZ11

TEMA: "MODULACIÓN DE HIF-1 α MEDIANTE ADN SEÑUELO ENTREGADO POR PÉPTIDOS PENETRANTES (CPP): UNA NUEVA ESTRATEGIA PARA INHIBIR LA ANGIOGÉNESIS TUMORAL"

NOMBRE: María Belén Proaño Montenegro

CORREO: belenp1908@gmail.com

TELÉFONO: +593995283195

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Shanghai Jiao Tong University

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

ABSTRACT

En el síndrome de Von Hippel-Lindau (VHL) y el carcinoma de células renales (CCR), la pérdida de función de la proteína VHL conduce a la estabilización constitutiva del factor inducible por hipoxia 1-alfa (HIF-1 α), desencadenando la expresión de genes pro-angiogénicos como VEGFA e impulsando la progresión tumoral. La interrupción dirigida de esta vía representa una estrategia

terapéutica prometedora.

Desarrollar y validar un sistema de entrega intracelular que utilice un péptido penetrante celular (CPP) para administrar un oligonucleótido "señuelo" que inhiba competitivamente la unión de HIF-1 α a sus elementos de respuesta a hipoxia (HRE) genómicos.

Diseñamos un complejo de entrega que comprende: 1) el péptido penetrante celular "Pep1", 2) el dominio de unión a ADN del factor de transcripción MAX, y 3) un oligonucleótido señuelo bicatenario que contiene secuencias E-box y HRE. La proteína de fusión MBP-TEV-pep1-MAX fue construida, purificada, y su capacidad de unión a ADN fue confirmada mediante ensayo de movilidad electroforética (EMSA). La eficiencia de entrega del complejo proteína-ADN fue optimizada y evaluada en líneas celulares HeLa y HEK293T mediante microscopía de fluorescencia. El impacto en la expresión de genes diana clave de HIF-1 α (VEGFA, GLUT1, EPO) fue cuantificado mediante qRT-PCR.

El sistema demostró una eficiencia de entrega intracelular >90% bajo condiciones optimizadas (confluencia celular del 60-70%, proteína 1 μ M, ADN 50 ng). El análisis por qRT-PCR reveló una supresión significativa y específica de la expresión de VEGFA, con una reducción de 7 veces ($p = 0.011$) en las células tratadas. GLUT1 y EPO mostraron tendencias a la disminución (reducción de 3.6 y 2 veces, respectivamente), aunque estas no fueron estadísticamente significativas ($p = 0.100$ y $p = 0.119$).

Este estudio proporciona una prueba de concepto para la inhibición dirigida de HIF-1 α mediante un sistema de entrega de oligonucleótidos señuelo mediado por CPP. La potente supresión de VEGFA valida el potencial terapéutico de esta estrategia para bloquear la angiogénesis patológica en cánceres impulsados por HIF-1 α , como el CCR asociado a VHL, y ofrece un modelo para interceptar otros factores de transcripción oncogénicos.

Palabras clave: HIF-1 α , síndrome VHL, RCC, CPP, oligonucleótidos señuelo, angiogénesis, sistemas de entrega proteína-ADN.

FECHA: 2026-07-06 20:02:59.266

ID: ZZ12

TEMA: Características demográficas y patrones de anticuerpos antinucleares en pacientes de un hospital de la ciudad de Cuenca, Ecuador. 2023-2024

COAUTORES: Edith Maribel Orellana Espinoza (Universidad Estatal del Sur de Manabí); Christian Andrés Quezada Alvear (Universidad Estatal del Sur de Manabí); José Luis Rodas German (Universidad Estatal del Sur de Manabí); Maybery Rosibel Suarez Elizalde (Universidad Estatal del Sur de Manabí)

NOMBRE: JUAN CARLOS PATIÑO MOGROVEJO

CORREO: juanc.patino@ucuenca.edu.ec

TELÉFONO: 593985168746

PAÍS: ECUADOR

CIUDAD: CUENCA

INSTITUCIÓN: UNIVERSIDAD DE CUENCA

ESPECIALIDAD: Inmunología

Las enfermedades autoinmunes, caracterizadas por la pérdida de tolerancia inmunológica, requieren un diagnóstico precoz mediante la detección de anticuerpos antinucleares por inmunofluorescencia indirecta. El objetivo fue determinar las características demográficas y los patrones de anticuerpos antinucleares en pacientes de un hospital de la ciudad de Cuenca, Ecuador, durante el periodo 2023-2024. Ante la escasa información epidemiológica en Ecuador, se realizó un estudio analítico, transversal y retrospectivo con enfoque cuantitativo sobre 341 pacientes. Se observó una prevalencia del sexo femenino con 241 casos (70,7%). La muestra se distribuyó de manera equitativa, 51% de pacientes de áreas rurales y un 49% de zonas urbanas. El grupo etario predominante fue el de adultos (20 a 64 años), constituyendo el 70,4%. Se determinó que el 52,5% (n=179) de los pacientes presentaron positividad para anticuerpos antinucleares, con predominio del patrón nuclear (27,3%), siendo el nuclear granular fino denso el más prevalente (11,7%). Los patrones citoplasmáticos alcanzaron el 15,3% (destacando el citoplasmático reticular, 7,9%) y los mitóticos el 10% (liderados por el puente intercelular, 5,6%). La mayor frecuencia de positividad se observó en la dilución 1/80 (27,9%); un 3,2% presentaron títulos elevados de 1/2560. Al aplicar la prueba de Chi-cuadrado de Pearson para evaluar la relación entre variables, se encontró una correlación estadísticamente significativa entre la edad y los títulos de anticuerpos ($p=0,011$). Sin embargo, no se encontró significancia estadística al correlacionar el sexo ($p=0,844$) o la procedencia ($p=0,762$) con los títulos de los anticuerpos antinucleares. De igual manera, los patrones de tinción no mostraron una asociación significativa con el sexo ($p=0,724$) ni con la procedencia ($p=0,379$). Palabras clave: autoinmunidad, enfermedades autoinmunes, inmunofluorescencia indirecta, sistema inmunitario

FECHA: 2026-07-07 13:55:52.829

ID: ZZ13

TEMA: Child Undernutrition and Early Neurodevelopment in Ecuador

COAUTORES: Ana Sofía Cepeda Zaldumbide (UDLA)

NOMBRE: Mauricio Sebastián Moreno Bejarano

CORREO: msmorenob08@gmail.com

TELÉFONO: 979158475

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: PUCE

ESPECIALIDAD: Otra: Salud Pública

Background: Child undernutrition represents a major public health problem in Ecuador and may affect neurodevelopment during early childhood, particularly in settings with social inequality, food insecurity, and limited access to health services. Although this relationship has important clinical and public health implications, the available Ecuadorian evidence has not been comprehensively synthesized. Objective: To synthesize and analyze the available evidence on the relationship between child undernutrition and neurodevelopmental outcomes in early childhood in Ecuador. Methods: A narrative review was conducted using PubMed, Scopus, SciELO, Google Scholar, institutional repositories, and manual reference screening. Studies published between 2010 and 2026 were considered if they examined undernutrition or related nutritional indicators in children under 5 years and reported at least one neurodevelopmental outcome. Priority was given to Ecuadorian studies and to evidence directly relevant to the Ecuadorian context. Findings were synthesized narratively by developmental domains and contextual determinants. Results: The reviewed evidence suggests that undernutrition, particularly chronic undernutrition, is associated with poorer neurodevelopmental outcomes in early childhood in Ecuador. Global developmental impairment was reported more frequently among undernourished children, especially those with stunting. Language was one of the most consistently affected domains, followed by motor, psychomotor, personal-social, and problem-solving areas. Some studies also identified associations between poorer diet quality, low iron intake, and developmental vulnerability. In addition, contextual factors such as maternal education, food insecurity, low socioeconomic status, limited access to health services, and rural or indigenous living conditions were identified as relevant determinants of both undernutrition and neurodevelopmental impairment. Conclusions: In Ecuador, undernutrition in children younger than 5 years appears to be associated with adverse neurodevelopmental outcomes across several developmental domains. However, the available evidence is limited by small samples, predominantly cross-sectional designs, and heterogeneous assessment methods, underscoring the need to further strengthen research in this area.

FECHA: 2026-07-07 21:53:46.587

ID: ZZ15

TEMA: Importancia del índice proteína/creatinina en orina parcial y su utilidad en el diagnóstico temprano en pacientes de 18 a 95 años, en el Hospital General San Francisco durante el año 2025.

NOMBRE: María Gabriela Castillo Moreta

CORREO: maria.castillom@iess.gob.ec

TELÉFONO: +593 984052245

PAÍS: ECUADOR

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Hospital General San Francisco

ESPECIALIDAD: Bioquímica

Introducción.

El índice proteína/creatinina en orina parcial (IPC) constituye un biomarcador útil para la detección temprana de daño renal, optimizando el diagnóstico, el seguimiento clínico y la atención oportuna del paciente.

Objetivos

Determinar la importancia de la aplicación del índice proteína/creatinina en orina dentro del laboratorio.

Establecer cuáles son los pacientes con mayor beneficio en la implementación de IPC.

Analizar la utilidad del IPC en el diagnóstico temprano y seguimiento de pacientes con indicios de alteraciones renales.

Identificar la practicidad de la implementación del IPC en la cartera de servicios del Hospital General San Francisco.

Metodología

Diseño del estudio.

Cuantitativo. Descriptivo. Observacional. Transversal.

Población y muestra.

Pacientes de 18 a 95 años.

Adultos jóvenes. 18-29 años.

Adultos. 30-64 años.

Adultos mayores. 65-95 años.

Lugar y período.

Hospital General San Francisco.

Quito-Ecuador (2025).

Variables estudiadas

Independientes.

Edad.

Sexo.

Servicios

Pruebas diagnósticas.

IPC en orina. Aclaramiento de creatinina en orina. Proteína en orina de 24 horas.

Dependientes

Utilidad diagnostica

Técnicas e instrumentos

Excel, sistema estadístico, grafico de barras, grafico de pastel, tabla comparativa.

Resultados

Gráfico 1. Pruebas diagnósticas, 2025.

Descripción: Comparación de la demanda de pruebas diagnósticas incluidas en la cartera de servicios.

Gráfico 2. Cálculo de IPC clasificado por grupo etario.

Descripción: El grupo etario de adultos (30-64 años) concentró la mayor frecuencia en evaluación de proteinuria.

Gráfico 3. Cálculo de IPC clasificado por sexo.

Descripción: El sexo femenino presentó mayor demanda en la evaluación de proteinuria.

