



37^o
**CONGRESO
NACIONAL**

CARTAGENA

INTELIGENCIA ARTIFICIAL

22 · 23 / MAYO 2026

AUDITORIO Y PALACIO DE CONGRESOS EL BATEL

Curso Previo: 21, 22 y 23 de mayo 2026
INTELIGENCIA ARTIFICIAL EN EL LABORATORIO



RECONOCIDO DE INTERÉS SANITARIO POR LA CONSEJERÍA DE SALUD

Evento reconocido y auspiciado por la Asociación Europea de Científicos Biomédicos (EPBS).

— **Comité Organizador** —

Presidente Juan Carlos Rodríguez Pérez

Vicepresidenta y Directora del Curso Previo Patricia Fernández González

Secretaría Técnica Marcos Vázquez Castro

Secretaría de Finanzas Enriqueta Pumarejo Gómez

— **Junta Directiva Aetel** —

Presidente Juan Carlos Rodríguez Pérez

Vicepresidenta Patricia Fernández González

Tesorera Enriqueta Pumarejo Gómez

Secretario Marcos Vázquez Castro

Vocales Ángel Estébanez Gallo

José Herminio García Vela

José María González Herbón

Jesús Carlos Revenga Prieto

Idoia Rodríguez Serrano

— **Comité Científico** —

Presidente Ángel Estébanez Gallo

Coordinadores Científicos Carmen Casado Hernández

M^a José de Cabo Morales

Raúl González Panchuelo

Rosaura Reguera Andrés

Javier Sánchez Hernández



SUMARIO

- Anatomía Patológica	03
- Bioquímica	07
- Genética	49
- Hematología	64
- Inmunología	100
- Microbiología.	106
- Miscelánea	147
- Índice de autores.	156

DIRECTOR Juan Carlos Rodríguez Pérez

CONSEJO REDACCIÓN Ángel Estébanez Gallo, Patricia Fernández González y José Herminio García Vela

REDACCIÓN C/ Mayor, 6 - local 1º, 3 - 28013 MADRID - Teléfono 915 225 197 - madrid@aetel.es

EDITA AETEL

DISEÑO e IMPRESIÓN Alfredo Gráficos - alfredograficos@alfredograficos.com

Dep. Legal M-10477-89 ISSN 1699-1036 Tirada 7.000 ejemplares

DISTRIBUCIÓN AETEL se distribuye a todos los socios, suscriptores, autoridades sanitarias y educativas

ANATOMÍA PATOLÓGICA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 092

PROCESO DE OPTIMIZACIÓN EN LA CALIDAD DEL TEJIDO DE PIEL EN TÉCNICAS DE INMUNOHISTOQUÍMICA

Autor/a/s: Gloria Anierte, Joan Mañe, Christos Kiourtis, Amadeu Galaldà

Centro de Trabajo: Almirall R&D

Localidad: Sant Feliu de Llobregat

CódigoPostal: 08980

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: ganiorte.@almirall.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La inmunohistoquímica (IHC) es una técnica esencial en clínica e investigación biomédica que permite detectar y localizar proteínas específicas en tejidos mediante anticuerpos marcados. Uno de sus pasos clave es el desenmascaramiento del antígeno, que requiere altas temperaturas para exponer epítopos ocultos tras la fijación del tejido. Sin embargo, en muestras de piel este proceso puede dañar la estructura, provocando desprendimiento del colágeno y pliegues que dificultan la correcta evaluación histológica. Aun así, las técnicas histopatológicas siguen siendo fundamentales para el diagnóstico de enfermedades, como el cáncer, y para avanzar en la comprensión de procesos biológicos y el desarrollo de mejores tratamientos.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio, es preservar la morfología de la piel y garantizar un marcaje inmunohistoquímico específico y de buena calidad para poder realizar una correcta evaluación histológica. Para ello estudiamos diferentes condiciones de desenmascaramiento antigénico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio se emplearon muestras de piel de dorso y tejido auricular de ratón, junto con bazo utilizado como control positivo. Se evaluó la recuperación antigénica utilizando anticuerpos primarios monoclonales de conejo frente a CD4, CD34, CKIT y CD8β (Abcam). Las tinciones se realizaron empleando portaobjetos adhesivos Trajan Series 3, un baño de agua para el desenmascaramiento y la solución recuperadora Target Retrieval Solution pH9. Los cortes fueron posteriormente digitalizados mediante el sistema Hamamatsu Nanozoomer 2.0 RS. Se compararon cuatro condiciones de desenmascaramiento: 20min a 95°C, 20min a 80°C, 20min a 60°C y un protocolo suave a 60°C overnight (12–16h), utilizando sustrato cromogénicos diamino-bencidina (DAB) y buffers de lavado estandarizados.

RESULTADOS

Después de confirmar que a 60°C el colágeno de la piel de ratón conserva su morfología y no se desprende, procedimos a optimizar los diferentes anticuerpos que utilizamos internamente para verificar la obtención de un marcaje específico. En este trabajo mostramos los anticuerpos primarios de Abcam, CD4, CKIT, CD34 CD8β, sin embargo, también hemos optimizado otros anticuerpos. Además, hemos experimentado con tiempos más cortos de incubación del AC 1º (1h-2h-4h) para reducir la duración de la IHQ, aunque los resultados obtenidos no han sido tan satisfactorios. Solo la condición O/N dio resultados óptimos para la mayoría de los AC.

CONCLUSIONES

El desenmascaramiento antigénico durante el proceso de IHQ provoca desprendimiento del colágeno en muestras de piel. En el presente estudio se evaluaron cuatro condiciones de desenmascaramiento antigénico.

Tras la incubación a 60° C durante toda la noche se obtuvieron los mejores resultados, preservando la morfología de la piel de ratón y logrando un marcaje específico para cada uno de los anticuerpos estudiados (CD4, CD8b, CD34 y cKIT).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 161

EMPLEO DEL ANTICUERPO DOG1 PARA EL DIAGNÓSTICO DEL GIST.

Autor/a/s: Cristina Álvarez Abella, Nuria González Dorado, Lara Badillo Llamazares, Paz Castro Val, Lourdes Rodríguez Casado, Jessica Blanco Alonso, Diana Vázquez Manuel, Raquel González Martínez, Patricia Carrillo Gutierrez y María Concepción Álvarez Cañas.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE LEÓN

Localidad: LEÓN

Código Postal: 24008

Provincia: LEÓN

Correo electrónico primer firmante: krisspo1@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Un GIST es un tumor del estroma gastrointestinal que surge de las células intersticiales de Cajal, que son células de la pared del tracto digestivo encargadas de la motilidad, siendo en el estómago el más frecuente, entre el 50-60% del total. Se originan generalmente por mutaciones en los genes KIT o PDGFRA, los cuales se encargan de la regulación del crecimiento celular y requieren tratamientos especializados, por ello para su diagnóstico es necesario el uso de diferentes anticuerpos como el S100, AML, CD 34, C-kit y el DOG1.

El Anticuerpo DOG1 es muy sensible y específico empleado para la confirmación de los GIST, sobre todo cuando marcadores como C-kit son negativos. Su método de actuación consiste en su unión a una proteína de superficie celular, marcando así tumores y células intersticiales de Cajal poniéndolas de objetivos.

El principal objetivo es establecer un diagnóstico certero de GIST empleando el Ac DOG1 como referente de positividad debido a su gran sensibilidad y especificidad frente a otros anticuerpos que presentan menos especificidad como el CD34, e incluso en algunos casos que presentan negatividad en ciertas mutaciones en determinados axones, como es en el caso del anticuerpo C-Kit.

MATERIAL Y MÉTODOS

De las 6 biopsias de gastrectomía recibidas en el CAULE, 4 pacientes son diagnosticados como GIST en el año 2025, a los que se les realizó estudio inmunohistoquímico empleando los siguientes anticuerpos, mediante el equipo de BenchMark Ultra Plus de Roche, para poner de manifiesto la positividad en el tumor mesenquimal, concretamente para GIST.

- CD 34, prediluido.

- S100 prediluido.

- C-Kit con dilución 1/200 más control de amígdala.

- AML , prediluido.
- Ki-67 , prediluido.
- Desmina dilución 1/50.
- DOG 1 , con dilución 1/100 sin control.

Se emplea para el diagnóstico la siguiente tabla como directrices para la evaluación del riesgo de tumores gastrointestinales primarios:

RESULTADOS

Habiendo seleccionado 4 pacientes diagnosticados GIST y tras realizar las inmunotinciones con los Ac anteriormente nombrados, se establecen los siguientes resultados:

- CD 34: 3 casos positivos.
- S100: 3 casos negativos.
- C-Kit: 4 casos positivos, siendo positividad parcheada en tumores con mutación en el gen PDGFRA.
- AML: 2 casos levemente positivos y 2 casos negativos.
- KI-67: 1 caso positivo.
- Desmina: 2 casos negativos (siendo positivo para tumores como leiomioma).
- DOG1 :4 casos positivos, tanto en mutacion PDGFRA como en gen KIT.

CONCLUSIONES

De cara al tratamiento es de gran importancia establecer un diagnóstico diferencial entre GIST y otros tumores de partes blandas como el leiomioma (el cual es DOG 1 negativo). La combinación del uso de Ac (C-kit y DOG 1) entre otros, nos permite establecer una positividad de más del 90%, y teniendo en cuenta que un pequeño porcentaje de GIST presentan c-kit negativo, el uso del Ac DOG 1 es primordial para establecer la positividad debido a su gran especificidad y sensibilidad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 209

QUE SE PUEDE ESCONDER TRAS UN DIAGNÓSTICO DE CÉLULAS GLANDULARES ATÍPICAS EN UNA CITOLOGÍA VAGINAL

Autor/a/s: Nuria González Dorado, Lara Badillo Llamazares, Cristina Álvarez Abella, Paz Castro Val, Gonzalo Lage Vázquez, Ana Luisa Alonso Monge, Mari Luz Baltasar Moreira, Cristina Hernando Moreno, Engracia Santín Piedrafita, José Santos Salas Valien

Centro de Trabajo: Complejo Asistencial de León (CAULE)

Localidad: León

Código Postal: 24071

Provincia: Castilla y León

Correo electrónico primer firmante: nemes3@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El objetivo del estudio de una citología vaginal, es detectar de forma precoz lesiones displásicas intraepiteliales. Las displasias glandulares constituyen únicamente entre el 3 y 5%, siendo el resto de displasias de células escamosas.

El sistema Bethesda recomienda obtener al menos 10 células endocervicales o de metaplasia, para considerar como óptima la toma.

OBJETIVOS

Estudio retrospectivo de los 5 últimos años de las citología vaginales, en el CAULE, con diagnóstico de células glandulares atípicas y correlación con el seguimiento de las pacientes.

MATERIAL Y MÉTODOS

Entre el año 2020 y 2024, de las 11707 citologías vaginales estudiadas en el CAULE, 29 se diagnosticaron con presencia de células glandulares atípicas. Estas alteraciones pueden observarse en procesos benignos como endocervicitis, hiperplasia glandular, DIU o presencia de pólipos, o por procesos tumorales malignos como el adenocarcinoma.

Las características para identificar éste tipo de células son agrupamiento celular, superposición, pseudoestratificación, bordes desfleados y mal definidos, incluso pudiendo observarse formaciones morulares, núcleos hiper cromáticos, con cromatina irregular y perdiendo la relación Nucleo /Citoplasma (N/C), estas características hacen difícil la distinción entre una lesión escamosa de alto grado (HSIL) con una glandular.

Tras el diagnóstico por citología vaginal de AGUS, se estudia la evolución de los casos y las distintas biopsias realizadas.

RESULTADOS

De las 29 pacientes, 11 resultaron negativas en procesos posteriores, 5 se diagnosticaron como lesión de HSIL, y 8 se diagnosticaron como positivas para Adenocarcinoma, 1 Carcinoma seroso de ovario y 1 inicialmente diagnosticado como HSIL acabo derivando en un diagnóstico de Adenocarcinoma en posteriores revisiones, y 3 pacientes no continuaron con ningún tipo de seguimiento tras el diagnóstico de AGUS ,

Aunque la positividad en HPV, tiene una relación baja en las neoplasias glandulares, los adenocarcinomas tienen más frecuencia con el virus del papiloma humano considerado de alto riesgo, de las 9 muestras positivas para adenocarcinoma, 4 eran positivas para el virus 16 y/o 18, considerado de alto riesgo, lo que eleva a un 44% del total.

CONCLUSIONES

El 27% de las citologías de AGUS resultaron ser adenocarcinoma, el 17% fue HSIL, el 42% no se observó ningún tipo de lesión, un 10% no continuó con los seguimientos, 3% inicialmente se diagnosticó una lesión precancerosa que derivó en Adenocarcinoma y el 3% restante otro tipo tumoral.

Un diagnóstico de AGUS en citología vaginal, no es un diagnóstico definitivo, pero si crucial para estudiar más a fondo el tipo de lesión que se puede esconder tras este tipo de celularidad, por lo que un examen rutinario puede desenmascarar una lesión mayor y su tratamiento a tiempo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 210

COPATOLOGÍAS EN ENFERMEDADES NEURODEGENERATIVAS EN EL BANCO DE TEJIDOS NEUROLÓGICOS DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO DE LEÓN

Autor/a/s: Paz Castro Val, Rut Barreda Alonso, Lara Badillo Llamazares, Nuria González Dorado, Raquel Melcón Fernandez, Ana Martínez Escribano, María Fraile Lopez, Tamara Sans Cañibano y Ana Cuesta Díaz de Rada.

Centro de Trabajo: Complejo asistencial Universitario de León (CAULE)

Localidad: León

Código Postal: 24071

Provincia: Castilla y León

Correo electrónico primer firmante: pcastrov@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las enfermedades neurodegenerativas se deben a alteraciones estructurales en distintas proteínas (xe TAU, Alfa sinucleína o TDP43).

La asociación de defectos en varias de estas proteínas, en vez de la alteración de una única proteína, está siendo cada vez más descrita en las enfermedades neurodegenerativas.

OBJETIVOS

Describir las distintas copatologías y las proteínas implicadas en las mismas, dentro de la cohorte del Banco de Tejidos Neurológicos del Complejo asistencial Universitario de León (CAULE).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se revisan los diagnósticos emitidos en el Banco de Tejidos Neurológicos del Complejo asistencial Universitario de León (CAULE) desde su creación en 2017.

Se recogen 42 casos entre 2017 y 2026, de los cuales, 32 cuentan con diagnóstico definitivo.

Se revisa estadísticamente los distintos diagnósticos y se revisan las preparaciones histológicas con la ayuda de una experta neuropatóloga.

Se estudian la presencia de las proteínas TAU, Bamilioide, TDP43 y alfa sinucleína, mediante inmunohistoquímica, y su depósito o alteración en las distintas áreas del Sistema Nervioso Central. Se hacen los distintos estadios, según protocolos establecidos para las distintas enfermedades Neurodegenerativas.

RESULTADOS

Se observa la presencia de copatología en 23 casos, siendo la asociación más frecuente la alteración en TAU, Bamilioide y alfa sinucleína, con la consiguiente copatología más frecuente de Enfermedad de Alzheimer y Demencia por cuerpos de Lewy, asociado además a alteraciones vasculares. 9 de los casos de nuestra cohorte muestran una única patología, con una única alteración proteica, como por ejemplo los casos de Esclerosis Lateral Amiotrófica y Degeneración Corticobasal.

CONCLUSIONES

Las copatologías son muy habituales en las Enfermedades Neurodegenerativas. En nuestra cohorte se ha visto una prevalencia de copatologías en el 72% de los casos estudiados. Estos resultados son comparables con los resultados obtenidos en otras cohortes de centros con mayor número de casos.

Las alteraciones en las distintas proteínas implicadas en las Enfermedades Neurodegenerativas no suelen ser aisladas y se está describiendo cada vez más la interacción de varias proteínas patogénicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 236

ESTUDIO COMPARATIVO DE LA VIABILIDAD DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS EN MUESTRAS DE CITOLOGÍA ENDOCERVICAL PROCESADAS CON PROTOCOLO EPREDIA Y CON PROTOCOLO THINPREP.

Autor/a/s: Ortega Rojo, Francisco José. Pigazo Merino, José María. Caramanzana País, Ana Demelza. González Barrera, María Cruz. Muñiz Rocas, Raquel, González de la Parra, Marta. Callejo Perez, Patricia. Torres Nieto, María Ángeles.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Río Hortega

Localidad: Valladolid

Código Postal: 47131

Provincia: Valladolid

Correo electrónico primer firmante: txikiortega@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La citología cervicovaginal procesada con la tecnología Thinprep se

ha convertido en el estándar internacional para el cribado de cáncer de cuello de útero.

Según las guías, en pacientes con la zona de transición situada en el endocervix, se recomienda una toma endocervical con cepillo endocervical (tipo brush). Estas muestras estaban siendo tomadas con cepillo "tipo brush", recogidas en vial Thinprep y procesadas según protocolo de rutina para muestras cervicovaginales (con tratamiento con ácido acético en las muestras hemáticas). Ante la baja rentabilidad celular obtenida con este tipo de toma y de procesamiento posterior, se estudió la opción de modificar tanto el fijador para la toma de las muestras como el procesado en el laboratorio de citología. La otra opción a valorar ha sido la tecnología para citología líquida EpreDia (Palex Medical). En diciembre de 2025 comenzaron las primeras pruebas en paralelo.

OBJETIVOS

Valorar las ventajas e inconvenientes de las muestras endocervicales procesadas con tecnología EpreDia frente a las procesadas con Thinprep. Procesar en paralelo muestras de tomas endocervicales de un número de pacientes (10) para realizar un estudio comparativo e instaurar el protocolo que mejor rendimiento y sensibilidad proporcione, manteniendo unos tiempos de fijación y procesado de las muestras similares. Disminuir el porcentaje de muestras no valorables para diagnóstico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Desde diciembre de 2025 se comenzó a trabajar junto con el Servicio de Ginecología para que tomaran 2 muestras distintas de cada paciente para poder procesar en paralelo cada una de ellas con 2 protocolos distintos y así comparar los resultados obtenidos. Se probó también de manera simultánea en las muestras recogidas en vial Thinprep con gran cantidad de sangre, a aplicarles un tratamiento con ácido acético para eliminar el artefacto causado por la elevada cantidad de hematíes. Muestras analizadas en paralelo y elegidas de manera aleatoria.

Protocolo Thinprep: 1.- Toma de muestra con cepillo "tipo brush" y fijación en vial Thinprep (PreservCyt). 2.- Tratamiento con ácido acético 3%* 3.- Procesado de vial en equipo Thinprep5000 con portaobjetos y filtro para muestras ginecológicas (fijación del portaobjetos en alcohol 96° tras extraerlos del Thinprep5000). 4.- Tinción con Papanicolaou de rutina.

Protocolo EpreDia: 1.- Toma de muestra con cepillo "tipo brush" y fijación en vial cargado con CitoRich (EpreDia). 2.- Preparación de megacitocámara EpreDia (2-3 ml dependiendo de la densidad de la muestra) y centrifugado (1200 rpm 5 min.) en centrífuga tipo Cytospin. 3.- Dejar secar al aire el portaobjetos EpreDia para megacitocámara y fijar con alcohol 96°. 4.- Tinción con Papanicolaou de rutina.

Los portaobjetos una vez teñidos con Papanicolaou son valorados al microscopio por 2 observadores: Citotécnico y Anatomopatólogo.

*Protocolo tratamiento Thinprep con ácido acético: añadir a un tubo falcon la muestra (20 ml) y 30 ml de una mezcla de ácido acético al 3% en CytoLit, vortear y centrifugar (1200 rpm 5 min.), decantar el sobrenadante. Añadir 20 ml de PreservCyt y procesar en equipo Thinprep según protocolo estándar.

RESULTADOS

Los resultados obtenidos tras la visualización al microscopio por los dos observadores han sido los siguientes: Protocolo Thinprep:

- Fondo: Limpio, pero con hematíes.
- Cantidad celular: Menor cantidad celular (por saturación del filtro por moco).
- Grupos celulares: Pérdida de arquitectura y de agrupamiento tridimensional.
- Detalle celular: Células aplastadas y dificultad para ver núcleos y valorar relación núcleo/citoplasma.

- Artefactos: Acúmulos linfoides que dificultan la visión.
- Sensibilidad: Muy alta en lesiones escamosas. Protocolo citología líquida EpreDia:
- Fondo: Muy limpio, los hematíes se lisan. A veces puede aparecer detritus y algo de proteína.
- Cantidad celular: Mayor densidad celular por mayor adherencia del portaobjetos.
- Grupos celulares: Bien preservados.
- Detalle celular: Buen detalle celular. Morfología conservada.
- Artefactos: Minimiza en gran medida los artefactos por desecación. Los linfocitos se ven aislados.
- Sensibilidad: Muy alta en lesiones glandulares.

Tras la valoración de los resultados se adoptó la medida de procesar todas las muestras de citología endocervical con el protocolo EpreDia.

CONCLUSIONES

El protocolo de citología líquida EpreDia en muestras endocervicales ofrece una mayor densidad y mejor preservación celular, con un fondo más limpio y menos artefactos que Thinprep. Esto se traduce en una mejor valoración morfológica, especialmente de las lesiones glandulares, mientras que Thinprep resulta más limitado en este contexto concreto. Por ello se ha decidido implantar EpreDia como protocolo rutinario para citología endocervical.

* Se ha observado también una excelente calidad en las tinciones inmunohistoquímicas en las citologías endocervicales procesadas con protocolo EpreDia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 240

MANEJO DEL GANGLIO CENTINELA INTRAOPERATORIO DE MAMA Y ENDOMETRIO.

Autor/a/s: Lara Badillo LLamazares, Cristina Alvarez Abella, Nuria Gonzalez Dorado, Paz Castro Val, Sonia Liébana Llanos, Beatriz Alonso Reyero, Leticia de Celis García, Alba Gonzalez Abajo, Emiliano Honrado Franco

Centro de Trabajo: Complejo Asistencial Universitario de León

Localidad: León

Código Postal: 24008

Provincia: León

Correo electrónico primer firmante: lbadillo@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El ganglio centinela es el primer ganglio linfático que recibe el drenaje de un tumor primario. Durante la cirugía, para su localización, se inyecta un colorante

vital azulado alrededor de la masa tumoral, y en mama debajo de la areola o en la propia piel que recubre el tumor. Su análisis es fundamental para detectar de forma precoz la diseminación metastásica. Éste proceso nos permite determinar el estadio de la enfermedad y evitar linfadenectomías innecesarias.

OBJETIVOS

Identificar la presencia de macro o micrometástasis de manera rápida y eficaz durante la cirugía.

Estandarizar el procesamiento técnico del ganglio centinela y de este modo garantizar una mayor sensibilidad diagnóstica.

Evitar las intervenciones quirúrgicas de linfadenectomías en pacientes con ganglios negativos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Recepción y preparación: recibimos el ganglio “en fresco” sin ningún tipo de fijador. Se realiza una “limpieza” del ganglio en la que eliminamos el tejido adiposo perinodal y dejamos sólo el tejido ganglionar. Tenemos que pesar el ganglio teniendo en cuenta que el peso mínimo permitido es 0,025 gr y el peso máximo 0,6 gr, de modo que si es pequeño se incluirá solo y si es grande se dividirá en las partes que sean necesarias.

Análisis método OSNA previa calibración del analizador RD210:

Realizaremos la calibración de la máquina con LYNOAMP CK19 que incluyen control positivo, control negativo y cebadores/primer.

Homogeneización: colocaremos el ganglio dentro del tubo Lynoprep con 4ml del tampón lisis lynorhag y lo introducimos en la máquina RP para su homogeneización. Éste proceso es realizado a 10,000 rpm en 90 segundos, pudiendo realizar el proceso de 4 ganglios distintos simultáneamente.

Extracción del ARN: pasaremos 1ml del material homogeneizado para un eppendorf, lo centrifugamos 60 seg y pipeteamos 500 ul del sobrenadante para un vial en el que previamente hemos puesto 180 ul de lynorhag. Lo centrifugaremos 20 seg y lo ponemos en la máquina en su hueco correspondiente.

Amplificación por PCR: colocaremos los reactivos en la posición correcta en el analizador RD210 y una vez registrada la muestra iniciamos el análisis.

Interpretaremos los resultados y validaremos si todo ha salido correctamente.

RESULTADOS

La realización de la PCR a tiempo real permite obtener resultados cuantitativos durante la propia intervención:

Capacidad de distinguir entre ganglio negativo $1.6 E+02$ copias, micrometástasis de

Eficiencia diagnóstica.

CONCLUSIONES

La técnica es altamente sensible y específica, permitiendo tomar decisiones quirúrgicas en tiempo real, aproximadamente 30 minutos.

Su aplicación está altamente validada para cáncer de mama y se encuentra en expansión para el cáncer de endometrio y colon.

El manejo técnico es el mismo para ambos tipos de tumores.

La implicación y especialización del técnico son factores cruciales en la técnica del OSNA, ya que garantizan la precisión en cada paso del proceso.

BIOQUÍMICA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 008

COBERTURA Y TASA DE CRIBADO DE PREECLAMPSIA PRECOZ DURANTE 2025

Autor/a/s: MARIA ISABEL BEATO VIRLAN, AGUSTIN GONZALVEZ TIERNES, DRA. M^a ANGELA GONZALEZ GARCIA

Centro de Trabajo: ANALISIS CLINICOS, HOSPITAL UNIVERSITARIO DE JEREZ DE LA FRONTERA

Localidad: JEREZ DE LA FRONTERA

Código Postal: 11401

Provincia: CADIZ

Correo electrónico primer firmante: agus.gonzalvez@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

EL CRIBADO DE PREECLAMPSIA PRECOZ REALIZADO EN EL PRIMER TRIMESTRE GESTACIONAL, ES UN METODO DE CRIBADO CUYO ALGORITMO COMBINA Y EVALUA FACTORES MATERNOS, ECOGRAFICOS, TENSION ARTERIAL MEDIA, DOPPLE DE ARTERIA UTERINA Y MARCADORES BIOQUIMICOS (PAPP-A Y PIGF), PARA IDENTIFICAR GESTANTES DE ALTO RIESGO DE DESARROLLAR PREECLAMPSIA PRECOZ ANTES DE LA SEMANA 34.

OBJETIVOS

IDENTIFICAR TODOS LOS CASOS DE GESTANTES EN SU PRIMER TRIMESTRE DE EMBARAZO CON RIESGO DE DESARROLLAR UNA PREECLAMPSIA POSTERIOR.

MATERIAL Y MÉTODOS

MATERIALES:

1776 SUEROS DE GESTANTES EN PRIMER TRIMESTRE DE EMBARAZO ENTRE LA SEMANA 9 Y 14, EXCLUYENDO EMBARAZOS GEMERALES. KIT REACTIVO DEL MARCADOR PAPP-A.

KIT REACTIVO DEL MARCADOR PGLF.

KIT CONTROLES DE AMBOS BIOMARCADORES.

INTEGRACION DE MARCADORES BIOQUIMICOS (MIDIENDO LA PRESION ARTERIAL Y EL DOPPLE DE ARTERIAS UTERINAS). MEDIANTE EL PROGRAMA ESTADISTICO DEL CRIBADO SSDLAW VERSION 6.

AUTOANALIZADOR COBAS E-411 ROCHE. METODO:

INMUNOENSAYO DE ELECTROQUIMIOLUMINISCENCIA " ECLIA " EN EL SISTEMA COBAS E-411 DE ROCHE DIAGNOSTICS.

RESULTADOS

DURANTE EL AÑO 2025 SE REALIZO EL CRIBADO DE PREECLAMPSIA PRECOZ A 1776 GESTANTES. LA TASA GLOBAL DE CRIBADO POSITIVO FUE DEL 13.3 %.

CONCLUSIONES

EL CRIBADO MOSTRO UNA ELEVADA COBERTURA Y UN RENDIMIENTO GLOBAL SIMILAR AL RECOMENDADO POR LA SEGO, NO OBSTANTE EL ANALISIS ESTRATIFICADO POR EDAD GESTACIONAL EVIDENCIO UNA MENOS CAPACIDAD DE DETECCION EN LA PREECLAMPSIA PRECOZ (< 34 SEMANAS), ESPECIALMENTE CONCENTRADA EN EL PRIMER TRIMESTRE, LO QUE SIGNIFICA LA IMPLEMENTACION DE MEDIDAS DE MEJORAS DIRIGIDAS A ESTE SUBGRUPO DE ALTO IMPACTO CLINICO.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 010

VALORES INDETECTABLES DE HbA1c COMO PISTA DIAGNÓSTICA DE ANEMIA HEMOLÍTICA. A PROPÓSITO DE UN CASO.

Autor/a/s: M. García Rodríguez, M.I. López Álvarez, M. Rubio Gayo, P. Janeiro Varela, M. R Leal Lavia, M. E.Rodríguez Arroyo, MC. Rodríguez Arias.

Centro de Trabajo: Hospital Meixoeiro

Localidad: Vigo

Código Postal: 36214

Provincia: Pontevedra

Correo electrónico primer firmante: monicamaral@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La hemoglobina A (alfa2beta2) es la forma mayoritaria de la hemoglobina en adultos (97%). La HbA1 es el resultado de una modificación postranscripcional de la HbA por la adición de glucosa en residuo N-terminal de las cadenas alfa y/o beta. La HbA1 se puede separar mediante cromatografía de intercambio catiónico en 3 fracciones: HbA1a, HbA1b y HbA1c, según el orden de elución en la columna, siendo el principal componente la HbA1c (un 80% de la HbA1) y se define como la Hb irreversiblemente glicada en uno o ambos extremos N-terminal-valina de las cadenas beta. Generalmente el recambio de eritrocitos es constante siendo la vida media de 120 días y la HbA1c refleja la glucemia del paciente en los 2 o 3 últimos meses. Cualquier condición que afecte al ciclo de vida media de los glóbulos rojos como anemia hemolítica, embarazo o una pérdida aguda de sangre hace que se reduzca la exposición de estos glóbulos a la glucosa y en consecuencia disminuye falsamente el resultado de la HbA1c.

OBJETIVOS

Conocer la importancia que tiene la ausencia de resultados cuantificables de HbA1c en la sospecha de patologías y la necesidad de intervención activa.

MATERIAL Y MÉTODOS

La HbA1c se determina por HPLC de intercambio catiónico en un equipo ADAMS A1c (Arkray)®. Los resultados de HbA1c se expresan en % referenciado al estándar DCCT (ensayo sobre control y complicaciones de la diabetes). Se calibra la columna con un calibrador 1 de 5.4% y un calibrador 2 de 10.8% y antes de procesar las muestras se realiza el control de calidad a tres niveles de concentración. La HbA1c se determina en muestras de sangre total recogidas en tubos con EDTA (etilén diaminotetraacético) como anticoagulante.

La HbA1c se utiliza para el diagnóstico y seguimiento de la Diabetes Mellitus aunque el método de HPLC de intercambio catiónico utilizado en el laboratorio para su determinación permite también conocer la presencia de HbF (Hb fetal) y de algunas hemoglobinopatías como la HbS y la HbC sin interferir la medida y alertar sobre la presencia de procesos que cursen con alteración de la vida media de los hematíes

RESULTADOS

Se describe el caso de un paciente varón ingresado en Medicina Interna en el que se detectan signos de anemización progresiva con disminución del recuento de hematíes (2,24x10⁶/uL) y del hematocrito, VCM elevado y anisopoiquilocitosis y esferocitosis en el frotis de sangre periférica. En los primeros resultados de bioquímica sérica no se detecta ferropenia aunque se observa aumento de LDH (enzima

Lactato Deshidrogenasa) y bilirrubina total. Destaca además que no se obtienen valores medibles de HbA1c por lo que se sospechó de una anemia hemolítica y se amplió la prueba de haptoglobina sérica resultando ser muy baja (5,8 mg/dL) compatible también con una hemólisis. Ante esos resultados se avisó al servicio de Hematología que completó el estudio realizando los Test de Coombs Directo (CD) e Indirecto (CI) que fueron positivos, siendo el CD positivo mono-específico IgG por lo que se diagnosticó finalmente de anemia hemolítica autoinmune por anticuerpos calientes. En el control del paciente a los 2 meses y 9 meses de iniciar el tratamiento se comprobó un aumento en el recuento de hematíes (3,55x10⁶/uL y 4,44x10⁶/uL, respectivamente) y ya fue posible obtener valores cuantificables de la HbA1c (4% y 5,1%, respectivamente) con glucemias dentro del rango normal durante todo el seguimiento.

CONCLUSIONES

Niveles muy bajos de HbA1c (<3%) deben hacer sospechar de una disminución de la vida media de los eritrocitos, es decir de hemólisis. En estos casos el área de bioquímica juega un papel muy importante con su participación activa y colaboración con otras áreas del laboratorio. La notificación de valores críticos y la pronta ampliación de pruebas de estudio de anemias permitieron el diagnóstico y tratamiento precoz del paciente. En conclusión la HbA1c no solo mide el control glucémico en pacientes diabéticos sino que es un marcador con implicaciones en la evaluación y diagnóstico de otras enfermedades como es en el caso presentado.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 011

PSICOSIS CORTICOIDEA

Autor/a/s: Xavier Aparisi Domingo, Cristina Serrano Huete, Valeria Molina Párraga, José Blas Fructuoso Martínez, Laura Rincón de Pablo, M^a Estrella Madrid Martín de Lucía, Ana M^a Bastante Rubio

Centro de Trabajo: Hospital General Universitario Ciudad Real

Localidad: Ciudad Real

Código Postal: 13005

Provincia: Ciudad Real

Correo electrónico primer firmante: xaparisi@sescam.jccm.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El carcinoma adrenal es una entidad muy infrecuente que se caracteriza por su alto riesgo de recurrencia, y difícil diagnóstico. La mayoría de los pacientes son diagnosticados de forma "incidental", tras la detección de masas adrenales por pruebas de imagen.

La psicosis esteroidea se usa para referirse a los efectos neuropsiquiátricos desencadenados por el uso de corticoesteroides entre los cuales se encuentran depresión, manía, delirium, insomnio, psicosis e incluso ideas suicidas.

OBJETIVOS

Describir el caso clínico de un varón con brote psicótico secundario a un carcinoma de corteza suprarrenal analizando el papel de las hormonas esteroideas en su diagnóstico y monitorización.

MATERIAL Y MÉTODOS

Varón de 22 años que acude a Urgencias acompañado de su familia por cuadro psicótico e intento autolítico. Las pruebas complementarias son anodinas. Tras reevaluar al paciente se objetiva cierto bloqueo en el habla cuyos familiares refieren que es de meses de evolución por lo que se decide su ingreso. Se encuentra pendiente de estudio por parte de Nefrología por ligera hipertensión arterial (HTA). Durante el ingreso se realiza nueva analítica sanguínea para el estudio de la HTA secundaria.

Ante estos hallazgos clínicos se solicitan pruebas de imagen que correlacionan los hechos con un posible cáncer adrenal metastásico. Se recibe nueva petición para el estudio de catecolaminas en orina y plasma para descartar feocromocitoma maligno.

Tras obtener todos los resultados de las pruebas complementarias se diagnostica al paciente de psicosis esteroidea secundaria a cáncer de corteza suprarrenal productor de corticoides y dehidroepiandrosterona estadio IV inoperable.

Las hormonas esteroideas se utilizan en estos casos para el seguimiento de la enfermedad y para la respuesta al tratamiento (abiraterona + Cisplatino etopósido).

RESULTADOS

- Pruebas hormonales para discernir el origen de la HTA:

Cortisol basal (166-497 nmol/L): 908

Dehidroepiandrosterona (DHEA) (211-492 µg/dL): >1000

Aldosterona (70-300) posición ortostática o (30-160) posición supina (pg/mL): 332 Renina (4.2-45.6) posición ortostática o (3.11-41.2) posición supina (µU/mL): 51.2

- Estudio de catecolaminas en orina y plasma --> Normales

- Monitorización niveles de hormonas esteroideas

Cortisol basal (166-497 nmol/L) DHEA (211-492 µg/dL)

Primera semana	1799	994
Cuarta semana	663	595
3 meses	292	289
4 meses	865	710
Conclusiones		

El cáncer adrenal es una patología con alto grado de diseminación que cursa en la mayoría de casos sin síntomas.

El único tratamiento curativo es la cirugía, siempre y cuando esta sea completa y a los pacientes se los diagnostique en estadios tempranos.

El diagnóstico de este paciente es "incidental" como ocurre en la mayoría de estos tumores, pero tiene la peculiaridad de que se detecta primero por la determinación de las hormonas esteroideas y no por pruebas de imagen, que suele ser lo más habitual.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 013

ELEVACIÓN DE PROCALCITONINA NO ASOCIADA A INFECCIÓN EN LA INTOXICACIÓN POR PARACETAMOL: SERIE DE TRES CASOS.

Autor/a/s: MELANIA HERNÁNDEZ BENITO; M^a LOURDES LORENZO VICENTE; ; M^a JESÚS MORÁN CRIADO; M^a CARMEN GONZÁLEZ MESONERO; ANA M^a SASTRE GARROTE; M^a MANUELA BLANCO IGLESIAS; M^a CARMEN NÚÑEZ GARCÍA; ALEJANDRO HERNÁNDEZ MUÑOZ; NURIA CRISTINA CANIS BORJA; ITXASO JIMENEZ AROSTEGI.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo primer firmante: melihernandezbenito@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La procalcitonina (PCT) es un biomarcador ampliamente utilizado en la práctica clínica, considerado relativamente específico para el diagnóstico y el pronóstico de la sepsis bacteriana grave, y útil para guiar el uso adecuado de antibióticos. En individuos sanos, los niveles de PCT son prácticamente indetectables (normal < 0,05 ng/mL).

GESTIÓN DE LA DEMANDA DE TSH Y FT4 EN NUESTRA ÁREA SANITARIA

Autor/a/s: Xavier Aparisi Domingo, José Blas Fructuoso Martínez, Cristina Serrano Huete, Valeria Molina Párraga, M^a Pilar Bueno Requena, M^a Estrella Madrid Martín de Lucía, Ana M^a Bastante Rubio

Centro de Trabajo: Hospital General Universitario de Ciudad Real

Localidad: Ciudad Real

Código Postal: 13005

Provincia: Ciudad Real

Correo electrónico primer firmante: xaparis@sescam.jccm.es

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

En la actualidad se requieren cada vez más estrategias de gestión de la demanda en los laboratorios clínicos, con la finalidad de optimizar recursos sin comprometer la calidad de la atención y evitar procedimientos superfluos para los pacientes.

La prevalencia de la disfunción tiroidea sigue creciendo año tras año. Según datos de la OMS existen unos 750 millones de personas en el mundo que tienen algún trastorno de la glándula tiroideas.

Actualmente, el diagnóstico y monitorización de las disfunciones tiroideas se realiza desde Atención Primaria, siendo las pruebas de laboratorio cruciales tanto en el diagnóstico como en el seguimiento.

OBJETIVOS

Comprobar el impacto de la aplicación de las estrategias de adecuación de la demanda y en segundo lugar, calcular el ahorro económico que supone implementar ciertas medidas de restricción de pruebas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realiza un estudio comparativo en nuestro sistema de información de laboratorio del número de solicitudes de hormonas tiroideas (TSH y FT4) durante un período de dos años (desde enero a diciembre de 2024). Al mismo tiempo, se evalúa el resultado de la implementación de la medida de restricción de no solicitar TSH en un tiempo inferior a 30 días en el ámbito de Atención Primaria.

Se utiliza como indicador:

- Ahorro generado a partir de pruebas no realizadas, tanto para FT4 como para TSH.

Este ahorro se calcula teniendo en cuenta exclusivamente el coste de reactivo (0,605 € por cada determinación tanto de TSH como de FT4) sin tener en cuenta otros costes de laboratorio.

RESULTADOS

Año 2023 Nº Peticiones TSH totales: 70483	Año 2024 57329
Nº Peticiones FT4 realizadas: 7440	5693
Ratio de pruebas relacionadas: 0,106	0,099
Ahorro generado (FT4 no realizadas): 38141,015 €	31239,780 €
TSH realizadas en período 2023: 70483 TSH realizadas en período 2024: 57329 Coste TSH/prueba: 0,605 € Coste total 2023: 42642,215 € Coste total 2024: 34684,045 € Ahorro generado: 7958,170 €	

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos nos indican la necesidad de establecer intervenciones para optimizar el uso de las pruebas tiroideas y los recursos disponibles. Para ello, se necesita crear equipos multidisciplinares que permitan hacer frente a estos desafíos y aumentar la seguridad, eficacia y eficiencia de las pruebas de laboratorio clínico.

Sin embargo, se ha descrito la elevación de PCT en determinadas situaciones no infecciosas, como traumatismos graves, quemaduras extensas, pancreatitis aguda severa, insuficiencia renal o hepática e intoxicaciones farmacológicas. Entre estas, la intoxicación por paracetamol se ha identificado como una causa atípica de concentraciones de PCT extremadamente altas, a menudo comparables a las observadas en casos de choque séptico fulminante o un estado de infección generalizada en su fase más extrema y crítica.

OBJETIVOS

Describir una serie de casos de pacientes con intoxicación por paracetamol que presentaron elevaciones extremas de procalcitonina en ausencia de infección clínica, y analizar las implicaciones diagnósticas de este hallazgo.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo de los datos de laboratorio de pacientes ingresados con diagnóstico de intoxicación por paracetamol en el periodo comprendido entre el 01/12/2023 y el 01/12/2025.

Población. Del total de pacientes, 9 presentaron intoxicación real confirmada por paracetamol (niveles séricos > 20 µg/mL).

Variables analizadas. Se registraron los niveles séricos de paracetamol, la concentración máxima de procalcitonina (PCT) y proteína C reactiva (PCR). Asimismo, se analizaron marcadores de función hepática, incluyendo ALT, AST, LDH y GGT.

Definición de hallazgo. Se consideró elevación de PCT un aumento de la concentración sérica por encima del límite normal (< 0,05 ng/mL). La presencia o ausencia de infección se determinó mediante la evaluación clínica (signos y síntomas), los resultados microbiológicos disponibles (cultivos negativos e imagen sin hallazgos infecciosos) y niveles normales de PCR como marcador de inflamación.

RESULTADOS

De los 9 pacientes con intoxicación por paracetamol revisados, 3 presentaron elevación de la procalcitonina y 6 mostraron valores dentro del rango de normalidad.

Los tres pacientes con intoxicación aguda por paracetamol y PCT elevada no presentaron signos ni síntomas clínicos de infección, con cultivos

negativos, pruebas de imagen normales (cuando estuvieron disponibles) y valores de PCR dentro de la normalidad. En estos casos, los niveles máximos de PCT alcanzaron concentraciones muy elevadas:

Caso 1: 58,82 ng/mL; caso 2: 56,13 ng/mL y caso 3: 49,05 ng/mL.

No se observó una relación directa entre la elevación de la PCT y los niveles de enzimas hepáticas, lo que sugiere en estos casos, que este fenómeno no se correlaciona necesariamente con la magnitud del daño hepatocelular. Se postula que esta elevación podría estar relacionada con mecanismos de inflamación estéril, mediada por citoquinas proinflamatorias como la interleucina-1β y el factor de necrosis tumoral alfa, o con la implicación de otros órganos distintos del hígado.

CONCLUSIONES

La elevación de la concentración de PCT en pacientes con intoxicación por paracetamol es un hallazgo que puede ocurrir cuando el paciente no presenta signos ni síntomas de infección. En esta serie de casos, los 3 pacientes que presentaron niveles elevados de PCT no mostraron signos de infección. Es crucial que los médicos sean conscientes de esta limitación al utilizar la PCT para el diagnóstico y el seguimiento de infecciones en pacientes intoxicados por paracetamol, ya que puede conducir a la prescripción innecesaria de antibióticos y oscurecer el diagnóstico real de infección.

DISTRIBUCIÓN EN EL CONSUMO DE BENZODIACEPINAS EN NUESTRA ÁREA DE SALUD

Autor/a/s: MONTSERRAT LOPEZ GUTIERREZ, LUCIA LOPEZ ALCAIDE, M^a DOLORES DIAZ ZAYAS

Centro de Trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUIA

Localidad: VÉLEZ-MALAGA

Código Postal: 29700

Provincia: MALAGA

Correo electrónico primer firmante: montse-mami@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las benzodiazepinas (BZD) es un grupo de fármacos indicados principalmente en el tratamiento de trastornos de ansiedad, insomnio, epilepsia y otras patologías neurológicas. Pero uso continuado puede llevar a dependencia física y psicológica, causando problemas cognitivos, emocionales y motores y en algunos casos con síndrome de abstinencia severo.

Existen varios estudios que confirman que las mujeres tienen mayor prevalencia para el consumo de BZD que los hombres.

OBJETIVOS

Nuestro objetivo es analizar la distribución en el consumo de benzodiazepinas en los pacientes de nuestra Área de Salud.

MATERIAL Y MÉTODOS

Recopilamos los datos del análisis de las determinaciones de benzodiazepinas que se realizaron durante el año 2025 en muestras de orina usando el test "Nal von minden Drug-Screen ®" por inmunoensayo competitivo para la determinación cualitativa de drogas y sus metabolitos.

RESULTADOS

Estudio retrospectivo observacional del consumo de benzodiazepinas según sexo durante el año 2025 en nuestra Área de Salud. Se analizó un total de 1.355 pacientes en nuestro laboratorio clínico. De estos, 603 eran mujeres y 752 eran hombres.

Resultados según sexo Mujeres:

- Resultados negativos: 296 pacientes (50%)
- Muestras no recibidas: 10 pacientes
- Resultados positivos: 297 pacientes (50%)

Hombres:

- Resultados negativos: 411 pacientes (55%)
- Muestras no recibidas: 5 pacientes
- Resultados positivos: 336 pacientes (45%)

El porcentaje de positivos es mayor en el grupo de mujeres que en el grupo de hombres.

CONCLUSIONES

Los resultados evidencian que la determinación de benzodiazepinas en el laboratorio clínico no solo permite la detección de su consumo, sino también identificar patrones según el sexo, lo que contribuye a mejorar la gestión clínica y la seguridad del paciente.

Autor/a/s: CARLOS WARD MIGUEL, ANA CRISTINA RUIZ MODREGO, MARIA FELISA CARRASCOSA GARCÍA, CRISTINA GÁLLEGO DUEÑAS, PATRICIA JIMÉNEZ ARROYO; CARLA SAINZ-AJA PÉREZ.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO MIGUEL SERVET

Localidad: ZARAGOZA

Código Postal: 50009

Provincia: ZARAGOZA

Correo electrónico primer firmante: carloswardmiguel@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El hipotiroidismo subclínico es una alteración frecuente de la función tiroidea, en el que la tirotrópina (TSH) se encuentra elevada y la tiroxina (T4 libre) se mantiene dentro de los rangos normales, especialmente en población adulta y su etiología más común es la autoinmunidad tiroidea. En atención primaria, esta entidad puede pasar desapercibida si no se incluyen anticuerpos antitiroideos en la evaluación diagnóstica.

Los anticuerpos contra la peroxidasa tiroidea (TPOAb) y los anticuerpos contra la tiroglobulina (TgAb) son autoanticuerpos producidos por el sistema inmunitario llevando a la destrucción del tejido tiroideo, como ocurre en el hipotiroidismo autoinmune (por ejemplo: tiroiditis de Hashimoto).

OBJETIVOS

Evaluar la prevalencia del hipotiroidismo subclínico autoinmune en población adulta de atención primaria, utilizando la determinación de anticuerpos antitiroideos como criterio diagnóstico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional, descriptivo y transversal realizado en población adulta de atención primaria. Se incluyeron pacientes con determinación de TSH y T4 libre (T4L). El hipotiroidismo subclínico se definió como elevación de TSH con valores normales de T4L. La etiología autoinmune se estableció mediante la presencia de anticuerpos antitiroideos positivos (TPOAb y/o TgAb). Se recogieron variables demográficas y analíticas. El análisis fue descriptivo.

La medición sérica de TSH, T4 libre, Anticuerpos anti-peroxidasa y Anticuerpos anti-tiroglobulina, se realizó por quimioluminiscencia en el analizador DXI-9000 de Beckman Coulter.

Los valores de referencia son, TSH: 0,38 - 5,33 μ UI/ mL, T4L: 0,58 - 1,64 ng/dL, TPOAb en suero: \leq 9 UI/mL, TgAb en suero: \leq 4 UI/mL.

Se hizo una exportación mensual de SIL (Modulab) de los resultados de pacientes de atención primaria a los que se les solicitó marcadores de la función tiroidea, y el análisis de los datos se realizó con Microsoft Excel.

Los pacientes se clasificaron en 2 grupos en función de la edad y sexo.

RESULTADOS

Se incluyeron 539 pacientes con hipotiroidismo subclínico,.

En 185 casos se detectó positividad de TPOAb y/o TgAb, clasificándose como de origen autoinmune. Del total de pacientes autoinmunes, 137 (74,1 %) fueron mujeres y 48 (25,9 %) varones.

La mayor proporción de casos se observó en mayores de 50 años, tanto en mujeres (62,8 %) como en hombres (60,4 %).

Los anticuerpos anti peroxidasa tiroidea y/o antitiroglobulina fueron positivos en el 34,3 % de los pacientes, es decir, la prevalencia de hipotiroidismo subclínico autoinmune, fue de 34,3 %.

Pico en mujeres >50 años

La mayoría de los casos se observaron en mujeres como grupo predominante. Relación mujer: hombre \approx 3:1

CONCLUSIONES

El hipotiroidismo subclínico autoinmune presenta una prevalencia relevante en la población adulta de atención primaria. La determinación de anticuerpos antitiroideos permite una mejor caracterización etiológica y podría contribuir a una detección más precisa de esta entidad en el ámbito de atención primaria.

Identificar el origen inmunológico es crucial porque esos pacientes tienen un mayor riesgo de progresar a un hipotiroidismo clínico manifiesto.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 023

RESULTADOS IMPLANTACIÓN DE BIOMARCADORES DE TRAUMATISMO CRANEOENCEFÁLICO LEVE EN EL HOSPITAL NUESTRA SEÑORA DE SONSOLES

Autor/a/s: Esmeralda Castellanos Valderrama, María Pilar López Pérez, María Jesús Mirón Encinar, Ana Isabel García Ahijado, Eva María Caro Iglesias, María Sonsoles Muñoz Maroto, María Reyes Sánchez Grande

Centro de Trabajo: HOSPITAL NUESTRA SEÑORA DE SONSOLES

Localidad: ÁVILA

Código Postal: 05004

Provincia: ÁVILA

Correo electrónico primer firmante: esmebilbo@hotmail.com

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

El traumatismo craneoencefálico leve (TCE leve) es un motivo frecuente de consulta en urgencias. El uso generalizado del TAC craneal implica un aumento de radiación y costes. Los biomarcadores GFAP y UCH-L1 presentan alta sensibilidad y valor predictivo negativo para descartar lesiones intracraneales dentro de las primeras 12 horas tras el traumatismo.

OBJETIVOS

Evaluar la utilidad clínica de los biomarcadores GFAP y UCH-L1 para identificar pacientes con TCE leve en los que se puede evitar la realización de un TAC craneal, respetando la ventana temporal de 12 horas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional retrospectivo de 128 peticiones desde urgencias. Se excluyeron 12 pacientes por superar las 12 horas post-trauma. Se analizaron 114 pacientes (GCS 15) utilizando puntos de corte de GFAP <35 pg/mL y UCH-L1 <400 pg/mL. Se consideró resultado negativo la combinación de ambos o uno de ellos negativo, analizando su correlación con el TAC y la presencia de lesión intracraneal.

RESULTADOS

De los 114 pacientes, el 21,7% (n=25) presentó valores negativos de GFAP y el 45,2% (n=52) de UCH-L1. La combinación de ambos biomarcadores negativos se dio en el 16,5% (n=19) de los casos analizados.

CONCLUSIONES

La implantación de los biomarcadores GFAP y UCH-L1 en el protocolo de urgencias permite identificar un porcentaje significativo de pacientes con TCE leve en los que la probabilidad de lesión es baja, ofreciendo una herramienta útil para optimizar la solicitud de pruebas de imagen y reducir la radiación innecesaria.

Número: 029

INTOLERANCIA A LA LACTOSA EN EL ÁREA SANITARIA DE A CORUÑA

Autor/a/s: María Seijas Santamarina; M^a José Barba Miramontes; Isabel González Rieiro

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario A Coruña

Localidad: A Coruña

Código Postal: 15006

Provincia: A Coruña

Correo primer firmante: maria.seijas.santamarina@sergas.es

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

La intolerancia a la lactosa es un trastorno digestivo caracterizado por la aparición de síntomas como gases, distensión y dolor abdominal, cólicos, diarrea y náuseas, tras la ingesta de alimentos que contienen lactosa. Se debe a un déficit de lactasa, enzima encargada de la hidrólisis de la lactosa en el intestino delgado, lo que provoca que la lactosa no digerida llegue al colon, donde es fermentada por la microbiota intestinal.

La elevada frecuencia de estos síntomas en la práctica clínica motiva un número creciente de solicitudes de pruebas diagnósticas. En el Área Sanitaria de A Coruña se comenzó a diagnosticar a través de la prueba de la D - Xilosa en noviembre de 2017.

OBJETIVOS

Cuantificar los pacientes diagnosticados de intolerancia a la lactosa en el Área Sanitaria de A Coruña entre los años 2022 y 2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio retrospectivo de pacientes con sospecha clínica de intolerancia a la lactosa. Se realizó la prueba de la D - Xilosa en orina de 5 horas tras la administración oral de LacTest (0,45g),.. preparado que contiene gaxilosa. Las determinaciones analíticas se llevaron a cabo en analizadores de Bioquímica Siemens durante el periodo 2022 - 2025

RESULTADOS

Desde 2017 se realizaron 1327 pruebas, observándose un incremento significativo del número de solicitudes a partir del año 2022

Año	Pruebas realizadas	Hipolactasia	%
2022	230	84	36,52%
2023	213	69	32,39%
2024	256	88	34,38%
2025	267	117	43,82%
Total	966	358	37,06%

El 37,06% de los pacientes estudiados con sospecha clínica de intolerancia a la lactosa presenta resultados compatibles con hipolactasia, mientras que el 62,94% no muestra intolerancia,

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos evidencian que la hipolactasia es una condición frecuente en la población estudiada, aunque no constituye la causa principal de la mayoría de los síntomas digestivos que motivan la prueba. Esto pone de manifiesto la necesidad de integrar una valoración clínica rigurosa con los hallazgos analíticos, con el fin de mejorar la precisión diagnóstica, optimizar el abordaje de los trastornos gastrointestinales y evitar restricciones dietéticas innecesarias.

CONCORDANCIA ENTRE EL VALOR DE LA HEMOGLOBINA EN EL GASOMETRO GEM 5000 WERFEN Y EL CITOMETRO ADVIA 2120I SIEMENS

Autor/a/s: Pérez González, María Isabel; Aldegunde Rodriguez, María Jose; Romero Garcia, Paula; Diaz Alvarez, Esther; Gonzalez Gomez, Mariade los Angeles; Gallego Cruz, Marta Teresa; Fernández Tuda, Rocío; Barbero Garcia, María Magdalena; Aguadero Martin, María del Rosario; Casado Hernandez, María delCarmen.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: miperezg@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En un Servicio de Urgencias Hospitalarias, los gasómetros son herramientas diagnósticas muy útiles en la toma de decisiones críticas e inmediatas. Su principal ventaja radica en que, con un bajo volumen de muestra (sangre total aspirada directamente de jeringa), pueden proporcionar resultados en tiempo real (Poing of Care, POCT) para la evaluación del estado clínico del paciente, dando información sobre funciones vitales: respiratoria, estado ácido base, estado metabólico, insuficiencia renal, etc.

Por otra parte, el hemograma es crucial para evaluar el estado de salud y orientar el diagnóstico de un paciente.

OBJETIVOS

Comparar dos métodos de medida de hemoglobina: la proporcionada por el gasómetro GEM 5000 Premier de WERFEN y la medida por el contador hematológico ADVIA 2120i de SIEMENS

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 150 muestras pareadas a las que se les se solicitaba una gasometría (jeringa con heparina de litio) y un hemograma (tubo de sangre total con EDTA3K) en la misma analítica, realizando ambas determinaciones de hemoglobina en paralelo, por los dos métodos a comparar: gasómetro GEM 5000 Premier y Advia 2120i. La medición de la hemoglobina en el gasómetro GEM 5000 de Werfen es leída mediante un módulo integrado dentro del cartucho desechable, cuyo principio de medida es espectrofotometría multilongitud de onda para analizar la sangre total sin necesidad de hemolizar la muestra, mientras que el contador hematológico ADVIA 2120i de Siemens utiliza un método de colorimetría libre de cianuro para la medición de la hemoglobina total. Los datos obtenidos se analizaron mediante el software EXCEL 2016 y el paquete estadístico MedCalc® Statistical Software versión 20.218.

RESULTADOS

Se estudiaron 147 muestras de sangre total, cuyo rango de hemoglobina abarcó entre 4 g/dL y 17,4 g/dL. Los datos siguen una distribución no normal según la prueba de Kolmogorov-Smirnov (K-S), por lo que aplicamos descriptivos y test estadísticos no paramétricos: Hemoglobina (g/dL) gasómetro: Mediana 12.00 (IC 95% 11.31-12.68), con percentil 5: 8.38 (7.90-8.90) y percentil 95: 16.83 (16.00-17.50); Hemoglobina (g/dL) ADVIA: Mediana 11.90 (IC 95% 11.50-12.58), con percentil 5: 8.38 (7.90-8.90) y percentil 95 :16.04 (15.70-16.88). Para comparar ambos métodos de medida, llevamos a cabo una regresión de Passing-Bablok y un análisis de Bland-Altman, utilizando el programa estadístico MedCalc® Statistical Software versión 20.218. Los resultados se presentan a continuación:

Regresión de Passing-Bablok :

Ordenada en el Origen A: -0.5613 (IC 95%: -0.8130 a -0.3087)

Pendiente B: 1.0645 (IC 95% : 1.0435 a 1.0870)

Ecuación de regresión y = -0,561290 + 1,064516 x

El coeficiente de correlación de Spearman fue 0.978 (IC 95%) Análisis gráfico de Bland-Altman

Sesgo: -0,1162 (IC 95%: -0,2055 a -0,02691).

Límites de concordancia: Límite inferior -1,1897 (IC 95%: -1,3427 a -1,0368) Límite superior 0,9574 (IC95%: 0,8044 a 1,1103) Dispersión: Más del 95% de las diferencias se encuentran en este rango.

CONCLUSIONES

Nuestro estudio reveló una correlación muy buena entre ambos métodos. Además, encontramos que más del 95 % de las diferencias se encuentran dentro de los límites de concordancia del análisis de Bland-Alman, con una línea de sesgo muy cercana a cero, indicando una buena concordancia e intercambiabilidad entre ambos métodos. Así, puede concluirse que el uso del equipo POCT GEM 5000 es una herramienta muy valiosa para obtener un resultado rápido y fiable de la hemoglobina, especialmente en aquellos casos que requieren una actuación muy urgente sobre el paciente.

CAPACIDAD DIAGNÓSTICA DE LOS BIOMARCADORES GFAP Y UCH-L1 COMBINADOS PARA PREDECIR LESIÓN INTRACRANEAL LEVE

Autor/a/s: Beatriz Albaladejo Manquillo, Angel Luis González Cañadillas, Ana Isabel Silva Montero, Miguel Atance Gozalo, Joaquín Enrique Gomez Sanz

Centro Trabajo: HOSPITAL CENTRAL DE LA DEFENSA "GOMEZ ULLA"

Código Postal: 28047

Provincia: MADRID

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El traumatismo craneoencefálico (TCE) es una lesión cauda por una fuerza externa que afecta al cráneo y/o al encéfalo.

Es de vital importancia clínica por su elevada morbimortalidad a nivel mundial y por ser una de las principales causas de discapacidad neurológica adquirida, incluso cuando inicialmente es leve, por lo que requiere una valoración precoz en urgencias para prevenir complicaciones secundarias.

El TCE representa un porcentaje significativo de las consultas urgentes, siendo las caídas y los accidentes de tráfico las causas más frecuentes.

El uso sistemático de la tomografía computarizada (TC) en TCE leve conlleva sobrecarga asistencial, mayor coste y exposición radiológica innecesaria, lo que ha impulsado la búsqueda de herramientas complementarias que optimicen la indicación de pruebas de imagen.

OBJETIVOS

- Conocer los biomarcadores de detección rápida en suero/plasma GFAP (Proteína Ácida Fibrilar Glial) y UCH-L1 (Ubiquitina e-terminal Hidrolasa L1) para la toma de decisiones durante la evaluación de pacientes adultos con GCS 13-15 en las primeras 12 horas desde el TCE leve.
- Abordar la puesta práctica de un protocolo que de manera eficiente incorpore esta nueva técnica a la rutina diaria del laboratorio sin aumentar significativamente los tiempos de respuesta, de manera que redunde en alivio de la presión asistencial que sufre el servi-

cio de urgencias y el de radiología, en caso de obtener resultados negativos.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó a 70 pacientes en edad comprendida entre 18 y 65 años que habían sufrido un TCE leve y presentaban un Glasgow entre 13-15, la extracción tenía que realizarse en las 12 horas siguientes al traumatismo leve.

Las determinaciones analíticas se realizaron con el equipo Vidas Kube de Biomérieux siguiendo las indicaciones de la técnica. El test VIDAS® TBI (GFAP, UCH-L1) se compone de dos ensayos: VIDAS® TBI (GFAP) y VIDAS® TBI (UCH-L1). Cada ensayo combina el método inmunoenzimático tipo sándwich en 3 etapas con una detección final por fluorescencia (ELFA).

La muestra de elección fue suero extraído en tubo con activador de la coagulación y gel separador (VACUTEST® Ref.10060 y 10010). La estabilidad de las muestras para VIDAS® TBI (GFAP, UCH-L1) es:

- Entre +18 °C y +25 °C durante 4 horas después de la centrifugación.
- Entre +2 °C y +8 °C durante 48 horas.
- Entre - 19 °C a - 31 °C durante 6 meses, con un ciclo de congelación/descongelación
- A - 60 °C o más frío durante 6 meses, con dos ciclos de congelación/descongelación. En condiciones normales se procesa tras la llegada al laboratorio de urgencias

El volumen a dispensar tanto de calibrador como control y muestras es de 200uL. Una vez dispensado iniciar el procesamiento antes de 20 minutos.

RESULTADOS

Se considera un resultado negativo si los dos marcadores están por debajo del punto de corte y positivo si al menos uno está por encima del punto de corte. Puntos de corte. GFAP=22 pg/ml y UCH-L1=327 pg/ml

Se incluyeron 70 pacientes con traumatismo craneoencefálico leve, de los cuales 19 (34,5%) presentaron un resultado combinado negativo para los biomarcadores GFAP y UCH-L1

Ningún paciente con resultado negativo presentó lesión intracraneal aguda en la tomografía computarizada, obteniéndose un valor predictivo negativo (VPN) del 100%.

El tiempo medio de respuesta en el laboratorio de Urgencias fue de 44 minutos, manteniéndose el tiempo total del procedimiento por debajo de 60 minutos, compatible con la práctica asistencial en el ámbito de urgencias.

CONCLUSIONES

La determinación combinada de los biomarcadores GFAP y UCH-L1 en pacientes con TCE leve permitió descartar de forma segura la presencia de lesión intracraneal aguda en aquellos resultados negativos, obteniéndose un valor predictivo negativo del 100% en nuestra serie, optimizando la indicación de TC, reduciendo la exposición radiológica innecesaria y mejorando la eficiencia.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 045

ABORDAJE DE LA INSUFICIENCIA CARDÍACA (IC) EN EL SERVICIO DE URGENCIAS HOSPITALARIAS MEDIANTE EL USO DE HERRAMIENTAS DIGITALES (CDS).

Autor/a/s: Martín Vega, José Valerio; Nogueira Salgueiro, Patricia; Márquez González, Pedro Jonay; Peña Peña, Emérita del Carmen.

Centro de Trabajo: HOPITAL UNIVERSITARIO DE GRAN CANARIA. DR. NEGRIN.

Localidad: LAS PALMAS

Código Postal: 35011

Provincia: LAS PALMAS

Correo electrónico primer firmante: valmaveg@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La insuficiencia cardíaca (IC) es una de las principales causas de morbimortalidad en nuestro país, con un alto costo y una considerable demanda de recursos hospitalarios. Esta situación resalta la importancia de su detección precoz.

El diagnóstico de IC puede ser complicado debido a la inespecificidad de los síntomas, que pueden solaparse con los de diversas afecciones médicas. De acuerdo con las últimas guías de la Sociedad Europea de Cardiología (ESC), se recomienda la medición de concentraciones de péptidos natriurético tipo pro-B N terminal (NT-proBNP) como herramienta clave para la evaluación y diagnóstico de la IC.

OBJETIVOS

Desarrollar e implantar un sistema de apoyo a la decisión clínica (CDS), que permita mejorar la detección temprana de la insuficiencia cardíaca (IC), optimizando la toma de decisiones clínicas. Para ello, se utilizará un sistema que integre múltiples fuentes de información clínica, como antecedentes médicos, medicación, comorbilidades, datos analíticos, imagen, dispositivos de monitorización y algoritmos predictivos...

Este sistema generará recomendaciones personalizadas y basadas en las guías clínicas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizará un seguimiento de todos los pacientes con sospecha o progresión de IC, que ingresen por IC, o acudan al Servicio de Urgencias Hospitalarias (SUH) y a los cuales se le haya solicitado una prueba analítica de NT-proBNP. Se evaluará el resultado de dicha prueba, considerando su valor absoluto o si es su primer resultado en el historial del paciente "novo".

Con los datos obtenidos, se le aplicará el algoritmo de apoyo a la decisión (CDSS) mediante el uso del programa "CDS-Ripple Down-Abbott Diagnostics", determinando los pasos a seguir. Estos pasos incluyen la realización de otras pruebas complementarias, como el CA125, la PCR, la mediana de NT-proBNP (si existen valores previos dentro de los tres últimos años), el cálculo de un valor seco delta/check) así como la medición de creatinina, glucosa y hemoglobina.

Los datos recolectados se almacenarán en una hoja de Excel, la cual será reportada al los servicios de Cardiología y Medicina Interna para que puedan priorizar la atención al paciente según la gravedad del caso. Se recogen los datos comprendido entre el periodo 01/10/2025 a 01/02/2026 obteniéndose un total de 3020 pacientes de IC novo a los que se le aplicó el algoritmo, de los cuales 1257 era una IC muy improbable, 881 poco probable, 342 proceso infeccioso-inflamatorio, 328 IC probable y 212 muy probable. En cuanto IC en seguimiento se detecta 650 pacientes de los que 313 no son calculables, 143 no presenta progresión, 122 están en progresión y 72 son un proceso infeccioso-inflamatorio.

RESULTADOS

Los resultados incluirán los datos obtenidos de las consultas, la aplicación del algoritmo y el porcentaje de consultas adelantadas, así como el porcentaje de pacientes que se han beneficiado de la implantación del sistema.

Algoritmos aplicados:

G1paciente con sospecha de IC novo y resultados de la NT-proBNP en pg/ml según edad (a) Outcome 1 <300 pg/ml "DESCARTAR IC (improbable)".

Outcome 2 300-450 pg/ml (<50a)/900 pg/ml (56-74a)/1800 pg/ml (>75a) ZONA GRIS

Outcome 3 >450 pg/ml (50a) >900 pg/ml (50-70a) >1800 pg/ml (>75a) todos < 5000 pg/ml PROBABLE. Outcome 4 >5000 pg/ml "ALTO RIESGO MUY PROBABLE IC"

En el supuesto 3 y 4 añadir PCR - <50ng/ml añadimos CA125 si >35 U/ml peor pronóstico

PCR - >50ng/ml añadimos PCT si >0.05ng/ml considerar proceso inflamatorio-infeccioso como diagnóstico principal con una IC asociada.

G2 seguimiento IC. Se consulta NT-proBNP previo(s) o basal. Para cálculo del valor seco/delta check (mediana de NT-proBNP calculada a partir de tres analíticas de rutina de los últimos tres años.

Outcome 5 "No se puede calcular por ausencia de históricos"

Outcome 6 <50% "Paciente con IC que no presenta progresión de su enfermedad. Valore bajo juicio clínico un diagnóstico alternativo".

Outcome 7 >50%. Paciente con IC en progresión, detectada en urgencias, tras cálculo deltacheck

CONCLUSIONES

La implantación de este sistema de apoyo a la decisión clínica (CDS) no incrementará el número de visitas a Cardiología o Medicina Interna, sino que mejorará la atención de los pacientes con sospecha o progresión de IC. Además, permitirá acortar el tiempo de diagnóstico, iniciar el tratamiento de forma precoz y reducir la lista de espera de ecocardiogramas transtorácicos, ya que estos podrán realizarse simultáneamente durante la consulta.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 053

IMPLICACIONES CLINICAS DE LOS NIVELES ELEVADOS DE G6PDH EN LEUCEMIAS Y SÍNDROMES MIELODISPLASICOS.

Autor/a/s: Pinto García Manuel; Pérez González M^a Isabel; Prieto Martín M^a Teresa; Bayón Sánchez M^a Elena; González Gómez M^a de los Ángeles; Gallego Cruz Marta Teresa; Díaz Álvarez Esther; Fernández Tuda Rocío; Álvarez García M^a Jesús; Canis Borja Nuria Cristina.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA.

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: mpinto28@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PDH) es la enzima limitante de la vía de las pentosas fosfato, fundamental para la producción de NADPH y el mantenimiento del equilibrio redox celular. En las células hematopoyéticas esta vía desempeña un papel clave en la diferenciación, proliferación y protección frente al estrés oxidativo.

Las neoplasias hematológicas, como las leucemias agudas, crónicas y los síndromes mielodisplásicos (SMD), se caracterizan por alteraciones metabólicas que favorecen la supervivencia y expansión clonal de células malignas. Evidencias recientes sugieren que esta activación metabólica incluye la activación de la vía de las pentosas fosfato, lo que se traduce en niveles elevados de G6PDH.

OBJETIVOS

Evaluar la relevancia tanto biológica como clínica de los niveles elevados de G6PDH en pacientes con leucemia y síndromes mielodisplásicos, así como su posible utilidad como biomarcador diagnóstico, pronóstico y terapéutico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo y analítico con muestras de sangre periférica extraídas en tubo de EDTA, en pacientes diagnosticados con leucemias agudas y síndromes mielodisplásicos.

La actividad de la G6PDH se determinó mediante métodos espectrofotométricos. Los resultados se correlacionaron con variables clínicas y hematológicas como tipo de neoplasia, riesgo citogenético, carga blástica, respuesta al tratamiento y supervivencia global.

RESULTADOS

Los pacientes con valores más elevados de G6PDH se asociaron con mayor proliferación celular, incremento de la carga blástica y perfiles citogenéticos de alto riesgo.

En los SMD, los niveles elevados de G6PDH se relacionan con mayor inestabilidad clonal y con la progresión a leucemia mieloide aguda. En las leucemias una mayor actividad de la G6PDH se asoció con resistencia al estrés oxidativo y menor respuesta a determinados tratamientos citotóxicos. Asimismo, los pacientes con niveles elevados de esta enzima presentan peor pronóstico y menor supervivencia global.

CONCLUSIONES

Los niveles elevados de G6PDH en leucemias y SMD, reflejan una reprogramación metabólica que favorece la proliferación y supervivencia de las células malignas.

Desde el punto de vista clínico, la G6PDH podría considerarse un biomarcador pronóstico útil para el seguimiento de la enfermedad.

Además, la inhibición de la vía de las pentosas fosfato y de la G6PDH, especialmente en pacientes con enfermedad de peor pronóstico y resistencia al tratamiento emerge como una potencial diana terapéutica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 054

IMPORTANCIA DE LA G6PDH EN EL ABORDAJE DE LA MALARIA. A PRÓPOSITO DE UN CASO DE MALARIA MIXTA.

Autor/a/s: Pinto García, Manuel; Moran Criado, María Jesús; Prieto Martín, María Teresa; Castro Sánchez, Sergio; Bayón Sánchez, María Elena; Díaz Álvarez, Esther; Gallego Cruz, Marta Teresa; González Gómez, María de los Ángeles; Barco Hernández, María Belén; Reillo Sánchez, Carmen María.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA.

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: mpinto28@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La deficiencia de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PDH) es la enzimopatía hereditaria más frecuente a nivel mundial. Su elevada prevalencia en regiones endémicas de malaria sugiere un posible papel evolutivo protector frente a Plasmodium falciparum, responsable de las formas más graves de la enfermedad.

La G6PDH es fundamental para la producción de NADPH, necesario para mantener el glutatión en su forma reducida y proteger al eritrocito del daño oxidativo. Dado que los glóbulos rojos carecen de núcleo y mitocondrias, dependen exclusivamente de esta vía metabólica. La deficiencia de G6PDH favorece la desnaturalización de la hemoglobina y la hemólisis en situaciones de estrés oxidativo.

OBJETIVOS

Resaltar la importancia del cribado de la deficiencia de G6PDH como

parte de una estrategia integral para el tratamiento seguro y eficaz de la malaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

Reporte de caso clínico.

Paciente con antecedente de viaje reciente a Nigeria, regresando el 19 de noviembre. Cuatro días después inició diarrea con deposiciones ocasionalmente sanguinolentas, de aproximadamente 10 días de duración, con resolución espontánea.

Posteriormente, 8 de diciembre, acudió al Servicio de Urgencias del Hospital Universitario de Salamanca por fiebre y escalofríos, sin clínica digestiva ni respiratoria en el momento de la evaluación.

En la exploración física se encontraba consciente, orientado y respiración normal, con leve ictericia mucocutánea. Auscultación cardiopulmonar sin hallazgos patológicos. Abdomen blando y no doloroso, sin signos de peritonismo. No edemas ni signos de trombosis venosa profunda.

RESULTADOS

Las pruebas complementarias realizadas mostraron:

Analítica 08/12/2021. Bioquímica: LDH 462 U/L; bilirrubina total 2,5 mg/dL; bilirrubina directa 1 mg/dL; PCR 19,27 mg/L; PCT 18,23 ng/mL. Hemograma: hematíes $3,91 \times 10^3/\mu\text{L}$; Hb 11 g/dL; Hto 32,7%; plaquetas $68 \times 10^3/\mu\text{L}$; reticulocitos 2,6%. En el frotis sanguíneo se apreciaron inclusiones eritrocitarias compatibles con parásitos palúdicos. Se confirmó trombocitopenia real sin agregados plaquetarios.

Analítica 09/12/2021. Bioquímica: LDH 497 U/L; bilirrubina total 2,7 mg/dL; PCR 17,21 mg/L; PCT 14,02 ng/mL. Hemograma: hematíes $3,6 \times 10^3/\mu\text{L}$, Hb 10,2 g/dL, Hto 29,9%, plaquetas $56 \times 10^3/\mu\text{L}$.

Analítica 12/12/2021. Bioquímica: LDH 432 U/L; bilirrubina total 0,7 mg/dL; PCR 7,26 mg/L; PCT 2,28 ng/mL. Hemograma: hematíes $3,3 \times 10^3/\mu\text{L}$, Hb 9 g/dL, Hto 27,7%, plaquetas $156 \times 10^3/\mu\text{L}$. Otras pruebas: Actividad G6PDH: déficit de actividad (58 mU/1000 mill. Eritrocitos); antigenemia para malaria: positiva para *Plasmodium falciparum* y *Plasmodium spp.* En el Frotis teñido con Giemsa se observaron gametocitos de *Plasmodium vivax*.

Diagnóstico: malaria mixta leve (*Plasmodium falciparum* + *Plasmodium vivax*).

El paciente presentó buena evolución clínica tras tratamiento con atovaquona-proguanil (Malarone®), quedando pendiente la administración de primaquina la cual, en este caso, no está contraindicada al ser un déficit leve/moderado (>30 % actividad) pudiéndose administrar siempre bajo estricta vigilancia y realizando controles periódicos de hemólisis.

CONCLUSIONES

El abordaje de la malaria no puede basarse únicamente en el tratamiento de la fase hemática, sino que requiere una estrategia integral que incluya el cribado sistemático de la deficiencia de G6PDH como estándar de atención al paciente.

Este caso ilustra que, incluso en infecciones mixtas donde la atención suele centrarse en la gravedad asociada a *Plasmodium falciparum*, el manejo adecuado de *Plasmodium vivax* y la seguridad enzimática del paciente son determinantes para el éxito clínico y epidemiológico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 055

ESTUDIO DE LA DEMANDA DE LA DETERMINACIÓN DE GLUCOSA-6-FOSFATO DESHIDROGENASA EN UN HOSPITAL DE NIVEL IV

Autor/a/s: Morán Criado, M^a Jesús; Pinto García, Manuel; Reyes Sánchez, Teresa; Prieto Martín, M^a Teresa; Fadón García, Ana; González Mesonero, M^a Carmen; Lorenzo Vicente, M^a Lourdes; Núñez García,

M^a Carmen; Bernal Villoria, Noelia; Reillo Sánchez, Carmen M^a.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA.

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: mjmoranc@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La deficiencia de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PD) es una de las enzimopatías hereditarias más frecuentes a nivel mundial siendo una de las causas más importantes de anemia hemolítica, en especial en situaciones de estrés oxidativo inducido por infecciones o determinados fármacos. En hospitales de alta complejidad (nivel IV), la determinación de G6PD se utiliza tanto con fines diagnósticos como, de forma creciente, y por motivos de seguridad terapéutica que permite prevenir anemia hemolítica inducida por fármacos.

El análisis de la demanda de esta determinación nos permite evaluar la adecuación de su uso, su rendimiento diagnóstico y su impacto en la seguridad del paciente.

OBJETIVOS

Objetivo general: Analizar la demanda e indicación clínica de la determinación de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa en un hospital de nivel IV. Objetivos específicos: • Describir el volumen y la eficiencia de las solicitudes de G6PD. • Analizar la distribución de las peticiones según el servicio solicitante. • Diferenciar las solicitudes con finalidad diagnóstica de aquellas realizadas como cribado previo al tratamiento. • Evaluar el rendimiento diagnóstico de la prueba.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo de las determinaciones de actividad de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PD) solicitadas en nuestro hospital (nivel IV) durante el periodo 2021–2025.

Se incluyeron todas las solicitudes registradas en el sistema informático del laboratorio clínico Modulab durante dicho periodo de estudio registrando para cada determinación las siguientes variables: servicio solicitante, indicación clínica de la petición, resultado analítico y existencia de solicitudes repetidas. La actividad de G6PD se determinó en eritrocitos, expresada en mU/10⁹ hematíes, considerándose valores patológicos por exceso aquellos superiores a 570 mU/10⁹, indicativos de respuesta medular activa, y valores deficitarios aquellos ≤ 210 mU/10⁹, compatibles con déficit enzimático, según los rangos de referencia del laboratorio.

Se analizó la adecuación de la demanda, evaluando la presencia de solicitudes repetidas y su justificación clínica, así como la procedencia por servicios. Asimismo, se estudió el perfil clínico de los pacientes, diferenciando determinaciones con finalidad preventiva (cribado previo al uso de fármacos potencialmente hemolíticos) frente a solicitudes motivadas por sospecha clínica de anemia hemolítica.

Finalmente, se calculó el rendimiento diagnóstico de la prueba como el porcentaje de casos de déficit de G6PD confirmados respecto al total de determinaciones realizadas.

El análisis de los datos se realizó mediante estadística descriptiva, expresando los resultados como frecuencias absolutas y porcentajes.

RESULTADOS

- Gestión de la Demanda:

Durante el periodo 2021–2025 se registraron 77 solicitudes, de las cuales el 98,7 % (76/77) correspondieron a determinaciones únicas, lo que indica una correcta adecuación de la petición analítica. Únicamente se detectó una solicitud repetida (1,3 %), atribuible a un error

administrativo aislado; en este caso, los resultados obtenidos con un intervalo de tres años fueron concordantes y dentro de la normalidad (538 y 528 mU/10⁹), evidenciando la estabilidad del parámetro y la ausencia de beneficio clínico de la repetición. La mayor parte de las solicitudes procedió de los servicios de Dermatología y Hematología, mientras que Urgencias, UVI y Cardiología mostraron una participación testimonial.

- Perfil Clínico: Un 7,89% (n=6) de los pacientes presentaron valores patológicos por exceso (>570 mU/10⁹), compatibles con estados de hiper-reticulocitosis y respuesta medular activa ante sospecha de hemólisis. El 89,47% (n=68) de los resultados fueron normales, utilizados mayoritariamente como criterio de exclusión diagnóstica.
- En cuanto a la indicación clínica, la práctica totalidad de las solicitudes se realizaron como medida de seguridad clínica previa al uso de fármacos con potencial hemolítico. En este sentido, el 100 % de las peticiones procedentes de Hematología y Dermatología tuvieron carácter preventivo. Únicamente dos solicitudes se realizaron por sospecha clínica de déficit en el contexto de anemia, procedentes de Cardiología y Medicina Interna, correspondiéndose ambas con los casos de déficit confirmados.
- Rendimiento Diagnóstico: La distribución de resultados mostró 74 determinaciones normales, mientras que se confirmaron 2 casos de déficit de G6PD, uno de ellos vinculado a un protocolo de seguridad previo al tratamiento de malaria (permitiendo un manejo clínico adecuado), lo que representa un rendimiento diagnóstico del 2,63 %.

CONCLUSIONES

La determinación de G6PD presenta una demanda baja, eficiente y bien orientada, con un uso mayoritariamente preventivo como herramienta de seguridad farmacológica.

La demanda diagnóstica es escasa, pero de alto valor predictivo, y la mínima redundancia evidencia una gestión óptima de los recursos. La prueba constituye un elemento clave en las estrategias de seguridad del paciente en hospitales de nivel IV.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 059

OPTIMIZACIÓN DE LA SOLICITUD DE PRUEBAS: EVALUACIÓN DE LA NO REALIZACIÓN DE BILIRRUBINA DIRECTA.

Autor/a/s: SANCHEZ GARCIA, MARIA DE GRACIA, FUENTES FUENTES, JOSE CLAUDIO, LEON DÍAZ, ANGELA, GARCÍA ARIAS, MANUELA, CORRADOR GARCÍA, YOLANDA, RUIZ DE LEON CALDERON, IRENE, SANCHEZ GARCIA, MARIA JESUS, FERNANDEZ MOLINA, MARIA ISABEL, VENTAS GARCÍA, ARANTZAZU Y JIMENEZ LAGUNA, ENCARNACION.

Centro de Trabajo: HOSPITAL GENERAL VALDEPEÑAS

Localidad: VALDEPEÑAS

Código Postal: 13300

Provincia: CIUDAD REAL

Correo electrónico primer firmante: lggs2806@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La bilirrubina es un pigmento biliar que se genera a partir de la degradación de la hemoglobina en los glóbulos rojos y su medición es fundamental en el diagnóstico y seguimiento de diversas patologías hepáticas, hematológicas y biliares.

OBJETIVOS

El objetivo principal de este estudio es evaluar la no realización de la prueba de bilirrubina directa en muestras de suero con niveles de bilirrubina total dentro del rango normal (1,1 mg/dl).

MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 1488 muestras de suero analizadas en el laboratorio durante el mes de marzo de 2025. De estas, se registraron 1296 rechazos. Las muestras fueron analizadas mediante la tecnología de química seca de Ortho Diagnostics®.

RESULTADOS

De las 1488 muestras analizadas, 1296 (87,1%) fueron rechazadas para la medición de bilirrubina indirecta. De las muestras rechazadas, se realizó si existían indicaciones clínicas que justificaran la medición de bilirrubina directa. Se encontró que en el 94% de los casos, no había justificación clínica para la realización de la prueba, se observó que en el 6% restante de los casos, fueron también inferiores a 0,2 mg/dl, lo que refuerza la idea de que la medición de bilirrubina directa en estos casos no es necesaria.

CONCLUSIONES

- Los resultados sugieren que la realización de bilirrubina directa en estos casos no proporciona información diagnóstica adicional.
- Este estudio resalta la importancia de establecer políticas claras en el laboratorio clínico que se basen en la adecuación de la demanda de pruebas que aporten verdadero valor al diagnóstico o seguimiento de la enfermedad.
- La redundancia en la información que aportan ciertos parámetros analíticos repercute en un sobrecoste económico, temporal y de recursos que no añade valor al informe del laboratorio.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 065

ESTUDIO DE LA DETERMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD DE LA TIOPURINA-METILTRANSFERASA EN EL PRINCIPADO DE ASTURIAS

Autor/a/s: M^a ELENA CABERO FERNANDEZ , NATALIA ANTONIL ANTUÑA, NATIVIDAD VELEZ ROLDAN, JUAN CARLOS FERNANDEZ FERNANDEZ, BEATRIZ JOVER RODRIGUEZ, , ALEA PASTOR RUIZ, CARMEN AGUDIN QUEIPO, ANA ESMERALDA LOPEZ TERRAZAS, GLORIA FERNANDEZ SANCHEZ, YESICA DIAZ ROCES.

Centro de Trabajo: Hospital Central de Asturias (HUCA)

Localidad: Oviedo

Código Postal: 33011

Provincia: Asturias

Correo primer firmante: elenacaberofernandez@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La tiopurina metiltransferasa (TPMT) es una enzima que metaboliza fármacos inmunosupresores llamados tiopurinas. Su actividad determina el riesgo de toxicidad; un nivel bajo aumenta el riesgo de reacciones adversas, mientras que un nivel alto puede disminuir la eficacia del fármaco.

Antes de comenzar un tratamiento con tiopurinas se debe determinar la actividad de la TPMT para prevenir la aparición de efectos adversos derivados de la baja metabolización del fármaco.

Desde el año 2016 el Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA) ha desarrollado un método de cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) para la determinación de la actividad de la tiopurina metiltransferasa.

OBJETIVOS

Describir la distribución de la actividad de TPMT de la población en el Principado de Asturias y compararla con la descrita en la bibliografía.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se requiere sangre total en tubos con anticoagulante EDTA, en la fase preanalítica la muestra se centrifugará a 3000 g durante 5 minutos se extraerá el sobrenadante, se le añadirán 2ml de suero fisiológico se repetirá dos veces, la emulsión concentrada de hematíes así obtenida se congelará preferente a -80 °C

Para llevar a cabo la determinación se procede a lisar los hematíes (del concentrado lavado) para liberar el enzima. Dicho hemolizado se incubó utilizando como sustratos 6-tioguanina y s-adenosil metionina (SAM) a 37 °C entre 1,30-2 horas en baño de agua. Se para la reacción mediante choque térmico a 85 °C 15 minutos, enfriamos las muestras en agua fría. Centrifugamos las muestras 10 minutos a 10.000 rpm, filtramos el sobrenadante y cargamos en los viales para su determinación por HPLC.

La separación se lleva a cabo en un HPLC Agilent 1200 con detector de fluorescencia (FLD) en isocrático, con una fase móvil compuesta por un 20% de metanol y tampón PBS 0.04M y pH = 7.4. para la separación se utiliza una columna Teknokroma Mediterranea Sea 18, 3um, 10x0.46 cm. La excitación se realiza a 325 nm y la emisión a 390 nm.

RESULTADOS

La gráfica representa la distribución de la actividad de la TPMT en un total de 5.482 pacientes estudiados en Asturias desde el año 2016 hasta nuestros días, en la cual se pueden distinguir, perfectamente, tres poblaciones diferentes.

Se observa una distribución del 87.7% de la población estudiada con un pico central que corresponde a los pacientes con actividad normal de TPMT, en los extremos se identifican, un 11% actividad intermedia compatible con heterocigosis, un 0.4% ausencia o actividad muy baja clínicamente relevante por el alto riesgo de toxicidad por tiopurinas y un 0.9% presenta hiperactividad enzimática asociada a una menor eficacia terapéutica.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos en nuestra población correlaciona muy bien con los descritos en la bibliografía y respalda la utilidad de la determinación de la actividad de la tiopurina metiltransferasa previo tratamiento con tiopurinas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 067

INTELIGENCIA ARTIFICIAL APLICADA AL SEDIMENTO URINARIO. OPTIMIZACIÓN DE FLUJO Y APROBACIÓN TÉCNICA

Autor/a/s: González Mesonero, M^a Carmen; Sastre Garrote, Ana M^a; Núñez García, M^a Carmen; Egido Andrés, M^a Teresa; Muñoz Duque, M^a Concepción; Blanco Iglesias, María Manuela; Fernández Martínez, M^a Mercedes; Sánchez Martín, Mónica; Canis Borja, Nuria Cristina.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: mcnunez@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El sedimento urinario es una prueba frecuentemente solicitada tanto al servicio de urgencias como de forma rutinaria totalizando un alto volumen de muestras.

La automatización mediante IA en el equipo Atellica® 1500 Automated Urinalysis System permite la preclasificación de estructuras y op-

timización del flujo de trabajo, manteniendo al Técnico de Laboratorio como responsable de la aprobación técnica inicial. La detección de discordancias entre tira reactiva y sedimento requiere observación directa de los datos, sin alertas automáticas complementarias. La automatización contribuye a un ahorro de tiempo técnico y permite priorizar muestras críticas.

OBJETIVOS

Analizar la capacidad de la IA para preclasificar estructuras del sedimento urinario y apoyar al Técnico de Laboratorio en la identificación de discordancias de tira reactiva positiva sin hematíes visualizados y su correspondiente gestión de resultados.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo de las peticiones de sistemático de Orina realizadas en el Laboratorio del CAUSA en el año 2025. Se procesaron un total de 202.540 sistemáticos de Orina a través del equipo Atellica® 1500 Automated Urinalysis System, que combina análisis químicos y microscopía digital avanzada asistida por IA aplicando un algoritmo de red neuronal inteligente que permite realizar la preclasificación automática de estructuras en el sedimento urinario.

La explotación de datos relativos a las peticiones se realizó mediante consulta al SIL de Laboratorio (MODULAB).

RESULTADOS

Según criterio de cribado predeterminado en el sistema se realizó sedimento urinario a 72.849 (el 35,9 % de las muestras analizadas), en las cuales se identificaron 746 discordancias (tira reactiva positiva sin hematíes visualizados) mediante observación directa de los datos por el técnico, quien realizó repetición manual de tira reactiva y revisión por microscopía óptica.

Para la gestión de resultados, en los casos pertinentes, se añadió: "Resultado técnicamente comprobado" y el comentario "Ausencia de hematíes tras observación microscópica. Si no hay causas de hemoglobinuria/mioglobinuria, posible falso positivo".

La automatización permitió gestionar un mayor volumen de muestras con eficiencia. La identificación basada en criterio profesional asegura aprobación técnica y trazabilidad de resultados.

CONCLUSIONES

La IA optimiza el flujo del laboratorio, potencia la eficiencia y prioriza hallazgos clínicamente relevantes. Se efectúa revisión manual en situaciones que requieren verificación adicional, reforzando la calidad del resultado y la seguridad del paciente. Este enfoque consolida el papel central del Técnico de Laboratorio en urgencias, integrando la innovación tecnológica con el criterio profesional.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 076

BILIRRUBINA NEONATAL URGENTE: IMPACTO EN LA DECISION CLINICA

Autor/a/s: Eva Ortega Bravo, María Teresa Carbajo Largo, Antonia Iulian Cuciurean Enache, Llarina Delgado Herrero; Beatriz Dominguez Calero, Alicia López González

Centro de Trabajo: Hospital Universitario La Paz

Localidad: Madrid

Código Postal: 28046

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: eortegab@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La hiperbilirrubinemia neonatal es una situación frecuente durante

los primeros días de vida y aunque en la mayoría de los casos es fisiológica, puede evolucionar hacia formas graves si no se detecta y trata de manera oportuna. Al poder atravesar la barrera hematoencefálica, la elevación de bilirrubina no conjugada puede dar lugar a consecuencias neurológicas graves e irreversibles como es el caso de Kernicterus.