Gráfico 4. Índice proteína/creatinina en orina parcial (IPC) por área de servicio.

Descripción: El servicio de urgencias presentó mayor concentración de pacientes evaluados por proteinuria.

Gráfico 5. Relación Proteína/Creatinina, 2025.

Descripción: Resultados de proteinuria asociados al cálculo de IPC.

Tabla 1. Interpretación de resultados.

Descripción: Valores de referencia decisivos en el ámbito diagnóstico.

Conclusión

La implementación del índice proteína/creatinina (IPC) permite una interpretación rápida, reduce los errores preanalíticos asociados a la toma de muestras de orina parcial y optimiza los tiempos de respuesta, favoreciendo el diagnóstico y el seguimiento oportuno de los pacientes atendidos en el servicio de urgencias.

FECHA: 2026-07-08 16:21:58.558

ID: ZZ18

TEMA: Disbiosis de la microbiota vaginal en la infección por el virus del papiloma humano: integración multiómica de taxones, vías funcionales y metabolismo de fenilalanina

COAUTORES: Paúl Sebastian León Gomez (Universidad San Francisco de Quito); Martina Armas (Universidad San Francisco de Quito); Leonardo Anaguano (Universidad San Francisco de Quito); Jose Ramon Mora (Universidad San Francisco de Quito); Andres Lagos (Universidad San Francisco de Quito); Kazuyoshi Hosomichi (Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences); Vanessa Romero (Universidad San Francisco de Quito)

NOMBRE: Paul Leon-Gomez

CORREO: paul96leongomez@gmail.com

TELÉFONO: +593995155130

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad San Francisco de Quito

ESPECIALIDAD: Microbiología

Introducción: La infección por el virus del papiloma humano es la principal causa del cáncer de cuello uterino. El predominio de *Lactobacillus* spp. en la microbiota vaginal puede proteger frente a la persistencia viral; sin embargo, las relaciones entre composición microbiana, funciones metabólicas y metabolismo de aminoácidos aún no están completamente caracterizadas.

Objetivos: Caracterizar la microbiota vaginal e identificar asociaciones entre taxones, vías funcionales predichas y metabolitos urinarios en mujeres positivas y negativas para el virus del papiloma humano.

Metodología: Se realizó un estudio de casos y controles en 48 mujeres de Pichincha, Ecuador: 31 controles y 17 positivas. La microbiota vaginal se analizó mediante secuenciación completa del gen 16S del ARN ribosomal en plataformas Oxford Nanopore y clasificación con EMU. Las vías metabólicas se predijeron con PICRUST2 y se cuantificaron fenilalanina y tirosina urinarias. La abundancia diferencial se evaluó mediante ANCOM-BC y LEfSe. La integración multiómica incluyó una red tripartita de correlaciones de Spearman, análisis factorial multiómico y fusión de redes por similitud.

Resultados: Los controles presentaron predominio de *Lactobacillus crispatus*, mientras que las mujeres positivas mostraron mayor diversidad alfa, con índices de Shannon de 1,15 y 0,77,

respectivamente ($p=0,03$), y enriquecimiento de anaerobios como *Bacteroides vulgatus* y *Sneathia succinus*. La red tripartita mostró correlaciones entre los anaerobios asociados con la infección y vías relacionadas con disbiosis (ρ de hasta 0,79; $p<10^{-11}$), además de una asociación inversa con la fenilalanina urinaria ($\rho=-0,45$; $p=0,01$). El análisis factorial identificó un eje latente de la microbiota asociado con el estado de infección ($\rho=0,58$; $q<0,001$), independientemente de la edad y del uso de anticonceptivos hormonales. La fusión de redes mostró comunidades más homogéneas y enriquecidas en *Lactobacillus* en los controles, mientras que las mujeres positivas presentaron disbiosis más heterogénea ($p=2,6\times 10^{-34}$).

Conclusiones: La disminución de *Lactobacillus crispatus* y el enriquecimiento de anaerobios caracterizan la microbiota vaginal asociada con la infección. La integración multiómica vinculó estas alteraciones con cambios funcionales y menor disponibilidad de fenilalanina, identificando una firma microbiana robusta e independiente de factores de confusión.

Palabras clave: Virus del papiloma humano; microbiota vaginal; *Lactobacillus*; secuenciación 16S; metabolómica; integración multiómica.

FECHA: 2026-07-10 09:19:46.875

ID: ZZ19

TEMA: Alta frecuencia de portadores de la variante c.441+5G>T del gen de la fenilalanina hidroxilasa en una comunidad andina aislada de Ecuador

COAUTORES: Paúl Sebastian León Gomez (Universidad San Francisco de Quito); Martina Armas (Universidad San Francisco de Quito); Melissa Lopez (Universidad San Francisco de Quito); Juan Diego Unda (Universidad San Francisco de Quito); Andres Leon (Universidad San Francisco de Quito); Vanessa Romero (Universidad San Francisco de Quito)

NOMBRE: Paul Leon-Gomez

CORREO: paul96leongomez@gmail.com

TELÉFONO: +593995155130

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad San Francisco de Quito

ESPECIALIDAD: Genética Molecular

Introducción: La fenilketonuria es un trastorno metabólico autosómico recesivo causado por variantes patogénicas en el gen de la fenilalanina hidroxilasa. En comunidades geográfica y socialmente aisladas, alelos recesivos poco frecuentes pueden alcanzar proporciones elevadas

debido al efecto fundador, la deriva genética y la endogamia.

Objetivo: Determinar la frecuencia de portadores de la variante c.441+5G>T del gen de la fenilalanina hidroxilasa en una comunidad rural andina de Ecuador y explorar su relación con características demográficas, socioeconómicas, clínicas y familiares.

Metodología: Se realizó un estudio observacional de corte transversal en 162 residentes de una comunidad aislada cercana a Salcedo, Ecuador. Se recopilieron variables demográficas, socioeconómicas, clínicas y antecedentes familiares. La región que contiene la variante c.441+5G>T fue analizada mediante secuenciación de Sanger. El estado de portador se asignó directamente a partir de los alelos identificados. Se estimaron frecuencias genotípicas y alélicas, heterocigosidad observada y esperada, coeficiente de endogamia y equilibrio de Hardy-Weinberg. Dos individuos homocigotos TT detectados incidentalmente durante el trabajo de campo fueron evaluados adicionalmente mediante secuenciación del exoma completo y análisis de ancestría.

Resultados: En la cohorte analítica se identificaron 144 individuos GG (88,9 %) y 18 portadores heterocigotos GT (11,1 %). La frecuencia del alelo T fue del 5,56 %. No se observó desviación significativa del equilibrio de Hardy-Weinberg: heterocigosidad observada de 0,1111, heterocigosidad esperada de 0,1049, coeficiente de endogamia de -0,0588, chi cuadrado de 0,56 y p de 0,454. No se encontraron asociaciones significativas entre el estado de portador y las variables demográficas o socioeconómicas. Sin embargo, la falta de respuesta a preguntas relacionadas con fenilcetonuria fue mayor entre los portadores y se registraron antecedentes neurológicos en varios hogares. Los dos individuos TT fueron considerados hallazgos incidentales y no se incluyeron en la estimación principal de frecuencia.

Conclusiones: La variante c.441+5G>T presenta una frecuencia de portadores elevada en esta comunidad andina. Los hallazgos respaldan la necesidad de seguimiento familiar, asesoramiento genético y estrategias de tamizaje dirigidas, sin sobreestimar la frecuencia mediante la inclusión de casos homocigotos incidentales.

Palabras clave: Fenilcetonuria; fenilalanina hidroxilasa; c.441+5G>T; frecuencia de portadores; aislamiento genético; Ecuador.

FECHA: 2026-07-10 09:41:26.454

ID: ZZ20

TEMA: Anticuerpos antinucleares (ANA) en adultos mayores: evidencia sobre inmunosenescencia, inflammaging y fragilidad. Una revisión de la literatura científica.

COAUTORES: Fatima Daniela Bernal Jaen (HEEE)

NOMBRE: Kevin Raul Munoz Defaz

CORREO: raulmunoz0503@gmail.com

TELÉFONO: 986824915

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: PUCE / HAIAM

ESPECIALIDAD: Otra: Geriatria

INTRODUCCIÓN El envejecimiento está relacionado con inmunosenescencia e inflamación, procesos que se caracterizan por inflamación crónica de bajo grado, pérdida de la tolerancia inmunológica y aumento de autoanticuerpos, entre ellos los anticuerpos anti-nucleares (ANA). Aunque la positividad de los ANA aumenta con la edad, su relevancia clínica en los adultos mayores continúa siendo incierta, y podría estar relacionada con biomarcadores inflamatorios y el desarrollo del síndrome de fragilidad.

OBJETIVO: Proponer recomendaciones para la armonización de la interpretación de ANA en la práctica geriátrica mediante el análisis crítico de la evidencia científica disponible sobre la asociación entre ANA, inmunosenescencia, inflamación envejecida y fragilidad en adultos mayores.

MÉTODOS: Se realizó una revisión crítica de la literatura científica publicada en el periodo 2005-2026 mediante búsqueda en PubMed/MEDLINE, Scopus y Web of Science. Se incluyeron revisiones sistemáticas, metaanálisis, estudios observacionales y documentos de consenso que evaluaran ANA, inmunosenescencia, inflamación y fragilidad en adultos mayores o igual a 65 años. Se revisó la evidencia sobre los biomarcadores inflamatorios interleucina-6 (IL-6), proteína C reactiva ultrasensible (PCR-us) y factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) y su relación con la positividad de ANA y el fenotipo de fragilidad.

RESULTADOS Los resultados de la evidencia revisada demostraron que el biomarcador con la asociación observacional más consistente con fragilidad fue IL-6, seguido de PCR-us y TNF- α . Algunos estudios han hallado mayores niveles de estos biomarcadores en personas con ANA positivo; no obstante, los resultados fueron heterogéneos y no mostraron relación causal. De igual forma, la positividad para ANA en adultos mayores sanos osciló entre el 20 % y 30 %, lo que subraya la necesidad de interpretar estos resultados en conjunto con la evaluación clínica, el contexto geriátrico y otros biomarcadores, a fin de evitar el sobrediagnóstico de enfermedades autoinmunes.

CONCLUSIONES: Los ANA pueden ser biomarcadores complementarios de inmunosenescencia y vulnerabilidad biológica si se interpretan junto con biomarcadores inflamatorios y la evaluación geriátrica completa. La estandarización de los métodos de detección y de la interpretación de ANA y el desarrollo de estudios prospectivos permitirán definir mejor su utilidad clínica en la identificación temprana del riesgo de fragilidad en adultos mayores.