La determinación de bilirrubina sérica es fundamental para la evolución clínica del neonato; la rápida obtención de los resultados, permiten una adecuada estratificación del riesgo y la instauración precoz de medidas terapéuticas como la fototerapia o la exanguinotransfusión en los casos más severos.

OBJETIVOS

Analizar la concentración de bilirrubina en las primeras horas de vida del neonato. Evaluar la importancia de la prevención de complicaciones asociadas a recién nacidos.

Realizar seguimiento adecuado de los casos que necesitan tratamiento de manera inmediata.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio analítico descriptivo en el laboratorio de urgencias para la determinación de bilirrubina total (BiT) en población neonatal. Las muestras analizadas fueron de plasma con heparina de litio, obtenidas mediante venopunción, utilizando un volumen reducido acorde a las recomendaciones para neonatos. Las muestras con hemólisis significativa fueron excluidas del análisis. La determinación de bilirrubina total se llevó a cabo en un analizador automatizado empleando reactivos comerciales específicos del fabricante. El método se basa en una reacción colorimétrica fotoquímica tipo diazo, en la cual la bilirrubina total (conjugada y no conjugada) reacciona con el reactivo diazo formando azobilirrubina. La absorbancia del complejo formado es directamente proporcional a la concentración de bilirrubina presente en la muestra. La medición se realizó mediante fotometría bicromática en el espectro visible, con una longitud de onda principal cercana a 600 nm y una longitud de referencia alrededor de 700 nm, determinadas automáticamente por el sistema según la configuración del ensayo. El control de calidad interno se efectuó mediante materiales comerciales a dos niveles de concentración, siguiendo las recomendaciones del fabricante. Los resultados se expresaron en mg/dL y se interpretaron de acuerdo con la edad postnatal en horas, utilizando nomogramas validados para la evaluación del riesgo de hiperbilirrubinemia neonatal.

RESULTADOS

Las concentraciones de bilirrubina total (BiT) se analizaron en función de la edad postnatal (horas de vida) y se interpretaron de acuerdo con el nomograma de Bhutani, que estratifica el riesgo de hiperbilirrubinemia neonatal en percentiles según la edad del recién nacido. Durante las primeras 24 horas de vida, los valores de BiT se situaron mayoritariamente en la zona de bajo riesgo (\leq percentil 40) del nomograma, con concentraciones medias aproximadas de 9–12 mg/dL. A las 48 horas, se observó un desplazamiento progresivo de los valores hacia la zona de riesgo intermedio bajo (percentiles 40–75), con un incremento de la bilirrubina hasta valores cercanos a 14–16 mg/dL. Entre las 72 y 96 horas de vida, se alcanzaron las concentraciones máximas de bilirrubina, con valores medios de 18–20 mg/dL y una mayor dispersión interindividual. En este intervalo temporal, un número significativo de determinaciones se situó en la zona de riesgo intermedio alto (percentiles 75–95) y, en algunos casos, en la zona de alto riesgo (\geq percentil 95) del nomograma de Bhutani, lo que indica una mayor probabilidad de desarrollar hiperbilirrubinemia clínicamente significativa. A partir de las 96–120 horas, los valores de BiT mostraron una tendencia a la estabilización, permaneciendo la mayoría de los resultados dentro de las zonas de riesgo intermedio del nomograma, con escasos casos de progresión a percentiles

superiores. La aplicación del nomograma de Bhutani permitió una estratificación objetiva del riesgo basada en la edad postnatal y los valores de bilirrubina total, facilitando la identificación precoz de recién nacidos con mayor probabilidad de requerir intervención terapéutica (fototerapia). Estos resultados ponen de manifiesto la relevancia de la determinación seriada de bilirrubina total desde el laboratorio de urgencias como herramienta clave en la toma de decisiones clínicas en la hiperbilirrubinemia neonatal.

CONCLUSIONES

La interpretación mediante el nomograma de Bhutani, ajustada a la edad postnatal, permite una adecuada estratificación del riesgo. El laboratorio de urgencias, apoyado en sistemas automatizados fiables, es clave para la detección precoz y el manejo seguro del recién nacido.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 089

EL PARACETAMOL A ESTUDIO: DEMANDA, PERFIL DEL PACIENTE Y RESULTADOS

Autor/a/s: Pérez González, María Isabel; Aldegunde Rodríguez, María José; González Martín, Sofía; Sánchez Mateos, María Carmen Beatriz; Barco Hernández, María Belén; Sempere Galvez, María Lourdes; Barbero García María Magdalena; Toledo Silva, Yasmina; Fernández Tuda, Rocío.

Centro de Trabajo: Hospital Clínico Universitario de Salamanca

Localidad: Salamanca

Código Postal: 37007

Provincia: Salamanca

Correo electrónico primer firmante: sabella1002@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El paracetamol o acetaminofeno (ACET), es un fármaco con propiedades antipiréticas y analgésicas, siendo su uso muy común. Pese a ser un fármaco seguro, siempre que se respeten las dosis recomendadas, la sobredosis accidental o intencionada puede provocar una insuficiencia hepática, alteración funcional de las plaquetas, shock anafiláctico e incluso la muerte.

La administración de N-acetilcisteína como antídoto en casos de intoxicación grave (terapia por sobredosis) es clave para prevenir efectos adversos.

OBJETIVOS

Análisis descriptivo y retrospectivo de las determinaciones de paracetamol realizadas en el Laboratorio de Urgencias del CAUSA desde el año 2021 al 2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizan 578 muestras, en suero o plasma (heparina de litio), mediante un ensayo espectrofotométrico en los equipos Atellica CH Analyzer (Siemens). Este se basa en la conversión de paracetamol por acilamidasa para producir p-aminofenol, produciendo un complejo coloreado, cuya emisión de intensidad es proporcional a concentración de paracetamol presente en la muestra.

Según los valores de referencia de nuestro laboratorio se considera un intervalo terapéutico normal de 10-20 $\mu\text{g/ml}$ de paracetamol en sangre, y una intoxicación la ingesta de una concentración superior a 150 mg/kg en una sola toma pudiéndose determinar una concentración tóxica:

>150 $\mu\text{g/ml}$ 4 horas después

>40 $\mu\text{g/ml}$ 12 horas después

Los datos son obtenidos mediante el programa Biber de WERFEN que está vinculado a la base de datos de nuestro SIL (MODULAB).

RESULTADOS

1. De las muestras analizadas, el 90% de las solicitudes proceden del Servicio de Urgencias hospitalarias.
2. El número de peticiones por año son: 34 en 2021; 125 en 2022; 109 en 2023; 137 en 2024 y 169 en 2025.
3. Atendiendo a la edad del paciente se observa que: entre 16 y 29 años representan el 46%; de 30 a 65 años, el 24%; >65, el 18% y de 0 a 15 años, el 12%.
4. Por concentración sérica: $\leq 5 \mu\text{g/ml}$ \rightarrow 294 muestras; de 5 a 150 $\mu\text{g/ml}$ \rightarrow 263; $\geq 150 \mu\text{g/ml}$ \rightarrow 17 muestras.

Estudiando las 17 muestras superiores a $\geq 150 \mu\text{g/ml}$ en una primera determinación, la edad es significativa siendo el 82,3% de casos positivos, en menores de 25 años y llama la atención la clara incidencia femenina, 82,35% frente al 17,65% varones.

CONCLUSIONES

Podemos concluir que hay un aumento significativo en la demanda de peticiones año a año, siendo llamativa la edad temprana de los pacientes así como la mayor incidencia en el sexo femenino.

Por otro lado en niños y personas ancianas la ingesta accidental es la causa más común y en adultos se debe a intenciones deliberadas. Los resultados deberán interpretarse siempre de acuerdo con la historia clínica y sintomatología del paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 095

DETERMINACIÓN EN EL LABORATORIO DE URGENCIAS DE BIOMARCADORES DE LESIÓN CEREBRAL AGUDA LEVE: GFAP Y UCH-L1

Autor/a/s: González Martín, Sofía; Aldegunde Rodríguez, María José; Romero García, Paula; Hernández Benito, Melania; Sastre Garrote, Ana María; Sempere Gálvez, María Lourdes; Sánchez Martín, Mónica; Canas Calvo, Laura; Fonseca García, Micaela.

Centro de Trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: sofigonmar@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los biomarcadores de detección rápida en plasma: GFAP y UCH-L1 se utilizan, junto con otra información clínica, para ayudar a la toma de decisiones durante la evaluación de pacientes con sospecha de traumatismo craneoencefálico (TCE) leve en las 12h siguientes a la lesión, orientando hacia la necesidad de realizar o no una TC (tomografía computarizada) craneal, permitiendo reducir su uso a los casos necesarios. UCH-L1: UBIQUITINA CARBOXILO TERMINAL HIDROLASA ISOENZIMA 1: proteína que se expresa exclusivamente en las neuronas, utilizada como marcador histológico. Elevación sérica de forma precoz tras el trauma, a las 8h. GFAP: PROTEÍNA ÁCIDA FIBRILAR GLIAL: proteína estructural que se encuentra casi exclusivamente en los astrocitos, cuya liberación es específica del cerebro. La concentración sérica máxima se alcanza en las 24 h después del TCE.

OBJETIVOS

Estudio descriptivo de pacientes con TCE leve a los que se realizan biomarcadores de lesión cerebral: GFAP y UCH-L1 durante el periodo

que va desde enero 2025 a enero 2026, en el Laboratorio de Urgencias.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han analizado un total de 169 muestras de plasma con Heparina de Litio como anticoagulante, en el autoanalizador Alinity I de ABBOTT, que utiliza un inmunoensayo quimioluminiscente de micropartículas (MIA), con un tiempo de reacción de 18 minutos solamente, lo cual ha permitido su integración en el panel de Urgencias.

El análisis estadístico se realizó con el programa Excel 2016.

RESULTADOS

RESULTADOS:

Clasificamos las peticiones de la siguiente forma:

1. Por edad.
 1. en este grupo se aplicó una recomendación de no hacer a partir de Junio de 2025: No se recomienda la realización de la prueba a pacientes de >75 años, puesto que un alto porcentaje de esta población suele dar positivo debido a otras causas, normalmente relacionadas con el deterioro neurológico (serán objeto de estudios posteriores).
Grupos: >75 años:68; 30-75años:79; 18-29 años:17.
2. Por género: femenino 81 y masculino 80.
3. por resultados: en este apartado nos centraremos solo en los pacientes <75 años. Observamos: 38 positivos (47%) y 43 negativos (53%).

Puesto que se trataba de un periodo de prueba tras la implantación de los biomarcadores en nuestro hospital, a 35 de estos pacientes se les realizó un TAC a pesar de tener un TBI (Traumatic Brain Injury) negativo.

CONCLUSIONES

En ninguna de las pruebas de imagen con TBI negativo se encontraron hallazgos patológicos, lo cual supone un VPN > 99%, que puede traducirse en: acortamiento del tiempo de diagnóstico y estancia en el servicio de Urgencias, una disminución del número de TACs innecesarias y un ahorro de dinero en pruebas costosas de imagen.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 096

ESTUDIO DE LA FUNCIÓN DE LOS BIOMARCADORES GFAP Y UCH-L1 EN EL DIAGNÓSTICO PUNTUAL DE TRAUMATISMO CRANEOENCEFÁLICO LEVE

Autor/a/s: MARIA ISABEL LUJAN GARCIA, MIGUEL LOPEZ DE ABECHUCO RUIZ, ROCIO PALMA FERNANDEZ, SARA DEL CERRO SANCHEZ, NOELIA VALENTIN SANCHEZ, ANA ISABEL MARTIN MENDEZ, CRISTINA BOSCH GARVIA, BEATRIZ GAMA AHIJADO

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE TOLEDO

Localidad: TOLEDO

Código Postal: 45007

Provincia: TOLEDO

Correo electrónico primer firmante: milg05@sescam.jccm.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El traumatismo craneoencefálico (TCE) es una alteración de la función cerebral causada por una fuerza externa que puede producir una disminución o disfunción del nivel de consciencia. Además de evaluar el nivel de consciencia del paciente, se ha utilizado la Escala de Coma

de Glasgow (GCS) para clasificar los TCE. La evaluación de un paciente con un TCE leve es compleja, por eso la utilización de un método analítico de diagnóstico in vitro basado en biomarcadores plasmáticos (proteína gliofibrilar ácida (GFAP) y la ubiquitina carboxiterminal hidrolasa L1 (UCH-L1)) podría permitir diferenciar, de forma rápida y eficaz, a aquellos pacientes que requieran de una prueba de imagen adicional.

OBJETIVOS

Evaluar la utilidad clínica de los biomarcadores GFAP y UCH-L1 en pacientes con TCE leve que acudan al Servicio de Urgencias de nuestro centro.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron un total de 77 muestras de plasma (GFAP y UCH-L1; i-STAT TBI; Abbott) recogidas dentro de las doce primeras horas de la lesión, pertenecientes a pacientes >18 años, con TCE leve y GCS 13-15. Todos ellos recibieron el tratamiento habitual y, adicionalmente, se analizaron los biomarcadores mencionados.

RESULTADOS

De los 77 pacientes, 63 presentaron hallazgos patológicos en el TAC y 14 un TAC negativo.

En el caso de la GFAP, utilizando un punto de corte de 30 pg/mL:

- 14 pacientes presentaron valores <30 pg/mL, los cuales todos tuvieron TAC negativo
- 63 pacientes presentaron valores >30 pg/mL, de los cuales 49 tenían resultado negativo del TAC y 14 un TAC positivo

Con estos datos, la GFAP alcanzó una sensibilidad del 100%, especificidad del 22,2%, valor predictivo positivo (VPP) del 22,2% y valor predictivo negativo (VPN) del 100%, con un área bajo la curva (AUC) de 0,883 (Intervalo de confianza (IC) 95%: 0,794–0,973).

Para la UCH-L1, utilizando un punto de corte de 360 pg/mL:

- 48 pacientes presentaron valores <360 pg/mL, de los cuales 42 tenían un TAC negativo y 6 un TAC positivo
- 29 pacientes mostraron valores >360 pg/mL, de los cuales 21 tenían un resultado negativo del TAC y 8 un TAC positivo

Este biomarcador presentó una sensibilidad del 57,1%, especificidad del 66,6%, VPP del 27,6% y VPN del 87,5%, con un AUC de 0,605 (IC 95%: 0,417– 0,793).

CONCLUSIONES

Se puede concluir que la GFAP presenta la mayor sensibilidad diagnóstica, VPN y AUC como parámetro independiente, llegando a su máximo a las 20h de la lesión, permaneciendo elevado durante más tiempo. Por tanto, se podría reducir el uso de TAC en un 18,2%, disminuyendo este porcentaje al 15,6%, si se combina con UCH-L1. Se debería ampliar el tamaño muestral para establecer el punto de corte de nuestra población, además de tener presentes otras variables de confusión que pueden incrementar estos marcadores (enfermedades neurodegenerativas, desórdenes neurológicos, etc.).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 097

LEISHMANIASIS VISCERAL EN LACTANTE ¿UN POSIBLE CASO DE TRANSMISIÓN VERTICAL?

Autor/a/s: ELVIRA VILLARRUBIA MARTÍN-VILLAMUELAS, LUISA MARIA RUEDA DURAN, NATALIA RUBIO MORENO, PEDRO JESÚS LÓPEZ ARGUDO, MIGUEL ANGEL RUIZ GINES, MARIA ISABEL LUJAN GARCIA Y SARA DEL CERRO SÁNCHEZ

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE TOLEDO

Localidad: TOLEDO

Código Postal: 45007

Provincia: TOLEDO

Correo electrónico primer firmante: elvirubiamartin@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La Leishmaniasis visceral (LV) o Kala-azar, causada por *Leishmania infantum*, es una enfermedad sistémica grave, especialmente en menores de cinco años. En lactantes, la inmadurez inmunológica predispone a cuadros severos que, sin un diagnóstico precoz y tratamiento oportuno, alcanzan una mortalidad superior al 90%. Aunque la vía principal de contagio es la picadura del flebótomo (con el perro como reservorio principal), en pacientes de muy corta edad deben considerarse vías alternativas de transmisión.

OBJETIVOS

Describir el abordaje diagnóstico y la evolución clínica de una lactante de 5 meses con síndrome febril prolongado y sospecha de transmisión no vectorial.

MATERIAL Y MÉTODOS

Lactante femenina de 5 meses remitida desde Urgencias por fiebre de 11 días de evolución tras resolución de Gripe A. Se realizaron las siguientes pruebas diagnósticas:

Hematología: Hemograma en sangre total (EDTA) mediante contador DxH 900 (Beckman Coulter).

Bioquímica: Determinación de parámetros (triglicéridos, ferritina, transaminasas, LDH y PCR) en plasma heparinizado mediante analizadores Cobas c702 y e801 (Roche) con técnicas fotométricas y turbidimétricas.

Microbiología: Serologías (*Leishmania*, VIH), PCR de ADN/ARN y array respiratorio.

Prueba diagnóstica confirmatoria: Aspirado de médula ósea (cresta ilíaca) para observación directa de amastigotes y técnica de PCR.

RESULTADOS

Al ingreso, la analítica destacó por un plasma marcadamente hiperlipémico con los siguientes hallazgos: linfocitosis absoluta, hipertrigliceridemia severa, niveles críticos de ferritina y elevación de LDH. El estudio microbiológico descartó etiología viral y confirmó la presencia de *Leishmania* en el aspirado de médula ósea.

Tras 5 días de tratamiento dirigido, se observó una notable mejoría clínica y analítica: Parámetro Valor Inicial Valor post-tratamiento (5 días)

Índice Lipémico	593	83
Triglicéridos 838 mg/dL	262 mg/dL	
Ferritina 1770 ng/mL	1455 ng/mL	
LDH	824 U/L	334 U/L
Linfocitos 10.1x10 ⁹	5.1x10 ⁹	
PCR	12.2 mg/dL	8.2 mg/dL

CONCLUSIONES

La LV debe incluirse en el diagnóstico diferencial de síndromes febriles prolongados en lactantes, incluso tras procesos infecciosos previos (como Gripe A) que puedan enmascarar el cuadro. La marcada hipertrigliceridemia y el plasma hiperlipémico son biomarcadores indirectos de gran utilidad clínica en estos casos. Podríamos señalar una hipótesis de transmisión: Dado que los perros de la familia estaban sanos y la lactante no tenía contacto con ellos, y considerando la edad de la paciente este caso plantea la alta posibilidad de transmisión vertical (transplacentaria), una vía poco frecuente pero documentada que requiere un seguimiento estrecho de la salud materna.

Número: 099

ESTUDIO DE TRANSFERIBILIDAD ENTRE ANALIZADORES COBAS E801 (ROCHE DIAGNOSTICS) PARA LA DETERMINACIÓN DE VITAMINA B12.

Autor/a/s: Fernández Suárez, Verónica; Martín Villalón, Sarai; Vera Pérez, María José; Bernal Pérez, Noelia; Junco Laria, Inmaculada; Riestra Martínez, María Luz; Magdalena Bobes, Ricardo Celso; Cueto Torrado, Félix; Suárez Fernández, Lucía; Velázquez Cuervo, Lucinda.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Central de Asturias

Localidad: Oviedo

Código Postal: 33011

Provincia: Asturias

Correo electrónico primer firmante: veronicafesu@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La vitamina B12 (cobalamina) es una vitamina hidrosoluble sintetizada por microorganismos que no puede ser producida en el cuerpo humano. La principal fuente de esta vitamina proviene de la ingesta de carne y pescado y rara vez está presente en productos de origen vegetal. Su déficit es causa subyacente de condiciones clínicas como anemia megaloblástica o trastornos del sistema nervioso central tales como neuropatía periférica, demencia, rendimiento cognitivo disminuido o depresión.

Es por tanto un parámetro bioquímico cuyo análisis es muy demandado por su gran utilidad clínica y es habitual que los laboratorios posean varios analizadores, que usados indistintamente, cuantifiquen su concentración.

OBJETIVOS

El Servicio de Bioquímica Clínica del Hospital Universitario Central de Asturias realiza el análisis de la vitamina B12 en suero/plasma mediante inmunoensayo de electroquimioluminiscencia (ECLIA) usando el kit Elecsys vitamina B12 II en dos analizadores cobas e801® (Roche Diagnostics). Pero debido al incremento del número de peticiones se requiere la puesta a punto de la técnica en un tercer analizador. El objetivo de este estudio es evaluar la correlación y transferibilidad entre los tres analizadores.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para el estudio de transferibilidad, se seleccionaron un total de 50 peticiones de vitamina B12 en suero de pacientes cuyas concentraciones abarcan todo el intervalo de linealidad de la técnica (100-2000 pg/ml). Se analizaron 25 muestras en cada analizador en uso (Cobas 1 y 2) y posteriormente se analizaron las 50 muestras en el nuevo equipo (Cobas 3).

Los datos obtenidos fueron procesados con el software MedCalc® aplicando la correlación de Pearson y la regresión de Passing-Bablok para evaluar la concordancia entre los tres analizadores. Al ser los dos analizadores en uso transferibles entre sí, según estudios previos, comparamos estadísticamente cada uno de ellos, por separado, con el tercero.

RESULTADOS

El resultado del coeficiente de correlación de Pearson fué de $r=0.9932$ entre el Cobas 1 y 3, y de $r=0.9979$ entre el Cobas 2 y 3, lo que nos indica una alta correlación entre los equipos.

En ambos casos se incluye el 0 en el intervalo de confianza del 95 %, indicando que no hay diferencias significativas entre el tercer analizador y los dos ya utilizados.

El análisis de regresión de Passing-Bablok indica que no existiera error sistemático constante, ya que el intervalo de confianza para la

ordenada en el origen incluye el 0. Tampoco existe error sistemático proporcional, ya que el intervalo de confianza de la pendiente incluye el 1.

CONCLUSIONES

Los resultados respaldan la transferibilidad entre los tres analizadores cobas e801, ofreciendo mediciones de vitamina B12 consistentes y comparables, lo que permite su uso intercambiable en la práctica clínica y contribuyendo a una gestión más eficiente.

Número: 100

MARCADORES ANGIOGÉNICOS EN LA PREECLAMPSIA: EXPERIENCIA EN HOSPITAL MATERNO INFANTIL EN EL AÑO 2025

Trabajo de: Autor/a/s: María Fátima Santana Lozano, Rosa Delia Jesús Monzón, Vanesa Rivera López, María Pino Marrero Marrero, Ana María Gonzalez García, Nuria Esther Silva Padrón, María Carmen Hernández Rodríguez, Rita María Rivera García, Begoña Hernández Galván y Clara Marrero Pérez

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil de Gran Canaria

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico primer firmante: lozano_fa@hotmail.com

Código Postal: 3511

Provincia: Las Palmas

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La preeclampsia (PE) es una grave complicación hipertensión del embarazo cuya causa parece estar relacionada con problemas en la implantación de la placenta. Esta patología tiene una importante repercusión en la salud materno-fetal.

Los marcadores angiogénicos s-Flt-1 (soluble fms-like tyrosine kinase-1) y PIGF (placental growth factor), son producidos por la placenta y un desequilibrio en la producción de los mismos se ha relacionado con la aparición de PE.

El laboratorio desempeña un papel fundamental en la detección, seguimiento y valoración de la gravedad de la PE, mediante la determinación del cociente. s-Flt-1 / PIGF. El análisis de estos marcadores permite apoyar al diagnóstico precoz y la toma de decisiones en el ámbito obstétrico.

OBJETIVOS

Obtener el porcentaje de las pacientes a las que se les solicita el ratio con <34 semanas de gestación (SG) y 34 SG, como paso inicial para identificar PE tempranas y PE tardías, respectivamente.

Clasificar a las pacientes con sospecha de PE en función del riesgo de desarrollo de la misma en las siguientes semanas, según la guía práctica clínica de la Sociedad Española de Obstetricia y Ginecología (SEGO).

MATERIAL Y MÉTODOS

Determinación del cociente s-Flt-1/PIGF a 905 pacientes embarazadas sospecha de PE durante el año 2025.

Autoanalizador electroquimioluminiscente Cobas Pure de Roche Diagnost.

Se clasifica a las gestantes en función de las SG. Además, siguiendo los criterios de la SEGO para evaluar riesgo de desarrollo de PE en las semanas posteriores, se clasifica en función del ratio obtenido. Así, para las gestantes < 34 SG usamos los puntos de corte del ratio <38, 38-85 y 85. Para las 34 SG usamos los puntos de corte <38, 38-110 y 110.

RESULTADOS

En función de las SG, un 32% de los resultados obtenidos corresponden al grupo <34 SG correspondiente a PE tempranas y el 68% restantes corresponde al grupo de 34 SG o PE tardías.

En función del ratio:

<34 SG: 61% (<38), el 20% (38- 85) y el 19% (85).

34 SG: 56% (<38), el 35% (38-110) y el 9% (110).

CONCLUSIONES

La PE tardía es de mayor prevalencia por lo que parece lógico que el mayor porcentaje de nuestros resultados se produzca en gestantes del grupo 34 SG. Si analizamos los porcentajes obtenidos en función del ratio en las gestantes <34 SG, en el 61% de los casos podemos descartar las complicaciones a corto plazo, pero resulta llamativo que en el 19% se obtiene un ratio >85. Este valor puede anticipar la aparición de graves complicaciones y requiere el seguimiento intensivo de estas pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 110

EL PAPEL DEL TÉCNICO DE LABORATORIO CLÍNICO Y BIOMÉDICO EN LA DETERMINACIÓN DE LA PTHI INTRAOPERATORIA.

Autor/a/s: Ana Isabel Martínez Martínez, Luis Ángel Codesido Martínez, María Lorena Alonso Maté, María Carmen Armentia Gamarra, Teresa María Fernández Álvarez, Cristina Molinuevo García, Jon Ardanza Fernández, Aranzazu López Bardeci, Nagore Fernández Muñoz, Álvaro Carrero Martínez.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ÁLAVA

Localidad: Vitoria-Gasteiz

CódigoPostal: 01009

Provincia: Álava

Correo electrónico primer firmante: izarraluna@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La determinación de la hormona paratiroidea intacta (PTHi) se utiliza como guía en las extirpaciones de tejido paratiroideo hiperfuncionante, proporcionando al cirujano/a los resultados en el menor tiempo posible, para evitar una nueva intervención o que el/la paciente permanezca demasiado tiempo anestesiado/a.

Para ello, en nuestro Laboratorio de Urgencias se ha establecido un nuevo protocolo de actuación.

OBJETIVOS

Dar a conocer el papel del TEL en el nuevo protocolo para la determinación de PTHi intraoperatoria y los resultados obtenidos en los últimos tres años.

MATERIAL Y MÉTODOS

Usando el programa informático del laboratorio (Gestlab) se han extraído los datos de todas las determinaciones de PTHi intraoperatorias (basal, post-extirpación, a los 10 minutos post-extirpación y otro tiempo post-extirpación) realizadas durante los años 2023, 2024 y 2025 en el Laboratorio de Urgencias de Txagorritxu del Hospital Universitario de Álava.

Para realizar estas determinaciones, se trabaja según el protocolo establecido y se usan los equipos Alinity i de Abbott. En el Laboratorio de Urgencias de Txagorritxu contamos con 2 equipos Alinity i.

Las intervenciones quirúrgicas (paratiroideomías) están programadas y se realizan en el turno de mañana. El personal técnico del turno de noche, el día anterior a la cirugía, procesa los tres niveles de con-

trol de la técnica en ambos equipos Alinity i, dejando ambos equipos preparados, para no ralentizar el resultado, en caso de incidencia en uno de ellos.

La muestra a procesar es plasma EDTA dipotásico, acompañada de su correspondiente volante, especificando de qué muestra se trata y del tiempo de obtención. En el volante figura, además, el número de teléfono del quirófano, para así facilitar la comunicación del resultado en el menor tiempo posible.

RESULTADOS

Se requiere realizar determinaciones de PTHi seriadas durante la intervención, hasta descender al menos un 50% el valor basal para dar por finalizada la paratiroideomía.

Durante los años 2023, 2024 y 2025 se han realizado un total de 75 determinaciones de PTHi en el Laboratorio de Urgencias (24 pacientes en el 2023, 31 en el 2024 y 20 en el 2025). En 70 de estos casos han sido suficientes las tres determinaciones estándar de PTHi (basal, post-extirpación y a los 10 minutos post-extirpación), siendo únicamente necesario la extracción de muestra en otro tiempo en 11 pacientes.

CONCLUSIONES

Destacar la importancia de un adecuado protocolo que exija una preparación a tiempo de los equipos y la técnica, de manera que se optimice el tiempo de respuesta, siendo de gran ayuda en la calidad asistencial del paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 113

CLASIFICACIÓN AUTOMATIZADA DE FASES DE AFECTACIÓN EN ESCLEROSIS MÚLTIPLE MEDIANTE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO: APLICACIONES PARA EL LABORATORIO HOSPITALARIO

Autor/a/s: Martina Solis Giacalone, Alberto Alcántara Solis, Emilio Gallotto Tebar, Rosa Ponce Avilés, Josefa Climent Pérez, Teresa Monseñat Mestre, Pedro Indalecio Molina Utrera, Rosa María Mas Carabía, Clara Jiménez García, Mariana Marco Mingot

Centro de Trabajo: Hospital Marina Baixa

Localidad: Alicante

Código Postal: 03016

Provincia: Alicante

Correo electrónico primer firmante: martinasolisg@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La esclerosis múltiple es una enfermedad neurodegenerativa del sistema nervioso central que provoca deterioro progresivo de la motricidad, el equilibrio y la fuerza muscular. Aproximadamente el 80% de los pacientes desarrolla discapacidad motora significativa, con un elevado impacto socio-sanitario y económico.

La progresión de la enfermedad no es lineal, lo que dificulta la adaptación de los protocolos diagnósticos y de seguimiento. Aunque la escala expandida del estado de discapacidad constituye el estándar clínico, presenta limitaciones en la detección de cambios tempranos. En este contexto, la aplicación de modelos de aprendizaje automático basados en pruebas físicas objetivas puede complementar la evaluación clínica y facilitar una estratificación más precisa para el laboratorio hospitalario.

OBJETIVOS

Desarrollar un modelo de aprendizaje automático capaz de detectar pacientes con esclerosis múltiple utilizando pruebas físicas no invasivas.

Clasificar automáticamente a los pacientes en tres fases de afectación (Low, Moderate, High).

Proponer protocolos analíticos de laboratorio estratificados según el estadio de afectación determinado por inteligencia artificial.

Optimizar recursos del laboratorio clínico y mejorar la monitorización y el pronóstico del paciente.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio basado en una muestra de 75 participantes (63 diagnosticados de esclerosis múltiple).

Se realizaron pruebas físicas funcionales que incluyeron: el tiempo transcurrido desde que el paciente se levanta de la silla hasta iniciar la marcha; la distancia recorrida en seis minutos; la fuerza de extensión y flexión de rodilla; la abducción de los miembros inferiores afectados; y la velocidad de la marcha.

El flujo metodológico incluyó:

1. Preprocesamiento de datos: normalización, eliminación de ruido y reducción de dimensionalidad mediante Análisis de Componentes Principales (PCA). Los dos primeros componentes explicaron el 73,9% de la varianza total (PCA1: 53,3%).
2. Clustering no supervisado: algoritmo k-means (k=3) para identificación de tres fases de afectación.
3. Clasificación supervisada: entrenamiento de modelos Random Forest, máquinas de soporte de vectores y Naive Bayes. Se evaluó el rendimiento diagnóstico del modelo en la detección de esclerosis múltiple.

RESULTADOS

El modelo Random Forest alcanzó una precisión del 94,73% en la detección de esclerosis múltiple utilizando exclusivamente pruebas físicas no invasivas. Las pruebas realizadas con la pierna más afectada mostraron mayor poder discriminativo.

La estratificación automática permitió definir tres fases clínicas: low, moderate y high.

En la fase Low, correspondiente a afectación leve, se realizó un estudio neuroinmunológico básico que incluye la detección de bandas oligoclonales en líquido cefalorraquídeo, el índice de inmunoglobulina G y la proteína básica de mielina, junto con biomarcadores musculares como creatina quinasa y lactato, también se determinó la vitamina D. Además se realizó una analítica general con hemograma completo y perfil hepático y renal cada seis meses. En la fase Moderate, que representa afectación moderada, se empleó un panel inflamatorio ampliado con proteína C reactiva, interleucina 6, interleucina 17 y factor de necrosis tumoral alfa, todos con seguimiento trimestral, además de la determinación en suero de neurofilamentos como marcador de daño axonal, un perfil hormonal que evaluaba la función tiroidea (hormona estimulante del tiroides y tiroxina libre) y el cortisol basal, y un control farmacológico mensual de medicamentos como natalizumab o fingolimod. En la fase High, correspondiente a afectación avanzada, se utilizó un panel neurodegenerativo completo que incluye neurofilamentos, proteína ácida fibrilar glial y proteína tau total, junto con estudios de coagulación y una evaluación detallada de la función renal. Cada fase se asoció a protocolos de laboratorio diferenciados en intensidad, frecuencia de seguimiento y biomarcadores específicos (neuroinmunológicos, inflamatorios y neurodegenerativos).

CONCLUSIONES

Los modelos de aprendizaje automático aplicados a pruebas físicas funcionales permiten detectar la esclerosis múltiple con alta precisión y clasificar automáticamente el grado de afectación.

La integración de esta estratificación en el laboratorio hospitalario posibilita la activación de protocolos analíticos adaptados al estadio clínico, optimizando recursos, mejorando la monitorización y favore-

ciendo un enfoque más personalizado.

Este enfoque representa una oportunidad para incorporar la inteligencia artificial como herramienta de apoyo en la toma de decisiones clínicas y en la

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 114

REDUCCIÓN DE ANALÍTICAS Y MEJORA DE LA PRÁCTICA CLÍNICA: PROCEDIMIENTO DE OPTIMIZACIÓN DE SOLICITUDES DE 25-OH VITAMINA D.

Autor/a/s: ¡Ester Arnedo Magallón, Patricia Vinué Lizuain, Noelia Vicente Lacarra, Sara Magalhães Pinheiro, Silvia Alfaro Ruperez, Oihane Ayesa Moneo.

Centro de Trabajo: Clínica Universidad de Navarra

Localidad: Pamplona

Código Postal: 31008

Provincia: Navarra

Correo electrónico primer firmante: esterarnedomagallon@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La vitamina D es una vitamina liposoluble esencial con un papel crucial en la homeostasis del calcio y en la salud ósea.

El mejor método para determinar el estatus de vitamina D en sangre consiste en medir la concentración plasmática de 25-OH vitamina D (25(OH)D). Actualmente hay un exceso en las solicitudes de 25(OH) D, pero según las recomendaciones de la Endocrine Society no sería necesaria la repetición del analito en un tiempo inferior a 90 días, dado que no suele presentar variaciones significativas en un periodo inferior a este, incluso en pacientes con suplementación.

OBJETIVOS

Desarrollar un algoritmo para gestionar la demanda de solicitudes de 25(OH)D, con el fin de evitar extracciones y procesamientos que a priori serían innecesarios clínicamente.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se extrajeron del Sistema Informático de Laboratorio los datos de solicitudes de 25(OH)D durante el año 2025, y los datos obtenidos se analizaron empleando Microsoft Excel y M365 Copilot (Microsoft).

RESULTADOS

De 23.064 solicitudes totales, el 8% de ellas (1.842) fueron realizadas en un período inferior a 90 días. El 44% de las repeticiones fueron en pacientes con concentraciones de 25(OH)D en rango de normalidad (>30ng/mL), y únicamente el 3% en pacientes con déficit severo (<10 ng/mL). El departamento de endocrinología fue el que presentó mayor tasa de repeticiones (9%), donde aproximadamente el 50% estaban en rango de normalidad.

Analizando los departamentos que solicitan 4 veces o más la prueba a un mismo paciente el servicio mayoritario fue oncología médica, con un total de 53 pacientes con más de 4 solicitudes, seguido de hematología, nefrología y endocrinología.

En base a los resultados obtenidos se plantea un algoritmo de rechazo de las solicitudes de 25(OH)D. En aquellos pacientes que tengan un resultado informado en un período inferior a 90 días, de manera automática el Sistema Informático de Laboratorio rechazaría la determinación y se enviaría una notificación al médico solicitante informando del rechazo, junto con la concentración previa y la fecha en la que se realizó. Únicamente se analizarían aquellas determinaciones seriadas de 25(OH)D con concentraciones previas en rango de déficit severo (<10 ng/mL).

Con el algoritmo planteado se estima un ahorro de 1.815 determinaciones, que supone un ahorro económico de aproximadamente de 6.679 euros.

CONCLUSIONES

Tras analizar los datos obtenidos se aprecia un gran número de peticiones en un periodo inferior a 90 días, creando una mayor carga asistencial y empleo de recursos, además de tener escaso valor clínico. El desarrollo de algoritmos orientados a la gestión de la demanda, podría contribuir a la reducción de visitas a centros hospitalarios y extracciones innecesarias que pudieran derivar en posibles anemias yatrogénicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 120

DIAGNOSTICO PRECOZ DE DISLIPEMIAS EN ATENCIÓN PRIMARIA

Autor/a/s: Ana Isabel Algar Romero, Concepción Vega Vargas y Yolanda Duro Olivas

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Jaén

Localidad: Jaén

Código Postal: 23007

Provincia: Jaén

Correo electrónico primer firmante: algarana@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las guías de la European Society of Cardiology/European Atherosclerosis Society recomiendan la valoración del riesgo de enfermedad cardiovascular arteriosclerótica de los pacientes de atención primaria, mediante la determinación de los cuatro parámetros bioquímicos principales del perfil lipídico básico: colesterol total, triglicéridos, colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad y colesterol unido a lipoproteínas de alta densidad.

OBJETIVOS

Desarrollar algoritmos para ampliar parámetros lipídicos, mejorar la estratificación del riesgo cardiovascular, tipificar dislipemias y producir informes con criterios de derivación hospitalaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realiza un estudio descriptivo retrospectivo, donde se recogen del sistema informático del laboratorio, los datos de pacientes de atención primaria con colesterol total superior a 280 mg/dl de enero a diciembre de 2024, a los que se les amplía de forma automática el colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad directo por el sistema informático del laboratorio .

Si el colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad es mayor a 190 mg/dL se añade el cociente (colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad)/(apolipoproteína B) y el comentario "compatible con la presencia de partículas de colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad pequeñas y densas potencialmente aterogénicas, cuando este cociente sea inferior a 1.3.

Si el colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad es mayor a 250 mg/dL se añadiría el cociente (colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad)/(apolipoproteína B) y la lipoproteína a.

RESULTADOS

En el último año se realizó el perfil lipídico básico completo a 66502 pacientes de atención primaria, detectándose 1308 pacientes (1.96 %) con colesterol total mayor a 280 mg/dL.

De este grupo, 786 (60.04 %) presentaron colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad mayor a 190 mg/dL y 43 pacientes (3.28%) un colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad mayor a 250 mg/dL.

Si lo diferenciamos por sexo, las mujeres representan el 62.4% de los pacientes con colesterol total mayor a 280 mg/dL, el 63% de los pacientes con colesterol total mayor a 280 mg/dL y colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad mayor a 190 mg/dL y un 44% de casos con colesterol total mayor a 280 mg/dL y colesterol unido a lipoproteínas de baja densidad mayor a 250 mg/dL.

CONCLUSIONES

En nuestra área, la estrategia oportunista aplicada, supuso una ampliación de pruebas en un 2% de los pacientes y la identificación de un perfil lipídico más aterogénico en las mujeres. El empleo de algoritmos diagnósticos ayuda a clasificar los pacientes en función de su riesgo cardiovascular para instaurar tratamientos y prevenir la morbimortalidad asociada.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 122

DETERMINACION CUANTITATIVA DE VANCOMICINA EN SUERO Y PLASMA

Autor/a/s: MARCOS ALVAREZ, MARIA DEL CARMEN; VALCARCE DELGADO, HUGO; MORAIS ALVAREZ, NEREA; VILLAR MARTINEZ, MARIA ELENA; LOPEZ FERNANDEZ, SONIA; CAMPOS REY, ROSA MARIA; GONZALEZ ALVAREZ, HECTOR; FERNANDEZ COELLO, MARIA VICTORIA; CAUREL GARCIA, JUAN MANUEL

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

Código Postal: 24404

Provincia: LEON

Correo electrónico primer firmante: Bacalina123@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Es un antibiótico glucopéptido tricíclico aislado de *Streptomyces Orientalis* que impide la síntesis de la pared celular de bacterias sensibles, principalmente bacterias GRAM + y especialmente *Staphylococcus Aureus* resistente ala Meticilina y algunos cocos GRAM - como *enterococcus spp*, *streptococcus spp* y *Clostridium Difficile*.

Se une al extremo D - alanina - D alanina, impide la transpeptidación y elongación del péptidoglicano debido a su estrecho margen terapéutico, es fundamental realizar la monitorización del fármaco para asegurar su eficacia y evitar su toxicidad.

OBJETIVOS

Con motivo de la implantación de la técnica de medición de vancomicina en el laboratorio de urgencias de nuestro hospital, nuestro objetivo es estudiar los resultados obtenidos en nuestros pacientes para optimizar la dosis administrada, prevenir efectos adversos y garantizar la concentración terapéutica del fármaco contribuyendo así a una adecuada monitorización.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las muestras se analizan en el equipo ARCHITECT de ABBOTT, mediante un inmunoanálisis quimioluminiscente de micropartículas (CMIA) in vitro para la determinación cuantitativa de vancomicina en muestras de suero o plasma para garantizar que la terapia sea adecuada.

En nuestro laboratorio, el tipo de muestra utilizado es el suero centrifugado durante 10 minutos a 3500 rpm. Los valores normales de referencia son de 3 microgramos/ml a 100 microgramos/ml.

Las concentraciones valle son entre 5-10 µg/ml y las concentraciones pico entre 20-40 µg/ml. Además mayores concentraciones mínimas entre 10-15 µg/ml para la bacteriemia por MRSA y valores entre 15-20 en caso de otras infecciones invasivas severas por MRSA.

RESULTADOS

La técnica se implantó en el laboratorio de urgencias del Hospital Universitario de El Bierzo en el año 2025. Durante este periodo se analizaron un total de 157 muestras.

De estas 157 muestras un 44% (69 muestras) pertenecen a mujeres y un 56% (88 muestras) son hombres.

Del total de 157 muestras resultaron inferiores a $<5 \mu\text{g/ml}$ un 2% (3 muestras); el 14% (22 muestras) están en la concentración valle de $5-10 \mu\text{g/ml}$; un 29% (46 muestras) están entre $10-15 \mu\text{g/ml}$; el 32% (50 muestras) están entre $15-20 \mu\text{g/ml}$; el 22% (34 muestras) están entre $20-40 \mu\text{g/ml}$ correspondiente a la concentración pico y el 1% (2 muestras) se pasaron del rango de $>40 \mu\text{g/ml}$.

CONCLUSIONES

La determinación de vancomicina es una parte fundamental ya que permite un tratamiento seguro y eficaz mediante la monitorización terapéutica especialmente en pacientes críticos, pediátricos o con insuficiencia renal. Siendo el laboratorio fundamental en la detección precoz de resistencias. Es importante ajustar los niveles del fármaco según la situación de cada paciente teniendo, además, en cuenta si la vía de administración fue intravenosa o oral. Otro factor a tener en cuenta es la función renal del paciente por eso es de gran importancia su monitorización.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 123

EL TACROLIMUS

Autor/a/s: CAMPOS REY, ROSA MARIA; VALCARCE DELGADO, HUGO; FERNANDEZ LOPEZ, MARIA LOURDES; DE PRADO RODRIGUEZ, SUSANA; MARCOS ALVAREZ, MARIA DEL CARMEN; RODENAS REDONDO, EVA; FERNANDEZ COELLO, MARIA VICTORIA

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

Código Postal: 24400

Provincia: LEON

Correo electrónico primer firmante: rocamre@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El Tacrolimus es un fármaco inmunosupresor (macrólido descubierto en 1984 por un equipo Japonés en el caldo de una muestra que contenía la bacteria *Streptomyces Tsukubaensis*) usado principalmente después de trasplantes alogénicos para reducir la actividad del sistema inmunitario y así reducir el riesgo de rechazo. En principio se usó para trasplantes hepáticos, pero después se extendió su uso a más tipos de trasplantes.

Este fármaco es comercializado con el nombre de PROGRAF® y ADVAGRAF®.

El Tacrolimus se administra, por lo general, por vía oral tomándolo siempre a la misma hora del día o por vía intravenosa aunque el concentrado de PROGRAF debe utilizarse únicamente después de haberse diluido adecuadamente.

OBJETIVOS

Buscar la correcta monitorización y fiabilidad de los niveles de Tacrolimus, en los pacientes del Hospital Universitario de El Bierzo, tras la administración del fármaco.

MATERIAL Y MÉTODOS

La determinación de Tacrolimus se realiza en un auto-analizador ARCHITECT 1000 SR. El ensayo es un inmunoanálisis quimioluminiscente de micropartículas (CMIA) diseñado para medir concentra-

ciones en sangre total. Se requiere de un kit de reactivos llamado ARCHITECT Tacrolimus Reagent kit. También un kit de pretratamiento denominado ARCHITECT Tacrolimus whole Blood Precipitation Reagent. Y por último la muestra del paciente.

Debido a que el Tacrolimus se encuentra dentro de los eritrocitos la muestra requerida es sangre total en EDTA requiere un pretratamiento manual obligatorio para lisar las células y extraer el fármaco antes de su procesamiento.

El proceso se divide en dos fases:

- Pretratamiento manual: en un Eppendorf, tanto para la muestra como para los controles, debemos pipetear $200 \mu\text{l}$ y $200 \mu\text{l}$ de reactivo de precipitación. Mezclarlo en un Vortex entre 5-10 segundos para homogeneizar. Después centrifugar 5 minutos a 10.900 rpm . Decantar el sobrenadante en los tubos de pre-tratamiento para inmunodepresores.

- Análisis automatizado: una vez decantada la muestra y preparada debe procesarse en el analizador en un tiempo inferior a 30 minutos. Los valores de referencia son de 2 ng/ml a 30 ng/ml .

RESULTADOS

Durante el año 2025 se realizó la determinación de Tacrolimus en un total de 447 muestras. De esas 447 muestras resultó que el 26,18% (117 muestras) son $<5 \text{ ng/ml}$; el 71,36% (319 muestras) estaban entre $5-15 \text{ ng/ml}$ y el 26,18% (11 muestras) están por encima del rango de medición de 15 ng/ml .

CONCLUSIONES

Después de ver los resultados podemos comprobar que la mayoría de las muestras estaban dentro del rango de medición correcto.

El Tacrolimus es un potente inmunosupresor altamente eficaz, consolidado como terapia de primera línea en la prevención del rechazo de trasplantes y en el tratamiento de enfermedades inflamatorias severas. Su uso, tanto intravenoso como oral, ofrece alta eficacia pero requiere monitorización estrecha debido a efectos secundarios graves.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 124

EVALUACIÓN DE LA EFICACIA DE DIAGNÓSTICO DE INFECCIÓN POR EL VIRUS DE LA HEPATITIS C

Autor/a/s: Concepción Vega Vargas, Ana Isabel Algar Romero y Yolanda Duro Olivas

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Jaén

Localidad: Jaén

Código Postal: 23007

Provincia: Jaén

Correo electrónico primer firmante: Mccv0104@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La Organización Mundial de la Salud (OMS) tiene como objetivo erradicar la hepatitis viral C para el año 2030, por lo que en el laboratorio se requiere implementar una serie de estrategias: programas de cribados, algoritmos de diagnóstico en un solo paso o re-captación de pacientes diagnosticados y no evaluados para tratamiento.

OBJETIVOS

La erradicación de la hepatitis C para 2030 es un objetivo mundial de la OMS, buscado mediante diagnóstico temprano y tratamientos antivirales de acción directa.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realiza un estudio descriptivo retrospectivo, de los nuevos pacien-

tes diagnosticados de hepatitis C desde octubre de 2018 a diciembre de 2023. Utilizamos el sistema informático del laboratorio, para exportar los datos de los pacientes a los que se les realiza la determinación de anticuerpos frente al virus de la hepatitis C (VHC) y la cuantificación del RNA viral, y el programa estadístico R versión 4.3.2. Se revisan las historias clínicas (Historia Única Digital Diraya) de pacientes con infección activa para conocer si han sido derivados a las consultas específicas y han recibido tratamiento.

RESULTADOS

En los años 2018-2023 se determinaron 23978 anticuerpos de VHC, detectándose 295 pacientes con anticuerpos positivos (1.23%) y de estos se realizó la carga viral (RNA VHC) a 261 pacientes (88.48%), frente al 11.52% (34) de pacientes a los que no se realizó el estudio completo. Durante el periodo de estudio se han identificado 86 (29.15%) pacientes con viremia positiva (RNA VHC positiva) y de ellos 55 pacientes (63.9 %) no presentan ningún estudio posterior de RNA VHC de seguimiento. De este grupo si excluimos los pacientes fallecidos (12) en este periodo, pacientes sin indicación de tratamiento por comorbilidades (7), trasladados a otra área (4) y los tratados recientemente (12) pendiente de solicitar estudio de control, detectamos 20 pacientes subsidiarios de tratamiento que necesitan revisarse, en nuestro caso corresponde un 23.2% de los pacientes con viremia positiva.

CONCLUSIONES

Detectamos un porcentaje elevado de pacientes sin estudio completo de infección por VHC y pacientes con infección activa que nunca han recibido tratamiento, por lo que se plantea mejorar los circuitos de derivación, el diagnóstico en un solo paso para evitar demoras en el tratamiento y pérdida de pacientes y la revisión sistemática de casos diagnosticados para proceder a su seguimiento y tratamiento y así poder alcanzar los objetivos de la OMS.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 125

ESTUDIO DE VOLATILIDAD DE ETANOL

Autor/a/s: Uña Durán, Lorena. Matellán Moral, Trinidad. Carone Giron, María Lara. Vega Colinas, Encarnación. Alvarez Domínguez, Sergio. Santarén Ramos, María Rosa. De la Fuente Monje, Rebeca. Calvo Crespo, Rebeca. Bergua Sánchez, Leticia. Quintana Vega, María Dominga

Centro de Trabajo: Hospital "Virgen de la Concha"

Localidad: Zamora

Código Postal: 49029

Provincia: Zamora

Correo electrónico primer firmante: lorenabte@live.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El etanol es uno de los parámetros más utilizados en laboratorios forenses y de toxicología clínica.

Su determinación se emplea en el diagnóstico y tratamiento de la intoxicación por etanol. Una de las características más relevantes de dicho analito es su alta volatilidad, por lo que puede evaporarse fácilmente bajo determinadas condiciones de temperatura, presión y exposición al aire influyendo directamente en la concentración real de etanol presente en la muestra biológica y afectando a la fiabilidad y precisión de los resultados analíticos.

OBJETIVOS

Comprobar experimentalmente si el etanol se evapora tras la exposición ambiental en muestras de plasma después de abrir el tubo

primario a lo largo del tiempo y valorar en qué medida este fenómeno pone en cuestión los resultados analíticos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realiza un estudio de un total de 30 muestras de plasma con heparina de litio con concentración de etanol basal positivo, mayor de 0.50 g/L.

Se hace una primera medición que denominamos "basal", en 15 muestras se analiza a las 2 horas y otras 15 muestras el análisis es secuencial a las 2 y 3 horas manteniendo la muestra a temperatura ambiente y con el tubo destapado.

El análisis se realiza con técnicas fotométricas en Cobas Pure c-303. El principio del análisis es un método enzimático con alcohol deshidrogenasa: Etanol + NAD⁺ > Acetaldehído + NADH + H⁺

El NADH formado durante la reacción es directamente proporcional a la concentración de etanol. Se aplica la fórmula de desviación porcentual: $DP = 100 \times (Y-X) / X$

RESULTADOS

Se utiliza el coeficiente de variación analítica referente a un periodo de 41 días del valor del control patológico del etanol (CV), este es 2.30. Sabiendo esto, se halla que la estabilidad del etanol es de 3.795 y el error no puede ser mayor para que el resultado sea lo más preciso posible.

El promedio de desviación porcentual a las 2 horas es - 6.41 y a las 3 horas es -11.68

En todas las muestras se obtiene un valor porcentual negativo lo que indica una pérdida de concentración de etanol tras las 2 horas con el tubo abierto. En este tiempo la mayoría pierde entre un 5% y un 7% de su concentración original. A las 3 horas la pérdida se intensificó entre un 9% y 12%.

CONCLUSIONES

Los datos confirman que cualquier exposición del tubo abierto es un factor crítico que altera la integridad de la muestra. Indica que un tiempo superior a las 2 horas la muestra está fuera de los parámetros de control de calidad aceptables ya que el resultado final obtenido es menor al real. Esto puede cambiar un veredicto legal o un diagnóstico médico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 129

COCIENTE ALBUMINA/CREATININA: TIRA REACTIVA DE ORINA VERSUS DETERMINACION FOTOMETRICA

Autor/a/s: NIEVES PINO ANA ISABEL, GONZALEZ BORRACHERO MARIA LUISA, FERNANDEZ VILLARES MARINA, SANCHEZ VAZQUEZ MACARENA, GONZALEZ GARCIA MARIA ANGELA.

Centro de Trabajo: ANALISIS CLINICOS, HOSPITAL UNIVERSITARIO DE JEREZ DE LA FRONTERA

Localidad: JEREZ DE LA FRONTERA

Código Postal: 11540

Provincia: CADIZ

Correo electrónico primer firmante: anabelnieves9@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

EL COCIENTE ALBUMINA/CREATININA EN ORINA AISLADA, ES UNA PRUEBA DEL CRIBADO FUNDAMENTAL PARA LA DETECCIÓN PRECOZ DE DAÑO RENAL, ESPECIALMENTE EN PACIENTES CON FACTORES DE RIESGO COMO DIABETES MELLITUS, HIPERTENSION ARTERIAL Y ENFERMEDAD CARDIOVASCULAR. MIDE LA CANTIDAD DE ALBUMINA, EN RELACION CON LA CREATININA. EN EL MERCADO EXISTEN TIRAS RE-

ACTIVAS DE ORINAS QUE, ADEMÁS DE MEDIR LOS CONSTITUYENTES MÁS COMUNES, DETERMINAN TAMBIÉN LA ALBUMINA Y CREATININA, PROPORCIONANDO EL VALOR DE ESTE COCIENTE.

OBJETIVOS

NO RELIZAR LA DETERMINACIÓN DEL COCIENTE ALBUMINA/CREATININA EN EL AUTOANALIZADOR DE BIOQUÍMICA A AQUELLOS PACIENTES A LOS QUE SE LES SOLICITA A LA VEZ EL SISTEMÁTICO DE ORINA Y EL COCIENTE ALBUMINA/CREATININA.

MATERIAL Y MÉTODOS

EL SISTEMÁTICO DE ORINA SE REALIZA EN EL ANALIZADOR UNAMAX (MENARINI DIAGNOSTICS) MEDIANTE TIRAS REACTIVAS DE ORINA LABUSTICKS 12F QUE DETERMINAN ADEMÁS DE LOS CONSTITUYENTES MÁS COMUNES, ALBUMINA Y CREATININA.

LAS TIRAS REACTIVAS DE ORINA LABUSTICKS 12F CONSISTEN EN UNA TIRA DE PLÁSTICO PROVISTA DE ALMOHADILLAS DE PAPEL REACTIVO Y UNA ALMOHADILLA DE CALIBRACIÓN. ESTA CARACTERÍSTICA FACILITA LA MEDICIÓN DE MÚLTIPLES CONSTITUYENTES DE LA ORINA.

LA ALMOHADILLA DE CALIBRACIÓN, QUE NO ESTÁ IMPREGNADA DE REACTIVOS, PERMITE LA CORRECCIÓN INSTRUMENTAL AUTOMÁTICA DE LAS DESVIACIONES DEL COLOR NATURAL DE LA ORINA PARA OBTENER RESULTADOS PRECISOS. LA ALBUMINA ES UN ENSAYO DE BIOQUÍMICA CLÍNICA AUTOMATIZADO, SU DETERMINACIÓN SE REALIZA POR METODOLOGÍA COLORIMÉTRICA EN AUTOANALIZADOR ALINITY ABBOTT. LA CREATININA ES UN ENSAYO DE BIOQUÍMICA CLÍNICA AUTOMATIZADO, SU DETERMINACIÓN SE REALIZA POR METODOLOGÍA PICRATO ALCALINO CINÉTICO EN AUTOANALIZADOR ALINITY ABBOTT.

RESULTADOS

PARA LA GESTIÓN DE LA DEMANDA SE APLICÓ UN RECHAZO AUTOMÁTICO A AQUELLAS MUESTRAS DE ORINA A LAS QUE SE LE SOLICITABAN EL COCIENTE ALBUMINA/ CREATININA (CAC) Y ANORMALES Y SEDIMENTO. CUANDO EL RESULTADO DEL CAC EN LA TIRA REACTIVA ES <30MG/G, EXISTE UN 97.8% DE PROBABILIDAD DE QUE EL CAC SEA NORMAL.

SEGÚN DATOS OBTENIDOS DEL SISTEMA INFORMÁTICO DEL LABORATORIO (SIL) EN EL AÑO 2025 A 47.940 MUESTRAS DE ORINAS SE LES SOLICITÓ EL ANÁLISIS DE LOS CONSTITUYENTES MÁS COMUNES ADEMÁS DEL CAC. SE RECHAZARON 21.949 ORINAS (45.8%) LO QUE SUPUSO UN AHORRO ECONÓMICO Y DE TIEMPO DEL PROFESIONAL EN NUESTRO LABORATORIO.

CONCLUSIONES

EL USO EN EL LABORATORIO CLÍNICO DE TIRAS REACTIVAS DE ORINAS, QUE DETERMINEN ADEMÁS DE LOS CONSTITUYENTES COMUNES, LA ALBUMINA/CREATININA, NOS PERMITE NO TENER QUE REALIZAR LA DETERMINACIÓN DEL COCIENTE EN EL AUTOANALIZADOR DE BIOQUÍMICA, A AQUELLOS PACIENTES A LOS QUE SE LES SOLICITA A LA VEZ EL SISTEMÁTICO DE ORINA Y EL COCIENTE ALBUMINA/ CREATININA. ESTO SUPONE UN AHORRO ECONÓMICO TANTO DE REACTIVO COMO DE PERSONAL TÉCNICO.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 134

ESTUDIO COMPARATIVO: ACTH

Autor/a/s: Suárez Penas, Marina; Montesdeoca Molina, Carmen Duna; Fulgencio González, Adexe Juan; Márquez González, Pedro Jonay; González Medina, Rubén Miguel.

Centro Trabajo: Hospital Universitario de Gran Canaria Doctor Negrín

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Código Postal: 35010

Provincia: Las Palmas

Correo electrónico primer firmante: suarezpenasmarina@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La hormona adrenocorticotropa (ACTH) es una hormona peptídica producida y secretada por la hipófisis. Desempeña un papel fundamental en la regulación del eje hipotálamo-hipófisis-suprarrenal y en la homeostasis del organismo. Su principal función es estimular la producción y liberación de cortisol por las glándulas suprarrenales en respuesta a situaciones de estrés y para mantener la función metabólica adecuada.

La medición de los niveles de ACTH en plasma es una herramienta crucial en el diagnóstico y seguimiento de una variedad de trastornos endocrinos y no endocrinos. Los trastornos como la enfermedad de Addison, la enfermedad de Cushing, la hiperplasia suprarrenal congénita y los tumores hipofisarios son solo algunos ejemplos de condiciones en las que la determinación de ACTH juega un papel relevante.

OBJETIVOS

Comprobar la reproducibilidad y concordancia de las determinaciones de ACTH de DiaSorin (analizador Liaison XL, quimioluminiscencia) comparándolo con el método en uso en nuestro laboratorio de referencia de Roche diagnostic (analizador Cobas 411, electroquimioluminiscencia).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron un total de 80 muestras de plasma de pacientes a los que se les solicitó la determinación de niveles de ACTH. Estas muestras fueron analizadas utilizando ambas metodologías.

Para el estudio estadístico se ha utilizado el software R Core Team 2022, versión 4.2. Se ha calculado el coeficiente de concordancia de Lin, el coeficiente de correlación intraclase, la regresión de Passing-Bablok y el gráfico de Bland-Altman para comprobar la concordancia de las variables numéricas. Se consideró un p-valor < 0,05 como estadísticamente significativo en todos los análisis realizados.

RESULTADOS

Se ha obtenido un coeficiente de correlación de Lin de 0,9619 cuyo intervalo de confianza al 95% (0,9418-0,9752) es decir, hay un grado de concordancia sustancial. Además de un coeficiente de correlación interclase de 0,9624 con un intervalo de confianza al 95% (0,9362-0,9771). En el gráfico de Bland-Altman se comprueba una buena concordancia de las variables numéricas.

CONCLUSIONES

Existe una buena correlación entre ambas metodologías estudiadas para determinar los niveles de ACTH en suero, pudiendo emplearse cualquiera de los dos métodos para el diagnóstico y seguimiento de estos pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 137

EVALUACIÓN DEL GRADO DE FIBROSIS HEPÁTICA MEDIANTE UN NUEVO ÍNDICE: ENHANCED LIVER FIBROSIS (ELF)

Autor/a/s: Benito Pérez, María Esperanza; Hernández Muñoz Duque, María Concepción; Del Río Muñoz, Teresa; Ruano Silva, Ana María; Martín Andrés, María Felicidad; Barco Hernández, María Belen; Egidio Andrés, María Teresa; Pierna Álvarez, María; Moyano Martínez, Ana; Cembrero Fuciños, David

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: ebepe62@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La enfermedad del hígado graso no alcohólico (NAFLD) afecta al 25% de la población mundial y se prevé que aumente hasta convertirse en la principal causa de mortalidad relacionada con el hígado en 20 años. Alrededor del 20% de las personas con NAFLD se estima que tienen esteatohepatitis no alcohólica (NASH), una forma de NAFLD que incluye daño de células hepáticas.

A medida que se dispone de nuevas terapias, las pruebas no invasivas son una herramienta importante para ayudar a identificar pacientes con fibrosis y riesgo de desarrollar cirrosis. Los índices FIB-4 y Enhanced Liver Fibrosis (ELF), junto con otros hallazgos clínicos y de laboratorio, puede ser utilizados para evaluar el grado de fibrosis y el riesgo de progresión a cirrosis en pacientes con enfermedad hepática crónica

OBJETIVOS

Evaluar grado de fibrosis hepática en función de los resultados obtenidos mediante el índice Enhanced Liver Fibrosis (ELF).

MATERIAL Y MÉTODOS

La prueba de FIB-4 es el cálculo (edad \times AST) /recuento de plaquetas $\times \sqrt{\text{ALT}}$, que se realiza de forma rutinaria a los pacientes de Atención Primaria, siempre que tengan hemograma y ALT superior al rango de normalidad, añadiendo, en estos casos, la AST para poder obtener el índice. ALT y AST se procesan en el equipo Atellica CH 930 y las plaquetas en el ADVIA 2120.

La prueba ELFTM es el resultado numérico de un algoritmo logarítmico que se genera automáticamente y emplea la ecuación [ELF = 2.278 + 0.851 ln(HA)+ 0.751 ln(PIIINP) + 0.394 ln(TIMP-1)]. Esta ecuación combina mediciones séricas cuantitativas de tres marcadores del metabolismo de la matriz extracelular hepática, determinados mediante quimioluminiscencia en el analizador Atellica IM 1600 de Siemens:

- Ácido hialurónico (HA), Atellica IM HA
- Péptido aminoterminal de procolágeno III. (PIIINP), Atellica IM PIIINP
- Inhibidor tisular de la metaloproteinasa-1 (TIMP-1), Atellica IM TIMP1-

Se utilizó la prueba FIB-4, para seleccionar 164 pacientes que presentaban valores superiores o igual a 1.3 en menores de 65 años y mayor o igual a 2 en pacientes mayores de 65. A estos pacientes se les realizó las determinaciones para el ELF.

RESULTADOS

De los 164 pacientes estudiados;

- FIB-4; Riesgo intermedio de fibrosis (≥ 1.3 a 3.25); 137 pacientes
- FIB-4; Riesgo alto de fibrosis (≥ 3.25); 27 pacientes
- ELF: < 7.7: sin fibrosis a leve (F0 a F1); 0 pacientes:
- ELF: ≥ 7.7 a < 9.8: fibrosis moderada ($\geq F2$); 59 pacientes
- ELF: ≥ 9.8 a < 11.3: fibrosis clínicamente significativa ($\geq F3$); 83 pacientes
- ELF: ≥ 11.3 : cirrosis ($\geq F4$) 22 pacientes

La estratificación del riesgo empleando FIB-4 como primera prueba de elección por su valor predictivo negativo, seguida de ELF para identificar a pacientes con mayor probabilidad de tener una lesión significativa ($\geq F2$) o fibrosis avanzada (F3/4) y que requieren de una atención secundaria especializada, parece adecuada.

CONCLUSIONES

Los resultados muestran buena concordancia en cuanto a la presen-

cia de fibrosis, pero sería necesario, realizar una elastografía transitoria para medir el grado real de fibrosis, y ver la concordancia real con los resultados obtenidos, valorar los puntos de corte propuestos y poder utilizar el ELF como marcador de fibrosis.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 138

FALSOS INDICES SERICOS ANORMALES POR LA PRESENCIA DE COMPONENTE MONOCLONAL

Autor/a/s: Benito Pérez, María Esperanza; Jiménez Arostegi, Itxaso; Pérez González, Andrea; Barco Hernández, María Belén; Martín Andrés, María Felicidad; Egido Andrés, María Teresa; Hernández Muñoz Duque, María Concepción; Hernández Benito, Demetria; Moyano Martínez, Ana; Pierna Álvarez, María

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: ebepe62@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los autoanalizadores de bioquímica detectan hemolisis, ictericia y lipemia en muestras biológicas, proporcionando índices séricos como indicadores de presencia de hemoglobina, bilirrubina o lípidos. Se han relacionado casos de índices anormales en ausencia de estas moléculas con la presencia de bandas monoclonales características de gammopatías monoclonales (GM). Es de crucial importancia la detección temprana de estos componentes monoclonales en pacientes con gammopatía monoclonal de significado incierto (GMSI), ya que en muchos casos son asintomáticas y suelen derivar en otro tipo de GM con peor diagnóstico, gravedad y evolución. También es importante la detección de la presencia de este componente monoclonal si se mide los iones por potenciometría indirecta ya que se produce un efecto de exclusión que puede generar falsas hiponatremias

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio fue analizar el número de índices séricos anormales falsos correspondientes a la presencia de un componente monoclonal, detectar hiponatremias no reales e informar los valores correctos obtenidos con otra metodología

MATERIAL Y MÉTODOS

Se creó una prueba de alerta no informable (interferencia) ante la presencia de un índice de hemolisis de 3 y de ictericia de 1 (Atellica 930H, Siemens). En todos los casos positivos se comprobó la verdadera presencia de hemoglobina e ictericia, así como la presencia de componente monoclonal mediante proteinograma (V8 Nexus Helena, Menarini) y la cuantificación de las inmunoglobulinas (IgG e IgM) (Dimensión Vista 500, Siemens). Para el estudio del efecto de exclusión debido a la presencia de estas inmunoglobulinas en el análisis de los iones (sodio, cloro y potasio) se realizó su medición a través de potenciometría directa (GEM 5000, Werfen).

RESULTADOS

Se encontraron 217 índices séricos con hemolisis de 3 e ictericia de 1, de los cuales 192 resultaron ser falsos y correspondían con la presencia de interferencia por componente monoclonal (IgM o IgG). En la mayoría de los casos, sobre todo ante la presencia de IgM, presentaban hiponatremias no reales.

Después de analizar las interferencias determinamos que solo 25 de ellas (11,5%) era reales. El resto eran debidas a la presencia de componente monoclonal.

CONCLUSIONES

Esta prueba de alerta se creó con la idea de detectar falsos índices séricos anormales y a la vez detectar componentes monoclonales no conocidos. Muy importante en el caso de GMSI que, siendo en la mayoría de los casos asintomáticos, pueden preceder al diagnóstico del mieloma múltiple, macroglobulinemia, amiloidosis y trastornos linfoproliferativos. Esta prueba, también ha ayudado a la detección y corrección en la cuantificación de los iones, sobre todo, en el caso de sodio. Gracias a su implantación, se han detectado y corregido gran número de hiponatremias ficticias.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 140

IMPORTANCIA DE LA PREANALÍTICA EN LA OBTENCIÓN DE LA MUESTRA PARA EL ESTUDIO DEL ANTÍGENO DEL HELICOBACTER PYLORI.

Autor/a/s: Alicia Sánchez García, Sara Romero Aguilá, Natalia Magay Kuznetsova, Carolina Sarvisé Buil, Isabel Fort Gallifa, Eulàlia Oriol Colominas.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Joan XXIII de Tarragona

Localidad: Tarragona

Código Postal: 43005

Provincia: Tarragona

Correo electrónico primer firmante: alicia_arcos@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Para el diagnóstico de *H. pylori* se dispone de pruebas invasivas y no invasivas, la utilización de cada una de ellas dependerá del objetivo clínico, la población de diagnóstico, circunstancias clínicas del paciente y la disponibilidad o accesibilidad de cada una de ellas.

En nuestro laboratorio se dispone de la prueba no invasiva LIAISON® Meridian H .pylori SA para la detección del antígeno en heces, de la casa comercial Diasorin, que utiliza un ensayo inmunoquimioluminiscente, en el que se emplea un anticuerpo monoclonal para la detección de dicho antígeno.

Los errores preanalíticos son los más frecuentes en el laboratorio y las herramientas destinadas a su disminución son de gran relevancia clínica para la obtención de un resultado fiable y preciso en el menor tiempo posible.

OBJETIVOS

Evaluar el impacto de las intervenciones realizadas para la reducción de incidencias preanalíticas en muestras de heces, recibidas para la determinación del antígeno de *Helicobacter pylori* en el Laboratorio Clínic ICS Camp de Tarragona durante 2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para disminuir estas incidencias, se realizaron de manera multidisciplinar, conjuntamente con los responsables de atención primaria (AP) las siguientes acciones:

- Reunión con el responsable de AP del laboratorio.
- Reunión del responsable de AP con los referentes de los centros para mostrar la relevancia de la situación.
- Creación de un grupo focal de laboratorio formado por el área responsable de la determinación y área de preanalítica.
- Edición de una pildora informativa destinada a los centros de AP mostrando una recolección correcta e incorrecta de muestra.
- Revisión y actualización de la infografía de toma de muestra para el usuario.

- Formación continuada al personal de AP.

- Feedback continuado entre los implicados.

RESULTADOS

Las solicitudes recibidas durante el periodo de estudio fueron 17051.

Los porcentajes de incidencias que se obtuvieron respecto al total de solicitudes mensuales fueron: enero 992 solicitudes - 10.58% incidencias, febrero 1080 solicitudes - 22.31%, marzo 1719 solicitudes - 37.81% , abril 1547 solicitudes - 17.38%, mayo 1568 solicitudes - 10.21%, junio 1332 solicitudes - 10.66%, julio 1698 solicitudes - 7.01%, agosto 1199 solicitudes - 4.34%, septiembre 1317 solicitudes - 4.86%, octubre 1699 solicitudes - 6.65%, noviembre 1612 solicitudes - 4.03% y diciembre 1288 solicitudes - 4.81%.

CONCLUSIONES

El número de incidencias ha disminuido notablemente, por debajo del 10% que fue el objetivo marcado.

Reflejar la importancia de un trabajo multidisciplinar, la formación continuada, tanto del personal como del usuario, para la disminución de las incidencias preanalíticas, favoreciendo así, una mejora continua.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 143

INTERCAMBIABILIDAD DE TÉCNICAS ENTRE LOS ANALIZADORES SIEMENS VISTA Y ATELLICA PARA PROTEÍNAS SÉRICAS E INMUNOGLOBULINAS: APLICACIÓN DE LOS CRITERIOS DE LA SEQC

Autor/a/s: Benito Pérez, María Esperanza; Barco Hernández, María Belén; Del Rio Muñoz, Teresa; Mozas Codesal María Teresa; Mallorquin Temprano, Raquel; Martín Andrés, María Felicidad; Ruano Silva, Ana María; Hernández Benito, Demetria; Moyano Martínez, Ana; Cembrero Fuciños, David

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: ebepe62@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La retirada del suministro de reactivos para el analizador Siemens Vista, que emplea nefelometría, ha forzado la migración a plataformas alternativas, siendo Siemens Atellica una de las principales opciones, que emplea turbidimetría. En este contexto, es esencial evaluar la intercambiabilidad analítica entre ambas plataformas para garantizar la continuidad asistencial.

La Sociedad Española de Medicina de Laboratorio (SEQC) establece criterios estrictos para determinar si dos métodos pueden considerarse intercambiables, teniendo en cuenta sesgos sistemáticos y proporcionales, así como la concordancia global.

OBJETIVOS

Evaluar la intercambiabilidad entre los analizadores Siemens Vista y Atellica para los parámetros IgA, IgM, IgG, ApoA1, ApoB, prealbúmina y haptoglobina, aplicando los criterios estadísticos propuestos por la SEQC.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron muestras de suero humano en paralelo en ambos sistemas. Se aplicaron los siguientes análisis estadísticos: regresión de Passing-Bablok, análisis de Bland-Altman y coeficiente de correlación de concordancia (CCC).

Según la SEQC, un método se considera intercambiable si:

- La pendiente B tiene un IC95% que incluye el valor 1 (sin sesgo proporcional).
- El intercepto A tiene un IC95% que incluye el 0 (sin sesgo constante).
- El CCC es ≥ 0.975 .
- La diferencia media no es clínicamente significativa.

RESULTADOS

IgA: N=457. (IC 95%) 0.9971 (0.9965–0.9976); Pendiente B: 1.0102 (1.0000–1.0229); Intercepto A: -14.14 (-16.23 a -13.00); Diferencia media: -11.94

(-13.30 a -10.59). Cumple con la SEQC? Sí

IgG: N=441. (IC 95%) 0.9930 (0.9915–0.9942); Pendiente B: 0.9742 (0.9665–0.9825); Intercepto A: 21.69 (15.32 a 28.83); Diferencia media: -4.55 (-9.42 a

0.39). Cumple con la SEQC? Sí

IgM: N=497. (IC 95%) 0.9894 (0.9874–0.9911); Pendiente B: 0.9286 (0.9180–0.9394); Intercepto A: 0.29 (-0.42 a 1.03); Diferencia media: -9.12 (-11.03 a

-7.22). Cumple con la SEQC? NO

ApoA1: N=77. (IC 95%) 0.9833 (0.9737–0.9894); Pendiente B: 1.3226 (1.2656–1.3750 ; Intercepto A: -5.32 (-11.38 a 1.25) ; Diferencia media: 34.31 (31.83

a 36.64). Cumple con la SEQC? NO

ApoB: N=72. (IC 95%) 0.9430 (0.9102–0.9641); Pendiente B: 1.2222 (1.1333–1.3478) ; Intercepto A: -2.28 (-10.37 a 5.33) ; Diferencia media: 16.50 (14.62 a

18.38). Cumple con la SEQC? NO

Prealbúmina: N=521. (IC 95%) 0.7037 (0.6465–0.7455); Pendiente B: 1.0000 (1.0000–1.0000); Intercepto A: 2.00 (2.00 a 2.00); Diferencia media: 1.78 (1.64 a 1.93). Cumple con la SEQC? NO

Haptoglobina: N=101. (IC 95%) 0.9931 (0.9898–0.9954); Pendiente B: 1.0000 (0.9737–1.0194); Intercepto A: -2.0000 (-4.4175–0.0000); Diferencia media:

-1.5149 (-3.3098 a 0.2801); Cumple con la SEQC? Sí

CONCLUSIONES

Aplicando los criterios de la SEQC, solo IgA, IgG y haptoglobina cumplen los requisitos de intercambiabilidad, con concordancia excelente y sin sesgos clínicamente significativos. IgM, aunque presenta buena correlación global, no es intercambiable debido a un sesgo proporcional significativo (IC95% de la pendiente B no incluye 1). ApoA1 y ApoB no son intercambiables, al presentar sesgo proporcional y diferencias absolutas clínicamente relevantes.

Prealbúmina presenta baja concordancia global (CCC < 0.75), descartando su intercambiabilidad pese a que la pendiente no indica sesgo proporcional.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 149

ANÁLISIS DE LA DEMANDA PARA CREATINA QUINASA Y ALDOLASA.

Autor/a/s: C.Fernandez, J.Gorriñ, C.Herrera.

Centro de Trabajo: Laboratori de Referencia de Catalunya

Localidad: El Prat de Llobregat

Código Postal: 08820

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: cristianfg199522@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Ante el contexto sanitario actual, buscamos adecuar la demanda de pruebas para optimizar el rendimiento de las herramientas diagnósticas como es el laboratorio. Para ello escogimos estudiar la cantidad de pruebas solicitadas de Creatinina quinasa y Aldolasa por su complementariedad a la hora de evaluar daño muscular, basándonos en la regla de solicitar Aldolasa si la CK resulta ser elevada.

OBJETIVOS

Nuestro objetivo como técnicos/facultativos es adecuar la demanda y dar valor a la actividad del laboratorio, teniendo en cuenta las características clínicas de mayor peso para las pruebas analizadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Este estudio se realizó en base al curso Gestión de demanda en el Laboratorio Clínico de Semedlab que nos sirvió como guía. Haciendo uso de las herramientas proporcionadas en nuestro puesto de trabajo como es LIS (Laboratory Internal System), hicimos una recogida de resultados. Además utilizamos la pagina web LabTest Online para obtener información sobre las técnicas estudiadas.

Pudimos recoger resultados de un total de 2753 pacientes que compartían CK y Aldolasa procesadas durante el año 2025, los cuales volcamos en un Excel para proceder a crear las estadísticas de la investigación.

RESULTADOS

De los datos obtenidos del total de CK y Aldolasas solicitadas conjuntamente, pudimos concluir que más del 80% de las Aldolasas no deberían haber sido pedidas siendo el resultado de CK normal y el de estas negativo, mientras que solo en el 11,1% de los casos de CK normal la Aldolasa resulta ser elevada, por lo que en estos casos excepcionales habría que estudiar la clínica más detenidamente. Por otro lado, del total de muestras estudiadas, solo el 7.8% de lo casos seguían la regla por ambas pruebas elevadas, por lo que las concluimos como bien solicitadas en cuanto a gestión.

Pudimos comprobar que la distribución de edad de los pacientes era de promedio 55.7 años con desviación +/- 17.22 años, y que el 37.6% corresponde a hombres y 62.4% a mujeres.

Y por último, añadir que los servicios donde más se solicitaban estas pruebas eran el Servicio de Reumatología con un 39.41% de las peticiones, servicio de Medicina interna con un 17.98%, y Pneumología con un 8.94%.

CONCLUSIONES

Nuestra conclusión es que la mayoría de casos estudiados no siguen las recomendaciones actuales para la correcta gestión de la demanda de los parámetros analizados. Creemos que hay margen de mejora y proponemos incentivar la concienciación de los especialistas o formación al personal asistencial para optimizar la demanda en una fase previa a la preanalítica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 151

ESTUDIO COMPARATIVO INTERHOSPITALARIO DE LA ALDOSTERONA:HOSPITAL UNIVERSITARIO VALL D'HEBRON VS.HOSPITAL UNIVERSITARIO JOAN XXIII

Autor/a/s: Andrea Gómez Abadía, Eva Gonzalez Carballo, Eva Berbel de la Paz, Mirela Diana Muresan, Ignacio Velasco Santaella, Blanca Maria Verdú Martí y Isabel Fort Gallifa.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Joan XXIII

Localidad: Tarragona

Código Postal: 43005

Provincia: Tarragona

Correo electrónico primer firmante: agomez.hj23.ics@gencat.cat

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La aldosterona es una hormona mineralocorticoide esencial en la regulación del equilibrio hidroelectrolítico y de la presión arterial.

Su determinación en el laboratorio clínico es fundamental para el diagnóstico, la evaluación y el seguimiento de diversas patologías endocrinas, especialmente aquellas relacionadas con el sistema renina angiotensina-aldosterona, contribuyendo a una correcta interpretación clínica y toma de decisiones médicas.

OBJETIVOS

El objetivo es comparar los resultados de las determinaciones de aldosterona obtenidas con el analizador LIAISON® (DiaSorin) en el laboratorio del Hospital Universitario Joan XXIII y en el Hospital Universitario Vall d'Hebron, con el fin de demostrar la comparabilidad de los resultados y garantizar la fiabilidad en su interpretación clínica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 82 muestras de suero de diferentes pacientes para comparar dos métodos de medición de la aldosterona. Se determina en el sistema LIAISON® mediante un inmunoensayo por quimioluminiscencia (CLIA). La hormona presente en la muestra se une a anticuerpos específicos, generando una señal quimioluminiscente inversamente proporcional a su concentración, que es medida automáticamente por el analizador.

RESULTADOS

El análisis comparativo de las determinaciones de aldosterona entre el Hospital Universitario Joan XXIII y el Hospital Universitario Vall d'Hebron muestra una alta concordancia entre ambos centros. La regresión de Passing-Bablok presenta una pendiente cercana a la unidad (1,01) y un intercepto próximo a cero (0,41), lo que indica ausencia de sesgo proporcional y constante clínicamente relevante. Además, se observa una correlación muy elevada entre los resultados ($r = 0,963$), lo que demuestra que las determinaciones de aldosterona son comparables y fiables para su interpretación clínica.

CONCLUSIONES

Existe una alta concordancia entre las determinaciones de aldosterona de ambos hospitales, sin sesgo relevante, confirmando la comparabilidad de ambos resultados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 154

ESTUDIO INTERHOSPITALARIO COMPARATIVO DE LA IGF-1: HOSPITAL UNIVERSITARIO VALL D'HEBRON VS. HOSPITAL UNIVERSITARIO JOAN XXIII

Autor/a/s: Andrea Gómez Abadía, Eva Gonzalez Carballo, Eva Berbel de la Paz, Mirela Diana Muresan, Ignacio Velasco Santaella, Àgueda Garcia Meseguer, Isabel Fort Gallifa y Clara Franco Jarava.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Joan XXIII

Localidad: Tarragona

Código Postal: 43005

Provincia: Tarragona

Correo electrónico primer firmante: agomez.hj23.ics@gencat.cat

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El factor de crecimiento similar a la insulina tipo I (IGF-I) es una proteína esencial para el crecimiento, el desarrollo y el metabolismo celular,

ya que media gran parte de los efectos de la hormona del crecimiento (GH). Se produce principalmente en el hígado, aunque también en otros tejidos, y actúa sobre numerosos órganos como músculos, huesos y el sistema nervioso. Debido a su estabilidad en sangre y a que refleja de forma fiable la secreción de GH, la medición de IGF-I en suero es una herramienta clave para el diagnóstico de alteraciones como el gigantismo y la acromegalia. Además, ha sido investigado por su posible efecto neuroprotector en la esclerosis lateral amiotrófica (ELA), aunque su uso terapéutico continúa siendo controvertido por la falta de evidencia concluyente y los posibles riesgos.

OBJETIVOS

Analizar la comparativa de los resultados obtenidos en las determinaciones de IGF-1 por el analizador Liaison® (DiaSorin) en el laboratorio del Joan XXIII y en la Vall d'Hebrón para demostrar que los resultados obtenidos de IGF-1 son comparables en ambos centros, asegurando así la fiabilidad de la interpretación de los resultados.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 86 muestras de suero de diferentes pacientes para comparar dos métodos de medición de IGF-1. El sistema Liaison usa un inmunoensayo por quimioluminiscencia (CLIA) de tipo sándwich de un solo paso después de separar el IGF-1 de la proteína de unión.

Se realizó una estadística con la prueba Passing-Bablok para el análisis del sesgo.

RESULTADOS

Se compararon las determinaciones de IGF-1 entre el Hospital Vall d'Hebron y el Hospital Joan XXIII mediante regresión Passing-Bablok ($n = 86$). La ecuación obtenida fue:

$IGF-1 \text{ (Joan XXIII)} = -3,16 + 1,06 \cdot IGF-1 \text{ (Vall d'Hebron)}$.

Se observó una correlación lineal muy elevada entre ambos métodos ($r = 0,997$).

El intercepto (-3,16) no mostró un sesgo constante clínicamente relevante. No obstante, la pendiente superior a la unidad (>1) evidencia la existencia de un sesgo proporcional, con valores sistemáticamente más elevados en el Hospital Joan XXIII a concentraciones altas de IGF-1 siendo potencialmente crítico para el seguimiento y la monitorización de pacientes con exceso de GH.

CONCLUSIONES

Aunque los valores de IGF-1 muestran una excelente correlación entre ambos hospitales, no son directamente intercambiables, debido a la presencia de sesgo proporcional

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 159

COMPARATIVA MÉTODO MACROPROLACTINA (PEG) EN FRÍO Y EN TEMPERATURA AMBIENTE

Autor/a/s: Aida Alonso Prieto Ana Muñoz Garcia

Blanca Maria Verdú Martí Isabel Fort Gallifa

Centro de Trabajo: HJXXIII Tarragona

Localidad: Tarragona

Código Postal: 43204

Provincia: Tarragona

Correo electrónico primer firmante: aaprieto.hj23.ics@gencat.cat

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La prolactina es una hormona polipeptídica que puede presentarse en una isoforma de mayor peso molecular y menor actividad biológica, conocida como macroprolactina, cuya presencia da lugar a

macroprolactinemia. Si la concentración de prolactina no se interpreta correctamente según el historial del paciente, puede dar a lugar a un diagnóstico erróneo. De ahí la importancia de la medición de macroprolactina en los laboratorios. El método mayormente usado para el cribado de la macroprolactina es la precipitación del suero con polietilenglicol (PEG).

OBJETIVOS

Analizar la correlación de los resultados obtenidos de macroprolactina con la misma metodología pero diferentes condiciones preanalíticas: centrifugación en frío y centrifugación a temperatura ambiente para demostrar que los resultados obtenidos son intercambiables entre sí.

MATERIAL Y MÉTODOS

Medición de prolactina en suero. En aquellas muestras con valores superiores al rango de normalidad, se determinó la prolactina en el sobrenadante tras la adición de polietilenglicol (PEG) y posterior centrifugación, con el objetivo de descartar la presencia de macroprolactina.

Cada muestra se procesó en paralelo mediante el protocolo habitual con centrifugación en frío y mediante un nuevo protocolo a temperatura ambiente. En ambos casos se calculó el porcentaje de recuperación de prolactina.

RESULTADOS

Se analizaron 69 muestras con hiperprolactinemia. Con el protocolo de centrifugación en frío, 66 muestras mostraron ausencia de macroprolactina y 3 fueron clasificadas como indeterminadas.

Aplicando el protocolo a temperatura ambiente, 67 muestras mostraron ausencia de macroprolactina y 2 fueron indeterminadas.

El test de chi-cuadrado no mostró diferencias estadísticamente significativas entre ambos procedimientos ($p = 0,13$; $p > 0,05$), lo que indica ausencia de asociación entre la temperatura de centrifugación y la clasificación diagnóstica.

El diagrama de dispersión evidenció una correlación positiva entre ambos métodos, con distribución homogénea de los puntos y ausencia de valores extremos, lo que indica un comportamiento analítico comparable entre la centrifugación en frío y a temperatura ambiente.

El análisis de Bland-Altman mostró un sesgo medio de +8,2% del protocolo a temperatura ambiente respecto al centrifugado en frío. La mayoría de las diferencias se situaron dentro de los límites de concordancia, sin observarse discrepancias clínicamente relevantes, lo que respalda la intercambiabilidad de ambos procedimientos.”

CONCLUSIONES

Los resultados muestran elevada concordancia entre ambos protocolos, sin impacto clínico en la clasificación de macroprolactinemia. Puede adoptarse la centrifugación a temperatura ambiente como alternativa válida sin pérdida de calidad diagnóstica, tal y como marcan las guías de la SEEN y Semedlab.

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La lipoproteína (a) es una proteína plasmática de síntesis plasmática. Está formada de una apolipoproteína (a) unida a una partícula de LDL y es de origen

genético. La estructura proteica de la Lp(a) fundamentalmente es apolipoproteína B100 (apoB) y apo (a).

Debido que es de origen genético, su tratamiento no es igual que otros tipos de partículas de colesterol, por lo que su tratamiento no va relacionado con la dieta, ejercicio físico y está bastante reducido, aunque ya hay varios ensayos clínicos puestos en marcha.

Su elevación por encima de 105nmol/L se asocia a un mayor riesgo de padecer una enfermedad cardiovascular. Sus niveles vienen determinados entre un 80-90% genéticamente.

OBJETIVOS

- Medir los niveles de la lipoproteína (a) en sangre del paciente.
- Identificar a pacientes con riesgo genético elevado.
- Asegurar la calidad y fiabilidad de los resultados.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha llevado a cabo una revisión bibliográfica amplia, consultando bases de datos internacionales reconocidas en ciencias de la salud, incluyendo PubMed, Medline y Elsevier.

Se consultaron revistas y artículos de investigación relacionados con el tema a tratar, así como libros y manuales de diferentes ediciones. Además, para el contaje se tomaron las peticiones de 60 pacientes del Hospital Universitario Severo Ochoa.

RESULTADOS

La determinación de la lipoproteína (a) se realizará en una muestra de sangre venosa del paciente con algunas indicaciones específicas (no ingesta de algunos medicamentos, etc).

El análisis se realizará principalmente con el uso de inmunoensayos, como inmunoturbidimetría e inmunonefelometría, que emplean anticuerpos policlonales dirigidos contra la apo (a), los cuales se unen a la sección KIV-2.

Otro método de medición sería mediante ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA), que es más preciso, pero menos accesible. Y también se podría medir por espectroscopia de masas, tiene mayor exactitud, sensibilidad y puede analizar varias muestras a la vez.

Los resultados deben reportarse en mg/dl o en nmol/L, esta última es la más precisa porque mide el número de partículas, no solo su masa.

Un valor alto sugiere un riesgo cardiovascular elevado independiente de otros factores como la hipertensión, diabetes o LDL. Cabe destacar que los mecanismos por los cuales el aumento de la Lp(a) aumenta este riesgo cardiovascular son:

- Aterosclerosis, donde contribuye a la formación de placas de ateroma en las paredes de las arterias, dificultando el paso del flujo sanguíneo.
- Formación de coágulos, interfiriendo en la coagulación sanguínea y favoreciendo a la formación de trombos en venas y arterias.

En el estudio tomamos como referencia los meses de Enero y Febrero del año en curso, lo que ha dado un total de 60 pacientes con determinación de Lipoproteína (a). El 38,33% (23 pacientes) resultaron Lp(a) positiva (>105). De estos, un 60.87% son hombres y el 39,19% restante mujeres. Del porcentaje de hombres se vió que un 56.52% (la gran mayoría) eran mayores de 50 años, frente al 21,74% del porcentaje de mujeres.