FECHA: 2026-07-13 17:30:15.958

ID: ZZ21

TEMA: Nanobodies contra *Mycobacterium tuberculosis*: potencial uso en el diagnóstico temprano de la tuberculosis

COAUTORES: Mangui Bryan (Universidad de Concepción); Sánchez Oliberto (Universidad de Concepción); Ramos Thelvia (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE); Camacho Frank (Universidad de Concepción)

NOMBRE: Naranjo Luzuriaga Camila Anahí

CORREO: cami.naranjo2002@gmail.com

TELÉFONO: +593960011700

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

Introducción

La tuberculosis (TB), principal causa de muerte por enfermedades infecciosas a nivel mundial, representa un desafío para su erradicación debido a la baja sensibilidad de los métodos diagnósticos, la escasa eficacia de la vacuna BCG frente a la tuberculosis pulmonar y tratamientos prolongados con antibióticos tóxicos que limitan la adherencia. Los métodos serológicos son una alternativa atractiva por su bajo costo y simplicidad, pero requieren biomarcadores específicos para garantizar sensibilidad y especificidad. En este contexto, los nanobodies (NBs) —con alta afinidad y capacidad de unión a epítopos encriptados— surgen como herramientas prometedoras, por lo que en este trabajo se expresaron y purificaron dos NBs (VHH3 y VHH4) dirigidos al antígeno 16 kDa de *M. tuberculosis*.

Objetivo

Expresar y purificar nanobodies dirigidos al antígeno 16 kDa de *Mycobacterium tuberculosis* y evaluar su actividad biológica con potencial uso en el diagnóstico temprano de la tuberculosis.

Metodología

Los NBs se clonaron y expresaron en *E. coli* SHuffle, cepa diseñada para favorecer la expresión soluble de proteínas con puentes disulfuro, bajo tres condiciones de inducción (16 °C/16 h, 25 °C/12 h y 36 °C/6 h). La solubilidad se evaluó mediante SDS-PAGE y WB, y el NB se purificó por IMAC utilizando un gradiente de concentración (50, 150 y 250 mM de imidazol) y gel filtración. La actividad biológica se determinó mediante ELISA sándwich con interpolación

sigmoidal y ANOVA comparativo (n=3).

Resultados

La condición óptima fue de 36 °C durante 6 horas, con mayor expresión en VHH3. Gracias a la cepa SHuffle y las condiciones optimizadas, VHH3 se expresó de forma soluble, facilitando su purificación mediante IMAC con una pureza estimada del 90,66%. El ELISA sandwich determinó un límite de detección de 19,45 ng del antígeno 16 kDa y reconocimiento específico hacia dicho antígeno.

Conclusiones

El nanobody VHH3, obtenido con alta pureza y actividad biológica demostrada, representa un potencial candidato para el diagnóstico temprano de la tuberculosis.

FECHA: 2026-07-13 17:37:06.727

ID: ZZ22

TEMA: PANAGLUTINACION EN LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA MEGACARIOCÍTICA SOMETIDA A TRASPLANTE HAPLOIDÉNTICO

NOMBRE: Génesis Amanda Velástegui Muñoz

CORREO: velasteguigenesis05@gmail.com

TELÉFONO: 988010172

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Hospital Solca Quito

ESPECIALIDAD: Hematología

PANAGLUTINACION EN LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA MEGACARIOCÍTICA SOMETIDA A TRASPLANTE HAPLOIDÉNTICO

Velastegui, Genesis. Autor presentador. Hospital Solca Quito, Quito, Ecuador.

Introducción

La panaglutinación posterior al trasplante haploidéntico de progenitores hematopoyéticos en leucemia se traduce en una fuerte reactividad en las pruebas cruzadas o de anticuerpos. En la mayoría de casos es debido a aloanticuerpos frente a antígenos de alta frecuencia o

autoanticuerpos clínicamente significativos.

Objetivo General:

Describir un caso de panaglutinación en un paciente con leucemia mieloide aguda megacariocítica sometido a trasplante haploidéntico, destacando los desafíos diagnósticos, la interpretación inmunohematológica y las implicaciones para el manejo transfusional y clínico.

Objetivos Específicos:

- Explicar los mecanismos fisiopatológicos asociados con la panaglutinación en leucemia mieloide aguda postrasplante haploidéntico.
- Analizar el abordaje inmunohematológico empleado para la identificación de la panaglutinación y el descarte de aloanticuerpos o autoanticuerpos.
- Discutir las dificultades que la panaglutinación representa para la compatibilidad pretransfusional y la selección de componentes sanguíneos seguros.

Metodología:

Se realiza reporte de caso con revisión de histórico de pruebas pretransfusionales previo y posterior al trasplante, periodo comprendido entre junio 2024 a junio 2026, lográndose evidenciar panaglutinación en las pruebas postrasplante.

Resultados

En las pruebas pretrasplante presenta coombs directo e indirecto negativo y en las pruebas postrasplante presenta coombs directo e indirecto positivo, autocontrol positivo, panaglutinación en la identificación de anticuerpos irregulares, pruebas cruzadas incompatibles utilizando unidades isogrupo e isofenotipo.

Conclusiones

- Un resultado positivo en los controles indica como posible etiología a autoanticuerpos.
- Un resultado positivo en las 11 pantallas de identificación de anticuerpos irregulares, sugiere que se trata de un posible aloanticuerpo asociado al trasplante haploidéntico o al soporte transfusional previo al mismo.
- Ante el requerimiento de hemocomponentes se indica premedicar previo al uso de unidades incompatibles, leucorreducción, irradiación y estrategias restrictivas.

Palabras clave: Leucemia mieloide aguda; panaglutinación; trasplante haploidéntico; inmunohematología; medicina transfusional.

FECHA: 2026-07-13 20:32:19.641

ID: ZZ23

TEMA: Caracterización de la fotobiomodulación con luz roja en la proliferación y transferencia mitocondrial en células estromales mesenquimales humanas

COAUTORES: Anushka Patel (Universidad San Francisco de Quito); Diego Villavicencio (Universidad San Francisco de Quito); Sebastián Chile (Universidad San Francisco de Quito); Doménica Pintado (Universidad San Francisco de Quito); Andrés Caicedo (Universidad San Francisco de Quito)

NOMBRE: Abigail Benavides Almeida

CORREO: abenavidesa@hotmail.com

TELÉFONO: +593984936392

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad San Francisco de Quito

ESPECIALIDAD: Otra: Medicina regenerativa

Las células estromales mesenquimales (MSC) son células multipotentes con la capacidad de diferenciarse en varios linajes celulares (1). Las MSC poseen un amplio potencial terapéutico en medicina regenerativa debido a sus propiedades inmunomoduladoras y capacidad de promover la reparación de tejidos (2); sin embargo, su aplicación clínica aún presenta limitaciones asociadas a su viabilidad, eficacia, supervivencia y estandarización (3). Una estrategia prometedora para superar estas barreras es la fotobiomodulación (FBM), una terapia no invasiva de baja intensidad que utiliza luz roja o infrarroja para estimular procesos biológicos clave como la actividad mitocondrial y activar rutas asociadas a proliferación, migración y diferenciación celular, regeneración tisular, además de promover respuestas antiinflamatorias y reducir la apoptosis (4); sin embargo, sus mecanismos subyacentes y su efecto sobre la transferencia mitocondrial horizontal, permanece en gran medida inexplorado.

El presente estudio tiene como objetivo evaluar los efectos de la FBM con luz roja sobre la capacidad proliferativa y la transferencia mitocondrial horizontal de MSC humanas derivadas de la gelatina de Wharton (WJ-MSC), en condiciones in vitro.

Se aplicó un diseño experimental in vitro con dosis de energía de 0.9, 5.4 y 8.1 mJ/cm² (10, 60 y 90 s de irradiación). La proliferación se cuantificó por citometría de flujo y la transferencia mitocondrial mediante co-cultivos analizados por microscopía de fluorescencia.

Los resultados indicaron que las dosis de 5.4 y 8.1 mJ/cm² incrementaron significativamente la proliferación celular (1.15 y 1.25 veces, respectivamente) en comparación con el control. Sin embargo, no se observaron cambios significativos en la frecuencia de transferencia mitocondrial para ninguna de las dosis evaluadas.

Se concluyó que el tratamiento de 5.4 mJ/cm² constituye la condición óptima para estimular la proliferación de WJ-MSC. Sin embargo, bajo los parámetros físicos analizados, la FBM no promueve la transferencia mitocondrial horizontal, lo que sugiere que este mecanismo requiere de estímulos adicionales o condiciones de estrés microambiental para ser potenciado.

FECHA: 2026-07-13 22:45:15.367

ID: ZZ25

TEMA: De la bioinformática al laboratorio: exploración de ANTXR1/TEM8 como biomarcador tumoral

COAUTORES: Cristian Rivilla

NOMBRE: Cristian Paúl Rivilla Quijia

CORREO: cristian97rivilla@gmail.com

TELÉFONO: +593996433888

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Pontificia Universidad Católica del Ecuador sede Santo Domingo

ESPECIALIDAD: Otra: Bioinformática

Introducción: La bioinformática se ha convertido en una herramienta clave para acelerar el descubrimiento de biomarcadores tumorales, al permitir priorizar moléculas candidatas antes de su evaluación en el laboratorio. ANTXR1/TEM8, un receptor transmembrana implicado en angiogénesis y microambiente tumoral, constituye un ejemplo de esta aproximación, dado que su potencial como biomarcador circulante permanece escasamente caracterizado.

Objetivo: Evaluar la expresión de ANTXR1 en bases de datos públicas y de forma experimental in vivo, utilizando como modelo un melanoma murino, con el fin de explorar su comportamiento en cáncer.

Metodología: Estudio exploratorio y descriptivo que integró análisis bioinformático y evaluación experimental. Las isoformas y características estructurales de ANTXR1 se analizaron mediante Ensembl, UniProt y herramientas de modelado molecular (SWISS-MODEL, PyMOL, Jalview). La expresión transcriptómica se evaluó en GEPIA2 (datos TCGA/GTEX; |Log2FC|=1; p<0,05) y la expresión proteica en Human Protein Atlas. Experimentalmente, se evaluó la inmunorreactividad de ANTXR1 mediante Western blot en tumor de melanoma murino, usando células HEK293T como control negativo, y se realizó una exploración preliminar mediante ELISA en muestras sanguíneas de ratones portadores de melanoma (n=2) frente a un control negativo (n=1).