Sólo dos pacientes positivos, de los estudiados para esta determinación, presentan diagnósticos no relacionados con Enfermedad Cardiovascular. En resumen, del total de pacientes positivos el 91,3% tiene o ha tenido diagnóstico de ECV

CONCLUSIONES

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 168

DETERMINACIÓN DE LA LIPOPROTEÍNA (A) COMO FACTOR DE RIESGO GENÉTICO CARDIOVASCULAR EN EL LABORATORIO CLÍNICO

Autor/a/s: Soraya García Valverde Alicia Teresa Pelaez Muñoz

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Severo Ochoa

Localidad: Leganés

Código Postal: 28914

Provincia: Madrid

Correo primer firmante: sgarciavalverde@salud.madrid.org

La determinación de la lipoproteína (a) como factor de riesgo cardiovascular de origen genético no forma parte de las pruebas habituales en el laboratorio clínico. Sin embargo, cuando se analiza y aparece elevada, indica que existe un mayor riesgo cardiovascular. En el estudio realizado, además de en otros muchos existentes, podemos concluir que efectivamente es así. Los pacientes positivos (mayoritariamente hombres mayores de 50 años) para Lp(a) presentan o han presentando algún cuadro sugerente de Enfermedad Cardiovascular y en algún caso concreto se ha podido realizar un diagnóstico precoz.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 169

ESTUDIO SOBRE VALORES DE HbA1c SEGÚN SEXO Y EDAD EN NUESTRA ÁREA DE SALUD

Autor/a/s: Soraya García Valverde, Alicia Teresa Pelaez Muñoz y Ángela Vázquez Rodríguez (Residente del Hospital Universitario Severo Ochoa).

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Severo Ochoa

Localidad: Leganés

Código Postal: 28914

Provincia: Madrid

Correo primer firmante: sgarciavalverde@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La hemoglobina glicosilada (HbA1c) es un parámetro esencial para el diagnóstico y seguimiento de los pacientes con diabetes mellitus. La diabetes es una enfermedad metabólica crónica de gran alcance epidemiológico, requiere un tratamiento de por vida y un seguimiento de los valores glucémicos para un control metabólico adecuado. Un valor superior a 6.5% de HbA1c indica un mal control glucémico. Se conoce que un nivel de HbA1c del 6% corresponde a 135 mg/dL de glucemia y que por cada 1% de aumento la glucemia aumenta 35 mg/dL aproximadamente.

OBJETIVOS

El objetivo fue comparar por sexo y edad los valores de HbA1c de 50 pacientes de un hospital de tercer nivel y observar qué proporción mantenían un control metabólico adecuado.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recopilaron los valores de HbA1c de 53 pacientes evaluados en un hospital de tercer nivel, cumpliendo el criterio de contar con al menos un resultado previo de HbA1c. Se incluyeron variables como sexo, edad, valor actual de HbA1c y valor previo de HbA1c. Se consideró que un paciente mostró mejoría en el control glucémico cuando su HbA1c previa era mayor de 6.5% y su valor actual era inferior a dicho umbral.

RESULTADOS

De los 53 pacientes seleccionados, se observó que 27 presentaban valores de HbA1c superiores a 6.5%. De estos, 15 eran mujeres (28.3% del total de pacientes) y 12 hombres (22.6%). En promedio, los hombres mostraron valores actuales de hemoglobina glicosilada ligeramente superiores a los de las mujeres, con medias de 7.13% y 6.76%, respectivamente. Además, las mujeres evidencian una disminución leve en sus valores de HbA1c en comparación con la anterior, mientras que en los hombres el cambio es mínimamente perceptible.

En relación a la distribución por edad, la mayor proporción de pacientes se encuentra en el rango de 70 a 79 años, representando el 30.2%. Los valores medios de HbA1c más elevados se registran en el grupo de 90 a 99 años, seguidos por el grupo de 80 a 89 años. Las mujeres mayores de 80 años presentan los niveles más altos

de HbA1c. Sin embargo, en el grupo de 40 a 49 años, los hombres exhiben un valor medio de HbA1c significativamente elevado (8.3%), superior al de las mujeres en este rango. En términos generales, los valores de HbA1c tienden a incrementarse con la edad, especialmente en la población femenina.

CONCLUSIONES

Los datos sugieren la necesidad de fortalecer el seguimiento y las intervenciones dirigidas a optimizar el control metabólico, especialmente en la población mayor de 70 años, dado que una proporción significativa de pacientes presenta niveles de HbA1c superiores al umbral. Una estrategia para facilitar el control glucémico podría consistir en analizar las características individuales y los cambios en el estilo de vida de los pacientes que han logrado reducir sus valores de HbA1c. Además, desde la atención primaria, es recomendable evaluar posibles modificaciones en el plan terapéutico en aquellos pacientes que no alcanzan el control glucémico, ya sea por falta de adherencia al tratamiento o por la ineficacia del mismo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 176

PAPEL DEL TÉCNICO DE LABORATORIO EN LA DETECCIÓN DE ELASTASA FECAL.

Autor/a/s: CORAL COSTUMERO CALLEJÓN

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO RAMÓN Y CAJAL

Localidad: MADRID

Código Postal: 28044

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: coralcc@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La fibrosis quística es una enfermedad crónica y progresiva que afecta a varios órganos, especialmente los pulmones y el sistema digestivo, siendo una de sus complicaciones más frecuentes la insuficiencia pancreática exocrina, lo que dificulta la digestión y absorción de nutrientes. La elastasa pancreática es una enzima que no se degrada de forma significativa durante el tránsito intestinal, lo que la convierte en un biomarcador muy fiable para evaluar la función exocrina del páncreas. El técnico de laboratorio es clave para que esta prueba ofrezca resultados precisos, ya que un resultado correcto implica iniciar a tiempo un tratamiento esencial para el estado nutricional y la calidad de vida del paciente.

OBJETIVOS

Analizar el procedimiento preanalítico, analítico y postanalítico, resaltando las responsabilidades del técnico de laboratorio. Identificar posibles errores e interferencias que puedan comprometer la fiabilidad del resultado.

Destacar la importancia del control de calidad en la determinación de elastasa fecal.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para poder llevar a cabo la extracción y posterior cuantificación de la elastasa fecal se ha utilizado:

- Recipientes estériles de tapa roja.
- Heces frescas de 2629 pacientes.
- Kits de extracción y reactivos.
- Vórtex
- Equipo de quimioluminiscencia o inmunoensayo tipo ELISA.

Los datos y resultados se obtuvieron tanto mediante una exhaustiva revisión bibliográfica como en el laboratorio de gastroenterología del Hospital Universitario Ramón y Cajal.

RESULTADOS

Se han identificado aspectos clave en la detección de la elastasa fecal que implican directamente al técnico de laboratorio en las distintas fases del proceso:

FASE PREANALÍTICA:

Conservación: la muestra de heces debe recogerse en un recipiente limpio y sin aditivos. Se debe conservar en refrigeración, si no se realizase la determinación en 72 horas la muestra debe congelarse a -20°.

Se debe tener en cuenta como interferencia las muestras líquidas, ya que en pacientes con diarrea grave la elastasa puede estar diluida, generando falsos positivos de insuficiencia pancreática.

FASE ANALÍTICA:

La determinación de elastasa fecal se realiza mediante quimioluminiscencia o inmunoensayo tipo ELISA, por lo que el técnico de laboratorio tiene la responsabilidad de preparar las diluciones necesarias según el kit, controlar las condiciones de incubación y lavado para evitar variaciones y garantizar mediante controles la fiabilidad de cada tanda analítica.

FASE POSTANALÍTICA:

La interpretación se basa en puntos de corte establecidos, por lo que el técnico de laboratorio debe validar los resultados técnicos verificando la coherencia con controles y descartando errores instrumentales o humanos.

CONCLUSIONES

Aproximadamente el 0,38% de las muestras recibidas eran insuficientes y alrededor del 0,34% fueron mal conservadas o estaban contaminadas (no se mantuvieron en refrigeración, presentaban moho, etc), lo que evidencia el papel clave que desempeña el técnico de laboratorio tanto en la verificación del estado de la muestra como en la ejecución del ensayo y posterior interpretación del resultado.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 180

ESTUDIO DE ESTABILIDAD DE MATERIAL DE CONTROL DE TIAMINA Y PIRIDOXINA EN SANGRE POR CROMATOGRFÍA LÍQUIDA ACOPLADA A ESPECTROMETRÍA DE MASAS.

Autor/a/s: Lao Santiago, Cristina. Fernandez Uriarte, Amaia. Colomé Mallolas, Catrina. Escuder Azuara, Elsa. Ferrer Orihuel, Gemma. Guillén Campuzano, Eva.

Centro de Trabajo: CATLAB AIE

Localidad: Viladecavalls

Código Postal: 08232

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: criiss_31@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las empresas fabricantes de reactivos para diagnóstico in vitro deben indicar las condiciones de estabilidad tanto de reactivos como de controles y calibradores. Estas condiciones de estabilidad se establecen mediante estudios de validación que se deben realizar siguiendo protocolos establecidos en la normativa vigente (ISO 23640).

En nuestro laboratorio, por nuestra sistemática de trabajo, la aplicación estricta de las indicaciones de estabilidad propuestas por el fabricante podría dar lugar al descarte de material de control aún en

condiciones adecuadas para su uso. En concreto, nos encontramos con este problema en los controles internos de tiamina (vitamina B1) y piridoxina (vitamina B6) en sangre, cuya estabilidad una vez reconstituidos es de 7 días, según los datos del fabricante.

OBJETIVOS

Evaluar la estabilidad del material de control de vitaminas B1 y B6 en sangre para optimizar su uso, mejorar la eficiencia y minimizar el desperdicio de material, sin comprometer la calidad analítica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron los resultados de los controles durante un periodo de 40 días posteriores a la reconstitución.

Calibradores y material de control:

Vitamin B1 & B6 LC-MS II Calibrator Set INstruchemie® Vitamin B1 & B6 LC-MS Control Low Level INstruchemie® Vitamin B1 & B6 LC-MS Control Normal Level INstruchemie® Vitamin B1 & B6 LC-MS Control High Level INstruchemie® Instrumentos:

ACQUITY UPLC® serie H-Class de Waters® Xevo® TQ-S micro de Waters®

El análisis de los datos se realizó con Excel

Se consideró una desviación significativa un 10% respecto de la media.

RESULTADOS

En el caso de la vitamina B1, los tres controles muestran un comportamiento más estable en el tiempo. No se observa descenso de concentración progresivo, por lo que, con los datos disponibles, podemos establecer que la vitamina B1 mantiene su estabilidad analítica más allá del periodo de estabilidad declarado por el fabricante, al menos, durante el periodo de realización del estudio, que fueron 40 días.

En los controles de vitamina B6, a partir del día 30 desde la reconstitución, se detectó una desviación por encima del 10% respecto a la media de los resultados obtenidos dentro del periodo de estabilidad en los tres controles. Esta desviación es más evidente en los controles bajo y normal. Con estos datos podemos establecer que se mantiene una estabilidad adecuada más allá del tiempo propuesto por el fabricante.

CONCLUSIONES

Nuestros resultados sugieren que la estabilidad del material de control reconstituido es superior a la indicada por el fabricante, pudiendo utilizar los controles al menos durante 30 días. Este tiempo viene limitado por la estabilidad de la vitamina B6.

Esta evaluación nos ha permitido generar evidencia propia que respalda la toma de decisiones, favorece una gestión más sostenible de los recursos y contribuye al fortalecimiento del sistema de aseguramiento de la calidad analítica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 184

CRIBADO PREVERENAL PARA LA DETECCIÓN DE LA ENFERMEDAD RENAL CRÓNICA.

Autor/a/s: Martina Gil-Ortega Calcerrada, Laura Berlanga-Higes, Cristina Hidalgo-Sanz, Sara González-Nuevo, María del Pilar Mancera-Carrascosa, Cristina Palacios-Escribano y Araceli Lopez-García.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Rey Juan Carlos

Localidad: Móstoles

Código Postal: 28933

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La enfermedad renal crónica (ERC) es una patología en continuo aumento y se estima que, para 2040, se convertirá en la quinta causa de muerte prematura a nivel mundial. A pesar de su elevada prevalencia, sigue siendo una enfermedad infradiagnosticada, principalmente porque no suele presentar síntomas hasta fases avanzadas.

El pronóstico de la ERC depende en gran medida del estadio en el momento del diagnóstico: su detección en etapas iniciales permite instaurar intervenciones eficaces que retrasan la progresión y reducen las complicaciones asociadas. El estudio ONDAAS demuestra que esta detección precoz es factible mediante la medición de albuminuria en muestras de orina basales obtenidas en atención primaria.

OBJETIVOS

Identificar enfermedad renal crónica en fases iniciales mediante cribado dirigido a población de 50 – 69 años que no tengan ningún diagnóstico nefrológico, con el fin de mejorar el pronóstico y reducir los costes asociados.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recogió una muestra basal de orina, teniendo en cuenta dos criterios de exclusión: estar en periodo de menstruación y presentar síntomas compatibles con infección urinaria.

A la llegada al laboratorio, las muestras se analizaron mediante un cribado inicial utilizando los equipos habituales de análisis de orina (Sysmex UC-3500), obteniendo una estimación semicuantitativa de la albuminuria.

Las muestras con valores superiores a 30 mg/L se sometieron posteriormente a una cuantificación de albúmina utilizando los analizadores de bioquímica Cobas c 503 y c 303 (ROCHE), ensayo inmuno-turbidimétrico. Tras esta determinación cuantitativa, se procedió a la emisión de los resultados.

RESULTADOS

En el Hospital Universitario Rey Juan Carlos se estudiaron 46.384 muestras dentro del programa PreveRenal. La mayoría resultaron negativas, mientras que cerca de 2.000 presentaron algún tipo de alteración (positiva, intermedia o doble intermedia), y más de 1.500 fueron muestras contaminadas que precisaron repetición. La elevada cifra de muestras contaminadas subraya además, la importancia de optimizar el proceso de recogida.

Estos datos confirman la utilidad del cribado para identificar de forma precoz alteraciones compatibles con enfermedad renal, facilitando una intervención temprana, una mejor toma de decisiones clínicas y un uso más eficiente de los recursos sanitarios.

CONCLUSIONES

El programa PreveRenal, implantado en el Hospital Universitario Rey Juan Carlos, ha permitido analizar 46.384 muestras de orina, detectando de forma precoz cerca de 2.000 alteraciones relacionadas con la presencia de albuminuria. Aunque la mayoría de las muestras fueron negativas, la identificación de resultados positivos e intermedios confirma la utilidad del cribado para reconocer enfermedad renal en fases iniciales y seleccionar a los pacientes que requieren confirmación y seguimiento especializado. En conjunto, estos resultados evidencian que el cribado sistemático de albuminuria es una estrategia eficaz para mejorar la detección temprana de la enfermedad renal y apoyar una atención sanitaria más proactiva y eficiente.

ESTUDIO COMPARATIVO EN LA CUANTIFICACIÓN DE CADENAS LIGERAS LIBRES KAPPA EN SUERO CUANDO SE CAMBIA LA COMPOSICIÓN DEL CALIBRADOR.

Autor/a/s: Álvarez Orgaz, María ; Barroso Menéndez, Beatriz ; Gómez Martín, Silvia ; Morales García, Luis Javier

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Fuenlabrada

Localidad: Fuenlabrada

Código Postal: 28942

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: malvarezo@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las inmunoglobulinas son proteínas compuestas por cadenas ligeras y pesadas producidas por las células plasmáticas. La determinación de las cadenas ligeras libres kappa y lambda en el suero ayudan al diagnóstico y monitorización del mieloma múltiple, macroglobulinemia de Waldenström, esclerosis múltiple y amiloidosis, entre otras.

Cuando se producen cambios en reactivos o calibradores, el laboratorio tiene que verificar que no se ven afectados los resultados informados pudiendo repercutir en el diagnóstico y tratamiento de los pacientes,

OBJETIVOS

La empresa suministradora de reactivos de cadenas ligeras libres (CLL), The Binding Site (TBS), nos informa en mayo del 2025 de la modificación en la composición del calibrador de kappa libre. Han detectado inestabilidad del calibrador por interacción con alfa-1-antitripsina, por lo que han decidido eliminarla. Como los valores de kappa libre se pueden ver afectados, se realiza un estudio para comprobar el grado de afectación de los resultados.

MATERIAL Y MÉTODOS

En el 2025 se realizó un estudio comparativo en el laboratorio de bioquímica con 96 muestras de suero conservadas a -80°C, intentando que los valores abarcaran todo el rango analítico.

Se cuantificó kappa libre en un equipo Optilite (TBS) mediante turbidimetría con el calibrador actual y el nuevo.

Para la comparación se utilizó la regresión no paramétrica de Passing-Bablok tanto para kappa libre, como para el cociente kappa/lambda. Se realizó una comparación global y una comparación estratificada con valores bajos, medios y altos según el rango de referencia.

Se tuvo en cuenta un valor de referencia del cambio (VRC) de 18,1% para saber si las diferencias eran clínicamente significativas. Para su cálculo se utilizó el coeficiente de variación intraindividual de 5,8% y un coeficiente de variación analítica del 3%, según la fórmula:

$$VRC = Z \times 2^{(1/2)} \times \left[\left[\frac{CVA}{2} \right]^2 + \left[\frac{CVI}{2} \right]^2 \right]^{(1/2)}$$

El rango de referencia utilizado en el laboratorio para Kappa es: 0,75-2,70 mg/dL y para el cociente Kappa/Lambda: 0,65-2,56

RESULTADOS

Los resultados globales obtenidos del estudio de Passing-Bablok para kappa y cociente kappa/lambda se muestran a continuación: Kappa: $r=0,99$; Intervalo de confianza 95% ordenadas A -0,11 (-1,14 a -0,07) y la pendiente B 1,14 (1,12 a 1,15).

Cociente kappa/lambda $r=0,99$; ordenada A -0,02 (-0,06 a 0,01) y pendiente B 1,12 (1,10 a 1,15).

Los resultados obtenidos del estudio de Passing-Bablok de kappa para los diferentes rangos de kappa (K) se muestran a continuación:

Rango $K < 0,75$: $r = 0,96$; intervalo de confianza 95% ordenada A 0,14 (-0,31 a 0,02) y la pendiente B 1,14 (0,85 a 1,44)

Rango $0,75 < K < 2,7$: $r = 0,99$; intervalo de confianza 95% ordenada A 0,07 (-0,12 a -0,01) y la pendiente B 1,12 (1,08 a 1,16)

Rango $K > 2,7$: $r = 0,99$; intervalo de confianza 95% ordenada A 0,20 (-0,34 a 0,06) y la pendiente B 1,15 (1,10 a 1,18)

Los resultados obtenidos del estudio de Passing-Bablok del cociente $kappa/lambda$ (K/L) para los diferentes rangos del cociente $kappa/lambda$ (K/L) se muestran a continuación:

Rango $K/L < 0,65$: $r = 0,97$; intervalo de confianza 95% ordenada A 0,20 (-0,19 a 0,17) y la pendiente B 1,15 (0,76 a 1,11)

Rango $0,65 < K/L < 2,56$: $r = 0,99$; intervalo de confianza 95% ordenada A 0,01 (-0,01 a 0,01) y la pendiente B 1,07 (1,05 a 1,10)

Rango $K/L > 2,56$: $r = 0,99$; intervalo de confianza 95% ordenada A 0,04 (-0,09 a 0,07) y la pendiente B 1,14 (1,10 a 1,16)

Los coeficientes de correlación son buenos ($r > 0,96$). En general, no se identifican errores sistemáticos, aunque si proporcionales que varían entre 7-15%, tanto en la comparación de $kappa$ como del cociente $kappa/lambda$.

CONCLUSIONES

Aunque se observan diferencias proporcionales estadísticamente significativas, podemos considerar que no afectan clínicamente al no superar el VRC del 18,1%. Por esta razón, no sería necesario cambiar los rangos de referencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 192

UTILIDAD DEL INDICE DE ICTERICIA MAS ALLA DE LA MEDIDA DE UNA INTERFERENCIA ANALITICA.

Autor/a/s: Maria Montserrat Sagrado Arroyo, Ana Isabel Zorrilla Gracia, Virginia Nieto Chups, Sonia Machin Torres, Irene Pilar Remartinez Marco, Laura Nalvaiz Barreras

Centro de Trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO LOZANO BLESA DE ZARAGOZA.

Localidad: ZARAGOZA

Código Postal: 50009

Provincia: ZARAGOZA

Correo electrónico primer firmante: quininomom@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La cuantificación de parámetros bioquímicos por distintas técnicas analíticas pueden verse afectados por la presencia de sustancias presente en la muestra. Para identificar dichas interferencias a todas las muestras de suero que llegan a nuestro laboratorio se les cuantifica los índices de interferencia: índice de hemólisis, la ictericia, e índice de lipemia. La interferencia por ictericia de una muestra es debida fundamentalmente a los distintos tipos de bilirrubina que presenta el paciente.

OBJETIVOS

El objetivo de este trabajo es identificar si existe una buena correlación y si dicha correlación es buena, poder plantear la sustitución de la determinación de bilirrubina total por una bilirrubina estimada a partir del índice de ictericia, lo que supondría una reducción de recursos económicos y de tiempo de ejecución.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se cuantificó la bilirrubina total de 500 muestras mediante el método colorimétrico Diazo (Roche). Paralelamente se midieron los índices de

ictericia de esas muestras con el reactivo SI2 (Roche) y de estudio la correlación entre ambas medidas mediante regresión lineal.

RESULTADOS

Mediante el estudio de correlación lineal entre el valor de bilirrubina y el índice se ha obtenido la ecuación de correlación: $y = 1.1877x + 0.4908$ con una (R^2) de 0.9752.

CONCLUSIONES

En nuestro laboratorio se reciben unas 1300 muestras diarias de donde el 35% de las mismas se les solicita la cuantificación de Bilirrubina total, si se sustituyese la cuantificación de Bilirrubina total por la Bilirrubina estimada podríamos evitar la medida de unas 400 Bilirrubinas al día. El precio de la Bilirrubina total es de 0.04885 Euros, con los resultados de este estudio podríamos tener un ahorro económico de unos 20 euros al día además de una reducción del tiempo de ejecución de las muestras.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 194

UTILIDAD Y ADECUACIÓN DE LA DETERMINACIÓN DE ALUMINIO SÉRICO EN PACIENTES DE HEMODIÁLISIS DENTRO DEL COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Autor/a/s: FERNÁNDEZ TUDA, ROCÍO; SÁNCHEZ HERRERO, AMALIA; CAPPELLI, GABRIELE; MARCOS HERRERO, MARÍA LUZ; MUÑOZ DUQUE, MARÍA CONCEPCIÓN; BORREGO MUÑOZ, AMPARO DE LA CONCEPCIÓN; CACERES OLLOQUI, CARMELA FLORENTINA; MARTÍN MUÑOZ, MARÍA PRESENTACIÓN; BARBERO GARCÍA, MARÍA MAGDALENA; FERNÁNDEZ CHANCA, VIRGINIA

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: rociofdezтуда@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El aluminio fue históricamente una causa relevante de morbimortalidad en pacientes en hemodiálisis. En las décadas de 1970 y 1980 se describieron casos de encefalopatía, osteomalacia y anemia microcítica asociados a la exposición crónica, principalmente por contaminación del agua de diálisis y por el uso de quelantes de fósforo con aluminio. La implantación de sistemas de ósmosis inversa y el control estricto de la calidad del agua han reducido de forma drástica esta exposición, por lo que la toxicidad clínica es actualmente excepcional en nuestro medio. En consecuencia, guías internacionales como KDIGO no recomiendan su determinación sistemática, sino únicamente ante sospecha clínica o exposición documentada; sin embargo, en muchos centros continúa solicitándose de forma rutinaria, lo que plantea la necesidad de reevaluar su utilidad actual desde el laboratorio clínico.

OBJETIVOS

El presente estudio evalúa la utilidad y adecuación de la determinación de aluminio sérico en pacientes en hemodiálisis en nuestros centros de Salamanca, con el objetivo de analizar su impacto clínico actual y valorar la necesidad de mantener su solicitud rutinaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo de las concentraciones de aluminio sérico en muestras sanguíneas correspondientes a 261 pacientes, recolectadas entre 2021 y 2026. Las solicitudes analíticas fueron recuperadas del Sistema de Información de Laboratorio (SIL) y del gestor de peticiones clínicas Biwer, incluyendo tanto atención primaria como especializada. Para la obtención de las muestras se extrajeron

ron 6 mL de sangre venosa a cada paciente. Los tubos se invirtieron suavemente entre 5 y 10 veces y se mantuvieron en posición vertical hasta la coagulación completa, tras un tiempo mínimo de 60 minutos. Posteriormente, se realizó centrifugación a 3000 rpm durante 10 minutos. La cuantificación de aluminio en suero se realizó mediante espectrometría de masas con plasma acoplado inductivamente (ICP-MS). Las concentraciones se expresaron en $\mu\text{g/L}$. Se consideraron valores indicativos de concentración elevada:

$\geq 40 \mu\text{g/L}$ en pacientes en diálisis.

$\geq 15 \mu\text{g/L}$ en pacientes no sometidos a diálisis.

Se realizó un análisis descriptivo de la muestra, calculando media, mediana, moda, rango intercuartílico (RIC), valores mínimo y máximo. Se comparó la distribución de concentraciones entre pacientes procedentes de la Unidad de Diálisis y otros servicios mediante análisis descriptivo comparativo. No se realizaron pruebas inferenciales debido a la marcada desigualdad en el tamaño muestral entre los grupos.

RESULTADOS

La media de la distribución completa de concentraciones de aluminio ($n=261$) fue de $8.75 \mu\text{g/L}$ con un rango intercuartílico de $2.76 \mu\text{g/L}$. La mediana y la moda de la distribución fue de $10 \mu\text{g/L}$, valor obtenido para 166 de los 261 pacientes de la muestra. Un total de 83 pacientes presentaron concentraciones inferiores a $10 \mu\text{g/L}$, mientras que únicamente 12 superaron este valor. El valor máximo de la distribución fue de $16.8 \mu\text{g/L}$.

No se observaron diferencias en la distribución de concentraciones entre los pacientes procedentes de la unidad de diálisis ($n=252$) y los pacientes de otros servicios ($n=9$); no obstante, la marcada desigualdad en el tamaño muestral limita la capacidad inferencial de esta comparación.

En ninguno de los pacientes de la unidad de diálisis se encontraron concentraciones próximas al valor indicativo de referencia de $40 \mu\text{g/L}$ para estos pacientes.

CONCLUSIONES

Estos resultados confirman la baja prevalencia actual de toxicidad por aluminio en pacientes en hemodiálisis, probablemente relacionada con el adecuado control de la calidad del agua y la menor exposición a fuentes exógenas. La ausencia de hallazgos clínicamente relevantes cuestiona la utilidad de su determinación rutinaria. La solicitud debería considerarse únicamente ante sospecha clínica o exposición documentada, favoreciendo una estrategia de adecuación diagnóstica y optimización de recursos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 208

PROCALCITONINA, UNA HERRAMIENTA DIAGNÓSTICA EN LA INFECCIÓN BACTERIANA

Autor/a/s: David Vega Rodríguez, Mercedes Buzón Luzón, Lucía Molanes Pérez.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Código Postal: 41009

Provincia: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: davidvr7571@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La procalcitonina (PCT) es una proteína prohormona de la calcitonina (CT). En condiciones normales, la CT se produce y se secreta en las células C del tiroides. En individuos sanos, el tiroides no segrega la

PCT intacta y las concentraciones presentes en la sangre son muy bajas. La respuesta a los estímulos inflamatorios, incluyendo infecciones bacterianas, provoca un aumento de la producción y segregación de PCT intacta por todos los tejidos y tipos de células diferenciadas del cuerpo. Se puede observar un aumento de la PCT circulante entre 2 y 4 horas después de la inducción bacteriana y puede seguir aumentando a concentraciones de hasta varios cientos de ng/mL en la septicemia grave y el choque septicémico. Las concentraciones de PCT permanecen elevadas durante un máximo de 48 horas, disminuyendo después durante varios días hasta los valores iniciales, si se controla la infección.

OBJETIVOS

El objetivo del presente trabajo es la revisión de peticiones de procalcitonina de pacientes hospitalizados y no hospitalizados, durante el periodo de junio a octubre de 2025 del Hospital Universitario Virgen Macarena para verificar si se emplean como marcador diagnóstico o pronóstico de patología.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las muestras para la determinación de procalcitonina fueron procesadas en el módulo de inmunoensayo del Alinity Ci de Abbot Diagnostics, que utiliza la tecnología de inmunoanálisis quimioluminiscente de micropartículas (CMIA). El valor de referencia empleado para la procalcitonina es $0-0.5 \text{ ng/ml}$. El sistema de información de laboratorio es MODULAB (Werfen), donde el facultativo de guardia responsable, será el que valide según el cuadro clínico de esta determinación. El tratamiento descriptivo de los datos se realizó con el paquete EXCEL de OFFICE.

RESULTADOS

En el periodo de estudio, se realizaron 2662 determinaciones en pacientes que acuden al servicio de urgencias y hospitalizados. De ellas, 1860 determinaciones (69.9% del total), se realizaron en pacientes hospitalizados, mientras que 802 (30,1%) fueron realizadas en pacientes de urgencias. Hay un mayor número de solicitudes en pacientes hospitalizados, lo que sugiere su uso como marcador pronóstico de la patología.

CONCLUSIONES

Podemos decir que han incrementado las peticiones de procalcitonina, aunque se sigue pidiendo frecuentemente la PCR como determinante de infección. Por lo que hay que tener en cuenta que la PCR es más sensible para detectar procesos infecciosos. La procalcitonina es más eficaz y rápida dentro de infecciones bacterianas dando un buen pronóstico en el paciente

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 211

LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL EN EL UROANÁLISIS: INTEGRACIÓN DE LOS SISTEMAS SEDIMAX Y UNAMAX EN EL ANÁLISIS AUTOMATIZADO DEL SEDIMENTO URINARIO.

Autor/a/s: Rodríguez López, Adelaida; Ponce Gómez, Andrea; Bravo Díaz, María del Carmen; Álvarez Rodríguez, Iván; Esteban Benítez, Jonatan; Balsalobre Díaz, Roberto; Valero de la Peña, María José, Escudero Rubio, Guadalupe.

Centro de Trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN

Localidad: MADRID

Código Postal: 28009

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: a.rodrilop16@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La incorporación de sistemas automatizados en el análisis del sedimento urinario ha evolucionado en las últimas décadas con la integración progresiva de herramientas basadas en inteligencia artificial (IA). Los analizadores actuales combinan captura digital de imágenes microscópicas, algoritmos de procesamiento de imagen y modelos de clasificación entrenados para el reconocimiento de elementos formes urinarios. Aunque el término inteligencia artificial se ha popularizado recientemente, este tipo de tecnología lleva años formando parte del trabajo rutinario en el laboratorio clínico. Conocer su funcionamiento resulta fundamental para una correcta interpretación y validación de los resultados por parte del profesional del laboratorio.

OBJETIVOS

Describir el tipo de inteligencia artificial y los principios de funcionamiento de los sistemas automatizados de análisis de sedimento urinario SediMAX y UNAMAX (Menarini) implantados en un laboratorio hospitalario, así como su integración en el flujo de trabajo del área de Bioquímica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional descriptivo basado en la actividad rutinaria del laboratorio de Bioquímica Clínica del Hospital General Universitario Gregorio Marañón.

El laboratorio procesa aproximadamente 600 muestras de orina diarias durante la actividad habitual de lunes a viernes, incluyendo muestras procedentes de hospitalización, consultas externas y servicio de urgencias. Durante los fines de semana el volumen es inferior, procediendo principalmente del área de urgencias.

Las muestras son analizadas mediante los sistemas automatizados SediMAX® y UNAMAX®, que integran tecnologías de visión artificial y algoritmos de aprendizaje automático supervisado para la clasificación automatizada de partículas urinarias. El UNAMAX® porque hace la tira de orina y en función de los resultados manda la muestra a hacer el sedimento, en este momento utiliza algoritmos para la interpretación y el SediMAX® hace un sedimento de la orina, recoge 15 imágenes y las interpreta. Posterior a su interpretación deja a revisión técnica por si el técnico no viese lo mismo que el equipo.

Se revisó el funcionamiento del sistema, su integración en el flujo de trabajo y el proceso de validación técnica de los resultados.

RESULTADOS

El análisis automatizado permite el procesamiento diario de aproximadamente 600 muestras de orina, con una elevada capacidad de cribado automático.

El sistema posibilita la autovalidación de aproximadamente el 52–53 % de las muestras analizadas, mientras que alrededor del 47–48 % requieren revisión por parte del personal técnico debido a la presencia de hallazgos microscópicos o alertas generadas por el sistema.

Los analizadores realizan la captura digital de múltiples campos microscópicos y clasifican las partículas detectadas mediante algoritmos de reconocimiento de patrones entrenados con bases de datos de imágenes previamente validadas. Este proceso permite la identificación automatizada de elementos como células, cristales o levaduras, generando galerías de imágenes para su posterior revisión y validación por el técnico especialista.

Ejemplo de 1 día: Durante el periodo de estudio se analizaron 606 muestras de orina mediante el sistema automatizado de análisis de sedimento urinario. El 100 % de las muestras fueron procesadas y enviadas correctamente al sistema de información del laboratorio.

El sistema permitió la autovalidación automática de 320 muestras (52,81 %), mientras que 286 muestras (47,19 %) requirieron revisión por parte del personal técnico debido a la presencia de hallazgos microscópicos o alertas generadas por el sistema.

CONCLUSIONES

SediMAX y UNAMAX ejemplifican la integración consolidada de inteligencia artificial en el laboratorio clínico. Basados en visión artificial y aprendizaje supervisado, estos sistemas actúan como herramientas de apoyo cuya eficacia depende del criterio y supervisión del profesional.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 212

COLESTASIS INTRAHEPÁTICA DEL EMBARAZO: IMPACTO DE LA MONITORIZACIÓN DE ÁCIDOS BILIARES EN EL RIESGO FETAL. SERIE DE CASOS CLÍNICOS.

Autor/a/s: Esteban Benitez, Jonatan; Rodríguez López, Adelaida; Ponce Gómez, Andrea; Bravo Díaz, María del Carmen; Álvarez Rodríguez, Iván; Balsalobre Díaz, Roberto; Valero de la Peña, María José, Escudero Rubio, Guadalupe.

Centro de Trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN

Localidad: MADRID

Código Postal: 28009

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: jonny.esteban94@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La colestasis intrahepática del embarazo (ICP) es un trastorno hepático propio de la gestación caracterizado por prurito y elevación de los ácidos biliares séricos, con alteraciones variables en las pruebas de función hepática. Suele aparecer en el segundo o tercer trimestre y se resuelve tras el parto. Aunque la clínica materna suele ser leve, la ICP se asocia a complicaciones fetales como parto prematuro, meconio en líquido amniótico, distrés respiratorio neonatal y muerte fetal, especialmente cuando los ácidos biliares superan los 100 $\mu\text{mol/L}$.

Los ácidos biliares atraviesan la placenta y pueden afectar a la circulación placentaria y al feto, por lo que su determinación y monitorización es fundamental. En este contexto, el laboratorio clínico tiene un papel clave en el diagnóstico y seguimiento de esta patología.

OBJETIVOS

Evaluar el papel de los ABIL como marcador diagnóstico y pronóstico en ICP y su impacto en la toma de decisiones obstétricas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo de las determinaciones de ácidos biliares realizadas en el laboratorio de bioquímica clínica durante el año 2025. En este periodo se registraron 1.044.680 peticiones analíticas, de las cuales 1.009 correspondieron a ácidos biliares.

Se identificaron 178 determinaciones con valores $>10 \mu\text{mol/L}$, de las cuales 127 se situaron entre $10-40 \mu\text{mol/L}$, 23 entre $40-100 \mu\text{mol/L}$ y 28 $>100 \mu\text{mol/L}$.

Para el estudio se seleccionaron cuatro casos clínicos de gestantes con niveles de ácidos biliares $>100 \mu\text{mol/L}$. Se analizaron variables clínicas y analíticas como edad materna, semana gestacional, sintomatología, niveles de ácidos biliares, ALT y evolución clínica.

Las determinaciones de ácidos biliares se realizaron en muestras de suero mediante el analizador Alinity c (Abbott Diagnostics).

El método empleado fue enzimático colorimétrico, basado en la acción de la 3- α -hidroxiesteroide deshidrogenasa, que cataliza la oxidación de los ácidos biliares. La reacción produce NADH, cuya formación se mide fotométricamente y es proporcional a la concentración de ácidos biliares en la muestra.

RESULTADOS

Caso 1: Gestante de 34 años, 36+6 semanas de gestación. Acude a urgencias por prurito localizado en palmas y plantas. Analítica: ALT 82 U/L, bilirrubina total 1,24 mg/dL, ácidos biliares 137,6 $\mu\text{mol/L}$. Ante el elevado riesgo fetal se decide inducción del parto.

Caso 2: Gestante de 27 años, 32+1 semanas de gestación. Consulta por prurito palmar y plantar. Inicialmente presenta ácidos biliares de 82,8 $\mu\text{mol/L}$ y ALT 39 U/L. En control posterior se objetiva aumento de ALT a 128 U/L y ácidos biliares de 122,2 $\mu\text{mol/L}$. Se decide inducción del parto a las 34+2 semanas.

Caso 3: Gestante de 48 años, 34+1 semanas de gestación. Presenta prurito generalizado. En la primera determinación los ácidos biliares fueron de 10 $\mu\text{mol/L}$, pero persistiendo la clínica se repite analítica observándose elevación progresiva de ALT hasta 180 U/L y ácidos biliares de 111,2 $\mu\text{mol/L}$. Se decide finalizar la gestación.

Caso 4: Gestante de 46 años, 30+6 semanas de gestación. Consulta por prurito en tórax y abdomen. Inicialmente presenta valores normales de ácidos biliares (5 $\mu\text{mol/L}$), pero en controles posteriores se detecta elevación hasta 110 $\mu\text{mol/L}$ con aumento de ALT. Se inicia tratamiento con ácido ursodesoxicólico y se programa inducción del parto a las 33+3 semanas tras maduración fetal con corticoides.

Además, se identificaron otros casos con valores intermedios de ácidos biliares (40–100 $\mu\text{mol/L}$) en los que se realizó seguimiento analítico estrecho sin necesidad inmediata de finalizar la gestación.

CONCLUSIONES

La colestasis intrahepática del embarazo es una entidad clínica relevante debido a su potencial impacto sobre el bienestar fetal. La determinación de los ácidos biliares constituye el principal marcador diagnóstico y pronóstico de esta patología. El laboratorio clínico desempeña un papel clave en la confirmación del diagnóstico, en la identificación de valores críticos asociados a mayor riesgo fetal y en la monitorización evolutiva de las pacientes.

Además, la información proporcionada por el laboratorio contribuye a orientar la toma de decisiones clínicas. La comunicación rápida de los resultados y la monitorización seriada de los ácidos biliares permiten optimizar el manejo de estas gestantes y contribuir a la prevención de complicaciones perinatales.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 214

COMPARACIÓN ENTRE LA OSMOLALIDAD CALCULADA MEDIANTE FÓRMULA DE ESTIMACIÓN Y OSMOLALIDAD DIRECTA MEDIDA EN LABORATORIO.

Autor/a/s: Ponce Gómez, Andrea; Bravo Díaz, María del Carmen; Álvarez Rodríguez, Iván; Rodríguez López, Adelaida; Esteban Benítez, Jonatan; Balsalobre Díaz, Roberto; Valero de la Peña, María José; Gundín Menendez, Isaias, Escudero Rubio, Guadalupe.

Centro de Trabajo: Hospital General Universitario Gregorio Marañón

Localidad: Madrid

Código Postal: 28009

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: andreapongom@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La osmolalidad sérica es un parámetro clave en la valoración del equilibrio hidroelectrolítico y del estado de hidratación. Puede determinarse de forma directa. Además, se han desarrollado numerosas ecuaciones empíricas para calcular la osmolalidad sérica o plasmática basadas en factores endógenos. En condiciones normales, la os-

molalidad depende principalmente de la concentración de los cinco principales solutos osmóticos, tres de los cuales son de naturaleza iónica (Na^+ , Cl^- y HCO_3^-), y dos no iónica (glucosa y urea). La validación de las fórmulas de cálculo frente a la medición directa resulta fundamental para asegurar su aplicabilidad clínica.

OBJETIVOS

Comparar la osmolalidad obtenida de manera directa en el laboratorio con la osmolalidad calculada mediante la fórmula $2 \cdot \text{Na} + \text{Urea}/6 + \text{Glucosa}/18$, con el fin de evaluar su concordancia y determinar la utilidad de dicha ecuación como alternativa válida cuando no se dispone de medición directa.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 207 muestras con determinación de osmolalidad medida por descenso crioscópico en el analizador OM-6050 (Arkray) Adicionalmente, se emplearon los resultados obtenidos de: sodio, potasio, urea y glucosa para obtener la osmolalidad calculada mediante la ecuación $2 \cdot \text{Na} + \text{Urea}/6 + \text{Glucosa}/18$. La concordancia entre ambos métodos se evaluó mediante el análisis de Bland-Altman, calculando el sesgo medio y los límites de acuerdo al 95%. La relación lineal y posibles errores sistemáticos o proporcionales se estudiaron mediante regresión de Passing-Bablok y prueba CUSUM para linealidad.

RESULTADOS

El análisis de Bland-Altman mostró una diferencia media de $-2,46 \text{ mOsm/kg}$ entre ambos métodos, lo que indica que la fórmula tiende a dar valores ligeramente inferiores a los obtenidos por medición directa. En la mayoría de los casos, la diferencia entre ambos métodos se situó entre $-15,02$ y $10,09 \text{ mOsm/kg}$. La regresión de Passing-Bablok mostró una pendiente de 1, lo que indica que la fórmula mantiene una relación proporcional adecuada con el método directo, sin aumentar el error en valores altos o bajos. No se observaron desviaciones significativas de la linealidad ($p = 0,83$).

CONCLUSIONES

La osmolalidad calculada presenta buena concordancia con la osmolalidad medida directamente. No se evidencian errores proporcionales significativos, aunque existe un ligero sesgo constante entre ambos métodos. Estos resultados sugieren que la estimación calculada puede considerarse una alternativa válida en la práctica clínica cuando no se dispone de medición directa, siempre teniendo en cuenta sus limitaciones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 215

OPTIMIZACIÓN DEL ANÁLISIS DEL SEDIMENTO URINARIO MEDIANTE INTELIGENCIA ARTIFICIAL EN EL LABORATORIO DE BIOQUÍMICA CLÍNICA

Autor/a/s: Yolanda Duro Olivas, Ana Isabel Algar Romero

Centro de Trabajo: HMQ CIUDAD DE JAEN

Localidad: JAÉN

Código Postal: 23007

Provincia: JAÉN

Correo electrónico primer firmante: durolivas@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El análisis del sedimento urinario es clave en el diagnóstico y seguimiento de patologías renales y del tracto urinario. Tradicionalmente se realizaba mediante observación microscópica manual, un procedimiento que requiere experiencia, tiempo y puede presentar variabilidad interobservador. La incorporación de sistemas automatizados basados en inteligencia artificial ha transformado este proceso. El

sedimento urinario es una de las pruebas de laboratorio con mayor aplicación práctica de la inteligencia artificial. Estos sistemas utilizan algoritmos de reconocimiento de imagen para identificar y clasificar elementos formes presentes en la orina, mejorando estandarización, rapidez y reproducibilidad. Los analizadores automatizados de Menarini se han integrado al flujo de trabajo de muchos laboratorios clínicos.

OBJETIVOS

Evaluar la utilidad de la inteligencia artificial aplicada al análisis automatizado del sedimento urinario mediante un analizador Menarini, analizando su impacto en la eficiencia del proceso y la necesidad de revisión microscópica manual.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional en el laboratorio de bioquímica clínica con 726 muestras de orina recogidas durante un mes, procedentes de distintos centros sanitarios. El analizador automatizado capturó y clasificó los elementos formes, incluyendo eritrocitos, leucocitos, células epiteliales escamosas y renales, cilindros, cristales y bacterias. Las muestras dudosas fueron revisadas mediante microscopía manual por personal especializado.

RESULTADOS

Astaxima dequene el su ende las muestrosa prinaroa irectamenas elane el astema sau ciaizas o, elando a esa maral de siesta permitió reducir significativamente el tiempo de análisis, optimizando la capacidad del laboratorio y disminuyendo la carga de trabajo del personal técnico. Además, se observó una mejora en la uniformidad de los resultados frente al análisis manual, reduciendo la variabilidad interobservador.

CONCLUSIONES

La inteligencia artificial optimiza el flujo de trabajo del laboratorio, acelera el tiempo de análisis y mejora la estandarización de los resultados. Su uso permite al personal centrarse en casos complejos, especialmente aquellos con células renales o cilindros anómalos, aumentando la eficiencia y fiabilidad global del análisis del sedimento urinario, consolidando esta tecnología como herramienta clave en la bioquímica clínica moderna.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 217

DIAGNÓSTICO BIOQUÍMICO DEL SÍNDROME DE CUSHING: IMPORTANCIA DEL CATETERISMO DE SENOS PETROSOS INFERIORES.

Autor/a/s: Oñate Moral, Julia; Yebra Elipe, Belen; Gundin Menendez, Isaias; Sanz Minguela, Beatriz; Diliz Lison, Barbara; Ortega Sanchez, Irene; Martin Martin, Maria Elena; Fernandez Roman, Sonia; Rodriguez Lopez, Adelaida.

Centro de Trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN

Localidad: MADRID

Código Postal: 28009

Provincia: MADRID

Correo primer firmante: mariajulia.onate@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El síndrome de Cushing (SC) endógeno se caracteriza por hipercortisolismo secundario a hiperfunción de la corteza suprarrenal. Su

etiología es diversa y la clínica puede ser inespecífica, por lo que el diagnóstico diferencial entre origen hipofisario y ectópico resulta complejo. El cateterismo de senos petrosos inferiores (CSPI) constituye una prueba clave cuando las pruebas bioquímicas y de imagen no son concluyentes.

OBJETIVOS

Describir el papel del Laboratorio en el análisis de las muestras procedentes de CSPI para el diagnóstico etiológico del Síndrome de Cushing ACTH dependiente

MATERIAL Y MÉTODOS

Se presenta el caso de un varón de 53 años remitido por hipercortisolismo, sin fenotipo cushingoide típico, salvo aumento del perímetro abdominal. Las pruebas del cribado (cortisol sérico, salival y urinario) confirmaron hipercortisolismo ACTH-dependiente. La prueba de supresión con dexametasona sugirió origen hipofisario, pero la estimulación con CRH no mostró incremento de ACTH/cortisol y la resonancia magnética hipofisaria fue normal.

Ante la discordancia clínico-bioquímica, se realizó CSPI. Obteniéndose muestras de vena periférica y de ambos senos petrosos inferiores, basal y a los 3, 5 y 10 minutos tras estímulo con Desmopresina (10µg, vía intravenosa).

Medimos la hormona adrenocorticotropa (ACTH) y Prolactina (PRL), en las muestras obtenidas de las 3 localizaciones, senos petrosos inferiores derecho (SPID) e izquierdo (SPII) y vena periférica, a los distintos tiempos de muestreo.

Calculamos los siguientes cocientes:

- Prolactina-senos/prolactina-periférica, informa de la correcta cate-terización.
- Gradiente de ACTH: ACTH senos/ ACTH periférica. Informa del origen hipofisario de la secreción de ACTH.
- Cociente intersenos: ACTH senos petroso mayoritario/ ACTH senos petrosos minoritario. Sugiere posible lateralización de la síntesis de ACTH

RESULTADOS

Los cocientes de prolactina fueron >1.8 en todas las localizaciones, confirmando la correcta posición de los catéteres.

Los niveles de ACTH en senos petrosos fueron claramente superiores a los periféricos en todos los tiempos. El gradiente ACTH seno/ACTH periférica fue > 2 en basal y > 3 tras estímulo, compatible con origen hipofisario de la secreción de ACTH.

El cociente intersenos ACTH-SPID/ACTH-SPII resultó >1,4 sugiriendo lateralización derecha del adenoma.

Globalmente, los tres índices (gradiente ACTH, cociente prolactina y cociente intersenos) superaron los puntos de corte establecidos, apoyando el diagnóstico de enfermedad de Cushing hipofisaria con lateralización derecha.

CONCLUSIONES

El CSPI es un procedimiento invasivo de alta sensibilidad y especificidad, para el diagnóstico de la causa del síndrome de Cushing ACTH-dependiente, cuando no se puede llegar a un diagnóstico con las pruebas hormonales habituales y de imagen. En este paciente nos ha permitido confirmar el origen hipofisario del hipercortisolismo y orientar la lateralización del adenoma, facilitando la planificación quirúrgica y el manejo terapéutico del paciente.

La colaboración del laboratorio durante la realización del CSPI es fundamental para asegurar una correcta conservación y procesamiento de las muestras

COMPARACIÓN ANALÍTICA DE TIROGLOBULINA ENTRE LOS SISTEMAS COBAS E411 Y ALINITY I EN EL SEGUIMIENTO POST-TIROIDECTOMÍA

Autor/a/s: Yebra Elipe, Belen; Oñate Moral, Julia; Irisarri Vega Sonia; Fernandez Roman, Sonia; Diliz Lison, Barbara; Sanz Minguela, Beatriz; Martin Martin, Maria Elena; Ortega Sanchez, Irene; Rodriguez Lopez, Adelaida.

Centro de Trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN

Localidad: MADRID

Código Postal: 28009

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: belen.yebra@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La tiroglobulina (Tg) es una glucoproteína dimérica sintetizada exclusivamente por las células foliculares tiroideas que actúa como precursor y matriz para la formación de las hormonas tiroideas. Tras la tiroidectomía total y la ablación con radioyodo, sus concentraciones deben ser indetectables o muy bajas, por lo que constituye un marcador tumoral clave para el seguimiento de pacientes con carcinoma diferenciado de tiroides.

OBJETIVOS

Evaluar la comparabilidad analítica de la determinación de tiroglobulina entre los sistemas Cobas e411 (Roche) y Alinity i (Abbott).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 115 muestras séricas mediante inmunoensayo quimoluminiscente tipo sándwich en ambos analizadores, calibrados frente al estándar internacional CRM-457.

Debido a la presencia de resultados fuera del rango cuantificable, se realizó un análisis por dominios.

Las muestras con valores cuantificables en ambos métodos se compararon mediante regresión de Passing-Bablok y análisis de concordancia de Bland-Altman. Las muestras por debajo del límite de cuantificación o fuera del rango analítico superior en alguno de los métodos, se excluyeron del análisis cuantitativo. El análisis estadístico se efectuó con el software MedCalc.

RESULTADOS

De las 115 muestras, 25 (21,7 %) presentaron valores indetectables en ambos métodos. En 7 muestras, Alinity i informó resultados indetectables mientras que Cobas e411 reportó concentraciones bajas cuantificables (0,1–0,2 ng/mL). Cinco muestras superaron el rango analítico reportable sin dilución previa y se excluyeron del análisis cuantitativo.

El estudio comparativo final se realizó sobre 78 muestras con valores cuantificables en ambos sistemas. La regresión de Passing-Bablok ($y = -0,339 + 0,8011x$) evidenció un sesgo proporcional, con valores progresivamente inferiores en Alinity i respecto a Cobas e411 a medida que aumenta la concentración de Tg, además de un sesgo constante negativo.

El test Cusum no mostró desviaciones significativas de la linealidad ($p > 0,05$).

El análisis de Bland-Altman mostró un sesgo medio porcentual del 31,2 %, indicando que Cobas e411 reporta valores aproximadamente un 30 % superiores a Alinity i. Los límites de concordancia ($\pm 1,96$ DE) se situaron entre -19,5 % y +81,8 %, con mayor dispersión en

concentraciones altas y una tendencia compatible con sesgo proporcional.

A pesar de este sesgo en el rango cuantificable, ambos métodos mostraron buena concordancia en concentraciones bajas, que son las más relevantes clínicamente para el seguimiento post-tiroidectomía

CONCLUSIONES

Los sistemas Cobas e411 y Alinity i muestran buena concordancia en concentraciones bajas de tiroglobulina, que son las más relevantes clínicamente para el seguimiento post-tiroidectomía. Aunque existe un sesgo en el rango cuantificable, este no afecta la interpretación en niveles críticos, pero indica que los métodos no son totalmente intercambiables para valores absolutos. Se recomienda profundizar en el estudio del sesgo en rangos altos y valorar su relevancia clínica.

SISTEMA DE TRANSPORTE NEUMÁTICO DE MUESTRAS Y SU IMPACTO EN LA GESTIÓN DE URGENCIAS EN UN LABORATORIO DE BIOQUÍMICA 24 H

Autor/a/s: Irene Ortega Sánchez, Elena Martín Martín, Sonia Fernández Román, Francheska Guerrero Paredes, Buensuceso Muñoz-Reja Muñoz, Belén Yebra Elipe, María Elena Escribano Álvarez, Julia Oñate Moral, Rosa María Martínez Navarro, Pedro Pérez Gómez.

Centro de Trabajo: Hospital General Universitario Gregorio Marañón

Localidad: Madrid

Código Postal: 28007

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: soyreneri@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En los laboratorios de bioquímica con funcionamiento continuado 24 horas, la rapidez en la recepción y procesamiento de las muestras urgentes es un factor determinante para la atención clínica del paciente. La implantación de sistemas de transporte neumático de muestras permite optimizar el traslado desde las diferentes áreas asistenciales hasta el laboratorio, mejorando el flujo de trabajo y reduciendo los tiempos de respuesta. En este contexto, el técnico de laboratorio desempeña un papel esencial en la supervisión del sistema y en la garantía de la calidad del proceso preanalítico.

OBJETIVOS

Analizar el impacto del sistema de transporte neumático en la gestión de muestras urgentes en un laboratorio de bioquímica 24 h. Evaluar su influencia en la organización del trabajo y en los tiempos de respuesta analíticos.

Describir el papel del técnico de laboratorio en la supervisión del circuito de transporte y en la detección de incidencias.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo del funcionamiento del sistema de transporte neumático de muestras en el laboratorio de bioquímica de urgencias de un hospital terciario con actividad continuada 24 horas.

Se analizó el circuito de envío de muestras desde distintas áreas asistenciales (urgencias generales, áreas de observación, consultas ambulatorias y otras unidades hospitalarias) mediante estaciones de direccionamiento predefinidas, así como su recepción en el laboratorio.

Asimismo, se evaluaron las actuaciones del técnico de laboratorio relacionadas con la verificación de la correcta recepción de los cartuchos, la detección de incidencias en el transporte (retrasos, errores de direccionamiento o integridad de la muestra) y el registro de las mismas según los procedimientos establecidos.

Para el análisis comparativo se consideraron los tiempos de respuesta desde la realización de la extracción hasta la validación de los resultados en peticiones urgentes recibidas por tubo neumático y sin él. Estos tiempos se midieron durante el periodo de estudio para las siguientes pruebas: alanina-aminotransferasa, bilirrubina, calcio, CK, creatinina, gasometría, glucosa, hemograma, PCR, iones y troponina I-hs.

En total se analizaron 3.248 muestras urgentes, comparando los tiempos de respuesta según el método de envío al laboratorio (transporte neumático frente a envío manual).

RESULTADOS

La utilización del sistema de transporte neumático permitió una disminución del tiempo de traslado de las muestras urgentes hasta el laboratorio, favoreciendo una recepción más rápida y una mejor organización del flujo de trabajo en el área de bioquímica de urgencias. Desde el punto de vista técnico, el sistema facilitó la trazabilidad del envío, la priorización de muestras críticas y la detección precoz de incidencias relacionadas con el transporte. Estas actuaciones contribuyeron a minimizar errores en la fase preanalítica y a mejorar la eficiencia global del proceso analítico en el entorno de urgencias.

El tiempo medio global de las pruebas analizadas en el grupo sin transporte neumático osciló entre 31 y 96 minutos, mientras que en el grupo con transporte neumático se situó entre 29 y 87 minutos. El análisis comparativo mostró una disminución media del tiempo de respuesta de entre 15 y 25 minutos cuando el envío de las muestras se realizaba mediante sistema neumático. Los valores de percentil 80 mostraron una tendencia similar.

CONCLUSIONES

El sistema de transporte neumático de muestras constituye una herramienta eficaz para optimizar la gestión de urgencias en un laboratorio de bioquímica 24 h. Su utilización contribuye a reducir los tiempos de traslado de las muestras, mejorar la organización del flujo de trabajo y reforzar la trazabilidad del proceso. El técnico de laboratorio desempeña un papel clave en la supervisión del circuito de transporte, la detección de incidencias y la garantía de la calidad del proceso preanalítico, contribuyendo a la seguridad del paciente y a la fiabilidad de los resultados analíticos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 222

ESTUDIO SOBRE INCIDENCIA DE GASOMETRÍAS DERRAMADAS EN EL LABORATORIO DE URGENCIAS DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO RÍO HORTEGA.

Autor/a/s: GUIJARRO PÉREZ, ROCÍO; GONZÁLEZ MATEO, LAURA; ORTEGA MUÑOZ, ARACELI; ALEJANDRO DEL REY, PILAR; GONZÁLEZ RAMOS, NAZARET; DE LA FUENTE HUERGA, MARÍA DEL CARMEN; BLANCO LOPEZUAZO, SAGRARIO; GUARDE ARCONADA, MYRIAM; GUTIERREZ JUAREZ, JESUS; GUTIERREZ VELASCO, ADRIAN.

Centro de Trabajo: SERVICIO LABORATORIO ANÁLISIS CLÍNICOS, SECCION LABORATORIO 24 HORAS. HOSPITAL UNIVERSITARIO RÍO HO

Localidad: VALLADOLID

Código Postal: 47005

Provincia: VALLADOLID

Correo electrónico primer firmante: rguiper@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las muestras de gasometría arterial, venosa, capilar o cooximetría nos permiten medir el estado ventilatorio, de oxigenación y equilibrio ácido-base de un paciente para establecer un diagnóstico, cuantificar

una respuesta terapéutica o monitorizar la progresión de un proceso fisiológico.

OBJETIVOS

Cuantificar el número de muestras de gasometría que se reciben en el laboratorio en condiciones no anaerobias o derramadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las muestras pueden ser sangre arterial, venosa, capilar arterializada, venosa mixta o central. Se reciben en jeringa de plástico con heparina de litio seco. Las muestras deben ser recogidas en condiciones de anaerobiosis, con un correcto sellado del tapón correspondiente para la jeringa y homogeneizando y purgando debidamente la muestra para retirar cualquier posible burbuja que pueda alterar el intercambio gaseoso de la muestra. Deben procesarse dentro de los 30 minutos posteriores a la extracción. Se recomienda enviarlas en frío.

Se procesan en analizador Gem Premier 5000 de Werfen®. Utiliza sensores electroquímicos para pCO₂, pH, Na⁺, k⁺, Cl⁻ y Ca⁺⁺; sensor amperimétrico para pO₂, glucosa y lactato; el hematocrito se mide por conductividad sanguínea; y las determinaciones de CO-Oximetría usa lisis química y espectrómetro de amplio espectro con variedad de longitudes de onda. Los resultados se obtienen del sistema informático del laboratorio (SIL) y se registran en el programa de notificación de incidencias sin daño del hospital (SISNOT) para conocer la calidad asistencial a los pacientes.

RESULTADOS

En el período comprendido entre 18 de abril a 30 de mayo de 2024, de las 9.908 muestras solicitadas para estudio de gasometría, detectamos un total de 230 muestras recibidas en condiciones no anaerobias o derramadas a lo largo de los diferentes turnos en el laboratorio de 24 horas, principalmente recibidas del servicio de urgencias y a través del tubo neumático del hospital. Representa un 2.32% de muestras no procesadas.

CONCLUSIONES

Debido al número de muestras recibidas en condiciones no anaerobias o derramadas, y no pudiendo realizar su análisis, se estudió la causa de dicha incidencia y se notificó al sistema de calidad de asistencia al paciente.

Solicitar nueva muestra de gasometría, conlleva un daño moderado al paciente, debido a la nueva extracción de la muestra con la consiguiente demora en el diagnóstico y/o su monitorización.

Además, para los técnicos de laboratorio que recibimos dicha muestra derramada, supone un riesgo biológico añadido.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 225

DETERMINACIÓN DE LA PROADRENOMEDULINA (MR-PROADM) EN EL LABORATORIO CLÍNICO Y UTILIDAD COMO BIOMARCADOR PRONÓSTICO

Autor/a/s: Raquel González Ruiz, Neysar Maoly Cárdenas Hernández, Ana Belén Duranza González, Dafne Vera Díaz, Zebensui Herrera Ramos, María Lourdes Medina Hernández.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO NUESTRA SEÑORA DE LA CANDELARIA

Localidad: SANTA CRUZ DE TENERIFE

Código Postal: 38010

Provincia: SANTA CRUZ DE TENERIFE

Correo electrónico primer firmante: rakeldori12@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La proadrenomedulina (proADM) es el precursor estable de la adre-

nomedulina, un péptido vasoactivo esencial en la regulación del tono vascular, la integridad endotelial y la respuesta inflamatoria.

El fragmento medio (MR-proADM) se diferencia de la adrenomedulina activa en que es más estable permitiendo su medición en el laboratorio de forma fiable, reflejando así el estrés sistémico, la disfunción endotelial y el fallo multiorgánico.

En el contexto de la sepsis su elevación ocurre de forma precoz y constituye un indicador directo del daño microvascular.

OBJETIVOS

Analizar el papel de la MR-proADM como prueba de laboratorio pronóstica en pacientes con sospecha de infección.

Evaluar su capacidad para la estratificación de riesgo y la toma de decisiones clínicas seguras respecto al ingreso o alta hospitalaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

En nuestro laboratorio usamos el equipo BRAHMS KRYPTOR se trata de un sistema automatizado de inmunoensayo de alta sensibilidad que se utiliza para la medición cuantitativa de biomarcadores en sangre u otros fluidos biológicos. Es especialmente conocido por su precisión en pruebas hormonales, marcadores tumorales, infecciosos y prenatales.

El método para MR-proADM en el KRYPTOR se basa en un inmunoensayo tipo sándwich homogéneo con tecnología TRACE (Time-Resolved Amplified Cryptate Emission) que se basa en el uso de dos anticuerpos monoclonales marcados y dirigidos a la región media estable del prohormón de adrenomedulina, cuando ambos se unen simultáneamente al analito se produce una transferencia de energía por FRET, siendo la señal fluorescente retardada proporcional al analito.

Requiere un volumen de muestra entre 50-100 μ L preferentemente de plasma EDTA, previamente centrifugado con un tiempo de procesamiento de ~30 minutos.

El resultado se expresa en ng/L o nmol/L.

El sistema KRYPTOR realiza: curva de calibración multipunto, controles internos a diferentes niveles, verificación automática de integridad de reactivos y monitoreo de temperatura y señal óptica.

RESULTADOS

La determinación de MRproADM se emplea junto con la escala clínica NEWS2 para categorizar el riesgo:

Bajo riesgo (<0,87 nmol/L): alta segura.

Riesgo intermedio (0,88–1,50 nmol/L): observación o nueva determinación en 24 horas. Alto riesgo (>1,50 nmol/L): sugiere ingreso o necesidad de cuidados intensivos.

En este caso se analizó una cohorte de pacientes (n=56) con sospecha de sepsis atendidos en el Servicio de Urgencias obteniendo los siguientes datos: Altas seguras: 31,6% de los pacientes recibió el alta sin necesidad de reingreso.

Altas tras monitorización: 21% fue dado de alta tras segunda determinación estable. Seguridad clínica: solo 5,3% de los pacientes dados de alta requirió reingreso.

Mortalidad e ingresos: mortalidad del 10,5% y tasa de ingresos del 31,6%, concentrándose la mayoría en pacientes con valores patológicos.

La MR-proADM mostró una asociación más fuerte con la mortalidad a 28 días comparada con biomarcadores convencionales como PCR o procalcitonina (PCT).

CONCLUSIONES

La MR-proADM es una herramienta de laboratorio crucial para identificar a pacientes que parecen estables pero presentan un mayor riesgo clínico.

Su cinética más estable y sostenida frente a la PCT la convierte en un biomarcador superior para el seguimiento evolutivo y la predicción de fallo orgánico. La integración de ésta en los protocolos de urgencias facilita una gestión de altas más eficiente y segura, reduce los ingresos innecesarios, la carga asistencial y los retrasos terapéuticos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 226

IMPACTO DEL LABORATORIO EN EL DIAGNÓSTICO DE HIPOMAGNESEMIA: DISEÑO DE UN PROTOCOLO REFLEX EN PLATAFORMAS ALINITY CI-SERIES.

Autor/a/s: Dafne Vera Díaz, Raquel González Ruiz, Ana Belén Duranza González, Zebensui Herrera Ramos, María Lourdes Medina Hernández, Neysar Maoly Cárdenas Hernández.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO NUESTRA SEÑORA DE LA CANDELARIA

Localidad: SANTA CRUZ DE TENERIFE

Código Postal: 38010

Provincia: SANTA CRUZ DE TENERIFE

Correo electrónico primer firmante: vera_dafne86@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La hipomagnesemia es una alteración electrolítica frecuente en el paciente hospitalizado y especialmente en el paciente crítico. Sin embargo, continúa siendo una entidad infradiagnosticada porque el magnesio no forma parte sistemática de los perfiles analíticos iniciales.

Este déficit no es un hallazgo aislado, condiciona hipopotasemias e hipocalcémias de difícil corrección y puede perpetuar alteraciones clínicas si no se identifica a tiempo. En este contexto, el laboratorio clínico no solo actúa como proveedor de resultados, sino como elemento activo en la detección precoz de situaciones de riesgo.

OBJETIVOS

Cuantificar la magnitud del infradiagnóstico de hipomagnesemia en urgencias y hospitalización.

Analizar su relación con calcio y potasio.

Estimar el impacto de un protocolo de magnesio reflex automatizado desde el laboratorio.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional retrospectivo (agosto-octubre de 2025) en urgencias y hospitalización. Las determinaciones se realizaron en Alinity ci-series (Abbott): magnesio y calcio en Alinity c, por fotometría; y potasio en el módulo ICT, por potenciometría.

Se evaluaron dos situaciones clínicas como disparadores potenciales: calcio < 7,5 mg/dL y potasio < 2,5 mEq/L, verificando si existía una determinación de magnesio en las 24 horas y en los 7 días previos/posteriores al episodio, para estimar cuántos casos podían pasar desapercibidos.

RESULTADOS

Hipocalcemia grave (Ca < 7,5 mg/dL): 1.058 episodios en 3 meses (aprox 12 pacientes/día). En el 60% no constaba magnesio en las últimas 24 horas previas/posteriores. En el 44% no constaba magnesio en los últimos 7 días. Entre los episodios en los que sí se midió magnesio, aproximadamente 1 de cada 4 presentó hipomagnesemia asociada. Extrapolando esa proporción a los episodios sin magnesio medido, se estimaron aproximadamente 115 hipomagnesemias potencialmente no detectadas en 3 meses en el contexto de hipocalcemia grave.

Hipopotasemia grave ($K < 2,5$ mEq/L): 79 episodios. En el 63% no constaba niveles de magnesio en 24 horas. En torno a la mitad no tenía magnesio medido en 7 días. Entre los episodios con magnesio medido, alrededor del 40% presentó hipomagnesemia asociada. La estimación de hipomagnesemias no detectadas en este grupo fue de aproximadamente 14 casos en 3 meses.

CONCLUSIONES

Gran proporción de hipocalcemia e hipopotasemias graves esconden una hipomagnesemia no medida. Los datos apoyan la implantación de un protocolo de magnesio reflex automático ante calcio $< 7,5$ mg/dL y potasio $< 2,5$ mEq/L cuando no exista una determinación reciente, como herramienta sencilla para mejorar la detección. El TEL refuerza su papel en el laboratorio como pieza clave en la seguridad del paciente y en la calidad del proceso asistencial.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 227

MENINGITIS CRIPTOCÓCICA. A PROPÓSITO DE UN CASO.

Autor/a/s: Neysar Maoly Cárdenas Hernández, Raquel González Ruiz, Ana Belén Duranza González, María Lourdes Medina Hernández, Zebensui Herrera Ramos, Dafne Vera Díaz, Carmen Silvestre Herrera.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Nuestra Señora de la Candelaria.

Localidad: Santa Cruz de Tenerife

Código Postal: 38010

Provincia: Santa Cruz de Tenerife

Correo electrónico primer firmante: hecamane88@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La meningitis es una enfermedad inflamatoria que afecta las membranas que recubren el cerebro y la médula espinal, y puede ser causada por virus, bacterias u hongos. Entre las causas fúngicas, destaca la infección por *Cryptococcus neoformans*, una patología grave que afecta principalmente a personas inmunodeprimidas, especialmente aquellas con infección avanzada por el Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH).

El estudio de líquido cefalorraquídeo (LCR) es clave en el diagnóstico, ya que puede observarse aumento de leucocitos, elevación de proteínas y disminución de glucosa, así como la observación de las esporas típicas en la meningitis criptocócica. Estos hallazgos pueden reflejar la gravedad y evolución de la enfermedad.

OBJETIVOS

Describir un caso clínico de criptococosis meníngea en un paciente con VIH.

Analizar la evolución de los parámetros del líquido cefalorraquídeo a lo largo de la hospitalización en cuanto a las pruebas bioquímicas del líquido.

MATERIAL Y MÉTODOS

Mujer de 47 años que ingresa a la Unidad de Medicina Intensiva por deterioro del nivel de conciencia. Ante la sospecha clínica de proceso infeccioso del sistema nervioso central, se extrajo una muestra de LCR mediante punción lumbar y fue remitida al laboratorio de urgencias.

Se realizó el estudio del LCR del segundo tubo obtenido. La muestra presentó un aspecto claro e incoloro, sin evidencia de turbidez ni xantocromía.

El estudio citológico se realizó mediante recuento celular en cámara de Neubauer y posterior extensión para evaluación microscópica. Se

visualizaron células de morfología dudosa por lo que se realizó una extensión y tinción con tinta china (tinta de India). Para su preparación, se depositó una gota de LCR en un portaobjetos y se añadió una gota de tinta china, suspensión de partículas de carbono en agua; posteriormente, se colocó un cubreobjetos para lograr una distribución homogénea de la muestra y se examinó mediante microscopía óptica. El LCR fue centrifugado con el fin de aumentar la sensibilidad diagnóstica de la técnica y realizar el análisis bioquímico.

El análisis de la bioquímica mediante autoanalizador permitió cuantificar algunos marcadores bioquímicos principales en la meningitis como proteínas totales y glucosa.

RESULTADOS

En el estudio citológico se observa pleocitosis a predominio linfocítico, con presencia de mononucleares y escasos o ausentes polimorfonucleares (salvo coinfección), típica de meningitis por *Cryptococcus neoformans*.

Un primer recuento inferior a 20 leucocitos/mm³; siguiendo el protocolo establecido en el laboratorio, no se efectuó fórmula leucocitaria diferencial en esta primera determinación. Y no se observa hematíes en el conteo de células.

Los valores del análisis bioquímico reflejaron hiperproteinorraquia por alteración de la barrera hematoencefálica secundaria a posible inflamación. Y una hipoglucoorraquia: por consumo fúngico y alteración metabólica inflamatoria.

- Glucosa: 24 mg/dL (Valores de referencia (VR) 45–80 mg/dL). Disminuido.

- Proteínas: 1,17 g/L (VR: 0,15–0,45 g/L). Aumentado.

Respecto al examen directo con tinta china, pone de manifiesto que las células de *Cryptococcus* aparecen como estructuras redondas u ovaladas rodeadas por un halo claro, que es la cápsula del hongo. La tinta china no penetra en la cápsula, lo que permite visualizar el halo característico alrededor de las células criptocócicas. El diagnóstico de meningitis criptocócica se confirmó mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en LCR, junto con serología positiva para el VIH. Y ante estos hallazgos se pautó Anfotericina B liposomal que constituye el tratamiento de elección.

Comparando parámetros posteriores: Glucosa marcadamente baja en las determinaciones (14 y 12 mg/dL), con posterior aumento a 49 mg/dL, lo que sugiere mejoría metabólica parcial. Proteínas elevadas (1,20 y 1,05 g/L), con descenso posterior a 0,70 g/L, indicativo de disminución progresiva de la inflamación y de la alteración de la barrera hematoencefálica. Pleocitosis leve a moderada (131–134 células/mm³) con claro predominio mononuclear (97–99%) y neutrófilos escasos (1–3%), patrón típico de infección crónica de infección fúngica por *criptococo*. Hematíes escasos

CONCLUSIONES

La meningitis criptocócica debe considerarse ante sospecha de infección del SNC en pacientes con deterioro neurológico, especialmente en contextos de inmunosupresión no conocida. Esta evolución sugiere una respuesta favorable al tratamiento antifúngico, por lo que tras el tratamiento, el paciente presenta mejoría clínica progresiva, y recuperación del estado mental.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 228

ESPECTROMETRÍA DE MASAS MALDI-TOF EXENT EN PACIENTES CON MIELOMA MÚLTIPLE: CORRELACIÓN CON INMUNOFIJACIÓN Y PROPUESTA DE PUNTO DE CORTE CUANTITATIVO EQUIVALENTE A NEGATIVIDAD SEGÚN IMWG.

Autor/a/s: Sergio Castro Sánchez, Noemí Puig Morón, María Elena

APLICACIÓN DE UNA HERRAMIENTA DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL COMO SOPORTE A LA VALIDACIÓN TÉCNICA EN EL LABORATORIO DE URGENCIAS

Autor/a/s: *Eva María Hernández Morales; Lydia García Izquierdo.*

Centro de Trabajo: *Hospital Universitario de Canarias*

Localidad: *San Cristóbal de La Laguna*

Código Postal: *38320*

Provincia: *S/C de Tenerife*

Correo electrónico primer firmante: *emhermor28@gmail.com*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La creciente complejidad de los procesos en el laboratorio de urgencias, junto con la necesidad de respuestas rápidas y homogéneas, hace imprescindible disponer de herramientas de apoyo que minimicen la variabilidad en la toma de decisiones técnicas. La Inteligencia Artificial (IA), aplicada como sistema de consulta basado en protocolos internos, puede convertirse en una herramienta de soporte para el personal técnico ante dudas relacionadas con validación técnica, interferencias, valores críticos o repetición de muestras.

OBJETIVOS

Evaluar la viabilidad del uso de una herramienta de IA como sistema de consulta interna en el laboratorio de urgencias.

Integrar protocolos normalizados de trabajo (PNT) en una aplicación de IA para facilitar la toma de decisiones técnicas.

Analizar el potencial impacto en la estandarización de criterios y reducción de variabilidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se plantea un proyecto piloto basado en la implementación de una herramienta de Inteligencia Artificial entrenada mediante la incorporación progresiva de protocolos internos del laboratorio de urgencias, incluyendo procedimientos de validación técnica, manejo de muestras hemolizadas, interferencias analíticas, gestión de valores críticos y criterios de repetición de determinaciones.

La herramienta funcionaría como un sistema de consulta cerrado, alimentado exclusivamente con documentación interna validada por el laboratorio, garantizando la confidencialidad y evitando el uso de datos clínicos identificativos.

Para analizar el impacto potencial de esta herramienta se realizó un estudio descriptivo del flujo de trabajo del laboratorio de urgencias durante un periodo de un mes, en el que se procesaron aproximadamente 13 500 muestras.

Durante dicho periodo se registró una media de 18-20 muestras reclamadas diariamente, lo que supone aproximadamente 540-600 muestras repetidas, representando alrededor del 4-5 % del total de muestras procesadas.

Como herramienta de consulta basada en IA se propone la aplicación NotebookLM, en la que se están incorporando progresivamente los protocolos y documentos internos del laboratorio. Este sistema permitiría realizar consultas rápidas basadas exclusivamente en los procedimientos establecidos en caso de duda durante la validación técnica.

RESULTADOS

Queremos minimizar los errores con esta herramienta de consulta y minimizar el tiempo de espera de los resultados, para así conseguir:

- Resolución rápida de dudas técnicas en turnos con menor experiencia.

Bayón Sánchez, Teresa Reyes Sánchez, Amparo de la Concepción Borrego Muñoz, María Luz Marcos Herrero, Virginia Fernández Chanca, María Magdalena Barbero García, María del Mar Clemente Aguilar, Cristina Agulló Roca.

Centro de Trabajo: *COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA*

Localidad: *SALAMANCA*

Código Postal: *37004*

Provincia: *SALAMANCA*

Correo electrónico primer firmante: *id00691043@usal.es*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El seguimiento del mieloma múltiple (MM) se basa en la detección y monitorización de la proteína monoclonal (PM) en suero y/u orina mediante técnicas electroforéticas como la inmunofijación (IFE). Según los criterios del International Myeloma Working Group (IMWG), la respuesta completa (RC) requiere IFE negativa junto con <5% de células plasmáticas en médula ósea. Sin embargo, la IFE es una técnica cualitativa, manual, y con variabilidad interobservador, además de limitada capacidad de automatización. La espectrometría de masas MALDI-TOF (EM) permite la identificación y cuantificación automatizada de inmunoglobulinas monoclonales con mayor sensibilidad analítica, menor variabilidad interpretativa y mayor rendimiento por jornada, utilizando el mismo volumen de muestra.

OBJETIVOS

Proponer un punto de corte cuantitativo por EM que se corresponda con la negatividad por IFE, con el fin de facilitar la aplicación de los criterios actuales de RC del IMWG en entornos donde la EM sustituya a la IFE.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 87 muestras de pacientes con MM con resultados pareados por EM (EXENT®, The Binding Site, parte de Thermo Fisher Scientific) y por IFE (SAS Vitrési, Helena BioSciences). Se estableció un punto de corte de 0,115 g/L por QIP-MS para definir un resultado equivalente a IFE negativa. El rendimiento diagnóstico se evaluó mediante sensibilidad, especificidad, valores predictivos y análisis ROC, con intervalos de confianza del 95%.

RESULTADOS

De las 87 muestras analizadas, 35 fueron positivas y 52 negativas por IFE. Aplicando el punto de corte propuesto por QIP-MS de 0,115 g/L o inferior, se identificaron correctamente 34 de las 35 muestras IFE positivas, lo que corresponde a una sensibilidad del 97% y un valor predictivo negativo del 96,5%. Estos resultados indican que concentraciones iguales o inferiores a este umbral se corresponden, casi en la totalidad, con IFE negativa.

La especificidad fue moderada (53,8%) y el valor predictivo positivo del 58,6%, observándose principalmente discrepancias en muestras IFE negativas pero positivas por EM con concentraciones superiores al punto de corte, lo que refleja la no solo la mayor sensibilidad analítica de la EM, sino también la subjetividad interpretativa de la IFE.

CONCLUSIONES

En esta cohorte, una concentración de PM por EM de 0,115 g/L o inferior se asoció a IFE negativa en la mayoría de los casos, con alta sensibilidad y elevado valor predictivo negativo, lo que apoya su uso como equivalente cuantitativo de negatividad dentro del criterio de RC según el IMWG. La mayor sensibilidad analítica y menor variabilidad subjetiva de la EM frente a la IFE refuerzan su potencial como herramienta de monitorización en el laboratorio clínico, aunque se requieren estudios adicionales y validación en cohortes independientes para confirmar su aplicabilidad definitiva en la práctica asistencial

- Homogeneización de criterios en la validación técnica.
- Acceso inmediato a protocolos actualizados sin necesidad de búsqueda manual.
- Potencial reducción de errores derivados de interpretación variable de los procedimientos.

CONCLUSIONES

La implementación de una herramienta de Inteligencia Artificial basada en protocolos internos podría mejorar la estandarización y seguridad en la validación técnica del laboratorio de urgencias. Aunque actualmente se trata de una propuesta en fase de valoración, su desarrollo podría representar una estrategia innovadora para optimizar la calidad asistencial, reforzar la seguridad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 235

UTILIDAD DE LA HORMONA ANTIMÜLLERIANA (AMH) COMO BIOMARCADOR EN EL SÍNDROME DE OVARIO POLIQUÍSTICO: ¿HACIA UN NUEVO CRITERIO DIAGNÓSTICO?

Autor/a/s: MARTA GALAN LOPEZ, CORAL DEL CASAR LOPEZ, MIGUEL ANGEL RUÍZ GINES, MARIA ISABEL LUJAN GARCÍA GARCÍA

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE TOLEDO

Localidad: TOLEDO

Código Postal: 45007

Provincia: TOLEDO

Correo electrónico primer firmante: martinelygl@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El Síndrome de Ovario Poliquístico (SOP) es el trastorno endocrino-metabólico más común en mujeres en edad reproductiva. Tradicionalmente, el diagnóstico se basa en los Criterios de Rotterdam, que requieren al menos de dos o tres condiciones: oligo-anovulación, hiperandrogenismo y morfología de ovario poliquístico (PCOM) mediante estudio ecográfico. Sin embargo, la ecografía transvaginal (que mide el recuento de folículos antrales) presenta limitaciones técnicas y de confort, especialmente en pacientes jóvenes en estudio por esterilidad y/o infertilidad desde la unidad de reproducción asistida.

OBJETIVOS

Evaluar el papel de la determinación de la Hormona Antimülleriana (HAM) como herramienta diagnóstica alternativa (criterios diagnósticos) y su capacidad para reflejar la reserva folicular y la severidad del fenotipo en pacientes con SOP.

MATERIAL Y MÉTODOS

Elecsys AMH Plus. Uso previsto Inmunoensayo in vitro para la determinación cuantitativa de la hormona anti-Mülleriana (HAM) en suero y plasma humanos. Inmunoensayo de electroquimioluminiscencia (electrochemiluminescence immunoassay) "ECLIA" está previsto para el uso en inmunoanalizadores cobas e. Analizador: cobas e801. Tubo de plasma con heparina de litio y gelosa o tubo de suero sin conservante. Centrifuga Kubota 2800.

Estudio retrospectivo, descriptivo y observacional que se revisaron los resultados de las determinaciones de HAM realizadas en un periodo de 40 días en nuestra área de salud. Las variables analizadas fueron la concepción de la hormona anti-mülleriana, el sexo, la edad y el diagnóstico clínico incluidas en total de 84 pacientes. Se emplea un punto de corte validado de 3.2ngr/ml (los estudios recientes confirman que un punto de corte de 3.2ngr/ml utilizando el inmuno ensayo ELECSYS AMH PLUS de Roche que se considera una herramienta robusta para identificar la morfología del ovario poliquístico con una

sensibilidad aproximada de 88,6% y una especificidad del 84,6% en la detección del PCOM).

Los pacientes se clasifican por corte específico de edad: 5.7ngr/ml en pacientes de 20 a 27 años de edad, 4.55ngr/ml en pacientes de 27 a 35 años y 3.72ngr/ml en pacientes de 35 a 40 años.

RESULTADOS

Las Guías Internacionales de 2023 han incluido formalmente la medición de HAM sérica como alternativa a la ecografía para identificar la morfología de ovario poliquístico en adultos.

Ventaja Operativa: Se puede medir en cualquier momento del ciclo menstrual, a diferencia de otras hormonas.

Puntos de Corte: según los últimos estudios de fertilidad esterilidad un valor de 3.2ngr/ml o superior de HAM se considera un punto de corte relevante y validado para sospecha PCOM en el contexto del diagnóstico de SOP especialmente al utilizar los actuales ensayos automatizados.

Este estudio realizado en un periodo de 40 días, en 84 pacientes a los que se le realiza la HAM, el rango de edad media es de 30,42 años donde la mínima edad fue 15 y la máxima 60 con una concentración media de 5.45ngr/ml. Aunque el valor de 3.2ng/ml es una referencia general al estudiar los 84 pacientes que se les solicita HAM se detectaron un 25% por encima de 3.2ngr/ml con un resultado medio de 5.45ngr/ml presentando un diagnóstico de esterilidad secundaria a SOP del 21,4%, y 1.14% diagnosticado de esterilidad masculina por deleción del cromosoma Y. Se observa que los valores más elevados de HAM coinciden con rango de edad de 19 a 37 años. Dentro de los rangos de edad establecidos la mayoría predominan en la etapa media y final de esos 40 días, observando que a mayor edad menor concentración de HAM.

CONCLUSIONES

El estudio confirma que la HAM puede ser utilizada como un biomarcador robusto que simplifica el flujo de trabajo SOP en el laboratorio, su uso como sustituto de la ecografía mejoraría la accesibilidad diagnóstica fundamentalmente en atención primaria reduciendo así lista de espera tanto en consultas como en pacientes que se remiten a consulta de reproducción asistida. No se recomienda su uso diagnóstico en adolescentes debido a que sus niveles no son fisiológicamente elevadas por la pubertad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 237

IMPACTO EN LOS TIEMPOS DE RESPUESTA DE LA REINGENIERÍA DE PROCESOS AUTOMATIZADOS EN UN LABORATORIO DE ALTA CARGA DE TRABAJO POR FRANJAS HORARIAS

Autor/a/s: Sonia Fernández Román, Irene Ortega Sánchez, Elena Martín Martín, Francheska Guerrero Paredes, Buensuceso Muñoz-Reja Muñoz, Belén Yebra Elipe, María Elena Escribano Álvarez, Julia Oñate Moral, Rosa María Martínez Navarro, Pedro Pérez Gómez

Centro de Trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN

Localidad: MADRID

Código Postal: 28007

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: sonifer83@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La reingeniería de procesos analíticos ha transformado de forma significativa el laboratorio de bioquímica clínica incorporando analizadores automáticos y sistemas informatizados que optimizan los procesos analíticos. Mas allá de la tecnología, el correcto funcionamiento

de estos sistemas depende en gran medida del trabajo del técnico de laboratorio cuyo papel resulta clave en la supervisión, control y calidad del proceso analítico.

OBJETIVOS

Analizar el impacto de el uso de herramientas digitales soporte para la mejora de flujos de trabajo y la automatización en el laboratorio de bioquímica Describir el papel del técnico de laboratorio en un entorno automatizado

Destacar las ventajas de la integración de procesos pre, analíticos y post analíticos en áreas consolidadas y automatizadas en el trabajo diario del técnico

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo observacional en un laboratorio de bioquímica clínica con sistema de automatización integral basado en la práctica diaria del técnico de laboratorio.

El laboratorio dispone de un sistema robotizado integral que incluye la identificación de muestras mediante código de barras, cadena de transporte, centrifugación automatizada, analizadores conectados bidireccionalmente al sistema informático del laboratorio y validación técnica de resultados.

Incluye circuitos de flujos de trabajo con tres prioridades diferentes, con reglas expertas de rechazo y aceptación de resultados según protocolos. Se analizaron los procesos correspondientes a las tres fases del proceso analítico: FASE PREANALÍTICA, ANALÍTICA y POSTANALÍTICA

Se evaluaron los tiempos de respuesta en muestras urgentes y de rutina, frecuencia de incidencias así como la intervención del técnico de laboratorio en la supervisión del proceso automatizado y gestión de incidencias.

RESULTADOS

En el año 2025 se procesaron 13.390.240 determinaciones en el laboratorio de Bioquímica, de ellas 4686000 fueron urgentes, correspondientes a una media diaria de 800 peticiones analíticas. La automatización permitió una mejora significativa en la eficiencia del laboratorio reduciendo los tiempos de respuesta asociados a la manipulación manual que en un inicio era superior a 90 minutos desde llegada de la muestra hasta su validación, alcanzando 120 minutos en picos de trabajo. La propuesta de esta actuación redefiniendo flujos de trabajo y circuitos estandarizó los tiempos de respuesta por turnos de trabajo sin una afectación relevante en picos de carga analítica de más de 3000 tubos en algunas franjas horarias.

Desde el punto de vista del técnico de laboratorio se evidenció una optimización del tiempo de trabajo, mayor dedicación a la supervisión del proceso, gestión de incidencias, reforzando su papel en el control de calidad y en la seguridad del paciente.

Este cambio del circuito analítico permite que el Técnico de laboratorio controle el proceso en puntos críticos y se consiga que los tiempos de respuesta por turnos de trabajo se estandaricen.

Se midieron los tiempos de respuesta en todas las peticiones de urgencias del año 2025 por la importancia de su cumplimiento en la atención prestada. En el área de bioquímica el tiempo de respuesta promedio fue de 67, 62 y 62 minutos en los turnos de mañana, tarde y o noche respectivamente. Los estudios de coagulación se resolvieron en 56, 54 y 49 minutos. En hematimetría urgente automatizada el tiempo de respuesta por turno fue 16, 19 y 17 minutos, y los resultados de marcadores cardiacos 79, 83 y 81 minutos (mañana-tarde-noche) respectivamente.

CONCLUSIONES

En un laboratorio automatizado el técnico de laboratorio pasa de ser un ejecutor manual a ser supervisor de procesos, garantía de calidad y gestor de tecnología. La automatización reduce errores mecánicos pero aumenta la necesidad de criterio profesional.

ANTES DEL ANÁLISIS: EL PAPEL DEL TÉCNICO DE LABORATORIO EN LA DETECCIÓN DE ERRORES PREANALÍTICOS EN BIOQUÍMICA.

Autor/a/s: M. Elena Martín Martín, Irene Ortega Sánchez, Sonia Fernández Román, Francheska Guerrero Paredes, Buensuceso Muñoz-Reja Muñoz, María Elena Escribano Álvarez, Belén Yebra Elipe, Julia Oñate Moral, Rosa María Martínez Navarro, Paula Cano Sánchez.

Centro de Trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN

Localidad: VALDEMORO

Código Postal: 28342

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: emartinmartin@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La fase preanalítica constituye una de las etapas más críticas del proceso analítico en bioquímica, siendo responsable de un elevado porcentaje de errores que afectan la calidad y fiabilidad de los resultados. El técnico de laboratorio desempeña un papel fundamental en la detección temprana y prevención de errores, contribuyendo directamente a la seguridad del paciente y a la eficiencia del proceso analítico.

OBJETIVOS

Identificar los errores preanalíticos más frecuentes en el laboratorio de bioquímica. Analizar el papel del técnico de laboratorio en la detección y prevención de estos errores. Resaltar la importancia de la fase preanalítica en la calidad del resultado analítico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo, observacional en el laboratorio de Bioquímica del Hospital General Universitario Gregorio Marañón, centrado en la evaluación de la fase preanalítica.

El periodo de estudio comprendió la actividad rutinaria del laboratorio durante el año 2025, salvo para el estudio de mal etiquetado que se redujo a 2 meses por ser la fiabilidad del registro. Se incluyeron todas las muestras biológicas recibidas en el área de Bioquímica procedentes de HOSPITALIZACIÓN, CONSULTAS EXTERNAS Y URGENCIAS.

Se analizaron los siguientes parámetros:

Estado de las muestras en el momento de la recepción, cumplimiento de los criterios de identificación y etiquetado, adecuación del volumen y tipo de tubo. Los errores preanalíticos más frecuentes detectados y su protocolo de actuación fueron:

Muestras hemolizadas URGENTES, identificación incorrecta, volumen insuficiente, uso inadecuado del anticoagulante y condiciones inadecuadas de transporte y temperatura; se actúa pidiendo nueva muestra

Mal etiquetado; se actúa poniendo una incidencia en el contenedor correspondiente y etiquetando de nuevo de forma correcta. Impacto y repercusión

Repetición de análisis innecesarios, incrementando costes y tiempo del técnico y demás implicados. Además de aumenta el tiempo de respuesta y errores.

RESULTADOS

Se analizaron 784.257 peticiones realizadas al laboratorio de Bioquímica. De las cuales hubo un porcentaje de errores siguiente:

Muestras hemolizadas Urgentes: 3,69 % (OBJETIVO < 5%)

Identificación incorrecta, volumen insuficiente, uso inadecuado del anticoagulante y condiciones inadecuadas de transporte y temperatura: 1,22 % (OBJETIVO < 1%)

Muestra mal enrasada: 1,64 % (OBJETIVO < 3%) Mal etiquetado: 10,12 %

Se ha observado que los errores de etiquetado en URGENCIAS: son muy superiores a actividad programada lo que supone un mayor control para que no impacte en el tiempo de respuesta en las peticiones urgentes.

CONCLUSIONES

La preanalítica es determinante para la calidad de los resultados en el laboratorio de bioquímica. El técnico de laboratorio desempeña un papel clave en la detección y gestión de errores preanalíticos, contribuyendo a mejorar la seguridad del paciente y la fiabilidad del diagnóstico.

La intervención del técnico de laboratorio permite la detección precoz de estos errores, evitando la emisión de resultados no fiables y garantizando la calidad del proceso analítico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 250

ANÁLISIS COMPARATIVO DE DOS MÉTODOS PARA LA CUANTIFICACIÓN DE LA 17-HIDROXIPROGESTERONA

Autor/a/s: Tolosa Antolín, Azucena; Andrés Luis, Rosalía, Blanco Alonso, Sofía; García Sanz, Sara; Sánchez Pavón, Carlos Enrique; Zapico Belloso, Alica; Segovia Gutierrez, Andrea; García Sánchez, María; Díez González, Verónica

Centro de Trabajo: Hospital Clínico Universitario de Valladolid

Localidad: Valladolid

Código Postal: 47011

Provincia: Valladolid

Correo electrónico primer firmante: azucen@telecable.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La 17-Hidroxiprogesterona (17-OHP) es una hormona esteroide producida por las glándulas suprarrenales, clave en la síntesis del cortisol. Un análisis de sangre de 17-OHP se utiliza principalmente para diagnosticar la hiperplasia suprarrenal congénita (HSC), una enfermedad genética que provoca niveles anormalmente altos de esta hormona debido a una deficiencia enzimática, común en recién nacidos.

OBJETIVOS

Evaluar la intercambiabilidad de los resultados de la 17-Hidroxiprogesterona obtenidos por dos métodos distintos, con el objetivo de realizar nosotros este análisis en nuestro Laboratorio y dejar de externalizar esta determinación enviándola a Reference Laboratory.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 65 muestras de suero en las que se midió la concentración de 17-OHP, mediante RIA que es el método de referencia y es el usado en Reference Laboratory y el Maglumi X3 (SnibeDiagnostik®) que usa la Quimioluminiscencia.

La intercambiabilidad de los resultados se comprobó mediante análisis de las diferencias (Bland-Altman) y regresión lineal (Passing-Bablok) empleando el software MedCalc®.

RESULTADOS

La comparación entre la Quimioluminiscencia y el RIA se evaluó mediante regresión de Passing-Bablok y análisis de Bland-Altman, con el objetivo de identificar sesgos sistemáticos y valorar la concordancia entre ambos métodos.

La regresión de Passing-Bablok evidenció que el intervalo de confianza al 95 % de la pendiente no incluyó el valor 1, lo que indica la presencia de un sesgo proporcional entre los métodos. La pendiente

inferior a la unidad sugiere que la CLIA infraestima los resultados en relación con el método de referencia (RIA), especialmente a concentraciones más elevadas. En contraste, el intervalo de confianza al 95 % del intercepto incluyó el valor 0, lo que descarta la existencia de un sesgo constante. La ausencia de desviaciones significativas de la linealidad, evaluada mediante la prueba CUSUM, respalda la adecuación del modelo lineal para describir la relación entre ambos métodos.

El análisis de Bland-Altman, considerando la diferencia definida como índice menos referencia, mostró un sesgo medio de $-0,062$, con un intervalo de confianza al 95 % que incluyó el valor cero ($-0,793$ a $0,670$), lo que indica ausencia de sesgo promedio estadísticamente significativo. No obstante, la desviación estándar de las diferencias fue de $2,953$, y los límites de acuerdo al 95 % se situaron entre $-5,849$ y $5,725$, reflejando una variabilidad apreciable en las diferencias individuales. Los intervalos de confianza de los límites de acuerdo sugieren que el rango real de discrepancias podría ser ligeramente más amplio en la población.

En conjunto, mientras el análisis de Bland-Altman no evidenció un sesgo promedio relevante, la regresión de Passing-Bablok reveló un sesgo proporcional, lo que indica que las discrepancias entre métodos dependen del nivel de medición y no se distribuyen de manera uniforme a lo largo del rango analítico.

CONCLUSIONES

De acuerdo con los resultados obtenidos, la quimioluminiscencia y el método de referencia (RIA), su uso indistinto debería evaluarse con cautela y en función del contexto clínico específico. No pueden considerarse plenamente intercambiables.

GENÉTICA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 006

SINDROME DE TURNER. CARACTERIZACIÓN CLÍNICO-GENÉTICA EN EL DIAGNÓSTICO PRENATAL

Autor/a/s: Sastre Garrote, Ana M^a; Reillo Sánchez, Carmen M^a; Lorenzo Vicente, M^a Lourdes; Nuñez García, M^a Carmen; González Mesonero, M^a Carmen; Morán Criado, M^a Jesús; Hernández Benito, Melania; Blanco Iglesias, María M; Fernández Martínez, M^a de las Mercedes.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: amita63@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El síndrome de Turner (ST) es un trastorno cromosómico causado por una alteración numérica de los cromosomas sexuales, caracterizado por la pérdida total o parcial de un cromosoma X. Su prevalencia se estima en torno a 1/2500-3000 recién nacidas vivas. Por lo general, el síndrome de Turner se detecta de forma prenatal. Dependiendo de lo marcados que sean los hallazgos derivados de la monosomía sexual, será más fácil o más difícil detectarlo. En casos más graves es posible detectar el síndrome de Turner mediante ecografías, pero en casos leves es necesario realizar una prueba genética para diagnosticarlo.

OBJETIVOS

Nuestro objetivo es describir las pruebas necesarias para diagnosticar prenatalmente esta entidad, así como describir los hallazgos ecográficos más frecuentes y marcadores séricos prenatales asociados al ST que hemos diagnosticado en nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un análisis retrospectivo de los casos de diagnóstico prenatal de ST registrados en nuestro hospital en los dos últimos años. Se han analizado los marcadores ecográficos y séricos de estos casos comparándolos con los de la literatura y se han descrito las pruebas genéticas necesarias para su diagnóstico. El estudio analizó tres casos de Síndrome de Turner (ST) diagnosticados prenatalmente, detallando los hallazgos según la semana de gestación y los resultados séricos y ecográficos.

RESULTADOS

En estos últimos 2 años, hemos detectado 3 Síndromes de Turner entre nuestros pacientes, cuyos datos ecográficos y séricos se describen a continuación: tabla:

El estudio analizó tres casos de Síndrome de Turner (ST) diagnosticados prenatalmente, detallando los hallazgos según la semana de gestación y los resultados séricos y ecográficos

Paciente Número 1: Diagnóstico: 11 semanas de gestación Marcadores Séricos: -hCG 55,32 UI/L (dentro del rango normal) y PAPP-A 1,31 IU/L (dentro del rango normal) Hallazgos Ecográficos: Hidrops fetal, agenesia del ductus venoso y hueso nasal presente

Paciente Número 2: Diagnóstico: 10 semanas de gestación Marcadores Séricos: -hCG 15,38 UI/L (ligeramente bajo) y PAPP-A 0,48 UI/L (notablemente baja). Hallazgos Ecográficos: Hidrops fetal y cardiopatía.

Paciente Número 3: Diagnóstico: 10 semanas de gestación. Marcadores Séricos: -hCG 58,82 UI/L (dentro del rango normal) y PAPP-A 0,66 UI/L (baja). • Hallazgos Ecográficos: Hidrops fetal y coartación aórtica.

En los tres casos, la confirmación diagnóstica mediante QF-PCR y cariotipo resultó ser 45,XO. Los hallazgos ecográficos más frecuentes en estos casos fueron hidrops fetal y alteraciones cardíacas. Dado los hallazgos ecográficos, se realizó aminocentesis solicitando como pruebas genéticas QF-PCR y cariotipo. En los tres casos el resultado fue: 45,XO, confirmando un diagnóstico de Síndrome de Turner.

CONCLUSIONES

La sospecha prenatal del síndrome de Turner se basa principalmente en hallazgos ecográficos como hidrops fetal, higroma quístico y malformaciones cardíacas, observados en nuestros casos y concordantes con la literatura. Sin embargo, estos signos no son específicos, por lo que el estudio genético es esencial, especialmente en situaciones de mosaicismo con expresión clínica variable. Los marcadores séricos pueden mostrar β -hCG ligeramente elevada, aunque no se evidenció en nuestra serie. La confirmación diagnóstica requiere QF-PCR y cariotipo, siendo este último clave para detectar mosaicismos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 036

ELECCIÓN DE EQUIPO PARA LA EXTRACCIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS: COMPARATIVA TÉCNICA ENTRE QIASYMPHONY, QIACUBE Y E22 CONNECT

Autor/a/s: Ana María Hurtado García; Antonia María Moreno Casares; Manuela Pozo Pozo; Yolanda Martínez Diago;; Rosa María García Crespo; José Carlos Espinosa Alcantud.

Centro de Trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LAS NIEVES

Localidad: GRANADA

Código Postal: 18014

Provincia: GRANADA

Correo electrónico primer firmante: anahur@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La elección de un sistema de extracción automatizada es crítica para el flujo de trabajo en genética. En nuestro laboratorio hemos evaluado tres plataformas de la casa QIAGEN que utilizan diferentes fundamentos tecnológicos y están diseñadas para distintos volúmenes de carga y tipos de muestra..

OBJETIVOS

Analizar las ventajas e inconvenientes de los equipos QIASymphony, QIACube y E22 Connect, comparando su manejo, tiempos de procesamiento y tecnología de extracción para optimizar la rutina diaria del técnico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Periodo de estudio: Comparativa técnica realizada sobre protocolos de extracción de ADN y número de muestras extraídas en los tres equipos durante un año.

Tipo de muestra: sangre recogida en tubo con EDTA para QIASymphony y Qiacube; y para E22 Connect muestra de frotis bucal recolectadas mediante hisopo estéril sin medio de cultivo

Equipos: QIASymphony (partículas magnéticas), QIACube (centrifugación) y E22 Connect (partículas magnéticas).

Parámetros evaluados: tecnología de purificación, rendimiento, mantenimiento y versatilidad.

RESULTADOS

Tras la puesta en marcha de los tres sistemas, se observan diferencias clave que definen su encaje en el laboratorio:

- El QIAsymphony SP destaca como la opción de alto rendimiento; utiliza una tecnología de partículas magnéticas en suspensión para procesar hasta 96 muestras. Aunque es el más complejo de manejar y requiere un mantenimiento exhaustivo (diario y semanal), garantiza la menor intervención manual y una alta versatilidad, logrando procesar 24 muestras en unos 60 minutos. En contraste, el EZ2 Connect se posiciona como la alternativa más ágil y sencilla. Al igual que el anterior, emplea partículas magnéticas, pero optimiza el proceso mediante cartuchos prellenados bajo un concepto Plug & Play. Es, con diferencia, el más rápido: procesa 24 muestras en solo 25 minutos.
- Su mantenimiento es mínimo, basado en luz UV diaria, aunque su versatilidad está supeditada a los protocolos disponibles en formato cartucho para flujos de volumen mediano. Por su parte, el QIACube ofrece un enfoque distinto basado en la centrifugación automatizada con columnas de membrana de sílice. Es el sistema con mayor versatilidad de protocolos, aunque su capacidad es más limitada, permitiendo trabajar con hasta 12 muestras simultáneamente en ciclos de 60 minutos. Su manejo y mantenimiento son de nivel intermedio, centrándose este último en la limpieza de rotores y la centrifuga.
- El número de muestras procesadas en cada equipo durante 12 meses demuestra la capacidad de trabajo de cada uno de ellos: 6181 muestras procesadas en QIAsymphony, 1152 muestras en QIACube y 610 en EZ2 connect.

CONCLUSIONES

La elección del sistema de extracción óptimo está intrínsecamente ligada a las necesidades específicas del laboratorio. Para entornos que requieren un alto rendimiento y procesamiento de grandes cargas, el sistema QIAsymphony SP se posiciona como la solución líder. Por otro lado, el EZ2 Connect destaca por su versatilidad en flujos mixtos y una automatización avanzada para volúmenes medianos. Finalmente, para laboratorios con menores requerimientos de volumen que buscan automatizar protocolos manuales de forma sencilla, el QIACube constituye la opción más eficiente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 037

A PROPÓSITO DE UN CASO: DIAGNÓSTICO PRENATAL DE SÍNDROME DE LERI-WEILL MEDIANTE ARRAY-CGH

Autor/a/s: ANTONIA MARÍA MORENO CASARES; ANA MARÍA HURTADO GARCÍA ; YOLANDA MARTÍNEZ DIAGO; MANUELA POZO POZO; ROSA MARÍA GARCÍA CRESPO; JOSÉ CARLOS ESPONOSA ALCANTUD.

Centro de Trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LAS NIEVES

Localidad: GRANADA

Código Postal: 18014

Provincia: GRANADA

Correo electrónico primer firmante: tmcgranada19@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La región distal del brazo corto del cromosoma X (Xp22.33) es una zona de alta relevancia clínica en el diagnóstico prenatal. En ella se

localizan genes críticos para el desarrollo esquelético:

- Gen SHOX: Responsable del crecimiento longitudinal de los huesos largos. Su pérdida provoca el Síndrome de Leri-Weill.
- Gen ARSL (anteriormente ARSE): Codifica la arilsulfatasa L, esencial para la correcta osificación del cartílago. Su pérdida causa la Condrosarcoma Punctata ligada al X (CDPX1).

OBJETIVOS

El objetivo principal de esta comunicación es la determinación del origen genético de posibles alteraciones en el ámbito prenatal a través de la detección de variaciones en el número de copias (CNV) patológicas mediante Array CGH. Se pretende demostrar cómo la capacidad de resolución de esta técnica permite al personal técnico identificar y delimitar con exactitud deleciones y duplicaciones.

MATERIAL Y MÉTODOS

Líquido amniótico obtenido mediante amniocentesis en la semana 18 de gestación. Sangre materna recogida en EDTA.

Validación de la identidad de la muestra fetal mediante un estudio comparativo con sangre periférica materna. El análisis se realizó mediante QF-PCR y electroforesis capilar, utilizando 26 marcadores microsatélites, localizados 10 de ellos en los cromosomas sexuales, 6 de ellos en el cromosoma 21, 5 de ellos en el cromosoma 18 y 5 de ellos en el cromosoma 13. El reactivo utilizado es el Devyser v3, CE-IVD.

Hibridación de la muestra remitida con ADN comercial de referencia del mismo sexo mediante Array-CGH. Ambas muestras se marcan con fluorocromos distintos, se hibridan sobre un microarray que contiene miles de sondas distribuidas por todo el genoma y finalmente se analiza la intensidad de fluorescencia para detectar si hay exceso o defecto de material genético en alguna región.

RESULTADOS

Deleción cromosómica de 4 Mb en la región Xp22.33. Esta deleción se divide a su vez en dos regiones:

- Una deleción de 2.75 Mb correspondiente a la región PAR1, una región homóloga entre los cromosomas X e Y que contiene unos 16 genes entre los que se encuentra el gen SHOX. Este gen es fundamental para el desarrollo óseo y el crecimiento lineal, de manera que se asocia a síndrome de Leri-Weill.

El síndrome de Leri-Weill es una rara enfermedad genética dominante, con una incidencia de aproximadamente 1/2000 que se caracteriza por diversos grados de baja estatura y antebrazos cortos, radio arqueado, disposición desorganizada de los huesos del carpo que resulta en deformidad de Madelung, movimiento articular limitado y piernas cortas.

- Una deleción de 1.25 Mb fuera de la región PAR1 que contiene el gen OMIM (ARSE). Este gen codifica la proteína arilsulfatasa E, esencial para la correcta composición del cartílago y la matriz ósea durante el desarrollo y es el responsable de la condrosarcoma punctata brachitelefalángica entre otras afectaciones.

CONCLUSIONES

La precisión en la detección de CNVs patogénicas en el ámbito prenatal depende directamente de la pericia técnica en la fase analítica. El papel del técnico de laboratorio es crítico, no solo en la ejecución de protocolos complejos como la QF-PCR y el Array-CGH, sino también en el control de calidad riguroso que garantiza la ausencia de contaminación materna. En última instancia, la destreza técnica en el manejo de estas herramientas moleculares es lo que permite transformar una muestra biológica en un diagnóstico genético fiable y seguro para el paciente.

Número: 064

CARACTERIZACIÓN DE VARIANTES INTRÓNICAS PROFUNDAS IDENTIFICADAS EN EL CONTEXTO DEL PROYECTO IMPACT_VUSCAN.

Autor/a/s: Gómez Sanz Alicia, Esteban-Sánchez Ada, Gutiérrez García Sandra, Diaque García Paula, Ramos-Muntada Mireia, Pérez-Segura P, Robledo, Mercedes; Lazaro Conxi, Garre Rubio Pilar, de la Hoya Mantecón Miguel, en representación del consorcio IMPaCT_VUSCan.

Centro de Trabajo: Laboratorio de Oncología Molecular, Hospital Clínico San Carlos, IdISSC

Localidad: Madrid

Código Postal: 28040

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: agsmm73@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El consorcio IMPaCT_VUSCan tiene como objetivo desarrollar e implementar una plataforma de genómica funcional destinada a analizar casos de cáncer hereditario no resueltos en la rutina clínica, incluyendo la detección y priorización de variantes intrónicas profundas (localizadas en regiones alejadas de los sitios canónicos de splicing). La presente comunicación se centra en dos de estas variantes, localizadas en los genes ATM y BRIP1 en pacientes con sospecha de cáncer de mama-ovario hereditario.

OBJETIVOS

1. Caracterizar el efecto en el splicing de dos variantes intrónicas profundas detectadas por el consorcio IMPaCT_VUSCan.
2. Describir los desafíos planteados en la caracterización del splicing y en la posterior clasificación de estas variantes siguiendo las guías de clasificación ACMG/AMP.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron las variantes NM_000051.4(ATM):c.8584+611A>C y NM_032043.3(BRIP1):c.1795-34A>G. Los RNAs se obtuvieron de sangre periférica de portadoras siguiendo procedimientos estándar de aislamiento y cultivo en presencia/ausencia de puromicina. Los estudios iniciales cualitativos se realizaron mediante RT-PCR seguida de electroforesis capilar y secuenciación Sanger. El diseño tuvo en cuenta las predicciones proporcionadas por SpliceAI y SpliceVault. Tras caracterizar cualitativamente los mensajeros aberrantes, se diseñaron sondas TaqMan específicas de mensajeros aberrantes y normales con las que se realizaron estudios cuantitativos por PCR digital. Análisis bioinformático de splicing utilizando SpliceVault (<https://kids-neuro.shinyapps.io/splicevault/>) y MobiDetails (<https://mobidetails.iurc.montp.inserm.fr/MD/>).

Cultivo de linfocitos (PB-Max), extracción de RNA, RT-PCR

Análisis de Fragmentos y Secuenciación Sanger (equipo ABI3130, Gene Mapper v5, Secuencing Analysis Software v6, Applied Biosystems). Electroforesis automatizada (TapeStation 4150, TapeStation analysis Software v4.1.1, Agilent).

PCR digital(equipo QuantStudio Absolute Q, QuantStudio Absolute Q Digital PCR Software 6, Applied Biosystems).

RESULTADOS

ATM c.8584+611A>C induce un mensajero aberrante que incluye un pseudoexon de 71 nucleótidos entre los exones 58 y 59.

BRIP1 c.1795-34A>G induce un mensajero aberrante que combina la inclusión de un pseudoexon de 125 nucleótidos entre los exones 12 y 13 con la pérdida del exón 13.

En ambos casos, los mensajeros aberrantes son PTC-NMD.

Los análisis por PCR digital indicaron en ambos casos un probable impacto parcial en el splicing. A falta de datos precisos sobre la relación entre la dosis génica y el riesgo de desarrollar cáncer, este dato impide aplicar las evidencias que apoyan que la variante sea patogénica o benigna, por lo que las variantes siguen siendo de significado incierto tras el estudio.

CONCLUSIONES

La combinación de RT-PCR, electroforesis capilar, secuenciación Sanger y PCR digital genera resultados de splicing de alta calidad. Sin embargo, estos resultados no siempre se traducen en una clasificación precisa de las variantes genéticas investigadas.

Número: 073

QF-PCR (REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA CUANTITATIVA)

Autor/a/s: M^a EULALIA RODRÍGUEZ SANTANA/DAIDA M^a IZQUIERDO NUÑEZ/M^a CANDELARIA LORENZO GARCIA/ISABEL BATISTA ARMAS/BENEDICTA JUANA RODRÍGUEZ HERRERA/CARMEN DELIA GONZALEZ RODRÍGUEZ/ M^a JESÚS MARTINEZ ALVAREZ/CESARINA RODRÍGUEZ MAGDALENA

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO NTRA SEÑORA DE LA CANDELARIA

Localidad: SANTA CRUZ

Código Postal: 38010

Provincia: SANTA CRUZ DE TENERIFE

Correo electrónico primer firmante: Marieu17@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La QF-PCR es una técnica molecular rápida y precisa utilizada en el diagnóstico prenatal para detectar anomalías cromosómicas numéricas o aneuploidías (trisomías 13, 18, 21 y cromosomas sexuales X/Y). Analiza marcadores polimórficos (STRs) en ADN fetal, ofreciendo resultados en 24-48 horas.

OBJETIVOS

Detección de las aneuploidías cromosómicas que afectan a los cromosomas 13, 18, 21, X e Y, causantes de los siguientes síndromes: Síndrome de Patau (trisomía 13), Síndrome de Edwards (trisomía 18), Síndrome de Down (trisomía 21), Síndrome de Turner (Síndrome 45,X), Síndrome de Klinefelter(47,XXY) y otras cromosopatías numéricas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para el diagnóstico de las aneuploidías hacemos extracción de ADN a partir de líquido amniótico (MagCore Genomic DNA Whole Blood kit).

Amplificación mediante PCR de marcadores de repeticiones cortas en tandem (STR) y marcadores no polimórficos de los cromosomas 13, 18, 21, X e Y(Kit Devyser Compact v3).

Electroforesis capilar de los productos de amplificación obtenidos mediante secuenciador Sanger (AB 3500 Genetic Analyser). Análisis de fragmentos (software Genemapper 5).

RESULTADOS

Paciente de 42 años, gestante de 15 + 6 semanas primigesta .En la exploración ecográfica del primer trimestre se observa feto con TN>p97, HN en p3 y desprendimiento del amnios. Cribado combinado de primer trimestre con alto riesgo de aneuploidias, RT21=1/4, test de ADN fetal en sangre materna con alta sospecha de T21. Se realiza estudio genético de aneuploidías mediante QF-PCR en muestra de líquido amniótico.

Cromosoma 13	2 cromosomas
Cromosoma 18	2 cromosomas
Cromosoma 21	3 cromosomas
Cromosoma X	1 cromosoma
Cromosoma Y	1 cromosoma

Resultado compatible con feto de sexo masculino con trisomía del cromosoma 21 (síndrome de Down)

CONCLUSIONES

La QF-PCR es una herramienta de vital importancia en el laboratorio de diagnóstico clínico para la toma de decisiones clínicas rápidas en el embarazo, por su rapidez y eficacia, además de su bajo costo y requiere una cantidad pequeña de muestra (amniocitos o vellosidades coriales).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 078

SEGREGACIÓN FAMILIAR DE CNVS, EVIDENCIA DE RECOMBINACIÓN DE GAMETOS EN CROMOSOMAS SEXUALES

Autor/a/s: Teresa Sanfélix Lázaro, Noelia Cabrera García-Ochoa, Clara Monferrer Adsuara, Alba Naranjo Cuellar, Yaiza Hernández Palomares, Carles Garrido, Cristina Camprubí, Altea Esteve, Raquel Rodríguez López

Centro de Trabajo: Sección Genética, Servicio AACC del Consorcio Hospital General Universitario de Valencia

Localidad: Valencia

Código Postal: 46014

Provincia: Valencia

Correo electrónico primer firmante: sanfelix_terlaz@gva.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La recombinación de cromosomas sexuales en mujeres ocurre a lo largo de todo el cromosoma X durante la meiosis pero en hombres está restringida a las regiones pseudoautosómicas (PAR1 y PAR2), ocasionalmente en regiones adyacentes. La frecuencia de recombinación en PAR1 en varones es muy alta y menos frecuente en PAR2; aproximadamente en el 1% de las meiosis masculinas. En mujeres se calcula la frecuencia media de recombinación del cromosoma X en gametos en 3.2 entrecruzamientos en más del 99% de los oocitos normales, siendo la ausencia de recombinación en el X un hallazgo raro y asociado a defectos en la meiosis. Las entidades OMIM#308100, Ictiosis ligada al X, y OMIM#303700, discromatopsia, están ligadas al cromosoma X por localizarse teloméricamente p y q, respectivamente. La coexistencia de ambas en una familia genera un magnífico ejemplo de recombinación en gametos.

OBJETIVOS

Evidenciar la importancia de dominar el proceso de recombinación de los cromosomas X e Y entre gametos humanos, en asesoramiento de variantes patogénicas ligadas al cromosoma X. Demostrar que la ausencia de recombinación en el cromosoma X es un hallazgo realmente infrecuente. Corroborar la existencia de recombinación XY en la región PAR2 en variantes patogénicas localizadas en X PAR2. Exponer las opciones técnicas aplicables al análisis de segregación familiar de sendas CNVs patogénicas en cromosoma X, localizadas bajo PAR1 y dentro de PAR2.

MATERIAL Y MÉTODOS

Exponemos el caso de una familia con 12 miembros, en la que se segregan sendas CNVs deleciones patogénicas de susceptibilidad a Ictiosis arr[GRCh37] Xp22.31(6,454,212_8,097,511)x0 y Daltonismo

Xq28 g.(154150953_154152939)_(154188067_154190053) (hg38), exones 1–2 del gen OPN1LW y 3–6 del gen OPN1MW. Se realiza fenotipado exhaustivo por especialistas en dermatología y oftalmología. Se resumen los fenotipos familiares en: abuelo materno portador y afecto de daltonismo y abuela materna portadora sana de ictiosis, madre sin fenotipo portadora de sendas CNVs y, de sus ocho hijos, tres mujeres sin fenotipo, dos varones sin fenotipo, tres varones con ictiosis y dos de ellos afectados además de daltonismo.

Analizamos como caso índice a uno de los hijos, varón afectado de ictiosis y daltonismo, con secuenciación masiva de exoma clínicos mediante Twist Bioscience de Illumina panel 2.5; secuenciador Novaseq (Illumina). Se filtran los datos obtenidos por los términos HPO (<https://hpo.jax.org/>) HP:0000551 y HP:0008064. Se completa el estudio con array de genómico aCGH 180K y análisis de fragmentos mediante QFPCR para análisis de microsatélites en los cromosomas XY. Para el resto de familiares se realizó array de genómico en los dos hermanos del caso índice afectados de ictiosis, las tres hermanas sanas y una tía materna sana. En dicha tía materna se amplió estudio con secuenciación de exoma dirigida a la región OPN1LW/OPN1MW. Se realizó estudio de marcadores microsatélites XY en sendos abuelos, madre y tía materna, así como 6 de los hijos; los dos hijos varones sin fenotipo no participaron en el estudio de segregación.

RESULTADOS

La construcción de haplotipos en base a los resultados de alelos de los microsatélites XY que portaba cada uno de los miembros, junto a la segregación de sendas CNVs patogénicas localizadas en: Xp22.31 (justo debajo de la región PAR1) y Xq28 (localizada dentro de la región PAR2), demostraron:

- la existencia de recombinación de los cromosomas X de la madre en todos los oocitos que dieron lugar a sus seis hijos analizados.
- los haplotipos sugerían al menos tres puntos de recombinación, entre los cromosomas X de la madre en todos los oocitos que dieron lugar a sus seis hijos analizados.
- se estableció una correlación genotipo-fenotipo exacta en todos los individuos, así como el patrón de herencia ligado al X recesivo de ambas CNVs patogénicas. Todos los varones portadores de una, otra o ambas CNVs mostraban el/los fenotipo/s asociado/s; en todas las mujeres portadoras de una, otra o ninguna de las CNVs se observaron fenotipos normales.
- se evalúa la adecuación de las técnicas disponibles para aplicar en cada miembro de la familia y la posible inferencia de los genotipos obligados, sin solicitar ninguna prueba, según el coste/eficiencia de cada prueba para cada una de las alteraciones segregadas. La CNV localizada en Xp22.31 era detectable con array CGH 180K, mientras que la CNV en Xq28 se detectaba con una única sonda del array; se comprobó el estado de no portadora en la tía materna que podrían pensarse que debía ser portadora obligada.
- la comprobación de que la tía materna era no portadora de la delección de susceptibilidad a daltonismo que portaba su padre (abuelo materno) en Xq28 (localizada dentro de la región PAR2), demostró la posibilidad de recombinación en gametos entre cromosomas XY durante la espermiogénesis.

CONCLUSIONES

La recombinación XY dentro y fuera de regiones PAR en gametos complica la predicción de heredabilidad de variantes patogénicas en genes localizados en el cromosoma X. Esto es aún más relevante en el Consejo Genético de entidades neurológicas, y más complejo aún en genes con penetrancia variable en mujeres. La confirmación de la existencia de espermatozoides X sin la delección patogénica en PAR2 en varón afecto de daltonismo, así como las diversas recombinaciones evidenciadas en los 8 hijos de portadora de ésta y la delección patogénica de ictiosis bajo el PAR1, es muy esclarecedora.

MARCADOR SUPERNUMERARIO EN TURNER: UTILIDAD DEL ABORDAJE CITOGÉNICO-MOLECULAR

Autor/a/s: BARBA MIRAMONTES, MARÍA JOSÉ; GONZÁLEZ RIEIRO, ISABEL; SEIJAS SANTAMARIÑA, MARÍA; RODRIGUEZ PEDREIRA, MONTSE-RRAT; MOSQUERA REY, ALEJANDRO.

Centro Trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO A CORUÑA

Localidad: A CORUÑA

Código Postal: 15007

Provincia: A CORUÑA

Correo electrónico primer firmante: merymsf@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El síndrome de Turner (ST) es una cromosomopatía que afecta a fenotipos femeninos, siendo el cariotipo 45,X el más común. Identificar material del cromosoma Y es esencial por el riesgo tumoral, y la combinación de técnicas citogenéticas y moleculares permite caracterizar con precisión los cromosomas marcadores.

OBJETIVOS

Destacar la utilidad del abordaje integrado para determinar el origen de un cromosoma marcador supernumerario en una paciente de 15 años con fenotipo clásico de ST.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se obtiene una muestra de sangre periférica para el estudio genético. A partir de esta muestra, se realiza cultivo de linfocitos durante 72 horas a 37°C y el estudio de metafases con bandeado G, según el protocolo del laboratorio.

Posteriormente, se lleva a cabo una hibridación in situ con fluorescencia (FISH) utilizando las sondas de diagnóstico DXZ1yDYZ1y se evaluando un total de 100 núcleos interfásicos para identificar los cromosomas sexuales X e Y.

Paralelamente se realiza la extracción de ADN en el equipo QIASymphony SP de QIAGEN según el protocolo del laboratorio. Usando como base esta muestra, se realiza un estudio mediante Hibridación Genómica Comparada (array CGH) empleando un array de oligonucleótidos de alta densidad de NIMGenetics, diseñado para la detección de variaciones en el número de copias (CNVs) a lo largo del genoma con alta resolución y especificidad analítica. También se lleva a cabo la identificación de microdeleciones de la región AZF en el cromosoma Y mediante el kit Multiplex: Oligo-azoospermia FL, que se basa en la técnica de PCR multiplex, una variante de la PCR en la que dos o más loci se amplifican simultáneamente en una misma reacción. Después de la reacción de PCR, los productos amplificados se separan mediante electroforesis capilar utilizando el secuenciador automático 3130 Genetic Analyzer, Applied biosystems. La interpretación de los resultados del ensayo se basaron en la presencia o ausencia de los fragmentos AZFa, AZFb, AZFbc, AZFc y SRY del ADN amplificado específico.

RESULTADOS

El análisis de cariotipo con bandeado G identificó dos líneas celulares en mosaicismo: 45,X (46) / 46,X,+mar (6). El origen del cromosoma marcador supernumerario no pudo ser determinado solo con esta técnica. La Hibridación in situ con fluorescencia (FISH) resultó negativa para la presencia de material derivado del cromosoma Y. Los 100 núcleos interfásicos estudiados mostraron señal de un único cromosoma X.

El análisis de array CGH sugirió la posible presencia de secuencias del cromosoma Y, pero este resultado no fue concluyente por sí mismo. Finalmente, el análisis de microdeleciones del cromosoma Y por

PCR múltiple confirmó positivamente la presencia de material del cromosoma Y, detectando marcadores STR específicos en las regiones evaluadas.

CONCLUSIONES

Este caso demuestra la importancia de integrar técnicas moleculares en la evaluación de cromosomas marcadores en el ST. Aunque la línea celular portadora del marcador representaba solamente un 6% del total, la presencia de material Y fue confirmada mediante PCR, lo que subraya la recomendación de estudiar sistemáticamente material Y en todas las pacientes con síndrome de Turner, independientemente del bajo grado de mosaicismo o de la apariencia del marcador.

Este enfoque es esencial para un adecuado manejo clínico y para la prevención del riesgo de tumores gonadales.

DEL HALLAZGO CITOGÉNICO INCIDENTAL AL DIAGNÓSTICO MOLECULAR DEFINITIVO.

Autor/a/s: Emilio Forner Lapiedra, Inmaculada Concepción Fernández Gayete, Fernando Tortosa Marín.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Dr. Pesset Alexandre

Localidad: Valencia

Código Postal: 46017

Provincia: Valencia

Correo electrónico primer firmante: ayla650@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las malformaciones congénitas múltiples detectadas durante el embarazo suponen un reto diagnóstico que requiere la correcta aplicación de distintas técnicas de laboratorio. En estos casos, el trabajo del personal técnico es fundamental para garantizar la calidad de las muestras, la correcta ejecución de las técnicas citogenéticas y moleculares y la obtención de resultados fiables que permitan avanzar en el estudio genético. Presentamos un caso de feto polimalformado remitido para estudio genético prenatal tras hallazgos ecográficos relevantes, en el que se detectó una alteración cromosómica estructural en el cromosoma 15 a partir de amniocitos.

OBJETIVOS

Describir el trabajo del laboratorio de genética en el estudio prenatal de un feto con malformaciones congénitas múltiples, desde el manejo de la muestra hasta la aplicación de técnicas citogenéticas y moleculares.

MATERIAL Y MÉTODOS

Tras la detección ecográfica prenatal de múltiples malformaciones congénitas, se recibió una muestra de líquido amniótico para estudio genético. En una primera fase se realizó el estudio cromosómico en amniocitos mediante cariotipo convencional, junto con FISH para la detección de las aneuploidías más frecuentes, y análisis por array-CGH.

Ante la ausencia de desequilibrios genómicos patogénicos en el array-CGH y la presencia de un hallazgo cromosómico estructural, se amplió el estudio citogenético mediante técnicas de tinción C, así como FISH con sonda específica para el cromosoma Y. Posteriormente, se llevó a cabo el estudio cromosómico en sangre periférica de los progenitores

Finalmente, el estudio molecular se completó mediante la realización de un exoma clínico en tejido fetal procedente de restos abortivos, con análisis de segregación parental.

RESULTADOS

El resultado de cariotipo fetal en líquido amniótico fue 46,XX,der(15)t(Y;15)(q12;p13), confirmándose mediante FISH la presencia de una amplia región del cromosoma Y. El array CGH no evidenció desequilibrios genómicos patogénicos y el estudio de disomía uniparental del cromosoma 15 fue negativo, a pesar del tamaño del hallazgo citogenético.

El estudio de restos abortivos confirmó el mismo cariotipo. El análisis parental demostró que la madre era portadora del cromosoma derivado, sin manifestaciones clínicas asociadas.

El exoma clínico identificó una variante probablemente patogénica de novo en el gen MED12 (c.6178C>T,p.(Gln2060Ter)), ausente en ambos progenitores, asociada al síndrome de de Hardikar.

CONCLUSIONES

Este caso subraya la necesidad de una estrategia diagnóstica multi-nivel en el laboratorio de genética. Mientras que la citogenética identificó una translocación cromosómica llamativa, las técnicas de alta resolución como el Array y el Exoma, permitieron discernir entre un hallazgo citogenético familiar benigno y la verdadera causa molecular de la patología, haciendo posible un asesoramiento genético correcto.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número 087

ESTRATIFICACIÓN DE PACIENTES CON CÁNCER DE MAMA TRIPLE NEGATIVO MEDIANTE SECUENCIACIÓN DE CÉLULA ÚNICA E INTEGRACIÓN EN UN MODELO COMPUTACIONAL PREDICTIVO DE RESPUESTA FARMACOLÓGICA.

Autor/a/s: David Olivares Osuna, Daniel Ortega Álvarez, Elena Vinuesa Pitarch, Lidia Soto Arévalo, Joan Balibrea Rull, Basseem Radwan, Verónica Rodilla Benito.

Centro de Trabajo: Josep Carreras Leukaemia Research Institute

Localidad: Badalona

Código Postal: 08916

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: dolivares@carrerasresearch.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El cáncer de mama triple negativo (TNBC) es el subtipo más heterogéneo y agresivo del carcinoma mamario, caracterizado por la ausencia de biomarcadores clínicos validados y por un repertorio terapéutico limitado. Esta elevada heterogeneidad biológica condiciona una estratificación subóptima de los pacientes y dificulta la identificación de estrategias terapéuticas realmente eficaces. En los últimos años, el desarrollo de tecnologías ómicas de célula única ha permitido caracterizar con alta resolución la arquitectura celular tumoral, identificando subpoblaciones con identidades moleculares y vulnerabilidades farmacológicas diferenciadas. No obstante, la integración de esta información en modelos computacionales que relacionen heterogeneidad tumoral y respuesta farmacológica para predecir el comportamiento terapéutico de los pacientes sigue siendo un reto en oncología traslacional.

OBJETIVOS

1. Identificar subtipos tumorales funcionales en cáncer de mama triple negativo mediante el análisis de datos transcriptómicos de célula única.
2. Caracterizar vulnerabilidades farmacológicas asociadas a los distintos estados celulares identificados.
3. Integrar la composición celular tumoral con perfiles de sensibilidad

farmacológica en un modelo computacional capaz de generar predicciones cuantitativas de respuesta terapéutica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron datasets públicos de secuenciación de ARN a nivel de célula única (scRNA-seq) procedentes de glándula mamaria normal humana y murina, incluyendo más de 150.000 células epiteliales, con el objetivo de identificar marcadores transcriptómicos específicos de los principales compartimentos basales y luminales. A partir de estos datos se definieron firmas transcriptómicas de identidad epitelial.

Estas firmas se proyectaron sobre datasets públicos de scRNA-seq que incluían muestras de más de 15 pacientes de cáncer de mama triple negativo. Los datos fueron analizados con el paquete Scanpy de Python incorporando control de calidad, normalización, reducción dimensional y análisis de expresión diferencial para la asignación de identidad celular.

Para la caracterización funcional de los subtipos moleculares identificados, se realizó un cribado farmacológico utilizando una librería de aproximadamente 3.300 compuestos en un panel de siete líneas celulares de cáncer de mama triple negativo previamente estratificadas. Las respuestas farmacológicas fueron cuantificadas, normalizadas y agregadas para obtener perfiles de sensibilidad por subtipo.

Finalmente, se desarrolló una arquitectura computacional basada en un modelo estadístico que integra la composición celular tumoral con dichos perfiles de sensibilidad farmacológica. La identificación de las subpoblaciones celulares se realizó mediante un sistema de inteligencia artificial basado en reglas, sustentado en firmas transcriptómicas específicas. El modelo, implementado dentro de un enfoque predictivo supervisado con optimización estadística, genera estimaciones cuantitativas e interpretables de respuesta terapéutica. El desempeño predictivo se evaluó mediante validación interna y métricas estadísticas estándar.

RESULTADOS

El análisis de scRNA-seq del epitelio mamario normal humano y murino permitió definir tres programas transcriptómicos correspondientes a identidades basales, luminales con perfil hormone-sensing y luminales hormone-responsive. Al proyectarlos sobre datos de cáncer de mama triple negativo, las identidades basal (tB-TNBC) y hormone-sensing (HSLC-TNBC) se recapitulaban de forma consistente, permitiendo la clasificación tumoral según identidad celular. En contraste, el programa hormone-responsive (HRLC-TNBC) no mostró un patrón estable entre pacientes, evidenciando mayor heterogeneidad intragrupo.

La validación mediante inmunohistoquímica en una cohorte de descubrimiento y dos cohortes independientes (>240 casos) confirmó la existencia del subtipo tB-TNBC (15–20% de los casos) y del subtipo HSLC-TNBC (20–25%), este último enriquecido en el subtipo previamente descrito como Luminal Androgen Receptor. Ambos subgrupos se asociaron a peor pronóstico y menor beneficio del tratamiento estándar, demostrando el impacto clínico de la identidad celular de origen.

El cribado de 3.200 fármacos en líneas celulares estratificadas por subtipo identificó dasatinib como fármaco selectivo en tB-TNBC, hallazgo posteriormente validado en modelos murinos derivados de pacientes mediante una reducción significativa del crecimiento tumoral. En HSLC-TNBC se observaron sensibilidades diferenciales a apatinib, alpelisib e imatinib, pendientes aún de validación en modelos in vivo. Finalmente, estos resultados se integraron en una arquitectura computacional predictiva que combina la composición celular tumoral con perfiles farmacológicos específicos por subtipo, generando estimaciones cuantitativas de respuesta terapéutica a nivel paciente. Este modelo de inferencia multiparamétrica permite traducir la heterogeneidad celular en predicciones terapéuticas interpretables y

escalables para la estratificación funcional del cáncer de mama triple negativo.

CONCLUSIONES

1) La estratificación de pacientes de cáncer de mama triple negativo basada en identidad celular de origen permite redefinir subtipos tumorales con implicaciones pronósticas y terapéuticas concretas. 2) La integración sistemática de datos de célula única con perfiles farmacológicos y un modelo computacional predictivo demuestra que la heterogeneidad tumoral puede transformarse en una capa cuantitativa de decisión terapéutica. 3) Este enfoque establece un marco traslacional que conecta biología celular, vulnerabilidades farmacológicas e inteligencia artificial para avanzar hacia una oncología de precisión.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 116

LIMITACIONES DIAGNÓSTICAS DE LA INMUNOHISTOQUÍMICA DE SDHB EN PARAGANGLIOMAS DE CABEZA Y CUELLO: LA INTEGRACIÓN DE EXOMA Y METILOMA REVELA ALTERACIONES OCULTAS EN SDHX

Autor/a/s: Rocío Letón Ruiz, Eduardo Gil Vilariño, Ester Arroba Hidalgo, Milton Salazar Hidalgo, Mario Mira Carnicer, Alicia Barroso Bohórquez, Miguel Ángel Grillo Gallardo, María Currás Freixes, Alberto Cascón Soriano, Mercedes Robledo Batanero

Centro de Trabajo: Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas

Localidad: Madrid

Código Postal: 28029

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: rleton@cniio.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los feocromocitomas y paragangliomas (PPGL) son tumores neuroendocrinos infrecuentes derivados de células cromafines de la médula suprarrenal y de los paraganglios. Una proporción significativa se asocia a síndromes hereditarios y a alteraciones germinales o somáticas en los genes del complejo succinato deshidrogenasa (SDHx). La inmunohistoquímica (IHQ) de SDHB constituye una herramienta diagnóstica ampliamente utilizada, ya que la ausencia de expresión de la proteína se considera un marcador de inactivación funcional de los genes SDHx y orienta la interpretación de las variantes. En los PPGLs de cabeza y el cuello (HNPGs), donde la prevalencia de mutaciones en SDHx es particularmente elevada, la fiabilidad diagnóstica de la IHQ de SDHB ha sido cuestionada.

OBJETIVOS

Evaluar la utilidad diagnóstica y los criterios interpretación de la IHQ de SDHB en HNPGs sin mutación conocida.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se incluyeron 7 HNPGs sin mutaciones conocidas, con IHQ de SDHB positiva y que presentaban un perfil transcripcional que sugería la presencia de alteraciones en los genes SDHx. Se realizó secuenciación del exoma y análisis de metiloma. Asimismo, dos patólogos expertos reevaluaron de forma independiente la tinción IHQ de SDHB. Los hallazgos se compararon con HNPGs portadores de mutaciones conocidas en SDHx.

RESULTADOS

El análisis de exoma identificó dos mutaciones en SDHD y una en SDHA no detectadas previamente debido a limitaciones técnicas de los estudios iniciales. El análisis del metiloma reveló una epimutación somática en el promotor de SDHC en otro caso. Tras la reevaluación de la IHQ de SDHB, cinco tumores fueron reclasificados como IHQ

dudosa o no concluyente, mientras que los dos restantes mostraron una tinción de baja granularidad y/o heterogénea.

CONCLUSIONES

La IHQ de SDHB presenta limitaciones diagnósticas relevantes en los HNPGs. Una interpretación basada exclusivamente en la positividad de SDHB puede llevar a descartar erróneamente alteraciones en los genes SDHx. Estos resultados subrayan la necesidad de una evaluación más rigurosa del patrón de tinción en los HNPGs, así como complementar el estudio con análisis moleculares adicionales cuando existan dudas diagnósticas.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 118

“EN UN LUGAR DE LA MANCHA...HALLAZGO DE UNA POSIBLE VARIANTE PATOGENICA FUNDADORA EN EL GEN BRCA1”

Autor/a/s: Alicia Barroso Bohórquez; Miguel Ángel Grillo Gallardo; Eduardo Gil Vilariño; Fatima Mercadillo de Mingo; Veronica Garcia-Carpizo; Pilar Redondo Bastante; Rocío Letón Ruiz; Bruna Calsina Pla-Giribert; María Currás Freixes.

Centro Trabajo: Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas. CNIO

Localidad: Madrid

Código Postal: 28029

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: abarroso@cniio.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las variantes patogénicas (VP) germinales en los genes BRCA1 y BRCA2 son responsables de aproximadamente el 25% de los casos de síndrome de cáncer de mama/ovario hereditario en la población española. No existen puntos calientes en los que se acumulen las VP, pero sí VP recurrentes que aparecen repetidamente en una población específica, comúnmente por un efecto fundador. Describimos la presencia de una VP en una zona específica de la Comunidad Autónoma de Castilla-La Mancha. Esta VP c.442-1888_4358-1388del consiste en la delección de los exones 8 al 13 del gen BRCA1(BRCA1 GDel) y sólo había sido descrita previamente en una familia francesa y una española.

OBJETIVOS

El objetivo del presente trabajo es definir el posible origen común de la VP BRCA1 GDel. Para ello, se realiza el estudio de haplotipos en el que analizamos 3 marcadores microsatélites intra/extra génicos de BRCA1 en 41 individuos pertenecientes a 23 familias que provienen de la misma región de Castilla-La Mancha. Se utilizará la Inteligencia Artificial (IA) para valorar si existe un haplotipo común entre los afectos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó una extracción de ADN a partir de sangre periférica, de cada uno de los individuos, utilizando el extractor de ADN Maxweel de Promega. Para realizar el estudio seleccionamos 41 individuos procedentes de la región de Castilla la Mancha portadores y no portadores de la VP.

El estudio de la VP se realizó utilizando el kit de MLPA P002 D1 de MRC Holland y posterior confirmación con una PCR Multiplex. Esta PCR se basa en un análisis diferencial de fragmentos de ADN, aprovechando el punto de rotura conocido del ADN y la generación de dos amplicones de ADN de distinto tamaño. Estos se visualizan de forma diferencial en un gel de agarosa mediante una electroforesis, lo que permite distinguir la presencia o ausencia de la delección.

Para establecer los haplotipos se utilizan 3 marcadores microsatélites D17S855, D17S1322 y D17S1327 intra/extra génicos de BRCA1. El análisis de microsatélites se realiza mediante una amplificación por PCR utilizando primers marcados con fluorescencia y posterior análisis de los fragmentos utilizando el software Peak Scanner v1.0

RESULTADOS

Los resultados se analizaron utilizando el software Peak Scanner v1.0 y posteriormente, con herramientas de IA (Copilot), se realizó un análisis de haplotipos. Los datos fueron procesados mediante scripts personalizados en Python usando la librería Pandas, para la gestión, limpieza y estructuración de los genotipos.

Los resultados sugieren la presencia de un haplotipo común en todos los individuos portadores de la VP.

CONCLUSIONES

Se ha confirmado que las 23 familias analizadas comparten un mismo ancestro, lo que indica un posible efecto fundador. Esto significa que, al haberse desarrollado la población de forma aislada o con un número limitado de individuos en una región específica, la VP se ha vuelto más frecuente en las generaciones siguientes. Este fenómeno se debería confirmar con un número mayor muestras.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 128

CASO CLÍNICO: CÓMO LA INTEGRACIÓN DE TÉCNICAS MOLECULARES Y CITOGENÉTICAS PERMITE CONFIRMAR UNA DELECIÓN COMPLETA DE ATM

Autor/a/s: Miguel Ángel Grillo Gallardo; Alicia Barroso Bohórquez; Eduardo Gil Vilariño; María del Carmen Martín Guijarro; Fatima Mercadillo de Mingo; Veronica Garcia-Carpizo; Rocío Letón Ruiz; Bruna Calsina Pla-Giribert; Sandra Rodríguez Perales; María Curras Freixes.

Centro Trabajo: Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas. CNIO

Localidad: Madrid

Código Postal: 28029

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: magrillo@cniio.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Presentamos el caso de un paciente varón de 76 años que ha desarrollado varios tumores primarios a lo largo de su vida: un adenocarcinoma colorrectal a los 70 años, un carcinoma basocelular a los 66 años y un cáncer de próstata metastásico con un Gleason 5+3 a los 73 años. El paciente no presenta antecedentes familiares oncológicos relevantes.

Para establecer un diagnóstico genético preciso, fundamental para orientar el manejo clínico tanto del paciente como de sus familiares se empleó una combinación de diferentes técnicas: secuenciación masiva (NGS), análisis MLPA (Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification), cariotipo y la técnica FISH (Fluorescence In Situ Hybridization).

OBJETIVOS

Describir la ejecución, resultado, limitaciones, y ventajas de cada técnica utilizada en este caso, el proceso diagnóstico en el paciente: NGS, MLPA, cariotipo y FISH.

MATERIAL Y MÉTODOS

Extracción de ADN de sangre periférica, con el kit comercial de Promega así como el extractor automático Maxwell.

Se realizó un panel de secuenciación masiva (NGS) orientado al estudio de los genes de susceptibilidad al cáncer de próstata hereditario

(ATM, BRCA1, BRCA2, CHEK2, EPCAM, HOXB13, MLH1, MLH3, MSH2, MSH6, NBN, PALB2, PMS2, RAD51C, RAD51D, TP53), utilizando el kit de captura Oncoclever-GeneSGKit y secuenciación mediante NextSeq 550 de Illumina.

MLPA, Esta técnica consiste en la hibridación de sondas marcadas con fluorescencia específicas para cada uno de los exones del gen ATM (probemix P041-B1 y P042-B2), así como para regiones cromosómicas cercanas y distantes del gen utilizadas como controles. La cuantificación y el análisis de las intensidades de fluorescencia fueron procesados con el software Coffalyser, el cual permite detectar variaciones en el número de copias de ADN (CNVs), deleciones o duplicaciones con mayor precisión y reducir los errores en la detección de alteraciones. En esta técnica se utilizaron 3 controles sanos para la normalización de los datos.

CARIOTIPO, tras cultivo celular (con una nueva extracción de sangre periférica con heparina), se realizó un estudio citogenético convencional analizando 20 metafases.

FISH, Después de la hibridación con la sonda LSI ATM, MetaSystems cat# D-5046-100-OG, específica de la región ATM (11q22.3), se contaron 200

RESULTADOS

Mediante la técnica de NGS no se identificaron variantes de tipo SNV. Sin embargo, en el análisis de CNVs se observó una pérdida que afectaba al brazo largo del cromosoma 11.

La técnica de MLPA confirmó el resultado de la NGS: la pérdida del exón 1 al 63 del gen ATM, que sugería la pérdida del brazo 11q en el cual además de ATM se encuentran otros genes.

El cariotipo mostró 2 líneas celulares: una con la fórmula 46,XY "normal" sin alteraciones estructurales y otra línea con alteraciones no clonales atribuibles a genotoxicidad previa (debido al tratamiento con radio y quimioterapia) sin un reordenamiento clonal definido.

Tras estar el paciente 6 meses sin tratamiento, se realizó el estudio FISH para ATM en el que se evidenciaron 2 patrones que afectaban cada uno de ellos al 50% de los núcleos analizados, un patrón normal con 2 señales verdes y un patrón alterado con una señal verde, lo cual es compatible con la deleción del gen ATM, en heterocigosis en un 50%.

CONCLUSIONES

La confirmación de los hallazgos identificados mediante NGS resulta fundamental, ya que en ocasiones es necesario complementarlos con técnicas adicionales, como la inmunohistoquímica o diversos métodos citogenéticos. Esta verificación aporta un valor crucial tanto para el adecuado asesoramiento del paciente como para la evaluación del riesgo en sus familiares.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 130

ANÁLISIS DE VARIANTES ESTRUCTURALES POST-EDICIÓN CRISPR/CAS9 EN LÍNEAS CELULARES SK-N-AS Y 2H MEDIANTE OPTICAL GENOME MAPPING

Autor/a/s: Carmen Martín Guijarro, Francisco Jose Moya Moya, Christian Moreno Ayllon, Alejandro Nieto, Raúl Torres Ruiz, Sandra Rodríguez Perales

Centro de Trabajo: Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas

Localidad: Madrid

Código Postal: 28029

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: mmartin@cniio.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El Optical Genome Mapping (OGM) es una técnica citogenética de nueva generación que permite el análisis estructural del genoma a gran escala mediante el estudio de moléculas ultra-largas de ADN. Facilita la detección de alteraciones estructurales complejas, como inserciones, deleciones, duplicaciones, inversiones y translocaciones, fundamentales en el diagnóstico de numerosas enfermedades genéticas y también en investigación básica. El OGM ofrece la ventaja de analizar simultáneamente múltiples tipos de variantes estructurales en un único experimento. Además, al trabajar con ADN largo en su estado nativo, mejora la resolución, rapidez y robustez del análisis frente a técnicas citogenéticas convencionales.

OBJETIVOS

Evaluar, mediante OGM, la presencia de aberraciones cromosómicas estructurales en líneas celulares de neuroblastoma (SK-N-AS) y células mesenquimales inmortalizadas (2H) sometidas a edición génica con CRISPR/Cas9 dirigida contra el gen MYCN, con el objetivo de determinar la precisión y seguridad de la edición.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se extrajo ADN de ultra-alto peso molecular (UHMW) a partir de $1,5 \times 10^6$ células criopreservadas siguiendo los protocolos del fabricante. El ADN se cuantificó con Qubit dsDNA BR Assay y se marcaron 750 ng mediante el protocolo Bionano DLS-G2 (Bionano Genomics).

Las muestras se procesaron en el sistema Saphyr (v3.3), obteniendo hasta 1600 Gb de datos y una cobertura genómica media de $300\times$, lo que permitió detectar variantes estructurales (SVs) con una fracción alélica $\geq 5\%$. El análisis se realizó con el pipeline Guided Assembly – Low Allele Frequency en Bionano Solve (v3.8.2) y visualización en Bionano Access (v1.8.2), alineando las moléculas al genoma de referencia GRCh38/hg38 para la identificación de SVs y alteraciones en el número de copias (CNAs).

Se aplicaron filtros de calidad basados en puntuación de confianza, tamaño mínimo (≥ 500 kb para CNAs), frecuencia ($< 1\%$) y VAF ($> 5\%$, ≥ 10 moléculas). Finalmente, se realizó un análisis emparejado (Dual Variant Annotation) para identificar variantes específicas asociadas a la edición dirigida a MYCN.

RESULTADOS

El análisis comparativo de ambas líneas celulares tratadas frente a sus respectivos controles no reveló aberraciones cromosómicas estructurales significativas (inserciones, deleciones, duplicaciones, inversiones ni translocaciones intra- o intercromosómicas > 5 Mb) detectables mediante OGM.

CONCLUSIONES

La ausencia de aberraciones cromosómicas estructurales significativas tras la edición génica con CRISPR/Cas9 sugiere una alta precisión y seguridad del abordaje terapéutico dirigido al gen MYCN en las condiciones experimentales evaluadas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 132

IMPLEMENTACIÓN DE UN ALGORITMO PARA EL ESTUDIO GENÉTICO EN OTROS TEJIDOS DISCRIMINANDO POSIBLES VARIANTES EN MOSAICO.

Autor/a/s: Cristina Moraleja Novillo, Victoria Carrero Blázquez, Iciar Rey Prieto, Sofía Caiqin Linares Reyes, Consuelo Pascual Pérez, Salvadora García Serrano, Jose Manuel Sánchez Zapardiel, Beatriz Hidalgo Calero, Adrián González Quintana, Ángela Pastor Senovilla

Centro de Trabajo: Hospital 12 de Octubre

Localidad: Madrid

Código Postal: 28041

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: cristinamoraleja77@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El mosaicismo es una alteración genética caracterizada por la coexistencia de dos o más poblaciones celulares en un mismo individuo. Se origina por errores en la división celular durante el desarrollo embrionario y puede verse afectado cualquier tejido. La detección de variantes con baja frecuencia alélica puede deberse a un posible caso de mosaicismo o a un artefacto que se produce en la técnica de secuenciación. Los artefactos son falsos positivos que no están presentes en el ADN del paciente.

OBJETIVOS

Implementar un algoritmo dentro del laboratorio que nos permita diferenciar entre un verdadero mosaico y posibles artefactos de la técnica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realiza extracción de ADN de sangre periférica, y de otros tejidos de distinto origen embrionario como mucosa oral, orina y tumor. La sangre periférica y la orina se extrae mediante el kit de extracción Maxwell® RSC Blood DNA Kit (protocolo modificado). La extracción de la mucosa oral se realizó mediante el Kit de extracción Isohelix–Xtreme DNA (XME-50) y Isohelix–Swab pack (SK-2S). El tejido tumoral se extrae con el kit de extracción Maxwell® FFPE Plus DNA Kit.

Se realizaron en paralelo con muestras de sangre, mucosa bucal y orina librerías panel NGS Cáncer Hereditario (Sophia Genetics) en robot Hamilton STARlet y posterior secuenciación NextSeq (Illumina). El análisis de las variantes se realizó mediante el software Sophia DDM. Éstas se confirmaron por secuenciación sanger.

RESULTADOS

Tras implementación de dicho algoritmo en nuestro laboratorio hemos obtenido los siguientes resultados:

Paciente 1: APC: c.637C>T p.(Arg213*) VAF 8%

Paciente 2: SMAD4:c.430_431delTC p.(Ser144Argfs*7) VAF 10,80%

Paciente 3: BRCA2: c.3263dupC p.(Gln1089Serfs*10) 5%

Paciente 4: APC: c.4537G>T p.(Glu1513*) VAF 10%

Paciente 5: MSH6:c.766_767del p.(Ser256*) VAF 15,50%

Paciente 6: STK11: c.121A>T p.(Lys41*) VAF 5%

Paciente 7: VHL: c.574_580dup p.(Val194Alafs*64) VAF 10,30%

Paciente 8: BRCA2: c.9648+1G>A VAF 11%

Confirmándose la presencia de variantes en mosaico en diferentes genes de síndromes de predisposición a cáncer hereditario en un total de 8 pacientes.

CONCLUSIONES

Este algoritmo nos ha permitido diagnosticar molecularmente a pacientes de síndromes de predisposición a cáncer hereditario.

Nos va a permitir un adecuado asesoramiento genético y un seguimiento clínico personalizado en base a su riesgo.

Detección de la variante en su descendencia en el caso que pueda verse afectada su línea germinal.

Se pueden discriminar variantes que puedan ser artefactos de la técnica.

DETECCIÓN DE VARIANTES TIPO CNV POR DOS TÉCNICAS DIFERENTES: PCR Y MLPA

Autor/a/s: Elena Coullaut García, Elena Beristain Mendizabal, Iratxe Sáez de Castillo Sedano, Estibaliz Gallo Rodríguez, Zaloa López Andino, Idoia Nacarino García, Laura Pérez Pachón, Julia María Moreno Morillo, Diana Martín Rodríguez, María del Carmen Arana Monte

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Araba (Txagorritxu)

Localidad: Vitoria

Código Postal: 01009

Provincia: Alava

Correo electrónico primer firmante: elenayosoy81@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En el área de genética, disponemos de diferentes técnicas para la identificación de variantes genéticas. Las más usadas actualmente son la secuenciación Sanger, la de siguiente generación o NGS y la técnica MLPA (del inglés, Multiplex Ligation Probe Amplification), entre otras. La técnica MLPA permite la identificación de grandes reordenamientos o CNVs (del inglés, Copy Number Variation) en zonas concretas del genoma: deleciones y duplicaciones de exones o genes completos. Sin embargo, su uso es recomendado en un contexto de investigación. En un contexto asistencial, la identificación de variantes genéticas mediante la técnica MLPA requiere confirmación mediante una segunda técnica. Siempre que sea posible, el uso de la secuenciación Sanger como técnica de confirmación va a ser más costo-eficiente que otras.

OBJETIVOS

Elección y diseño de una segunda técnica para la confirmación de la deleción del exón 21 del gen MYBPC3 identificada mediante técnica MLPA en un paciente con miocardiopatía hipertrófica familiar. De esta manera, se consigue la caracterización de la variante y la posibilidad de estudiar a múltiples familiares con un coste menor.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realiza la extracción automatizada de ADN en sangre total con EDTA utilizando el sistema QIAasympy (Qiagen) y comprobamos la concentración de ADN de las muestras mediante espectrofotómetro Nanodrop.

Para la detección de grandes reordenamientos del gen MYBPC3 se utilizó la técnica MLPA, mediante el kit P100-MYBPC3 (MRC-Holland). El procedimiento que se siguió fue el recomendado por la empresa. Esta técnica consiste en la hibridación de sondas específicas marcadas con fluorescencia seguido de una ligación de fragmentos y la posterior amplificación múltiple por PCR de las diferentes regiones de ADN hibridadas.

Para la amplificación por PCR y posterior secuenciación Sanger, técnica de confirmación, se diseñaron una pareja de cebadores en las regiones de la secuencia de ADN del gen MYBPC3 que flanqueaban la variante identificada. Se eligió situar dichos cebadores en el intrón 19 (forward) y en el intrón 22 (reverso). Esto fue posible gracias a que la distancia entre el exón 20 y 22 es de 1.700 pares de bases (pb) aprox.

RESULTADOS

Nuestro hospital es un centro de referencia en el estudio y diagnóstico de cardiopatías familiares. En un paciente con sospecha de miocardiopatía hipertrófica se identificó mediante técnica MLPA la deleción en heterocigosis del exón 21 del gen MYBPC3. Fue necesario el diseño de un experimento de PCR y secuenciación Sanger para caracterizar la variante exacta. Como resultado se obtuvieron los

puntos de corte de la deleción del exón 21, lo que permitió nombrar a la variante mediante nomenclatura consenso. El primer punto de corte se localizó en el intrón 20, a +194 pb; y el segundo se localizó en el intrón 21 a -58pb; dando lugar a la deleción de un fragmento de 1.346pb. Así, la variante se nombró como c.1927+194_2068-58del, p.(Glu643Glyfs*), compatible con un diagnóstico de Miocardiopatía hipertrófica familiar.

Desde entonces hemos identificado a más de diez pacientes de esta misma familia, y otras familias, que presentan esta variante genética, abaratando el coste del estudio genético predictivo.

CONCLUSIONES

Detectar la deleción del exón 21 del gen MYBPC3 mediante amplificación por PCR y posterior secuenciación Sanger permite identificar a los portadores en riesgo, con el objetivo de tomar medidas preventivas, de una forma más costo-eficiente. Ambas técnicas pueden utilizarse indistintamente, pero la realización de un MLPA conlleva más tiempo y un mayor coste económico.

ESTRATEGIAS BASADAS EN IA PARA OPTIMIZAR EL DISEÑO DE OLIGONUCLEÓTIDOS Y LA CONFIRMACIÓN DE VARIANTES GENÉTICAS OBTENIDAS MEDIANTE TECNOLOGÍAS DE SECUENCIACIÓN MASIVA.

Autor/a/s: García Terradillos, M^a Concepción; Carrero Baz, María Pilar; Alonso Benavente, María de la Paloma, González Panchuelo, Raúl; Ramos Paniagua, Jonathan; Huerga Bartolome, María; Heredero Jung, David Hansoe; Lorenzo Hernández, Sandra Milagros; Pérez Carbonero, Lucia; Isidoro García, María.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA. LABORATORIO DE GENÉTICA MOLECULAR Y FARMACOGENÉTICA.

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo primer firmante: CONCHI.TERRADILLOS@GMAIL.COM

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El notable incremento de los estudios genéticos, genera un volumen creciente de datos y variantes, que requieren confirmación precisa para garantizar la calidad y seguridad del proceso diagnóstico. El diseño de oligonucleótidos específicos para amplificar las regiones de interés, es cada vez más habitual y el personal técnico del laboratorio ejecuta el diseño apoyándose en plataformas bioinformáticas específicas, basadas en algoritmos matemáticos.

La nueva era tecnológica está creando herramientas impulsadas por inteligencia artificial (IA) y machine learning, que permiten mayor especificidad y optimización del diseño, reduciendo tiempos y recursos.

OBJETIVOS

Evaluar la implementación y validación de una nueva herramienta asistida por inteligencia artificial para la mejora del flujo de trabajo en el laboratorio, y disminuir el riesgo del error humano.

Optimizar del diseño de oligonucleótidos incrementando la especificidad, garantizando la confirmación de las variantes y reforzando la calidad en el proceso.

Automatizar tareas clave, con el fin de aumentar la precisión diagnóstica y reducir los tiempos de respuesta.

ESTUDIO COMPARATIVO SOBRE CUANTIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN P.V617F DEL GEN JAK2 MEDIANTE LAS METODOLOGÍAS PCR CUANTITATIVA VS PCR DIGITAL

Autor/a/s: Francisco Javier Conejo Tenorio, Lara Pérez García, María Elena Lorenzo Rolo, Vanesa García García, Ricardo Sánchez Perez,

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO 12 DE OCTUBRE

Localidad: MADRID

CódigoPostal: 28003

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: IAIVER@HOTMAIL.COM

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

JAK2 es una proteína con función tirosín-quinasa implicada en la traducción de señal de los receptores de diversas citoquinas, como puede ser la eritropoyetina. Se ha descrito que su mutación en el aminoácido 617 con un cambio de una valina por una fenilalanina hace que no pueda ser inhibida por sus inhibidores. Esta mutación se observa en diversas patologías hematológicas como policitemia vera, trombocitosis esencial u otras neoplasias mieloproliferativas.

OBJETIVOS

Hasta hace dos años, la detección de la mutación de JAK2 en nuestro laboratorio se realizaba a través de una PCR cuantitativa. Para mejorar la cuantificación de la mutación y calcular su frecuencia alélica (VAF) de forma absoluta, se está implementando la tecnología de la PCR digital para la mutación. Nuestro objetivo es comparar ambos métodos para corroborar la validez del nuevo método.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para la detección a través de la PCR cuantitativa

- Equipo: Quant Studio 5 de ThermoFisher.
- Reactivos
 - Primers Fw y Rv tanto de la forma mutada como de la forma salvaje (WildType).
 - TaqMan™ Universal PCR Master Mix, no AmpErase™ de ThermoFisher™

Para la detección a través de la PCRdigital

- Equipo: Absolute Q de ThermoFisher
- Reactivos:
 - Applied Biosystems™ Absolute Q™ Liquid Biopsy dPCR Assay para JAK2 p.V617FDG7DPCP
 - QuantStudio™ Absolute Q™ MAP16 Plate Kit and Master Mix 12 pack Muestra: Utilizaremos 50 ADN depacientes.

RESULTADOS

En la PCR cuantitativa nos aparecen los resultados a través de una comparativa de los valores obtenidos de la PCR de JAK2 con los primers de la mutación con los de la PCR de los primers WT. A partir de los valores Ct de cada curva y con una recta de una muestra con frecuencia alélica conocida, calculamos las VAF de cada paciente.

En la PCR digital nos aparecerán 4 cuadrantes con puntos que representan cada uno de los 20.000 pocillos de un chip de PCR digital: cuadrante inferior izquierdo, moléculas sin sonda unida y no amplificada, cuadrante inferior derecho donde se representan a las moléculas unidas a sonda WT, cuadrante superior izquierdo donde se representan a las moléculas unidas a sonda mutada y los dobles positivos en el cuadrante superior derecho, cuando caen moléculas de los dos tipos. En este caso la VAF se calcula con el número de

MATERIAL Y MÉTODOS

El diseño de primers por inteligencia artificial (IA) es un proceso automatizado que utiliza algoritmos de aprendizaje automático para analizar secuencias genéticas y predecir los oligos de ADN más eficientes para su uso en PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa)

A diferencia de los métodos tradicionales que venimos usando en el laboratorio (basados en múltiples plataformas, como Primer3Plus, BACON designer, UCSC In-Silico o SNPcheckV4), la IA permite optimizar simultáneamente múltiples parámetros complejos para mejorar la especificidad y reducir los tiempos de desarrollo.

La búsqueda de plataformas basadas en IA, nos llevó a explorar Bio-mod AI, Bioinnovate AI y Primer Pro. Tras una reunión con Biomod AI, revisaron los elementos clave del funcionamiento de la herramienta:

1. Pre-procesamiento y análisis de secuencias: La IA recibe la secuencia genómica objetivo y analiza el contexto genético para identificar regiones únicas.
2. Filtrado y selección de oligos candidatos: Se evalúan miles de combinaciones potenciales entre 18 y 24 pares de bases, considerando temperaturas de fusión (Tm), contenido de CG (40-60%) y la ausencia de dímeros..
3. Modelado de eficacia (Scoring): Un modelo de machine learning prioriza las parejas de oligos candidatos por su mayor capacidad de unión al objetivo.
- 4.- Optimización y validación in silico: Comprobando que los pares de primers seleccionados, funcionarán en condiciones experimentales reales.

RESULTADOS

La evaluación del flujo de trabajo indica que la herramienta implementada se está ajustando progresivamente a las necesidades específicas de diseño molecular de nuestro laboratorio.

Los datos preliminares arrojan varias ventajas:

- 1 Incremento en la velocidad de desarrollo: Reduce el tiempo requerido para el diseño de ensayos de PCR en aproximadamente un 60%.
2. Mayor especificidad y optimización de recursos: La mejora en la precisión de los primers consigue reducir el número de experimentos fallidos, lo que se traduce en un ahorro de reactivos, tiempos y costes.

En la fase actual del estudio, el enfoque continua en la transición desde metodologías de diseño de primers convencionales hacia la implementación de herramientas avanzadas impulsadas por inteligencia artificial (IA).

El flujo de trabajo previsto contempla el diseño de estos oligonucleótidos (primers o cebadores), seguido de su síntesis y una rigurosa validación experimental en el laboratorio para determinar su viabilidad técnica y eficiencia frente a los métodos tradicionales.

Este proceso de validación no solo permitirá contrastar la precisión de los modelos de IA, sino que servirá como base para optimizar de manera integral nuestro protocolo de diseño.

CONCLUSIONES

La transición hacia plataformas de IA en el diseño de Primers representa una optimización innovadora frente a los métodos convencionales. Los resultados preliminares confirman una reducción en tiempos y una mayor especificidad, lo que minimiza errores experimentales y optimiza el uso de reactivos. Esta metodología no solo refuerza la calidad diagnóstica en la confirmación de variantes detectadas por NGS, sino que automatiza el flujo de trabajo del laboratorio. La validación experimental actualmente en curso proporcionará los datos definitivos sobre la viabilidad técnica para su implementación.

copias/ μ L de sonda mutadas respecto al número de copias/ μ L totales. VAF = copias/ μ L moléculas mutadas / (copias/ μ L moléculas mutadas + copias/ μ L moléculas WT).

CONCLUSIONES

El experimento ha concluido que la fiabilidad de los resultados es prácticamente similar con los valores que nos daba la PCR cuantitativa.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 193

¿INCIDENTALOMA GENÉTICO? DETECCIÓN DE POSIBLE MOSAICISMO EN EL GEN APC POR NGS

Autor/a/s: Eduardo Gil Vilariño; Alicia Barroso Bohórquez; Miguel Ángel Grillo Gallardo; Fátima Mercadillo de Mingo; Verónica García Carpizo; Pilar Redondo Bastante; Rocío Letón Ruiz; María Currás Freixes
Centro de Trabajo: Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO)

Localidad: Madrid

Código Postal: 28029

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: edgilv@cnio.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Se presenta el caso clínico de una paciente con cáncer de mama con 85 años. Se realiza el estudio de los genes relacionados con el síndrome de cáncer de mama/ovario hereditario mediante un panel de NGS por captura. El resultado es no informativo. Sin embargo, de forma secundaria, se detecta una variante genética clínicamente relevante, pero que no está relacionada con el motivo principal por el cual se solicitó la prueba.

OBJETIVOS

Confirmar la variante genética secundaria identificada en el estudio de NGS con el panel Hereditary Plus OncoKitDx, correspondiente a una variación en el número de copias (CNV) en el gen APC, mediante la técnica de MLPA (Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification). Asimismo, realizar una confirmación adicional ante la sospecha de mosaicismos utilizando FISH y/o PCR digital.

MATERIAL Y MÉTODOS

- Extracción de ADN en sangre total con EDTA
- NGS mediante kit Hereditary Plus OncoKitDx y Oncoclever GeneSG-kit de sistemas genómicos y secuenciación mediante MiSeq y NextSeq 550 de Illumina.
- Análisis y filtrado de variantes genéticas.
- MLPA: hibridación de sondas marcadas con fluorescencia específicas para cada uno de los exones del gen APC, así como para regiones cromosómicas cercanas y distantes del gen utilizadas como controles. La cuantificación y el análisis de las intensidades de fluorescencia fueron realizados con el software Coffalyser, el cual permite detectar variaciones en el número de copias de ADN (CNVs) y la detección de deleciones o duplicaciones con mayor precisión y reducir errores en la detección de alteraciones. En esta técnica se utilizaron tres controles sanos para el análisis de los datos.
- FISH. Técnica de citogenética molecular que permite detectar y localizar secuencias específicas de ADN en cromosomas o núcleos celulares mediante sondas marcadas con fluorocromos. Se utiliza para identificar alteraciones cromosómicas, amplificaciones, deleciones o reordenamientos genéticos con alta especificidad y resolución.

- La ddPCR técnica de biología molecular que permite la cuantificación absoluta de ácidos nucleicos mediante la partición de la muestra en miles de microreacciones independientes. Se analiza la presencia o ausencia de señal fluorescente en cada gota para estimar el número exacto de copias.

RESULTADOS

En el análisis del estudio NGS con el panel Hereditary Plus OncoKitDx, se detectó una posible pérdida de una copia del gen APC.

Para confirmar este hallazgo, llevamos a cabo un análisis mediante MLPA, que mostró que no se trataba de una deleción completa, si no una pérdida del 20-25% del gen APC. Estos resultados son compatibles con un posible mosaicismo.

Posteriormente, el análisis por NGS se repitió utilizando un kit alternativo (Oncoclever GeneSGkit). El segundo estudio confirmó la pérdida de la región cromosómica chr5:83538776-112844199, que abarca no solo el gen APC, sino también otros genes adyacentes, con un número de copias estimado de 1,6, en concordancia con los resultados obtenidos mediante MLPA.

Se realizó un análisis orientativo mediante herramientas de inteligencia artificial (ChatGPT) para estimar la probabilidad de que los resultados observados fueran compatibles con mosaicismo. En el caso del análisis por NGS con el kit Oncoclever GeneSGkit, la estimación sugirió una baja probabilidad, mientras que los resultados obtenidos mediante MLPA indicaron una probabilidad alta de mosaicismo del 35-45%.

Con el objetivo de confirmar el posible mosaicismo de la variante patogénica secundaria, se solicitó tejido tumoral de mama para el análisis de la variante en ADN tumoral mediante FISH. Asimismo, se valorará la realización de una PCR digital en ADN de sangre periférica.

Además, se solicitó información clínica de la paciente y su familia, para determinar la existencia de antecedentes compatibles con el hallazgo secundario identificado.

CONCLUSIONES

En la NGS pueden hallazgos incidentales y secundarios. Estos últimos implican un cambio en el manejo de los pacientes, y en la mayoría de los casos, de sus familiares. Se tienen que informar los hallazgos en genes con una elevada penetrancia (ACMG SF v3.2 list for reporting of secondary findings in clinical exome and genome sequencing: A policy statement of the American College of Medical Genetics and Genomics)

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 199

INTEGRACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN SANGER EN UN LABORATORIO DE SECUENCIACIÓN MASIVA Y MEDICINA PERSONALIZADA

Autor/a/s: Ramos Paniagua, Jonatan; García Terradillos, María Concepción; Álvarez García, María Jesús; Alonso Benavente, María de la Paloma; Huerga Bartolome, María; Carrero Baz, María Pilar; Marcos Vadillo, Elena; Heredero Jung, David Hansoe; García Berrocal, María Belén; Isidoro García, María

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA LAB. GENÉTICA MOLECULAR Y FARMACOGENÉTICA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo primer firmante: jramospa.ibsal@saludcastillayleon.es

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

La secuenciación Sanger sigue siendo el método de referencia para validar variantes genéticas detectadas mediante tecnologías de secuenciación masiva (NGS), como paneles dirigidos, exoma clínico o genoma completo. El incremento del volumen de estudios genómicos en los laboratorios de diagnóstico y la expansión de la medicina personalizada han incrementado la necesidad de confirmar un mayor número de variantes en un entorno donde la precisión analítica es esencial. Aunque las plataformas NGS han mejorado en sensibilidad y especificidad, persisten limitaciones como falsos positivos o negativos en regiones complejas del genoma. Por ello, la validación mediante secuenciación Sanger continúa siendo un paso obligatorio en el proceso diagnóstico, garantizando la confirmación independiente de las variantes detectadas y reforzando la calidad del informe clínico

OBJETIVOS

Implementar y validar un sistema de secuenciación Sanger integrado en el flujo de trabajo del laboratorio de enfermedades raras.

Comparar el rendimiento y la calidad del nuevo sistema con los resultados previamente obtenidos mediante externalización del servicio.

Reducir los tiempos de respuesta asociados a la validación de variantes detectadas por NGS, desde el diseño de oligos hasta la obtención del cromatograma final.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó secuenciación Sanger de muestras provenientes de pacientes atendidos en el laboratorio de genética molecular. El diseño de oligonucleótidos específicos para las regiones a amplificar se llevó a cabo por el personal técnico del laboratorio utilizando plataformas bioinformáticas específicas optimizando parámetros como especificidad, temperatura de alineamiento y ausencia de estructuras secundarias. La amplificación de las secuencias de interés se realizó mediante PCR convencional a partir de sangre total recogida en tubo EDTA. Para ello se emplearon los kits comerciales MyTaq Blood-PCR Mix (Meridian Bioscience) y LightCycler FastStart DNA Master HybProbe (Roche Life Science) siguiendo las recomendaciones del fabricante. La reacción de secuenciación se llevó a cabo mediante la química BigDye Terminator (Applied Biosystems) y los fragmentos generados fueron separados mediante electroforesis capilar fluorescente en la plataforma SeqStudio (Applied Biosystems). El análisis e interpretación de los cromatogramas obtenidos se realizó con el software Chromas (Technelysium Pty Ltd), evaluando la calidad de señal, resolución de picos y concordancia con la secuencia de referencia.

RESULTADOS

Ante el creciente volumen de variantes que requerían validación mediante secuenciación Sanger, se evaluó la incorporación de un sistema propio. La implementación del nuevo equipo se llevó a cabo en dos semanas, siguiendo los protocolos de la casa comercial y utilizando 10 muestras prev. La disponibilidad del sistema en el laboratorio redujo de forma sustancial los tiempos de respuesta: el proceso completo —desde el diseño de oligos— El diseño propio de oligos supuso una ventaja adicional en el estudio familiar de las variantes identificadas, ya que disponer de los cebadores pre

CONCLUSIONES

La puesta a punto de la secuenciación Sanger dentro de la rutina del laboratorio nos ha demostrado ser una estrategia eficaz para la validación interna de variantes genéticas. Su incorporación nos ha permitido integrar este proceso dentro del flujo diagnóstico habitual, reduciendo significativamente los tiempos de respuesta y evitando la necesidad de externalizar muestras. Además, disponer del equipo en el propio laboratorio nos ha proporcionado un control directo sobre cada etapa del análisis, garantizando la reproducibilidad de los resultados y optimizando el uso de los recursos disponibles.

EVALUACIÓN DE HERRAMIENTAS DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA LA CLASIFICACIÓN AUTOMÁTICA DE LA CALIDAD DE ADN GENÓMICO

Autor/a/s: Roberto Gadea Barahona, María Palomeque Esteban, Omerlyn Marian Mogollon Olivar, David Hernández Pérez, Eva Funes Lopez, Claudia Martín López, Clara Martínez César, Javier Suela Rubio, Esther Martín Pérez

Centro de Trabajo: SANITAS

Localidad: Alcobendas

Código Postal: 28108

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: robertogb3@hotmail.com

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

La evaluación de la calidad del ADN genómico genera grandes volúmenes de datos analíticos cuya interpretación se realiza habitualmente de forma manual. Las herramientas de inteligencia artificial permiten transformar estos datos en información estructurada mediante la identificación automática de patrones y tendencias. Este estudio explora la aplicación del programa Scispace de IA para el análisis y clasificación automática de parámetros de calidad de ADN en un entorno real de laboratorio de genética.

OBJETIVOS

Evaluar la aplicabilidad de herramientas de inteligencia artificial para el análisis y clasificación automática de la calidad del ADN genómico a partir de parámetros analíticos rutinarios. Se estudió un conjunto de 50 muestras (n=50) con el fin de identificar patrones de degradación, desarrollar modelos predictivos de calidad y optimizar la interpretación de resultados técnicos mediante el uso de inteligencia artificial.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio longitudinal de estabilidad del ADN genómico utilizando 50 muestras de sangre periférica recogidas en tubos EDTA. Las muestras fueron sometidas a extracciones seriadas de ADN mediante extractor automatizado en distintos intervalos de tiempo desde la toma de muestra. En cada nueva extracción se realizó además una nueva medición del ADN de la primera extracción, con el fin de evaluar la estabilidad del material y el efecto del almacenamiento y los ciclos de congelación-descongelación.

La calidad del ADN se evaluó mediante cuantificación por espectrofotometría, registrándose los parámetros de concentración y ratios de pureza (referencia: A260/280 y A260/230).

Los datos obtenidos se analizaron mediante la herramienta de inteligencia artificial SciSpace, que permitió el análisis automático de los datos en bruto, generando:

- Gráficos de degradación de ADN frente al tiempo
- Evolución de ratios A260/280 y A260/230 frente al tiempo
- Diagramas de dispersión de los parámetros de pureza
- Modelos predictivos de calidad de ADN en función del tiempo y los ratios analíticos
- Representación del flujo de trabajo del proceso analítico

RESULTADOS

El análisis de las 50 muestras estudiadas permitió observar tendencias reproducibles en los parámetros de calidad del ADN en función del tiempo de almacenamiento y de los ciclos de congelación-descongelación.

La herramienta de inteligencia artificial permitió generar de forma inmediata representaciones gráficas de la degradación del ADN y de la evolución de los ratios de pureza, así como diagramas de dispersión que facilitaron la identificación de agrupaciones de muestras con características similares.

Asimismo, se obtuvieron modelos predictivos preliminares que relacionan los ratios de pureza y el tiempo de almacenamiento con la calidad esperada del ADN, permitiendo una estimación orientativa de la idoneidad de las muestras.

La aplicación de inteligencia artificial permitió integrar y analizar de forma rápida el conjunto de datos experimentales, reduciendo significativamente el tiempo de elaboración de todo el material de apoyo necesario para su interpretación.

CONCLUSIONES

La aplicación de herramientas de inteligencia artificial como SciSpace permite transformar datos analíticos rutinarios en información estructurada de forma rápida y reproducible, facilitando la identificación de patrones de degradación del ADN genómico.

El uso de estas herramientas puede mejorar la clasificación de la calidad de las muestras y optimizar el tiempo de validación técnica, representando una estrategia accesible y fácilmente integrable en el trabajo habitual de los laboratorios de genética.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 224

EVALUACIÓN DE LA CALIDAD Y RENDIMIENTO DE ADN GENÓMICO OBTENIDO MEDIANTE TORUNDA BUCAL FLOQSWABS® FRENTE A SANGRE PERIFÉRICA PARA ESTUDIOS GENÉTICOS

Autor/a/s: Esther Martín Pérez, María Palomeque Esteban, Omerlynn Marian Mogollon Olivar, David Hernández Pérez, Eva Funes López, Claudia Martín López, Clara Martínez César, Javier Suela Rubio y Roberto Gadea Barahona

Centro de Trabajo: Sanitas

Localidad: Alcobendas

Código Postal: 28108

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: esther18_6@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La incorporación de métodos de obtención de ADN no invasivos supone una oportunidad para optimizar el flujo de trabajo en genómica clínica. En este estudio se comparó el rendimiento y la calidad del ADN genómico obtenido de sangre periférica y torunda bucal FloqSwabs. Los resultados obtenidos confirman la viabilidad de las muestras bucales como fuente de ADN de calidad óptima para estudios genéticos, posicionándolas como una alternativa robusta, sencilla y aplicable en la práctica del laboratorio.

OBJETIVOS

Evaluar el rendimiento y la calidad del ADN genómico obtenido mediante torunda bucal FloqSwabs en comparación con el método estándar de sangre periférica, determinando su idoneidad para estudios genéticos rutinarios mediante parámetros objetivos de concentración y calidad del ADN.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio comparativo utilizando 10 muestras pareadas (n=10) de sangre periférica recogidas en tubos EDTA y torunda bucal FloqSwabs. El ADN se obtuvo mediante un protocolo estandarizado de extracción automatizada, aplicando en las muestras de origen bucal

un pretratamiento de lisis térmica y enzimática.

La evaluación del rendimiento y calidad del ADN de las muestras se realizó mediante:

- Espectrofotometría: para determinar la concentración y los ratios de absorbancia, evaluando así la pureza y calidad del ADN.
- Fluorimetría: para obtener una cuantificación precisa del ADN bicatenario

Se consideraran adecuados para estudios genéticos valores de:

- A260/280 entre 1.7–2.0

- A260/230 superiores a 1.8

Los resultados obtenidos se compararon entre ambos tipos de muestra.

RESULTADOS

El ADN obtenido con FloqSwabs mostró una concentración media por fluorimetría de 23,74 ng/μl (rango 12,4 – 38,4 ng/μl). Aunque el rendimiento fue cuantitativamente inferior al de la sangre periférica (media: 79,1 ng/μl), el 100% de las muestras FloqSwabs superaron los umbrales mínimos requeridos para estudios genómicos.

En cuanto a la calidad los ratios de pureza obtenidos en muestra FloqSwabs fueron:

- A260/280 entre 1,65 y 1,83, con 9 de 10 muestras (90%) dentro del rango aceptado

- A260/230 entre 1,41 y 2,57, con la mayoría de valores dentro del rango recomendado

Los resultados obtenidos confirman que el 100% de las muestras FloqSwabs analizadas fueron válidas para estudios genéticos.

CONCLUSIONES

El ADN obtenido mediante torunda bucal FloqSwabs presenta niveles de calidad y pureza compatibles con los requisitos de los estudios genéticos rutinarios, a pesar de mostrar rendimientos inferiores a los obtenidos con sangre periférica.

Las muestras bucales constituyen una alternativa fiable y no invasiva para la obtención de ADN genómico, permitiendo ampliar las posibilidades de recogida de muestras sin comprometer la calidad analítica.

Los resultados obtenidos en condiciones reales de laboratorio confirman la aplicabilidad de FloqSwabs en flujos de trabajo de genómica clínica.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 233

SECUENCIACIÓN DE NUEVA GENERACIÓN (NGS) DE DNA COMPLETO DE CÉLULA ÚNICA

Autor/a/s: Alice Cádiz, Blas Chaves-Urbano, María Escobar-Rey, Barbara Hernando, Marina Torres, Juan María Roldán, Patricia G. Santamaría, Geoff Macintyre

Centro de Trabajo: Laboratorio de Oncología Computacional, Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO)

Localidad: Madrid

Código Postal: 28029

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: acadiz@cnio.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En el laboratorio de Oncología Computacional estamos interesados en desarrollar estrategias terapéuticas para hacer frente a algunos de los cánceres más letales que se caracterizan por presentar Inestabilidad Cromosómica (CIN). Para ello, utilizamos técnicas de secuen-

ciación del genoma completo de células únicas (scDNA-seq), cuyos resultados procesamos mediante herramientas bioinformáticas para identificar distintos tipos de CIN y asociarlos a posibles terapias. Para llevar a cabo el scDNA-seq, es necesario generar librerías de DNA que posteriormente se secuencian mediante técnicas NGS. En las primeras etapas de la implementación del protocolo de generación de librerías, la tasa de secuenciación obtenida con calidad suficiente para determinar la presencia de CIN rondaba el 20%. Al tratarse de un proceso costoso y laborioso, fue necesario desarrollar alternativas para incrementar este porcentaje.

OBJETIVOS

Aumentar la calidad de las librerías de DNA completo de células únicas para determinar la presencia de CIN: determinar posibles fallos en la dispensación de las células individuales y/o en el protocolo de generación de librerías, aumentar el número de librerías obtenidas a partir de células dispensadas en placas de 96 y 384 pocillos, y definir los mejores parámetros para obtener unos resultados de secuenciación óptimos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utiliza la línea celular hTERT1- RPE-1, línea de origen humano derivada de epitelio de retina, inmortalizada y con un genotipo diploide.

Para dispensar células únicas en placas de 96 y 384 pocillos, se utiliza el dispensador de células individuales CellenONE, basado en el aislamiento de células individuales en gotas clasificadas mediante técnicas de imagen de ultraprecisión.

Como control del proceso de dispensación, se utiliza el método de inmunodetección con Peroxidasa de Rábano Picante (HRP) y 3,3',5,5'-tetrametilbencidina (TMB).

Para la preparación de librerías, se sigue el protocolo de "Direct Library Preparation (DLP)", que ha sido adaptado en nuestro laboratorio en distintos pasos. Como control de calidad de las librerías, se utiliza la cuantificación con "Qubit" y el análisis de fragmentos con "Lab-Chip" o "TapeStation".

Para la secuenciación de las librerías, se utiliza el secuenciador "NovaSeqX" (Illumina), disponible en la Unidad de Genotipado Humano (CNIO). Para el análisis de datos y generación de perfiles de CIN, se utiliza un software propio del grupo de Oncología Computacional.

RESULTADOS

Se hicieron alrededor de 60 pruebas de dispensación de células únicas en placas de 96 y 384 pocillos. En ambos casos, y con distintas variables, solo el 50% de las placas dispensadas cumplía con la dispensación del >99% de las células esperadas.

Posteriormente, se implementaron cambios en el protocolo de preparación de librerías tales como dispensar las células directamente en el tampón de lisis, incremento de la incubación de las muestras en el mismo tampón, y aumento del tiempo de fragmentación del DNA. Todos estos cambios lograron aumentar significativamente el número de librerías generadas y triplicar el rendimiento de la concentración final de éstas.