Resultados: Se identificaron cinco isoformas humanas de ANTXR1 con diferencias en sus

dominios transmembrana y citoplasmático. El análisis transcriptómico evidenció sobreexpresión significativa en timoma, adenocarcinoma pancreático, linfoma difuso de células B grandes y glioma de bajo grado; a nivel proteico, se observó sobreexpresión en adenocarcinoma pancreático ($p < 6 \times 10^{-20}$). El Western blot mostró inmunorreactividad en melanoma murino, con bandas próximas al peso molecular esperado y especies adicionales sugerentes de heterogeneidad. El ELISA exploratorio mostró concentraciones aparentes de 1,6 y 2,5 ng/mL en ratones con melanoma, frente a 0,8 ng/mL en el control.

Conclusiones: Estos hallazgos preliminares respaldan a ANTXR1 como un potencial biomarcador oncológico y refuerzan el valor de la bioinformática previo a la investigación experimental en el Laboratorio Clínico. La presencia de isoformas estructurales de melanoma murino y el incremento exploratorio de señal circulante justifican estudios de validación adicionales.

Palabras clave: ANTXR1/TEM8; biomarcadores tumorales; melanoma; bioinformática.

FECHA: 2026-07-14 16:02:15.084

ID: ZZ27

TEMA: 45,X SRY positivo con transferencia concomitante de AMELY en un paciente con trastorno del desarrollo sexual masculino: reporte de un caso

COAUTORES: Dra. Ruiz Mónica; Autor presentador. (Laboratorio de Genética CIGEN, Quito, Ecuador); Ing. Tapia María (Laboratorio de genética CIGEN, Quito, Ecuador.)

NOMBRE: Dra. Mónica Ximena Ruiz Flores

CORREO: info@laboratoriocigen.com

TELÉFONO: +593999839905

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Laboratorio de Genética CIGEN

ESPECIALIDAD: Otra: Citogenética; Biología molecular

Paciente masculino de tres meses de edad remitido para valoración genética debido a genitales ambiguos. Producto del primer y único embarazo de una pareja no consanguínea, obtenido mediante fertilización in vitro con óvulo donado. Antecedentes prenatales: la ecografía obstétrica de las 20 semanas informó un feto de sexo femenino. El estudio de DNA fetal libre en sangre materna detectó material genético correspondiente al cromosoma Y. Al nacimiento se observaron genitales externos incompletamente masculinizados con hipospadias y criptorquidia. Se realiza citogenética convencional con bandas G con resultado: 45,X. Además, se incluyen estudios moleculares, mediante una PCR para la detección del gen SRY, se amplía el análisis con un perfil genético donde se identifica en los genes de amelogenina un resultado XY. Diagnóstico:

Disgenesia gonadal 45,X. SRY positivo/ AMELX/AMELY positivo. Los trastornos del desarrollo sexual (Disorders of Sex Development, DSD) comprenden un grupo heterogéneo de alteraciones congénitas caracterizadas por discrepancias entre el sexo cromosómico, gonadal y fenotípico. En circunstancias normales, el gen SRY forma parte del brazo corto del cromosoma Y. Sin embargo, durante la meiosis masculina pueden producirse eventos de recombinación desigual entre los cromosomas X e Y que ocasionan la transferencia de segmentos de Yp hacia el cromosoma X. Dependiendo de la extensión del fragmento transferido, además de SRY pueden incluirse otros genes vecinos, como AMELY, dando lugar a individuos con cariotipo 45,X o 46,XX y diferenciación testicular parcial o completa.

Objetivos:

Determinar la fórmula citogenética del paciente.

Determinar la presencia del gen SRY y el gen de amelogenina mediante técnicas de biología molecular.

Metodología:

Se realizó un cariotipo convencional en sangre periférica, donde se analizaron 50 metafases. Se realizó una PCR convencional con primers diseñados para determinar la presencia del gen SRY, se incluyeron cebadores específicos para SRY (amplicón de 254 pb), un control interno del gen ATL1 humano (amplicón de 301 pb). Además, se incluyó el análisis de un perfil genético mediante una PCR multiplex y electroforesis capilar.

Resultados:

La citogenética convencional demostró la existencia de un único cromosoma sexual, 45,X. En la PCR para el gen SRY se detectó la presencia de los dos amplicones.

FECHA: 2026-07-15 15:07:10.696

ID: ZZ28

TEMA: Búsqueda activa, diagnóstico y genotipificación de tuberculosis en la zona centro andina del Ecuador: un estudio transversal

COAUTORES: Ana Patricia Jiménez-Arias (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE); Alexis Naula-Guambo (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE); Bryan Cevallos-Rocha (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE); Daniela Acurio-Erazo (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE); Andrea Rodríguez-Cabezas (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE); Cecilia Céspedes-Alvarado (Hospital Alli Causai); Dario García de Viédma (Hospital General Universitario Gregorio Marañón); Carlos Rojas-Andrade (Hospital Alli Causai)

NOMBRE: Karen Jazmín Cevallos Salazar

CORREO: jazcevallos@gmail.com

TELÉFONO: +593984409590

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: QUITO

INSTITUCIÓN: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE

ESPECIALIDAD: Biología Molecular

Introducción:

La tuberculosis es la segunda causa de muerte provocada por un agente infeccioso, genera 10,7 millones de casos nuevos y 1,23 millones de muertes al año. Alrededor de una cuarta parte de la población mundial ha estado infectada de este patógeno. Sin embargo, es una enfermedad prevenible y curable mediante el diagnóstico oportuno, tratamiento adecuado y vigilancia epidemiológica, por lo que constituye una prioridad del Objetivo de Desarrollo Sostenible 3, orientado a garantizar una vida sana.

Objetivos:

Realizar una búsqueda activa de casos de tuberculosis en la población urbana de La Maná, Ecuador, para diagnosticar los casos positivos; evaluar su perfil de farmacorresistencia; y caracterizar molecularmente las cepas para definir genotipos circulantes y su posible asociación con la resistencia a fármacos.

Metodología:

Se realizó un estudio observacional transversal desde enero de 2022 a enero de 2023 en una muestra representativa de 31 740 habitantes de La Maná. Los pacientes sintomáticos respiratorios fueron identificados mediante evaluación clínica y diagnosticados por baciloscopia y cultivo microbiológico. La farmacorresistencia se determinó mediante la observación microscópica MODS. Las cepas de *Mycobacterium tuberculosis* se genotipificaron mediante MIRU-VNTR de 24 loci y secuenciación del genoma completo (WGS). El análisis bioinformático incluyó Shovill, QUAST y TBProfiler. El estudio siguió contó con aprobación del comité de bioética CEISH-HGDC 2018-021

Resultados:

Se evaluaron 161 participantes, de los cuales 65 (40%) fueron clasificados como sintomáticos respiratorios y proporcionaron muestras de esputo. El cultivo microbiológico identificó dos aislamientos de *Mycobacterium tuberculosis* sensibles a isoniazida y rifampicina y dos micobacterias atípicas. La genotipificación mediante MIRU-VNTR de 24 loci identificó los linajes LAM y S. El análisis filogenético, en comparación con aislamientos previamente reportados en Ecuador, mostró la distribución de las cepas dentro de 7 complejos clonales. La secuenciación del genoma completo corroboró la caracterización molecular y el perfil de resistencia obtenido mediante MODS.

Conclusión:

Este estudio constituye un programa pionero de búsqueda activa de tuberculosis en Ecuador complementado con herramientas de epidemiología molecular, demostrando que la detección temprana fortalece la vigilancia de la farmacorresistencia y facilita la implementación oportuna de medidas de control, seguimiento de contactos y tratamiento.

FECHA: 2026-07-15 15:42:12.314

ID: ZZ29

TEMA: FRECUENCIA, DISTRIBUCIÓN Y RELEVANCIA CLÍNICA DE LOS ANTICUERPOS ANTI-DFS70 EN EL AUSTRO ECUATORIANO

COAUTORES: DIANA TAPIA (LEBAC); KAREN RIERA (LEBAC); IVONNE CEPEDA (LEBAC); JESSICA BERMEJO (LEBAC)

NOMBRE: Dra. Andrea Veronica Gonnet

CORREO: gerencia.lebac@gmail.com

TELÉFONO: +593983316855

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Cuenca

INSTITUCIÓN: LEBAC

ESPECIALIDAD: Inmunología

Entre los diferentes anticuerpos antinucleares(ANA), los Anti-DFS70 destacan por asociarse principalmente a la ausencia de Enfermedades Reumatológicas Autoinmunes Sistémicas(ERAS), personas sanas y a cuadros inflamatorios no reumáticos. El patrón AC-2, identificado mediante inmunofluorescencia indirecta (IFI), puede ser difícil de distinguir de otros patrones similares, lo que complica su interpretación, especialmente cuando existen otros autoanticuerpos concomitantes. La frecuencia y la relevancia clínica de los Anti-DFS70 no están totalmente definidas, en particular en poblaciones latinoamericanas, y su prevalencia varía según factores demográficos y metodológicos. El objetivo principal del trabajo fue evaluar la frecuencia y la importancia clínica de los Anti-DFS70 en una cohorte del austro ecuatoriano.

Se analizaron muestras positivas para Anti-DFS70 entre enero de 2024 y junio de 2026 utilizando IFI, inmunoblot y ELISA. De 2247 pruebas ANA por IFI, el 2.89% resultó positivo para el patrón AC-2. Además, el 13.87% de 620 pruebas de inmunoblot fue positivo para Anti-DFS70, siendo monoespecífico en el 27.91% de los casos. La muestra presentó un predominio femenino y una edad media de 43 años. Clínicamente, el 31.37% de los Anti-DFS70 positivos se asoció a procesos inflamatorios y el 24.75% a miositis inflamatoria. Se concluye que el patrón AC-2 es fácilmente identificable por IFI y que existe una relevante frecuencia de Anti-DFS70 monoespecífico y su asociación con miositis inflamatoria en la población estudiada.