CONCLUSIONES

El aislamiento de células individuales depende de variables de funcionamiento del equipo CellenONE que se pueden controlar de forma limitada. Esto tiene un efecto negativo sobre la tasa de éxito de dispensación, aunque hemos conseguido mejorarla parcialmente. Sin embargo, los cambios implementados en el protocolo de generación de librerías, han incrementado el rendimiento, permitiendo así obtener datos de mayor cantidad de células y de secuenciación de mayor calidad. Así, aumentamos significativamente el número de datos de scDNA-seq para realizar

HEMATOLOGÍA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 001

DIFERENCIA ENTRE REALIZAR LA COAGULACIÓN EN EL MOMENTO DE EXTRACCIÓN O REALIZARLA TRAS 24 HORAS GUARDADA A TEMPERATURA AMBIENTE

Autor/a/s: FERNANDO MANUEL CASTRO REGADERA, MARIA DOLORES DURAN FERNANDEZ, FRANCISCA MARTINEZ MORATO, SONIA MARIA DE SOUSA BAEZ, INMACULADA RAMIREZ GARCIA

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE VALME

Localidad: BELLAVISTA

CódigoPostal: 41014

Provincia: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: castro-regadera@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

EN ESTE ESTUDIO SE REALIZA LA ANALÍTICA DE COAGULACIÓN DE 42 MUESTRAS EN EL MOMENTO DE LA EXTRACCIÓN O DESPUES DE DEJARLO ALMACENADO A TEMPERATURA AMBIENTE 24 HORAS CON LA INTENCIÓN DE ESTUDIAR SI ANTE UN CORTE DE SUMINISTRO ELECTRICO U OTRO TIPO DE INCIDENCIA SI ESAS MUESTRAS SE PUEDEN UTILIZAR PARA DIAGNÓSTICO O SE TIENEN QUE RECHAZAR Y SOLICITAR NUEVAS MUESTRAS PARA LO CUAL ESTUDIAMOS COMO AFECTA LA TEMPERATURA A LOS RESULTADOS OBTENIDOS.

OBJETIVOS

EL OBJETIVO QUE SE BUSCA ES VER SI HAY DIFERENCIAS ENTRE REALIZAR LA DETERMINACIÓN EN EL MOMENTO DE EXTRACCIÓN O TRAS 24 HORAS GUARDADA A TEMPERATURA AMBIENTE POR SI SE TUBIERA QUE REPETIR O AMPLIAR LA DETERMINACIÓN.

MATERIAL Y MÉTODOS

TUBO ANTICOAGULADO CON CITRATO SÓDICO 1/9 PLASMA SANGUÍNEO

CENTRÍFUGA

COAGULÓMETRO ACLTOP 350 DE WOFEN

RESULTADOS

103,262 MOMENTO EXTRACCIÓN

TP EN SEGUNDOS	11,686
TP PORCENTAJE	100,833
INR	1,006
TTPA EN SEGUNDOS	30,286

A LAS 24 HORA TEMPERATURA AMBIENTE

TP EN SEGUNDOS	11,438
TP PORCENTAJE	103,262
NR	0,986
TTPA EN SEGUNDOS	33,543

CONCLUSIONES

TRAS COMPROBAR LOS RESULTADOS SE VER QUE NO HAY MUCHAS DIFERENCIAS ENTRE REALIZAR LA MEDICIÓN 24 HORAS DESPUES DE LA EXTRACCIÓN A TEMPERATURA AMBIENTE O REALIZARLA EN EL MOMENTO DE LA EXTRACCIÓN, TAN SOLO SE VEN DIFERENCIAS APRECIABLES EN EL TTPA SE PUEDE CONCLUIR QUE ESAS MUESTRAS SE PUEDEN ANALIZAR Y DAR COMO CORRECTOS LOS RESULTADOS OBTENIDOS.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 004

IMPORTANCIA DE LA REVISIÓN DE SANGRE PERIFÉRICA EN LOS LABORATORIOS DE HEMATIMETRÍA. A PROPÓSITO DE UN CASO.

Autor/a/s: Ángeles Sánchez Porras, Carla Calero Donaire, Sara del Pino Martínez, Yesica Casillas González, Rubén Gonzalez Asensio, Montserrat Prieto Grueso, Mirian Díaz Roldan.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Vall d'Hebrón

Localidad: BARCELONA

Código Postal: 08042

Provincia: BARCELONA

Correo electrónico primer firmante: masanchezp73@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los laboratorios de hematimetría que procesan grandes cantidades de muestras suelen tener implementados algoritmos de validación automatizados. La interpretación de los resultados patológicos debe realizarse con precaución, teniendo en cuenta no sólo los parámetros hematológicos, sino también diagramas de dispersión, histogramas, alarmas del analizador y la historia clínica del paciente.

Aunque estos laboratorios están enfocados en la validación de parámetros hematológicos, también pueden desempeñar un importante papel en la detección tempranas de otros procesos, como las patologías infecciosas.

Las infecciones nosocomiales representan una complicación frecuente en pacientes hospitalizados, especialmente en aquellos con estancias prolongadas. Aproximadamente un 8% de los ingresos hospitalarios desarrollarán este tipo de patología. Estas infecciones pueden generar complicaciones severas en pacientes inmunodeprimidos, destacando la necesidad de herramientas diagnósticas eficaces y precoces.

OBJETIVOS

Presentamos el caso clínico de un paciente de 2 años con antecedente de inmunodeficiencia combinada grave (ICG) asociada a una mutación en el gen DOCK2, sometido a un trasplante de progenitores hematopoyéticos haploideéntico (haplo-TPH), tras el procedimiento desarrolló una complicación de enfermedad de injerto contra huésped (EICH) hepática.

En la semana del hemograma de control, el paciente presentaba tendencia a la hipotensión, con saturaciones correctas y se encontraba afebril. Los resultados del hemograma fueron: Hemoglobina 77 g/L (VN 120-150), Hematocrito 26%, Hematíes $3,39 \times 10^{12}/L$, leucocitos: $3,19 \times 10^9/L$ (VN: 4.00-11.00), (68,7% neutrófilos, 15,7% linfocitos, 15% monocitos, 0,3% eosinófilos y 0,3% basófilos); la cifra de plaquetas fue de $217 \times 10^9/L$ (VN: 140-400), el hemograma quedó retenido para su validación por las reglas y/o alarmas del analizador.

MATERIAL Y MÉTODOS

Nuestro laboratorio procesa alrededor de 5000 hemogramas diarios, para ello utilizamos la cadena XR-9000 de Sysmex, provista de un extensor-teñidor y de un CellaVision (DI-60) que elabora las extensiones de manera automatizada. La validación se realiza en el middleware (Extended IPU) donde quedan retenidos todos aquellos resultados que cumplen con alguna de nuestras reglas de validación o avisos del analizador.

RESULTADOS

Al momento de la validación en la Extended IPU, se observó en el scattergram white cell nucleated (WNR) una imagen sugestiva de agregados plaquetarios y en el canal del diferencial (WDF) se visualizó la presencia de granulocitos inmaduros (IG).

Durante la revisión del frotis de sangre periférica se confirmaron los granulocitos inmaduros y se advirtió la presencia de una gran cantidad de microorganismos en forma de bacilos, localizados en su mayoría a nivel extracelular, aunque se observó algún neutrófilo fagocitando un bacilo.

Aunque la extensión se realizó de forma automatizada, se efectuaron dos extensiones manuales adicionales para descartar una posible contaminación cruzada y confirmar los resultados. Se consultó inmediatamente con el servicio de microbiología donde se hizo una tinción de Gram que confirmó la presencia de bacilos gramnegativos. Los hallazgos fueron informados al médico responsable quien solicitó un hemocultivo el cual fue positivo para *Klebsiella pneumoniae*.

CONCLUSIONES

La *Klebsiella pneumoniae* es una de las principales bacterias gramnegativas que produce infecciones nosocomiales.

Los laboratorios de hematimetría no sólo deben estar enfocados en la detección de las alteraciones cuantitativas y/o cualitativas de la sangre, sino que también pueden contribuir en la detección precoz de procesos infecciosos, como parásitos, bacterias, entre otros. Estos hallazgos deben ser reportados de manera obligatoria para asegurar un manejo adecuado.

Es imprescindible la colaboración interdisciplinaria para asegurar un diagnóstico y manejo oportunos, especialmente en pacientes inmunodeprimidos, donde la detección precoz de infecciones puede ser determinante para el pronóstico clínico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 015

DETECCION DE ANTICUERPOS IRREGULARES EN EL AREA SANITARIA A CORUÑA - CEE DURANTE LOS AÑOS 2023-2024

Autor/a/s: VARELA CANOURA, PATRICIA; MARTINEZ LOPEZ, AMALIA

Centro de Trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO DE A CORUÑA - SERVICIO DE TRANSFUSIÓN

Localidad: A CORUÑA

CódigoPostal: 15006

Provincia: A CORUÑA

Correo primer firmante: Patricia.Varela.Canoura@sergas.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los Anticuerpos irregulares juegan un papel crucial en la seguridad transfusional. En el Área Sanitaria de A Coruña-Cee, la detección de estos Anticuerpos en pacientes es fundamental para prevenir reacciones transfusionales adversas y optimizar la compatibilidad sanguínea. Su presencia puede complicar la selección de unidades de sangre compatibles, especialmente en pacientes politransfundidos, embarazadas y aquellos con patologías hematológicas; por ello, analizamos la importancia del estudio de los Anticuerpos irregulares en el ámbito hospitalario destacando su impacto en la seguridad del paciente y eficiencia del Servicio de Transfusión.

OBJETIVOS

Realizar un análisis descriptivo y retrospectivo de los anticuerpos irregulares identificados en el área sanitaria que abarca nuestro hospital entre los años 2023-2024, así como analizar la incidencia de los más frecuentes.

Optimizar la selección de unidades sanguíneas compatibles y reducir complicaciones en pacientes politransfundidos.

MATERIAL Y MÉTODOS

El trabajo desarrollado, está basado en un estudio retrospectivo realizado en pacientes transfundidos entre Enero del 2023 y Diciembre del 2024.

El protocolo tanto del Estudio Inmunoematológico como de la Solicitud de Componentes Sanguíneos incluye: Tipificación grupo sanguíneo, Rh y escrutinios irregulares. Los Escrutinios Anticuerpos Irregulares positivos se ampliaron con paneles de 11 células al 0,8% a Coombs y paneles de 11 células al 0,8% tratadas con enzimas (ficina en el caso de Ortho) y Coombs directo. Si éste es positivo completaremos estudio con el Eluido.

Una vez identificado el anticuerpo, fenotiparemos al paciente y buscaremos las unidades de sangre con fenotipo compatible para la transfusión

Los datos inmunoematológicos y de la Solicitud de Componentes del Servicio de Transfusión del Hospital de A Coruña se obtienen del E-Delphin.

RESULTADOS

Durante el período de estudio, se transfundieron 24.695 concentrados de hematies a un total de 4.931 pacientes del Área Sanitaria de A Coruña- Cee. En este proceso, se identificaron 307 anticuerpos, lo que resalta la importancia del seguimiento inmunoematológico en pacientes transfundidos.

La Incidencia de los Anticuerpos detectados fue de 6,22% y la frecuencia fue la siguiente:

Anti-E: 62 (20,20%); Anti -K: 59 (19,22%); Anti -D: 34 (11,07%); Anti-C: 22 (7,17%); Anti-M: 21 (6,84%); Anti-Jka: 18 (5,86%); Anti-Lea: 16 (5,21%);

Anti-c: 9 (2,93%); Anti-Jkb: 5 (1,63%); Anti-Cw: 4 (1,30%); Anti-Leb: 4 (1,30%); Anti- Lua: 3 (0,98%); Anti- Fyb: 3 (0,98%); Anti-Kpa: 2 (0,65%); Anti-S:2

(0,65%); Anti-s: 1 (0,33%); Anti- P1: 1 (0,33%), el resto de anticuerpos se dividen entre Auto anticuerpo y sin especificidad aparente.

CONCLUSIONES

El análisis de los Anticuerpos detectados durante los años 2023-2024 en el Área sanitaria de A Coruña, ha permitido identificar tendencias clave en la aloinmunización de pacientes y mejora de la Seguridad Transfusional. A partir de los datos obtenidos podemos extraer las siguientes conclusiones: Incidencia y distribución de los anticuerpos - los anticuerpos más frecuentes fueron los del sistema Rh (Anti-E, Anti-D, Anti-C - y los del sistema Kell (Anti-K), y su detección ha sido importante para optimizar la seguridad transfusional y mejorar la calidad de la atención hospitalaria.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 016

CONCORDANCIA ENTRE EL RECUENTO DIFERENCIAL LEUCOCITARIO AUTOMATIZADO (ADVIA 2120) Y EL RECUENTO MORFOLÓGICO ASISTIDO POR CELLAVISION

Autor/a/s: GOMEZ GONZALEZ, Maria de los Angeles; PEREZ GONZALEZ, Maria Isabel; PINTO GARCIA, Manuel; DIAZ ALVAREZ, Esther; GALLEGO CRUZ, Marta Teresa; SANCHEZ SANCHEZ, Maria del Consuelo; TOLEDO SILVA, Yasmina; REILLO SANCHEZ, Carmen Maria.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: Shakay1106@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El recuento diferencial leucocitario constituye una herramienta fundamental en la evaluación hematológica y en el seguimiento de múltiples procesos clínicos. En la práctica rutinaria del laboratorio, este recuento se realiza de forma automatizada mediante analizadores hematológicos, lo que permite una rápida obtención de resultados. No obstante, ante determinadas situaciones clínicas o la presencia de resultados discordantes, la revisión morfológica del frotis de sangre periférica sigue siendo esencial. La coexistencia de métodos automatizados y morfológicos, basados en principios analíticos diferentes, puede dar lugar a discrepancias en el recuento de las distintas poblaciones leucocitarias, cuya evaluación no solo resulta de interés analítico y clínico, sino que además contribuye a establecer criterios para la indicación de la revisión morfológica del frotis en la práctica rutinaria del laboratorio.

OBJETIVOS

Comparar los resultados del recuento diferencial leucocitario obtenidos mediante Advia 2120 y CellaVision en las principales poblaciones celulares (neutrófilos, linfocitos, monocitos, eosinófilos y basófilos), analizando las discrepancias observadas entre ambos métodos y su impacto en la interpretación del diferencial leucocitario en muestras de rutina, así como identificar las poblaciones celulares en las que se presentan mayores diferencias.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional, descriptivo y comparativo en el que se analizaron 150 muestras de sangre periférica recogidas en tubos con EDTA, procesadas en el laboratorio de análisis clínicos y a las que se les realizó frotis por distintos criterios (alarmas). El recuento diferencial leucocitario automatizado se llevó a cabo mediante el analizador hematológico Advia 2120 (Siemens Healthineers), basado en el análisis del volumen celular y la actividad mieloperoxidasa. De manera paralela, se realizó la revisión morfológica mediante frotis de sangre periférica teñidos con May-Grünwald-Giemsa, analizados con el sistema CellaVision, con validación por personal cualificado. Se compararon los porcentajes de las principales poblaciones leucocitarias (neutrófilos, linfocitos, monocitos, eosinófilos y basófilos) obtenidos por ambos métodos. La concordancia entre los resultados se evaluó mediante estadística descriptiva, análisis de correlación y análisis de concordancia mediante la comparación de sesgos.

RESULTADOS

Se analizaron 150 muestras mediante Advia 2120 y CellaVision para neutrófilos, linfocitos, monocitos, eosinófilos y basófilos. Las medias fueron para los neutrofilos de $53,89 \pm 20,57\%$ con Advia y $56,07 \pm 22,9\%$ con CellaVision. Para linfocitos, las medias fueron $31 \pm 17\%$ y $30,9 \pm 21,4\%$, respectivamente.

Monocitos mostraron $7,28 \pm 5,86\%$ y $7,15 \pm 7,5\%$, eosinófilos $2,9 \pm 4,6\%$ y $2,9 \pm 5,2\%$, y basófilos $0,8 \pm 1,5\%$ y $0,8 \pm 1,3\%$.

Para neutrófilos, el sesgo fue de $-2,18\%$, con límites de concordancia de $-24,9$ a $20,6\%$, y para linfocitos el sesgo fue de $-0,09\%$, con límites de $-20,6$ a $20,4\%$, lo que indica concordancia limitada y la necesidad de revisar el frotis en casos extremos. En monocitos, el sesgo fue de $0,13\%$ y los límites de $-11,9$ a $12,2\%$, mostrando concordancia moderada y recomendando revisión en muestras con valores extremos. Por el contrario, eosinófilos y basófilos presentaron sesgos prácticamente nulos ($-0,008\%$ y $0,004\%$, respectivamente) y límites estrechos ($-4,05$ a $4,03\%$ y $-3,68$ a $3,68\%$), indicando buena concordancia y que los resultados de ambos métodos son intercambiables para estas poblaciones. Estos hallazgos permiten identificar

qué poblaciones requieren revisión morfológica y optimizar la interpretación del diferencial leucocitario, ayudando a decidir cuándo es necesario realizar el frotis manual.

CONCLUSIONES

El análisis entre Advia 2120 y CellaVision en las muestras seleccionadas por alteraciones o alertas mostró que, en neutrófilos, linfocitos y monocitos se observan diferencias amplias. Esto evidencia que la revisión morfológica sigue siendo necesaria para interpretar correctamente los resultados en muestras con alarmas. Ambos métodos son complementarios: la automatización permite un cribado rápido y seguro, mientras que el frotis manual asegura la confirmación de hallazgos críticos. Para determinar si los métodos podrían ser intercambiables en condiciones normales, sería necesario estudio adicional.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 017

LIPEMIA OCULTA, HEMOGLOBINA ALTERADA: EL PAPEL CLAVE DE CHCM.

Autor/a/s: ROMEROGARCIA,Paula;GONZALEZMARTIN,Sofia;GONZALEZGOMEZ,MariadelosAngeles;DIAZALVAREZ,Esther;GALLEGO

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: parogar_@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La detección de la lipemia en un hemograma se realiza principalmente mediante la observación de alteraciones específicas en índices hematimétricos y la inspección visual de la muestra. La lipemia causa interferencia por turbidez en los métodos espectrofotométricos de los analizadores, generando errores sistemáticos. Los lípidos dispersan la luz a 530nm, lo que el equipo interpreta como una mayor concentración de hemoglobina. Debido a ese aumento la CHCM suele exceder los límites fisiológicos, generalmente están en $>36-37$ g/dL. Se rompe la "regla del tres" (Hb 3 igual Hct). El método SLS-HGB es más resistente a esta interferencia, y la función Hb-O de equipos como el XN-1000 la elimina eficientemente, ofreciendo una lectura más fiable para muestras lipémicas.

OBJETIVOS

Evaluar la CHCM como indicador de interferencia lipémica en la medición de hemoglobina y su relación con el índice de lipemia y los valores de hemoglobina en sangre total.

MATERIAL Y MÉTODOS

Durante un período de 14 meses se recopilaron 49 muestras de sangre total con un índice lipémico >3 y valores de CHCM superiores a 37 g/dL. El hemograma se realizó utilizando un analizador ADVIA® 2120i (Siemens Healthineers), que determina la hemoglobina total mediante un método colorimétrico y la hemoglobina celular mediante citometría de flujo basada en dispersión de la luz.

El índice de lipemia se determinó en un analizador Atellica® (Siemens Healthineers) mediante espectrofotometría en el tubo de suero de la misma petición. El análisis estadístico se llevó a cabo utilizando el paquete estadístico Microsoft Excel.

RESULTADOS

Durante el período de estudio se analizaron 49 muestras de sangre total con índice lipémico >3 y valores de CHCM >37 g/dL. La media global de CHCM en el conjunto de las muestras fue de $39,57$ g/dL [$32-36$ g/dL]

Al analizar la CHCM media según el índice de lipemia, se observó un incremento progresivo de los valores de CHCM a medida que aumentaba el grado de lipemia, con medias de 38,35 g/dL para índice de lipemia 3, 39,96 g/dL para índice 4 y 46,21 g/dL para índice 5.

Asimismo, las muestras con valores de hemoglobina superiores a 15 g/dL presentaron una media de CHCM de 41,13 g/dL.

En conjunto, estos resultados muestran una asociación positiva entre el aumento del índice lipémico, valores elevados de hemoglobina y la elevación de la CHCM.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos indican que la CHCM aumenta en presencia de lipemia, lo que respalda su utilidad como indicador indirecto de interferencia lipémica en la medición de hemoglobina. La monitorización de valores elevados de CHCM podría contribuir a la identificación de resultados potencialmente interferidos, mejorando la interpretación analítica en el laboratorio clínico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 018

SINDROME DE ENFERMEDAD DE VON WILLEBRAND ADQUIRIDO, A PROPÓSITO DE VARIOS CASOS.

Autor/a/s: Couselo Noya, María Jesús; Gestal Gómez, Pilar

Centro de Trabajo: Complejo hospitalario universitario, A Coruña (CHUAC)

Localidad: A Coruña

CódigoPostal: 15006

Provincia: A Coruña

Correo primer firmante: maria.jesus.couselo.noya@sergas.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Numerosos estudios han demostrado que entre 15-25% de los pacientes con estenosis aórtica severa tienen episodios de sangrado de repetición relacionados probablemente con síndrome de von Willebrand adquirido (SVWA). Hasta el momento, según nuestro conocimiento, no hay estudios que demuestren la asociación de SVWA con patología valvular mitral.

OBJETIVOS

Detección precoz del síndrome de Von Willebrand adquirido, en pacientes sometidos a un recambio valvular mitral, a tratamiento con dicumarínicos y que presenten diátesis hemorrágicas no justificadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Sujetos.- Se han incluido cuatro pacientes diagnosticados por el Servicio de Cirugía Cardíaca de nuestro hospital con prótesis metálica mitral y fugas periprotésicas. Todos ellos presentaban episodios hemorrágicos severos. Dos de ellos requirieron transfusiones de sangre. El INR en el momento del episodio hemorrágico se encontraba dentro del rango terapéutico en todos los pacientes. Como controles normales se incluyen 2 pacientes con prótesis metálica mitral normofuncionantes.

Métodos.- Recuento plaquetar, tiempo parcial de tromboplastina activada (TPTA), análisis de la función plaquetar (PFA 100) con Col/ADP y Col/Epi, actividad procoagulante del FVIII (FVIII:C), antígeno de VWF (VWF:Ag), actividad del VWF como cofactor de la ristocetina (VWF:R-Co), unión del VWF al colágeno (VWF:CB) y análisis multimérico.

RESULTADOS

Con motivo de la intervención quirúrgica se suspendieron los anti-tamias K (AVK) y se instauró terapia puente ajustada al riesgo tromboembólico del paciente. En el estudio basal se objetivó: Prolongación

del TPTA y en dos de ellos del PFA 100 (Col/ADP y Col/Epi). El FVIII:C, VWF:Ag, VWF:RCo y VWF:CB estaban considerablemente elevados. Los multímeros de VWF en plasma mostraban una menor proporción de los multímeros de alto peso molecular (MAPM), de forma similar a lo observado en pacientes con enfermedad von Willebrand hereditaria tipo 2A. En dos pacientes, los cocientes VWF:RCo/VWF:Ag y VWF:CB/VWF:Ag eran inferiores al rango normal (>0.7) y en los otros 2 eran normales.

Después de la cirugía, el FVIII:C, VWF:Ag, VWF:RCo y VWF:CB se incrementaron considerablemente y se observó la normalización de los cocientes. El PFA 100 se corrigió en los dos pacientes en los que estaba prolongado y el perfil multimérico se normalizó en todos ellos.

CONCLUSIONES

Se describen por primera vez alteraciones cualitativas del VWF adquiridas en pacientes con prótesis disfuncionantes mitrales con fugas periprotésicas. Estas alteraciones significativas se asocian a pacientes con diátesis hemorrágicas no justificadas por anticoagulación oral con dicumarínicos. La clínica hemorrágica y las alteraciones del VWF se corrigen con la reparación valvular. La etiología del SVWA puede ser debida a una elevada velocidad del flujo sanguíneo. Por lo tanto, el SVWA debería tenerse en cuenta en pacientes con fugas de válvulas mitrales que presentan diátesis hemorrágica no explicada por exceso de anticoagulación oral.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 024

DEL ANALIZADOR SYSMEX XR 9000 A LA EXTENSIÓN: EL TÉCNICO DE LABORATORIO CLÍNICO Y BIOMÉDICO COMO CLAVE EN EL CRIBADO INTELIGENTE DE MONOCITOSIS MEDIANTE MONO-DISPLASIA SCORE

Autor/a/s: Villanueva de Dios, Aurora; Sánchez Lucío, Ana Cristina; Gómez Rosas, Elena; González Arias, Alba Manasa; Gonzalo Sánchez, Álvaro; Martínez Navarro, Verónica, Rico Taverna, Lucía; Riaza Grau, Rosalía.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO SEVERO OCHOA

Localidad: LEGANÉS

CódigoPostal: 28911

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: auroravilladedios@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La revisión del frotis de sangre periférica en pacientes con monocitosis constituye un paso clave para la detección de displasia hematopoyética, especialmente en el estudio diagnóstico de los síndromes mielodisplásicos (SMD) y la leucemia mielomonocítica crónica (LMMC). No obstante, los criterios convencionales basados principalmente en el recuento absoluto o relativo de monocitos generan un elevado número de extensiones sin hallazgos patológicos relevantes, lo que incrementa la carga de trabajo en el laboratorio. En este contexto, el mono-displasia score proporcionado por los analizadores hematológicos Sysmex XR 9000, basado en parámetros de complejidad estructural de neutrófilos y características de los monocitos, se plantea como herramienta de cribado que puede apoyar la toma de decisiones desde el laboratorio clínico.

OBJETIVOS

Evaluar el rendimiento diagnóstico del mono-displasia score como parámetro de cribado para la detección de displasia morfológica en frotis de sangre periférica y valorar su utilidad para optimizar la indicación de extensiones, destacando el papel activo del técnico de laboratorio durante el proceso analítico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Material:

Cadena hematológica Sysmex XR 9000. Sangre periférica conservada con en EDTA. Microscópio óptico.

Cellavision.

Métodos:

Se realiza un estudio retrospectivo que incluye 51 pacientes con monocitosis. Doce pacientes presentaban diagnóstico confirmado de LMMC o SMD con monocitosis, establecido mediante citometría de flujo y/o aspirado de médula ósea. Las 39 muestras restantes fueron seleccionadas entre septiembre de 2025 y enero de 2026 por presentar un mono-displasia score positivo ($>0,16$). Se compararon variables demográficas, parámetros hematológicos y hallazgos morfológicos entre ambos grupos, analizándose la asociación entre score positivo y presencia de displasia.

RESULTADOS

Ambos grupos fueron comparables en cuanto a edad, sexo, recuento total de leucocitos, neutrófilos y monocitos, niveles de hemoglobina, volumen corpuscular medio e índice de granularidad neutrofilica, sin diferencias estadísticamente significativas.

En los pacientes con score positivo, el valor predictivo positivo (VPP) para la presencia de displasia fue del 72,7 %, indicando que la mayoría de las muestras seleccionadas presentaban alteraciones morfológicas relevantes. La odds ratio observada ($OR = 4,2$) .IC (0,66 -267,9, P 0,47) sugirió una tendencia hacia la asociación entre score positivo y diagnóstico de LMMC o SMD con monocitosis ($>10\%$ o $>1000/\mu\text{L}$); sin embargo, el amplio intervalo de confianza y la ausencia de significación estadística reflejan una limitada precisión, probablemente relacionada con el reducido tamaño muestral.

CONCLUSIONES

El mono-displasia score constituye una herramienta de cribado útil en el laboratorio clínico, con un VPP clínicamente relevante para la detección de displasia. Su implementación permite una selección más racional de los frotis de sangre periférica, contribuyendo a la optimización de la carga de trabajo sin comprometer la seguridad diagnóstica, y refuerza el papel del técnico de laboratorio como agente activo en la optimización del flujo diagnóstico, en colaboración con el hematólogo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 025

CUANDO UNA ALARMA CAMBIA EL RUMBO CLÍNICO: PANCITOPENIA CON ERITROBLASTOS COMO CLAVE DIAGNÓSTICA.

Autor/a/s: Sánchez Lucío, Ana Cristina; Villanueva de Dios, Aurora; Gómez Rosas, Elena; González Arias, Alba Manasa; Gonzalo Sánchez, Álvaro; Martínez Navarro, Verónica, Rico Taverna, Lucía; Rianza Grau, Rosalía.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO SEVERO OCHOA

Localidad: LEGANÉS

Código Postal: 28911

Provincia: MADRID

Correo primer firmante: ana_cristina_sanchez@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los analizadores hematológicos actuales como los sistemas Sysmex no solo proporcionan recuentos celulares sino que generan alarmas morfológicas que pueden ayudar a identificar situaciones clínicas

graves. El correcto reconocimiento validación y correlación microscópica de estas alarmas por parte del técnico de laboratorio clínico y biomédico resulta fundamental para un diagnóstico precoz y una adecuada orientación clínica.

Se presenta el caso de una paciente en la que una alarma por eritroblastos en sangre periférica en el contexto de una pancitopenia permitió identificar un cuadro leucoeritroblástico secundario a infiltración metastásica de médula ósea con impacto directo en la actitud terapéutica.

OBJETIVOS

Identificar una situación clínica a través de una alarma morfológica apropiado de un cuadro clínico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Material:

Cadena hematológica Sysmex XR 9000. Sangre periférica conservada con en EDTA. Aspirado de médula ósea.

Microscópio óptico. Cellavision.

Métodos:

Mediante las alarmas morfológicas del Sysmex XR 9000 realizar el estudio microscópico del frotis de sangre periférica de una paciente con detección de eritroblastos y posterior estudio de médula ósea .

RESULTADOS

En la analítica realizada en el analizador hematológico Sysmex detectó pancitopenia con alarma por presencia de eritroblastos. El hemograma mostró hemoglobina de 8.4 g dL con VCM 99.2 fL; hematocrito 26.1 ;leucocitos 2 .920 μL con neutrófilos 1.140 μL ; linfocitos 1.260 μL ; monocitos 430 μL y plaquetas 67.000 μL En la bioquímica destacaba LDH 838 U/ L; ferritina 1.585 ng mL; índice de saturación de transferrina 49.66; ácido fólico 9.2 ng mL y vitamina B12 1.198 pg mL.

Ante la alarma del analizador se procedió a la revisión microscópica del frotis de sangre periférica confirmándose la presencia de 52 eritroblastos (policromatófilos y ortocromáticos) por cada 100 células nucleadas, además de marcada anisopoiquilocitosis con presencia de dacriocitos y ,policromasia moderada. La serie blanca mostraba mielema con presencia de formas hipogranuladas y clumping cromatinico. Se identificaron 4% de blastos. Dados los antecedentes de la paciente y los hallazgos morfológicos el cuadro es sugestivo de reacción leucoeritroblástica secundaria a infiltración de médula ósea. Se realizó estudio de médula ósea obteniéndose aspirado seco. En la visualización de tejido medular desprendido del cilindro óseo se observa infiltración por células de tamaño mediano con tendencia a formar nidos no correspondientes a estirpe hematopoyética ocupando prácticamente la totalidad del material observado. La biopsia de médula ósea de cresta ilíaca confirma la infiltración por carcinoma de origen mamario.

La alarma detectada por el analizador junto con la correcta actuación desde el laboratorio y la revisión del frotis permitió iniciar de forma precoz el estudio de médula ósea. El diagnóstico definitivo se confirmó pocos días después, lo que permitió un cambio en la actitud terapéutica brindando a la paciente una oportunidad de tratamiento adaptado a su nueva situación clínica.

CONCLUSIONES

Este caso pone de manifiesto que las alarmas de los analizadores hematológicos aportan información diagnóstica de gran valor cuando son correctamente interpretadas. La detección de eritroblastos en sangre periférica debe ser siempre validada mediante estudio microscópico. El técnico de laboratorio desempeña un papel esencial en la detección precoz de patologías graves actuando como primer eslabón del proceso diagnóstico y contribuyendo de forma directa a mejorar la evolución clínica del paciente

CUANDO LA ALARMA HABLA Y NO LA ESCUCHAMOS: CÓMO EL TÉCNICO PUEDE MARCAR LA DIFERENCIA EN LA ALERTA

Autor/a/s: Sánchez Lucío, Ana Cristina; Villanueva de Dios, Aurora; Gómez Rosas, Elena; González Arias, Alba Manasa; Gonzalo Sánchez, Álvaro; Martínez Navarro, Verónica, Rico Taverna, Lucía; Rianza Grau, Rosalía.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO SEVERO OCHOA

Localidad: LEGANÉS

CódigoPostal: 28911

Provincia: MADRID

Correo primer firmante: ana_cristina_sanchez@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los analizadores hematológicos automatizados proporcionan, además de parámetros cuantitativos, alarmas y representaciones gráficas (scattergrams) con alto valor diagnóstico. La interpretación global de esta información por parte del técnico de laboratorio es clave en la detección precoz de hemopatías malignas, incluso en contextos clínicos poco sugestivos.

OBJETIVOS

Demostrar la importancia de integrar parámetros analíticos, alarmas y scattergrams en la validación del hemograma y su repercusión en la detección precoz de leucemias agudas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Material:

Cadena hematológica Sysmex XR 9000. Sangre periférica conservada con en EDTA. Microscopio óptico.

Cellavision.

Método:

Hemograma realizado en laboratorio de Urgencias mediante analizador hematológico automatizado Sysmex XR 10. La validación técnica incluyó revisión de parámetros cuantitativos, alarmas instrumentales y diferenciación leucocitaria automatizada. Ante la emisión de alarma de blastos, se efectuó frotis de sangre periférica con tinción May-Grünwald-Giemsa para revisión microscópica y confirmación morfológica de la fórmula leucocitaria. Posteriormente se realizó estudio confirmatorio mediante aspirado de médula ósea, incluyendo evaluación morfológica, citoquímica e inmunofenotípica por citometría de flujo.

RESULTADOS

El hemograma inicial mostró Hb 11,1 g/dL, plaquetas $66 \times 10^3/\mu\text{L}$ y leucocitos $11,71 \times 10^3/\mu\text{L}$, con monocitos $2,67 \times 10^3/\mu\text{L}$ (22,8%). La combinación de bicitopenia (anemia y trombopenia moderada) junto con monocitosis significativa, en el contexto de alarma instrumental de blastos y alteración del scattergram, constituía un patrón analítico sugestivo de posible hemopatía maligna. No obstante, el hemograma fue validado inicialmente sin activarse comunicación urgente. El frotis de sangre periférica, realizado tras la emisión del flag de blastos, fue revisado posteriormente por el Facultativo, objetivándose 7% de blastos y 6% de promonocitos, además de monocitos con rasgos aberrantes y disgranulopoyesis. La valoración diferida puso de manifiesto la relevancia de una interpretación inmediata e integrada de alarmas, scattergrams y parámetros básicos ante este tipo de hallazgos. El estudio posterior de médula ósea confirmó el diagnóstico de leucemia mieloide aguda mielomonocítica (LMA M4), validando la sospecha sugerida por el hemograma y el scattergram.

CONCLUSIONES

La presencia simultánea de alarma de blastos, bicitopenia y monocitosis marcada debe considerarse criterio de alerta mayor y motivar comunicación inmediata con Hematología. Este caso pone de manifiesto que la revisión global del hemograma automatizado —incluyendo scattergrams— puede ser altamente orientativa desde el primer momento. El técnico de laboratorio desempeña un papel crucial en la detección precoz de leucemias, y su interpretación crítica de la información del analizador puede acelerar el diagnóstico y el tratamiento del paciente. Cada alarma ignorada es una oportunidad perdida; cada interpretación acertada, un paso decisivo para la salud del paciente.

EVOLUCIÓN DEL NÚMERO DE ASPIRADOS-BIOPSIAS DE MÉDULA ÓSEA POST-PANDEMIA

Autor/a/s: Santiago Vico Díaz-Parreño, M^a Angeles Torres Estes, Alba Manasa González Arias, Rosalía Rianza Grau

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Severo Ochoa

Localidad: LEGANES

Código Postal: 28911

Provincia: MADRID

Correo electrónico primer firmante: vico.santiago@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El aspirado y la biopsia de médula ósea son procedimientos que permiten evaluar el estado y funcionamiento de la médula ósea, responsable de producir las células sanguíneas. El aspirado consiste en extraer una muestra de sangre de médula ósea para analizar las células, mientras que la biopsia obtiene un pequeño fragmento de tejido óseo para estudiar su estructura.

Se utilizan para el diagnóstico y seguimiento de enfermedades hematológicas como leucemias, linfomas, mielomas múltiples, síndromes mieloproliferáticos crónicos, síndromes mielodisplásicos, gammopatías y otros trastornos hematológicos.

Generalmente se llevan a cabo bajo anestesia local, aunque pueden causar molestias, son procedimientos seguros, sencillos y de gran valor diagnóstico.

OBJETIVOS

Evaluar la evolución del número de aspirados-biopsias de médula ósea, nuevos diagnósticos, edad promedio y rango de edad de los pacientes durante 10 años (2016-2025) sin incluir 2020-2021 al tratarse de los años de la pandemia Covid-19.

MATERIAL Y MÉTODOS

El aspirado y la biopsia de médula ósea se realizaron bajo técnica estéril y anestesia local con mepivacaína al 2%, utilizando aguja de aspirado tipo Perfectus® y aguja de biopsia tipo Tweezer®. El sitio de punción más frecuente fue la cresta ilíaca posterior superior y esternón, según el procedimiento. La muestra obtenida por aspirado se extendió en láminas portaobjetos para tinción con May-Grünwald-Giemsa y posterior evaluación citomorfológica. Una fracción del aspirado fue destinada a citometría de flujo para la caracterización inmunofenotípica de las células hematológicas, permitiendo identificar poblaciones celulares anormales.

Asimismo, se emplearon técnicas de citogenética (como cariotipo convencional y/o hibridación in situ fluorescente, FISH) para la detección de alteraciones cromosómicas, y técnicas de biología molecular (como PCR, NGS u otros métodos de amplificación genética)

para la identificación de mutaciones o reordenamientos específicos, contribuyendo al diagnóstico, clasificación y pronóstico de estas enfermedades.

El cilindro óseo obtenido mediante biopsia fue fijado en solución Mielodec® para su procesamiento histopatológico y evaluación de la arquitectura medular por microscopía óptica.

RESULTADOS

En la etapa post-pandemia (2022-2025) observamos un incremento del 72,47% del número de biopsias-aspirado de médula ósea y un incremento del 76% de nuevos diagnósticos.

También observamos en la etapa post-pandemia (2022-2025) un incremento del 55% de los nuevos diagnósticos de gammopatías y un 157,14% de los síndromes mielodisplásicos.

De la misma manera constatamos que en post-pandemia (2022-2025) se incrementa el aumento de la media de edad de los pacientes con nuevos diagnósticos en un 8,22%.

CONCLUSIONES

Observamos un aumento del número de estudios y la edad en la que se realizan estos procedimientos. Gracias a los avances en los tratamientos-terapias dirigidas e inmunoterapias-, los pacientes con enfermedades hematológicas presentan una mayor supervivencia y mejor calidad de vida. Estas nuevas estrategias terapéuticas han transformado el pronóstico de patologías que antes eran consideradas de alto riesgo, permitiendo que un mayor número de pacientes viva más tiempo, con menos complicaciones y justificaría tanto el aumento de procedimientos realizados como la edad de los pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 038

ELIPTOCITOSIS HEREDITARIA: A PROPÓSITO DE UN CASO.

Autor/a/s: Manuel León Rodríguez.- Valeria Luciana Peri.- Adela Armas Marrero.- Eduardo Morales Espino.

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil.

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

CódigoPostal: 35016

Provincia: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico primer firmante: MLRADEMANO@HOTMAIL.ES

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La membrana eritrocitaria es el componente estructural responsable de las características, mecánicas, del transporte iónico y de la diversidad antigénica del hematíe. La Eliptocitosis Hereditaria (E.H.) es una membranopatía relativamente frecuente, se calcula que afecta 1/ 2000- 4000 individuos. Su distribución es generalizada a nivel mundial, y en algunas regiones de África, donde la malaria es endémica puede alcanzar hasta el 1.6 % de la población. La lesión primaria de la Eliptocitosis Hereditaria (E.H.), se encuentra en la proteína del esqueleto de la membrana, y se caracteriza por la inestabilidad térmica de la espectrina, desintegración de dicho esqueleto después de ser sometido a esfuerzos tensionales, defectos en la interunión de la espectrina y a la alta susceptibilidad a la digestión por tripsina de la espectrina.

OBJETIVOS

Paciente Mujer 35 años (Migrante), que llega en patera a Gran Canaria, remitido por Atención Primaria al Servicio de Hematología (Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó protocolo analítico de paciente migrante con anemia, se incluyó cribado de hemoglobinopatías y enzimopatías.

RESULTADOS

En protocolo analítico se detecta anemia normocítica (Hb-8,9 gr/dL.-Hcto- 25.2%. - VCM-82.2 fL.), plaquetas 262.000, porcentaje de reticulocitos 10.2%, Test Coombs Directo.- negativo, estudio de coagulación normal. En Frotis periférico se observa: anisopoiquilocitosis, presencia de esferocitos y abundantes eliptocitos. Parámetros bioquímicos: LDH- 258 U/L.- B.total.2.72.- B.d.0.60.- B.ind.-2.12 mg/dL.- Ferritina- 220.4 ng / mL.- Haptoglobina- 0.0 mg/ dL., restos de parámetros bioquímicos dentro de la normalidad. Se realizó estudio por citometría de flujo para anomalías de la membrana eritrocitaria (test eosin -5 malmeida): negativo y estudio de la fragilidad eritrocitaria: se observan eritrocitos hiporesistentes..Se envía muestra para estudio molecular (NGS), donde se identifica una variante de significado incierto en el gen alfa-espectrina SPTA1 , c.452G>A (p.Gly1Asp), en una frecuencia potencialmente germinal del 40.3%, ubicada en el cromosoma 1, la mutación se trata de cambio en el ADN (c.452G>A), en el exón 4, donde la base guanina es reemplazada por adenina. Esto provoca que el aminoácido Glicina sea sustituido por Ácido Aspártico en la posición 151 de la proteína (p.Gly151Asp).Después de este flujo de trabajo, se concluye que el paciente es portador de Eliptocitosis Hereditaria.

CONCLUSIONES

El diagnóstico de la Eliptocitosis Hereditaria (EH), se realiza por frotis sanguíneo periférico, análisis de la fragilidad eritrocitaria,prueba de autohemólisis de eritrocitos, prueba de antiglobulina (de Coombs) directa y pruebas genéticas para membranopatías, La Eliptocitosis Hereditaria, a menudo no requiere tratamiento, si es leve o asintomática. En casos graves con hemólisis significativa, el tratamiento incluye suplemento de ácido fólico, transfusiones de sangre y esplenectomía, para reducir la destrucción de los hematíes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 039

CITOMETRÍA DE FLUJO MULTIPARAMÉTRICA EN LA EVALUACIÓN DE LA ENFERMEDAD MÍNIMA RESIDUAL EN NEOPLASIAS HEMATOLÓGICAS.

Autor/a/s: Manuel León Rodríguez.-Ylenia Morales Ruiz.-Aurelia Brito Jorge.-Valeria Luciana Peri.-María Jesús Díaz Vega.- Marco Antonio Cabeza de la Cruz.

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil.

Localidad: Las Palmas.

CódigoPostal: 35016

Provincia: Las Palmas de Gran Canaria.

Correo electrónico primer firmante: MLRADEMANO@HOTMAIL.ES

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La enfermedad Mínima Residual (EMR), se define como la persistencia de células malignas tras el tratamiento por debajo del límite de detección morfológica (microscopio).La Citometría de Flujo Multiparamétrica (MFC), se ha consolidado como herramienta básica, gracias a su capacidad para identificar inmunofenotipos aberrantes de forma rápida y reproducible. Esto permite diseñar una vía terapéutica personalizada proporcional a la agresividad de la biología de la enfermedad en particular, mediante el uso de nuevas inmunoterapias

en vista de un proceso moderno de toma de decisiones en la medicina de precisión.

OBJETIVOS

1. Evaluar el papel de la Citometría de Flujo en la predicción de recaídas.
2. Medir el impacto clínico de la estandarización de protocolos (Euroflow) en el seguimiento de pacientes hematológicos. 3.- Analizar el impacto de la Enfermedad Mínima Residual (EMR), en las decisiones clínicas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestras: Aspirado de médula ósea (primera extracción de 3 a 5 mL de médula), preferentemente anticoagulada con Heparina Litio y sangrerperiférica anticoagulada en EDTA.

Método: Citometría de Flujo con paneles de 8 a 12 colores (Fluorocromos), con protocolo de lisis masiva (Bulk Lysis) para la adquisición de $> 5 \times 10^6$ eventos.

Análisis: Software de análisis automatizado (Kaluza) con estrategias de "gating" , para la diferenciar células normales de población defenotipo aberrante.

RESULTADOS

La Citometría de Flujo Multiparamétrica es una técnica analítica cuantitativa con la cual se puede medir múltiples características en las células, a través de marcaje con anticuerpos o sondas fluorescentes. La interacción con un láser/es tendrá como resultado una dispersión de luz y fluorescencia que se va a traducir en la obtención de información detallada de las características estructurales y funcionales de las células a estudio.

En la Leucemia Linfoblástica Aguda B / T. marcador pronóstico más potente con una sensibilidad estándar de 10 elevado a menos 4. En el Mieloma Múltiple, permite sensibilidades a 10 elevado a menos 6, equiparable a las técnicas moleculares.

Leucemia Mieloide Aguda: fundamental para diferenciar células madres leucémicas resistentes a la quimioterapia. Leucemia Linfocítica Crónica , se logra sensibilidad de detección de 10 elevado a menos 4.

En la Leucemia Mieloide Crónica una sensibilidad de detección de 10 elevado a menos 1, similar a procedimientos Moleculares.

CONCLUSIONES

La Enfermedad Mínima Residual (EMR) negativa es el objetivo terapéutico principal de la hematología moderna. La Citometría de Flujo Multiparamétrica (MFC), ofrece una ventaja crítica en tiempo de respuesta, ya que permite reclasificar pacientes que antes se consideraban en " remisión completa "pero que aún albergan enfermedad residual detectable, permitiendo un ajuste precoz de su tratamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 040

MANEJO DE PACIENTES CON DARATUMUMAB EN MEDICINA TRANSFUSIONAL. ESTRATEGIAS ANTE LA INTERFERENCIA DEL ANTI-CD38 PARA UNA TRANSFUSIÓN SEGURA.

Autor/a/s: Manuel León Rodríguez.- María Carmen Marrero Pérez.-Laura Navarrete Bullón.-Eva María Afonso Sanchez.

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil.

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Código Postal: 35016

Provincia: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico primer firmante: MLRADEMANO@HOTMAIL.ES

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El Mieloma Múltiple (MM) es una neoplasia de células B, caracterizada por una proliferación incontrolada de células plasmáticas (CP) clonales en la médula ósea, la producción de una inmunoglobulina detectable en suero y / o orina y la presencia de lesiones osteolíticas.. Los pacientes con Mieloma Múltiple, reciben tratamiento con un fármaco (Daratumumab), es un anticuerpo monoclonal, dirigido contra el receptor anti-CD38 que se encuentra en las células del mieloma, y que también se une al receptor CD38 expresado en los hematíes. Por ello, el plasma de pacientes tratados con Daratumumab, reaccionan con los hematíes, y producen una interferencia, en las pruebas de compatibilidad transfusional.

OBJETIVOS

Demostrar la eficacia del reactivo anti-CD38 en la identificación de anticuerpos irregulares y pruebas de compatibilidad sanguínea, evitando la panreactividad del tratamiento con Daratumumab.

MATERIAL Y MÉTODOS

Población: Pacientes con Mieloma Múltiple candidato a transfusión, en tratamiento con Daratumumab (anti-CD38). Deben utilizarse muestras en, Citrato Sódico, Heparina, EDTA o sin anticoagulante. El método se basa en técnica en Gel o en tubo, en tarjeta Liss Coombs se pipetea 25 microlitos de suero paciente, se añade 2 microlitros de suero anti-CD38, se incuban 15 minutos a 37°C, una vez finalizada la incubación, añadimos las células I, II, III (anticuerpos irregulares) y 10 microlitros de muestra de las bolsas a cruzar, previamente en una dilución 1/10 de solución Gel, prevista para esta técnica, volvemos a incubar 15 minutos a 37°C, una vez finaliza la incubación, se procede a centrifugar a 990 rpm durante 9 minutos la tarjeta, una vez finalizada, verificamos el resultado. Con esta técnica se logra neutralizar la panreactividad producida por el Daratumumab con un escrutinio de anticuerpos irregulares y pruebas de compatibilidad (pruebas cruzadas) negativas para transfundir de forma segura al paciente. Si con este método, no se logra inhibir lo suficiente la panreactividad del tratamiento, se repite el mismo procedimiento, con doble cantidad de proteína anti-CD 38 y suero de paciente.

RESULTADOS

1. Neutralización de la panreactividad: se logra inhibir con éxito la aglutinación generalizada (panreactividad - falsos positivos) causada por el fármaco Daratumumab en el suero del paciente.
2. Escrutinio de anticuerpos irregulares: al neutralizar la interferencia se puede identificar correctamente anticuerpos reales (aloanticuerpos) que de otro modo quedan ocultos tras los falsos positivos producidos por el fármaco.
3. Pruebas Cruzadas Negativas: Se obtienen pruebas de compatibilidad sanguíneas negativa, lo que permite seleccionar unidades de sangre seguras para el paciente.
4. Ajuste de dosis (Protocolo de doble cantidad): En casos donde la panreactividad persiste, siguiendo el protocolo, se repite el procedimiento duplicando la cantidad de proteína anti-CD38 , para asegurar la inhibición total de la interferencia.

CONCLUSIONES

El uso del reactivo Scd38 (proteína recombinante), podemos decir que es una técnica rápida y sencilla, que inhibe específicamente la reactividad Anti-CD38, logrando una transfusión segura y eficaz, para los pacientes con Mieloma Múltiple con tratamiento con Daratumumab.

INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA ESTANDARIZAR EL INFORME Y EL CONTROL DE CALIDAD EN ENFERMEDAD MÍNIMA RESIDUAL POR CITOMETRÍA DE FLUJO MULTIPARAMÉTRICA

Autor/a/s: *María Jesús Díaz Vega, Manuel León Rodríguez, Aurelia Brito Jorge.*

Centro de Trabajo: *Centro Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil*

Localidad: *Las Palmas*

Código Postal: *35216*

Provincia: *Las Palmas De Gran Canarias*

Correo electrónico primer firmante: *susa.lpa2004@gmail.com*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La enfermedad mínima residual (EMR) se define como la persistencia de células malignas tras el tratamiento por debajo del límite de detección morfológica. La citometría de flujo multiparamétrica (CFM) es una herramienta clave por su sensibilidad y capacidad de caracterización inmunofenotípica, especialmente bajo protocolos estandarizados. No obstante, el proceso de interpretación y redacción de informes puede presentar variabilidad interobservador y una carga de trabajo considerable. En este contexto, la inteligencia artificial (IA) puede aportar valor como apoyo al flujo de trabajo, mediante estandarización del informe, listas de verificación de calidad y detección automática de incoherencias, manteniendo siempre la validación final por personal experto.

OBJETIVOS

Diseñar un asistente de IA para generar borradores de informe estructurado de EMR a partir de un conjunto de campos mínimos introducidos de forma controlada.

Implementar un sistema de comprobación automática de coherencia y completitud (checklist) orientado a calidad preanalítica y analítica.

Evaluar el impacto en tiempo de elaboración del informe y en la detección de inconsistencias relevantes, con circuito de revisión humana (human-in-the-loop).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se propone un flujo de trabajo en dos capas: (1) captura estructurada de variables mínimas del caso y (2) generación asistida del informe con verificación de coherencia.

1. Variables mínimas (entrada estructurada):

- Tipo de muestra (p. ej., médula ósea / sangre periférica).
- Panel empleado y parámetros básicos de adquisición (número de eventos adquiridos, criterios de aceptación).
- Resultado de EMR cuantitativo (p. ej., porcentaje o nivel) y categórico (EMR positiva/negativa) según umbral predefinido.
- Observaciones clave de calidad (p. ej., viabilidad, posible hemodilución, limitaciones de la muestra).

2. Asistente de IA (salida):

- Generación de borrador de informe en lenguaje clínico estandarizado, con secciones fijas y terminología uniforme.
- Checklist de completitud: alerta si faltan campos críticos (p. ej., umbral, número de eventos, limitaciones).
- Chequeos de coherencia: concordancia entre valor cuantitativo, umbral y conclusión categórica; detección de contradicciones internas.
- Registro de cambios: comparación entre borrador y versión final validada por el experto para medir esfuerzo de edición.

RESULTADOS

Reducción del tiempo medio de elaboración del informe por caso.

Mayor homogeneidad en estructura y terminología (estandarización).

Detección de incoherencias y omisiones relevantes antes de la validación final.

Mejora de la trazabilidad documental del proceso de informe (qué se cambió, por qué y cuándo).

CONCLUSIONES

Un asistente de IA orientado a estandarización del informe, checklist y control de coherencia puede aportar valor inmediato en el flujo de trabajo de EMR por CFM, sin sustituir la decisión clínica. Este enfoque refuerza la seguridad del proceso, mejora la eficiencia y favorece la reproducibilidad documental, manteniendo la validación final por personal experto.

INTELIGENCIA ARTIFICIAL APLICADA A LA DETECCIÓN Y ESTANDARIZACIÓN DE ENFERMEDAD MÍNIMA RESIDUAL EN MIELOMA MÚLTIPLE MEDIANTE CITOMETRÍA DE FLUJO MULTIPARAMÉTRICA

Autor/a/s: *María Jesús Díaz Vega, Manuel León Rodríguez, Aurelia Brito Jorge, Julia María Rodríguez Rodríguez.*

Centro de Trabajo: *Centro Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil*

Localidad: *Las Palmas*

Código Postal: *35016*

Provincia: *Las Palmas De Gran Canarias*

Correo electrónico primer firmante: *susa.lpa2004@gmail.com*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El mieloma múltiple es una neoplasia hematológica en la que la medición de la Enfermedad Mínima Residual (EMR) se ha consolidado como un marcador de respuesta y pronóstico. La citometría de flujo multiparamétrica (incluyendo enfoques de alta sensibilidad) permite detectar poblaciones plasmocitarias aberrantes con sensibilidades del orden de 10^{-5} a 10^{-6} en condiciones controladas, pero el análisis puede verse afectado por variabilidad en estrategias de gating, diferencias preanalíticas y heterogeneidad biológica. En este contexto, la inteligencia artificial (IA) ofrece un marco para apoyar la estandarización del análisis, el control de calidad y la trazabilidad del resultado, manteniendo la validación final por personal experto.

OBJETIVOS

Diseñar un flujo asistido por IA para apoyar el análisis de EMR en mieloma múltiple a partir de datos de citometría (FCS o export estructurado).

Reducir la variabilidad interobservador mediante herramientas de segmentación/clustering y recomendaciones de gating reproducibles, con revisión humana.

Implementar un módulo de control de calidad (QC) y coherencia del resultado (sensibilidad alcanzada, eventos, viabilidad/hemodilución, estabilidad de panel) y evaluar impacto en tiempo y concordancia.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestras: aspirado de médula ósea (primera aspiración recomendada) y, cuando proceda, sangre periférica para control/seguimiento.

Tecnología: citometría de flujo multiparamétrica (8-12 colores o superior según disponibilidad), adquisición de alto número de eventos para maximizar sensibilidad.

Variables de entrada: matrices de eventos (FCS) o exportación numérica de poblaciones/canales, metadatos del panel, controles y parámetros de adquisición.

IA aplicada: (i) aprendizaje no supervisado (p. ej., clustering) para proponer segmentación inicial de poblaciones; (ii) modelos supervisados para clasificar fenotipos plasmocitarios aberrantes vs normales (cuando exista etiqueta experta); (iii) detección de anomalías y reglas de QC para alertar de muestras con limitaciones preanalíticas/analíticas.

Validación: circuito human-in-the-loop con revisión por citometrista/hematólogo. Se registran discrepancias, correcciones y tiempo total por muestra. Métricas sugeridas: acuerdo EMR+/- (κ), concordancia de cuantificación (correlación/Bland-Altman), tasa de alertas QC confirmadas, y reducción de tiempo.

RESULTADOS

Se espera que el flujo asistido por IA produzca un análisis más homogéneo, disminuya la variabilidad de gating y mejore la detección temprana de incoherencias o limitaciones de calidad (p. ej., eventos insuficientes, perfiles atípicos, compensación o estabilidad de panel). El sistema prioriza casos complejos para revisión experta, aporta trazabilidad de decisiones analíticas y reduce el tiempo de procesamiento por muestra manteniendo el control clínico.

CONCLUSIONES

La integración de IA como herramienta de apoyo al análisis de EMR en mieloma múltiple mediante citometría de flujo tiene potencial para mejorar la estandarización, la eficiencia y la seguridad del proceso, sin sustituir la decisión clínica. Un enfoque centrado en QC, trazabilidad y revisión humana permite una implementación progresiva y evaluable, alineada con las necesidades de laboratorios clínicos y con los ejes temáticos de innovación tecnológica del congreso.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 043

APROXIMACIÓN DIAGNÓSTICA A LA ALTERACIÓN DEL TIEMPO DE TROMBOPLASTINA PARCIAL ACTIVADO: DESPISTAJE DE ANTICOAGULANTE LÚPICO

Autor/a/s: Estibaliz Gallo Rodríguez, Irene Valderrama López, María Sol Bilbao Ruiz, Idoia Nacarino García, María Ángeles Gómez Álvarez, Carlos Pisón Herrero.

Centro de Trabajo: OSI Araba

Localidad: Vitoria

Código Postal: 01009

Provincia: Álava

Correo electrónico primer firmante: estigallo1@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El Tiempo de Tromboplastina Parcial activado, es una prueba de laboratorio que se utiliza para valorar la vía intrínseca de la coagulación. Aunque los errores preanalíticos y el uso de anticoagulantes pueden aumentar el Tiempo de Tromboplastina Parcial activado, su alargamiento también puede sugerir déficit de factores de ésta vía o presencia de anticoagulante lúpico.

El test de mezclas (plasma problema+plasma control 1:1), permite orientar hacia un déficit factorial o presencia de inhibidor.

OBJETIVOS

Analizar las muestras con Tiempo de Tromboplastina Parcial activado prolongado y la presencia de anticoagulante lúpico en OSI Araba en un año.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se trata de un estudio de muestras analizadas con carácter retrospectivo en la OSI Araba en el año 2025.

Muestras de plasma anticoagulado con citrato sódico 3,8% en tubo BD Vacutainer de 4ml, usado en analizador ACLTOP 750 y ACLTOP 550 (Werfen). La técnica empleada es la coagulometría turbidimétrica.

Determinación de Tiempo de Trombina Parcial activado, anticoagulante lúpico Russell y Sílica. Corte de positividad en Tiempo de Tromboplastina Parcial activada TTPA ratio >1,30, Russell >1,20 y Sílica >1,16.

Software: Gestlab y Microsoft Excel

RESULTADOS

De 200022 muestras procesadas durante el año 2025, a las que se le ha realizado la prueba de Tiempo de Tromboplastina Parcial activada ratio, se han detectado 8583 muestras con TTPA ratio >1,30, un 4,29%.

De éstas muestras 3145 se les ha solicitado Russell, un 36,64% y a 704 Sílica, un 22,38%.

Del total de solicitudes, 639 han sido positivas por Russell >1,20, 20,3%; de las que 69 han sido por técnica Sílica >1,16, un 4,6%.

Con estos resultados, un 22,5% de los TTPA prolongados corresponden a anticoagulante lúpico (0,35% del total de muestras). El resto, (77,5%) muy probablemente se deban a muestras heparinizadas, trastornos hereditarios, deficiencias vitamina K o errores y un 22,5% son muestras con anticoagulante lúpico.

CONCLUSIONES

Pese a que menos del 1% de las muestras analizadas en un año tienen anticoagulante lúpico positivo, suponen más de un 20% de todos los TTPA alargados.

Por ello, es importante establecer un adecuado algoritmo diagnóstico mediante técnicas Russell y Sílica para completar la determinación de anticoagulante lúpico y mejorar la calidad del diagnóstico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 044

IMPORTANCIA DE LAS PRUEBAS CONFIRMATORIAS PARA LA DETECCIÓN DE ANTICOAGULANTE LÚPICO.

Autor/a/s: María Ángeles Gómez Álvarez, Idoia Nacarino García, Estibaliz Gallo Rodríguez, María Sol Bilbao Ruiz, Irene Valderrama López, Carlos Pisón Herrero, Julia María Moreno Morillo, Elena Coullaut García, M^a del Carmen Arana Monte, Teresa María Fernández Álvarez.

Centro de Trabajo: OSI Araba

Localidad: Vitoria

Código Postal: 01009

Provincia: Álava

Correo electrónico primer firmante: nairam78@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El anticoagulante lúpico es un anticuerpo antifosfolípido cuya presencia elevada y mantenida asocia riesgo trombótico.

Ocasionalmente, la presencia de anticoagulante lúpico puede alterar los tiempos de coagulación, el Tiempo de Tromboplastina Parcial activado.

OBJETIVOS

Detectar anticoagulante lúpico en muestras con Tiempo de Tromboplastina Parcial activado normal, en pacientes con antecedentes trombocíticos, en muestras analizadas en un año en OSI Araba.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se trata de un estudio de muestras analizadas con caracter retrospectivo en la OSI Araba desde el 01/01/2025 al 31/12/2025. Muestras de plasma anticoagulado con citrato sódico 3,8% en tubo BD Vacutainer de 4ml.

Analizador ACLTOP 550 y ACLTOP 750 (Werfen). La técnica empleada es la coagulometría turbidimétrica. Se determina el Tiempo de Tromboplastina Parcial activado con ratio normal de 0,80-1,30, anticoagulante lúpico Russell >1,20 y Sílica >1,16.

Softward: Gestlab y Microsoft Excel.

RESULTADOS

De un total de 182.005 Tiempo de Tromboplastina Parcial activada normales (90,1% de todos los TTPA) realizados durante un año, un total de 247 muestras dieron un resultado de anticoagulante lúpico positivo, Russell (0,14% de los TTPA con resultado normal) y 45 de ellos disponían además de anticoagulante lúpico por técnica Sílica (0,02% de los TTPA con resultado normal). De estas muestras con anticoagulante lúpico y Sílica, 10 de 45, tenían ambas determinaciones positivas (22,22%).

CONCLUSIONES

Como se ha observado en los datos expuestos con anterioridad, el valor normal en la determinación del Tiempo de Tromboplastina Parcial activado no excluye la presencia de anticoagulante lúpico. La combinación de la técnica Russell y la técnica Sílica ayuda a reducir el riesgo de no identificar algunos casos en pacientes con sospecha clínica. Su uso conjunto permite detectar más casos, valorar mejor el riesgo de trombosis y tomar decisiones clínicas con mayor seguridad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 047

DIAGNOSTICO Y EVOLUCION DE TRICOLEUCEMIA ATRAVES DE UN CASO

Autor/a/s: Susana Pérez Galán, Carmen Guillen Esteban, Pilar Guillen Esteban

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Mostoles

Localidad: Mostoles

Código Postal: 28935

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: fjphp@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La Tricoleucemia o leucemia de células pilosas es una leucemia indolente y rara que representa entre el 2% y el 4% de todas las leucemias, de origen desconocido la incidencia es mayor en hombres generalmente con una edad media de 55 a 60 años. La tricoleucemia es una enfermedad linfoproliferativa con acumulación celular debido a la larga supervivencia de las células leucémicas y se caracteriza por la infiltración de células B neoplásicas en la médula ósea y el bazo.

Se caracteriza comúnmente por esplenomegalia en el 90% de los casos, hepatomegalia en el 35% y riesgo de infecciones...

OBJETIVOS

Diferenciar este tipo raro de leucemia entre las otras clases de síndromes proliferativos con las distintas pruebas de laboratorio, para su diagnóstico temprano y tratamiento

MATERIAL Y MÉTODOS

Varón de 46 años con reciente episodio de NAC del LII y con insuficiencia respiratoria parcial grave y pancitopenia.

Entre otras pruebas se le realiza un hemograma, coagulación y bioquímica. El hemograma es extraído en tubo de EDTA tripotásico y procesado por un autoanalizador Sysmex XN. La analítica básica de coagulación (PT, APTT) extraído en tubo de citrato sódico es realizado por un coagulometro StaR y la bioquímica extraída en tubo con heparina de litio es procesado en un autoanalizador COBAS 6000; obteniéndose los siguientes resultados:

- Hemog: leuc 1.53(48%S, 50%L, 1%Eo), Hb 9.3 Hto 28VCM 113 ADH 13.1, PlaQ 146000.

- Coag: PT 16.4 (INR 1.24 APTT 28.97(APTR 0.98) fibrinogeno 764.00, Dimero D 1 6,11

- BQ: gluc 108 urea 21, creat 0.9 FG >90Na 137, K5.5, Ca 8.1, Mg 1.6, amilasa 48, GPT 75, GOT 33,GGT 270, ALP 387,PCR 182,8. remitiendo la neumonia con el tratamiento, persistiendo la pancitopenia, se deriva a hematología para descartar proceso hematológico de base o SHF atípico. se le realizan pruebas adicionales.

- Frotis sanguíneo de S.P, Punción de M.O, CMF.

- TAC, Ecografía abdominal

RESULTADOS

Pruebas adicionales dan los siguientes resultados:

CMF: 14,9% Linfocitos clonales respecto a la celularidad leucocitaria total.

BM. Mutacion p.Val600Glu de BRAF Se detecta la mutación con una frecuencia alélica de 13%. AP:

las células muestran positividad intensa para CD20, positividad de intensidad débil a moderada para CD 79a y son negativas para CD10 Y CD3..

La infiltración supone aprox. 80% del total de la celularidad. Con la técnica de reticulinas se observan fibrosis grado 1/3. El coágulo contiene muy escasos copos celulares.

TAC: Esplenomegalia homogénea de 14 cm. Estenosis Hepática. ECO Abdominal: Estenosis/Hepatopatía, quiste hepático.

Todos estos resultados confirman el diagnóstico de Tricoleucemia.

CONCLUSIONES

La tricoleucemia es una enfermedad que requiere un diagnóstico cuidadoso y un manejo adecuado para mejorar la calidad de vida del paciente. La identificación temprana de los síntomas y un tratamiento oportuno son cruciales para el manejo exitoso de esta condición. La investigación continua es necesaria para comprender mejor la patogénesis y las opciones de tratamiento para esta enfermedad rara.

Estos casos clínicos ayudan a resaltar la importancia de la atención médica integral y el seguimiento en pacientes con tricoleucemia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 056

HEMOFILIA A ADQUIRIDA; IMPORTANCIA DEL LABORATORIO EN EL DIAGNÓSTICO PRECOZ DE UNA COAGULOPATÍA GRAVE.

Autor/a/s: Morán Criado M^a Jesús; Pinto García, Manuel; Pérez González, M^a Isabel; Prieto Martín, M^a Teresa; Reyes Sánchez, Teresa; Fadó García, Ana; González Mesonero, M^a Carmen; Lorenzo Vicente, M^a Lourdes; Núñez García, M^a Carmen; Canis Borja, Nuria Cristina.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: mjmoranc@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La hemofilia A adquirida (HAA) es una coagulopatía hemorrágica infrecuente, causada por la aparición de autoanticuerpos neutralizantes frente al factor VIII (FVIII). Afecta predominantemente a adultos de edad avanzada sin antecedentes personales ni familiares de diátesis hemorrágica y se asocia a una elevada morbimortalidad si el diagnóstico y el tratamiento se retrasan. A diferencia de la hemofilia congénita, la HAA suele manifestarse mediante sangrados cutáneos, musculares o viscerales, siendo la hemartrosis una forma de presentación menos habitual. En este contexto, el laboratorio clínico desempeña un papel fundamental, ya que el hallazgo de un tiempo de trombo-plastina parcial activada (TTPAr) prolongado de forma aislada suele constituir la primera pista diagnóstica.

OBJETIVOS

Destacar la importancia del laboratorio clínico en la detección precoz de la HAA mediante la interpretación del TTPAr y el test de mezclas.

MATERIAL Y MÉTODOS

A PROPÓSITO DE UN CASO:

Mujer de 68 años, sin antecedentes personales ni familiares de trastornos hemorrágicos, derivada al Servicio de Urgencias por su médico de atención primaria por la aparición progresiva de hematomas espontáneos en múltiples localizaciones, sin traumatismo previo, de aproximadamente 15 días de evolución. Como antecedente reciente, refería un episodio de hematuria macroscópica un mes antes, con citología urinaria negativa para células malignas y sin persistencia en el momento de la consulta.

La paciente no presentaba fiebre, prurito ni pérdida de peso, aunque refería astenia y disnea progresivas en las semanas previas. Asociaba dolor e inflamación en la rodilla izquierda; la ecografía articular evidenció una hemartrosis de gran cuantía. No refería la introducción reciente de nuevos fármacos ni el consumo de productos de herbolario.

RESULTADOS

En la analítica realizada en Urgencias destacaba una anemia severa (Hb 7,2 g/dL), con leucocitosis y neutrofilia, y un recuento plaquetario normal. Los estudios de coagulación mostraron un alargamiento aislado del TTPAr, con un ratio de 2,7, siendo normales el tiempo de protrombina y el resto de parámetros de la coagulación. El frotis de sangre periférica evidenció una anemia arregenerativa, compatible con sangrado agudo.

Ante el hallazgo de un TTPAr prolongado aislado, el laboratorio realizó de forma urgente un test de mezclas, en el que no se observó corrección del TTPAr, orientando hacia la presencia de un inhibidor de la coagulación. Se amplió entonces el estudio de factores de la coagulación y moléculas inhibitoras, comunicándose los resultados de forma inmediata al Servicio de Hematología. La determinación de factores mostró una actividad del FVIII del 0,1% y la presencia de un inhibidor anti-FVIII de alto título (101 unidades Bethesda), confirmándose el diagnóstico de hemofilia A adquirida e indicándose el ingreso. Este caso pone de manifiesto la importancia del laboratorio clínico en el diagnóstico precoz de la HAA. La paciente no acudió inicialmente por un sangrado externo grave, sino por hematomas cutáneos progresivos y síntomas generales, lo que podría retrasar el diagnóstico si no se presta atención a los hallazgos analíticos.

El alargamiento aislado del TTPAr constituye una señal de alarma que debe motivar un estudio dirigido. El test de mezclas es una herramienta esencial para diferenciar entre un déficit de factores de la coagulación y la presencia de un inhibidor. La ausencia de corrección del TTPAr tras la mezcla con plasma normal, como ocurrió en este caso, orienta claramente hacia un inhibidor adquirido y justifica la ampliación urgente del estudio con determinación de FVIII e inhibidor

anti-FVIII. La comunicación rápida y eficaz de los resultados del laboratorio al equipo clínico permitió un diagnóstico temprano y la instauración precoz del tratamiento, aspectos fundamentales para reducir la morbimortalidad asociada a esta enfermedad.

CONCLUSIONES

La hemofilia A adquirida es una coagulopatía poco frecuente pero potencialmente mortal, cuyo diagnóstico depende en gran medida de la correcta interpretación de las pruebas de coagulación. El hallazgo de un TTPAr prolongado de forma aislada debe considerarse una urgencia diagnóstica y motivar la realización inmediata de un test de mezclas. Este caso destaca el papel esencial del laboratorio clínico y de los técnicos de laboratorio en la detección precoz de esta entidad y subraya la importancia del trabajo coordinado y multidisciplinar para mejorar el pronóstico de los pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 062

COMPARATIVA DEL RECuento LEUCOCITARIO ABSOLUTO EN MUESTRAS PATOLÓGICAS, ENTRE LOS CANALES BASO Y PEROX DEL CONTADOR DE HEMATOLOGIA ADVIA 2120

Autor/a/s: González Martín, Sofía; Aldegunde Rodríguez, María José; Romero García, Paula; Hernández Benito, Melania; Sempere Gálvez, María Lourdes; Sánchez Mateos, María Carmen Beatriz; Fonseca García, Micaela; Blanco Iglesias, María Manuela.

Centro de Trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: sofigonmar@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los contadores hematológicos ADVIA 2120 realizan el recuento leucocitario absoluto mediante 2 métodos de lectura independientes: por un lado determinan la actividad de la peroxidasa citoplasmática (LEUP) y por otro, la densidad nuclear o lobularidad (LEUB), siendo este último el método de elección para el recuento primario de leucocitos en cifras absolutas y el que se refleja en el informe del laboratorio debido a que no se ve afectado por un posible déficit fisiológico de mieloperoxidasa (DMPO).

OBJETIVOS

Evaluar la diferencia entre los dos métodos de lectura de leucocitos en el hemograma (LEUB y LEUP) en muestras patológicas, obtenidos en el contador de hematología ADVIA 2120.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han analizado 150 muestras de hemograma solicitadas al Laboratorio de Urgencias del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca, seleccionando una población patológica, cuyo rango de valores de leucocitos varía entre 19.24 y 106.79 x 10³/µl.

Las muestras fueron obtenidas en sangre total con EDTA como anticoagulante y se analizaron en el contador de hematología ADVIA 2120 de Siemens, siendo realizado el conteo por los 2 canales de lectura: LEUB y LEUP.

En el canal Baso (LEUB), también llamado canal de densidad nuclear, se lisan los glóbulos rojos y las plaquetas, además de eliminar la membrana plasmática de los leucocitos, excepto de los basófilos. Esto permite clasificar a los leucocitos como células mononucleares o polimorfonucleares según la forma y complejidad de los núcleos, de acuerdo a su tamaño, lobularidad y densidad nuclear.

Por el canal PEROX (LEUP) se determina la actividad de la peroxidasa citoplasmática lisando para ello los glóbulos rojos, utilizándose reactivos específicos para distinguir entre células positivas para la peroxidasa como neutrófilos, eosinófilos y monocitos y células negativas que incluyen linfocitos, basófilos y células grandes no teñidas (LUC).

Las distintas poblaciones y áreas se generan cuando los datos de difracción de luz en tamaño y absorción son registrados, diferenciándose por su tamaño y reacción con la peroxidasa.

RESULTADOS

Los datos obtenidos (recuento de leucocitos por los dos canales) siguen una distribución no normal, según el test de Kolmogorov Smirnov. Los evaluamos mediante una regresión de Passing and Bablok y un análisis gráfico de Bland-Altman.

Se obtuvieron los siguientes resultados:

a) Ecuación: $y = 0.123472 + 0.986111x$.

Ordenada en el origen: -0.1235 (95% CI de 0.7530 a 0.6084).

Pendiente: 0.9861 (95% CI de 0.9557 a 1.0114).

Coefficiente de correlación de Spearman: 0.958 (95% CI de 0.942 a 0.969).

b) Análisis de Bland-Altman:

Media de las diferencias: -1.3230 (95% CI de -2.4577 a -0.1882).

Límites de confianza:

inferior: -15.0611 (95% CI de -17.0047 a -13.1175).

superior: 12.4152 (95% CI de 10.4716 a 14.3588).

Observando la curva de regresión de Passing Bablok, vemos que el intervalo de confianza (95%) de la ordenada incluye el 0 y el intervalo de confianza (95%) de la pendiente incluye el 1.

Por otra parte, el análisis gráfico de Bland-Altman muestra que > 95% de los datos o diferencias están dentro de los límites de confianza, indicando una mínima dispersión de los mismos.

CONCLUSIONES

A la vista de los resultados, podemos concluir que no existe ni error constante ni proporcional entre las medidas obtenidas por los dos canales del analizador. Por lo tanto, serían intercambiables ambos métodos de medida (en ausencia de DMPO).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 068

DISTRIBUCIÓN DE LOS PARÁMETROS NEUTRÓFILOS X -NEUTRÓFILOS Y EN LOS CITÓMETROS ADVIA 2120I EN PACIENTES CON LEUCOCITOSIS SEVERAS.

Autor/a/s: ROMERO GARCIA, PAULA; ALDEGUNDE RODRIGUEZ, MARÍA JOSÉ; GONZALEZ MARTÍN, SOFIA; LORENZO VICENTE, MARÍA LOURDES; ALVAREZ GARCÍA, MARÍA JESÚS; HERNANDEZ BENITO, MELANIA; SEMPERE GALVEZ, MARIA LOURDES; FERNANDEZ TUDA, ROCIO; SANCHEZ MARTÍN, MÓNICA; CANAS CALVO, LAURA.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Código Postal: 37300

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: parogar_12@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El recuento diferencial de los leucocitos en los citómetros ADVIA 2120i se realiza por dos métodos: por un lado, se determina la actividad de la peroxidasa plasmática y por otro la densidad nuclear (lobularidad). Se utilizan reactivos específicos para distinguir entre células positivas para la peroxidasa (Neutrófilos (Neut), Eosinófilos y

Monocitos) y células negativas, que incluyen Linfocitos, Basófilos y "células grandes no teñidas" (LUC). Para determinar la absorbancia y el tamaño se utiliza un sistema óptico. Las células absorben luz en proporción a la cantidad de peroxidasa presente, y este parámetro se relaciona con la actividad de peroxidasa representado en el eje "x" del scattergrama de peroxidasa. Por otro lado, las células dispersan la luz en proporción a su tamaño, y este parámetro está representado en el eje "y" del gráfico de la peroxidasa citoplasmática y por otro la densidad nuclear (lobularidad)

OBJETIVOS

Estudio de la concordancia de los valores de los parámetros Neut X y los Neut Y de un analizador ADVIA 2120i entre una población de pacientes con leucocitosis, pertenecientes al área de salud del HUSA, y los proporcionados por el fabricante SIEMENS, ya que éstos nos van a definir el espacio de los neutrófilos dentro del citograma. Destacar la relevancia de clasificar correctamente la distribución de los leucocitos en los hemogramas en estos pacientes, de cara a un primer diagnóstico en casos de patología aguda, y/o seguimiento en patología de naturaleza onco/hematológica o clínica infecciosa.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se procesan 149 hemogramas por el citómetro ADVIA 2120i. con un rango patológico de 19.38 a $93.03 \times 10^3/\mu\text{L}$ leucocitos y se recogen los parámetros Neut X y Neut Y que proporciona el analizador.

Los datos se analizaron con el programa EXCEL 2016 y el paquete estadístico MedCalc® Statistical Software version 20.218

RESULTADOS

La distribución de los dos parámetros estudiados sigue una distribución no normal, según el test de Kolmogorov-Smirnov.

NEUTROFILOS X:

- Mediana: 63,40 (95% CI: 62,90 a 64,40)

- P10: 58,29 (95% CI: 55,60 a 59,34)

- P90: 67,56 (95% CI: 67,31 a 68,38)

NEUTROFILOS Y:

- Mediana: 78,05 (95% CI: 76,70 a 78,70)

- P10: 71,64 (95% CI : 69,83 a 72,99)

- P90: 82,48 (95% CI: 81,87 a 84,34)

Se realizó un test de Mann-Whitney para muestras independientes con el fin de comparar nuestros datos con los valores diana proporcionados por Siemens (Neut X= 63,00 y Neut Y= 74,00)

CONCLUSIONES

No existen diferencias estadísticamente significativas entre el valor de nuestro laboratorio para Neut X y el proporcionado por el fabricante, sin embargo sí se encuentran diferencias estadísticamente significativas para el parámetro Neut Y, con una ligera desviación de nuestro valor hacia la zona superior de la gráfica. Esto podría explicarse debido a la saturación del área destinada a los neutrófilos en el escatergrama a causa de la leucocitosis presente en las muestras estudiadas, sin que, en principio, esto se traduzca en una diferencia clínicamente relevante.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 069

CRIBADO POBLACIONAL DE LEUCEMIA LINFÁTICA CRÓNICA(LLC): EL HEMOGRAMA DE RUTINA COMO HERRAMIENTA CLAVE

Autor/a/s: MARÍACARMENARMENTIAGAMARRA, TERESAMARÍAFERNÁNDEZÁLVAREZ, ANAISABELMARTÍNEZMARTÍNEZ, CRISTINA MOLINUEVOGARCÍA, JONARDANZAFERNÁNDEZ, MARÍALORENAALONSO-MATE, SAIOASASIAINVIVANCO

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ALAVA (HUA)

Localidad: VITORIA-GASTEIZ

CódigoPostal: 01009

Provincia: ALAVA

Correo electrónico primer firmante: iramnemrac@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El hemograma es una técnica sencilla y fundamental para el estudio de la sangre, basada en el recuento y análisis de las células sanguíneas que circulan por ella: glóbulos rojos (eritrocitos), glóbulos blancos (leucocitos) y plaquetas.

Una alteración en los valores normales de estos parámetros puede ser indicativa de diversas patologías.. En este trabajo nos centramos en el estudio de la linfocitosis.

OBJETIVOS

DaraconocerloscasosdeLeucemiaLinfáticaCrónica(LLC)diagnostica-dosdeformaincidentalenellaboratoriodelHospitalUniversitariode

Álava (HUA) durante el año 2025, a través del estudio de las linfocitosis detectadas en un hemograma rutinario.

MATERIAL Y MÉTODOS

Sangre total (EDTA dipotásico en tubo BD vacutainer de 4ml) Software: Gest lab, Excel y BD FACS Diva Software Analizadores

- Alinity hq
- Alinity hs
- Cella Vision
- BD FACS Sample Prep Assistaant III
- BD FACS Lyse Wash Assistant
- BD FACS Canto II

RESULTADOS

De un total de 347,676 hemogramas de rutina realizados en el laboratorio del Hospital Universitario de Álava (HUA) durante el año 2025 se detectaron 1868 casos de linfocitosis absoluta ($>5,000/mm^3$) en pacientes adultos.

Tras estudiar la morfología de sangre periférica, se identificaron 123 casos con linfocitos sugestivos de Leucemia Linfática Crónica (LLC), es decir, citoplasma escaso ,cromatina hiper-condensada (Grumelée) y sombras de Gumprecht.

En estos casos se amplió el estudio solicitando subpoblaciones linfocitarias por citometría de flujo como prueba de cribado (CD45/16+56/19/3). Aquellos pacientes que presentaron aumento de células B (CD19 $>$ 20%) fueron estudiados posteriormente mediante un panel específico de leucemia linfática crónica(CD19/CD20/CD5/CD23, kappa, lambda).

Como resultado ,se identificaron 41 pacientes con diagnóstico incidental de Leucemia Linfática Crónica.

CONCLUSIONES

Destacamos el papel del laboratorio de hematología ya que gracias al protocolo establecido hemos diagnosticado incidentalmente 41 pacientes con Leucemia Linfática Crónica (LLC)

Este enfoque no sólo permite una detección temprana, sino que también beneficia significativamente al paciente en su seguimiento y/o tratamiento mejorando su calidad de vida,

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 070

PORCENTAJE DE HEMOGLOBINOPATIAS HETEROCIGOTAS DETECTADAS EN EL LABORATORIO A PARTIR DE PETICIONES DE HEMOGLOBINAS GLICADAS

Autor/a/s: TERESA MARÍA FERNÁNDEZ ÁLVAREZ; MARÍA CARMEN ARMENTIA GAMARRA; BLANCA ROSA CABRERO FERNÁNDEZ; JON ARDANZA FERNÁNDEZ; CRISTINA MOLINUEVO GARCÍA; ANA ISABEL

MARTÍNEZ MARTÍNEZ; ESTÍBALIZ GALLO RODRÍGUEZ; IDOYA NACARINO GARCÍA; MARÍA ÁNGELES GÓMEZ ÁLVAREZ; MARÍA LORENA ALONSO MATE. Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ÁLAVA (HUA)

Localidad: VITORIA-GASTEIZ

CódigoPostal: 01009

Provincia: ÁLAVA

Correo electrónico primer firmante: teresamf03@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La hemoglobina glicada es una molécula de hemoglobina a la que se le ha unido pasivamente glucosa.

Mediante la realización de un análisis de sangre en el cual el clínico solicita la prueba de hemoglobina glicada y/o seguimiento de diabetes mellitus, nosotros podemos identificar o detectar diferentes variantes de hemoglobina.

OBJETIVOS

Dar a conocer los datos de hemoglobinopatías heterocigotas detectadas desde el laboratorio en el Hospital Universitario de Álava (HUA) durante el año 2025 a partir de hemoglobinas glicadas solicitadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

- Muestra: Sangre total (EDTA dipotásico) en tubo BD vacutainer de 4 mililitros.
- Analizador automatizado de hemoglobina glicada de Tosoh HLC-723 G11 (HORIBA).

1. Hemoglobina Glicada - columna TSK gel G11 variant.

2. Hemoglobinas variantes - columna TSK gel G11 β -thal.

- Técnica empleada: Cromatografía líquida de alta resolución catiónico.

- Software: Gest Lab, Hb Drive y Microsoft Excel.

RESULTADOS

De las 93.666 muestras del año 2025 a las que se les ha realizado la prueba de hemoglobina glicada en nuestro laboratorio, hemos detectado 211 variantes heterocigotas de hemoglobina, lo cual supone 0,23% del total de muestras de pacientes recibidas.

De estas hemoglobinopatías: 61% hemoglobina S, 20% hemoglobina C, 12% hemoglobina D, 4% hemoglobina E, 2% normales y 1% de otras variantes (J-Chicago, Le-Lamentin, J-Baltimore, G-Philadelphia, Alcom).

CONCLUSIONES

Destacar el valor añadido del laboratorio en el diagnóstico de nuevas hemoglobinopatías en base a los resultados obtenidos tras la realización de la hemoglobina glicada; además de proporcionar información extra de gran utilidad al paciente a través de consejo genético.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 071

OPTIMIZACIÓN DE LA DETECCIÓN SIMULTANEA DE CÉLULAS RESIDUALES EN PLASMA FRESCO MEDIANTE CITOMETRÍA DE FLUJO.

Autor/a/s: Vázquez Bertoa, Carmen. Herranz González-Botas, Cristina. Pérez Duarte, Lucía.

Centro de Trabajo: AGENCIA GALLEGA DE SANGRE ORGANOS Y TEJIDOS

Localidad: SANTIAGO DE COMPOSTELA

CódigoPostal: 15702

Provincia: LA CORUÑA

Correo electrónico primer firmante: cvazber@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La cuantificación de células residuales en componentes sanguíneos es un parámetro esencial en el control de calidad del plasma fresco. Los analizadores hematológicos convencionales presentan limitaciones para la detección de concentraciones celulares muy bajas, especialmente tras procesos de filtración. La citometría de flujo se ha consolidado como una técnica de alta sensibilidad para la detección de eventos celulares raros y la cuantificación absoluta mediante el uso de microesferas calibradas.

OBJETIVOS

Validar un método de citometría de flujo para la cuantificación simultánea y absoluta de leucocitos, eritrocitos y plaquetas residuales en plasma fresco, evaluando su sensibilidad, reproducibilidad y aplicabilidad en el control rutinario de calidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

Sangre total citratada fue diluida con plasma fresco filtrado doblemente para conseguir diferentes concentraciones celulares que permitieran realizar las curvas para leucocitos, plaquetas y hematíes. Se empleó el reactivo BD Plasma Count Kit (BD Biosciences), que contiene anti-glicoforina-A (CD235a), que reacciona con una proteína presente en la membrana de los eritrocitos humanos; anti CD41a-, que reconoce el complejo gpIIb/IIIb de las plaquetas; y Naranja de Tiazol como marcador de ácidos nucleicos que penetra en las membranas celulares y se fija al RNA y DNA. Los tubos Trucount, con un número conocido de microesferas, permiten la cuantificación absoluta de las células residuales.

RESULTADOS

El método mostró adecuada linealidad en los rangos de interés clínico para los tres tipos celulares.

Se observó:

- Buena correlación entre valores esperados y obtenidos en eritrocitos residuales.
- Alta concordancia en el recuento de plaquetas dentro de rangos bajos.
- Sensibilidad adecuada para la detección de leucocitos en concentraciones cercanas al límite regulatorio. La reproducibilidad fue consistente, con variaciones intraensayo mínimas.

CONCLUSIONES

La citometría de flujo permite la determinación simultánea, precisa y reproducible de células residuales en plasma fresco, constituyendo una herramienta adecuada para el control de calidad rutinario en bancos de sangre.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 084

IMPLEMENTACIÓN Y GRADO DE SATISFACCIÓN DEL TRATAMIENTO CON PLASMA RICO EN PLAQUETAS EN LAS ÁREAS DE GINECOLOGÍA Y DERMATOLOGÍA DEL HOSPITAL COMARCAL

Autor/a/s: María del Carmen Caravantes Almena / Encarnación Cubero Trujillo / Ana Belén Pedrero Gallego / Antonia Sánchez Gómez

Centro de Trabajo: Hospital Santa Bárbara

Localidad: Puertollano

CódigoPostal: 13500

Provincia: Ciudad Real

Correo electrónico primer firmante: mccaravantess@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El plasma rico en plaqueta es un tratamiento de medicina regenerativa que utiliza una concentración autóloga de plaquetas para liberar factores de crecimiento. Su uso se ha expandido debido a su capacidad para acelerar la cicatrización y regeneración tisular.

OBJETIVOS

Evaluar los resultados clínicos y el nivel de satisfacción de los servicios de ginecología y dermatología, describir el protocolo de obtención y aplicación de plasma rico en plaquetas siguiendo las normativas de calidad e identificar las principales patologías tratadas (sequedad vaginal, alopecias o úlceras cutáneas)

MATERIAL Y MÉTODOS

Sangre del paciente (autólogo). La sangre se extrae del propio paciente para evitar problemas de rechazo y minimizar el riesgo de transmisión de enfermedades.

Anticoagulantes (citrato de sodio). Es el más común ya que previene la coagulación de la sangre durante el proceso de centrifugación, 20 minutos para separar y concentrar las plaquetas.

Se realiza mediante infiltración local en el área a tratar (vaginal/vulvar para ginecología o cutáneo para dermatología) por medio de técnicas estériles y en ocasiones guiadas por ecografía para mayor precisión.

RESULTADOS

Servicios de ginecología se observa: una mejora significativa en la elasticidad y tonicidad de los tejidos, así como el tratamiento de la sequedad vaginal y el fortalecimiento del suelo pélvico. Los especialistas reportan una alta satisfacción debido a la rapidez de la recuperación postquirúrgica.

Servicio de dermatología. Los resultados muestran una eficacia notable en el tratamiento del envejecimiento cutáneo y alopecia (mínimo riesgo de alergia al ser autólogo)

CONCLUSIONES

La experiencia en el hospital Santa Bárbara demuestra que el plasma rico en plaqueta es una alternativa terapéutica eficaz y segura. La satisfacción de los servicios de ginecología y dermatología se fundamenta en la regeneración biológica superior de los tejidos y la ausencia de reacciones adversas graves consolidando esta técnica como un pilar en la cartera de servicios de medicina regenerativa del centro.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 085

FALSA TROMBOCITOSIS POR PRESENCIA DE CRIOAGLUTININAS EN SANGRE

Autor/a/s: FERNANDEZ COELLO, MARIA VICTORIA; VALCARCE DELGADO, HUGO; VILLAR MARTINEZ, MARIA ELENA; MARCOS ALVAREZ, MARIA DEL CARMEN; SOLIS PRADA, ANA MARIA; CAMPOS REY, ROSA MARIA; GONZALEZ ALVAREZ, HECTOR

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

CódigoPostal: 24404

Provincia: LEON

Correo electrónico primer firmante: victoriafcoello@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las crioaglutininas son autoanticuerpos (generalmente IgM) que se unen a los eritrocitos a temperaturas bajas y producen una aglutinación reversible de los hematíes. Esto puede generar alteraciones

analíticas importantes en el hemograma automatizado que pueden no ser reales. Las alteraciones más típicas suelen ser: disminución falsa del recuento de hematíes, aumento falso del VCM, aumento falso del HCM, aumento falso del CHCM, hematocrito falsamente bajo y en cuanto a las plaquetas, lo más frecuente es que provoque una pseudotrombopenia y menos frecuente una trombocitosis.