FECHA: 2026-07-15 16:01:53.900

ID: ZZ30

TEMA: Correlación entre el perfil de antígenos leucocitarios humanos y la positividad del panel reactivo de anticuerpos en candidatos a trasplante renal cadavérico en Ecuador

COAUTORES: Jesús Daniel Lima Lucero (Hospital de Especialidades Eugenio Espejo); Daniela Silva Martinod (Hospital de Especialidades Eugenio Espejo)

NOMBRE: JESUS DANIEL LIMA LUCERO

CORREO: jdllch@hotmail.com

TELÉFONO: 963071637

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Hospital de Especialidades Eugenio Espejo

ESPECIALIDAD: Histocompatibilidad

Introducción. La sensibilización anti-HLA, medida como panel reactivo de anticuerpos (PRA), es una barrera mayor de acceso al trasplante renal y aumenta el riesgo de falla del injerto. El fenotipo HLA del receptor podría modular la aloinmunización, ya que ciertos antígenos son más inmunogénicos. Las asociaciones descritas varían entre poblaciones y no hay datos en población ecuatoriana, de perfil predominantemente mestizo-amerindio.

Objetivos. Describir la distribución fenotípica HLA-A, -B, -C, -DRB1 y -DQB1 en candidatos a trasplante renal cadavérico en Ecuador y evaluar su asociación con la positividad del PRA calculado.

Metodología. Estudio observacional, analítico, transversal. Se incluyeron todos los candidatos adultos acreditados en la Lista de Espera Única Nacional del Hospital de Especialidades Eugenio Espejo con tipificación HLA y PRA calculado vigentes al 15/07/2026 (n=86). Variables: edad, sexo, grupo sanguíneo, etiología, tiempo en diálisis, tipificación HLA (baja resolución) y PRA calculado. Se definió sensibilización como PRA>0%. Se compararon frecuencias fenotípicas entre grupos PRA-positivo y PRA-negativo mediante prueba exacta de Fisher (odds ratio, IC95%) y variables continuas con U de Mann-Whitney. Significancia $p<0,05$.

Resultados. Edad $38,4\pm 13,0$ años; 44,2% mujeres; grupo O 77,9%. Veintiséis pacientes (30,2%) presentaron PRA>0% y 22 (25,6%) PRA $\geq$ 10%; mediana de PRA en sensibilizados 61,5%. Los antígenos más frecuentes fueron A2 (67,4%), A24 (46,5%), B35 (40,7%), DRB1*04 (38,4%) y DQB1*03 (82,6%). DQB1*06 predominó en el grupo PRA-positivo (34,6% vs 13,3%; OR 3,44; $p=0,037$), con tendencia similar para DRB1*13 (26,9% vs 10,0%; $p=0,056$) y DRB1*15 (30,8% vs 11,7%; $p=0,060$), antígenos en desequilibrio de ligamiento. El sexo femenino mostró mayor sensibilización sin significancia (39,5% vs 22,9%; $p=0,106$). Ninguna asociación persistió tras corregir por comparaciones múltiples.

Conclusiones. La sensibilización (25,6-30,2%) es comparable a series occidentales y asiáticas. El bloque DRB1*15/*13-DQB1*06 se asoció a positividad del PRA, sugiriendo una señal

haplotípica de clase II propia de la población ecuatoriana, distinta de las descritas en poblaciones turca y china Han. El tamaño muestral limita la inferencia; se requiere validación multicéntrica con registro de eventos sensibilizantes

FECHA: 2026-07-15 17:22:27.142

ID: ZZ31

TEMA: Paracoccidioides brasiliensis en tejidos de armadillos recolectados en Ecuador

COAUTORES: Gabriela Naranjo (Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera de Ciencias Biomedicas, Universidad Internacional SEK); Camila Maldonado (Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera de Ciencias Biomedicas, Universidad Internacional SEK); Alejandra Flores (Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera de Ciencias Biomedicas, Universidad Internacional SEK); Jaime D. Acosta-España (Facultad de Ciencias de la Salud, Carrera de Ciencias Biomedicas, Universidad Internacional SEK); Daniel Garzon-Chavez (Escuela de Medicina, Universidad San Francisco de Quito); Carlos Bastidas-Caldes (Escuela de Medicina, Universidad de Especialidades Espíritu Santo); Manuel Calvopiña (Facultad de Medicina, Universidad de las Américas); Relbel Gonçalves (School of Medicine, University of Minho, Portugal); Charlotte Avanzi (One Health Institute, University of Zurich, Suiza)

NOMBRE: Daniel Romero-Alvarez

CORREO: daromero88@gmail.com

TELÉFONO: 997308249

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Internacional SEK (UISEK), Quito, Ecuador

ESPECIALIDAD: Otra: Ecología de enfermedades infecciosas

Introducción: La paracoccidioidomicosis es una enfermedad granulomatosa crónica causada por diferentes especies del hongo dimórfico *Paracoccidioides* spp. En Ecuador se desconoce la especie de hongo involucrada en su etiología, con reportes anecdóticos de infecciones causadas por *P. Luzii*. Los armadillos de nueve bandas (*Dasypus* spp.) y los de cola desnuda del norte (*Cabassous centralis*) han sido incriminados como reservorios del hongo en Brasil y Colombia.

Objetivos: (i) Determinar el rol de los armadillos de nueve bandas como reservorios de *Paracoccidioides* spp. (ii) identificar la especie de *Paracoccidioides* spp. circulante y (iii) caracterizar la incidencia potencial de paracoccidioidomicosis en Ecuador.

Metodología: (i) Utilizamos tejidos de armadillo recolectados entre 2021-2022 y aplicamos técnicas de extracción de ADN tisular. (ii) Implementamos un protocolo de PCR anidada específica del género *Paracoccidioides*, secuenciación tipo Sanger y construcción de árboles filogenéticos. Finalmente (iii), determinamos la incidencia de paracoccidioidomicosis utilizando la base de datos nacional de egresos hospitalarios, estadística descriptiva y sistemas de información geográfica en los reportes entre 2010 y 2025.

Resultados: Procesamos un total de 77 tejidos correspondientes a 45 armadillos. En total, tres *D. novemcinctus* y dos *D. fenestratus* fueron positivos (prevalencia=11.11%) para *P. brasiliensis*; la prevalencia más alta reportada en la provincia de Sucumbíos. Filogenéticamente, las secuencias se agruparon con *P. brasiliensis* de armadillos de Brasil y de secuencias aisladas en seres humanos. La incidencia de paracoccidioidomicosis en Ecuador es de 0.106 por 100,000 habitantes con la mayoría de casos (n=5/19) reportados en 2018 con diagnóstico de paracoccidioidomicosis pulmonar (n=10/19), en pacientes masculinos (n=14/19), mayores de 60 años (n=7/19), en la provincia de Pichincha.

Conclusiones: Los armadillos de nueve bandas son reservorios de *Paracoccidioides brasiliensis* en Ecuador. Considerando el mecanismo de transmisión del patógeno, potencialmente esta es la especie causando paracoccidioidomicosis en el país en lugar de *P. lutzii*. La enfermedad tiene una baja incidencia en comparación con otros países de Latinoamérica, sin embargo, las estimaciones presentadas a partir de casos hospitalizados en el sistema de salud pública pueden ser una subestimación de su incidencia real.

FECHA: 2026-07-15 17:34:39.176

ID: ZZ32

TEMA: NEURODEGENERACIÓN CON ACUMULACIÓN DE HIERRO CEREBRAL ASOCIADA A PANTOTENATO QUINASA 2: PANTOTENATO QUINASA ATÍPICA CON SIGNO DEL OJO DE TIGRE. REPORTE DE CASO

NOMBRE: Robert Andrés Dávila Sánchez

CORREO: longevokse@gmail.com

TELÉFONO: 984810029

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: EMPRESA GENES Y FAMILIA

ESPECIALIDAD: Genética Molecular

Introducción: La neurodegeneración con acumulación de hierro cerebral asociada a pantotenato quinasa (PKAN), anteriormente denominada síndrome de Hallervorden-Spatz, es un trastorno neurodegenerativo ultrarraro, de herencia autosómica recesiva, causado por variantes bialélicas en PANK2. Este gen, localizado en 20p13, codifica una enzima mitocondrial esencial para la síntesis de coenzima A a partir de pantotenato, proceso fundamental para el metabolismo energético y de ácidos grasos. Su alteración favorece la acumulación de hierro en el globo pálido y la sustancia negra, con disfunción extrapiramidal progresiva. La PKAN puede presentarse en forma clásica, de inicio infantil y evolución rápida, o atípica, de comienzo más tardío, progresión lenta y predominio de alteraciones del habla, la conducta y el aprendizaje. El signo del “ojo de tigre” en resonancia magnética constituye un hallazgo característico.

Objetivo: Analizar la correlación clínica, radiológica y molecular de un paciente pediátrico con PKAN atípica, contrastándola con la literatura y la evidencia científica disponible.

Metodología: Reporte descriptivo: varón de 19 años con retraso del crecimiento, talla baja, hipotrofia muscular generalizada, mano en garra, frente amplia, braquicefalia, teletelia, clinodactilia del quinto artejo, pie plano, trastorno por déficit de atención e hiperactividad y dificultades persistentes de aprendizaje. Como antecedente familiar, una hermana falleció a los 15 años con fenotipo similar.

Resultados: El cariotipo fue 46, XY. No se identificaron variantes patogénicas en DMD. El estudio de DMPK detectó 144 repeticiones CTG. La secuenciación del exoma completo identificó en homocigosis la variante probablemente patogénica c.752A>G, p. (Tyr251Cys), en PANK2, compatible con neurodegeneración con acumulación de hierro cerebral de herencia autosómica recesiva. La resonancia magnética mostró hiposeñal bilateral y simétrica del globo pálido en T2/FLAIR, con hiperintensidad central, configurando el signo del “ojo de tigre”, además de marcada hiposeñal en T2* y DWI.

Conclusión: La integración de los hallazgos clínicos, familiares, radiológicos y moleculares permitió confirmar PKAN. El reconocimiento temprano del patrón de neuroimagen y la confirmación genética favorecen el diagnóstico preciso, evitan estudios innecesarios y permiten asesoramiento genético, seguimiento multidisciplinario y mejor estimación pronóstica. Además, facilita identificar familiares en riesgo y orientar decisiones terapéuticas y reproductivas dentro de la familia.

Palabras clave: PANK2, ojo de tigre

FECHA: 2026-07-15 17:48:19.097

ID: ZZ35

TEMA: Caracterización genómica de *Proteus mirabilis* aislado de cóndores andinos (*Vultur gryphus*) en Ecuador: resistencia antimicrobiana, movilidad genética y relaciones filogenómicas.