La presencia de crioaglutininas se observa en patologías como enfermedades primarias por crioaglutininas, infecciones como *Mycoplasma Pneumoniae*, Infección por VEB, Hepatitis C, etc. La sospecha de su existencia y un adecuado protocolo de actuación evita la emisión de resultados falsos.

OBJETIVOS

Resaltar la importancia de la identificación por parte del Técnico del laboratorio de las muestras con crioaglutininas de forma que no se emitan resultados con falsos recuentos plaquetarios.

Demostrar la eficacia de seguir un protocolo de actuación que permita sospechar la presencia de crioaglutininas y realizar las actuaciones necesarias para corregir los resultados falsos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestra de sangre periférica en tubo de EDTA Analizador DXH 900 Coulter Beckman

Estufa a 37^a

Sistema informático MODULAB

Criterios de alarmas y revisión de resultados según protocolos de revisión establecidos en el laboratorio

RESULTADOS

Se realiza un hemograma a una paciente de 55 años que acude al Servicio de Urgencias del Hospital. La paciente estaba diagnosticada de una hepatitis C. Se obtiene un recuento plaquetario de 796000 /uL.

Se generan las alarmas de "superposición de hematíes", "alarma roja en plaquetas", "plaquetas grandes", "curva anómala de plaquetas", "plaquetas con interferencias".

Se realiza una extensión de sangre y se tiñe con May, Grunwald Giemsa y se observa al microscopio la presencia de aglutinación de plaquetas en torno a los hematíes así como aglutinación de hematíes.

Se revisan analíticas previas de la paciente y ante la sospecha de crioaglutininas se procede a seguir el protocolo de actuación: Incubación de la muestra a 37° durante 30-60 minutos y reanalizar.

El resultado obtenido es de plaquetas: 248000/uL.

CONCLUSIONES

La presencia de crioaglutininas en sangre periférica produce falsos resultados en el hemograma que pueden llevar a errores graves y con consecuencias importantes en el tratamiento de los pacientes.

La elaboración de protocolos de actuación ante la sospecha de crioaglutininas, y de unas reglas de revisión de resultados y de actuación, permite detectar y corregir los falsos resultados emitidos por el autoanalizador.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 088

FRECUENCIA DE ANTICOAGULANTE LÚPICO EN UNA POBLACION DETERMINADA: ESTUDIO OBSERVACIONAL

Autor/a/s: REBECA CALVO CRESPO, ALICIA DE LA PRIETA BARTOLOMÉ, MERCEDES GONZALEZ AGUADO, MARIA TERESA GAGO RODRIGUEZ, ROCIO BENEITEZ CARRETERO, MIRIAM SANCHEZ FRANCISCO, MARIA DOMINGA QUINTANA VEGA, LORENA UÑA DURAN, LARA CAROLINE GIRON, RAQUEL CORREA SANCHEZ.

Centro de Trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA CONCHA

Localidad: ZAMORA

CódigoPostal: 49022

Provincia: ZAMORA

Correo electrónico primer firmante: kekabronacalvo@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los anticoagulantes lúpicos (AL) pertenecen al grupo de anticuerpos antifosfolípicos, dirigidos contra fosfolípidos de carga negativa o contra complejos formados por fosfolípidos y proteínas plasmáticas.

Estos anticuerpos interfieren con las pruebas de coagulación dependientes de fosfolípidos, pudiendo producir la prolongación de ensayos como el tiempo de tromboplastina parcial activada (APTT).

Su detección es importante al ser un factor de riesgo para el desarrollo de trombosis venosas y arteriales o problemas gestacionales.

OBJETIVOS

Determinar el número de pacientes con resultado positivo en el estudio de anticoagulante lúpico realizados en el Hospital Virgen de la Concha de Zamora durante un periodo 10 meses.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó a partir de muestras de plasma obtenidas mediante doble centrifugación de sangre recogida en tubos de 5mL con citrato como anticoagulante.

Los análisis se llevaron a cabo en el analizador ACL-TOP 550 mediante método coagulimétrico. Para la determinación del anticoagulante lúpico se empleó la combinación de dos pruebas: el test del veneno de víbora Russel diluido (dRVVT) y el tiempo de coagulación de sílice (Silica Cloting Time, SCT), informándose como positivo cuando se detectaba su presencia en al menos una de las dos pruebas.

RESULTADOS

Durante el periodo del estudio, se analizaron un total de 260 pacientes para la determinación de anticoagulante lúpico. De ellos 197 casos (75'8 %) presentaron resultados negativos, mientras que 37 pacientes (14'2%) fueron positivos. Asimismo, se identificaron 38 casos dudosos o considerados como POSIBLES falsos positivos (14'6%) en los que se solicitó nueva muestra.

CONCLUSIONES

En conjunto, los resultados muestran un claro predominio de pruebas negativas en la población analizada, con una proporción menor de positividad y un número relevante de resultados dudosos, lo que pone de manifiesto la complejidad del estudio analítico del anticoagulante lúpico; siendo de suma importancia una clara interpretación para poder tomar decisiones terapéuticas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 101

IMPLANTACIÓN DE UN PROTOCOLO PARA EL MANEJO DE LA ANEMIA EN RANGO TRANSFUSIONAL EN ATENCIÓN PRIMARIA Y EL DE URGENCIAS DE UN HOSPITAL COMARCAL

Autor/a/s: María del Carmen Caravantes Almena / Encarnación Cubero Trujillo / Ana Belén Pedrero Gallego / Consuelo Gil Fernández

Centro de Trabajo: Hospital Santa Bárbara

Localidad: Puertollano

CódigoPostal: 13500

Provincia: Ciudad Real

Correo electrónico primer firmante: mccaravantess@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En nuestro hospital se transfunden aproximadamente 2000 concentrados de hematíes/año. Entre el 40% y el 50% son solicitados por el

EXTREMA URGENCIA SIN PRUEBA CRUZADA EN EL LABORATORIO DE BANCO DE SANGRE

Autor/a/s: LETICIA BERGUA SANCHEZ, VERA PÉREZ VELVER, VERÓNICA MARTINEZ DE LA PAVA, MARIA TERESA GAGO RODRIGUEZ, LORENA GONZÁLEZ MALILLOS, ROCIO BENÉITEZ CARRETERO, RAQUEL CORREA SÁNCHEZ, MIRIAN SÁNCHEZ FRANCISCO, MARIA DOMINGA QUINTANA VEGA, MARIA ANGELES GOMEZ DOMINGUEZ

Centro de Trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA CONCHA

Localidad: ZAMORA

CódigoPostal: 49029

Provincia: ZAMORA

Correo electrónico primer firmante: Lety221002@hotmail.com

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

La transfusión es un tratamiento de un tejido vivo, y que por lo tanto le confiere de unas características especiales a otros tratamientos médicos,

A pesar de la seguridad transfusional, existen una serie de riesgos, que pueden llegar a ser mortales; pero también hay que tener presente que es un bien escaso y que aunque la donación es altruista, lleva una serie de tareas; extracción, fraccionamiento, conservación, técnicas serológicas y la distribución con llevan un gasto importante.

Dentro del protocolo médico podemos destacar: prevención del choque hipovolémico, el mantenimiento de la oxigenación y la estabilización temporal del paciente

OBJETIVOS

Los objetivos en el laboratorio de Banco de sangre en el Hospital Virgen de la concha de Zamora, es un transfusión de extrema urgencia se centra en la supervivencia del paciente, cuyo fin es: reponer el volumen de sangre perdido, evitar un colapso circulatorio, mantener el flujo sanguíneo hacia el cerebro y corazón principalmente y optimizar el transporte de oxígeno hacia los tejidos frenando el metabolismo anaeróbico y la acidosis

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio se necesitaron:

Bolsas de concentrados de hematíes, grupo O, Rh negativo donde el tiempo para transfusión de la bolsa una vez fuera de la cámara es de 30 minutos. Superado este tiempo, sino se ha transfundido dicha bolsa, será desechada como residuos biosanitarios del grupo III.

Solicitud de extrema urgencia firmada por el medico responsable del paciente

Muestra de sangre del paciente, en tubo de 10ml con anticoagulante EDTA, y la pulsera de identificación del paciente.

Para realizar los cruces de sangre de las peticiones de extrema urgencia, utilizamos el IH-1000 (BIO-RAD)

La determinación del grupo y pruebas de compatibilidad se llevan a cabo mediante la técnica de aglutinación con columna con tarjeta de antiglobulina humana, permitiendo identificar el grupo real del paciente, de forma rápida y segura.

RESULTADOS

Para el estudio realizado y de los resultados obtenidos, se emplea el programa estadístico MedClac v20,106.

El numero total de peticiones a las que se solicitó transfusión de extrema urgencia sin pruebas cruzadas (25 septiembre 2024 - 25 septiembre 2025) fueron 29, de las cuales:

servicio de urgencias, sin embargo, el beneficio de la transfusión es transitorio, ya que la anemia aparecerá en ausencia de un tratamiento etiológico eficaz.

OBJETIVOS

Implantar un protocolo en atención primaria y servicio de urgencias, para gestionar la anemia en rango transfusional, con el objetivo de captar a estos pacientes, agilizar el diagnóstico, mejorar el tratamiento y reducir la necesidad de transfusiones.

MATERIAL Y MÉTODOS

El protocolo se desarrolla en colaboración estrecha con hematología, medicina interna y farmacia.

CRITERIOS DE EXCLUSIÓN: Procesos transfusionales con indicación de extrema urgencia o hemorragia masiva. **CRITERIOS DE INCLUSIÓN:** Pacientes de atención primaria y servicio de urgencias con un nivel de hemoglobina <8 g/dl

ACTIVACIÓN DE PROTOCOLO:

PACIENTE DE ATENCION PRIMARIA: El técnico notifica el caso al hematólogo y a la unidad de coordinación de atención primaria e interna. Se amplía el estudio de anemia según hemograma y registra la activación de protocolo en el SIL. La unidad de coordinación de atención primaria contacta urgentemente con el paciente para evaluar su actitud frente al tratamiento. Si se requiere transfusión urgente se deriva al paciente al servicio de urgencias; de lo contrario, se le evalúa al día siguiente y se deriva a otra especialidad para confirmación y clasificación diagnóstica si fuera necesario. En caso de necesitar transfusión, esta se realiza en el hospital de día.

PACIENTES SERVICIO URGENCIA: El técnico comunica al facultativo de guardia y al servicio de urgencia el valor crítico, registrandolo en el SIL. Se amplía el estudio de anemia según los valores obtenidos en el hemograma. Si se sospecha de anemia ferropénica se amplía el estudio completo por sospecha de déficit de hierro, si se sospecha por anemia megaloblástica se amplía el estudio de B12 y Folato.

RESULTADOS

En 3 meses desde la implantación del protocolo hemos tenido 69 casos que cumplían criterios de inclusión: 40 del servicio de urgencias y 29 de atención primaria. Activándose el protocolo en el 37,5% y 100% de los casos respectivamente:

- El Nº de estudios de anemias realizados/Nº de pacientes captados en el proceso fue: 60% en servicio de urgencias y 73,3% en atención primaria

- La Unidad de Coordinación de Atención Primaria valoró valoro 93,3% de los pacientes de servicios de urgencias y 90% de atención primaria.

- Recibieron transfusión:

Urgente: 100% pacientes del servicio de urgencias, 44% de pacientes de atención primaria.

Diferida: 36% pacientes de atención primaria..

- No recibieron transfusión: 20% pacientes en atención primaria.

- Numero de feroterapia: 2,5% pacientes de servicio de urgencias, 8% paciente de atención primaria.

CONCLUSIONES

En atención primaria el protocolo se está implantando casi al 100%. Sin embargo en el servicio de urgencias no se están alcanzando los objetivos esperados, posiblemente debido a la evaluación retrospectiva de los casos, lo que señala un área de mejora. Dado que el protocolo está en sus primeros meses de implementación, es crucial seguir monitorizando su efectividad en ambos entornos y mantener una comunicación abierta y una colaboración estrecha entre los diferentes servicios involucrados para optimizar el funcionamiento del protocolo y alcanzar los objetivos establecidos.

- Hombres 19, (65.5%)
- Mujeres 10 (34.5%)
- Peticiones donde la transfusión fue ejecutada 13 (45%)
- Transfusiones no realizadas 16 (55%)

CONCLUSIONES

En este estudio hemos comprobado que la mayor incidencia de transfusiones de extrema urgencia se ha realizado en hombres de corta o mediana edad, mientras que hombres de mayor edad, las causas son hemorragias digestivas altas.

De las 16 peticiones no finalizadas, la transfusión no se llevó a cabo, porque se estabilizó al paciente o su hemoglobina no indicaba protocolo de transfusión de extrema urgencia (O, Rh-), lo que demuestra una estrategia clínica de activación precoz para garantizar la supervivencia del paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 103

ALOADSORCIÓN DIFERENCIAL CON PEG EN LA IDENTIFICACIÓN DE ALOANTICUERPOS MÚLTIPLES: RESOLUCIÓN DE UN CASO COMPLEJO

Autor/a/s: Isabel González Rieiro

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario A Coruña

Localidad: A Coruña

CódigoPostal: 15006

Provincia: A Coruña

Correo electrónico primer firmante: isisrie@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las pruebas pretransfusionales permiten detectar anticuerpos irregulares de interés clínico, esenciales para la seguridad transfusional. Tras su detección es necesario determinar su especificidad, que puede corresponder a uno o varios aloanticuerpos. Aunque lo más habitual es la presencia de uno solo, en ocasiones se identifican mezclas que dificultan el estudio serológico, con implicación frecuente de anticuerpos de los sistemas Rh y Kell. La aloadsorción diferencial con polietilenglicol (PEG) constituye una herramienta útil para la separación e identificación de aloanticuerpos en muestras con reactividad compleja.

OBJETIVOS

Describir la aplicación de la aloadsorción diferencial con PEG como método de separación inmunológica en la resolución de una muestra con sospecha de mezcla de aloanticuerpos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recibe en el Servicio de Transfusiones solicitud de estudio pretransfusional de paciente mujer de 62 años, sin antecedentes transfusionales, programada para cirugía por prolapso uterino. Se utilizó muestra en EDTA centrifugada 5 minutos a 3500 rpm. Se emplearon tarjetas de aglutinación en columna de Ortho Clinical Diagnostics: ABOD/D (grupo ABO y RhD), Rh/K Fenotipo (Rh y Kell), AHG poliespecífica (EAI, Coombs directo, estudio de autoanticuerpos e identificación en Panel C Coombs de 11 células) y Neutral para Panel C Enzimas de 11 células (estudio enzimático para diferenciación de especificidades). El procesamiento se realizó en VISION® (Ortho Clinical Diagnostics).

RESULTADOS

Preadsorción con PEG

Grupo: ARhD positivo Fenotipo Rh/K: C+, c-, E-, e+, K- Escrutinio de Ac. Irregulares: Célula I: 0 Célula II: 3+ Célula III: 1+ Autocontrol (Prueba de Autoanticuerpos): Negativo Coombs Directo: Negativo

Panel C Coombs: C1: 0 C2: 0 C3: 3+ C4: 1+ C5: 0 C6: 3+ C7: 2+ C8: 2+ C9: 1+ C10: 1+ C11: 0

Panel C Enzimas: C1: 0 C2: 0 C3: 3+ C4: 3+ C5: 2+ C6: 4+ C7: 3+ C8: 3+ C9: 3+ C10: 3+ C11: 0

Postadsorción con PEG Panel C Coombs: Cell-1: 0 Cell-2: 0 Cell-3: 3+ Cell-4: 0 Cell-5: 0 Cell-6: 3+

El estudio pretransfusional mostró cribado positivo y reactividad heterogénea en el panel de identificación en fase AHG, con intensidades variables y refuerzo enzimático, patrón sugestivo de presencia de anti-c. El fenotipo eritrocitario de la paciente (C+, c-, E-, e+, K-) indicaba susceptibilidad para desarrollar anticuerpos frente a los antígenos c y E. Ante la sospecha de coexistencia de anti-c y anti-E, se realizó aloadsorción diferencial con polietilenglicol (PEG) empleando hematíes tipados c+ / E-. El PEG actúa como potenciador, favoreciendo la unión antígeno-anticuerpo y permitiendo que los hematíes c+ adsorban selectivamente el anti-c presente en el plasma, al expresar dicho antígeno y carecer de antígeno E. Tras la adsorción se repitió el panel en fase AHG, observándose la desaparición de la reactividad atribuible al anti-c y la persistencia de positividad en células portadoras de antígeno E, confirmando la presencia de anti-E. La comparación de los patrones pre y post-adsorción permitió objetivar la coexistencia de anti-c y anti-E como responsables de la reactividad serológica compleja.

CONCLUSIONES

La aloadsorción diferencial con PEG permitió resolver una reactividad serológica compleja y confirmar la coexistencia de anti-c y anti-E en una paciente sin antecedentes transfusionales.

La eliminación selectiva del anti-c evidenció la especificidad anti-E residual, facilitando la correcta identificación inmunohematológica y la selección de concentrados eritrocitarios compatibles (c-/E-), garantizando la seguridad transfusional.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 105

DETECCIÓN DE LA HBVAR POSITIVA EN UNA ANALÍTICA RUTINARIA EN EL ÁREA DE HEMATIMETRÍA

Autor/a/s: Florencio da Silva, Francivone; Cerezuela Filgueras, Estela; Sánchez Parrilla, Rafael

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Juan 23

Localidad: Tarragona

CódigoPostal: 43006

Provincia: Tarragona

Correo electrónico primer firmante: francivonenatal@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las hemoglobinopatías estructurales son un gran grupo de enfermedades ocasionadas por mutaciones puntuales que conducen a la síntesis de cadenas de globina anómalas, dando lugar a variaciones de la hemoglobina (Hb S, Hb C, Hb E, Hb D). Entre ellas, destaca por su frecuencia la hemoglobina S, implicada en su forma homocigota en la anemia falciforme.

Los analizadores ADAMS A1c HA-8190V emplean el principio de intercambio iónico para separar las fracciones de Hb en pacientes que presentan una variante, el equipo detecta un pico anómalo en el cromatograma que permite la identificación o la sospecha de estas alteraciones estructurales de la hemoglobina (Hb S, C, D, E) durante la medición de la HbA1c en la monitorización de pacientes diabéticos en una analítica de rutina, una prueba cada vez más frecuente.

OBJETIVOS

Detección precoz e identificación de variantes de las hemoglobinas estructurales en una analítica rutinaria de hospital y atención primaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó con los datos recogidos en un año, desde enero de 2025 hasta diciembre de 2025. En total se analizaron un total de 297 muestras de sangre total anticoagulada con ácido etilendiaminotetracético (EDTA) de pacientes de hospital y atención primaria con la detección de un pico anómalo de hemoglobina, en el Laboratorio Clínico ICS Camp de Tarragona. La técnica se realizó con el autoanalizador ADAMS A1c HA-8190V (Arkray).

El proceso se basa en el uso de los siguientes reactivos:

Eluent 90A: Tampón de baja fuerza iónica, su función es eluir fracciones más rápidas y menos retenidas como por ejemplo la HbA1c.

Eluent 90B: Su fuerza iónica es intermedia, facilitando el desplazamiento de la Hb mayoritaria (HbA0) permitiendo la transición hacia las variantes. Eluent 90CV: Es un buffer de alta fuerza iónica, su principal función es iniciar la migración en la columna (separación química por carga eléctrica). Washing Solution 90H: Tiene dos funciones, primero hemoliza la membrana de los hematíes para liberar la Hb en la cámara de mezcla, segundo, lava el sistema de aspiración y la aguja para el siguiente ciclo.

RESULTADOS

De las 297 muestras analizadas, el 28,6% han sido nuevos casos detectados. Es un porcentaje significativamente alto, de los cuales el 55,3% son mujeres y el 44,7% está asociado a los hombres. Cabe destacar también que la mayoría de detecciones de nuevos casos está en el rango de edad de entre 40 y 59 años, sumando un 48,23% del total, seguido por el rango de entre 20 y 39 que formaría un total de 30,58%. Las edades en las que menos se ha detectado un nuevo caso son de 0-19 años, con un porcentaje de 5,88%, y de 60 a 79 años, con un 15,29%.

Con todas estas muestras se activó el protocolo interno de actuación ante una HbVar positiva, ampliando la petición con un estudio morfológico, análisis de reticulocitos, hemograma, si no estaba ya solicitado en la petición original, y un estudio de hemoglobinopatías.

CONCLUSIONES

De los 28,6% positivos, existe una ligera prevalencia en mujeres (53,3%) frente a los varones (44,7%), se observa que el grupo de edad mayoritario está entre 40 a 59 años (48,23%), seguida de la población más joven de 20 a 39 años (30,58%). El mayor número de análisis entre los 40 y 59 años podría estar causado por la mayor incidencia de diabetes de tipo 2 en esta franja de edad, lo que se traduciría en un mayor número de controles de hemoglobina glicosilada. La activación de protocolo interno asegura así el diagnóstico bajo la supervisión del servicio de Hematología.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 108

CONTROL DE CALIDAD DE PROGENITORES HEMATOPOYÉTICOS MEDIANTE ENSAYOS CLONOGÉNICOS EN EL CONTEXTO DEL TRASPLANTE ALOGÉNICO. COMPARACIÓN FUNCIONAL DE PROGENITORES FRESCOS VERSUS CRIOPRESERVADOS.

Autor/a/s: Rebeca Ortega Herrera, Mayte García Antúnez, Ana Gómez De La Torre Armenteros, Concepción Rodríguez Serrano, Cristina Díaz Pescador, Silvia Preciado Pérez, Martín Gómez Redondo, Rocío Sánchez Carrera, Estrella Arnés Moreta, Sandra Muntión Olave.

Centro de Trabajo: UNIDAD DE TERAPIA CELULAR. HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA. CAUSA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: rortega@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los ensayos clonogénicos son cultivos "in vitro" de células progenitoras o unidades formadoras de colonias (CFU), con el fin de valorar su capacidad proliferativa y de diferenciación. En el contexto del trasplante alogénico de médula ósea nos permiten evaluar la funcionalidad y el potencial de las células progenitoras hematopoyéticas del donante antes del trasplante.

En la unidad de Terapia celular del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca se realizan estos cultivos de colonias como control de calidad del Banco de Sangre para los progenitores.

OBJETIVOS

En los casos en que los progenitores hematopoyéticos requieren ser criopreservados para almacenarlos hasta el día de la infusión, nos proponemos evaluar si este proceso puede comprometer la calidad del injerto. Queremos comparar y cuantificar la capacidad de formar colonias in vitro del producto viable descongelado frente al producto en fresco.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los progenitores hematopoyéticos se extraen mediante aféresis del donante en el banco de sangre o provienen de otro centro Stem Cell. Una vez recepcionados en el laboratorio de Terapia Celular se cuentan y se cultivan en medios semisólidos estandarizados para el cultivo de colonias, los cuales contienen factores de crecimiento para estimular la proliferación y diferenciación de progenitores mieloides.

Plantamos 25.000 células en 500 microlitros de medio, en un pocillo en placas de 24 pocillos. Tras 14 días de incubación en condiciones estándar (37°C, 5% CO₂, 90% humedad) procedemos al recuento de las colonias, diferenciando por su morfología colonias granulomonocíticas (CFU-GM), eritroides (CFU-E) y colonias mixtas (CFU-GEMM). El recuento de cada tipo de colonias se determina por cada 100.000 células en cultivo.

Para el análisis estadístico y los gráficos se ha utilizado el programa GraphPad Prism8.

RESULTADOS

Analizamos los ensayos clonogénicos de 15 pacientes a los que se les ha infundido progenitores en fresco y tras varios días de congelación los progenitores descongelados.

Los progenitores descongelados han permanecido criopreservados una media de 14 días. En un rango entre 7 y 31 días, no evidencian pérdida de calidad del producto.

No se observaron diferencias significativas en el conteo de los distintos tipos de colonias entre los dos grupos de estudio. Sin embargo, se observó una ligera tendencia al alza en el recuento de las colonias eritroides en el producto descongelado.

CONCLUSIONES

Los cultivos de colonias de progenitores hematopoyéticos son una herramienta adecuada como control de calidad en el trasplante alogénico, ya que la cuantificación de los distintos tipos de colonias se relaciona directamente con la capacidad de proliferación y diferenciación del injerto.

La criopreservación a corto plazo no afecta a la calidad de los progenitores hematopoyéticos, no evidenciando pérdida de la capacidad clonogénica de cara al trasplante alogénico de Médula Ósea.

LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA CON MADURACIÓN (M2 DE LA FAB), A PROPÓSITO DE UN CASO CLÍNICO.

Autor/a/s: María Lorena Alonso Maté, Ana Isabel Martínez Martínez, Teresa María Fernández Álvarez, María Carmen Armentia Gamarra, María Ángeles Gómez Álvarez, Idoia Nacarino García, María Sol Bilbao Ruiz, Laura Ruiz de Ocenda Vélez de Mendizabal, Mónica Mera Vázquez, Marta Ajuria Comunión.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ÁLAVA

Localidad: VITORIA-GASTEIZ

CódigoPostal: 01009

Provincia: ÁLAVA

Correo electrónico primer firmante: lorena.alonsomate@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las leucemias mieloides agudas (LMA) son el resultado de la proliferación de un clon de células inmaduras o blastos mieloides, que son incapaces de progresar a etapas propias de su maduración, crecen de manera incontrolada e invaden la médula ósea.

Esta infiltración blástica impide el crecimiento y maduración de los precursores hematopoyéticos normales, es decir, series granulocítica, eritroblástica y megacariocítica, por lo que los síntomas que presentan los pacientes son infecciones, anemia, hemorragias o una combinación de varios de ellos.

En la mayoría de los pacientes aparecen células blásticas en sangre periférica, que pueden ser mieloblastos, monoblastos, megacarioblastos o una población blástica mixta.

OBJETIVOS

Describir el caso clínico de un paciente que acude a urgencias por ashenia y todas las pruebas de laboratorio que se hicieron para llegar al diagnóstico de LMA con maduración (M2 de la FAB) y su tratamiento.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio sangre periférica:

- Descripción morfológica.

Estudio aspirado médula ósea:

- Observación microscópica x10.

- Observación microscópica x100.

- Descripción morfológica.

Tinciones.

Inmunofenotipo.

FISH.

Biología molecular.

Panel NGS patología mieloides (LMA, SMD Y NMP) Y LLA.

RESULTADOS

Paciente varón de 62 años que acude a urgencias por ashenia.

ANALÍTICA: Hemograma: Hemoglobina: 7,0 g/dl, VCM: 111,0 fl, plaquetas: 63 x 10³/μl y leucocitos totales: 14,50 x10³/μl.

MORFOLOGÍA EN SANGRE PERIFÉRICA: Neutrófilos con hiposegmentación nuclear, clumping cromatínico e hipogranulación citoplasmática; se observan, además, algunos elementos con alteraciones en la distribución de la granulación. Se observa un 8% de células de aspecto inmaduro, tamaño mediano-grande, alta relación núcleo/citoplasma, núcleo regular y cromatina laxa con citoplasma de aspecto basófilo y presencia de ocasionales Bastones de Auer. No se observan astillas.

Se realiza aspirado de MO como parte del estudio de sospecha de SMD vs Leucemia Aguda.

MEDULOGRAMA: Aspirado medular hiper celular para la edad del paciente, megacariopoyesis disminuida sin evidenciarse aparentes rasgos dismegacariopoyéticos (<50%) y evidenciándose un 27% de infiltración morfológica medular por células blásticas y equivalentes blásticas (mieloblastos + monoblastos + promonocitos), fundamentalmente a expensas de mieloblastos y objetivándose, además, un leve incremento concomitante de la serie monocítica madura (9,5%), una marcada eosinofilia medular (14,5%), así como la presencia de rasgos disgranulopoyéticos significativos (>50%) en la serie granulocítica neutrófila madura evaluada, siendo concordante citológicamente con Leucemia Mieloides Aguda con Maduración (M2FAB).

TRATAMIENTO: El tratamiento inicial para la LMA generalmente consiste en un esquema de quimioterapia conocido como 3+7, que incluye una antraciclina (daunorrubicina, en este caso) administrada durante 3 días y citarabina durante 7 días.

CONCLUSIONES

El **DIAGNÓSTICO** de este caso clínico corresponde con una leucemia Mieloides Aguda con Maduración, M2 de la clasificación FAB (Grupo Cooperativo Franco Americano Británico). Este subtipo constituye alrededor del 30% de todos los casos de LMA.

El **TRATAMIENTO** inicial para la LMA generalmente consiste en un esquema de quimioterapia conocido como 3+7, que incluye una antraciclina (daunorrubicina, en este caso) administrada durante 3 días y citarabina durante 7 días. Este enfoque busca lograr una remisión completa.

ADMINISTRACIÓN SUBCUTÁNEA DE GRÁNULOS SECRETORES PROTEICOS COORDINADOS CON ZINC PARA LIBERACIÓN SOSTENIDA Y TARGETING TUMORAL EN MODELO MURINO CXCR4+

Autor/a/s: Luis Carlos Navas, Patricia Álamo, Héctor López-Laguna, Marianna T.P. Favaro, Alberto Gallardo, Lorena Alba-Castellón, Antonio Villaverde, Ramon Mangues, Esther Vázquez.

Centro de Trabajo: Institut de Recerca Sant Pau - Centre CERCA

Localidad: BARCELONA

Código Postal: 08041

Provincia: BARCELONA

Correo electrónico primer firmante: lnavas@santpau.cat

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La liberación sostenida de proteínas terapéuticas continúa siendo un desafío en el desarrollo de sistemas de administración de fármacos para mantener niveles terapéuticos adecuados, lo que limita su eficacia y su uso en la clínica. Como alternativa, se han desarrollado gránulos secretores formados exclusivamente por proteína mediante coordinación reversible entre iones Zn²⁺ y residuos histidina (His-tag), generando micro depósitos con capacidad de liberación sostenida sin matrices externas.

OBJETIVOS

Evaluaremos la influencia de la vía de administración (subcutánea, intramuscular e intraperitoneal) de una proteína recombinante dirigida a CXCR4 formulada en gránulos secretores. Además, estudiaremos la biodistribución, liberación sostenida desde el punto de inyección y su acumulación tumoral.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizó la proteína modular recombinante T22-GFP-H6 y los gránulos se generaron incubando la proteína soluble (2 mg/ml) con ZnCl para inducir su agregación. Para el estudio in vivo se utilizaron ratones hembra de la cepa Swiss Nude con xenoinjertos derivados de la muestra de paciente M5 de cáncer colorrectal CXCR4+. Se administró una dosis única de los gránulos secretores (1 mg) por vía subcutánea (SC), intramuscular (IM) o intraperitoneal (IP). La proteína soluble intravenosa (IV) también se administró con una dosis única de 1 mg y se utilizó como control. La biodistribución y la captación tumoral se analizó ex vivo en riñón, hígado, tumor y punto de inyección mediante el registro de fluorescencia con el IVIS Spectrum a 1 y 10 días post administración. Por inmunohistoquímica se verificó la sobreexpresión de CXCR4+, se analizó la acumulación de la proteína en tumor mediante la detección de GFP y se evaluó la liberación de T22-GFP-H6 a través del sistema linfático utilizando la podoplanina. Por último, se realizaron estudios histológicos para determinar la toxicidad mediante H&E.

RESULTADOS

Los gránulos formaron micropartículas de 10–30 µm con estructura amiloide reversible y liberaron aproximadamente un 32% de proteína soluble en 24 h in vitro. In vivo, la proteína soluble mostró un aumento de la señal tumoral en el día 1 con una disminución en el día 10. En contraste, los gránulos mantuvieron señal tumoral hasta el día 10 en todas las vías evaluadas. La administración subcutánea mostró la mayor acumulación y permanencia tumoral, con incrementos de hasta cinco veces respecto a la proteína soluble por la misma vía. Aproximadamente un 30% del depósito subcutáneo permanecía detectable a día 10 en el punto de inyección. La inmunohistoquímica evidenció el transporte linfático de la proteína liberada en los vasos linfáticos. La reacción inflamatoria en el punto de inyección fue leve y reversible.

CONCLUSIONES

Los gránulos secretores basados en la interacción Zn–His constituyen una plataforma proteica reproducible de liberación sostenida. La vía subcutánea optimiza la estabilidad del depósito, la liberación progresiva desde el punto de inyección y la acumulación tumoral prolongada. Esta estrategia representa una alternativa técnicamente sencilla y sin vehículos externos para la administración sostenida de proteínas dirigidas. Por lo tanto, esta aproximación permite aumentar la eficacia terapéutica y disminuir la frecuencia de administración.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 117

ESTUDIO ANTICUERPOS IRREGULARES, IDENTIFICACIÓN Y TITULACIÓN DURANTE EL PERIODO 2021-2025 EN EL LABORATORIO DE RUTINA CATLAB

Autor/a/s: Redondo López Laura, Muñoz Hortiguera Sara, Nonis Márquez Sofía Ayelén, Villalba Hernández Teresa

Centro de Trabajo: Catlab, Centre Analítiques Terrassa, AIE. Viladecavalls (Barcelona)

Localidad: Viladecavalls

Código Postal: 08232

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: lidocain80@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La prueba de Coombs indirecta (TCI) se realiza para detectar anticuerpos irregulares en el suero o plasma del paciente, es decir, anticuerpos que reaccionan contra antígenos presentes en los hematíes.

Como estos antígenos no pertenecen a los hematíes propios del individuo, los anticuerpos se denominan aloanticuerpos. Se originan si la persona se expone a antígenos extraños, algo que sucede tras transfusiones de sangre, embarazos y, con menor frecuencia, trasplantes de órganos. Desde el punto de vista clínico, un TCI positivo puede tener relevancia en pacientes que van a recibir una transfusión, ya que podría producirse una reacción hemolítica si los glóbulos rojos transfundidos contienen el antígeno correspondiente. En mujeres embarazadas, estos anticuerpos pueden atravesar la placenta y reaccionar con los hematíes del feto, con riesgo de provocar enfermedad hemolítica neonatal.

OBJETIVOS

Analizar los resultados del TCI en nuestro laboratorio entre septiembre de 2021 y diciembre de 2025, el número total y el porcentaje de resultados positivos.

En aquellos con TCI positivo, conocer su especificidad encontrada y la titulación de estotest.

Comparación de los datos de este periodo con el estudio realizado en 2016 en nuestro centro.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestras recibidas en el laboratorio de rutina (479984 hemogramas y 10828 TCI en 2025, con un 60% de actividad correspondiente a analíticas de atención primaria).

El TCI se realiza mediante técnica automática (sistema IH-500 de Biorad), con células ID DiaCell I-II-III (3 células) y la identificación de anticuerpos irregulares con el panel ID Dia Panel de 11 células y ID-Diluent2 for IH Analyzer. Una vez identificado, se procede de forma también automática a la titulación de dicho anticuerpo.

No se realiza screening ni identificación en fase enzimática.

Realizamos un análisis retrospectivo de resultados obtenidos en el periodo comprendido entre 2021 y 2025. En el periodo 2013-2016 con el que nos comparamos los analizadores (Autovue) y los reactivos y tarjetas, eran de Orthodiagnosics.

RESULTADOS

En el periodo 2021-2025 se realizaron en nuestro laboratorio de rutina (sin actividad transfusional) 43573 test de Coombs indirecto. El 98.80 % se realizaron a mujeres (en su mayor parte controles durante la gestación) y el 1.19% se efectuaron a hombres. El 98.26% de los hombres y el 96% de mujeres tuvieron un resultado negativo. Solo se detectaron 6% TCI positivos. Por especificidad, los 4 hallazgos más frecuentes fueron:

Anti-D en un 76%, Anti-M en un 5.9% ,Anti-E en un 2.32% y Anti-Lea 2.09%. El resto de anticuerpos identificados es inferior al 2%.

Respecto a la titulación del Anti-D, desde el laboratorio avisamos al servicio de obstetricia a partir de una titulación superior a 1/16, durante este periodo solo hemos detectado valores superiores en 57 casos. La titulación más habitual detectada para anti-D es de 1/4.

Se han detectado 18 Anti-c y 13 Anti-K . Se han avisado en todos los casos, indistintamente de su titulación.

En el caso de los estudios remitidos a centro de referencia (BST), se registró un 21.4% de TCI negativos, un 11.7% de positividad para Anti-D y un 9.18% para Anti-M. Asimismo, se observó que aproximadamente el 26% de los casos presentaron resultados dudosos o sin especificidad aparente.

Comparando con el estudio realizado en 2016, se aprecia una disminución en el total de TCI positivos (del 5.91 al 4.75%) y de los anticuerpos detectados con mas frecuencia los porcentajes son similares excepto el Anti-Lea (disminuye de un 4% a un 2%), pero es un alo anticuerpo sin trascendencia en la enfermedad hemolítica neonatal.

CONCLUSIONES

El test de Coombs indirecto y la identificación de anticuerpos irregulares en gestantes es fundamental para prevenir la enfermedad hemolíticaneonatal.

El anticuerpo identificado con mayor frecuencia es el Anti-D con baja titulación, secundario a la administración profiláctica de Anti-D a las gestantes.

El porcentaje de TCI positivo fue ligeramente inferior al estudio de 2016, y las especificidades detectadas son similares al estudio previo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 121

AUMENTO DE SOLICITUDES DE PLASMA RICO EN PLAQUETAS AUTOLOGO Y AUMENTO DE SERVICIOS PETICIONARIOS

Autor/a/s: MARIA JOSE DIAZ VALDES

Centro Trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO A CORUÑA

Localidad: A CORUÑA

CódigoPostal: 15006

Provincia: A CORUÑA

Correo electrónico primer firmante: mariadiazvaldes@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El uso de los llamados “Factores de crecimiento” y sus fracciones, ha experimentado un notable crecimiento en la última década en muchas y diversas patologías. De todos ellos el más usado es el empleo de los factores de crecimiento de origen plaquetario, conocido como “Plasma Rico en Plaquetas Autólogo (PRPA)

En nuestro hospital el proceso (PRPA) es en sistema cerrado, es decir, es una técnica que utiliza un sistema cerrado en todas las fases de obtención del PRPA, desde la extracción de sangre hasta disponer del producto listo para administrar. Se realiza a partir de una donación autóloga de de sangre total, para su administración local según patología. El .protocolo permite la obtención de 3 alícuotas de 10 ml a partir de una donación de sangre total de 150ml.

OBJETIVOS

El servicio de transfusión proporciona (PRPA) a los servicios peticionarios del complejo y el objetivo de este estudio es comprobar el aumento de solicitudes y el aumento de los diferentes servicios que lo solicitan en nuestro hospital desde 2022 hasta Febrero 2026

MATERIAL Y MÉTODOS

- Periodo analizado 2022 hasta Febrero 2026
- Realizado estudio retrospectivo de las solicitudes de (PRPA) de los distintos servicios hospitalarios durante ese periodo
- Los datos del estudio fueron obtenidos a través del listado de planificación de citas que tenemos desde el servicio de transfusión y del sistema de gestión de datos e-Delphyn

RESULTADOS

- En el año 2022 se solicitaron 239 peticiones de PRPA de las que se obtuvieron 711 alícuotas de plasma rico en plaquetas
- En el año 2023 se solicitaron 396 peticiones de PRPA de las que se obtuvieron 1118 alícuotas de plasma rico en plaquetas
- En el año 2024 se solicitaron 480 peticiones de PRPA de las que se obtuvieron 1440 alícuotas de plasma rico en plaquetas
- En el año 2025 se solicitaron 557 peticiones de PRPA de las que se obtuvieron 1671 alícuotas de plasma rico en plaquetas
- En cuanto a los servicios peticionarios en el 2022 se realizaron 181 peticiones de Traumatología , de Rehabilitación 43 y de Maxilofacial

15

- En el 2023 en Traumatología se realizaron 237peticiones, de Rehabilitación 118 y en Maxilofacial 41
- En el 2024 en Traumatología se realizaron 290 peticiones, de Rehabilitación 132 y en Maxilofacial 58
- En el 2025 en Traumatología se realizaron 310 peticiones, de Rehabilitación 185 y en Maxilofacial 62
- En enero y febrero del 2026 se realizan 73 peticiones de los que se obtuvieron 219 alícuotas de plasma rico en plaquetas . Siendo 42 peticiones de Traumatología , 21 de Rehabilitación y 10 de Maxilofacial

CONCLUSIONES

El estudio muestra un incremento de las peticiones de Plasma Rico en Plaquetas del 66%

Y aunque en el 2022 casi la totalidad de solicitudes eran de Traumatología, también se observa en el 2023-2024-2025 un aumento ,tanto en el servicio de Rehabilitación y Maxilofacial, que continua creciendo en los meses de enero y febrero del 2026.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 126

FIBRINÓGENO COMO MARCADOR EN PROCESOS INFECCIOSOS

Autor/a/s: MARÍA DOMINGA QUITANA VEGA , MARÍA DEL ROCIO BENEITEZ CARRETERO, MARÍA ANGELES GÓMEZ DOMINGUEZ, RAQUEL CORREA SÁNCHEZ, REBECA CALVO CRESPO, VERA PEREZ BELVER, LETICIA BERGUAS SÁNCHEZ, LORENA UÑA DURAN, RAQUEL QUINTANA VEGA, MIRIAN SÁNCHEZ FRANCISCO.

Centro de Trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA CONCHA

Localidad: ZAMORA

CódigoPostal: 49021

Provincia: ZAMORA

Correo electrónico primer firmante: mariaquinve@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El fibrinógeno es una glucoproteína plasmática sintetizada en el hígado que desempeña un papel fundamental en la hemostasia, actuando como precursor de la fibrina en la cascada de la coagulación . Sin embargo, más allá de su función clásica en la formación del coágulo ,el fibrinógeno se comporta como una proteína de fase aguda cuya concentración plasmática aumenta significativamente en respuesta a procesos inflamatorios é infecciosos.

Esta elevación está mediada principalmente por citoquinas proinflamatorias como la interleucina-6, que estimula su síntesis hepática.

En el contexto de la infección, la activación del sistema inmunitario desencadena una compleja interacción entre los mecanismos inflamatorios, la coagulación y la respuesta leucocitaria .

OBJETIVOS

Analizar la relación entre las alteraciones en los distintos perfiles leucocitarios asociadas a infección y las variaciones en los niveles plasmáticos de fibrinógeno ,con el objetivo de explorar su posible valor como marcador complementario de respuesta inflamatoria y gravedad clínica.

MATERIAL Y MÉTODOS

MUESTRAS: Plasma con citrato de sodio para el estudio del fibrinógeno, sangre total con EDTA para el recuento celular. MATERIAL: ACLTOP 350 CTS WERFEN, procesado del fibrinógeno, SYSMEX R=10 Contador de Células.

MÉTODO: Se revisan peticiones analíticas solicitadas en el laboratorio de urgencias de pacientes observando las variaciones en el recuento y en la distribución de los distintos subtipos de leucocitos, como neutrófilos, linfocitos o monocitos, constituyen marcadores fundamentales de la respuesta frente a agentes infecciosos y pueden correlacionarse con cambios en los niveles de fibrinógeno.

En el estudio de pacientes del servicio de urgencias del HOSPITAL VIGEN DE LA CONCHA en Zamora, relacionando : Leucocitos totales, porcentaje y valor absoluto de neutrófilos , valores plasmáticos de fibrinógeno.

En la equiparación se observó que pacientes con leucocitosis y neutrofilia ,el fibrinógeno se encontraba elevado en el plasma, valores de referencia: Leucocitos totales: $4-10 \times 10^3/\text{mm}^3$, Neutrófilos: 40-70% , $2.0-7.5 \times 10^3/\text{mm}^3$, Fibrinógeno 250-500 mg/dl

RESULTADOS

En 50 pacientes a estudio:

- De 22 de los pacientes con valores de leucocitos totales normales y neutrofilia, 10 de ellos tenían aumentado el fibrinógeno en plasma y uno normal; mientras en los 9 restantes el porcentaje de neutrófilos y fibrinógeno está dentro de los rangos de referencia.

- En los 28 pacientes con leucocitosis y neutrofilia, 20 tienen el fibrinógeno elevado y en el resto el número de leucocitos y el fibrinógeno cuentan con valores normales.

De los 50 pacientes según los análisis comparados el porcentaje de pacientes con fibrinógeno elevado va acompañado con neutrofilia.

CONCLUSIONES

Esta interrelación del fibrinógeno refleja la estrecha conexión entre inflamación , inmunidad y hemostasia, configurando un eje patológico clave en la evolución tanto en infecciones agudas como crónicas elevándose debido a la actuación del sistema inmunitario y de la cadena inflamatoria; siendo una reacción del organismo ante la agresión de los microorganismos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 131

HEMATOLOGIA: EXPERIENCIA CON SISTEMAS DE MORFOLOGÍA DIGITAL TIPO CELLAVISION

Autor/a/s: Laura Ruiz de Ocenda Velez de Mendizabal, Erika Asamoah Sebbe, Leidy Garcia Bedoya, Leire Perez de Mendiola Morales, Lucia Gastón Ibañez de Garayo, Marta Ajuria Comunión, Miren Zuriñe Arranz Díaz de Zugazua, Monica Mera Vazquez, Rut Ordoñez Ruiz

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Araba sede Txagorritxu

Localidad: Itoia Gasteiz

Código Postal: 01009

Provincia: Alava

Correo electrónico primer firmante: zarri100@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El análisis morfológico del frotis sanguíneo es una técnica fundamental en el diagnóstico de enfermedades hematológicas, infecciosas y neoplásicas.

Tradicionalmente, éste análisis se realiza mediante microscopía óptica manual, un proceso que depende en gran medida de la experiencia del observador que requiere un tiempo considerable de revisión manual, lo que puede generar retrasos en los resultados. Debido a ello, en los últimos años la digitalización del laboratorio clínico ha permitido el desarrollo de sistemas automatizados de análisis celular basados en imágenes, como CellaVision, que combinan microscopía

digital con algoritmos de clasificación celular.

OBJETIVOS

Automatizar, estandarizar y simplificar el examen morfológico de los frotis de sangre periférica. Diferenciación y clasificación de las células de la serie blanca y revisión morfológica de la serie roja. Recuento y observación de la serie plaquetaria.

Almacenamiento digital de imágenes para revisión, docencia y telemedicina. Evaluar la utilidad del CellaVision como herramienta de apoyo.

MATERIAL Y MÉTODOS

Sangre total EDTA, Micropipeta y punta, Portaobjetos, Extensor, Tinción de May-Grünwald Giemsa, CellaVision.

1. Una vez realizado el hemograma si la muestra cumple con alguno de los criterios establecidos, proceder a realizar la extensión de la misma.
2. Recoger 5 microlitros de sangre total EDTA y depositar la gota en el portaobjetos previamente colocado en el extensor.
3. Realizar la extensión manual y dejar secar.
4. Teñir la muestra según el protocolo de May-Grünwald Giemsa.
5. Dejar secar.
6. Introducir la extensión en el CellaVision.

El método empleado por este sistema de morfología digital, utiliza inteligencia y visión artificial entrenado con una red neuronal artificial o ANN (Artificial Neural Network) para pre-clasificar las células. El sistema captura imágenes de las células sanguíneas y las clasifica automáticamente en categorías leucocitarias estándar.

Además de la identificación de plaquetas y hematíes, permite la identificación de células anormales o raras, como blastos, células reactivas, esquistocitos y otras alteraciones morfológicas.

RESULTADOS

En el laboratorio de urgencias de Txagorritxu de la OSI Araba, la realización de extensiones sanguíneas se basa en criterios definidos según el resultado del hemograma con el objetivo de identificar alteraciones relevantes de forma rápida y eficiente. Para la selección de aquellas muestras que han de ser analizadas con CellaVision, se consultan unos criterios que permiten destacar aquellas que puedan referir algún tipo de enfermedad hematológica.

A continuación se describen las principales características morfológicas de las distintas poblaciones leucocitarias observables en el frotis sanguíneo tras la tinción:

Neutrófilos: Son los leucocitos más abundantes. Citoplasma rosado pálido con gránulos finos y núcleo segmentado de color púrpura.
Linfocitos: núcleo redondo u ovalado grande e intensamente basófilo (púrpura oscuro) y escaso citoplasma azul claro sin gránulos visibles.
Monocitos: Es el leucocito más grande con citoplasma gris-azulado con vacuolas y núcleo en forma de riñón con cromatina laxa.

Eosinófilos: gránulos grandes de color rojo-anaranjado intensamente eosinófilos y núcleo bilobulado.

Basófilos: Los menos frecuentes con núcleo irregular que presenta gránulos grandes azul oscuro o púrpura que pueden ocultar el núcleo. La tinción permite además identificar alteraciones morfológicas, como blastos con cromatina laxa y nucleolos visibles, o esquistocitos como fragmentos eritrocitarios irregulares.

Pese a su elevada capacidad analítica, el sistema presenta una serie de limitaciones que deben tenerse en cuenta: Clasificación incorrecta de células atípicas, especialmente blastos y linfocitos reactivos, que requieren validación manual. Depende de la calidad del frotis y de la tinción, lo que puede afectar la identificación automática.

Posibles artefactos de imagen (superposición celular, precipitados de tinción) que dificultan la interpretación.

CONCLUSIONES

El CellaVision es una herramienta útil para el análisis morfológico del frotis permitiendo una detección más rápida y estandarizada de alteraciones celulares. Su uso optimiza el tiempo de respuesta y facilita el cribado y la priorización de muestras clínicamente relevantes.

La incorporación de sistemas de inteligencia artificial avanzados podría potenciar significativamente las capacidades diagnósticas de CellaVision, mejorando la precisión, la detección precoz de patrones sutiles y el apoyo en la toma de decisiones clínicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 141

DETECCIÓN DE LA ANEMIA FALCIFORME EN ASTURIAS MEDIANTE ELECTROFORESIS CAPILAR

Autor/a/s: NATALIA ANATOMIL ANTUÑA, YESICA DIAZ ROCES, PATRICIA MARTINEZ PEREZ, MARIA ELENA CABERO FERNANDEZ, LORENA RODRIGUEZ LORENZO, EVA MARIA FANJUL PASARIN

Centro de Trabajo: HOSPITAL CENTRAL DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: OVIEDO

CódigoPostal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: nantomil@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La anemia falciforme, también llamada anemia drepanocítica o drepanocitosis, es una enfermedad genética hereditaria de la sangre que afecta a la hemoglobina. Esta condición provoca que los glóbulos rojos adopten forma de hoz o semiluna, alterando su función y causando anemia y obstrucción en los vasos sanguíneos. Se manifiesta de formas muy variadas; desde pacientes asintomáticos a pacientes que desde su infancia presentan anemia, crisis dolorosas repetidas, necrosis, infecciones bacterianas, etc. requiriendo ingreso hospitalario frecuentemente.

La enfermedad se presenta en individuos que han recibido dos copias de la mutación del gen HBB (11p15.4) situado en el cromosoma 11; lo que lleva a la producción de hemoglobina S (HbS) no funcional, en lugar de hemoglobina A. Es una enfermedad de transmisión autosómica recesiva.

OBJETIVOS

Diagnóstico y seguimiento de la anemia falciforme; ya que es la enfermedad genética más frecuente en España y en el mundo.

El diagnóstico de esta enfermedad es esencial ya que no existe cura y el tratamiento de la enfermedad se basa en la prevención de complicaciones, siendo esencial el seguimiento médico regular.

MATERIAL Y MÉTODOS

En Asturias, existe un programa de cribado neonatal (Prueba del talón) que detecta más de 55 enfermedades metabólicas entre las que se incluye la anemia falciforme. En niños y adultos, el diagnóstico se realiza mediante estudios genéticos o técnicas que detectan hemoglobina S en la sangre del paciente. Nuestro estudio se centra en una de esas técnicas, la electroforesis capilar (EC), que permite la separación y cuantificación de diferentes analitos en un capilar al aplicar un campo eléctrico.

Para realizar la EC necesitaremos las muestras a estudiar (sangre total EDTA-K3), el instrumento MINICAP de Sebia con el control HbA2 NORMAL (ref. 4778) y los siguientes reactivos: solución hemolisante HbE-Minicap, Tampón 2 (Hb, HbA1c, CDT), solución de lavado Capi-

larys-Minicap y agua destilada. El MINICAP de Sebia es un aparato totalmente automatizado que basa su fundamento en la EC en solución libre; proporcionando una rápida separación de proteínas a alta resolución. Las moléculas cargadas son separadas según su movilidad electroforética a un pH específico en un tampón alcalino. La separación se produce de acuerdo con el pH del electrolito y el flujo electroendosmótico.

El MINICAP requiere un mínimo consumo de muestra y está equipado con capilares en paralelo que permite realizar múltiples análisis simultáneamente. Gracias al flujo constante de la EC se obtienen picos más estrechos y mejor resolución que con la cromatografía líquida de alta eficacia (HPLC).

RESULTADOS

Además de los parámetros hematológicos de los eritrocitos, el diagnóstico y seguimiento de la anemia falciforme dependen de la presencia y cuantificación de la fracción de hemoglobina S anormal en los perfiles electroforéticos obtenidos.

La hemoglobinopatía S es la variante de hemoglobina más frecuente en el mundo. Alrededor de 20 millones de personas presentan la enfermedad y cada año nacen aproximadamente 300.000 niños con drepanocitosis. En España, se estima que actualmente hay entre 1200 y 1800 pacientes con anemia falciforme.

En el año 2025 se han estudiado en el Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA) 387 pacientes mediante electroforesis capilar, el 65.6% de esos pacientes presenta algún tipo de hemoglobinopatía (anemia falciforme, talasemia, hemoglobinopatía C, etc). El 40.9% presenta hemoglobina S en su perfil electroforético, de los cuales el 15.4% padece anemia falciforme y el 84.6% es portador de la enfermedad.

CONCLUSIONES

La electroforesis capilar permite una medida rápida, altamente sensible y eficiente para el diagnóstico y seguimiento de la anemia falciforme.

Aunque tradicionalmente la talasemia era la hemoglobinopatía más prevalente en España, en los últimos años el número de drepanocitosis ha aumentado sustancialmente a causa de la inmigración procedente principalmente de África subsahariana y América Central.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 155

ANÁLISIS DE LA PRUEBA DE FRAGILIDAD OSMÓTICA POR CITOMETRÍA DE FLUJO COMO NUEVA HERRAMIENTA PARA EL DIAGNOSTICO DE ESFEROCITOSIS HEREDITARIA

Autor/a/s: Maria Isabel Villa Velazquez, Sofia broseta Tormos, Begoña Zabala Galindo, Amparo Lopez Gabaldon, Ana Garcia Feria, Josefa esperanza Marco Buades, Elena Maseguer Martinez, Maria José Sayas Iloris.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DOCTOR PESET

Localidad: valencia

CódigoPostal: 46017

Provincia: valencia

Correo electrónico primer firmante: maribel.vll@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La Esferocitosis Hereditaria es la causa más frecuente de anemia hemolítica hereditaria y se caracteriza por una alteración en la membrana de los eritrocitos que provoca su destrucción prematura. Su diagnóstico se basa en la clínica, antecedentes familiares y pruebas de laboratorio. En los últimos años, la prueba de fragilidad osmótica por

citometría de flujo ha surgido como una herramienta rápida y objetiva que permite evaluar la resistencia de los hematíes frente a soluciones hipotónicas, contribuyendo al diagnóstico de esta patología.

OBJETIVOS

El objetivo de nuestro estudio es la validación de la prueba de fragilidad osmótica en una serie de pacientes diagnosticados de Esferocitosis Hereditaria y analizar su capacidad como prueba diagnóstica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio de 23 pacientes con Esferocitosis Hereditaria en los que se recoge los siguientes datos: hemoglobina, concentración de hemoglobina corpuscular media, ancho de distribución eritrocitaria, volumen corpuscular medio, volumen corpuscular medio esférico, recuento de reticulocitos, bilirrubina, test Coombs directo, resistencia osmótica globular, test de unión de eosina-5-maleimida y test de fragilidad osmótica por citometría de flujo con el citómetro Navios (Beckman Coulter, CA, USA).

El análisis estadístico de los datos ha sido realizado utilizando el software R (versión 4.0.5). Para calcular el punto de corte óptimo, sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo del test de fragilidad osmótica se ha realizado un análisis de la curva de representación gráfica del rendimiento (Receiver Operating Characteristic).

RESULTADOS

Se analizaron 23 pacientes con Esferocitosis Hereditaria. La descripción detallada de las variables estudiadas aparece en la tabla 1. De los pacientes con Esferocitosis Hereditaria: 4 tuvieron test de eosina-5-maleimida negativo. De esos 4, el 50% (n=2) presentó fragilidad osmótica positiva. En el análisis estadístico: La comparación de la técnica de fragilidad osmótica entre pacientes con esferocitosis y sujetos sanos fue estadísticamente significativa. Media de % de hematíes residuales: 35,7% en pacientes con Esferocitosis Hereditaria 97,9% en sujetos sanos $p < 0,001$ Se observó una asociación significativa entre la fragilidad osmótica y FOCP y volumen corpuscular medio esférico, con: Correlación: 0,525 IC 95%: 0,131 – 0,776 En la curva ROC: Sensibilidad: 85% Especificidad: 93% Punto de corte: 77,53% de hematíes residuales AUC: 0,986 (IC 95%: 0,971 – 1,000) VPP: 0,793 VPN: 1 En resumen, la prueba de fragilidad.

CONCLUSIONES

En nuestro estudio la sensibilidad y especificidad del test de fragilidad osmótica por citometría de flujo es comparable a la obtenida en otros estudios. Esta prueba es una técnica sencilla, rápida, objetiva, cuantitativa, coste-efectiva y con alta sensibilidad y especificidad para el diagnóstico de la Esferocitosis Hereditaria.

Bibliografía:

Shim YJ and Won DI. Flow Cytometric Osmotic Fragility Testing Does Reflect the Clinical Severity of Hereditary

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 157

VARIANTES DE HEMOGLOBINA POCO FRECUENTES DETECTADAS A PARTIR DE HEMOGLOBINA GLICOSILADA

Autor/a/s: MUÑOZ HORTIGUELA, SARA - NONIS MARQUEZ, SOFIA AYELEN - REDONDO LOPEZ, LAURA - MEDINA UGARELLI, JORGE YVAN

Centro de Trabajo: CATLAB

Localidad: Viladecavalls

CódigoPostal: 08232

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: samuhoma@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En las hemoglobinopatías estructurales se produce una alteración de la síntesis de alguna de las cadenas de globina. Esto les otorga características físico-químicas que permiten detectarlas por diversos métodos. La hemoglobina glicosilada (HbA1c) es una modificación química adquirida, existiendo hemoglobinas variantes que pueden afectar a su medición. En nuestro laboratorio ampliamos el estudio de hemoglobinopatías a partir de estudios de anemia o hemogramas talasémicos, al detectar hemoglobinas variantes durante el análisis de hemoglobina glicosilada (HbA1c) y en estudios familiares de hemoglobinopatías.

OBJETIVOS

Analizar el número y variedad de hemoglobinas variantes poco frecuentes detectadas en nuestro laboratorio a partir de una hemoglobina glicosilada.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se revisaron retrospectivamente las hemoglobinas variantes poco frecuentes detectadas a partir de las hemoglobinas glicosiladas realizadas entre enero 2024 y diciembre de 2025. Las HbA1c fueron analizadas por Cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) por el analizador Tosoh G11 y el middelwre HbDrive. El análisis de HbA2, Hb Fetal y Hemoglobinas variantes se realizó por electroforesis capilar mediante el analizador Capillarys 3 Octa (Sebia) y por electroforesis alcalina mediante Hydrasys Hb (Sebia). Para el estudio molecular se remitieron a un centro de referencia externo especializado.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio se han analizado en nuestro laboratorio 1'336,202 hemogramas y 334,771 determinaciones de HbA1c. Por detección de variantes en la HbA1c o un hemograma sugestivo de talasemia se amplió estudio en 1,083 muestras mediante el análisis de HbA2, Hb Fetal y electroforesis alcalina de hemoglobinas. De estas, 32 casos se enviaron a nuestro centro de referencia para secuenciación al no haberlas podido identificarlas por los métodos descritos.

De estos, informaron hemoglobinas estructurales poco frecuentes en 29 casos (90.62%): 5 Hemoglobinopatías J-Baltimore (15.62%), 3 J-Camaguey (9.37%), 2 J-Chicago (6.25%), 2 O-Arab (6.25%), 2 Beziars (6.25%), 1 J- Guantánamo (3.12%), 1 Sevilla (3.12%), 1 Kosovo (3.12%), 1 OSU Christianborg

(3.12%), 1 Nouakchott (3.12%), 1 G-Honolulu (3.12%), 1 Parma (3.12%), 1 E-Saskatoon (3.12%), 1 Fanin-Lubbok-II (3.12), 1 Lisbon (3.12%), 1 Phnom Penh (3.12%), 1 Hb HOPE + beta-0-talasemia heterocigota (1.64%), 1 heterocigosis compuesta para Hb C y Hb Gaziantep (3.12%), 1 HPFH-2 Ghanaian (3.12%). Por último, se detectó 1 Caso (3.12%) no descrito previamente en la literatura (pendiente de nombrar).

CONCLUSIONES

En nuestra área geográfica, hay un gran número de portadores de hemoglobinopatías poco frecuentes, explicado probablemente por la alta y diversa inmigración, algunas de las cuales pueden interferir en la medición de la HbA1c. El uso del HbDrive mejora la detección de hemoglobinopatías poco frecuentes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 158

CARACTERIZACIÓN DE LAS HEMOGLOBINOPATÍAS DIAGNOSTICADAS EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO PRÍNCIPE DE ASTURIAS EN LOS ÚLTIMOS 20 AÑOS.

Autor/a/s: VirginiaOrtizGonzález, CarmenGarcíaBernal, CarolinaMonederoSierra, InmaculadaPadialÁvila, BegoñaGuindalBonilla, JoséM

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Príncipe de Asturias.

Localidad: Alcalá de Henares

CódigoPostal: 28805

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: virginia.ortiz@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las hemoglobinopatías constituyen un grupo heterogéneo de alteraciones genéticas de la hemoglobina con elevada relevancia clínica y diagnóstica, más frecuente a nivel mundial. Su detección en el laboratorio clínico es fundamental para el diagnóstico precoz, el asesoramiento genético y el manejo adecuado de los pacientes.

Su prevalencia en España ha aumentado en las últimas décadas debido a los movimientos migratorios y a la mejora en las técnicas diagnósticas, fundamentalmente mediante cromatografía líquida de alto rendimiento (HPLC) y confirmación mediante estudio molecular.

OBJETIVOS

Analizar la distribución de hemoglobinopatías detectadas en un laboratorio clínico de un único hospital durante un periodo de estudio de 20 años (2006-2025), evaluando su evolución por quinquenios y su distribución según edad, sexo y tipología diagnóstica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo retrospectivo de 688 pacientes diagnosticados en el Hospital Universitario Príncipe de Asturias con área de referencia poblacional de 243.000 habitantes. El estudio se solicitó por microcitosis o sospecha de hemoglobinopatía en anemias o estudios familiares. El cribado se realizó mediante hemograma, para evaluar parámetros eritrocitarios, permitiendo la identificación de patrones anémicos sugestivos. Se evaluó el balance férrico mediante la determinación de ferritina sérica, hierro sérico e índice de saturación de transferrina (IST), con el objetivo de descartar la ferropenia como causa de microcitosis. Recuento de reticulocitos para evaluar la respuesta eritropoyética, frotis sanguíneo para evaluación morfológica eritrocitaria. La cuantificación de Hb A2 se realizaba inicialmente por cromatografía en columna y de la Hb F por inmunodifusión radial, sustituyéndose posteriormente por HPLC. La identificación de variantes de hemoglobina se realizó mediante electroforesis de Hb en medios alcalino y ácido y posteriormente mediante HPLC, permitiendo la detección y cuantificación de Hb A, Hb A₂, Hb F y variantes estructurales, así como estudio de cuerpos H. En el caso de sospecha de alfa talasemia y hemoglobinopatías no S, no C, se completó el estudio con técnicas moleculares en el Hospital Clínico San Carlos. Para el análisis de los datos, se excluyeron los pacientes con hemoglobinopatías graves 86 pacientes: homocigotos o dobles heterocigotos y de alfa talasemia, quedando para el análisis un total de 602 pacientes diagnosticados entre 2006 y 2025.

RESULTADOS

Durante el periodo comprendido entre 2006 y 2025 se registraron un total de 602 pacientes con diagnóstico de hemoglobinopatía. De ellos, 258 (42,85%) eran menores de 18 años y 344 (57,14%) adultos. Respecto al sexo, 328 (54,48%) eran mujeres y 274 (45,51%) hombres.

Respecto a los tipos diagnósticos la entidad más frecuente fue la β -talasemia menor, con 289 casos (48%), seguida del rasgo drepanocítico, con 221 casos (36,71%). En conjunto, ambas entidades representaron cerca de tres cuartas partes de los diagnósticos registrados. También se detectaron 23 casos de hemoglobinopatía C heterocigota (21 casos; 3,4%), y 6 casos de persistencia hereditaria de hemoglobina fetal (PHHF).

El grupo de otras hemoglobinopatías supuso 65 casos (10,79%), de

los cuales 33 (50,76%) fueron beta delta talasemia, 8 (12,30%) casos de Hb Lepore y 5 casos (7,69%) Hb E; los restantes fueron 19 (29,23%) casos aislados de Hb D, Hb E, Hb G, Hb O-Arab, Hb J Valencia, Hb Groene Hart y Hb Syracuse.

Para el análisis temporal, los años se agruparon en cuatro bloques quinquenales: 2006–2010, 2011–2015, 2016–2020 y 2021–2025; Diagnosticando un total de pacientes en cada quinquenio de 214, 130, 78 y 180 respectivamente. Se observa un cambio estructural en el patrón diagnóstico, contrainsión desde predominio de rasgo drepanocítico hacia predominio de beta talasemia a lo largo de los últimosquinquenos.

CONCLUSIONES

El análisis evolutivo revela un cambio significativo en el perfil epidemiológico de las hemoglobinopatías durante las últimas dos décadas, con un aumento progresivo de beta talasemia, especialmente en el periodo 2021–2025, donde representa casi dos tercios de los diagnósticos. Este cambio sugiere una modificación en la población atendida, probablemente relacionada con factores demográficos, migratorios y un mayor acceso al cribado diagnóstico. Estos resultados destacan la necesidad de adaptar las estrategias de detección, consejo genético y planificación sanitaria a la nueva realidad epidemiológica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 162

PATRONES MORFOLOGICOS DE LA ANEMIA CON HIPOVITAMINOSIS B12: EN PACIENTES ADULTOS

Autor/a/s: FRANCISCA GARCIA SILVA, CARIDAD COELLO BECERRA

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE JEREZ

Localidad: JEREZ DE LA FRA

Código Postal: 11406

Provincia: CADIZ

Correo electrónico primer firmante: paquitasilva67@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El déficit de vitamina B12 es una causa poco frecuente de anemia, clásicamente asociada a macrocitosis. No obstante, la ausencia de macrocitosis no excluye su diagnóstico, especialmente en presencia de deficiencias concomitantes de hierro o enfermedades crónicas.

OBJETIVOS

Evaluar la incidencia de déficit de vitamina B12 en una cohorte de pacientes y analizar su asociación con distintos patrones hematológicos de anemia.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 900 muestras sanguíneas remitidas entre diciembre de 2024 y junio de 2025 para determinación de vitamina B12. Se evaluó la presencia de anemia (Hb < 12 g/dL), el volumen corpuscular medio (VCM: microcítico < 80 fL; normocítica 80–100 fL; macrocítico > 100 fL) y parámetros del metabolismo del hierro (ferritina y transferrina).

RESULTADOS

Se identificó déficit de vitamina B12 (< 230 pg/mL) en 160 pacientes (17,4 % de la cohorte). Entre ellos, un 16 % presentó déficit concomitante de ácido fólico (< 3 ng/mL).

De los 160 pacientes con hipovitaminosis B12, 90 fueron considerados evaluables al disponer de determinaciones completas de hemoglobina, VCM, ferritina y transferrina.

En este subgrupo, el 72 % presentó VCM normocítico (80–100 fL),

evidenciando un patrón predominante normocítico. Un 6 % presentó microcitosis (VCM < 80 fL), mientras que el resto correspondió a pacientes con macrocitosis (> 100 fL).

Estos hallazgos indican que, en la población estudiada, la presentación hematológica del déficit de vitamina B12 fue predominantemente normocítica, siendo menos frecuente la macrocitosis clásica. La presencia de microcitosis sugiere la influencia de alteraciones concomitantes del metabolismo del hierro que podrían enmascarar el incremento del VCM característico de la anemia megaloblástica

CONCLUSIONES

La prevalencia de déficit de vitamina B12 en esta cohorte fue significativa. La mayoría de los pacientes mostró anemia normocítica o microcítica, destacando que la ausencia de macrocitosis no descarta la deficiencia de vitamina B12. La coexistencia de alteraciones del metabolismo del hierro o enfermedades crónicas puede enmascarar la macrocitosis, enfatizando la necesidad de un enfoque diagnóstico integral.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 167

IMPLEMENTACIÓN EN LA RUTINA DE UN CITÓMETRO DE FLUJO CON SEPARACIÓN CELULAR

Autor/a/s: Costan Medina, Beatriz ; Karasiewicz Wieteska, Martyna ; Manrique Gonzalo, M^a de Los Ángeles , Gómez Gijón, Marta ; Molner Iserte, Ona ; Saumell Tutusaus, Silvia ; Ferrer Del Álamo, Ana; Calvo González, Xavier

Centro de Trabajo: Hospital del Mar

Localidad: Barcelona

CódigoPostal: 08003

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: bcostan@parcdesalutmar.cat

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En algunas neoplasias hematológicas, la detección y caracterización de las células atípicas puede verse limitada en situaciones de baja infiltración tumoral o cuando coexisten dos poblaciones patológicas con predominio de una sobre la otra.

La separación de poblaciones celulares basada en citometría de flujo (sorting) permite optimizar pruebas con sensibilidad analítica limitada, como la hibridación fluorescente in situ (FISH) y técnicas moleculares de secuenciación de nueva generación (Next Generation Sequencing, NGS), aportando un valor diagnóstico significativo.

OBJETIVOS

Implementar en la rutina de nuestro laboratorio de diagnóstico hematológico un procedimiento estandarizado para la separación de poblaciones celulares patológicas o de interés diagnóstico a partir de diferentes tipos de muestra (sangre periférica, médula ósea, y líquidos biológicos) mediante citometría de flujo con separación celular (FACSMelody®, Becton Dickinson), con el fin de realizar estudios complementarios moleculares o citogenéticos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Entre 11/2024 y 11/2025 se procesaron un total de 5 muestras de médula ósea, 15 de sangre periférica y una de líquido ascítico. Mediante citometría de flujo multiparamétrica (CFM), se detectó y cuantificó la población patológica a estudiar para proceder a su separación. El volumen a procesar dependió de la representación de la población patológica en sangre periférica y médula ósea, siendo el objetivo final garantizar un mínimo de 30.000 células para el estudio de FISH y 40.000 para el de NGS.

Para la preparación de las muestras, priorizamos el método que nos permitiese procesar de forma eficiente grandes volúmenes y que favoreciese su incorporación en la rutina del laboratorio. Por ello, se decidió realizar una separación de células mononucleadas mediante gradiente de densidad (Ficoll). Se procesó un volumen mediano de 7,5 mL por caso, con un mínimo de 1,5 mL y un máximo de 32 mL.

Según el protocolo estándar de CFM: Stain (15')-Lyse (10')-Wash (x3). Las muestras se marcaron empleando hasta nueve anticuerpos monoclonales asociados a los diferentes fluorocromos que permite usar nuestro separador celular (FITC/PE/PerCP-Cy5.5/PE-Cy7/APC/APC-H7/V450/V500-C/BV786), dirigidos contra antígenos de superficie e intracelulares. Se utilizó el software BD FACSCorus® versión 1.4.3. y se siguió una estrategia de gating basada en la combinación de anticuerpos monoclonales adaptada a cada caso. Tras obtener las poblaciones celulares, se realizó las técnicas previamente comentadas. Para NGS (panel mieloide y linfoide), se extrajo DNA a partir de la fracción celular recogida (>40.000 células). Para el estudio por FISH, se llevó a cabo una citocentrifugación de la suspensión celular obtenida (>30.000 células) con el fin de realizar la hibridación en porta con la sonda adecuada.

RESULTADOS

De las 15 muestras de sangre periférica procesadas (7 para técnicas de FISH y 8 para NGS), 5 muestras de médula ósea (3 para FISH y 2 para NGS) y 1 muestra de líquido ascítico (para NGS), obtuvimos:

- 18 muestras con resultados satisfactorios: blastos mieloides CD34+ en leucemia aguda mieloide, células plasmáticas clonales en mieloma múltiple, mastocitos atípicos CD25+ en mastocitosis sistémica, linfocitos B clonales CD5+ en leucemia linfática crónica, linfocitos B clonales en linfoma de la zona marginal esplénico, linfocitos B clonales CD10+ en linfoma folicular, linfocitos B clonales CD5+ en linfoma de células del manto, linfocitos T CD8+ citotóxicos con TCR- γ CB1 monotípico en leucemia de linfocitos grandes granulares T, linfocitos NK aberrantes en leucemia de linfocitos grandes granulares NK, linfocitos B clonales en macroglobulinemia de Waldenström y linfocitos T CD4+CD3s- en variante linfoide de un síndromehipereosinofílico).
- 3 muestras no valorables debido a incidencias en la fase analítica (linfocitos T CD4+CD3s- en linfoma T angioinmunoblástico y linfocitos B clonales CD5+ en leucemia linfática crónica): problemas con la extracción de DNA, obtención de menos de 30.000 células y muestra no valorable para FISH debido a que se utilizó una solución de lisis de hematíes que contenía cloruro de amonio en lugar de formaldehído.

CONCLUSIONES

La citometría de flujo con separación celular permite el aislamiento eficiente de células patológicas preservando su integridad, lo que garantiza la obtención de muestras viables y adecuadas para la aplicación de técnicas complementarias de apoyo al diagnóstico. Asimismo, la correcta ejecución de este procedimiento requiere personal técnico con experiencia en citometría de flujo con separación celular, asegurando así la calidad y reproducibilidad de los resultados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 175

ESTUDIO INMUNOHEMATOLÓGICO DE ANTICUERPOS IRREGULARES EN GESTANTES

Autor/a/s: LUCIA LOPEZ ALCAIDE, MONTSERRAT LOPEZ GUTIERREZ, M^a DOLORES DIAZ ZAYAS

Centro de Trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUIA

Localidad: VÉLEZ-MÁLAGA

Código Postal: 29700

Provincia: MÁLAGA

Correo electrónico primer firmante: lucia.lopez.alcaide.sspa@junta-deandalucia.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La inmunohematología en la gestación constituye un pilar fundamental en el control prenatal, ya que permite detectar incompatibilidades sanguíneas materno-fetales potencialmente responsables de complicaciones perinatales

OBJETIVOS

Evaluar la presencia de anticuerpos eritrocitarios irregulares en gestantes de nuestra área sanitaria, con el fin de identificar riesgos de incompatibilidad materno-fetal.

MATERIAL Y MÉTODOS

Entre los años 2024 y 2025 se han realizado determinaciones de grupo ABO, Rh y escrutinio de anticuerpos irregulares a todas las embarazadas de nuestra Área Sanitaria. A todos los escrutinios positivos, se le montó panel de identificación y titulación.

Todas estas determinaciones se realizaron con técnicas de aglutinación en gel (tarjeta DG Gel ABO/Rh + Kell) y técnicas de elución.

RESULTADOS

De los 22329 anticuerpos irregulares realizados a las embarazadas, se ha detectado positividad en 1055 casos (4,72%).

Se han identificado 483 aloanticuerpos (45,78 %), con especificidades: anti-D=314 (65,01%), anti-E=40 (8,28%), anti-c=15 (3,11%), anti-C=8 (1,66%), anti-Cw =7 (1,45%), anti-e=3 (0,62%), anti-Ke-ll=23 (4,76%), anti-Duffy=4 (0,83%), anti-Lewis=28 (5,8%) (Lea =15 y Leb 13), anti-P1 =3 (0,62%), anti-MNS=20 (4,14%) (M=16, N=0, S=3 y s=1), anti-Luth=1 (0,21%) y aloanticuerpos combinados=16.

El número de Coombs directos realizados a Recién Nacidos, ha sido 15245, siendo positivos 909 (5,96%). De dichos positivos, 392 (43,12%) tienen anticuerpos irregulares maternos negativos (Isoinmunización ABO: anti-A= 325 (82,91%) y anti-B=67 (17,09%).

CONCLUSIONES

El escrutinio de anticuerpos irregulares a todas las mujeres embarazadas resulta útil para detectar alo-anticuerpos clínicamente significativos, su seguimiento y tratamiento preventivo de posibles complicaciones en el feto. El alo-anticuerpo de embarazadas más frecuentemente detectado es el anti-D, a pesar de la administración profiláctica de Gammaglobulina anti-D. En los últimos años ha aumentado la incidencia de anticuerpos con especificidades anti-D, correspondiendo con la implantación en atención primaria del protocolo de administración de gammaglobulina anti-D en la semana 28.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 178

PREVALENCIA DE TROMBOCITOPENIA EN NIÑOS MENORES DE CINCO AÑOS ASOCIADA A PÚPURA TROMBOCITOPENICA INMUNE

Autor/a/s: *MARÍA JOSÉ BECERRA GARCÍA, DOLORES OLEA VERTE-DOR, RAFAELA MILLAN GIL.*

Centro de Trabajo: *HOSPITAL REGIONAL UNIVERSITARIO DE MALAGA (MATERNO INFANTIL)*

Localidad: *MÁLAGA*

CódigoPostal: *29011*

Provincia: *MÁLAGA*

Correo electrónico primer firmante: fedria39@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La trombocitopenia es una alteración hematológica caracterizada por una bajada considerable de plaquetas en sangre periférica, pudiendo deberse a múltiples causas, entre ellas infecciones víricas, púrpura trombocitopénica inmune y otras como deficiencias nutricionales, vacunas, medicamentos y otras enfermedades autoinmunes más complejas. Los síntomas más frecuentes son: Petequias, puntos rojos y morados en la piel, hemorragias gingivales y nasales, astenia siendo necesaria la evaluación médica y analítica para su confirmación y diagnóstico. en la edad pediátrica, especialmente en niños menores de cinco años, la púrpura trombocitopénica inmune es una de las causas más frecuentes de trombocitopenia aislada.

OBJETIVOS

Determinar la prevalencia de trombocitopenia en niños menores de cinco años diagnosticados en el laboratorio del Hospital Materno Infantil de Málaga, identificando aquellos casos compatibles con púrpura trombocitopénica idiopática o inmune, durante un periodo de seis meses.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo durante un periodo de seis meses en el laboratorio del Hospital Materno Infantil de Málaga. Durante ese tiempo se analizaron aproximadamente 65 hemogramas pediátricos diarios, de los cuales una media de 49 correspondieron a niños menores de 5 años. Las muestras fueron procesadas mediante un citómetro de flujo XN-2000 de la casa comercial Sysmex. En aquellos casos en los que se detectaron cifras plaquetarias por debajo de los valores de referencia, se efectuó verificación mediante el canal de fluorescencia plaquetaria y revisión microscópica en extensión de frotis sanguíneo periférico, con el objetivo de descartar pseudotrombocitopenia secundaria a agregados plaquetarios y valorar la presencia de posibles plaquetas gigantes. Se excluyeron aquellas muestras con interferencias analíticas o muestras coaguladas.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio de seis meses se analizaron aproximadamente 11.700 hemogramas pediátricos, de los cuales 8.800 correspondieron a niños menores de cinco años. De las muestras estudiadas 126 casos presentaron cifras de plaquetas inferiores a los valores de referencia para la edad y compatibles con trombocitopenia. tras la verificación mediante el canal de fluorescencia y revisión microscópica del frotis sanguíneo y descartandose agregados plaquetarios así como trombopenias por otras causas antes mencionadas, se pudo verificar un total de unos 42 casos compatibles con púrpura trombocitopénica inmune o idiopática.

CONCLUSIONES

La trombocitopenia en niños menores de cinco años presentó un frecuencia del 1,43% dentro de las muestras analizadas durante el periodo de estudio, lo que corresponde a una prevalencia moderada. La púrpura trombocitopénica inmune representó el 33,3% de los casos de trombocitopenia confirmada y un 0,48% del total de hemogramas estudiados, constituyendo una de las principales causas de trombocitopenia aislada en este grupo. La verificación mediante fluorescencia y revisión del frotis sanguíneo fueron fundamentales para confirmar el diagnóstico y descartar pseudotrombocitopenias.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 213

SEPARACIÓN DE SUBPOBLACIONES CELULARES MEDIANTE CITOMETRÍA DE FLUJO PARA ESTUDIO POR SECUENCIACIÓN DE NUEVA GENERACIÓN (NGS). A PROPÓSITO DE UN CASO

Autor/a/s: *Costan Medina, Beatriz; Gómez Gijón, Marta; Manrique Gonzalo, M^a de Los Ángeles; Karasiewicz Wieteska, Martyna; Vela*

Ortiz, María del Carmen; Longaron Rozalén, Raquel; Tazón Vega, Bárbara Ymaine; Saumell Tutusaus, Silvia; Ferrer Del Álamo, Ana; Calvo González, Xavier

Centro de Trabajo: Hospital del Mar

Localidad: Barcelona

Código Postal: 08003

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: bcostan@parcdesalutmar.cat

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La leucemia mieloide aguda relacionada con la terapia (LMA-t) se origina como complicación tras una terapia citotóxica y/o radioterápica. El 35% de las LMA-t presentan mutación del gen TP53 y se asocian a cariotipos complejos, del(17p) y mal pronóstico. En la actual clasificación de la International Consensus Classification (ICC, 2022) se ha dado mayor preponderancia al perfil mutacional de estos casos, estableciendo una nueva entidad denominada neoplasia mieloide con mutación de TP53 (NM-TP53). Aquellos casos de NM-TP53 tras quimio o radioterapia se califican como NM-TP53 relacionada con la terapia. En los casos con baja proporción de células neoplásicas puede verse limitada su caracterización mediante NGS. Por ello, la citometría de flujo (CFM) con separación celular (sorting) constituye una estrategia de gran utilidad para optimizar y mejorar su rendimiento diagnóstico.

OBJETIVOS

Describir un caso clínico de una mujer de 49 años que consultó en nuestro centro por pancitopenia de aparición abrupta. En 2017 fue diagnosticada de una neoplasia de mama tratada con quimioterapia. En la morfología de sangre periférica (SP) se observó un 8% de blastos, eritroblastos, mielema, displasia granulocítica y dacriocitos. Se realizó aspirado medular sin obtención de material. En el contexto de un síndrome leucoeritroblástico sospechamos infiltración medular por su neoplasia sólida, confirmada posteriormente en una biopsia de médula ósea. Ante la sospecha de una neoplasia mieloide relacionada con el tratamiento y una infiltración medular concomitante por su neoplasia de mama, se decidió estudiar sus blastos por CFM en SP.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó citometría de flujo multiparamétrica (Stain-Lyse-Wash) utilizando la siguiente combinación de anticuerpos monoclonales:

CD64-FITC/CD13-PE/CD34-PerCP-Cy5.5/CD56-PECy7/CD33-APC/CD38-APCH7/HLA-DR-V450/CD45-V500c/CD117-BV605/CD7-BV711/CD2-BV786. Se detectó una población de blastos mieloides que suponía el 4,2% de los leucocitos y que presentaba las siguientes características fenotípicas: CD45+ débil, CD64-, CD34++, CD117+, HLADR+++, CD13+++, CD33+++, CD38-, CD7-, CD2-, CD56-.

Como la expresión en sangre periférica se encontraba cercana al límite de sensibilidad de la NGS (panel mieloide Genexus, sensibilidad 5%) decidimos separar esta población mediante citometría de flujo con separación celular (FACSMelody®, Becton Dickinson).

Debido a la leucopenia (1100 leucocitos/ μ L) y para garantizar la cantidad mínima de células para NGS, procesamos 13 mL de sangre periférica aislando mediante gradiente de densidad (Ficoll) las células mononucleadas.

Se llevó a cabo un procedimiento convencional de citometría de flujo de Stain (15')-Lyse (10')-Wash (x3) donde se utilizó el software BD FACSCorus® versión 1.4.3. y se siguió una estrategia de gating basada en la siguiente combinación de anticuerpos monoclonales:

HLA-DR-FITC/CD13-PE/CD34-PerCP-Cy5.5/CD117-PECy7/CD45-APC.

RESULTADOS

Se adquirieron un total de 3.219.125 células por citometría de flujo con separación celular (FACSMelody®, Becton Dickinson) de las cuales 142.706 eran mieloblastos (CD34++, CD117+, CD13+++, HLA-DR+++). Se procedió a realizar la extracción de DNA mediante Qiacube y se cuantificó por un fluorímetro Qubit obteniendo una concentración de 3,54 ng/ μ L. La NGS se realizó con la plataforma automatizada Ion Torrent Genexus System (ThermoFisher) obteniendo los siguientes resultados: TP53 c.815T>G p.(Val272Gly) con una frecuencia alélica de la variante (VAF) del 88,9%, lo que permitía inferir una afectación bialélica de TP53. Posteriormente se realizó un cariotipo en sangre periférica que resultó ser complejo. El estudio por hibridación fluorescente in situ (FISH) para la delección de TP53 evidenció su presencia en el 38% de los núcleos analizados. Con todos estos datos se estableció el diagnóstico de NM-TP53 relacionada con la terapia.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos verifican la pureza de la celularidad aislada mediante citometría de flujo con separación celular optimizando la aplicación de otras técnicas diagnósticas con sensibilidad analítica limitada. En este caso específico, la separación celular permitió establecer un diagnóstico con importantes implicaciones clínicas, que no habría sido posible mediante métodos diagnósticos convencionales.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 232

MONITORIZACION DEL GRUPO SANGUINEO EN TRASPLANTE ALOGENICO DE PROGENITORES HEMATOPOYETICOS (ALO-TPH) EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO 12 DE OCTUBRE

Autor/a/s: Marta Bajo Gallego, Veronica Muñoz Clemente, Eva María Aguado Gallego, Inmaculada Santiago García, Paloma Paule Sánchez, Rosa María Álvarez de Andrés, Alexandra Juárez Rufián, Esther Parra Virto, Denis Zafra Torres

Centro de Trabajo: Hospital Universitario 12 de Octubre

Localidad: Madrid

CódigoPostal: 28045

Provincia: Madrid

Correo primer firmante: inmaculada.santiago@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Un ALO-TPH es un trasplante de células madre hematopoyéticas en el que se utilizan las células madre de un donante genéticamente diferente (alogénico), para reemplazar las células madre dañadas o defectuosas del receptor. Se utiliza como tratamiento en algunas enfermedades hematológicas tales como: Leucemias Agudas 60%, Síndrome Linfoproliferativo 12.5%, Síndrome Mieloproliferativo 1.5%, Síndrome Mielodisplásico y otros.

Los donantes no siempre tienen el mismo grupo sanguíneo ABO/Rh que el receptor, por lo que puede darse una incompatibilidad mayor, menor o mixta. Otro factor a tener en cuenta es la compatibilidad entre los Antígenos Leucocitarios Humanos (HLA), que puede ser haploidéntico o idéntico.

OBJETIVOS

Estudiar la evolución del cambio de grupo en pacientes con ALO-TPH, identificando el éxito del injerto.

MATERIAL Y MÉTODOS

Material:

- Aparato de inmunohematología IH1000 y IH500 de la casa comercial BioRad©

- Tarjeta de grupo hemático/sérico Diaclon ABO/D Reverse Grouping de la casa comercial BioRad®
- Solución de células comerciales al 0,8% de los hemantígenos A1 y B de la casa comercial BioRad®
- Tubo ácido etilendiaminotetraacético (EDTA) para separar hematíes y plasma.
- Base de datos de trasplante y programa banco de sangre Eprogesa del Hospital Universitario 12 de Octubre.

Método: Tarjetas de la casa comercial BioRad con 6 pocillos, de los cuales los 4 primeros se utilizan para realizar la parte hemática (con antisueros A, B, D y control), donde se dispensan los hematíes del paciente a una concentración de 0.8%. Los 2 últimos se utilizan para realizar la parte sérica (con salino), donde se dispensa el plasma del paciente junto con células A1 y B respectivamente.

RESULTADOS

Se han analizado un total de 62 pacientes sometidos a ALO-TPH en los últimos años, de los cuales el 59.68% tiene compatibilidad de grupo ABO y el 40.32% tiene incompatibilidad.

De nuestros pacientes con incompatibilidad ABO:

- El 50% tienen incompatibilidad Mayor: el receptor tiene anticuerpos contra los hematíes del donante; ejemplo receptor O y donante A, B o AB.
- El 31% tienen incompatibilidad Menor: el donante tiene anticuerpos contra hematíes del receptor; donante O y receptor A, B o AB.
- El 19% tienen incompatibilidad Mixta: incompatibilidad hemática y sérica entre donante y receptor; donante A y receptor B. De los 62 pacientes el 62,9 % son HLA haploidenticos y un 37.1% son HLA indenticos.

A los 3 meses, de los pacientes con incompatibilidad:

- El 56% no ha modificado el grupo ABO.
- El 16% ha modificado parcialmente el grupo ABO.
- El 28% ha modificado completamente el grupo ABO.

A los 6 meses, de los pacientes con incompatibilidad, el 16% sufrieron una recaída de la patología y del 84% restante:

- El 23.81% no ha modificado el grupo ABO.
- El 42.86% ha modificado parcialmente el grupo ABO.
- El 33.33% ha modificado completamente el grupo ABO.

CONCLUSIONES

La mayoría de los pacientes evaluados en esta serie efectúan el cambio de grupo ABO al que presenta su donante a partir de los 6 meses de seguimiento post-trasplante, si bien otros factores externos pueden explicar que inicialmente este cambio de grupo sea incompatible (como la inmunosupresión asociada). Se propone, por tanto, los 6 meses post-TPH como un punto de corte orientativo en cuanto a evaluación del cambio en el grupo ABO, si bien se necesitan más estudios al respecto.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 243

CARACTERIZACIÓN CUANTITATIVA DE LOS PACIENTES CON SÍNDROME MIELODISPLÁSICO DENTRO DEL PROYECTO UMBRELLA DURANTE LOS AÑOS 2021 AL 2025 EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Autor/a/s: Mayte García Antúnez, Rebeca Ortega Herrera, Cristina Díaz Pescador, Cristina Miguel García, Sandra Santos Mínguez, Sara González Briones, Irene Rodríguez Iglesias, Ana Gómez de la Torre Armenteros, Concepción Rodríguez Serrano, Sandra Muntión Olave.

Centro de Trabajo: Unidad de Terapia Celular. Servicio de Hematología. Hospital Universitario de Salamanca. IBSAL.

Localidad: Salamanca

CódigoPostal: 37007

Provincia: Salamanca

Correo primer firmante: mgarciaantunez@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los Síndromes Mielodisplásicos (SMD) constituyen un grupo heterogéneo de neoplasias hematológicas clonales caracterizadas por importantes desafíos clínicos, entre ellos dificultades diagnósticas, una estratificación pronóstica compleja, respuestas terapéuticas frecuentemente impredecibles y opciones de tratamiento aún limitadas. En este contexto, surge el proyecto UMBRELLA, orientado a abordar de forma integral estas necesidades. UMBRELLA (2021–2023) evoluciona progresivamente a UMBRELLA-SUMMA (2024–2026) y posteriormente a UMBRELLA-SUMMA Legacy (2025–2026) consolidándose como un programa clínico-traslacional integral para el estudio de los Síndromes Mielodisplásicos en España.