COAUTORES: Andrés Herrera-Yela (Universidad Internacional SEK, Quito, Ecuador); Daniel Romero-Alvarez (Universidad Internacional SEK, Quito, Ecuador); José Rubén Ramírez-Iglesias (Universidad Internacional SEK, Quito, Ecuador); Carlos Bastidas-Caldes (Universidad Espíritu Santo, Samborondón, Ecuador); Paul Monar (Fundación Cóndor Andino, Quito, Ecuador); Shady

Heredia (Fundación Cóndor Andino, Quito, Ecuador); Alexander Maldonado (Universidad Internacional SEK, Quito, Ecuador)

NOMBRE: Evaluna Fernanda Chicango Villarroel

CORREO: evaluna.chicango@uisek.edu.ec

TELÉFONO: 985020192

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Internacional SEK

ESPECIALIDAD: Microbiología

Introducción: La resistencia antimicrobiana (RAM) trasciende el ámbito clínico y se extiende a la fauna silvestre. Bacterias como *Proteus mirabilis* pueden actuar como indicadores de la diseminación ambiental de determinantes de resistencia. Debido a sus hábitos carroñeros y a su exposición a ambientes antropogénicos, el cóndor andino (*Vultur gryphus*) puede actuar como centinela de la RAM ambiental. Sin embargo, la caracterización genómica de *P. mirabilis* en esta especie sigue siendo limitada, por lo que su papel como reservorio y potencial dispersor de estos determinantes permanece poco comprendido.

Objetivo: Caracterizar mediante secuenciación de genoma completo (WGS) determinantes genéticos de resistencia y relaciones filogenómicas de *P. mirabilis* aislado de cóndores andinos para evaluar su relevancia en la vigilancia de la resistencia antimicrobiana.

Materiales y métodos: Se analizaron seis aislamientos de *P. mirabilis* obtenidos de cóndores andinos en cautiverio de las provincias de Imbabura y Tungurahua (2025) mediante pruebas de susceptibilidad antimicrobiana y WGS (Illumina). Se identificaron genes de resistencia (ARGs) y elementos genéticos móviles (MGEs). Además, se evaluó la concordancia entre los perfiles genotípicos y fenotípicos, la co-localización entre ARGs-MGEs, análisis de SNPs, relaciones filogenómicas y de recombinación entre los aislamientos.

Resultados: Uno de los aislados presentó una estrecha relación genómica con un aislamiento humano de Paraguay (109 SNPs), mientras que otros tres aislamientos conformaron un grupo clonal (2–6 SNPs) portador de ARGs asociados a β -lactámicos, aminoglucósidos, fluoroquinolonas y cotrimoxazoles, antimicrobianos de amplio uso clínico. Se identificó en 4 aislados arreglos conservados de ARGs asociados a IS91, intl (gen de la integrasa) y a secuencias plasmídicas. Finalmente, el análisis de permutación confirmó asociaciones ARG–MGE mayores a las esperadas por azar ($p = 0,0009$), sugiriendo potencial de transferencia horizontal.

Conclusiones: Se identificó en fauna silvestre linajes relacionados con aislamientos de origen humano y otros reservorios, así como ARGs frente a antimicrobianos de importancia clínica asociados a MGEs. Esto respalda la vigilancia genómica como herramienta para la medicina y fortalece la inclusión de la fauna silvestre en los programas de vigilancia de resistencia antimicrobiana bajo el enfoque Una Salud.

Palabras clave: *Proteus mirabilis*; RAM; secuenciación de genoma completo; vigilancia

genómica; Una Salud.

FECHA: 2026-07-15 21:20:10.328

ID: ZZ36

TEMA: Biomarcadores hematológicos, inmunológicos y virológicos en la fase febril del dengue: revisión sistemática de su utilidad en el diagnóstico y pronóstico

COAUTORES: Bryant Yáñez (Universidad Central del Ecuador); Camila Peñafiel (Universidad Central del Ecuador); Dilaila Cocha (Universidad Central del Ecuador)

NOMBRE: Bryant Daniel Yáñez Sánchez

CORREO: bdyanez@uce.edu.ec

TELÉFONO: 962340712

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Central del Ecuador

ESPECIALIDAD: Hematología

Título

Biomarcadores hematológicos, inmunológicos y virológicos en la fase febril del dengue: revisión sistemática de su utilidad en el diagnóstico y pronóstico

Introducción: El dengue afecta a más de 130 países y es endémico en más de 100 naciones, incluido Ecuador. Sus presentaciones clínicas inespecíficas y la ausencia de tratamiento específico hacen esencial la confirmación diagnóstica temprana mediante biomarcadores hematológicos, inmunológicos y virológicos durante la fase febril.

Objetivos: Evaluar biomarcadores hematológicos, inmunológicos y virológicos de utilidad diagnóstica y pronóstica en pacientes con dengue durante la fase febril temprana de la enfermedad (días 1 a 7).

Metodología: Revisión sistemática según el modelo PRISMA, con búsqueda en PubMed, Scopus y Cochrane Library de estudios publicados entre enero de 2016 y abril de 2026, en inglés o español, que evaluaran biomarcadores durante la fase febril (días 1-7). Se excluyeron estudios en animales, in vitro, reportes de caso único y cartas al editor. La calidad se evaluó con STROBE (>70% de cumplimiento) y la concordancia entre revisores con Kappa de Cohen (>0,8). Las variables incluyeron antígeno NS1, IgM, parámetros plaquetarios, ferritina, citocinas/quimiocinas y sindecano-1.

Resultados: Se identificaron 415 registros (PubMed n=348, Scopus n=50, Cochrane n=17); tras el

cribado en tres etapas, 16 estudios cumplieron los criterios de inclusión (48 a 7563 participantes, principalmente de Asia y Latinoamérica). El antígeno NS1 mostró positividad de 11-23% en sospecha clínica y hasta 82,9% en dengue grave; la combinación NS1+IgM detectó 34% de los casos. La trombocitopenia estuvo presente en 76,59% de los casos, con volumen plaquetario medio bajo en 82% y ancho de distribución plaquetaria elevado en 90%. La interleucina-2 mostró el mejor desempeño (sensibilidad 100%, especificidad 94,93%). La ferritina y el sindecano-1 mostraron utilidad pronóstica variable (sensibilidad 51,9-94%; especificidad 47,7-89%).

Conclusiones: El antígeno NS1, la IgM, los parámetros plaquetarios, la ferritina, el sindecano-1 y el panel de citocinas constituyen los biomarcadores con mayor evidencia; ninguno mostró aisladamente un balance óptimo entre sensibilidad y especificidad, pero sus combinaciones mejoraron el rendimiento diagnóstico, apoyando su incorporación junto a la evaluación clínica para un diagnóstico más temprano y una mejor estratificación del riesgo.

FECHA: 2026-07-15 22:13:27.170

ID: ZZ37

TEMA: Vigilancia microbiológica en superficies de alto contacto del transporte público urbano en Quito

COAUTORES: Jhon Michael Venegas Arregui (Universidad Central del Ecuador); Marco Orlando Fuel Herrera (Universidad Central del Ecuador)

NOMBRE: Dayana Carolina Lagos Madril

CORREO: dclagos@uce.edu.ec

TELÉFONO: 983118635

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Central del Ecuadorl Eca

ESPECIALIDAD: Microbiología

Introducción: La resistencia antimicrobiana constituye un problema de salud pública que no se limita al ámbito hospitalario. Los espacios comunitarios de alta circulación, como el transporte público urbano, concentran superficies compartidas y contacto manual frecuente, lo que permite estudiar la presencia de bacterias de interés microbiológico. En este contexto, el laboratorio cumple un papel clave al transformar muestras ambientales en evidencia útil para vigilancia, prevención y toma de decisiones sanitarias

Objetivos: Caracterizar bacterias recuperadas de superficies de alto contacto del transporte público urbano del Distrito Metropolitano de Quito mediante aislamiento, identificación y susceptibilidad antimicrobiana, con énfasis en la detección de perfiles de interés microbiológico y

su utilidad como modelo de vigilancia ambiental-comunitaria.

Método: Estudio observacional, descriptivo y transversal realizado en Quito durante julio 2025 . Se analizaron 60 muestras ambientales obtenidas de 20 unidades de transporte público urbano, distribuidas en tres zonas de contacto manual frecuente (Z1-Z3). El aislamiento se efectuó en medios selectivos y diferenciales. La identificación se realizó por pruebas bioquímicas convencionales y la susceptibilidad antimicrobiana por Kirby-Bauer, con interpretación según CLSI 2026. Se empleo método automatizado Phoenix M50 con la finalidad de validar los resultados. El análisis estadístico fue descriptivo.

Resultados: A partir de 60 muestras se recuperaron 110 aislados bacterianos. Predominaron *Staphylococcus* spp. con 58 aislados (52,7%), seguidos de *Bacillus* spp./*Bacillus cereus* con 26 (23,6%), enterobacterias con 10 (9,1%) y *Pseudomonas* spp. con 5 (4,5%) (Figura 1). La mayoría fue sensible (97/110; 88,2%), mientras 6 (5,5%) presentaron perfiles resistentes (Figura 2). Las zonas Z1 y Z2 concentraron 37 aislados cada una, y Z3 recuperó 36; no obstante, Z3 presentó mayor predominio de *Staphylococcus* spp. Entre los aislados resistentes de *S. aureus*, se identificaron fenotipos de interés: MLSB inducible, MLSB constitutivo, Dtest positivo, (Ilustración 1) y productores de betalactamasa (Figura 3).

Conclusiones: Las superficies de alto contacto del transporte público urbano pueden emplearse como puntos de vigilancia microbiológica ambiental. El predominio de *Staphylococcus* spp., la recuperación de enterobacterias y *Pseudomonas* spp., y la detección de un subgrupo con perfiles resistentes demuestran la utilidad del laboratorio para identificar hallazgos de interés y apoyar estrategias preventivas basadas en evidencia.

FECHA: 2026-07-15 22:19:08.892

ID: ZZ38

TEMA: Intervalos de referencia para biomarcadores inflamatorios y subpoblaciones linfocitarias en adultos sanos residentes a 2500 m de altitud en Cuenca, Ecuador. Estudio transversal

NOMBRE: AGREDA ORELLANA IVANNA SOLMAYRA y Andrea Belén Loja Uzhca

CORREO: ivanna.agreda@ucuenca.edu.ec

TELÉFONO: +593984798770

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: cuenca

INSTITUCIÓN: Universidad de Cuenca

ESPECIALIDAD: Inmunología

Título

Intervalos de referencia para biomarcadores inflamatorios y subpoblaciones linfocitarias en

adultos sanos residentes a 2500 m de altitud en Cuenca, Ecuador

Introducción

La interpretación de biomarcadores inflamatorios y subpoblaciones linfocitarias requiere intervalos de referencia específicos para cada población, debido a la influencia de factores biológicos, ambientales y geográficos como la edad, el sexo y la altitud. La exposición crónica a hipoxia hipobárica moderada puede inducir adaptaciones fisiológicas e inmunológicas que modifican la concentración basal de citocinas y la distribución de poblaciones linfocitarias. Sin embargo, en Ecuador no existen intervalos de referencia para biomarcadores inflamatorios ni para inmunofenotipificación en adultos sanos residentes en regiones andinas, lo que limita la interpretación clínica, el diagnóstico inmunológico y el desarrollo de investigaciones en medicina de laboratorio e inmunología.

Objetivo

Establecer intervalos de referencia para proteína C reactiva (PCR), interleucinas IL-6, IL-1 β e IL-10, células NK, linfocitos T CD4+, CD8+ y la relación CD4/CD8 en adultos sanos residentes en Cuenca, Ecuador, localizada a 2500 metros sobre el nivel del mar.

Metodología

Se realizó un estudio observacional, descriptivo y transversal en 235 adultos aparentemente sanos residentes en Cuenca. Los participantes fueron seleccionados conforme a los criterios de la guía CLSI EP28-A3c para estudios de intervalos de referencia. Las concentraciones séricas de PCR e interleucinas se determinaron mediante ELISA y las subpoblaciones linfocitarias mediante citometría de flujo. Los intervalos de referencia se establecieron utilizando los percentiles 2,5 y 97,5, con estratificación por sexo y grupos etarios.

Resultados

Se incluyeron 235 participantes, de los cuales el 67,7 % correspondió a mujeres y el 58,3 % a adultos jóvenes. Las mujeres presentaron mayores recuentos medianos de linfocitos CD4+ (821,69 células/ μ L) e índices CD4/CD8 superiores a los observados en hombres, mientras que los hombres mostraron mayores recuentos de células NK (403,01 células/ μ L). Asimismo, se identificaron diferencias en los intervalos de referencia de PCR, IL-6, IL-1 β , IL-10 y la relación CD4/CD8 según sexo y edad. El límite superior de PCR fue de 13,90 mg/L en mujeres y 7,29 mg/L en hombres, mientras que la relación CD4/CD8 presentó intervalos de 0,78–3,51 y 0,72–4,47, respectivamente, evidenciando variaciones fisiológicas asociadas a la población.

FECHA: 2026-07-15 22:28:10.070

ID: ZZ39

TEMA: Análisis multimétodo de infecciones por bacterias productoras de carbapenemasas en un Hospital Ecuador, 2023–2024

COAUTORES: Miguel Lano (Universidad de las Fuerzas Armadas Espe); Anabel Parra (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE); Santiago Quinga (Universidad de las Fuerzas Armadas Espe); Nury Ortiz (Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE)

NOMBRE: Giancarlo Materón Moreira

CORREO: ggmateron@espe.edu.ec

TELÉFONO: +593 96 901 4779

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE

ESPECIALIDAD: Microbiología

Introducción:

Las bacterias productoras de carbapenemasas (BPC) son resistentes a carbapenémicos, antibióticos de última línea. El perfil de sensibilidad define el tratamiento disponible: sensible a CAZ/Avibactam, intermedio a colistín, o resistente.

Objetivos:

Caracterizar el perfil microbiológico, clínico y los desenlaces a 30 días de pacientes con BPC, incluyendo el test de colistín y la evolución de resistencias en reingresos. Quito, Ecuador, 2023–2024.

Metodología:

Diseño observacional retrospectivo en un hospital de tercer nivel de Quito, Ecuador, período 2023–2024, con n=70 BPC confirmadas (43 con registro clínico completo; 27 solo con germen y sensibilidad). Variables: germen, sensibilidad a CAZ/Avibactam, test de colistín, muestra, servicio, diagnóstico, días de UCI, ventilación mecánica, hospitalización, desenlace global a 30 días, estancia definitiva y evolución de resistencias en reingresos. Análisis: estadística descriptiva y seguimiento longitudinal de pacientes con múltiples ingresos (n=9).

Resultados:

K. pneumoniae fue el germen predominante (51/70, 72,9%), seguido de *E. cloacae* (6/70, 8,6%) y *P. aeruginosa* (4/70, 5,7%, único con perfil intermedio). El 87,1% (61/70) presentó sensibilidad a algún esquema antimicrobiano, y específicamente a CAZ/Avibactam el 84,3% (59/70); 4,3% (3/70) fue resistente y 2,9% sin clasificar. En el test de colistín (n=27), 18 aislamientos se categorizaron como intermedios, 5 como resistentes y 4 sin categoría consignada. El diagnóstico más frecuente, agrupando categorías, fue neumonía (14/43, 32,6%); Hematología tuvo la mayor mortalidad proporcional (3/4, 75%; n pequeño). La mortalidad global a 30 días fue 18,6% (8/43); 69,8% (30/43) fue dado de alta a domicilio y 11,6% (5/43) a cuidados paliativos, asilo o traslado. Dos de los tres resistentes a CAZ/Avibactam fueron NDM; el tercero fue resistente a colistina (VIM), sin test de CAZ/Avibactam registrado.

Conclusiones:

K. pneumoniae es el agente BPC predominante, con sensibilidad conservada a algún esquema antimicrobiano en la mayoría de los casos. *P. aeruginosa*, único germen con perfil intermedio, tiene en colistín una opción terapéutica. El test de colistín identificó pacientes con opciones terapéuticas más limitadas. El subgrupo con datos clínicos completos subrepresenta ciertos gérmes ($p \approx 0,001$), lo que limita la generalización de los hallazgos clínicos.

Palabras clave (9, dentro del rango 3–10):

carbapenemas, *Klebsiella pneumoniae*, resistencia antimicrobiana, CAZ/Avibactam, colistín, evolución de resistencias.

FECHA: 2026-07-15 22:47:36.441

ID: ZZ40

TEMA: Vigilancia microbiológica en superficies de alto contacto del transporte público urbano en Quito

COAUTORES: Jhon Michael Venegas Arregui (Universidad Central del Ecuadorl Eca); Marco Orlando Fuel Herrera (Universidad Central del Ecuadorl Eca)

NOMBRE: Dayana Carolina Lagos Madril

CORREO: carolinalagosmadril@gmail.com

TELÉFONO: 983118635

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Central del Ecuadorl Eca

ESPECIALIDAD: Microbiología

INTRODUCCIÓN: La resistencia antimicrobiana constituye un problema de salud pública que no se limita al ámbito hospitalario. Los espacios comunitarios de alta circulación, como el transporte público urbano, concentran superficies compartidas y contacto manual frecuente, lo que permite estudiar la presencia de bacterias de interés microbiológico. En este contexto, el laboratorio cumple un papel clave al transformar muestras ambientales en evidencia útil para vigilancia, prevención y toma de decisiones sanitarias.

OBJETIVO Caracterizar bacterias recuperadas de superficies de alto contacto del transporte público urbano del Distrito Metropolitano de Quito mediante aislamiento, identificación y susceptibilidad antimicrobiana, con énfasis en la detección de perfiles de interés microbiológico y su utilidad como modelo de vigilancia ambiental-comunitaria.

MÉTODOS: Estudio observacional, descriptivo y transversal realizado en Quito durante julio 2025 . Se analizaron 60 muestras ambientales obtenidas de 20 unidades de transporte público

urbano, distribuidas en tres zonas de contacto manual frecuente (Z1-Z3). El aislamiento se efectuó en medios selectivos y diferenciales. La identificación se realizó por pruebas bioquímicas convencionales y la susceptibilidad antimicrobiana por Kirby-Bauer, con interpretación según CLSI 2026. Se empleó método automatizado Phoenix M50 con la finalidad de validar los resultados. El análisis estadístico fue descriptivo

RESULTADOS: A partir de 60 muestras se recuperaron 110 aislados bacterianos. Predominaron *Staphylococcus* spp. con 58 aislados (52,7%), seguidos de *Bacillus* spp./*Bacillus cereus* con 26 (23,6%), enterobacterias con 10 (9,1%) y *Pseudomonas* spp. con 5 (4,5%) (Figura 1). La mayoría fue sensible (97/110; 88,2%), mientras 6 (5,5%) presentaron perfiles resistentes (Figura 2). Las zonas Z1 y Z2 concentraron 37 aislados cada una, y Z3 recuperó 36; no obstante, Z3 presentó mayor predominio de *Staphylococcus* spp. Entre los aislados resistentes de *S. aureus*, se identificaron fenotipos de interés: MLSB inducible, MLSB constitutivo, Dtest positivo, (Ilustración 1) y productores de betalactamasa (Figura 3).

CONCLUSIÓN: Las superficies de alto contacto del transporte público urbano pueden emplearse como puntos de vigilancia microbiológica ambiental. El predominio de *Staphylococcus* spp., la recuperación de enterobacterias y *Pseudomonas* spp., y la detección de un subgrupo con perfiles resistentes demuestran la utilidad del laboratorio para identificar hallazgos de interés y apoyar estrategias preventivas basadas en evidencia.

FECHA: 2026-07-15 23:04:47.773

ID: ZZ41

TEMA: Utilidad diagnóstica de la hemoglobina de reticulocito en la detección temprana de anemia ferropénica

NOMBRE: ANA PATRICIA LARA FONSECA

CORREO: apfonseca096@gmail.com

TELÉFONO: 984045331

PAÍS: ECUADOR

CIUDAD: QUITO

INSTITUCIÓN: UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR

ESPECIALIDAD: Hematología

La anemia ferropénica constituye una de las alteraciones hematológicas más frecuentes a nivel mundial y representa un importante problema de salud debido a sus repercusiones sobre la capacidad funcional y la calidad de vida de las personas. En este contexto, la presente investigación tuvo como propósito evaluar la utilidad diagnóstica de la hemoglobina de reticulocito (Ret-He) para la detección temprana de anemia ferropénica en pacientes atendidos en

el Hospital Militar de Pichincha. Se desarrolló un estudio con enfoque cuantitativo, diseño no experimental, alcance descriptivo-correlacional y de tipo retrospectivo, utilizando información clínica y resultados de laboratorio obtenidos de pacientes atendidos en esta institución de salud. El análisis permitió identificar que las pérdidas ginecológicas y digestivas constituyeron las principales causas asociadas a la deficiencia de hierro. Los resultados evidenciaron disminución de los parámetros hematológicos característicos de la anemia ferropénica, así como valores reducidos de hemoglobina de reticulocito en los diferentes grupos evaluados. La correlación positiva observada entre el Ret-He, la hemoglobina y el hierro sérico confirmó su relación con la disponibilidad funcional de hierro para la eritropoyesis. De igual forma, las curvas ROC mostraron un adecuado rendimiento diagnóstico, alcanzando áreas bajo la curva superiores a 0,84 frente a los principales marcadores utilizados en la práctica clínica, mostrando una elevada especificidad (78,2%) y sensibilidad (86,4%), lo que permitió establecer un punto de corte de 20 pg y reforzar su capacidad para identificar alteraciones asociadas con la deficiencia de hierro, complementando la información proporcionada por otros indicadores hematológicos y bioquímicos. Asimismo, los modelos de regresión lineal simple y binaria evidenciaron un coeficiente positivo, confirmando que el Ret-He actúa como un predictor significativo, en conjunto con el área bajo la curva (AUC) con un valor de 0,914, lo que indica una buena capacidad discriminativa. En conjunto, estos hallazgos permiten concluir que la hemoglobina de reticulocito constituye una herramienta diagnóstica confiable para la identificación temprana de la anemia ferropénica, aportando información relevante para el diagnóstico oportuno y el manejo clínico de los pacientes.