OBJETIVOS

Evaluar la evolución de los proyectos UMBRELLA, UMBRELLA SUMMA y UMBRELLA SUMMA Legacy mediante indicadores cuantitativos de actividad durante el periodo 2021-2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los estudios UMBRELLA, UMBRELLA-SUMMA y SUMMA Legacy forman una plataforma nacional para el estudio integral de los Síndromes Mielodisplásicos (SMD), con participación de numerosos centros y recogida coordinada de datos clínicos, genéticos, moleculares y de imagen. Son estudios observacionales que incluyen pacientes diagnosticados de Síndrome Mielodisplásico. La metodología combina obtención de muestras de médula ósea y sangre periférica, con especial impulso al uso de sangre periférica gracias a tecnologías que reducen procedimientos invasivos. Se crean colecciones biológicas del Instituto de Salud Carlos III destinadas a investigación actual y futura. Entre las técnicas aplicadas destacan el Mapeo Óptico del Genoma para detectar anomalías citogenéticas no identificadas por métodos clásicos y la secuenciación masiva para apoyar el diagnóstico y la estratificación pronóstica IPSS Molecular. Los proyectos incluyen además análisis funcionales y multiómicos en distintos subgrupos citogenéticos, así como digitalización de médula ósea y uso de inteligencia artificial para mejorar el diagnóstico y el pronóstico. La plataforma recoge datos clínicos, genéticos, de imagen y, en SUMMA Legacy, también información reportada por los pacientes. Todo el programa se desarrolla bajo aprobación ética y busca avanzar hacia una medicina personalizada.

En el presente estudio se realizó un análisis cuantitativo del total de muestras procesadas en el proyecto UMBRELLA entre 2021 y 2025, casos secuenciados, casos analizados mediante mapeo óptico del genoma, hospitales colaboradores y muestras preservadas, así como el tipo de muestra. Se recopilaron datos clínicos y moleculares de las bases de datos de los diferentes proyectos, así como del Registro Español de Síndromes Mielodisplásicos.

RESULTADOS

En el periodo 2021-2025 se han procesado un total de 1.052 pacientes, correspondientes a pacientes con sospecha de diagnóstico de Síndrome Mielodisplásico: 99 en 2021, 199 en 2022, 233 en 2023, 319 en 2024 y 202 en 2025. El diagnóstico de Síndrome Mielodisplásico fue posteriormente confirmado en 793 casos, correspondientes al 75,4% del total de casos procesados. Los datos clínico-moleculares de todos los casos con diagnóstico confirmado fueron incluidos en el Registro Español de Síndrome Mielodisplásico (RESMD) alcanzando un total de 19.500 pacientes registrados.

El total de pacientes con diagnóstico confirmado fueron analizados mediante secuenciación masiva para la detección de posibles mutaciones en genes relacionados con la enfermedad. Asimismo, 50 pacientes fueron analizados mediante mapeo óptico del genoma para la detección de alteraciones genómicas estructurales.

Durante las dos primeras fases del programa, UMBRELLA y UMBRELLA-SUMMA, el equipo investigador estuvo integrado por cuatro instituciones; sin embargo, en la fase actual, UMBRELLA-SUMMA Legacy, la iniciativa ha experimentado una expansión sustancial, involucrando a 25 grupos de investigación distribuidos en 16 comunidades autónomas y con la participación de 116 investigadores. El número de hospitales nacionales que han requerido servicios UMBRELLA ha ido aumentando: 9 en 2021, 13 en 2022, 16 en 2023, 17 en 2024 y 20 en 2025. Se han almacenado para diferentes proyectos y estudios de investigación 2979 muestras procedentes del procesamiento de médula ósea y sangre periférica, aislando y criopreservando diferentes fracciones celulares: 298 células mononucleares (MNC), destinadas a estudios in vitro y estudios de secuenciación a nivel de célula única; 855 células mesenquimales (MSC) para la caracterización del microambiente medular, separación de linfocitos T CD3+ de más de 300 muestras, empleados como control germinal en Síndrome Mielodisplásico de posible origen hereditario, 419 muestras de plasma sanguíneo para la extracción de vesículas extracelulares y estudio de citocinas y 1107 muestras para la extracción de material genético (DNA, RNA y proteínas).

CONCLUSIONES

Los indicadores cuantitativos analizados en este estudio han mostrado un incremento progresivo a lo largo del desarrollo de los distintos proyectos UMBRELLA, UMBRELLA-SUMMA y UMBRELLA-SUMMA Legacy, lo que podría interpretarse como un signo de consolidación metodológica y de fortalecimiento de la capacidad operativa de los equipos participantes, contribuyendo potencialmente a transformar la atención clínica y a impulsar la investigación sobre los Síndromes Mielodisplásicos Española.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 244

PANAGLUTINACIÓN EN ESTUDIO PRETRANSFUSIONAL: IDENTIFICACIÓN DE UN ANTICUERPO ANTI-JMH

Autor/a/s: Gonzalez del Río, M^a Mercedes; Bajo Almendra, M^a Asunción; Manzano Curto, Marta; Mateos Sevillano, M^a Dolores; Rogado Miguel, María Dolores

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo primer firmante: mmgonzalezr@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los anticuerpos frente a antígenos de alta incidencia son aquellos dirigidos contra antígenos presentes en la gran mayoría de la población (entorno a un 90- 99%), por lo que solo un pequeño grupo de personas carece de ellos, pudiendo desarrollar estos anticuerpos tras una transfusión o embarazo. Su detección presenta un reto en el estudio pretransfusional ya que reaccionan con la mayoría de las células de los paneles de identificación de anticuerpos, dificultando la localización de donaciones compatibles, ya que la mayoría de las unidades tendrán presente ese antígeno. Generalmente son anticuerpos IgG, activos a 37 °C, clínicamente significativos y capaces de provocar reacciones hemolíticas transfusionales o enfermedad hemolítica del

recién nacido.

OBJETIVOS

Poder concluir la presencia de un anticuerpo de estas características, en estudio pretransfusional, de paciente hospitalizada en este centro. Con la aplicación de todas las técnicas inmunohematológicas necesarias para su identificación, nos ayudará a conocer su naturaleza, así como su capacidad hemolítica. Siendo imprescindible verificar toda esta información descrita previamente, ya que puede darse el caso de necesidad transfusional en la citada paciente portadora del mismo con carácter de urgencia en las sucesivas horas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recibe en esta unidad, solicitud de estudio pretransfusional tramitada desde el Servicio de Traumatología. La indicación médica consiste en la reserva de dos concentrados de hematies, motivada por una próxima previsión quirúrgica de una paciente hospitalizada debido a una fractura de cadera.

Se inician las citadas pruebas pretransfusionales, en la anamnesis realizada a la paciente refiere no haber tenido gestaciones previas ni transfusiones.

Material empleado

1. Muestra extraída de sangre periférica en anticoagulante EDTA
2. La metodología aplicada para las determinaciones inmunohematológicas será automatizada: Vision(QuidelOrtho)
3. Procedimiento mediante Tarjetas de aglutinación en columna que contienen antiseros específicos para determinación antigenémica del Sistema ABO (Ortho Biovue System) y en el estudio sérico tarjeta Reverse Diluent previa dispensación de hematies comerciales Ortho Affirmagen A1, B.
4. Tarjetas con suero de Coombs poliespecífico (Anti-IgG+Anti C3b-C3d) para determinación de Coombs Directo e Indirecto (Hematies Bio Vue Screeng 0,8%)
5. Panel de células para la identificación de anticuerpos irregulares, (Ortho Resolve 0,8%)

RESULTADOS

Se obtienen los siguientes resultados:

1. Grupo Sanguíneo A pos (sin discrepancia hemático-sérica)
2. Escrutinio de Acs irregulares: Positivos (+2) frente a las tres células en medio poliespecífico y negativo con células en tratamiento enzimático.
3. Panel de identificación de anticuerpos: Makropanel y Ortho, panaglutinación (+2) en todas las células. Células autocontrol (-).
4. C. Directo (-) Monoespecíficos Anti IgG (-) Anti C3b-C3d (-)
5. Estudio de identificación de anticuerpos por Técnica en tubo (Makropanel). Lecturas: Salino inmediato (-), 37°C (-), Poliespecífico (+)
6. Fenotipo extenso de la paciente frente a todos los antisueros disponibles.
7. Revisados los datos obtenidos se procede a realizar estudio con Técnica en tubo y en la lectura final se realiza tanto con poliespecífico (+) como exclusivamente con Anti IgG(-).

Analizando con detalle todo el estudio realizado, se observa como hay diferencia de comportamiento del anticuerpo al enfrentarlo con Técnica en tubo frente a un Anti-IgG, como al hacerlo con el reactivo poliespecífico. Si además tenemos en cuenta que la paciente no ha tenido episodios que pudieran causar aloinmunización de un anticuerpo de tipo IgG, se puede ir descartando que el anticuerpo frente al que nos encontramos no sea relevante y con repercusión clínica a nivel transfusional, eso sí a la espera de un fenotipo extenso eritrocitario que lo confirme.

CONCLUSIONES

La panaglutinina que se detecta en el estudio de anticuerpos presenta especificidad Anti-JMH, concordando con el fenotipo JMh negativo de la paciente. Este tipo de anticuerpos no son clínicamente significativos, acostumbran a ser de tipo IgG4 (de ahí las conclusiones previamente obtenidas por nosotros así como la reactividad que nos causaban las tarjetas al contener esta fracción). Destacar que este tipo de anticuerpos eritrocitarios pueden encontrarse en pacientes de edad avanzada, en el contexto de déficit de expresión de la proteína que pueden aparecer sin exposición a transfusiones ni embarazos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 245

ESTUDIO INMUNOHEMATOLÓGICO MATERNO-FETAL RELEVANTE

Autor/a/s: Mateos Sevillano, M^a Dolores; Bajo Almendra, M^a Asunción; Gonzalez del Río, M^a Mercedes; Manzano Curto, Marta; Rogado Miguel, María Dolores

Centro de Trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: mdmateos@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El estudio inmunohematológico materno-fetal es fundamental durante el embarazo ya que permite detectar posibles incompatibilidades sanguíneas entre la madre y el feto, especialmente relacionadas con los sistemas ABO y Rh-Kell. A través de la identificación del grupo sanguíneo y la presencia de anticuerpos eritrocitarios maternos, se pueden prevenir complicaciones como la enfermedad hemolítica del feto y del recién nacido (EHRN), que puede causar anemia, ictericia grave o incluso la muerte fetal. Este estudio facilitará la aplicación de medidas preventivas y tratamientos oportunos, garantizando un embarazo más seguro y protegiendo la salud del recién nacido.

OBJETIVOS

Descripción de un estudio inmunohematológico materno-fetal destacado, donde los resultados obtenidos no se corresponden con los hallazgos inicialmente esperados. Las técnicas empleadas habitualmente en este contexto, conducen no solo a la detección de antígenos eritrocitarios entre los numerosos grupos sanguíneos que puedan darse, sino el poder constatar la presencia de anticuerpos anti-eritrocitarios asociados a ellos de origen materno, en un marco de postparto, con el objetivo final de descartar la EHRN.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recibe solicitud procedente del Servicio de Ginecología, de estudio inmunohematológico en muestras tanto materna como fetal, en el Servicio de Transfusión de este centro hospitalario:

Material y metodología empleada:

1. Muestra de origen materna recolectada en tubo con anticoagulante de EDTA, procedente de sangre periférica.
2. Muestra de origen fetal, recolectada en tubo con anticoagulante de EDTA, procedente de la placenta del recién nacido.
3. La metodología aplicada para las determinaciones inmunohematológicas será parcialmente automatizada: Vision (QuidelOrtho)
4. Procedimiento mediante Tarjetas de aglutinación en columna que contienen antisueros específicos para determinación antígenoica del Sistema ABO (Ortho Biovue System) y en el estudio sérico tar-

jeta Reverse Diluent previa dispensación de hematies comerciales Ortho Affirmagen A1, B.

5. Tarjetas con suero de Coombs poliespecífico (Anti-IgG+Anti C3b-C3d) para determinación Coombs Directo e Indirecto (Hematies BioVue Screening 0,8%)
6. Panel de células para la identificación de anticuerpos irregulares, (Ortho Resolve 0,8%)

RESULTADOS

Se obtienen los siguientes resultados en las muestras testadas ESTUDIOMUESTRAMATERNA ESTUDIO EN MUESTRAFETAL

GRUPO SANGUÍNEO	B NEGATIVO	GRUPO SANGUÍNEO	O POS
COOMBS DIRECTO	NEGATIVO	COOMBS DIRECTO	POSITIVO
COOMBS INDIRECTO	POSITIVO	COOMBS INDIRECTO	NEGATIVO
PANEL IDENTIFICACIÓN DE AC:	ANTI- D*	ELUCIÓN ÁCIDA	ANTI-D+ ANTI- KELL
FENOTIPO Rh/KELL	C-E-c+e+Kell-	FENOTIPO Rh/KELL	C+E-c+e+Kell-*

*ANTI-D probablemente de origen profiláctico, administrado a la gestante en la semana 28.

Observando los resultados obtenidos en ambas muestras, sorprendentemente se observa, tras realizar la elución ácida de los hematies fetales sensibilizados, no solo el Anti-D presente en el plasma materno y esperado por transferencia transplacentaria, sino también un segundo anticuerpo eritrocitario inesperado: Anti-Kell, hallazgo de relevancia clínica. Se realiza fenotipo eritrocitario en la muestra del neonato, resultando indetectable la presencia de dicho antígeno* con los reactivos al uso, tratándose muy probablemente de una variante infrecuente del mismo relacionado con el origen no caucásico de la madre.

CONCLUSIONES

Este caso pone de manifiesto la importancia para un TSLDC de conocer y saber aplicar las técnicas adecuadas en cada situación, ser observador además de cuidadosos en su realización, ya que como hemos podido comprobar lo esperado no se relaciona con lo datado. La EHRN constituye una situación de alto riesgo neonatal, los Técnicos tienen un papel fundamental en detectarlas a tiempo, identificar la causa que la provoca y facilitar dicha información tanto a hematólogos como a pediatras responsables de los citados pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 246

DETERMINACIÓN DE HEMOGLOBINURIA PAROXÍSTICA NOCTURNA (HPN) EN LEUCOCITOS Y HEMATÍES.

Autor/a/s: Galisteo Escorza, Arancha; Díez Álvarez, Nuria; Cabeza Cortés, Eva María; Miras Calvo, Fátima; Cedena Romero, María Teresa; Garcí

Centro de Trabajo: Hospital Universitario 12 de Octubre

Localidad: Madrid

Código Postal: 28041

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: aranchagalisteo@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La Hemoglobinuria Paroxística Nocturna es una enfermedad hematólogica clonal adquirida caracterizada por la ausencia de proteínas ancladas a GPI en la superficie celular, lo que provoca hemólisis mediada por el complemento, trombosis y fallo medular. La citometría de flujo es la técnica de referencia para el diagnóstico y seguimiento

SEPARACIÓN DE SUBPOBLACIONES CELULARES MEDIANTE CITOMETRÍA DE FLUJO PARA ESTUDIO POR HIBRIDACIÓN FLUORESCENTE IN SITU (FISH). A PROPÓSITO DE UN CASO

Autor/a/s: Costan Medina, Beatriz; Manrique Gonzalo, M^a de Los Ángeles; Karasiewicz Wieteska, Martyna; Gómez Gijón, Marta; Lorenzo Pérez, Marta; Rodríguez Rivera, María del Mar; Melero Vilella, María Carme; Saumell Tutusaus, Silvia; Ferrer Del Álamo, Ana; Calvo González, Xavier

Centro de Trabajo: Hospital del Mar

Localidad: Barcelona

CódigoPostal: 08003

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: bcostan@parcdesalutmar.cat

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

El linfoma de células del manto (LCM) es una neoplasia de células B maduras, generalmente agresiva, originada por la proliferación de linfocitos en la zona del manto de los ganglios linfáticos. Caracterizado por la translocación cromosómica t(11;14)(q13;q32); IGH::CCND1, y sobreexpresión de la ciclina D1, se diagnostica mediante estudio histológico del ganglio generalmente en fases avanzadas de la enfermedad. Es frecuente la afectación extraganglionar, especialmente de médula ósea y sangre periférica (SP).

La detección y caracterización mediante FISH puede verse limitada por la baja expresión neoplásica en sangre o médula ósea, donde la citometría de flujo con separación celular (sorting) constituye una estrategia de gran utilidad para optimizar esta técnica y mejorar su rendimiento diagnóstico.

OBJETIVOS

Presentar un caso clínico de un varón de 56 años con múltiples adenopatías sugestivas de síndrome linfoproliferativo (SLPC) diagnosticado mediante citometría de flujo con separación celular con una expresión en sangre periférica < 2 % de los leucocitos.

MATERIAL Y MÉTODOS

El recuento de leucocitos del paciente fue de 7300/ μ L. En SP, se realizó citometría de flujo multiparamétrica utilizando un panel de 2 tubos con una combinación específica de 12 de anticuerpos monoclonales diseñado para la sospecha diagnóstica de SLPC B: 1)CD43-FITC / CD23-PE /

CD5-PerCP-Cy5.5/ CD19-PECy7/KAPPA-APC /CD11c-APCR700 / LAMBDA-APCH7 /CD20-V450 /CD45-V500c /CD10-BV605/CD81-BV711/CD200-BV786; 2)CD22-FITC/CD25-PE/CD79b-PerCP-Cy5.5/ CD19-PECy7/CD5-APC/CD11c-APCR700/CD38-APCH7 /CD20-V450/ CD45-V500c/ CD10-BV605/

CD81-BV711/ CD200-BV786.

Se detectó una población de linfocitos B clonales de 1,68% de los leucocitos. Esta población era CD5+, pero de fenotipo distinto al típicamente observado en la leucemia linfática crónica (CD19+, CD20+, CD79b \pm , CD43 \pm , CD5+, CD23-, CD200-, CD11c-, CD25+, CD38+). Ante tales hallazgos era imprescindible descartar un LCM. Debido a que la expresión en SP se encontraba por debajo del límite de sensibilidad de la técnica de FISH, se aisló esta población mediante citometría de flujo con separación celular (FACSMelody®, Becton Dickinson). Para garantizar la cantidad mínima de células para la técnica, se procesaron 8 mL de SP aislando células mononucleadas mediante gradiente de densidad (Ficoll). Se llevó a cabo un procedimiento convencional de citometría de flujo de Stain (15')-Lyse (10')-Wash (x3). Se utilizó el software BD FACSCorus® versión 1.4.3. y se siguió una

de la HPN, siendo el estudio en leucocitos (granulocitos y monocitos) el método estándar. En determinados contextos clínicos, el análisis en hematíes puede aportar información complementaria, especialmente en pacientes con tratamiento dirigido al complemento.

OBJETIVOS

Analizar la actividad diagnóstica de HPN realizada en el año 2025 mediante citometría de flujo.

Describir los hallazgos obtenidos en los estudios positivos cuando se amplía el análisis a hematíes.

Interpretar la diferencia del tamaño del clon entre hematíes y leucocitos y su implicación clínica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Sangre periférica extraída en EDTA.

Citómetro BD FACS Lyric (BD Biosciences).

Reactivos: Anticuerpos estudiados: CD45, CD157, CD10, CD33, CD24 CD64, CD14 de BD Biosciences, FLAER(Fluorescent Aerolysin), CD59-PE (clon MEM43) y CD235a- FITC (clon HIR2).

En 2025 se analizaron un total de 44 estudios de HPN mediante citometría de flujo. El protocolo habitual incluye el estudio de poblaciones leucocitarias .A partir de septiembre de 2025, en los casos con resultado positivo, se amplió el análisis a hematíes. Se recogieron datos sobre:

Tamaño del clon en hematíes, granulocitos y monocitos.

Número de pacientes positivos.

Situación terapéutica de los pacientes positivos

RESULTADOS

De los casos realizados a partir de septiembre del 2025, tres fueron positivos y se amplió el caso a hematíes:

- Caso 1: los resultados en paciente sin tratamiento fueron:

Neutrófilos: 56%. FLAER, CD157, CD10, CD24: Negativo en 9% de los neutrófilos. Monocitos: 8%. FLAER, CD157,CD64,CD14: Negativo en 9.5% de los monocitos.

- Caso 2: los resultados en paciente con tratamiento Ravulizumab, fueron:

Neutrófilos: 50.4%. FLAER, CD157, CD10, CD24: Negativo en 86% de los neutrófilos. Monocitos: 8%. FLAER, CD157,CD64,CD14: Negativo en 83.2% de los monocitos.

Hematíes: 62.35%. CD235a, CD59: Déficit parcial (tipo II): 27.2%. Déficit total (tipo III): 35.15 %

- Caso 3: los resultados en paciente con tratamiento Ravulizumab, fueron:

Neutrófilos: 47.4%. FLAER, CD157, CD10, CD24: Negativo en 99.9% de los neutrófilos. Monocitos: 7.6%. FLAER, CD157,CD64,CD14: Negativo en 99.9% de los monocitos.

Eosinófilos: 0.3% FLAER, CD157dim, CD10neg:Negativo en 98% de los eosinófilos.

Hematíes: 62.35%. CD235a, CD59: Negativo 99.9% Déficit parcial (tipo II): 1.9%. Déficit total (tipo III):98 %

CONCLUSIONES

El diagnóstico de HPN se establece por la detección de un clon deficitario en proteínas GPI en granulocitos y monocitos. El estudio en eritrocitos presenta baja rentabilidad diagnóstica por infraestimar el tamaño del clon HPN. Con la aparición de tratamientos anticomplemento, la determinación en hematíes ayuda a valorar la eficacia del mismo, sin conocer aún la relevancia clínica de la correlación del tamaño clonal entre leucocitos y eritrocitos.

estrategia de gating basada en la siguiente combinación de anticuerpos monoclonales:

- CD43-FITC/CD25-PE/CD79b-PerCP-Cy5.5/CD19-PECy7/CD5-APC/CD38-APCH7/CD20-V450/CD45-V500c.

RESULTADOS

Se adquirieron un total de 80.185.582 células por citometría de flujo con separación celular (FACSMelody®, Becton Dickinson). Se obtuvieron 151.611 linfocitos B atípicos para completar estudio por FISH. Mediante citocentrifugación se realizaron 4 cytospin de 37.902 células aproximadamente, una de las cuales se hibridó con sonda de FISH CCND1::IGH. donde se detectó reordenamiento en el 100% de los núcleos analizados confirmando así el diagnóstico de LCM.

Tras exéresis del ganglio linfático inguinal se realizó el estudio inmunohistoquímico donde se confirmó el diagnóstico.

CONCLUSIONES

Aunque el diagnóstico del linfoma de células del manto se establece mediante biopsia ganglionar, la citometría de flujo con separación celular resulta de gran utilidad para aislar poblaciones específicas de células neoplásicas, optimizando la aplicación de técnicas diagnósticas con sensibilidad analítica limitada como la FISH. De este modo, nos permite realizar un diagnóstico más rápido y preciso, lo que podría favorecer en algunos casos un inicio precoz del tratamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 249

ANÁLISIS DEL CONTROL EXTERNO DE LA CALIDAD PARA TÉCNICAS DE AMPLIFICACIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS EMPLEADAS EN UN CENTRO DE TRANSFUSIÓN

Autor/a/s: Marcos Vázquez Castro, Ana Aldrey Rey, Fernando Rodríguez Carreira, Susana Pérez Duarte, Rosa Mari Rodríguez Suárez, Marta María Piñeiro Freire, Antonio Pérez Boo, Javier Fernández Aneiros.

Centro de Trabajo: Axencia Galega de Sangue, Órganos e Tecidos

Localidad: Santiago de Compostela

CódigoPostal: 15705

Provincia: A Coruña

Correo electrónico primer firmante: marcosvazcas@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las actividades desarrolladas por un Centro de Transfusión comprenden un conjunto de determinaciones analíticas con muy variados objetivos pero que tienen en común la detección de secuencias genéticas de muy diversos orígenes, desde patógenos hasta el ser humano, con el empleo de técnicas similares de amplificación con polimerasas y detección de ácidos nucleicos. Para el aseguramiento de la calidad de los resultados se emplea una serie de controles internos y externos con secuencias definidas y frecuencias determinadas. Para la consecución de las acreditaciones oficiales, necesarias para el ejercicio de estas actividades analíticas, se requiere la participación exitosa en Programas de Control Externo de la Calidad, auspiciados y promovidos por organizaciones oficiales reconocidas. Estos programas proporcionan paneles de muestras y exigen resultados de manera periódica.

OBJETIVOS

Exponer y analizar los resultados de los Programas de Control Externo de la Calidad en técnicas de amplificación de ácidos nucleicos necesarias en un Centro de Transfusión a lo largo de un año natural (2025). Estas técnicas abarcan actividades tan diversas como la detección de patógenos virales (NAT) en las donaciones de sangre, la deter-

minación de genotipos eritrocitarios (diversos grupos sanguíneos) y plaquetarios (HPA) o la determinación de genotipos HLA y KIR en pacientes y donantes, actividad en la que los Centros de Transfusión juegan un papel importante como soporte analítico para el trasplante de progenitores hematopoyéticos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Cinco organizaciones: GECLID-SEI (1), UK-NEQAS (2), ISS-EQAP (3), NRL-EQAS (4) y QCMD (5) enviaron durante el año 2025 un total de 111 muestras para su análisis. Sólo una (5) envió muestras liofilizadas (LF), el resto sangre periférica anticoagulada (SP) con EDTA o plasma con CPD (PF). Ninguna envió torundas epiteliales, dried blood spot (GDS) u otro tipo de muestras de baja calidad. Los ácidos nucleicos de todas las muestras fueron extraídos con variantes del método de Boom (R. Boom et al., 1990) manuales (QIAamp DNA blood minikit) o automáticas (Cobas 6800). De todas las muestras fueron obtenidos ácidos nucleicos en cantidad y con calidad adecuadas, en todos los casos posibles (SP) éstas fueron comprobadas por espectrofotometría UV (Nanodrop-1000). Las técnicas empleadas fueron: PCR-SSP (HLA y KIR), PCR-SSOPr (HLA, genotipaje eritrocitario y HPA), NGS (HLA) y RT-PCR (NAT).

Organizaciones, número y tipo de muestras, frecuencia anual:

1. Garantía Externa de Calidad para Laboratorios de Inmunología Diagnóstica - Sociedad Española de Inmunología: 40 muestras (ST) en 2ejercicios.
2. United Kingdom National External Quality Assessment Service - Red Cell Genotyping: 8 muestras (ST) en 4 ejercicios (2 detenidos porAduanas).
3. Istituto Superiore di Sanità - Italian External Quality Assessment Programme NAT-3 EQAP: 27 muestras (PF) en 3ejercicios.
4. Australian National Ref. Lab. External Quality Assurance Scheme - NATA4310 Multimarker Blood Screening Molecular: 30 muestras (PF) en 3ejercicios.
5. Scottish Quality Control for Molecular Diagnostics - QCMD 2025 West Nile Virus RNA EQA Scheme: 10 muestras (LF) en un únicoejercicio.

RESULTADOS

Todos los resultados (901) entraron dentro del consenso o los establecidos por las organizaciones que convocaron los ejercicios excepto uno (ver al final). Grupo de 652 resultados necesarios para obtener la acreditación de la European Federation for Immunogenetics (EFI), con renovación anual:

Tipaje molecular HLA de baja resolución HLA-A, -B, -C, -DRB1, -DQA1, -DQB1: 120 alelos correctos (100%).

Tipaje molecular HLA de alta resolución HLA-A, -B, -C, DRB1, -DRB3/DRB4/DRB5, -DQB1, -DPB1: 132 alelos correctos (100%).

Tipaje molecular KIR-2DL1,2DL2,2DL3,2DL4,2DL5,2DS1,2DS2,2DS3,2DS4,2DS5,2DP1,3DL1,3DL2,3DL3,3DS1,3DP1: 160 alelos correctos (100%).

Tipaje molecular HPA-1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 15: 240 alelos correctos (100%).

Grupo de 249 resultados necesarios para obtener la certificación del Comité de Acreditación en Transfusión sanguínea (CAT), con renovación trienal: Genotipaje eritrocitario y fenotipo predicho para grupos sanguíneos RhD, Cc, Ee, MN, Ss, Kk, Fya, Fyb, Jka, Jkb, Doa y Dob: 68 alelos correctos (100%). Detección molecular en plasma humano de ARN VIH-1, ARN VHC, ADN VHB, Ct dentro de consenso en casos positivos: 171 resultados correctos (100%). Detección molecular de ARN VNO: 9 resultados correctos, 2 negativos y 7 positivos (5 linaje 2 con Cts 25.13-32.46 y 2 linaje 1 con Cts 28.19-33.06) y 1 resultado inicialmente dado como incorrecto (virus Usutu, positivo en la técnica Cobas WNV con Ct 38.48). Tras apelar el resultado se concluyó que

todas las técnicas dan reacción cruzada por la gran homología de secuencia entre WNV y USUV pero en esta muestra muy diluida sólo la técnica Cobas WNV tenía sensibilidad suficiente (por tecnología y volumen de muestra analizada) para detectarlo (14/15 participantes) aunque con Ct alto, seguida por Procleix WNV (1/6), siendo negativas el resto de técnicas, incluyendo algunas "in house". Incluso una publicación reciente (Blood donor West Nile virus screening identifies three autochthonous Usutu virus infections in Spain, Jimenez-Marco et al. Transfusion 2025) recalca esta reactividad cruzada como una ventaja.

CONCLUSIONES

Un Centro de Transfusión independiente de otros Servicios Hospitalarios necesita emplear múltiples técnicas de amplificación de ácidos nucleicos y solamente un Control Externo de la Calidad extensivo y riguroso puede garantizar sus resultados. Además, las instituciones que acreditan esta Calidad exigen en sus estándares la participación en estos Programas de Control Externo de la Calidad. Ciertamente todos estos controles externos interfieren en la rutina diaria y también ponen a prueba la resistencia y la fiabilidad de los laboratorios de Biología Molecular e Histocompatibilidad de nuestras instituciones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 251

CARACTERIZACIÓN DE HEMOGLOBINOPATÍAS GRAVES DIAGNOSTICADAS EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO PRÍNCIPE DE ASTURIAS.

Autor/a/s: Virginia Ortiz González, Carmen García Bernal, Carolina Monedero Sierra, Inmaculada Padial Ávila, Begoña Guindal Bonilla, José M

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Príncipe de Asturias.

Localidad: Alcalá de Henares

Código Postal: 28805

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: virginia.ortiz@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las hemoglobinopatías graves constituyen un problema de salud pública global, con especial impacto en poblaciones de origen africano, latinoamericano y asiático. La migración ha modificado la epidemiología en España, aumentando la detección tanto en edad pediátrica como adulta. La importancia del Laboratorio en estas patologías radica en el diagnóstico precoz ya que permitirá instaurar medidas terapéuticas que mejoran sustancialmente la supervivencia como la calidad de vida y en la monitorización de los tratamientos.

OBJETIVOS

Análisis retrospectivo de hemoglobinopatías graves diagnosticadas en nuestro centro hospitalario entre 1995 y 2025.

Analizar su distribución según: Origen geográfico, edad al diagnóstico y tipo de hemoglobinopatía diagnosticada.

Evaluar el impacto diagnóstico asistencial en nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo en el Laboratorio de Hematología del Hospital Universitario Príncipe de Asturias, centro que atiende a una población aproximada de 243.000 habitantes.

El periodo de estudio comprendió desde 1995 hasta diciembre de 2025. Se incluyeron todas las muestras remitidas al laboratorio para estudio de hemoglobinopatías por sospecha clínica (anemia hemolítica, microcitosis no ferropénica, ictericia, crisis vasooclusivas), estudio familiar o hallazgo incidental.

Procesamiento de muestras

Las muestras de sangre periférica fueron recogidas en tubos con EDTA y procesadas en un plazo inferior a 24 horas.

1. Estudio hematológico inicial Se realizó hemograma con determinación de índices eritrocitarios (VCM, HCM, RDW) y revisión de frotis desangre periférica cuando fue necesario.

2. Identificación y cuantificación de fracciones de hemoglobina El estudio de hemoglobinas se efectuó mediante: o Cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) como técnica de primera línea.

- Electroforesis capilar en casos seleccionados para confirmación o caracterización adicional.

Se analizaron las fracciones HbA, HbA₂, HbF y variantes estructurales (HbS, HbC y otras). Y confirmación molecular en los casos necesarios.

RESULTADOS

Se analizaron 74 pacientes diagnosticados de hemoglobinopatías graves entre 1995 y 2025. La entidad predominante fue la drepanocitosis homocigota (HbSS) con 55 casos (74,32%), con claro predominio de edad pediátrica (87,5%) seguida de 13 casos (17,56%) de hemoglobina S/C. Las formas menos frecuentes incluyeron 3 casos (4,05%) HbS/β talasemia y 1 (1,35%) talasemia mayor, 1 (1,35%) hemoglobina C homocigota y 1 (1,35%) Hb D homocigota.

El servicio peticionario más frecuente fue Pediatría con 45 solicitudes (60,81%), seguido de Hematología con 21 (28,37%). Obstetricia representó el 2,70% y otros servicios el 8,10%. En cuanto al sexo, se observó una mayor proporción de mujeres (46 casos; 62,16%) frente a varones (29 casos; 39,18%).

Respecto a la procedencia geográfica 46 (62,16%) casos de origen africano (las poblaciones más abundantes fueron 21 de Guinea Ecuatorial y 16 de Nigeria), 14 (18,91%) pacientes procedían de países de Latinoamérica (principalmente de República Dominicana 8 casos), 14 (18,91%) pacientes eran nacidos en España y 1 (1,35%) caso de Rumania.

Todos los pacientes con hemoglobinopatía SS están en tratamiento con hidroxiurea, realizando controles analíticos periódicos, que incluyen la cuantificación de hemoglobina S y F.

CONCLUSIONES

La enfermedad de células falciformes (drepanocitosis homocigota y doble heterocigota) constituye la forma predominante en nuestra área sanitaria, confirmando su relevancia epidemiológica. El predominio de solicitudes desde Pediatría refleja el diagnóstico mayoritario en edad infantil, debido al diagnóstico prenatal precoz y el aumento de población infantil nacida en España, confirma que el patrón temporal observado, es coherente con el impacto demográfico de los movimientos migratorios hacia España en las últimas décadas. El laboratorio hospitalario desempeña un papel esencial en la confirmación

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 252

IMPORTANCIA DEL SCREENING INMUNOHEMATOLOGICO GESTACIONAL. ESCRUTINIO DE ANTICUERPOS IRREGULARES. TEXTO CORREGIDO.

Autor/a/s: CECILIA ROJO VIDAL, JOYCE ADA REYES LÓPEZ, M^a ALEJANDRA PÉREZ DÍAZ, SERGIO GÓMEZ-AREVALILLO HIDALGO, SARA HARO CAÑADA, BÁRBARA DUARTE GARCÍA, ANA GÓMEZ RODRÍGUEZ, NEREA AGUDO MOYA, EVA TOLEDO HERNÁNDEZ, ISMAEL LUQUE ARRABÉ

Centro de Trabajo: HOSPITAL CENTRAL DE LA DEFENSA GÓMEZ ULLA CSVE.

Localidad: MADRID

Código Postal: 28047

Provincia: MADRID

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En la actualidad y aún teniendo tecnologías avanzadas y técnicas que pueden ayudar a la prevención de enfermedad hemolítica del recién nacido y diversas complicaciones que pueden causar grave daño fetal o incluso mortalidad perinatal, sigue existiendo un porcentaje de gestantes que no se realizan los cribados prenatales tan importantes para la prevención.

Además del muy conocido por todos, anticuerpo anti-Rh (D), para el que ya hay profilaxis muy exitosa con gammaglobulina anti-D en la mayoría de los casos; tenemos entre los anticuerpos del sistema Rh, otros con mucha menor prevalencia, pero que también son capaces de provocar afectaciones fetales en algunos casos muy graves. Destacaremos los de especificidad anti-c.

OBJETIVOS

Evidenciar a través de los resultados de las técnicas realizadas por el grupo de trabajo y de la información obtenida y recopilada, la importancia del screening inmunohematológico gestacional, centrándonos en el escrutinio de anticuerpos irregulares; mostrando un caso real de óbito fetal, sin cribado prenatal, con un aloanticuerpo materno de especificidad anti-c, título: 1:1024.

MATERIAL Y MÉTODOS

Analizadores ERYTRA y EFLEXIS. Centrífugas.

Incubadores de tarjetas. Micropipetas y pipetas.

Tubos de plástico. Diluyentes.

Tarjetas con pocillos de gel con/sin AGH.

Tarjetas de pocillos para GR+Rh. Tarjetas de pocillos para Fenotipo Rh+K. Viales de 4 células hemáticas preparadas para escrutinio de ac. irregulares. Reactivos, antisueros y cel. hemáticas A1 y B.

Paneles de 15 células: normal y papainizado para identificación de Ac.

Panel de 11 cel. de población suiza: normal y papainizado, para identificación de Ac. Técnicas de Coombs Indirecto (en medios Coombs 37 grados y salino).

Técnica de Coombs Directo.

Titulación con diluciones seriadas en tarjeta con pocillos.

RESULTADOS

Entre 2024 y febrero de 2026 hubo 1122 partos con escrutinios de Anticuerpos Irregulares a las madres; obteniendo 40 determinaciones positivas:

Año 2024 (total 510 partos): doce escrutinios de Ac. irregulares positivos con especificidades de nueve Anti-D, un Anti-M (Título 1/2) con cribado 2º trimestre negativo, un Anti-Lewis a (Título 1/4) sin cribado previo y un Anti-c (Título 1/1024) en /2024 con reciente llegada a España sin cribado en país de origen.

Año 2025 (total 522 partos): veintitrés escrutinios de Ac. irregulares positivos con especificidades de veintidós Anti-D y un Anti-c (título 1/8) identificado también en el eluido de cordón del recién nacido que tuvo un test de Coombs Directo Poliespecífico (+3); Monoespecífico a IgG (+2), madre con cribado previo positivo a Anti-c y dos partos anteriores, uno en 2014 con transfusiones de dos Concentrados de Hematíes comprobando que uno de ellos era fenotipo c positivo siendo la madre c negativo con escrutinio negativo previa a la transfusión. En 2019, tuvo otro parto sin cribado prenatál resultando el escrutinio de Ac. Irregulares positivo identificándose un Anti-c positivo con coombs directo del bebé negativo.

2026 (90 partos): cinco resultados positivos en escrutinio de Ac. Irregulares, identificando cuatro Anti-D y un Anti- Lewis a (título 1/2) sin cribado previo. Diez años atrás, en el año 2014, hubo un total de 489 partos, resultando once escrutinios de Ac. Irregulares de madres posi-

tivos, identificando nueve Anti-D, un Anti- Jka (título 1/8) y dos Anti- c (uno con título 1/4 con cribado negativo en Noviembre de 2013 y otro con título 1/64 identificado también en eluido de bebé.

CONCLUSIONES

Observamos la importancia del escrutinio de Ac. Irregulares en el cribado prenatál ya que, Ac. del sistema Rh con menor prevalencia, como el Anti-c sin cribado previo, pueden tener un resultado incluso de muerte fetal, como en el caso de Noviembre de 2014 con un título 1/1024.

Tanto el de 2025 con cribado prenatal previo positivo y los dos casos de 2014 también con cribado previo, llegan a término sin complicaciones para el recién nacido

INMUNOLOGÍA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 007

INTEGRACIÓN DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO DE DATOS DE CITOMETRÍA DE FLUJO Y VARIABLES CLÍNICAS PARA LA CLASIFICACIÓN TEMPRANA DE INMUNODEFICIENCIAS PRIMARIAS Y SECUNDARIAS

Autor/a/s: *Natalia Rodríguez Vicente*¹, *Elena Criado Illana*¹, *Blanca García López*¹, *Carlos Blanco Velázquez*^{2,3}, *Silvia Sánchez-Ramón*^{1,3,4}, *María Guzmán Fulgencio*^{1,2}

Centro de Trabajo: *Hospital Clínico san Carlos*

Localidad: *Madrid*

Código Postal: *28040*

Provincia: *Madrid*

Correo electrónico primer firmante: *nataliarod@hotmail.com*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las inmunodeficiencias primarias y secundarias (IDP/IDS) continúan presentando una elevada tasa de infradiagnóstico, en gran medida debido a la heterogeneidad clínica, la superposición fenotípica y la complejidad inherente a la interpretación de los datos derivados de la citometría de flujo multiparamétrica (CFM). Aunque la CFM constituye una herramienta clave en la evaluación inmunológica, su análisis depende en gran medida del gating manual y de la experiencia del observador, lo que introduce variabilidad interobservador y limita la reproducibilidad diagnóstica. En este contexto, los enfoques basados en inteligencia artificial (IA) y aprendizaje automático (AA) representan una estrategia prometedora para la identificación de patrones inmunofenotípicos complejos y para el apoyo a una clasificación diagnóstica más temprana, objetiva y estandarizada en la práctica clínica.

OBJETIVOS

Desarrollar y evaluar un modelo de aprendizaje automático que integre datos de citometría de flujo multiparamétrica y variables clínicas para la clasificación temprana y objetiva de inmunodeficiencias primarias y secundarias, así como para la identificación de patrones inmunofenotípicos relevantes que apoyen la toma de decisiones diagnósticas en la práctica clínica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevó a cabo un estudio observacional retrospectivo que incluyó a 303 pacientes con un amplio espectro de fenotipos inmunológicos. Para cada sujeto se recopilaban variables demográficas, datos de inmunofenotipado TBNK obtenidos mediante CFM multiparamétrica, así como información clínica y analítica detallada, incluyendo concentraciones séricas de inmunoglobulinas totales y subclases, parámetros del sistema del complemento, evaluación de la respuesta vacunal y variables clínicas relevantes. Estos datos se emplearon para el entrenamiento de modelos de aprendizaje automático supervisado con el objetivo de clasificar a los pacientes en cuatro categorías clínicamente relevantes: inmunodeficiencia primaria, inmunodeficiencia secundaria, pacientes con patología clínica no inmunológica y controles sanos. Se aplicaron estrategias estandarizadas de preprocesamiento, armonización de variables y validación cruzada para garantizar la robustez del entrenamiento y la fiabilidad de la evaluación del rendimiento de los modelos.

RESULTADOS

El modelo alcanzó un elevado rendimiento en la clasificación multiclase, con una exactitud global del 93 %, una sensibilidad del 90 % y

un área bajo la curva ROC (AUC) de 0,96. Si bien el rendimiento disminuyó al abordar clasificaciones a un nivel fenotípico más granular, las métricas probabilísticas se mantuvieron consistentes, lo que sugiere una adecuada capacidad discriminativa. Además de su utilidad clasificatoria, el modelo permitió identificar patrones inmunofenotípicos relevantes con potencial valor interpretativo, susceptibles de apoyar la toma de decisiones clínicas y orientar estudios diagnósticos adicionales.

CONCLUSIONES

Diferentes algoritmos de aprendizaje automático mostraron un rendimiento diferencial según el nivel diagnóstico evaluado. LightGBM presentó el mejor desempeño para la clasificación global de inmunodeficiencias, mientras que los modelos basados en máquinas de vectores soporte (SVM) demostraron mayor robustez para la discriminación fenotípica a mayor nivel de detalle. A pesar de la reducción del rendimiento asociada al incremento de la granularidad diagnóstica y de las dificultades persistentes en la diferenciación entre IDP e IDS, este enfoque basado en IA muestra un notable potencial como herramienta de apoyo a la decisión clínica, contribuyendo a mejorar la consistencia diagnóstica y a guiar evaluaciones inmunológicas posteriores.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 009

CADA ANTÍGENO CUENTA

Autor/a/s: *ANA ISABEL DEL AMO GOMEZ*, *ALBA MARIA CASCALES MUÑOZ*, *JOSE IGNACIO FERNANDEZ VELASCO*, *PALOMA TALAYERO JIMENEZ*, *CELIA FERREZ HERNANDEZ*.

Centro de Trabajo: *HOSPITAL UNIVERSITARIO RAMON Y CAJAL*

Localidad: *MADRID*

CódigoPostal: *28034*

Provincia: *MADRID*

Correo electrónico primer firmante: *anadelamogomez69@gmail.com*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En España, aunque la actividad trasplantadora ha alcanzado récords históricos (más de 4.047 trasplantes renales en 2024), los pacientes hiperinmunizados solo representan el 3,5% de los injertos realizados. El programa PATHI de la ONT prioriza a estos pacientes basándose en el cPRA (PRA calculado), donde valores mayores o iguales al 98% son requisito de inclusión. En este colectivo, reducciones mínimas del cPRA —incluso de un 1%— pueden incrementar drásticamente las probabilidades de encontrar un donante compatible.

OBJETIVOS

Describir la aplicación de una estrategia de delisting (retirada selectiva de antígenos inaceptables) individualizada para optimizar las opciones de trasplante en un paciente altamente sensibilizado.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó la caracterización inmunológica mediante técnica de fase sólida (Luminex). La toma de decisiones se basó en tres pilares:

1. Intensidad Media de Fluorescencia (MFI)
2. Estudio de dilución (1:16) para confirmar baja afinidad o descartar efectos de prozona.
3. Ensayo C1q para identificar anticuerpos fijadores de complemento asociados a mayor riesgo de rechazo.

RESULTADOS

Se presenta el caso de una mujer de 67 años, candidata a un tercer trasplante renal tras dos injertos fallidos. Incluida en PATHI con un cPRA del 99% y sin presencia de anticuerpos fijadores de complemento (C1q negativo).

Se aplicó un delisting diferenciado por clases de anticuerpos:

Análisis de Clase I: se retiraron las especificidades de intensidad baja (MFI < 2.000) e intermedia (MFI < 5.000) que negativizaron en la dilución 1:16. Se conservaron como inaceptables los antígenos frente a donantes previos (A2, A23, A24, B44) y aquellos pertenecientes al mismo grupo de reactividad cruzada (CREG), como el A68 y A69.

Análisis de Clase II: en esta clase se priorizó la reducción del cPRA sin comprometer la permanencia en el programa de alta prioridad. Para ello se eliminaron especificidades débiles (DR11, DR15, DQ4) e intermedias (DQ9) con resultado negativo en dilución.

A pesar de proceder de un donante previo, se decidió retirar el DR51 debido a su baja intensidad, ausencia de fijación de complemento y su menor expresión en superficie celular, lo que permitía ajustar el cPRA con un riesgo inmunológico controlado.

Por otro lado, aunque el DQ8 negativizó en dilución, se mantuvo en el listado de inaceptables. Su retirada, sumada a la del DQ9, habría reducido el cPRA por debajo del 98%, provocando la salida de la paciente del programa PATHI y la pérdida de su prioridad clínica.

Como resultado, el cPRA se ajustó al 98%, logrando obtener tres cruces compatibles en un corto periodo tras años de inactividad en lista de espera.

CONCLUSIONES

El delisting progresivo no es solo un ajuste técnico, sino una herramienta clínica de alta precisión. La retirada selectiva de antígenos permite ampliar el pool de donantes. Este caso demuestra que "cada antígeno cuenta": el manejo experto de los umbrales de cPRA garantiza que el paciente mantenga su prioridad en el sistema mientras se multiplican sus oportunidades reales de trasplante.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 094

ESTUDIO DEL ESPUTO EN CITOMETRIA DE FLUJO "UN ENFOQUE DIAGNOSTICO"

Autor/a/s: NATALIA SALGADO GONZALEZ/ CHAMAIDA SOSA GONZALEZ/ MARIA ISABEL GONZALEZ HENRIQUEZ Y ESPERANZA MARIA RODRIGUEZ TORRES.

Centro de Trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO INSULAR-MATERNAL INFANTIL.

Localidad: LAS PALMAS

CódigoPostal: 35016

Provincia: LAS PALMAS

Correo electrónico primer firmante: TIFFANI1976@HOTMAIL.COM

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

EL ESTUDIO DEL ESPUTO INDUCIDO ES UN METODO QUE PERMITE ANALIZAR LAS CELULAS Y SECRECIONES DE LAS VIAS RESPIRATORIAS EN DICHA MUESTRA. MEDIANTE CITOMETRIA DE FLUJO ES POSIBLE IDENTIFICAR Y CUANTIFICAR SUBPOBLACIONES CELULARES PARA CARACTERIZAR LA INFLAMACION PULMONAR PRESENTE.

OBJETIVOS

IDENTIFICAR Y CUANTIFICAR LEUCOCITOS (EOSINOFILOS, NEUTROFILOS, ETC), Y CELULAS EPITELIALES PRESENTES EN LAS VIAS AEREAS. CARACTERIZAR LA COMPOSICION CELULAR DEL ESPUTO QUE AYUDA

A DEFINIR EL TIPO DE ASMA.

MATERIAL Y MÉTODOS

MATERIAL:

RECIPIENTE ESTERIL PARA LA RECOGIDA DE LA MUESTRA, CAMPAÑA EXTRACTORA, PLACAS DE PETRI, PIPETAS ESTERILES, GUANTES, FILTROS, JERINGAS, VORTEX, MICROSCOPIO, CÁMARA DE NEUBAUER, AGITADOR, TUBOS DE CITOMETRIA, REACTIVOS PARA LA CITOMETRIA.

METODO:

1. OBTENCION DE LA MUESTRA
2. PREPARACION DE LA SUSPENSION CELULAR
3. TINCION Y ADQUISICION DE LA MUESTRA EN CITOMETRO DE FLUJO
4. ANALISIS

RESULTADOS

CARACTERIZACION DEL TIPO DE ASMA PARA ELEGIR EL TRATAMIENTO MAS ADECUADO.

- MONITORIZACION A LA RESPUESTA AL TRATAMIENTO DEL PACIENTE CON ASMA.

CONCLUSIONES

ES UN METODO MINIMAMENTE INVASIVO.

ES RAPIDO Y EFICAZ PARA EVALUAR INFLAMACION BRONQUIAL DE FORMA DIRECTA.

UTIL PARA EL SEGUIMIENTO Y AJUSTE DEL TRATAMIENTO DEL PACIENTE.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 115

MAVACAMTEN: METABOLIZACIÓN Y FENOTIPO DEL CYP2C19.

Autor/a/s: Yaiza Pérez Almeida, Eusebio L. Diepa Díaz, M^a Belén Sánchez Guillén, Esther Ponce Cardona, Raquel de Jesús Déniz Guerra, Javier Viera Martín, Ana Reyes Domínguez Acosta, Inmaculada Zorio Reyes, Carmen D. Martel Martel, Jennifer Dámaso Callero.

(Facultativos: M^a Teresa Martínez de Saavedra Álvarez y Rafael Alfaro González).

Centro de Trabajo: H.U.G.C. DR. NEGRÍN

Localidad: LAS PALMAS DE GRAN CANARIA

CódigoPostal: 35010

Provincia: LAS PALMAS

Correo electrónico primer firmante: yaespeal@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El mavacamten es un inhibidor de la miosina cardíaca que se usa para tratar la miocardiopatía hipertrófica obstructiva (MHO), una de las enfermedades hereditarias cardiovasculares más frecuentes. Este fármaco se metaboliza principalmente a través de la isoenzima hepática CYP2C19 y es por ello que, siguiendo las recomendaciones de la ficha técnica, a los pacientes se les realiza un estudio genético previo a la administración del fármaco para identificar aquellos con fenotipo de metabolización lenta y realizar un ajuste de dosis para reducir el riesgo de toxicidad.

OBJETIVOS

Genotipar los alelos *2 y *3 del gen CYP2C19 para identificar si el paciente presenta fenotipo metabolizador lento (*2/*2, *2/*3, *3/*3).

MATERIAL Y MÉTODOS

La detección del genotipo CYP2C19 en el laboratorio es un proceso de diagnóstico molecular estandarizado que permite identificar variaciones genéticas (alelos):

1. Muestra: sangre periférica (EDTA)
2. Extracción DNA: extracción automatizada con el equipo RSC Maxwell®(Promega).
3. Metodología de análisis: PCR en tiempo real (RT-PCR) con equipo 7500 Fast Real-Time PCR system y sondas de hidrólisis (Taq-Man®) fluorescentes específicas que se unen sólo a las variantes del gen CYP2C19 que buscamos (*2 y*3).

RESULTADOS

Desde junio de 2023 que fue aprobado el mavacamten por la UE, hemos recabado los resultados de 39 pacientes cardíacos que fueron atendidos por nuestro laboratorio. De los cuales ninguno ha resultado tener un fenotipo metabolizador lento.

Las variaciones genéticas más frecuentes en nuestro hospital han resultado ser metabolizadores normales: *1/*1, *1/*2.

CONCLUSIONES

La detección del genotipo CYP2C19 es una herramienta que ofrece resultados rápidos y precisos para ajustar la dosis farmacológica del mavacamten y así reducir el riesgo de toxicidad.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 142

ESTUDIO COMPARATIVO ENTRE EQUIPOS IMMUNOCAP™ EN LA DETERMINACIÓN DE LA TRIPTASA.

Autor/a/s: Vicente Montero, E. , Pavlyuk Malanchuk, N. , Jiménez Rodríguez, S. , Meléndez González, R. , Díez-Madroño Gómez, A. , Molero Vilchez, I. , González Pereira, N. , Pacheco Delgado, M.S.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Fuenlabrada

Localidad: Fuenlabrada

CódigoPostal: 28942

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: eduvicentmontero@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La determinación cuantitativa de la enzima triptasa, liberada durante las reacciones alérgicas graves e inflamaciones, constituye un marcador esencial en el diagnóstico y actividad de los mastocitos. Entre los métodos utilizados se encuentra la tecnología ImmunoCAP™ que detecta tanto la forma intacta de la enzima como la pro-enzima (ug/l). En los laboratorios clínicos es esencial verificar la intercambiabilidad de resultados para asegurar la validez de las comparaciones intrumentales.

OBJETIVOS

Verificar la intercambiabilidad de resultados obtenidos en dos equipos ImmunoCAP™ (Thermo Fisher ®), tanto en términos cuantitativos como cualitativos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para la realización de este estudio se analizaron 67 muestras de suero humano, obtenidas en el marco de la actividad diagnóstica rutinaria del área de inmunoensayos durante el mes de octubre y noviembre de 2025.

La selección de las muestras se efectuó de manera dirigida y aleatoria, con el propósito de representar un amplio espectro clínico. Todas las muestras fueron conservadas a una temperatura de 2-8 °C hasta su procesamiento.

Los equipos a estudio son 2 analizadores ImmunoCAP™ (Thermo Fisher ®)

La técnica de la triptasa en estos analizadores está basada en un inmunoensayo tipo sándwich enzimático de fluorescencia (FEIA).

Con el fin de establecer si ambos equipos generan resultados equivalentes se emplean herramientas estadísticas de correlación y análisis de concordancia. Con el sistema informático MedCalc se realizan el diagrama de Bland-Altman (análisis de las diferencias) y la regresión no paramétrica de Passing-Bablok.

RESULTADOS

Se realizó un análisis estadístico para la detección de valores aberrantes basado en la evaluación de las diferencias absolutas y test normalizado entre métodos, detectando 2 valores aberrantes que fueron excluidos en el análisis estadístico.

Tamaño final de la muestra: 65

DIAGRAMA DE BLAND-ALTMAN: La media aritmética de las diferencias tiene un valor de 0,2641 con un intervalo de confianza de -0,0949 a 0,6232 La Desviación estándar es de 1,4491. El límite inferior de acuerdo es de -2,5760 con un intervalo de confianza de -3,1928 a -1,9592. El límite superior de acuerdo es de 3,1043 con un intervalo de confianza de 2,4875 a 3,7211.

Dado que el intervalo de confianza de la media aritmética de las diferencias incluye el valor cero, se concluye que no existen diferencias estadísticamente significativas .

REGRESIÓN NO PARAMÉTRICA DE PASSING-BABLOK: Coeficiente de correlación de Pearson (r): 0,9966. La ecuación de regresión y = 0,4476 (a) + 0,9856 (b) x tiene un intervalo de confianza en el Intercepto A (a) de 0,1214 a 0,7677 y en la pendiente B (b) de 0,9299 a 1,0658.

El test de Cusum para linealidad es de 0,41. No hay desviación significativa de la linealidad (P>0,01), lo que sugiere que el modelo de regresión lineal es adecuado para relacionar los dos métodos. Además, El valor de r = 0,9966 indica una correlación positiva muy fuerte estadísticamente significativa, lo que sugiere una excelente relación lineal directa.

No existe un error sistemático proporcional (el intervalo de confianza de la Pendiente B incluye el valor 1). Se detecta un error sistemático constante estadísticamente significativo (el intervalo de confianza del Intercepto A incluye el valor 0) entre los equipos mediante el análisis de regresión.

CONCLUSIONES

Tras realizar este estudio se observa que estadísticamente por el método de Bland-Altman los equipos se pueden considerar intercambiables, pero no utilizando el método de Passing-Bablok, si bien, desde una perspectiva clínica los resultados son comparables y equivalentes en su interpretación diagnóstica. La realización de estos estudios es esencial para garantizar la emisión de resultados fiables independientemente del equipo utilizado.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 145

INFLUENCIA DEL HEMATOCRITO EN LOS NIVELES DE CICLOSPORINA EN SANGRE PERIFÉRICA.

Autor/a/s: ANA DIAZ VILLA, VIOLETA GARCIA FONCUEVA, M. PILAR TUNÓN ALVAREZ , M. CRUZ MORALES MESA.

Centro de Trabajo: HOSPITAL CENTRAL DE ASTURIAS. (HUCA)

Localidad: OVIEDO

CódigoPostal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: anadi80@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La cuantificación de fármacos inmunosupresores en pacientes tras-

plantados es imprescindible para evitar toxicidad e inmunosupresión excesiva o insuficiente. En el caso del Tacrolimus y la Ciclosporina (Csa), esta cuantificación puede estar infra o sobreestimada, debido a que ambos fármacos se encuentran mayoritariamente en el interior de los eritrocitos y sus niveles podrían estar muy afectados por el Hematocrito(HTC) que presentan los pacientes .

OBJETIVOS

Evaluar la influencia del Hematocrito sobre los niveles de los inmunosupresores (Csa) en sangre periférica .

MATERIAL Y MÉTODOS

Se seleccionaron muestras de sangre periférica anticoagulada con EDTA, procedentes de 14 donantes sanos con distintos niveles de Hematocrito (mediana: 40.8 RI:11.95) y se añadieron in vitro tres concentraciones (100, 200 y 400 ng/mL) de Ciclosporina. Tras dos horas , las muestras se lavaron dos veces con 3 mL de PBS y se dejaron al mismo volumen inicial.

Nueve muestras en las que se realizaron tanto la concentración de la fracción celular como su dilución, fueron procesadas del mismo modo con la concentración de 200 ng/mL del fármaco. Los niveles de Ciclosporina en sangre total fueron cuantificados en el equipo Aliniy de Abbott.

RESULTADOS

Las sangres con valores más altos de Hematocrito fueron las que presentaron niveles mayores de Ciclosporina en las muestras tratadas con 100 ng/mL del fármaco, no siendo tan clara esta correlación a las concentraciones superiores. Al comparar los niveles de Ciclosporina entre las muestras concentradas y diluidas del mismo donante, se encontraron niveles significativamente elevados en aquellas con mayor Hematocrito (media: 130+/-39 y 89+/-14 respectivamente ; T de Student para datos pareados, $p=0,004$)

CONCLUSIONES

Los valores extremos de Hematocrito pueden influir significativamente en los niveles de Ciclosporina en sangre periférica de los pacientes, lo que debería ser tenido en cuenta para la correcta interpretación de estos niveles y el posterior ajuste en la dosis de fármacos inmunosupresores.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 179

HLA-A*29:177: UNA VARIANTE POTENCIALMENTE ORIGINADA DE LA RECOMBINACIÓN ENTRE HLA-A Y HLA-G.

Autor/a/s: Mena Llamas, Inmaculada; Pérez Pérez, Ana Esperanza; Rodríguez Muñoz, Guillermo; Nieto Díaz, Antonio.

Centro de Trabajo: Hospital universitario Puerta del Mar. Servicio de inmunología.

Localidad: Cádiz

Código Postal: 11009

Provincia: Cádiz

Correo electrónico primer firmante: inmaculada.mena.sspa@junta-deandalucia.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La descripción de nuevos alelos del sistema antígeno leucocitario humano (HLA) es relevante para el tipaje de alta resolución, la asignación de compatibilidades y la interpretación inmunogenética en trasplante. La secuenciación masiva (Next Generation Sequencing, NGS) ha incrementado la detección de variantes alélicas no descritas. La mayoría de los nuevos alelos reportados se originan por sustituciones

puntuales; sin embargo, fenómenos de recombinación o conversión génica pueden generar variantes más complejas, aportando información sobre la evolución del complejo mayor de histocompatibilidad y sobre cambios potencialmente relevantes en regiones implicadas en el reconocimiento inmunitario.

OBJETIVOS

Detectar y caracterizar un nuevo alelo del locus HLA-A identificado en nuestro centro mediante NGS y valorar su posible mecanismo de origen, con especial atención a un fenómeno de conversión génica intergénica entre secuencias de HLA-G y HLA-A.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se estudió un individuo en el contexto de tipaje HLA de alta resolución para trasplante de progenitores hematopoyéticos. El ADN genómico se obtuvo a partir de sangre periférica mediante extracción automatizada (MagCore). El tipaje se realizó por NGS con kit comercial ALLType Fastplex (panel de 11 loci de clase I y clase II) en plataforma Ion Torrent S5, con preparación automatizada (Ion Chef). El análisis y la asignación alélica se efectuaron con TypeStream Visual conforme a las recomendaciones del fabricante y a la versión de base de datos disponible en el momento del análisis. Ante la identificación de una secuencia no concordante, se revisó el alineamiento, se comparó con secuencias de referencia de bases de datos internacionales y se preparó el envío de la nueva secuencia para su validación y nomenclatura oficial.

RESULTADOS

El tipaje del locus HLA-A mostró HLA-A*02:01 y una variante relacionada con HLA-A*29. En la comparación con la secuencia de referencia HLA-A*29:02:01:01, la variante presentó cuatro sustituciones nucleotídicas en el exón 2 (posiciones 228, 230, 232 y 233), que condicionan tres cambios consecutivos de aminoácidos en las posiciones 9-11. Las discrepancias se integran en una región de 81 nucleótidos que comprende el final del intrón 1 y el inicio del exón 2. Este fragmento muestra identidad con secuencias descritas para alelos del gen HLA-G (HLA-G*01), lo que sugiere como mecanismo plausible un evento de conversión génica intergénica entre un alelo HLA-A*29 y un alelo HLA-G*01, más que una simple mutación puntual. La secuencia fue aceptada en las bases de datos internacionales y recibió denominación oficial HLA-A*29:177.

CONCLUSIONES

La NGS es una herramienta robusta para la detección y caracterización de nuevas variantes HLA en el ámbito del trasplante. Presentamos el alelo HLA-A*29:177, cuya estructura sugiere un origen no puntual, compatible con conversión génica intergénica entre HLA-G y HLA-A en una región corta que incluye intrón 1/exón2. La notificación de este tipo de variantes contribuye a la actualización de bases de datos y puede ser de interés para la interpretación inmunogenética en escenarios clínicos donde se requiere tipaje de alta resolución.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 196

IMAGEN EN CÉLULAS VIVAS PARA EVALUAR LA APTITUD CELULAR UTILIZANDO INCUCYTE® CON EL TINTE CYTOTOX GREEN Y UN MÓDULO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL.”

Autor/a/s: Laia Benavent Clos e Isabel Pagan Ramos

Centro de Trabajo: Laboratorios Almirall S.A

Localidad: Sant Feliu de Llobregat

CódigoPostal: 08980

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: isabel.pagan@almirall.com/Eulalia.benavet@almirall.com

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

La caracterización cinética de parámetros de viabilidad celular requiere plataformas que permitan obtener mediciones continuas sin alterar las condiciones de cultivo. El sistema Incucyte® posibilita la adquisición longitudinal de imágenes en condiciones estándar de incubación, y su combinación con el marcador fluorescente de muerte celular Cytotox Green, junto con algoritmos de segmentación basados en inteligencia artificial (IA), ofrece una herramienta de alto rendimiento para cuantificar citotoxicidad en tiempo real.

OBJETIVOS

El sistema Incucyte® permite seguir a las células vivas en tiempo real dentro del incubador. Captura y analiza imágenes de manera continua, facilitando estudios más precisos y fiables en numerosos ensayos celulares usados en investigación y descubrimiento temprano de medicamentos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Sistema de imagen en vivo Incucyte® para adquisición continua de imágenes en incubadora.

Tinte Cytotox Green, utilizado para detectar células muertas mediante fluorescencia asociada a pérdida de integridad de membrana.

Placas de cultivo multipocillo compatibles con el Incucyte®. Módulo de análisis Incucyte® AI Cell Health para segmentación y clasificación automatizada de células vivas y muertas. Reactivos medios de cultivo estándar para mantenimiento celular (según protocolo habitual del laboratorio).

Las células se cultivaron en placas multipocillo compatibles con el Incucyte® y se expusieron a distintos tratamientos experimentales. Se añadió Cytotox Green en concentraciones optimizadas para asegurar una fluorescencia proporcional a la permeabilización de membrana. El sistema adquirió imágenes de fase y fluorescencia a intervalos regulares, generando stacks temporales de alta resolución. El análisis se realizó mediante el módulo AI Cell Health, que aplica modelos entrenados de segmentación supervisada para discriminar morfologías asociadas a células viables vs. no viables, calcular densidades celulares, generar métricas normalizadas y ajustar curvas cinéticas mediante parámetros derivados (pendientes, áreas bajo la curva, tasas de cambio).

RESULTADOS

La integración del fluorocromo con la adquisición automatizada permitió obtener mediciones temporales robustas de la cinética de muerte celular. La IA mostró alta precisión en la segmentación de poblaciones heterogéneas, reduciendo artefactos derivados de agregación celular, variación en iluminación o ruido de fondo. Las métricas generadas (confluencia, unidades fluorescentes integradas, velocidad de incremento de señal y puntos de inflexión cinética) permitieron distinguir respuestas dependientes de tiempo y dosis en diversos modelos celulares. El análisis automatizado mostró una reducción sustancial del tiempo de procesamiento y minimizó la variabilidad intero-perador observada en recuentos manuales.

CONCLUSIONES

El empleo combinado de Cytotox Green, el imaging continuo del Incucyte® y los algoritmos avanzados de análisis basados en IA constituye una plataforma robusta para el estudio de viabilidad y citotoxicidad celular en tiempo real. Esta metodología mejora la sensibilidad analítica, estandariza la cuantificación y permite obtener perfiles cinéticos de alta resolución, consolidándose como una herramienta de referencia para ensayos de toxicidad, desarrollo de fármacos y análisis funcional.

VALOR PRONÓSTICO DEL PIRCHE SCORE EN HAPLO-TPH CON CICLOFOSFAMIDA POST-TRASPLANTE EN RELACIÓN CON RECAÍDA Y RESULTADOS CLÍNICOS

Autor/a/s: ARIADNA VICENTE PARRA, NURIA CALZADA NIETO, PILAR TERRADILLOS SANCHEZ, ISABEL JIMENEZ HERNAZ, SARA MARCOS ASENSIO, JUAN LÓPEZ-PÉREZ, VIVIAN LIZETH STEWART DELCID, RODRIGO GIL-MANSO, AMALIA TEJEDA VELARDE, FRANCISCO JAVIER GIL-ETAYO

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: ariadnavicente@saludcasti-llayleon.es

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

El alo-TPH es una opción terapéutica fundamental para neoplasias hematológicas. Sin embargo, solo cerca del 25% de los pacientes que requieren un trasplante disponen de un donante familiar HLA idéntico. Esta limitación ha impulsado un crecimiento significativo del haplo-PTH, especialmente desde la introducción de la PTCy, que ha permitido reducir la EICR. A pesar de estos avances, en el haplo-TPH desempeña un papel crucial en HLA. La magnitud de estas incompatibilidades determina la respuesta inmunológica bidireccional entre donante y receptor, pudiendo influir tanto en el riesgo de recaída como en la aparición de complicaciones inmunomediadas. Algoritmos como PIRCHE permiten cuantificar la inmunogenicidad teórica mediante la identificación de epítomos HLA que podrían ser reconocidos indirectamente tras el trasplante.

OBJETIVOS

El propósito de este trabajo fue analizar cómo las incompatibilidades HLA estimadas mediante el PIRCHE Score (PS) influyen en dos desenlaces críticos en el haplo-HSCT con PTCy:

El riesgo de recaída, y la supervivencia libre de enfermedad injerto contra huésped, recaída o muerte (GRFS).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se evaluó retrospectivamente una cohorte de 145 pacientes sometidos a haplo-TPH. La tipificación HLA de cada pareja donante-receptor incluyó los loci A, B, C, DRB1, DQB1 y DPB1, utilizando técnicas de PCR-SSOP y/o secuenciación de nueva generación cuando fue necesario. El algoritmo PIRCHE permitió estimar los epítomos del donante que el sistema inmune del receptor podría reconocer indirectamente (dirección HvG) y viceversa (dirección GvH). Este análisis proporciona un marcador más sensible de incompatibilidad, dado que mide la carga real de epítomos potencialmente inmunogénicos y no solo el número de alelos discordantes.

El PIRCHE es un algoritmo bioinformático que estima cuánto puede reaccionar el sistema inmune del receptor frente al donante en un trasplante alogénico, incluido el haplo-idéntico. El PIRCHE no solo cuenta los alelos HLA diferentes, sino que calcula la cantidad de fragmentos (epítomos) de las moléculas HLA del donante que podrían ser procesados por las células presentadoras; ser presentados en las moléculas HLA clase I y II, y por tanto activar linfocitos T CD4+ y T CD8+, desencadenando respuesta inmunológica. Mide la inmunogenicidad funcional, no solo la incompatibilidad teórica. Esta aproximación puede realizarse teniendo en cuenta los péptidos presentados por el receptor (moléculas HLA dispare del donante) o presentados por el donante (moléculas HLA dispare del receptor).

RESULTADOS

Los pacientes que presentaron recaída mostraron un PIRCHE Score significativamente mayor en dirección huésped contra injerto (HvG). PS en pacientes con recaída: 66 (IQR: 50–85) PS en pacientes sin recaída: 44 (IQR: 29–69) $p = 0.002$. Esto indica que, cuanto mayor es la carga de epítomos inmunogénicos reconocibles, mayor es el riesgo de que el sistema inmune del receptor pierda el efecto injerto contra leucemia, facilitando la recaída. El análisis ROC permitió identificar un punto de corte robusto: PS >50; se asoció con recaídas más tempranas (HR: 4.66; $p=0.001$). Además, los trasplantes con incompatibilidad ABO también mostraron un mayor riesgo de recaída (HR: 2.66; $p=0.014$), y ambos factores se mantuvieron como predictores independientes en el análisis multivariante.

La supervivencia libre de EICR grado III–IV, recaída o muerte (GRFS) es un indicador global del éxito del trasplante. En este estudio, los pacientes que desarrollaron cualquiera de estos eventos presentaron un PS HvG significativamente más elevado: GRFS con evento: 60 (IQR 36–84) GRFS sin evento: 43 (IQR: 29–56) $p = 0.001$. El análisis ROC determinó que un PS >49 se asociaba con una GRFS significativamente más reducida (HR: 2.19, $p = 0.001$).

Asimismo, un índice de comorbilidad del trasplante (HCT-CI) >3 también se relacionó con peor GRFS (HR: 1.84; $p<0.001$). Ambas variables fueron predictores independientes en el modelo multivariante.

CONCLUSIONES

Este estudio indica que el PIRCHE Score es un marcador inmunológico funcional relevante en el contexto del haplo-TPH con PTCy. Un PS elevado en dirección HvG se asocia de manera consistente con mayor riesgo de recaída, recaídas más tempranas, peor GRFS, y una evolución global menos favorable. Estos hallazgos sugieren que el algoritmo PIRCHE podría integrarse en la práctica clínica como una herramienta complementaria en la selección de donantes haploidenticos, ayudando a identificar combinaciones donante–receptor con menor carga inmunogénica y, potencialmente, mejor pronóstico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 231

TRANSFUSIÓN CASI IMPOSIBLE: ANTI-COLTON 3 EN BANCO DESANGRE

Autor/a/s: M^a Carmen Rodríguez Bravo, M^a Susana Vizcaíno Fernández, M^a Celia Blázquez de Castro, M^a Aránzazu Espinola Arjona, Francisco Javier Conejo Tenorio, M^a Carmen Aguilar Barrios, M^a Ángeles Díaz Corrales, M^a Mercedes Lázaro Lázaro, Héctor Velasco Esteban, Denis Zafra Torres.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Doce de Octubre

Localidad: Madrid

Código Postal: 28044

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: aresar2482@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El sistema Colton (Co, ISBT 015) comprende antígenos de alta frecuencia localizados en la proteína acuaporina-1 (AQP1) de la membrana eritrocitaria, que funciona como transportadora de agua. Existen 3 antígenos principales Co-a (alto porcentaje poblacional), Co-b (bajo) y Co3 (presente en casi toda la población). El Anti-Co3 es un anticuerpo dirigido contra el antígeno Co3 y presente en personas con fenotipo nulo colton (Co (a-b-) (<0,01)). Hay casos reportados en población gitana (Romaní), puede deberse tanto a una ausencia de acuaporina-1 como a un error de splicing (de empalme genético),

siendo esta última situación la de nuestro caso. El Anti-Co3 es de tipo IgG, está implicado en reacciones hemolíticas transfusionales agudas o retardadas y enfermedad hemolítica del recién nacido, aparece tras exposición por transfusión de hematíes (con antígeno Co3) o en gestaciones.

OBJETIVOS

Identificar anticuerpos contra antígenos de alta frecuencia para disponer de concentrados de hematíes compatible para cirugía cardíaca: recambio valvular

MATERIAL Y MÉTODOS

Se solicitan pruebas pretransfusionales a una mujer de 73 años, de etnia gitana; no transfundida y con 2 gestaciones. Utilizamos los siguiente equipos y materiales:

Equipo: Bio-Rad IH-1000

Tarjetas: de grupo ABO/Rh, coombs, neutras, fenotipo Rh/Kell

Además de reactivos: células A1, células B, Hemanígeno I, Hemanígeno II, panel de 11 células en coombs y panel de 11 células en papaína, así como reactivos fenotipo eritrocitarios.

RESULTADOS

Grupo sanguíneo: A positivo

Escrutinio de anticuerpos irregulares: Hemanígeno I (1+), Hemanígeno II (1+) Fenotipo Rh/Kell: C+ c- E- E+ K-

Fenotipo eritrocitario (ampliado): M+ N+ Jka+ Jkb+ S+ s- Fya- Fyb+ Coombs directo: Negativo

Autocontrol: Negativo

Panel de 11 células en coombs: panaglutinina homogénea de 2+ Panel de 11 células en papaína: panaglutinina con doble población.

Con este resultado no concluyente se solicitó nueva muestra con resultados idénticos.

Se cruzaron 29 concentrados de hematíes con isofenotipo Rh/Kell, resultando prueba cruzada incompatible.

Se informó a los facultativos, que ante sospecha de anticuerpos contra un antígeno de alta incidencia, decidieron posponer la cirugía.

Al tratarse de un caso complejo se envió muestra al Centro de Transfusión de la Comunidad de Madrid, que remitió la muestra a un centro internacional donde se detectó el Anti.Co3 con fenotipo colton-null (a-b-), genotipo (a+b-).

En esta situación se insta a la búsqueda entre donantes familiares o incluso autodonación, se encontraron un hijo y un nieto con prueba cruzada compatible. Se usaron inmunoglobulinas y corticoides para prevenir la reacción transfusional en caso de requerir sangre incompatible.

Finalmente, la cirugía solo requirió un concentrado sin reacción transfusional.

CONCLUSIONES

El anticuerpo Anti-Co3 constituye un hallazgo inmunohematológico poco frecuente pero clínicamente significativo. Siendo crucial el cribado ante la sospecha de anticuerpos frente a antígenos de alta frecuencia (caso de panaglutininas y prueba cruzada incompatible en los bancos de sangre), para prevenir reacciones hemolíticas graves y garantizar una adecuada selección de unidades compatible.

Es fundamental el papel del técnico en la detección temprana y el manejo en estos casos, garantizando una transfusión segura y de calidad

MICROBIOLOGÍA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 005

ESTADÍSTICA, AÑO 2025, DE PRIMER DIAGNÓSTICO DE MICOBACTERIAS Y ESTUDIO DE INCIDENCIA DE MICOBACTERIUM TUBERCULOSIS EN LOS ÚLTIMOS 10

Autor/a/s: Adolfo Cantalejo Gutiérrez, Dolores García González, Juan Luis Sánchez Canales, Leticia Herrero Tardón, Carmen Pineda Leva, Sara Hernández Egido, Sara María Quevedo Soriano.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Severo Ochoa

Localidad: Leganes

Código Postal: 28914

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: adolfitocg@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las micobacterias son bacterias con paredes celulares resistentes a los ácidos, compuestas por capas de lípidos que las hacen resistentes a condiciones adversas y a muchos antibióticos. De ahí la importancia de conseguir un diagnóstico que evidencie la presencia de micobacterias patógenas y diferenciarlas de las micobacterias pertenecientes a la microbiota normal del cuerpo humano. Dentro de las micobacterias patógenas, cabe destacar el género *Mycobacterium* que puede causar enfermedades graves en humanos, siendo una de las más conocidas la tuberculosis.

Las características de las micobacterias son variadas y en algunos casos desconocidas, por lo que se indica el interés de las mismas y su estudio.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio, es observar de manera retrospectiva y a su vez en el momento del diagnóstico las micobacterias evidenciadas en nues Observar también la incidencia de *Mycobacterium tuberculosis* en los últimos 10 años.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han procesado durante el año 2025, un total de 1525 muestras; esputo, broncoaspirado, lavado broncoalveolar, líquido pleural, sinovial, ascítico, cefalorraquídeo, abscesos, biopsias, orina, jugo gástrico, etc.

Sembrado en medio líquido MGIT y en medio sólido coletsos.

Resultados obtenidos de la base de datos del Servicio de Microbiología y Parasitología del Hospital Universitario Severo Ochoa.

Los diagnósticos han sido realizados mediante PCR para *Mycobacterium tuberculosis* en nuestro centro y desde el Centro Nacional de Microbiología para la misma y resto de micobacterias detectadas para confirmación y sensibilidad, donde son enviados los medios de cultivo sólidos (coletsos).

RESULTADOS

Aislamientos de primer diagnóstico año 2025 :-*Mycobacterium tuberculosis* (MTU): 17, *Mycobacterium avium intracellulare* (MAI): 6, *Mycobacterium lentiflavum*: 2, *Mycobacterium abscessus* subsp. *massiliense*: 1, *Mycobacterium interjectum*: 1, *Mycobacterium intracellulare/chimaera* group: 6, *Mycobacterium xenopi*: 1, *Mycobacterium fortuitum*: 1, *Mycobacterium marscillense*: 1, *Mycobacterium palustre*: 1, *Mycobacterium europaeum*: 1, *Mycobacterium gordonae*: 1, *Mycobacterium saskatchewanense*: 1, *Mycobacterium cynacigerica*: 1.

Mycobacterium tuberculosis últimos 10 años:

2015:22 2021:17

2016:22 2022:13

2017:12 2023:10

2018:16 2024:15

2019:17 2025:17

2020: 9

Aislados en diferentes tipos de muestras y resultando un 3% resistente a rifampicina en el periodo estudiado.

CONCLUSIONES

- La micobacteria más aislada es *Mycobacterium tuberculosis*, pero no por su alta incidencia, que como puede observarse se mantiene en el tiempo, si no por su patogenicidad y necesidad de un abordaje temprano en cuanto a tratamiento y salud pública, ya que es de declaración obligatoria.

- Le sigue el género *Avium intracellulare*, que es el primer tipo de micobacteria no tuberculosa en incidencia y patogenicidad, confirmando durante este último año 2025.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 019

ESTUDIO DE BORRELIOSIS DE LYME EN UNA ZONA ENDEMICIA (2021-2025)

Autor/a/s: Irene Fonteboa Gil, María Jesús Suazo Rodríguez, María José Gude González, Pilar Alonso García, Susana Orol Maseda, Silvia Fernández Fernández, Paz González Pombo

Centro de Trabajo: Hospital Lucus Augusti

Localidad: Lugo

Código Postal: 27003

Provincia: Lugo

Correo electrónico primer firmante: irenefonteboa@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La enfermedad de Lyme (EL) o borreliosis de Lyme es una infección producida por las espiroquetas del complejo *Borrelia burgdorferi* sensu lato (s.l.). Es un proceso multisistémico, de distribución universal, transmitido por garrapatas duras del género *Ixodes* y en nuestro medio, específicamente, por *Ixodes ricinus*. En España, la mayoría de los casos de EL se diagnostican en la mitad norte de la Península con zonas endémicas como La Rioja, Navarra, Norte de Castilla y León, Asturias, Galicia, Cantabria y País Vasco. El diagnóstico de EL se basa en el antecedente epidemiológico de exposición a garrapatas en una zona endémica, acompañado del desarrollo de las manifestaciones clínicas típicas de la enfermedad y la constatación de infección mediante pruebas microbiológicas validadas (IFI, ELISA, CLIA, Western-blott, PCR o cultivo) sólo en las fases diseminadas de la enfermedad. La detección de anticuerpos por estas técnicas de screening debería confirmarse con el hallazgo de bandas específicas mediante un Western-blott.

OBJETIVOS

Estudiar de manera retrospectiva la seroprevalencia de *Borrelia burgdorferi* s.l. en una zona endémica como es la provincia de Lugo en los cinco últimos años (2021-2025) y analizar si el número de peticiones recibidas se ajusta a los criterios diagnósticos recomendados por las guías científicas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se trata de un estudio retrospectivo de los casos analizados en el Servicio de Microbiología del Hospital Universitario Lucus Augusti de Lugo (hospital con 900 camas) desde enero de 2021 hasta diciembre de 2025.

Consideramos “positiva” aquella muestra con serología positiva (anticuerpos IgM+IgG positivos o IgG positivos) o LCR (anticuerpos IgM+IgG positivos) mediante quimioluminiscencia (Liason XL, Diasorin®) y confirmación por Inmunoblot de IgM e IgG (Virotech) de aquellos casos positivos.

En nuestro hospital, debido al alto número de peticiones que recibe, es inviable hacer la técnica confirmatoria a todas las serologías positivas. Por ello, trabajamos con un algoritmo diagnóstico (siguiendo las guías científicas) basado en el método de enzimoimmunoanálisis como prueba de cribado y realizar la técnica confirmatoria únicamente a aquellos sueros con sospecha de infección diseminada.

RESULTADOS

Durante el periodo estudiado se analizaron 9445 sueros y 399 LCR, siendo positivos 1340 sueros y 44 LCR (14% y 3% respectivamente). Se realizaron 591 inmunoblot confirmatorios, siendo positivos 379 sueros. La mayoría de los pacientes tenían más de 65 años (n: 3388), de los cuales el 55,8% eran varones.

El mayor número de peticiones se cursaron en los meses de mayo a septiembre, coincidiendo también con el mayor número de pruebas positivas.

Las muestras positivas procedían mayoritariamente de peticiones de atención primaria (87% ambulatorios vs. 17% hospitalizados). De los pacientes hospitalizados, los servicios de procedencia del mayor número de peticiones y positivos fueron Neurología (25%) y Medicina Interna (20%).

CONCLUSIONES

Nuestros datos muestran un elevado número de peticiones de Borrelia por serología, a pesar de que el diagnóstico de EL se basa en el antecedente epidemiológico de exposición a garrapatas acompañado de manifestaciones clínicas. Aunque I. ricinus está ampliamente distribuida por la Península Ibérica y puede estar activa durante todo el año, en nuestra área la mayoría de los casos se producen en primavera-verano y principio de otoño. En nuestro medio se observa una alta seroprevalencia de Borrelia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 020

CRIBADO OPORTUNISTA DE VHC POR EDAD MEDIANTE POOLING O AGRUPACIÓN DE MUESTRAS: ANÁLISIS DE COSTES.

Autor/a/s: Suazo Rodriguez, María Jesús; Fonteboa Gil, Irene; Gude González, María José; Arcay Barral, Ricardo Manuel; Alonso García, Pilar; Orol Maseda, Susana; Fernández Fernández; Silvia; Pombo González, Paz; Arias González, María Pilar; Ferreiro Díaz, Helena.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO LUCUS AUGUSTI

Localidad: LUGO

CódigoPostal: 27003

Provincia: LUGO

Correo electrónico primer firmante: chussuazo55@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La infección por virus hepatitis C (VHC) es un grave problema de salud pública y una de las causas más importantes de enfermedad hepática crónica en todo el mundo. La OMS aprobó un plan de eliminar las hepatitis víricas como amenaza de salud pública antes de 2030.

Con este objetivo se puso en marcha en Galicia un “cribado oportunista etario”, ofertando la prueba de la hepatitis C a toda persona entre 60-70 años que por cualquier motivo acuda al sistema sanitario.

OBJETIVOS

Analizar el ahorro económico que supone el diagnóstico de la infección por VHC mediante métodos moleculares en muestras agrupadas por pooling, respecto al análisis serológico individual (método de diagnóstico en un solo paso).

Conocer la prevalencia de infección activa por VHC en nuestro entorno para ese rango de edad.

MATERIAL Y MÉTODOS

Previo consentimiento informado, se estudiaron durante 12 meses (Enero 2025- Diciembre 2025) las muestras de plasma de pacientes entre 60 y 70 años.

La elaboración de los pools se realizó en el equipo Beckman AutoMed 2550 de forma automatizada y secuencial, alicuotando las muestras en diferentes niveles, hasta llegar a un único tubo que unifica muestras de 100 pacientes.

La presencia de ARN-VHC se determinó con el kit Xpert® HCV Viral Load en el equipo GeneXpert (Cepheid®). Un resultado negativo en esta determinación fue extrapolado a las 100 muestras presentes en el pool. En aquellos casos con resultado positivo, se analizaron los niveles intermedios hasta llegar al paciente -o pacientes- con infección activa.

RESULTADOS

Se estudiaron 18.100 pacientes (8.704 hombres, 9.396 mujeres), agrupados en 181 pools.

Se detectaron 14 pacientes (12 hombres, 2 mujeres) con infección activa por VHC. La prevalencia de la infección activa fue de 0,07%.

Teniendo en cuenta el precio de los reactivos empleados, el coste de analizar 18.100 pacientes mediante el método de pooling fue de 18.735,06€. Para este mismo grupo de pacientes, el costo de realizar análisis individual en un solo paso sería de 66.984,40€.

Por tanto, esta estrategia supuso un ahorro de 48.249,04€ (2,66€ por cada paciente analizado)

CONCLUSIONES

El pooling o agrupación de muestras de PCR para la detección del Virus de la Hepatitis C (VHC) permite un importante ahorro económico, sin perjuicio de la sensibilidad diagnóstica.

Se reduce drásticamente el coste por paciente diagnosticado, lo que facilita la extensión de los programas de detección oportunista por edad.

La prevalencia de la infección activa en nuestro grupo de pacientes (0,07%) fue menor a la estimada a nivel nacional para este grupo de edad (0,14%).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 027

DETECCIÓN Y DISTRIBUCIÓN DE GENOTIPOS DEL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO EN MUJERES DE 35 A 65 AÑOS DEL NORDESTE DE GRANADA Y SUR DE JAÉN

Autor/a/s: ENCARNACIÓN PÉREZ CALLES, INMACULADA CONCEPCIÓN SAMPEDRO DE LA TORRE, M^a CARMEN ORTEGA GAVILÁN, LETICIA CASTELLANO SÁNCHEZ, ANA BELÉN ABREU GARCÍA, ANTONIO JESÚS SAMPEDRO MARTINEZ

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES

Localidad: GRANADA

CódigoPostal: 18014

Provincia: GRANADA

Correo electrónico primer firmante: encarnicalles@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El virus del papiloma humano (VPH) constituye una de las infecciones de transmisión sexual más prevalentes a nivel mundial y representa el principal agente etiológico implicado en el desarrollo del cáncer de cuello uterino. Desde el punto de vista microbiológico, la identificación y caracterización de los genotipos circulantes resulta esencial para la vigilancia epidemiológica, la evaluación del impacto de los programas de cribado basados en VPH y la adecuación de las estrategias de prevención. La prevalencia y distribución de genotipos puede variar según la edad y el área geográfica, por lo que es relevante disponer de datos locales en grupos etarios específicos.

Objetivo

OBJETIVOS

El objetivo es determinar la prevalencia de infección por VPH y describir la distribución de los genotipos detectados en una población de mujeres de entre 35 y 65 años residentes en el nordeste de Granada y el sur de Jaén.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevó a cabo un estudio descriptivo transversal en 2.307 muestras cervicales procedentes de mujeres de entre 35 y 65 años incluidas en programas de cribado poblacional. En el periodo comprendido entre noviembre 2024 y diciembre de 2025. La detección del VPH se realizó mediante técnicas de amplificación de ácidos nucleicos. La identificación inicial de los genotipos VPH 16, VPH 18 y pool de genotipos de alto riesgo se efectuó mediante el sistema automatizado cobas® 5800 (Roche Diagnostics). Posteriormente, la discriminación individual de los genotipos de alto riesgo se realizó mediante el ensayo HPV HR Detection (Ailplex™, Seegene). Los resultados se clasificaron como negativos, positivos o indeterminados, y se analizaron tanto las infecciones simples como las infecciones múltiples.

RESULTADOS

La detección de VPH fue positiva en 89 mujeres (3,9%), mientras que 5 muestras (0,2%) presentaron resultados indeterminados y 2.213 (95,9%) resultaron negativas.

Se observó una elevada diversidad genotípica, predominando los genotipos considerados de alto riesgo oncogénico. El genotipo más frecuentemente detectado fue VPH 16 (n=16), seguido de VPH 56 (n=10) y VPH 39 (n=7). Otros genotipos identificados con menor frecuencia fueron VPH 31 y VPH 52 (n=6 cada uno), así como VPH 18 y VPH 68 (n=5 cada uno).

Se identificaron infecciones múltiples en varios casos, observándose combinaciones de dos y hasta tres genotipos de alto riesgo, lo que evidencia la coexistencia simultánea de distintas variantes virales en una misma muestra.

CONCLUSIONES

La prevalencia en el periodo de estudio de la infección por VPH en mujeres de 35 a 65 años fue baja en la población estudiada; no obstante, se evidenció una alta heterogeneidad genotípica, con predominio de los genotipos 16, 56 y 39. Estos resultados aportan información relevante para la vigilancia microbiológica del VPH en esta área geográfica y respaldan el uso del genotipado molecular como herramienta fundamental en los programas de cribado poblacional y control epidemiológico.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 028

UTILIDAD DE LA DETECCIÓN DE ADN DE PNEUMOCYSTIS JIROVECCI Y ASPERGILLUS SSP MEDIANTE PCR EN UN HOSPITAL DE SEGUNDO NIVEL

Autor/a/s: M^a ASCENSIÓN SISO PEREIRO, M^a LYDIA SOLER CALDERAY, CELESTINA SIERRA ATIENZA, CARMEN CASTRO MENDEZ, MARTA HOCES SIERRA, VERÓNICA GONZÁLEZ GALÁN

Centro de Trabajo: H.U.VIRGEN DE VALME (AGSS de Sevilla)

Localidad: SEVILLA

CódigoPostal: 41014

Provincia: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: ascensiso@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las infecciones fúngicas invasivas (IFI) causan una alta morbi-mortalidad en población inmunodeprimida y especialmente en ingresados en cuidados críticos.