FECHA: 2026-07-15 23:15:32.858

ID: ZZ42

TEMA: : Biomarcadores hematológicos, inmunológicos y virológicos en la fase febril del dengue: revisión sistemática de su utilidad en el diagnóstico y pronóstico.

COAUTORES: Camila Adanelis Peñafiel Apolo (Universidad Central del Ecuador); Bryant Daniel Yáñez Sánchez (Universidad Central del Ecuador)

NOMBRE: Dilaila Monserrat Cocha Nasimba

CORREO: dmcochan@uce.edu.ec

TELÉFONO: 983667039

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Central del Ecuador

ESPECIALIDAD: Inmunología

El dengue afecta a más de 130 países y es endémico en más de 100, con cerca de 390 millones de infecciones anuales. Un diagnóstico erróneo tiene implicaciones en la salud del paciente y su posterior tratamiento, uno ineficaz y costoso. El presente artículo de revisión tiene como objetivo evaluar biomarcadores de utilidad diagnóstica en la fase temprana del dengue a fin de aportar información para facilitar intervenciones médicas más oportunas, evitar complicaciones mortales y estratificar el riesgo entre pacientes.

Siguiendo el modelo PRISMA, se realizó una búsqueda en PubMed, Scopus y Cochrane Library (2016–2026), aplicando la estrategia PICO y criterios de inclusión centrados en estudios en humanos con al menos un biomarcador evaluado en fase febril. El cribado se gestionó en Catchii, con extracción independiente por los autores (concordancia Kappa de Cohen $>0,8$) y validación metodológica mediante STROBE (umbral $\geq 70\%$). De 415 registros identificados, 16 estudios cumplieron los criterios finales, con poblaciones de Asia (principalmente India) y Latinoamérica.

El antígeno NS1 mostró sensibilidad de hasta 87% en combinación con otros parámetros, con positividad de 82,9% en dengue grave frente a 0,7% en otras enfermedades febriles. La IgM se detectó entre el día 3 y 5, con positividad de 7,99–17%. La trombocitopenia estuvo presente en 76,59% de los casos, junto con VPM bajo (82%) y ADP elevado (90%). La ferritina y el Sindecano-1 mostraron valor pronóstico para dengue grave, aunque con especificidad variable.

Ningún biomarcador aislado logró un balance óptimo entre sensibilidad y especificidad, pero sí efecto sinérgico como la combinación NS1+IgM (sensibilidad 78,62%, especificidad 88,47%). Las citocinas (IL-6, IL-10, IL-8) e IL-18 se asociaron con gravedad e infección primaria o secundaria, mientras que ferritina y SDC-1 requieren interpretación junto al cuadro clínico por su reactividad inespecífica.

La incorporación de estos biomarcadores en los servicios de salud podría contribuir a un diagnóstico temprano y estratificación de riesgo más precisa, siendo necesaria su validación en estudios prospectivos multicéntricos que permitan estandarizar los puntos de corte para distintas poblaciones.

FECHA: 2026-07-15 23:24:17.472

ID: ZZ43

TEMA: De la simbiosis materno-neonatal al desarrollo de probióticos: establecimiento y caracterización de un banco de cepas bacterianas de calostro humano de madres ecuatorianas

COAUTORES: Salvador Pinos, Carmen (Universidad Central del Ecuador); Achig, Mishell (Universidad Central del Ecuador); Andrade, Carol (Universidad Central del Ecuador); Erazo, Anabel (Universidad Central del Ecuador); Guerra, Luis Santiago (Universidad Central del Ecuador); Acosta España, David (Universidad Internacional SEK (UISEK), Pontificia Universidad Católica del Ecuador); Vasco, Gabriela (Universidad Central del Ecuador); Yáñez, Eliana (Hospital General Docente de Calderón); Dueñas, Susana (Universidad Central del Ecuador); Mena Ayala, María Belén (Universidad Central del Ecuador); Toscano, Cristina (Universidad Central del Ecuador); Jácome, Juan Carlos (Universidad Central del Ecuador)

NOMBRE: Jennifer Natasha Viteri Zapata

CORREO: natashaviteri@hotmail.com

TELÉFONO: 994650200

PAÍS: Ecuador

CIUDAD: Quito

INSTITUCIÓN: Universidad Central del Ecuador

ESPECIALIDAD: Microbiología

Introducción: La colonización microbiana durante los primeros días de vida es fundamental para el desarrollo inmunológico, metabólico y neurológico del recién nacido. Comprender los mecanismos que regulan la simbiosis materno-neonatal es esencial antes de diseñar intervenciones dirigidas. En este contexto, la secuenciación masiva y el aislamiento de bacterias cultivables permiten caracterizar la microbiota y evaluar funcionalmente cepas con potencial probiótico.

Objetivo: Integrar hallazgos de secuenciación masiva del gen 16S rRNA con el establecimiento de un banco de cepas bacterianas cultivables aisladas de calostro humano de madres ecuatorianas, identificando cepas con potencial probiótico para futuras estrategias de modulación de procesos inflamatorios desde un enfoque de medicina personalizada.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional longitudinal en 69 binomios madre-recién nacido atendidos entre 2022 y 2023 en un hospital público de Quito, Ecuador. La microbiota materna y neonatal fue caracterizada mediante secuenciación masiva del gen 16S rRNA, complementada con análisis de diversidad, abundancia diferencial y posibles rutas de transmisión. Paralelamente, se obtuvieron 358 aislamientos bacterianos de calostro humano correspondientes a 48 madres, estableciéndose un banco de cepas cultivables. Doce cepas fueron identificadas mediante MALDI-TOF y evaluadas mediante pruebas microbiológicas, fenotípicas, de potencial probiótico y susceptibilidad antimicrobiana.

Resultados: Los hallazgos mediante NGS evidenciaron una diversidad microbiana relevante en los nichos maternos y neonatales, identificando patrones asociados a la salud materno-infantil y posibles rutas de transmisión microbiana durante el periodo perinatal. Se estableció un banco de 358 aislamientos bacterianos. Predominaron *Enterococcus faecalis* (58 %) y *Enterococcus durans* (42 %), ambas especies compatibles con bacterias ácido-lácticas. Las cepas de *E. faecalis* presentaron mayor capacidad de agregación y formación de biopelícula. La susceptibilidad antimicrobiana mostró perfiles heterogéneos, con predominio de sensibilidad frente a la mayoría de los antimicrobianos evaluados.

Conclusiones: La integración de NGS y microbiología cultivable permitió caracterizar la simbiosis materno-neonatal y establecer el primer banco de cepas bacterianas cultivables de calostro humano de madres ecuatorianas. Esta plataforma permitirá relacionar la diversidad

microbiana con características funcionales de cepas cultivables e identificar bacterias con potencial probiótico, sentando las bases para futuras estrategias de medicina personalizada y el desarrollo local de probióticos sustentados en evidencia científica.

FECHA: 2026-07-15 23:52:48.035

ID: ZZ45

TEMA: Frecuencia de *Candida* spp. en pacientes con estomatitis subprotésica que acuden a la clínica odontológica de la facultad de odontología. Cuenca, 2025

COAUTORES: Ivanna Solmayra Agreda Orellana (Carrera de Laboratorio Clínico de la Facultad de Ciencias Médicas de la Universidad de Cuenca) (Hospital del Río, Cuenca, Ecuador) Ariel Julian León Ortega (Carrera de Laboratorio Clínico de la Facultad de Ciencias Médicas de la Universidad de Cuenca), Mishelle Veronica Pulla León (Carrera de Laboratorio Clínico de la Facultad de Ciencias Médicas de la Universidad de Cuenca)

NOMBRE: Ivanna Solmayra Agreda Orellana

CORREO: ivanna.agreda@ucuenca.edu.ec

Antecedentes: El uso inadecuado de prótesis dentales removibles favorece la estomatitis subprotésica y las infecciones por *Candida* spp., una micosis relevante en salud pública por su alta prevalencia y el aumento de cepas resistentes al fluconazol; lo que compromete la eficacia terapéutica. Objetivo: Determinar la frecuencia de *Candida* spp. en pacientes con estomatitis subprotésica que acuden a la clínica odontológica de la Facultad de Odontología, Cuenca, 2025. Metodología: Consistió en un estudio descriptivo y transversal enfocado en identificar las especies causantes de la infección, su actividad antifúngica y asociación con las variables de estudio. El universo estuvo conformado por todas las muestras recolectadas durante el periodo establecido. Resultados: De los 50 pacientes, el 68 % presentó positividad para *Candida* spp., predominando en el sexo femenino (57,9%). *Candida albicans* fue la especie más frecuente (44,74 %) en el grupo etario de vejez (86,84%) y en el grado I (81,58%). Todas las cepas de *C. albicans*, *C. tropicalis* y *C. dubliniensis* fueron sensibles al fluconazol; *C. glabrata* presentó sensibilidad dependiente de la dosis en su totalidad. Conclusión: Se evidenció una alta frecuencia de estomatitis por *Candida* spp., siendo *C. albicans* la especie predominante, asociada principalmente al sexo femenino, adultos mayores y en lesiones de grado I. En cuanto a la respuesta antifúngica, las especies aisladas mostraron susceptibilidad al fluconazol. *C. glabrata* presentó sensibilidad dependiente de la dosis.

Palabras clave: estomatitis subprotética, candidiasis oral, fluconazol, prótesis dental