La técnica de referencia para realizar el diagnóstico de certeza es la visualización directa y el cultivo, pero estos son poco sensibles y en muchos casos necesitan tinciones específicas.

En los últimos años se han desarrollado técnicas moleculares (PCR) que han facilitado el diagnóstico de *Pneumocystis jirovecii* y *Aspergillus* spp, aunque no es posible diferenciar entre colonización e infección.

OBJETIVOS

Estudiar la utilidad diagnóstica de una PCR múltiple a tiempo real.

Conocer las muestras clínicas más rentables de pacientes diagnosticados de infección fúngica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha realizado un estudio retrospectivo de 140 pacientes con sospecha clínica de neumonía, en el Área de Gestión Sanitaria Sur de Sevilla, entre el 1 de enero y 31 de diciembre de 2025.

Las muestras incluidas fueron muestras respiratorias (lavados broncoalveolares y esputos inducidos) de pacientes con síntomas clínicos compatibles. La técnica realizada ha sido la detección de ADN con el kit de Diagnóstico de Ácido Nucleico para *Pneumocystis jirovecii*, *Cryptococcus neoformans* y

Aspergillus (PCR-Sondeo de Fluorescencia) REF. S3140E-48, empleando el termociclador qPCR Point of Care Iponatic (Akralab, Alicante) y siguiendo las instrucciones del fabricante.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio se han realizado 140 PCR múltiples, siendo 9 (6,4%) positivas para *Aspergillus* spp y 7 (5%) positivas para *Pneumocystis jirovecii*.

En 10 casos (62,5%) las muestras positivas han sido lavados broncoalveolares y en 6 (37,5%) esputos inducidos.

Los casos con *Pneumocystis jirovecii* positivos presentaron coinfección con infecciones virales en 1 caso (14,3%) y con *Cándida Albicans* en otro caso (14,3%), no siendo *Pneumocystis jirovecii* un microorganismo viable para su cultivo.

Las PCR positivas para *Aspergillus* presentaban Ag Galactomanano positivo en 3 (42,9%) casos y en 4 (57,1%) casos fueron negativos, sin embargo, el cultivo micológico fue positivo para *Aspergillus* spp en 3 (42,9%) de los casos estudiados.

CONCLUSIONES

En nuestra serie el número de PCR positivas fue muy reducido (11,4%), siendo la muestra más rentable el lavado broncoalveolar.

La PCR presentó mayor sensibilidad diagnóstica que el cultivo convencional de *Aspergillus* spp.

Los resultados respaldan el papel de las técnicas moleculares como herramientas de diagnóstico, ya que el crecimiento de *Pneumocystis jirovecii* no es viable en el cultivo y el cultivo de *Aspergillus* spp es más lento y menos sensible, siendo necesario hacer el seguimiento de los resultados en los próximos meses.

CRIBADO SEROLÓGICO PARA BRUCELLA SPP. EN EL LABORATORIOCLÍNICO

Autor/a/s: Vanesa Estepa Pérez, Gema Carrera Falagán, Nieva Hernández Medrano, Lorena Llerena García, Begoña Miguel Latorre, Cristina Elvira Royo, Iñaki Beguiristain Calvo, Miriam Blasco Alberdi

Centro de Trabajo: Hospital Universitario San Pedro

Localidad: Logroño

CódigoPostal: 26006

Provincia: La Rioja

Correo electrónico primer firmante: vestepa@riojasalud.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La brucelosis es una enfermedad zoonótica, lo que significa que puede ser transmitida entre animales y seres humanos. Está causada por distintas especies del género *Brucella*, que afectan principalmente a bovinos, porcinos, caprinos y ovinos. En el ser humano, la transmisión se produce fundamentalmente por contacto directo con animales infectados o por el consumo de productos de origen animal no pasteurizados, especialmente leche cruda y derivados. Clínicamente, puede manifestarse con fiebre, artralgias y fatiga, entre otros síntomas inespecíficos, lo que dificulta su diagnóstico en fases iniciales al confundirse con procesos gripales u otras infecciones comunes.

OBJETIVOS

Determinar si el cribado serológico de brucelosis por la técnica Rosa de Bengala sigue siendo una técnica eficaz para el diagnóstico de brucelosis.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las pruebas serológicas más empleadas en el diagnóstico de la brucelosis incluyen la técnica de Rosa de Bengala, la inmunocaptura-aglutinación (Brucellacapt®, Vircell Microbiologists), el test de Coombs y las técnicas ELISA.

La prueba de Rosa de Bengala es un método rápido de detección de anticuerpos aglutinantes anti-*Brucella* en suero. Se realiza en tarjeta utilizando una suspensión de células de *Brucella* inactivadas, teñidas con el reactivo Rosa de Bengala y suspendidas en medio ácido (Vircell Microbiologists).

Tras la obtención de la muestra sanguínea mediante venopunción y su posterior centrifugación para la obtención de suero, se dispensan 40 µL de suero en la tarjeta del kit. A continuación, se añade una gota de la suspensión antigénica incluida en el kit y se mezcla con una varilla desechable hasta su completa homogeneización. Posteriormente, la tarjeta se coloca en un agitador rotatorio a 100 rpm durante 4 minutos. Se realiza el mismo proceso con los controles (positivo y negativo).

RESULTADOS

La presencia de aglutinación indica un resultado positivo, interpretado como la existencia de anticuerpos frente a *Brucella* spp. La ausencia de aglutinación indica una reacción negativa y, por tanto, ausencia detectable de dichos anticuerpos.

En nuestro laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario San Pedro se realizaron 403 pruebas de Rosa de Bengala durante el periodo de 1 de enero a 31 de diciembre de 2025. De ellas, 7 (1,7 %) resultaron positivas y 396 (98,3 %) negativas. Todas las muestras con resultado positivo fueron confirmadas posteriormente mediante la técnica de inmunocapturaaglutinación.

CONCLUSIONES

A pesar de los avances científicos y la incorporación de técnicas más sofisticadas y precisas en el laboratorio clínico, no se deben olvidar ni infravalorar los métodos básicos y manuales. La técnica de Rosa de Bengala constituye una herramienta sencilla, rápida y económica que permite realizar un cribado inicial eficaz en el diagnóstico de la brucelosis.

ESTUDIO DE PREVALENCIA DE COLONIZACIÓN POR ENTEROBACTERIAS MULTIRRESISTENTES EN UN HOSPITAL TERCIARIO

Autor/a/s: Lorena Llerena García, Margarita Cabello Vallejo, Vanesa Estepa Pérez, Lourdes Leal Lafuente, Begoña Miguel Latorre, Nieva Hernández Medrano, Cristina Elvira Royo, Miriam Blasco Alberdi

Centro de Trabajo: Hospital Universitario San Pedro

Localidad: Logroño

CódigoPostal: 26006

Provincia: La Rioja

Correo electrónico primer firmante: llerena@riojasalud.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La colonización por enterobacterias multirresistentes (EMR) se define como la presencia asintomática de bacterias resistentes en piel y mucosas. La resistencia antimicrobiana constituye uno de los principales desafíos actuales en salud pública a nivel mundial. La detección precoz mediante cribado microbiológico de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), AmpC plasmídica (pAmpC) y resistentes a carbapenémicos es fundamental para prevenir la transmisión nosocomial y limitar la diseminación de resistencias.

OBJETIVOS

Describir la distribución de enterobacterias multirresistentes (BLEE, pAmpC y resistentes a carbapenémicos) aisladas en muestras de vigilancia epidemiológica durante un periodo de un año.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional y descriptivo de las enterobacterias multirresistentes (BLEE, pAmpC y resistentes a carbapenems) aisladas mediante cribado en muestras de frotis rectal, faríngeo y perineal recogidas según protocolos internos del hospital. Estas muestras fueron sembradas en medios de cultivo selectivos y cromogénicos para BLEE y carbapenemasas (ESBL y CARB/OXA Biomérieux).

Tras una incubación de 24–48 horas, la identificación bacteriana se realizó mediante espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker Daltonics).

La detección de los mecanismos de resistencia se llevó a cabo mediante estudio de sensibilidad por microdilución automatizada (MicroScan, Beckman Coulter), inmunocromatografía (NG-Biotech) y amplificación molecular por PCR (GeneXpert CARBA-R).

RESULTADOS

Se procesaron un total de 4356 muestras de vigilancia epidemiológica durante un año: 2125 frotis rectales (48.8%), 2141 (49.1) frotis faríngeos y 90 frotis perineales (2.1%). Se obtuvieron 227 muestras positivas (5.2%), correspondientes a 181 pacientes (79 mujeres y 102 hombres) con una media de edad de 69.2 años. Del total de muestras positivas, 198 (9.3%) correspondieron a frotis rectales, 24 (1.1%) a frotis faríngeos y 5 (5.7%) a frotis perineales. Las en-

terobacterias productoras de BLEE fueron los microorganismos más frecuentemente aislados: 167 (73,6%). Entre ellas, *Escherichia coli* fue la especie predominante con 118 aislamientos (52%), seguida de *Klebsiella pneumoniae* con 35 (15,4%). En menor proporción se identificaron otras enterobacterias como *Klebsiella oxytoca* 4 (1,8%), *Enterobacter cloacae* 2 (0,8%), *Citrobacter freundii* 2 (0,8%) y *Proteus* spp. 5 (2,6%). Asimismo, se aislaron 10 microorganismos productores de pAmpC (4,4%), distribuidos en *K. pneumoniae* 5 (2,2%), *E. coli* 4 (1,7%) y *K. oxytoca* 1 (0,4%).

Por último, se obtuvieron 50 aislamientos (22%) resistentes a carbapenémicos, de los cuales 10 (4,4%) fueron productores de carbapenemasas y 40 (17,6%) no presentaron producción detectable de estas enzimas. Entre los productores de carbapenemasas se identificaron 6 aislados con OXA-48 (3 *E. coli* y 3 *K. pneumoniae*), 2 con NDM (1 *E. coli* y 1 *K. pneumoniae*), 1 *K. oxytoca* productora de VIM y 1 *Citrobacter freundii* complex productor de KPC. En el grupo de aislados resistentes a carbapenémicos sin producción de carbapenemasas, la especie más frecuente fue *E. cloacae* (14), seguida de *K. pneumoniae* (13); en menor proporción se aislaron *E. coli* (7), *K. aerogenes* (3), *K. oxytoca* (1), *C. freundii* (1) y *Proteus* spp. (1).

CONCLUSIONES

El frotis rectal es la muestra más rentable para la detección de colonización por enterobacterias multirresistentes. Las enterobacterias productoras de BLEE son los microorganismos más frecuentemente aislados en muestras de vigilancia epidemiológica en nuestro hospital.

E. coli productora de BLEE es el microorganismo predominante en la colonización por enterobacterias multirresistentes.

Entre las enterobacterias resistentes a carbapenémicos predominan las no productoras de carbapenemasas. Entre las carbapenemasas, la OXA-48 es la más frecuente

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 034

DETECCIÓN DE ANTICUERPOS IGG CONTRA STRONGYLOIDES STERCOLARIS EN EL LABORATORIO DE SEROLOGÍA DEL CAUSA EN LOS AÑOS 2024 Y 2025

Autor/a/s: M^a Teresa García Montes, Laura Muñoz Blanco, M^a Josefa de Cabo Morales, Ana M^a Gómez Sancho, M^a Elena Bayón Sánchez, M^a del Mar Clemente Aguilar, María del Rey Huerta, Carmela Cáceres Olloqui, Xiomara M^a Concejo Izquierdo, Ana M^a Blázquez de Castro.

Centro de Trabajo: CAUSA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: mtgm23@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Strongyloide *Stercolaris* es un nematodo que produce una enfermedad llamada strongiloidiasis.

Este parásito produce infecciones donde la piel está expuesta a larvas infecciosas situadas en el suelo contaminado por heces humanas. Tiene la capacidad de desarrollarse hasta la adultez en el suelo y en el intestino dando lugar a la auto infección, provocando enfermedades crónicas.

La larva rabditoide es la forma no infecciosa que pasará a larva filariforme que sí es infecciosa. Esta larva penetra por la piel a través de la circulación sanguínea o linfática; puede acabar en pulmones, pasar a faringe y acabar en intestino delgado. Las hembras parásitas son paternogénicas y pueden fecundarse a sí mismas. Es importante su detección y tratamiento especialmente todo inmunodeprimidos.

OBJETIVOS

- Detectar los anticuerpos IgG de *S. stercolaris* con pruebas serológicas.
- Conocer la incidencia de este parásito en nuestra provincia durante los años 2024 y 2025.
- Conocer los servicios que más demandan este tipo de pruebas y a la vez intentar conocer la procedencia de los pacientes que se demandan estas pruebas debido a que este parásito es endémico de países tropicales.

MATERIAL Y MÉTODOS

El ensayo inmunoenzimático Strongyloides ELISA se utiliza para la determinación cualitativa de anticuerpos contra el *S. stercolaris* en suero o plasma humano. Las placas de microtitulación están recubiertas con antígeno específico que se unen a los anticuerpos de la muestra. Este complejo que se forma se visualizará añadiendo un sustrato tetrametilbencidina (TMB) que da una reacción de color azul. La intensidad de este producto es proporcional a la cantidad de anticuerpo específico que hay en la muestra, se añade ácido sulfúrico para detener la reacción que cambiará de azul a amarillo. La extinción a 450/620nm se mide con un fotómetro de placa de microtitulación ELISA.

El aparato utilizado para realizar la técnica es ELISA automático DS2

RESULTADOS

EL total de muestras de sueros en estos años fueron 403. En 2024 fueron analizados 184 pacientes de los cuales 10 de ellos dieron como resultado positiva la prueba y en el año 2025 se analizaron 217 pacientes de los cuales dieron positivos 10, por lo que podemos resumir diciendo que en estos dos años fueron positivas 20 muestras.

Hicimos un repaso de la procedencia del total de estas muestras para saber que servicios eran los más demandados y fueron el servicio de infecciosos 37 pacientes (9,1%), hematología 31 (7,6%), medicina interna 34 (8%), dermatología 26 (6,4%), entre otros.

Haciendo incidencia en las muestras que nos habían dado como resultado positivas fueron los siguientes servicios: ginecología 2 pacientes (10%), medicina interna 15 (75%), medicina preventiva 2 (10%) y por último el servicio de dermatología 1 (5%).

Por último, para conocer la procedencia de los pacientes con resultado positivo con los datos demográficos pudimos comprobar y demostrar que proceden de países tropicales.

CONCLUSIONES

Podemos concluir diciendo que la strongiloidiasis, enfermedad producida por el nematodo *Strongyloides stercolaris* en nuestra provincia es baja, su incidencia no llega a un 5% en estos dos años y además los pacientes que la prueba resultó positiva eran procedentes del trópico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 046

DIAGNÓSTICO MICROBIOLÓGICO DE MENINGITIS / ENCEFALITIS MEDIANTE TÉCNICAS MOLECULARES Y TECNOLOGÍA CONVENCIONAL EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ALAVA .

Autor/a/s: M^a del Carmen Arana Monte, Ana María Sánchez Díaz, Uxue Altuna Tellechea, Saioa Jiménez Frances, Andrea Apaolaza

Bombín, Elena Coullaut García, María Ángeles Gómez Álvarez, Estibaliz Gallo Rodríguez, Nagore Fernández Muñoz.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario De Alava

Localidad: Vitoria

Código Postal: 01009

Provincia: Alava

Correo electrónico primer firmante: carmenaranamonte@gmail.com

EVOLUCIÓN DE LA PREVALENCIA DEL ANTÍGENO DE HELICOBACTER PYLORI EN HECES EN EL AGSNH DURANTE EL PERIODO 2023–2025

Autor/a/s: García Vela, JH., Zakariya-Yousef Breval, I., Gutiérrez Ramírez, M^a C.

Centro de Trabajo: Hospital de Riotinto (Área de Gestión Sanitaria Norte de Huelva)

Localidad: Minas de Riotinto

CódigoPostal: 21660

Provincia: Huelva

Correo electrónico primer firmante: jhgvela@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La infección gástrica por *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) es altamente prevalente y afecta aproximadamente al 60% de la población en España. Se asocia estrechamente con enfermedades del tracto gastroduodenal y constituye un importante factor de riesgo para el desarrollo de carcinoma gástrico.

La detección del antígeno de *H. pylori* en heces (AgHp) se ha consolidado como un método diagnóstico no invasivo, útil tanto para el diagnóstico inicial de la infección como para la confirmación de la erradicación tras el tratamiento.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio es exponer la evolución de la prevalencia del antígeno de *H. pylori* en muestras fecales humanas en el Área de Gestión Sanitaria Norte de Huelva (AGSNH) durante el periodo 2023–2025, utilizando un sistema automatizado de inmunoensayo quimioluminiscente (CLIA) de carga continua y acceso aleatorio (VirClia® Monotest, VirClia® Lotus–Vircell, S.L.).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevó a cabo un estudio descriptivo retrospectivo que abarca el periodo 2023–2025. Se incluyeron muestras fecales humanas procedentes de pacientes de ambos sexos y todas las edades pertenecientes al Área Sanitaria Norte de Huelva, con sospecha clínica de infección por *H. pylori*.

Los pacientes presentaban dispepsia funcional, caracterizada por una sintomatología amplia y heterogénea de dolor o malestar abdominal superior, compartida con otras patologías frecuentes como la enfermedad por reflujo gastroesofágico, el síndrome de intestino irritable, la disfunción vesicular o pancreática y la enfermedad celíaca.

Durante el periodo de estudio se procesaron un total de 7.868 muestras. Todas fueron analizadas en el Laboratorio de Microbiología, perteneciente a la UGC de Laboratorio del Hospital de Riotinto (Huelva).

La detección del antígeno de *H. pylori* en heces se realizó mediante un inmunoensayo quimioluminiscente tipo sándwich (CLIA) automatizado (VirClia® Monotest, VirClia® Lotus–Vircell, S.L.), siguiendo las instrucciones del fabricante. Este método permite la determinación cualitativa del antígeno bacteriano en muestras fecales humanas para el diagnóstico inicial y el seguimiento postratamiento.

RESULTADOS

Durante el periodo 2023–2025 se realizaron un total de 7.868 determinaciones del antígeno de *H. pylori* (AgHp) en muestras fecales humanas, correspondientes a 2.258 pacientes en 2023, 2.719 en 2024 y 2.891 en 2025.

Por año los resultados obtenidos han sido:

Año 2023: Se analizaron 2.257 muestras, de las cuales 326 fueron

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las infecciones del sistema nervioso central, como la meningitis/meningoencefalitis, representan una de las mayores urgencias médicas a nivel global debido a su gravedad y rápida progresión. La mortalidad asociada a estos procesos puede oscilar 10-15% en las de etiología bacteriana y de hasta 30% en algunos casos de encefalitis herpéticas, fúngicas o en pacientes inmunodeprimidos. Además, estas infecciones se caracterizan por una elevada morbilidad, dejando secuelas neurológicas permanentes en un gran porcentaje de los supervivientes. Por este motivo, el diagnóstico microbiológico precoz es crucial para instaurar o adecuar el tratamiento empírico, así como aislar al paciente o administrar profilaxis a contactos cuando proceda. El desarrollo de técnicas moleculares rápidas que permiten la detección de múltiples patógenos es crucial como complemento a las técnicas basadas en cultivo.

OBJETIVOS

Describir la etiología de los cuadros meningitis/meningoencefalitis diagnosticados en el Hospital Universitario de Álava durante un periodo de cuatro años y evaluar la utilidad del cultivo bacteriano y dos técnicas moleculares sindrómicas (PCR) diferentes para su diagnóstico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional retrospectivo en el que se analizaron todas las solicitudes de cultivo aerobio, PCR rápida FA (panel meningitis Biofire® FilmArray, Biomérieux) y PCR-RT para virus neurotrofos (PCRv; Allplex™- Meningitis V1 y V2 assay, Seegene, Werfen) y PCR-RT bacteriana (PCRb, Allplex™- Seegene, Werfen) en Líquido cefalorraquídeo, en pacientes con sospecha de meningitis / encefalitis desde enero de 2022 a diciembre de 2025. Sólo se incluyó una muestra por fecha/paciente y solo se consideraron En los casos confirmados se revisaron los datos demográficos y los resultados bioquímicos del Líquido cefalorraquídeo.

RESULTADOS

Se realizaron 2697 peticiones pertenecientes a 1014 pacientes: cultivo aerobio (n=1141), panel FilmArray (n=202), PCRv (n=857) y PCRb (n=497). La tasa de positividad global media por técnica fue 3,5 % para el cultivo; 26,7 % para FA; 3,8% la PCRb y 7,1% la PCRv. Durante el periodo de estudio se diagnosticó microbiológicamente a 122 pacientes con infecciones del SNC (12,03 % del total de pacientes con sospecha): 15,1 % sólo por cultivo, 50,5% sólo por PCR (FA, PCRb o PCRv) utilizándose en 34,4% más de una técnica. Los microorganismos más frecuentemente detectados fueron Enterovirus (n=19 pacientes), Virus varicela-zóster (n=17), *Streptococcus pneumoniae* (n=17), virus herpes simple-1 (VHS-1) (n=13), *Neisseria meningitidis* (n=6) y *Haemophilus influenzae* (n=4) y *Streptococcus agalactiae* (n=3). Se detectaron 2 casos de infección por *Cryptococcus*. Los casos de infección por Enterovirus se detectaron principalmente en niños (mediana edad 5 años, RIQ: 27,9) y los casos de virus varicela-zóster en adultos.

CONCLUSIONES

Enterovirus y el virus varicela zóster son la principal causa de meningitis/encefalitis en nuestra área sanitaria. *Streptococcus pneumoniae* sigue siendo la principal causa de meningitis bacteriana. El empleo de PCR-RT permite no sólo el diagnóstico precoz de infecciones virales y bacterianas del SNC con bajo inóculo o en meningitis decapitadas que no se detectan solo por cultivo.

positivas para AgHp (14,44%) y 1.649 negativas (73,06%). Un total de 239 muestras (10,59%) no fueron entregadas en el laboratorio. Además, 43 muestras (1,90%) fueron rechazadas según el criterio de exclusión establecido (no repetir determinación en pacientes con resultado positivo en los 21 días previos). Entre los casos positivos, 222 correspondieron a mujeres (68,10%) y 104 a varones (31,90%).

Año 2024: Se procesaron 2.719 muestras, con 549 resultados positivos (20,30%) y 1.846 negativos (67,89%). No se entregaron 240 muestras (8,83%) y se rechazaron 84 (3,09%). De los positivos, 357 correspondieron a mujeres (65,03%) y 192 a varones (34,97%).

Año 2025: Se analizaron 2.891 muestras, de las cuales 378 fueron positivas (13,07%) y 2.097 negativas (72,53%). No se entregaron 369 muestras (12,76%) y se rechazaron 47 (1,63%). Entre los resultados positivos, 249 correspondieron a mujeres (65,87%) y 129 a varones (34,12%).

Globalmente, se observa un aumento de la positividad en 2024 respecto a 2023, seguido de un descenso en 2025, manteniéndose en todos los años una mayor proporción de casos positivos en mujeres.

CONCLUSIONES

La prevalencia de infección por *H. pylori* se mantiene relativamente constante a lo largo del periodo 2023–2025, tanto en hombres como en mujeres. La detección del antígeno fecal de *H. pylori* se confirma como un método no invasivo, fiable y de bajo costo, especialmente valioso en pacientes no tratados previamente. Nuestros hallazgos respaldan la utilidad del análisis de antígeno fecal mediante sistemas automatizados como herramienta clave para el diagnóstico y seguimiento de la infección por *H. pylori*, contribuyendo a una mejor gestión clínica y optimización de recursos en el ámbito sanitario.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 049

¿ME HA ENFERMADO MI BOTELLA DE AGUA. GEA POR AGUA DE BOTELLA REUTILIZABLE

Autor/a/s: García Vela, JH., Zakariya-Yousef Breval, I., García Domínguez, M^a D.

Centro de Trabajo: Hospital de Riotinto (Área de Gestión Sanitaria Norte de Huelva)

Localidad: Minas de Riotinto

Código Postal: 21660

Provincia: Huelva

Correo electrónico primer firmante: jhgvela@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Beber agua de una botella de cristal que se rellena frecuentemente puede provocar infecciones y problemas gastrointestinales si no se limpia adecuadamente. Aunque el vidrio es un material más seguro y no libera químicos nocivos como el plástico, el riesgo principal es la proliferación de bacterias en la boca de la botella y en su interior debido al uso continuado y la humedad.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio es presentar un caso clínico de un usuario de botella de cristal que desarrolló síntomas gastrointestinales atribuibles a la contaminación bacteriana del agua. Este caso resalta la importancia de una higiene adecuada de las botellas de vidrio para prevenir enfermedades de transmisión hídrica y proteger la salud del consumidor.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se trata de un estudio descriptivo de caso único correspondiente a un paciente usuario de botella de vidrio reutilizable que presentó

síntomas compatibles con gastroenteritis aguda tras consumir agua de la misma. El paciente refirió dolor estomacal y malestar general, que progresó a vómitos, diarrea, fiebre de hasta 39° C y signos de deshidratación, motivo por el cual acudió al Servicio de Urgencias del hospital.

El facultativo responsable solicitó la toma de muestra de heces, la cual fue enviada al laboratorio de Microbiología para su procesamiento. Simultáneamente, se recogió una muestra del agua de la botella sospechosa y se “sembró” en caldo de Tioglicolato para evaluar su posible implicación en la infección. Tras 18 horas de incubación, se observaron formaciones en el caldo, procediéndose a la siembra en Agar Sangre y Agar MacConkey. Las muestras de heces se cultivaron en medios selectivos, revelando colonias lactosa positivas y negativas, así como colonias Gram positivas beta-hemolíticas. Para la identificación definitiva de los patógenos presentes en las heces, se utilizó un panel gastrointestinal molecular (MultNAT® Panel Gastrointestinal, Ustar-Proquinorte), que es un sistema de diagnóstico avanzado capaz de detectar simultáneamente 23 patógenos gastrointestinales, incluyendo bacterias, virus y parásitos. Este enfoque combinó técnicas microbiológicas clásicas y diagnóstico molecular para confirmar el agente causal de la infección y establecer la relación con el agua de la botella reutilizable.

RESULTADOS

En los medios de cultivo seleccionados se observaron colonias que indicaban la presencia de bacterias intestinales potencialmente patógenas. Para su identificación precisa se aplicó un método de RT-PCR multiplex mediante el panel gastrointestinal (MultNAT® Panel Gastrointestinal, Ustar-Proquinorte). Los resultados confirmaron la presencia de *Escherichia coli* Enteropatógena (EPEC), compatible con el cuadro clínico de gastroenteritis aguda que presentaba el paciente. Esta identificación permitió establecer la relación entre la contaminación del agua de la botella de vidrio reutilizable y la infección gastrointestinal.

CONCLUSIONES

El caso presentado evidencia que incluso botellas de cristal pueden convertirse en un foco de contaminación si se reutilizan sin higienizar correctamente. Desde el punto de vista diagnóstico, el uso de paneles gastrointestinales basados en RT-PCR multiplex permite identificar de manera rápida y precisa los patógenos responsables de gastroenteritis a partir de una única muestra de heces en aproximadamente 75–100 minutos. Esta tecnología avanzada optimiza la toma de decisiones clínicas, facilita la administración de un tratamiento oportuno y mejora la seguridad y eficiencia en la atención del paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 050

PREVALENCIA DE VIRUS RESPIRATORIOS EN EL AÑO 2025 EN EL AGSNH

Autor/a/s: García Vela, JH., Zakariya-Yousef Breval, I., García Arenas, R.

Centro de Trabajo: Hospital de Riotinto (Área de Gestión Sanitaria Norte de Huelva)

Localidad: Minas de Riotinto

Código Postal: 21660

Provincia: Huelva

Correo electrónico primer firmante: jhgvela@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los virus respiratorios como la Influenza (gripe), el SARS-CoV-2 y el Virus Respiratorio Sincitial (VRS) comparten manifestaciones clínicas

similares, entre ellas fiebre, tos y dificultad respiratoria, lo que dificulta su diferenciación únicamente por criterios clínicos.

En nuestra área sanitaria, el diagnóstico se realizó mediante un sistema MultNAT basado en tecnología de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) de fluorescencia (MultNAT SARS-CoV-2/Flu and RSV PCR Assay, Ustar-Proquinorte), aplicado como prueba tipo POCT para la detección simultánea de SARS-CoV-2, influenza A y B y VRS.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio es describir la prevalencia de estos virus respiratorios en muestras orales y nasofaríngeas recogidas en el AGSNH durante el año 2025, empleando técnicas de detección molecular rápida basadas en PCR fluorescente.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se trata de un estudio descriptivo, de carácter retrospectivo que abarca el año 2025, en muestras orales y nasofaríngeas compatibles con infección por virus respiratorios (SARS-COV-2, influencias A y B y Virus Respiratorio Sincitial) de la comunidad, procesándose un total de 1.592 muestras de pacientes pertenecientes a toda el Área Sanitaria Norte de Huelva, de ambos sexos y todas las edades, con sospecha clínica de infección por virus respiratorios. Todas las muestras fueron procesadas en el Laboratorio de Microbiología, perteneciente a la UGC de Laboratorio del Hospital de Riotinto (Huelva).

Las determinaciones se realizaron mediante pruebas tipo POCT utilizando un sistema MultNAT basado en tecnología de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real con detección por fluorescencia (MultNAT SARS-CoV-2/Flu and RSV PCR Assay, Ustar-Proquinorte), que permite la detección simultánea y diferenciada de los virus incluidos en el panel diagnóstico.

RESULTADOS

Durante el año 2025 se realizaron un total de 1.592 determinaciones de virus respiratorios en el área de estudio. Del total de muestras analizadas, se obtuvieron 350 resultados positivos (21,98%).

La distribución de los casos positivos fue la siguiente: 69 casos de COVID-19 (4,33%), 206 casos de Influenza A (12,94%), 43 casos de Influenza B (2,70%) y 32 casos de Virus Respiratorio Sincitial (2,01%).

La mayoría de las muestras procedieron del ámbito hospitalario (99,62%), mientras que un 0,38% correspondió a atención primaria.

Se identificó un caso de coinfección simultánea por SARS-CoV-2 e Influenza A. Asimismo, se detectó un paciente con positividad para Influenza A y B, en el que se considera probable la existencia de infecciones sucesivas más que simultáneas.

CONCLUSIONES

Descenso de los casos positivos de COVID-19, y descenso en los casos de VRS, La principal causa de infección respiratoria viral fue la Influenza A, seguida por COVID-19, Influenza B y la infección por VRS. Cambio en el patrón epidemiológico respecto a los años previos dominados por SARS-CoV-2. La utilización de pruebas POCT mediante kits multiplex permite la detección simultánea de varios virus respiratorios en una única determinación.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 051

EVOLUCIÓN DE LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE NEISSERIA GONORRHOEAE DETECTADA EN EL LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA DURANTE UN PERIODO DE 11 AÑOS

Autor/a/s: ADELAIDA DE FRUTOS LUENGO, MARIA DEL MAR COLLADO LLANO, ENRIQUE CALVO BLANCO, INMACULADA JUANES FERNANDEZ, EVA MARIA LORENZO IGLESIAS, NOELIA BERNAL VILLORIA, RA-

QUEL MALLORQUIN TEMPRANO, RAMON IGLESIAS LOZANO, MARIA JOSE SALVADOR LORENZO, MARIA LUZ MARCOS HERRERO.

Centro Trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: adela.defrutos@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La infección por *Neisseria gonorrhoeae* es una de las infecciones de transmisión sexual más frecuentes. El laboratorio de Microbiología desempeña un papel fundamental en su diagnóstico mediante cultivo y en la determinación de la sensibilidad antimicrobiana, siendo clave para la vigilancia de las resistencias.

OBJETIVOS

Describir la evolución de la resistencia antimicrobiana de *Neisseria gonorrhoeae* detectada en el laboratorio de Microbiología durante un periodo de 11 años.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo retrospectivo realizado entre 2015 y 2025 en un hospital terciario. Se incluyeron todos los aislamientos de *Neisseria gonorrhoeae* obtenidos en cultivo. Las muestras procedieron principalmente de exudado uretral, vaginal y otras localizaciones genitales y extragenitales. El aislamiento se realizó en medio selectivo Thayer Martin y el estudio de sensibilidad antimicrobiana se llevó a cabo mediante métodos estandarizados, analizando resistencias a ciprofloxacino, tetraciclina, azitromicina y ceftriaxona.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio se aislaron 414 cepas de *Neisseria gonorrhoeae*. La mayoría de los aislamientos procedieron de varones jóvenes, siendo el exudado uretral la muestra más frecuente.

Desde el punto de vista del laboratorio, se observó un aumento progresivo de la resistencia a ciprofloxacino en los últimos años del estudio. La resistencia a tetraciclina mostró una disminución progresiva hasta 2024, seguida de un aumento muy marcado en 2025. La resistencia a azitromicina se mantuvo baja durante la mayor parte del periodo, con un incremento puntual en el último año. No se detectaron cepas resistentes a ceftriaxona durante todo el estudio.

CONCLUSIONES

El laboratorio de Microbiología ha detectado cambios relevantes en los patrones de resistencia de *Neisseria gonorrhoeae* a lo largo de los últimos 11 años, especialmente en ciprofloxacino y tetraciclina. Estos resultados destacan la importancia del cultivo, el antibiograma y el trabajo del técnico de laboratorio en la detección precoz de resistencias y en la vigilancia microbiológica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 052

EVOLUCIÓN DE LA INFECCIÓN RESPIRATORIA POR VRS EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA TRAS LA IMPLEMENTACIÓN DE INMUNOPROFILAXIS EN LACTANTES.

*Autor/a/s: RAMON IGLESIAS LOZANO, MARIA NIEVES GUTIÉRREZ ZU-
FIAURRE, BEATRIZ GARCIA MARTIN, MONICA MONTERO DIEGO, ELE-
NA SANTOS NICOLAY, MARIA ISABEL IGLESIAS DELGADO, MARIA AN-
GELES ADELA PASAJE YAÑEZ, ADELAIDA DE FRUTOS LUENGO, MARIA
ELENA BAYON SANCHEZ.*

Centro Trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Código Postal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: pucelandia2003@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El virus respiratorio sincitial (VRS) es un virus envuelto ARN monocatenario de polaridad negativa perteneciente a la familia Paramixoviridae. Causa infección del tracto respiratorio con un marcado carácter estacional en pacientes de todas las edades siendo la principal causa de bronquiolitis durante la infancia y la niñez.

OBJETIVOS

Analizar la prevalencia de la infección por VRS en población pediátrica que acude a urgencias o requieren ingreso hospitalario durante el periodo 2022-2025 y conocer la posible influencia en dicha prevalencia, de la inmunización en lactantes tras su implementación.

MATERIAL Y MÉTODOS

Es un estudio descriptivo retrospectivo realizado a partir de las muestras de exudado/aspirado nasofaríngeo de población pediátrica que acudió a urgencias o estaban hospitalizados. Se separó en estudio en dos periodos, antes y después de implantar inmunoprofilaxis. La detección de VRS se realizó mediante dos técnicas de PCR-RT, empleando una u otra según criterios clínicos: Xpert® Xpress CoV-2/Flu/RSV plus (Cepheid®) y el panel de virus respiratorios Filmarray RP2.1 (BioFire®, bioMérieux).

RESULTADOS

En el periodo 2022-2023 se analizaron un total de 1773 muestras resultando positivas un 17,9%. Durante el periodo 2024-2025 se analizaron un total de 2000 pruebas detectándose VRS en un 12,2%. El total de muestras positivas fue de 563, siendo más del 90% de los casos en periodo estacional (octubre-Marzo) con la distribución siguiente.

Años previo a profilaxis 2022: número de pruebas 788 positivas 185 un 23,5%

2023: número de pruebas 985 positivas 134 un 16,6%

Años post profilaxis 2024: número de pruebas 1027 positivas 104 un 10,1%

2025: número de pruebas 973 positivas 140 un 14,38%

CONCLUSIONES

En términos generales no se observa un incremento notable del número de peticiones a lo largo de los años a estudio. Sin embargo, tras la implementación de la profilaxis, se observó una reducción de la positividad del VRS en población pediátrica, lo que sugiere que la introducción de la misma en la población infantil ha tenido un impacto favorable para hacer frente al virus. En este contexto el técnico de laboratorio juega un papel determinante en la vigilancia epidemiológica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 057

DIAGNÓSTICO DE LA SEPSIS EN EL LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA

Autor/a/s: MIRIAM SÁNCHEZ FRANCISCO, REBECA CALVO CRESPO, ALICIA DE LA PRIETA BARTOLOMÉ, LORENA UÑA DURÁN, MARIA DOMINGA QUINTANA VEGA, LETICIA BERGUA SÁNCHEZ, ROCIO BERMÉJO GALLEGU, TRINIDAD MATELLÁN MORAL, MARIA TERESA GAGO RODRIGUEZ, LORENA GONZÁLEZ MALILLOS

Centro de Trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA CONCHA

Localidad: ZAMORA

Código Postal: 49022

Provincia: ZAMORA

Correo electrónico primer firmante: mirivaskita@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La sepsis es una disfunción orgánica potencialmente mortal causada por una respuesta desregulada del organismo ante una infección. El laboratorio de microbiología desempeña un papel fundamental en la detección del agente causal mediante hemocultivos y técnicas de identificación microbiológica. En el hospital de Zamora, el procesamiento adecuado de las muestras permite identificar los microorganismos responsables y orientar el tratamiento antibiótico.

OBJETIVOS

Analizar el proceso de diagnóstico microbiológico de la sepsis mediante hemocultivos en el laboratorio de microbiología del hospital Virgen de la Concha (Zamora), evaluando los microorganismos aislados y su frecuencia de aparición.

MATERIAL Y MÉTODOS

MATERIAL

Frascos de hemocultivos aerobios y anaerobios de pacientes con sospecha de sepsis Sistema automatizado de incubación de hemocultivos BD BACTEC

Medios de cultivo (agar sangre, agar chocolate y agar Mac Conkey) Microscopio óptico para tinción de Gram

MÉTODO

Se realiza un estudio observacional durante un periodo de 3 meses a partir de hemocultivos de pacientes con sospecha de sepsis. Las muestras se realizaron antibiograma para determinar su sensibilidad a antibióticos.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio se procesaron 120 hemocultivos de pacientes con sospecha de sepsis. De ellos, 34 resultaron positivos (28,3%) y 86 negativos (71,7%)

Los microorganismos aislados con mayor frecuencia han sido:

“Escherichia coli” (35,3%)

“Staphylococcus aureus” (23,5%)

“Klebsiella pneumoniae” (17,6%)

“Pseudomonas aeruginosa” (11,8%)

“Enterococcus faecalis” (11,8%)

Sin lugar a dudas el microorganismo más frecuente es “Escherichia coli”, asociado principalmente a infecciones de origen urinario.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos muestran que las bacterias gramnegativas, especialmente “Escherichia coli” son una causa frecuente de sepsis en el entorno hospitalario estudiado y que el laboratorio de microbiología mediante el estudio de los hemocultivos es esencial para la detección del agente causal de la sepsis y su posterior tratamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 058

CAMBIOS EN LA DETECCIÓN DEL VRS EN MUESTRAS DE LACTANTES CON BRONQUIOLITIS TRAS LA INTRODUCCIÓN DE NIRSEVIMAB

Autor/a/s: RAMON IGLESIAS LOZANO, BEATRIZ GARCIA MARTIN, ADELAI DA DE FRUTOS LUENGO, SERGIO CASTRO SANCHEZ, ANA BELEN VIDAL CABEZON, TERESA REYES SANCHEZ, AMAPARO DE LA CONCEPCION BORREGO MUÑOZ, MARIA DEL MAR COLLADO LLANO, MONICA MONTERO DIEGO, INMACULADA JUANES FERNANDEZ

Centro Trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: pucelandia2003@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La bronquiolitis aguda es una de las principales causas de hospitalización en lactantes y el virus respiratorio sincitial (VRS) ha sido tradicionalmente el virus más frecuentemente detectado en las muestras respiratorias analizadas en el laboratorio de Microbiología. En la temporada 2023–2024 se introdujo la inmunización pasiva frente al VRS mediante nirsevimab, lo que podría modificar el patrón de detección de virus respiratorios en el laboratorio.

OBJETIVOS

Analizar los cambios en la detección del VRS en muestras de lactantes por bronquiolitis antes y después de la introducción de nirsevimab.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional retrospectivo realizado en el Hospital Universitario de Salamanca. Se incluyeron muestras respiratorias de lactantes por bronquiolitis aguda desde octubre a marzo del 2018–2019, 2023–2024 y 2024–2025. El estudio etiológico se realizó en muestras nasofaríngeas mediante panel devirus respiratorios Filmarray RP2.1 (BioFire®, bioMérieux). Se comparó la frecuencia de detección del VRS y de otros virus respiratorios entre lastres

RESULTADOS

En la temporada 2018–2019 se analizaron muestras correspondientes a 135 lactantes, detectándose VRS en 107 casos (79,3%), siendo el virus claramente predominante en el laboratorio.

En la temporada 2023–2024 se analizaron muestras correspondientes a 69 lactantes, con detección de VRS en 36 casos (52,2%), observándose una disminución clara de su frecuencia.

En la temporada 2024–2025 se analizaron muestras correspondientes a 11 lactantes, detectándose VRS en un solo caso (9,09%), observándose una disminución mayor de su frecuencia. En estas dos últimos periodos de estudio se detectó un aumento relativo de otros virus respiratorios, principalmente rinovirus/enterovirus, que pasaron a tener mayor protagonismo en los resultados del laboratorio.

Estos cambios coincidieron con una alta cobertura de nirsevimab en los lactantes.

CONCLUSIONES

Tras la introducción de nirsevimab, el laboratorio de Microbiología ha observado un cambio en el patrón de detección de virus respiratorios en la bronquiolitis, con una reducción del VRS y un mayor peso de otros virus. Estos resultados ponen de manifiesto el impacto de las estrategias de inmunización en los resultados analíticos y la importancia del papel del técnico de laboratorio en la vigilancia epidemiológica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 063

DETERMINACIÓN DE LA SEROLOGÍA DE CITOMEGALOVIRUS DURANTE EL AÑO 2025 EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO SAN PEDRO DE LOGROÑO

Autor/a/s: Nieva Hernández Medrano, Vanesa Estepa Pérez, Gema Carrera Falagán, Lidia García Ruiz, Begoña Miguel Latorre, Lorena Llerena García, Cristina Elvira Royo, Iñaki Beguiristain Calvo, Miriam Blasco Alberdi

Centro de Trabajo: Hospital Universitario San Pedro

Localidad: Logroño

Código Postal: 26006

Provincia: La Rioja

Correo electrónico primer firmante: babymiri006@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La infección por citomegalovirus (CMV), virus de la familia Herpesviridae, es altamente prevalente a nivel mundial y cursa, en la mayoría de los casos, de forma asintomática y con baja contagiosidad. Tras la primoinfección, el virus permanece latente y con posibilidad de reactivación posterior.

Esta infección adquiere especial relevancia en personas inmunodeprimidas y en mujeres gestantes. En estas últimas, la primoinfección conlleva un elevado riesgo de transmisión vertical y de infección congénita. Desde el punto de vista diagnóstico, la detección de anticuerpos IgM anti-CMV permite identificar infecciones recientes, ya sean primoinfecciones o reactivaciones. Por su parte, la determinación de la avidéz de IgG es fundamental para diferenciar entre primoinfección reciente (<4 meses) e infección pasada (>5 meses).

OBJETIVOS

Analizar la seroprevalencia de CMV en las muestras procesadas en el laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario San Pedro de Logroño (La Rioja) durante el periodo de 1 de enero y el 31 de diciembre de 2025

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo de las determinaciones serológicas de CMV en suero, correspondientes a pacientes atendidos en el laboratorio de Microbiología.

Los anticuerpos IgG e IgM se determinaron mediante electroquimioluminiscencia (ECLIA) en el inmunoanализador Cobas e801 (Roche).

En las muestras IgG positivas de pacientes gestantes y/o con clínica compatible con primoinfección que presentaban IgM positiva y/o títulos bajos de IgG, se completó el estudio mediante la determinación de la avidéz de IgG anti-CMV, realizada mediante inmunoensayo quimioluminiscente indirecto (CLIA) en el procesador Virclia Lotus (Virce-IMicrobiologists).

Se analizaron variables demográficas, el perfil serológico y el servicio solicitante de cada muestra para evaluar la distribución y características de los resultados.

RESULTADOS

Durante el año 2025 se analizaron los anticuerpos IgG e IgM frente a CMV en 1798 sueros correspondientes a 1771 pacientes. La media de edad de los pacientes fue de 38 años (rango 0–94) y el 52% (935) eran mujeres.

En cuanto al perfil serológico, 1326 sueros (73.7%) fueron positivos para IgG, 209 (11.6%) presentaron positividad para ambos anticuerpos y 14 (0,8%) mostraron IgM positiva aislada.

Se realizaron 25 pruebas de avidéz de IgG anti-CMV, de las cuales dos presentaron baja avidéz y una mostró avidéz intermedia. Las tres pacientes eran mujeres y dos de ellas estaban clasificadas como embarazadas de alto riesgo.

Las solicitudes procedían de diferentes servicios (nº casos / %), siendo los más representativos:

Medicina General (684 / 38%), Pediatría (242 / 13,5%), Medicina Interna (170 / 9,4%), Digestivo (170 / 9,4%), Urgencias-UCE (121 / 6,7%), Cardiología-Hematología (120 / 6,7%) y Obstetricia-Ginecología (65 / 3,6%). Los demás servicios (Infecciosas, Nefrología-Urología,

Neurología-Neurofisiología, Oncología-UMI, Reumatología, Alergología, Oftalmología, Dermatología, Endocrinología, Otorrinolaringología, Neumología, Cirugía y otros), representaron el 12.7% restante de las solicitudes.

CONCLUSIONES

El estudio serológico completo (IgG, IgM y avidéz) frente a CMV es esencial para confirmar o descartar una primoinfección. Su correcta interpretación en mujeres gestantes permite estratificar adecuadamente el riesgo fetal y evita intervenciones innecesarias basadas únicamente en resultados aislados de IgM. Los resultados obtenidos en este estudio coinciden con la literatura, que indica que entre el 70 y el 80% de la población ha estado en contacto con CMV, la mayoría de manera asintomática.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 066

PREVALENCIA Y MONITORIZACIÓN DEL GÉNERO CANDIDA SPP. EN EL COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO INSULAR MATERNO-INFANTIL DE GRAN CANARIA.

Autor/a/s: Ana María Cabrera Benítez, Rosa Delia Bolaños Macías, Ana Belén Roque García, M^a Clorinda Hernández Falcón, M^a Magdalena Gómez Navarro, María Candelaria Silva Reyes, Edelia Jiménez Suárez, M^a del Pino Gil Reyes, Daniel Agrados Ruíz, Raquel Zaragoza González, Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno-Infantil De Gran Canaria.

Localidad: Las Palmas De Gran Canaria.

CódigoPostal: 35016

Provincia: Las Palmas

Correo electrónico primer firmante: acabrerabenitez@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Tomando como referencia el trabajo prospectivo liderado por el Hospital General Universitario Gregorio Marañón sobre prevalencias y resistencias en género Candida en la Comunidad de Madrid (CANDIMAD), hemos emulado en nuestro complejo las prevalencias y resistencias de Candida spp

para conocer en profundidad la infección fúngica más común en nuestro entorno hospitalario que condiciona un gasto, tiempo de ingreso y mortalidad.

OBJETIVOS

Conocer las prevalencias de los diferentes géneros de Candida spp en nuestro Complejo Hospitalario.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se incluye un período desde el 1 de Abril de 2017 hasta el 1 de Abril de 2023 todos los aislados de Candida spp. con antifungigrama realizado en el Servicio de Microbiología del CHUIMI, habiéndose registrado un incidente por cada aislado, paciente y muestra recabados.

RESULTADOS

Se recogen 1235 aislados de muestras estimables como estériles siendo 77,09% del total de muestras y muestras no estériles el 22,91%.

Se identifican 16 especies de género Candida siendo C. albicans la más frecuentemente aislada (43,81%), siguiendo C. glabrata complex (21,46 %), a continuación C. parapsilosis complex (18,06%), C. tropicalis (9,39%), C. krusei y su forma teleomorfa (4,37%), y de forma anecdótica C. dubliniensis (1,05%), C. kefyr (0,57%), C. lusitanae (0,73%), C. guilliermondii (0,24%), C. inconspicua (0,08%), P. manshurica (0,16%) y un único aislado que no conseguimos identificación

por especie.

Analizando por especie y por muestra estéril (952 muestras del total), destaca C. albicans (44,64%), seguido de lejos por C. glabrata (19,33%) y C. parapsilosis complex (18,38%). Destaca la incidencia del 9,14% de C. tropicalis y del 4,84% de C. krusei.

En relación a las áreas de cuidados intensivos, destaca la alta prevalencia de C. parapsilosis (38,05%), seguido de C. albicans (31,86%), C. glabrata (17,26%) y C. tropicalis (6,64%) como las principales especies en estas áreas, manteniendo el patrón general de este complejo. Existen 5 aislados como C. Krusei (2,21%).

CONCLUSIONES

La prevalencia de especies estimables en nuestro entorno se asemeja a las descritas en otros estudios, destacando discretamente una prevalencia elevada a C. tropicalis respecto a otros complejos hospitalarios. Con esto podemos tener una visión global estimable de nuestra situación respecto a prevalencia y resistencias de género Candida.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 075

AVANCES EN EL DIAGNÓSTICO DEL VIH

Autor/a/s: Ángela M^a Guerrero crespillo, Carmen Márquez Morillas, Carmen Flores Heredia

Centro de Trabajo: Hospital universitario Virgen de la Victoria

Localidad: Málaga

Código Postal: 29010

Provincia: Málaga

Correo electrónico primer firmante: aguecres75@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La detección temprana del Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH) sigue suponiendo un desafío fundamental para la salud pública, dadas las graves repercusiones clínicas y epidemiológicas que conlleva su diagnóstico demorado. Con el fin de revertir las oportunidades de diagnóstico perdidas, en 2023 se impulsó en Andalucía la iniciativa "Oportunidades ganadas desde Microbiología".

OBJETIVOS

El objetivo de este trabajo tiene como meta analizar la repercusión de dicha estrategia del Laboratorio en nuestro servicio de Microbiología a lo largo del último año.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo realizado en todo el año del 2025 abarcando todas las áreas asistenciales dependientes del Hospital Universitario Virgen de la Victoria. Se incluyeron aquellos pacientes a los que se les amplió de forma automatizada el cribado de VIH utilizando diversas "técnicas gatillo", tales como estudios de ITS por PCR en diferentes muestras (exudados vaginales, uretrales, endocervicales y orina), así como serologías para sífilis y virus de la hepatitis C. La activación de este test de cribado se sintetizó en tres etapas siendo la primera el consentimiento del paciente tras solicitar la técnica gatillo, el facultativo puede marcar "Consentimiento sí" lo que añade el cribado del VIH de manera automática. En la segunda etapa la información que justifica la realización de la prueba se imprime directamente en el volante de petición y en la tercera etapa el paciente conserva el derecho de revocar dicho consentimiento en el momento de la extracción sanguínea, comunicándole al personal médico.

RESULTADOS

A lo largo del período evaluado, la implantación de estas técnicas gatillo derivó en la realización de 5930 determinaciones analíticas de

VIH. De este total, se obtuvieron 741 resultados positivos (12,49%). Dentro de este subgrupo, se logró identificar a tres pacientes con infección por VIH que carecían de diagnóstico previo. Dos de estos pacientes fueron derivados exitosamente a la unidad de Enfermedades Infecciosas, donde comenzaron su tratamiento antirretroviral (TAR). Lamentablemente, el tercer paciente no acudió a la consulta programada. Las técnicas gatillo fueron el cribado de sífilis en un caso, el cribado de hepatitis C en el segundo caso y la combinación de ambas en el último caso. La siguiente tabla refleja las características de los nuevos diagnósticos de VIH comentados.

Paciente	Procedencia Atención	Técnica gatillo	Recuento CD4	Otras ITS	Carga Viral	Seguimiento
1	Atención Primaria	Sífilis	343 células/mm ³	NO	278000 copias/mL	SI
2	Atención Primaria	VHC	393 células/mm ³	NO	1170000 copias/mL	SI
3	Enfermedades Infecciosas	Sífilis y VHC	136 células/mm ³	Sífilis y VPH	907000 copias/mL	NO

CONCLUSIONES

La automatización de este cribado de VIH vinculada a técnicas gatillo ha evidenciado ser una intervención de alto impacto para potenciar la capacidad diagnóstica en atención primaria y a nivel hospitalario, permitiendo aflorar casos que de otra manera habrían pasado desapercibidos, aún así importante reforzar los mecanismos de vinculación asistencial para evitar pérdidas de seguimiento.

Se ha conseguido recuperar tres pacientes con VIH gracias a ganar 741 oportunidades de diagnóstico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 077

CUANDO LA PLACA PIENSA: INTEGRACIÓN DE IA (PHENOMATRIX®) EN MICROBIOLOGÍA CLÍNICA

Autor/a/s: Samantha María Garrido Garnier, Juana María Gallegos Muñoz.

María Puertas Hernández.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Torrecárdenas

Localidad: Almería

CódigoPostal: 04009

Provincia: Almería

Correo electrónico: s.garrido@unex.es, mg.garrido@unex.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La microbiología clínica ha evolucionado significativamente desde el descubrimiento de los microorganismos por Anton Van Leeuwenhoek en 1675 enfrentándose en la actualidad a una creciente demanda asistencial que exige mayor eficiencia, precisión y rapidez diagnóstica. En este contexto, la automatización mediante sistemas como WASP y el uso de herramientas basadas en inteligencia artificial como WASPLab y PhenoMATRIX permiten optimizar el procesamiento y la interpretación de cultivos microbiológicos, mejorando el flujo de trabajo en el laboratorio. El cribado de Streptococcus agalactiae en muestras vagino-rectales de mujeres embarazadas es una práctica fundamental para la prevención de infecciones neonatales. En los laboratorios de microbiología clínica, el aumento de la carga asistencial ha impulsado la incorporación de sistemas de automatización y herramientas basadas en inteligencia artificial que permiten optimizar la lectura de cultivos microbiológicos y mejorar la eficiencia del flujo de trabajo.

OBJETIVOS

Evaluar el impacto de la lectura automatizada mediante inteligencia artificial en el cribado de Streptococcus agalactiae en muestras vagino-rectales, comparando los resultados obtenidos con el método convencional de lectura microbiológica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo analizando 2777 muestras vagino-rectales procesadas durante el año 2025 en un laboratorio de micro. Las muestras fueron sembradas en agar Granada mediante el sistema automatizado Wasp e incubadas por el método tradicional a 48 h, en atmósfer Para el enriquecimiento bacteriano se utilizó caldo LIM, seguido de incubación a 35-37 °C durante 18-24 horas y posterior resiembra en medios sólido. Las placas fueron evaluadas mediante dos procedimientos:

Lectura microbiológica convencional realizada por el personal del laboratorio tras 24-48 horas de incubación.

Lectura automatizada mediante inteligencia artificial utilizando el software PhenoMATRIX, que permite la interpretación de las placas a las 18-24 hor Sin esperar revisión manual.

RESULTADOS

De las 2777 muestras analizadas, se obtuvieron 324 resultados positivos para Streptococcus agalactiae (11,7%) y 2453 resultados negativos (88,3%). La lectura automatizada permitió la clasificación temprana de las placas negativas, optimizando el tiempo de revisión microbiológica.

La implementación del sistema automatizado mostró resultados relevantes:

Reducción media de aproximadamente 3 horas en la obtención de resultados positivos.

Reducción de hasta 14 horas de trabajo manual, gracias a la automatización completa del flujo de trabajo. Mejora significativa en la eficiencia del laboratorio y en la rapidez de obtención de resultados microbiológicos.

Clasificación automatizada de un elevado número de placas negativas, reduciendo el tiempo de revisión microbiológica. Reducción de falsos negativos.

CONCLUSIONES

La automatización del laboratorio mediante sistemas como WASPLab® y el análisis asistido por inteligencia artificial con PhenoMATRIX® permite anticipar la interpretación de cultivos vagino-rectales mejorando la sensibilidad diagnóstica al facilitar la detección de colonias pequeñas o de crecimiento lento, además de reducir los falsos negativos, acortar los tiempos de respuesta y conseguir mayor disponibilidad del personal técnico para tareas de valor añadido. La implementación de estas herramientas puede contribuir a mejorar la eficiencia y estandarización del cribado de Streptococcus-agalactiae.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 080

IMPACTO DEL CAMBIO EN LA RECOGIDA DE MUESTRAS PARA ESTUDIO DE OXIUROS

Autor/a/s: SUSANA BESADA BEA, MARIA TERESA MENDEZ CALVO, MARIA CONCEPCION PICHEL DIZ, ANA MARIA PINTOS ARGIBAY, ROSA ANA RIVAS AMOEDO, MARIA TERESA RODRIGUEZ DALAMA, LETICIA LOPEZ BOVEDA, MARIA JESUS GANDARA GONZALEZ, PABLO CAMACHO ZAMORA, DAVID CARRILLO GUERRA.

Centro de Trabajo: COMPLEXO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO DE PONTEVEDRA - SERVICIO MICROBIOLOGÍA

Localidad: PONTEVEDRA

CódigoPostal: 36001

Provincia: PONTEVEDRA

Correo primer firmante: SUSANA.BESADA.BEA@SERGAS.ES

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El Test de Graham es la técnica utilizada para la búsqueda de huevos de oxiuros. Clásicamente la técnica se realiza pasando celo por la zona perianal, a primera hora de la mañana, y pegando en un portaobjetos transparente para su visualización al microscopio. Esta forma de recogida provoca que en torno a un 15-20% de las muestras recibidas en el laboratorio no se puedan visualizar y no se pueda realizar un diagnóstico microbiológico adecuado.

En nuestro laboratorio hemos introducido en Abril 2025 un nuevo Kit (Medio Paraclick, Griffols) para la recogida de este tipo de muestras, que permite la autotoma de forma más sencilla, sin necesidad de utilizar celo o un portaobjetos.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio describir la prevalencia de estudio de oxiuros en los últimos 3 años, así como, evaluar el impacto que tiene el nuevo Kit (Medio Paraclick, Griffols) para la recogida de este tipo de muestras y su posterior visualización en el laboratorio de microbiología, en el Área Sanitaria de Pontevedra e O Salnés.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio retrospectivo y descriptivo de la detección de oxiuros en los últimos 3 años en el Área Sanitaria de Pontevedra e O Salnés.

Una vez llegan las muestras al laboratorio, el personal TEL encargado de la recepción, valora junto al FEA responsable si se cumplen los criterios de aceptación para poder visualizar la muestra y no existe ningún criterio de rechazo (celo mal pegado, celo suelto y arrugado, etc).

La visualización de las muestras se realiza por dos observadores independientes (el TEL de la sección y el FEA responsable), para ver si existe concordancia en los resultados. La visualización se realiza con los objetivos de 10x y 40x.

RESULTADOS

Durante el período de estudio se recibieron un total de 278 muestras para estudio de oxiuros. En el año 2023 se recibieron un total de 58 muestras:

- 10 muestras fueron positivas, con un porcentaje de positividad del 17%
- 9 muestras tuvieron una incidencia pre-analítica que impedía su visualización siendo un 16% del total demuestras.

En el año 2024 se recibieron un total de 112 muestras:

- 10 muestras fueron positivas, con un porcentaje de positividad del 9%
- 15 muestras tuvieron una incidencia pre-analítica que impedía su visualización siendo un 13% del total demuestras.

En el los 3 primeros meses de 2025 se recibieron un total de 27 muestras:

- 5 muestras fueron positivas, con un porcentaje de positividad del 18%
- 5 muestras tuvieron una incidencia pre-analítica que impedía su visualización siendo un 18% del total demuestras.

En el año 2025, a partir de Abril (introducción del nuevo Kit), se recibieron un total de 81 muestras:

- 10 muestras fueron positivas, con un porcentaje de positividad del 12%

- 1 muestra tuvo una incidencia pre-analítica que impedía su visualización siendo un 1% del total demuestras.

CONCLUSIONES

Se observa un claro descenso del porcentaje de incidencias en la toma de la muestra, pasando de en torno a un 13-18% a un 1% desde la introducción del nuevo Kit. El porcentaje de positividad se mantiene en torno a un 9-18%, lo que indica que con la recogida en el nuevo Kit la sensibilidad de la técnica se mantiene respecto a la recogida tradicional. Además, la visualización microscópica mejora ya que con el nuevo Kit se forman menos burbujas que pueden llegar a confundir al observador con huevos, lo que supone menor riesgo de falsos positivos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 081

IMPACTO DE LA PCR MULTILEX SINDROMICA EN LA DETECCION DE VIRUS RESPIRATORIOS: EXPERIENCIA DIAGNOSTICA EN 22.000 MUESTRAS (2024-2025)

Autor/a/s: González Nava, Andrés; Crespo Arranz, María del Carmen; Castro Peralejo, Aarón; Heredero Muñoz, Ana María; Navarro del Olmo, Andrea; García Sanchez, María Stella; Luis Ferreira, Marta; Martínez Oliveros, Yulli Paulin; Domínguez-Gil González, Marta

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARI RIO HORTEGA

Localidad: VALLADOLID

CódigoPostal: 47011

Provincia: VALLADOLID

Correo electrónico primer firmante: calimun-8@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La incorporación de plataformas de PCR multiplex sindrómica ha supuesto un cambio estructural en el laboratorio de microbiología clínica, permitiendo la

detección simultánea de múltiples virus respiratorios con alta sensibilidad y rapidez diagnóstica. La monitorización de su rendimiento y carga asistencial resulta clave para la planificación técnica y organizativa.

OBJETIVOS

Evaluar el rendimiento diagnóstico, la distribución viral y la frecuencia de codetecciones mediante plataformas de PCR multiplex en un hospital de tercer nivel durante dos periodos anuales consecutivos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo retrospectivo de todas las muestras respiratorias procesadas entre enero de 2024 y diciembre de 2025.

Se utilizaron:

- PCR en tiempo real (GeneXpert®).
- Paneles multiplex sindrómicos (FilmArray®, Seegene®, Luminex®), según protocolo y perfil clínico.

Se analizaron tasas de positividad, variabilidad estacional, distribución etaria y frecuencia de codetección.

RESULTADOS

Se procesaron 22.164 muestras respiratorias (n=10.563 en 2024; n=11.601 en 2025) identificándose 4.120 resultados positivos, lo que representa una tasa global de detección del (18,59%)

2024 presentó una circulación endémica mixta con predominio de rinovirus/enterovirus (n=823; 43% de los positivos anuales) y virus respiratorio sincitial (n=431), mientras que en 2025 el virus predominante fue la Gripe (n=1.510; 68%)

Las codetecciones más frecuentes fueron Gripe A con Metapneumovirus (n=37) y rinovirus con VRS (n=26).

El 50% de los diagnósticos positivos de (n=2.063) se concentraron en mayores de 65 años, lo que implicó alta demanda diagnóstica en contexto de hospitalización.

CONCLUSIONES

Las plataformas multiplex permiten una vigilancia molecular dinámica y adaptativa, con elevada capacidad de detección en periodos de alta presión asistencial.

La identificación de codetecciones respalda el valor añadido del diagnóstico sintromico frente a técnicas monodiana.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 083

EVALUACIÓN DE LAS TÉCNICAS MICROBIOLÓGICAS PARA EL DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS EN UN HOSPITAL COMARCIAL DURANTE 2025

Autor/a/s: Encarnación Cubero Trujillo / María del Carmen Caravantes Almena / Josefa Cerros González / María Isabel Jiménez Terriza / Ana Belén Gijón Marcos / Montserrat Violero Rosillo / Ana Belén Pedrero Gallego / Antonia Sánchez Gómez.

Centro de Trabajo: Hospital Santa Bárbara

Localidad: Puertollano

Código Postal: 13500

Provincia: Ciudad Real

Correo electrónico primer firmante: em4cu@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

A escala mundial, la tuberculosis es la principal causa de muerte por un patógeno infeccioso y figura entre las 10 primeras causas de morbi-mortalidad, por lo que continua siendo un problema de salud importante.

Aunque el término suele referirse a la especie *Mycobacterium tuberculosis* (Bacilo de Koch), en microbiología debemos hablar del Complejo *Mycobacterium tuberculosis*, que agrupa a un conjunto de especies y linajes genéticamente muy similares que causan tuberculosis en humanos y en otros mamíferos.

OBJETIVOS

Describir el número de pruebas realizadas y la tasa de positividad de las técnicas utilizadas para el diagnóstico de tuberculosis durante el año 2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo retrospectivo realizado entre enero y diciembre de 2025 en el hospital Santa Bárbara (Castilla la Mancha)

Se analizaron las siguientes técnicas diagnósticas:

- Baciloscopia
- Prueba de la tuberculina (Mantoux)
- IGRA (QuantiFERON-TB Gold Plus)
- Prueba molecular MTB/NT (SD BIOSENSOR)

Las pruebas inmunológicas (Mantoux y QuantiFERON) se consideraron orientadas a la detección de infección tuberculosa latente y las técnicas directas a enfermedad tuberculosa activa.

RESULTADOS

Técnica	n: 1778 (%)	Pruebas positivas	% Positividad
Baciloscopia	312 (17,5%)	3	0,96
Mantoux	1053 (59,2%)	148	14,1%

QuantiFERON	402 (22,6%)	71	17,7%
Prueba molecular	11 (0,6%)	2	18,2%

Las pruebas dirigidas al diagnóstico de infección tuberculosa latente (Mantoux + QuantiFERON) representaron el 81,8% de la actividad. Las técnicas orientadas a tuberculosis activa (baciloscopia + pruebas moleculares) supusieron el 0,6%.

CONCLUSIONES

La prueba más solicitada fue Mantoux, seguida del QuantiFERON. La mayor parte de la actividad diagnóstica estuvo dirigida a la detección de infección tuberculosa latente. La baciloscopia mostró una baja rentabilidad diagnóstica (0,96%), en contraste con la mayor tasa de positividad de las técnicas moleculares, aunque con escaso número de solicitudes. La tuberculosis continua siendo un problema de la salud pública. El análisis de los indicadores del laboratorio permite evaluar la adecuación de la demanda y optimizar las estrategias diagnósticas en el ámbito de una hospital comarcal

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 090

ESTUDIO RETROSPECTIVO DEL INFORME DE VIGILANCIA REDLABRA 2024

Autor/a/s: Lorena Salgado López, Marta Mª Gonzalez Arbesú, Yaiza Rosete Uribe, Cristina Suarez Rodriguez, Montserrat Junco Rodriguez, Marina FernandezMartinez.

Centro de Trabajo: HUCA

Localidad: OVIEDO

Código Postal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: cristina-suarez@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las bacterias resistentes a antimicrobianos suponen una seria amenaza para la salud pública a nivel mundial. La caracterización molecular de los mecanismos de resistencia de las bacterias resistentes son esenciales para conocer la tendencia evolutiva de dichas bacterias y establecer sus posibles vías de dispersión. En este sentido, en el año 2021 se implantó en España la Red de Laboratorios para la Vigilancia de Microorganismos Resistentes (RedLabRA) cuya estructura se organiza en tres niveles de laboratorios de microbiología diferentes y realiza la vigilancia de los siguientes bacterias: *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae* complex y *Escherichia coli* productores de carbapenemasas. En el Principado de Asturias la RedLabRA está compuesta por nueve laboratorios de microbiología, ocho de ellos como laboratorios de nivel 1 (LN1) y el HUCA como LN2.

OBJETIVOS

El objetivo del presente trabajo es presentar una recopilación de los casos pertenecientes a la red de vigilancia RedLabRA notificados al LN2 del HUCA durante el año 2024

MATERIAL Y MÉTODOS

Durante el año 2024 el laboratorio de Microbiología del HUCA (LN2) recogió la información básica requerida de la RedLabRA de los casos de infecciones o colonizaciones producidas por *Klebsiella pneumoniae* (Kpn), *Enterobacter cloacae* complex (Eclo) y *Escherichia coli* (Eco) productores de carbapenemasa (PC) notificados por los nueve laboratorios del Principado de Asturias. De forma resumida se recopiló la siguiente información de cada caso: Infección/colonización, microorganismo, origen (LN1), tipo de muestra y tipo de carbapenemasa.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio se comunicaron 487 casos de colonización/infección por los patógenos vigilados: 257 Kpn-PC (52,77%), 118 Eco-PC (24,23%) y 112 Eclo-PC (23,0%). Del total de casos, 343 (70,43%) fueron definidos como infecciones y 144 (29,57%) como colonizaciones.

En 453 (93,02%) del total de los casos se aportó información sobre el tipo de muestra de la que se recuperaron los aislados. La mayoría de ellos fueron recuperados de muestras de orina 227 (46,61%), heces/exudados rectales 143 (29,36%) y exudados de herida 34 (6,98%). Tan solo 18 (3,70%) aislados fueron recuperados de líquidos estériles (cinco líquidos intraabdominales y 13 sangres): 7 Kpn-PC, 4 Eco-PC y 2 Eclo-PC.

Notificaron casos 8 de los 9 LN1 del Principado de Asturias, a excepción del Hospital Carmen y Severo Ochoa. De esta forma el desglose en cuanto al hospital de origen de los aislados fue el siguiente: 327 (67,15%) fueron obtenidos de muestras del HUCA, 68 (13,96%) del Hospital Universitario de Cabueñes, 66 (13,55%) del Hospital Valle del Nalón, 15 (3,08%) de la Fundación Hospital de Jove, cinco (1,03%) del Hospital Vital Álvarez Buylla, tres (0,62%) del Hospital del Oriente de Asturias, dos (0,41%) del Hospital Universitario San Agustín y una (0,21%) del Hospital de Jarrío

Los tipos de carbapenemasa detectados fueron mayoritariamente enzimas de tipo OXA-48 (OXA-48-like) (463; 95,07%), VIM (16; 3,29%) y NDM (5; 1,03%). Además, tres aislados (0,62%) fueron productores de doble carbapenemasa OXA-48-like y NDM.

CONCLUSIONES

Los datos recogidos por el LN2 en el Principado de Asturias reflejan que dentro de los patógenos en vigilancia *K. pneumoniae* continúa siendo el principal productor de carbapenemasa (52,77%), mientras que *E. coli* (24,23%) ha pasado a ser el segundo por delante de *E. cloacae* complex (23,0%), a diferencia del año anterior. Las carbapenemasas de tipo OXA-48 continúan siendo las más prevalentes (95,07%), en comparación con años previos, seguidas de las metalo-beta-lactamasas VIM (3,29%) y NDM (1,03%), que reflejan una tendencia ascendente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 091

MICROSCOPIA DIGITAL DE IA APLICADA A LA PARASITOLOGIA

Autor/a/s: ROMINA IGLESIAS DEL CUETO, OLAYA IZQUIERDO SANCHEZ, MARIA DEL CARMEN IGLESIAS FARIZA, MARIA ROSARIO ROZA GARCIA, MARIAN CASADO FERNANDEZ, MARIA ELENA FERNANDEZ FERNANDEZ, MARIA JIMENA NUEVO, BELEN RIVAYA, CRISTINA RODRIGUEZ MOLANO, CRISTINA SUAREZ RODRIGUEZ.

Centro de Trabajo: HUCA

Localidad: GIJON

Código Postal: 33211

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: romina_idc@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Incorporación de nuevas tecnologías como la microscopía digital asistida por IA en muestra de heces establecidas en un hospital de tercer nivel.

OBJETIVOS

Comparar los resultados de muestras aplicando la microscopía digital asistida por Inteligencia Artificial basado en microscopía de concentrados fecales y técnicas moleculares, en un entorno de con baja pre-

valencia de infecciones parasitarias.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio realizado en el Hospital Universitario Central de Asturias de mayo a diciembre de 2025. Se analizaron muestras de heces con sospecha de parasitosis intestinal mediante Inteligencia Artificial KU-F40 (Zhuhai Keyu Biological Engineering Co.Ltd.China) y concentrado de heces (Real Mini-System Durviz S.L.U.España) y PCR múltiple dirigidas a la detección de protozoos y helmintos (Allplex, Seegene y Biosynex Ampliquick Fecal)

RESULTADOS

Se procesaron un total de 1924 peticiones correspondientes a 1812 pacientes. Para la comparación entre microscopía-IA y microscopía convencional, se incluyeron 1889 muestras, mostrando una concordancia global del 74,3% (N=1404) y en el caso de microscopía-IA y PCR se analizaron 1898 muestras con una concordancia global de 64,8% (N=1230), en ambos casos mayoritariamente de resultados negativos. En cuanto las discordancias se detectaron en un 25,7% (N=485) entre M-IA y microscopía del concentrado, principalmente a hallazgos de *Endolimax nana* o de falsos parásitos (artefactos) identificados inicialmente por M-IA, excluidos tras la revisión por el microbiólogo. Entre la microscopía de IA y la PCR se registró una discordancia del 35,2% (N=668) y entre las que el 92,7% de los casos corresponden a la detección molecular de *Blastocystis hominis* o *Dientamoeba fragilis*. En aquellos casos en la que la PCR detectó únicamente *Dientamoeba fragilis*, la concordancia con la microscopía-IA y la convencional fue un 73,9% (116/157) frente al 22,5% (54/240) cuando detectó solo BH. Cabe destacar que la detección de M-IA de estos patógenos está en desarrollo.

CONCLUSIONES

En un hospital de baja prevalencia en infecciones parasitarias y dada la alta concordancia obtenida en muestras sin detección de ningún parásito la microscopía-IA podría utilizarse como técnica de cribado y complementar con técnicas de rutina reduciendo así la carga de trabajo en el laboratorio.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 098

ANÁLISIS RETROSPECTIVO DE LA DEMANDA DEL TEST QUANTIFERON®-TB GOLD PLUS. EN NUESTRA ÁREA SANITARIA

Autor/a/s: M.ª Lydia Soler Calderay, Ascensión Siso Pereiro, Celestina Sierra Atienza, Manuel López Sánchez, Jessica Pérez Gómez, Ana M.ª Domínguez Castaño, Laura Pastor Gómez, M.ª Dolores Valverde-Fredet, Adriana Márquez Sanabria y Verónica González Galán.

Centro de Trabajo: H.U. Virgen de Valme, AGSSS. Sevilla

Localidad: Dos Hermanas

Código Postal: 41704

Provincia: Sevilla

Correo electrónico primer firmante: lydisc28@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Mycobacterium tuberculosis es el agente etiológico de la tuberculosis, una enfermedad que provoca más de un millón de muertes al año. Se estima que el número de personas que padecen infección tuberculosa latente (ITL) supera incluso esta cifra, estando éstas en riesgo de desarrollar tuberculosis activa en cualquier momento de su vida.

Para detectar realizar el diagnóstico de ITL, se han desarrollado ensayos de liberación de interferón-gamma (IGRA), basados en la medición de la respuesta inmune celular frente a antígenos específicos de

M. tuberculosis. Esta determinación es fundamental antes del inicio de tratamientos con terapias biológicas en múltiples patologías. El test empleado en nuestro centro es QuantiFERON®-TB Gold Plus (QIAGEN®).

OBJETIVOS

- Analizar los resultados del test QuantiFERON®-TB Gold Plus para conocer la demanda de esta prueba en nuestro centro.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha realizado un estudio retrospectivo de los pacientes a los que se les solicitó una prueba IGRA en el AGSSS desde enero de 2024 hasta enero de 2025. Las muestras de sangre se analizaron empleando QuantiFERON®-TB Gold Plus (QFT-Plus) (QIAGEN®, Países Bajos) La prueba está integrada en el sistema Liaison® XL (DiaSorin, Italia). La interpretación de los resultados se realizó siguiendo las instrucciones del fabricante, considerándose la prueba positiva cuando la diferencia de los valores TB1 y/o TB2 menos el valor del NIL (tubo blanco) es ≥ 0.35 UI/ml y $\geq 25\%$ del NIL, siempre y cuando el valor de NIL sea ≤ 8 UI/ml.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio se recibieron un total de 769 solicitudes de IGRA (considerando una sola petición por paciente). Los resultados fueron los siguientes: 628 (81.7%) negativos, 32 (4.2%) positivos y 60 (7.9%) indeterminados. De las 49 solicitudes restantes, 30 pacientes (3,9%) no acudieron a realizarse la extracción de sangre, en 12 (1,5%) la cantidad de sangre inoculada en los tubos fue insuficiente, en 5 (0,6%) no procedía realizar la técnica por resultado positivo previo y en 2 pacientes no se pudo realizar por incorrecta identificación de los tubos.

CONCLUSIONES

El 81,7% de las determinaciones fueron negativas, por lo que se pudo indicar con seguridad el tratamiento conbiológicos.

Hay que insistir a los pacientes que esta técnica es necesaria para iniciar de una forma segura el tratamiento con biológicos y a los médicos que deben repetir la prueba a los 3 meses si el resultado es indeterminado.

Dentro de la preanalítica, hemos detectado un porcentaje de casos no desdeñable de problemas relacionados con la seguridad del paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 104

DETECCIÓN DE LA VARIANTE CLADO IB DEL MPOX EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO 12 DE OCTUBRE (MADRID) EN 2025

Autor/a/s: Elena Espartosa Mancebo, Laura Domínguez Alonso, Ana Belén Gambín Esteban, Sonia Bermejo Pavón, Ana María Torrijos Martínez, Marcos Antonio del Barrio Antón, Irene Muñoz Gallego, Jose Luis Carrión Frías, Beatriz González Blanco, María Dolores Folgueira López

Centro de Trabajo: Hospital Universitario 12 de Octubre

Localidad: Madrid

CódigoPostal: 28041

Provincia: Madrid

Correo primer firmante: elena.espartosa@salud.madrid.org

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El Mpx es un virus perteneciente a la familia Poxviridae e incluido en el género Orthopoxvirus

Dentro del Mpx podemos diferenciar distintos clados que difieren principalmente en su origen geográfico, letalidad y modo de transmisión:

- El Clado II (África Occidental) causó la pandemia que se inició en 2022.

- El Clado I (África Central) es más letal. El clado Ib es detectado por primera vez en la República Democrática del Congo en abril de 2024 y se ha convertido en un importante problema de salud pública debido a su mayor potencial de transmisión de persona a persona por contacto estrecho (especialmente, transmisión sexual). Es el responsable de la actual alerta sanitaria internacional ESPII.

OBJETIVOS

Detección de los diferentes clados de Mpx en muestras de exudados de úlceras/vesículas recibidas en la sección de virología del Hospital Universitario 12 de Octubre de Madrid en 2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 81 muestras correspondientes a exudados de úlceras/vesículas recibidas entre el 1 de enero y el 31 de diciembre de 2025.

La detección de Mpx se realizó mediante el kit comercial suministrado por SD Biosensor STANDAR™M10 MPOX/OPX con dianas para OPX y MPX que, además tiene dianas adicionales MPX WA para clado II (West African) y MPX CB para clado Ia (Congo Basin).

Cuando en Biosensor se obtuvo un resultado negativo en la detección de los clados, se identificó el clado Ib empleando una técnica de PCR en tiempo real descrita por Schuele et al (1). Para ello, se realizó la extracción y purificación de los ácidos nucleicos en el equipo Easy-Mag y seguidamente, la amplificación en el equipo LightCycler 480 II COBAS (Roche).

RESULTADOS

Lo resultados obtenidos fueron los siguientes: negativos para detección de Mpx 33/81 (40.7%) y positivos 48/81 (59.3%) de los cuales 41/48 (85.4%) fueron Mpx clado II y 7/48 (14.6%) fueron Mpx clado Ib.

CONCLUSIONES

El diseño y los procedimientos utilizados en nuestro laboratorio para la detección de la nueva variante de Mpx demuestran ser eficaces y suficientes para el diagnóstico de esta infección.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 106

EVALUACIÓN DEL IMPACTO CON LA INTRODUCCIÓN DE LA TÉCNICA MOLECULAR GENEXPERT® PARA LA DETECCIÓN DE CEPAS HIPERVIRULENTAS DE C.DIFFICILE

Autor/a/s: Laura Oporto López, Montserrat Conde Cañamero, Clara Isabel García Ferosel, Ana María Cívicos Martín, María del Prado Marín Pérez, Sara María Luengo Muñoz y Teresa Ariadna Martín Díaz.

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Toledo

Localidad: Toledo

CódigoPostal: 45005

Provincia: Toledo

Correo electrónico primer firmante: loporto183@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las infecciones por Clostridioides Difficile representan una de las principales causas de diarrea asociadas a la atención en salud mundial especialmente en pacientes hospitalizados y expuestos a antibióticos de amplio espectro. Este Bacilo Grampositivo anaerobio y formador de esporas produce toxinas que alteran la mucosa intestinal. En las últimas décadas la emergencia de cepas toxigénicas hipervirulentas particularmente ribotipo 027 y sus variantes como ribotipo 181 ha modificado el panorama epidemiológico de la enfermedad. Estas cepas se

caracterizan por una mayor producción de toxinas A y B, presencia de toxinas binarias y mayor capacidad de transmisión provocando mayor gravedad clínica, mas recurrencia y aumentando la mortalidad .Por lo que su identificación y vigilancia es fundamental para su control, prevención y optimización terapéutica.

OBJETIVOS

Evaluar el desempeño diagnóstico de un nuevo método molecular para la detección de cepas toxigénicas de *Clostridioides Difficile*, incluyendo la identificación de cepas hipervirulentas .

MATERIAL Y MÉTODOS

STANDARD F C. *Difficile* GDH FIA BIOSENSOR. Analiza cualitativamente el Ag. De Glutamato Deshidrogenasa (GDH) de *Clostridium Difficile* en muestras de heces humanas mediante inmunoensayo fluorescente (FIA) .

XPERT (R) C. *Difficile* BT (CEPHEID) . Prueba molecular de diagnóstico rápido in vitro que utiliza la PCR en tiempo real (reacción en cadena de polimerasa) autorizada , para detectar el ADN de C. *Difficile* distinguiendo entre Toxina B, toxina binaria y detección de nucleótido 117 propia de cepas hipervirulentas RT027

RESULTADOS

Durante Octubre/24 a Mayo /25 se solicitó el estudio de C, *Difficile* a 2177 muestras clínicas para la detección de *Clostridioides difficile*. De estas , 497 (22,8%) resultaron positivas para glutamato deshidrogenasa (GDH) .

La detección molecular mediante la plataforma GeneXpert ® permitió detectar 372 (17,0%) muestras con PCR positiva de las cuales se identificaron 179 muestras (48,1%) correspondientes a C. *difficile* toxigénico portador exclusivo del gen *tcdB*, mientras que 193 muestras (51,9%) fueron clasificadas como cepas hipervirulentas , caracterizadas por la presencia de genes asociados a mayor virulencia .

Debido a la elevada proporción de cepas hipervirulentas detectadas, se realizó ribotipado molecular en un subconjunto representativo de estas cepas, identificándose en la totalidad de los casos el ribotipo 181, lo que confirmó la ocurrencia de un brote clonal .

CONCLUSIONES

La implantación de la prueba molecular Xpert® constituye una herramienta diagnóstica de alto valor , al permitir la detección rápida y precisa de cepas hipervirulentas de *Clostridioides difficile*, incluyendo aquellas asociadas a mayor transmisibilidad y riesgo de brotes intrahospitalarios. Su uso favorece la identificación temprana de casos, la toma de decisiones clínicas oportunas y el control efectivo de brotes, fortaleciendo la vigilancia epidemiológica y las estrategias de prevención en ámbito hospitalario .

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 111

ESTUDIO DEL ENTEROCOCO RESISTENTE A LA VANCOMICINA EN CULTIVOS EPIDEMIOLOGICOS EN UN HOSPITAL DE REFERENCIA

Autor/a/s: CRISTINA SUAREZ RODRIGUEZ , ROCIO LOPEZ-ARRANZ MOLICIE, SONIA GUTIERREZ RODRIGUEZ, MONICA ALVAREZ MINAYO, CARMEN MARIA FERNANDEZ GIRALDO, REYES CARVAJAL PALAO, ANA MARIA FERNANDEZ VERDUGO, MARIA EUGENIA LLANEZA VELASCO, MARIA JOSEFA FIUNTE LOPEZ, MARIA JESUS DEL VALLE CASCOS

Centro de Trabajo: HOSPITAL CENTRAL DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: OVIEDO

CódigoPostal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: cristina-suarez@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El enterococo es un coco grampositivo anaerobio facultativo que forma parte de la flora gastrointestinal, pudiendo estar implicado en la infección nosocomial. En los últimos años se ha detectado un aumento de la prevalencia de casos de infecciones por enterococo resistente a la vancomicina (Van R).

OBJETIVOS

Estudiar la prevalencia del enterococo resistente a la vancomicina en pacientes ingresados en la UVI de un hospital de tercer nivel.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se procesaron 591 hisopos rectales de 413 pacientes para el estudio de la presencia de enterococo Van R durante el 2º trimestre del 2025.

El hisopo se sembró directamente en una placa de VRE y además se inoculan 200µl de la misma muestra en un caldo de cultivo de tioglicolato, añadiendo un disco de vancomicina de 30µg. Incubamos el caldo y la placa en una estufa de CO2 a 37°C 24 horas.

Pasado ese tiempo, se sembró 100µl de tioglicolato en una placa de VRE por agotamiento. Incubamos las placas en una estufa de CO2 a 37°C. Se comprobaron las placas a las 24-48 horas observando si había crecimiento de colonias.

RESULTADOS

Del estudio realizado durante los meses de Abril a Junio de 2025 se obtuvieron los siguientes resultados:

De las muestras procesadas, 8 fueron positivas para enterococo Van R, observando crecimiento en las placas de VRE inoculadas con el caldo de tioglicolato. En 5 del total de muestras positivas hubo crecimiento tanto en la placa directa del hisopo como en la inoculada en el tioglicolato. En las 3 restantes solo se obtuvo crecimiento en la placa del pase de tioglicolato.

Las muestras positivas procedían de 5 pacientes, obteniéndose así una prevalencia del 1,2% de colonización de los pacientes estudiados.

CONCLUSIONES

Los resultados de este estudio muestran que no todos los portadores de enterococo Van R son detectados en la siembra directa de la muestra en VRE. Esto sugiere que en la búsqueda de portadores es recomendable hacer una incubación previa de la muestra en un caldo con disco de vancomicina.

La prevalencia encontrada nos indica que sería necesario valorar la incorporación de esta búsqueda en los cultivos de rutina de vigilancia en los pacientes ingresados en UVI de nuestro hospital.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 135

VARIABILIDAD EPIDEMIOLÓGICA DE LOS SUBTIPOS DEL VIRUS INFLUENZA A EN LAS TEMPORADAS 2024/2025 Y 2025/2026

Autor/a/s: MARIA ALEJANDRE ALEGRE; DAVID MARTINEZ MATEOS; SOFIA COBO MATEO; NIEVES FELISA MARTINEZ CAMEO; YOLANDA GRACIA GRATALOUP; BLANCA DEL PILAR DEHESA GARCIA; BLANCA MARIA FORTUÑO CEBAMANOS; ANA MARIA MILAGRO BEAMONTE

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO MIGUEL SERVET

Localidad: ZARAGOZA

CódigoPostal: 50009

Provincia: ZARAGOZA

Correo electrónico primer firmante: malejandrealegre@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Describir el virus de la gripe A (influenza tipo A), perteneciente a la

familia Orthomyxoviridae, como agente causante de infección respiratoria aguda. Señalar su comportamiento endémico-epidémico en España, con un patrón estacional que suele iniciarse en octubre y disminuir progresivamente hasta febrero.

OBJETIVOS

Comparar la prevalencia y la distribución de los subtipos de gripe A durante las dos últimas temporadas gripales (2024/2025 y 2025/2026), así como evaluar los cambios en la frecuencia relativa de los subtipos circulantes entre ambas temporadas y determinar posibles variaciones en su prevalencia interanual.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron los resultados de muestras de frotis nasofaríngeos recogidas durante los meses de octubre a febrero, en 2024/2025 y 2025/2026, en el laboratorio del Servicio de Microbiología y Parasitología del Hospital Universitario Miguel Servet (HUMS) de Zaragoza.

La identificación de virus respiratorios se realizó mediante métodos basados en PCR a tiempo real, utilizando plataformas tipo point of care o mediante extracción de ácidos nucleicos seguida de reacción de amplificación independiente. Las muestras que resultaron positivas para gripe A se sometieron posteriormente a análisis con el reactivo comercial. Dicho panel permitió la detección simultánea de los virus influenza A y B y del virus respiratorio sincitial (RSV) A y B, e incluyó además el subtipado de influenza A (H1, H1pdm09 y H3) en un único tubo de reacción.

RESULTADOS

Durante el primer periodo de estudio (octubre 2024- febrero 2025), se analizaron un total de 4012 muestras respiratorias para detección de virus respiratorios. De éstas, las 296 (7.4%) muestras que resultaron positivas para el virus de la influenza A, 275 fueron analizadas para identificar el subtipo, obteniendo 100 (36.4%) resultados positivos al subtipo H3 y 116 (42.2%) al subtipo H1N1pdm09.

Durante el segundo periodo de estudio (octubre 2025- febrero 2026), se analizaron un total de 4656 muestras respiratorias para detección de virus respiratorios. De estas, las 565 (12.1%) muestras que resultaron positivas para el virus de la influenza A, 374 fueron analizadas para identificar el subtipo, obteniendo 251 (67.1%) resultados positivos al subtipo H3 y 109 (29.1%) al subtipo H1N1pdm09.

CONCLUSIONES

La temporada 2025/2026 muestra una mayor intensidad epidémica y un claro cambio en el subtipo predominante hacia influenza A(H3), en contraste con la temporada 2024/2025, donde la circulación es menor y más equilibrada entre A(H3) y A(H1N1 pdm09). El predominio de A(H3) en 2025/2026 puede relacionarse con una posible menor efectividad vacunal frente a ese subtipo por cambios genéticos recientes con modificación de sus antígenos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 139

INCORPORACIÓN DE RT-QPCR PARA ASPERGILLUS EN BAL: VALOR AÑADIDO FRENTE A MÉTODOS CONVENCIONALES

Autor/a/s: DAVID MARTINEZ MATEOS; MARIA ALEJANDRE ALEGRE; SOFIA COBO MATEO; YOLANDA GRACIA GRATALOUP; NIEVES FELISA MARTINEZ CAMEO; BLANCA DEL PILAR DEHESA GARCIA; BLANCA MARIA FORTUÑO CEBAMANOS; ANA MARIA MILAGRO BEAMONTE

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO MIGUEL SERVET

Localidad: ZARAGOZA

CódigoPostal: 50009

Provincia: ZARAGOZA

Correo electrónico primer firmante: dmartinezm@salud.aragon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La aspergilosis invasiva constituye una causa importante de morbilidad en pacientes de alto riesgo. Dado que sus manifestaciones clínicas y hallazgos radiológicos suelen ser inespecíficos, es fundamental contar con herramientas diagnósticas de laboratorio que sean rápidas y fiables. El diagnóstico microbiológico se basa en la microscopía y el cultivo, métodos convencionales, pero efectivos, así como en la detección de biomarcadores, entre ellos el antígeno galactomano (GM) y el 1,3- β -D-glucano (BDG). No obstante, el cultivo puede presentar un tiempo de respuesta prolongado y una sensibilidad variable según el tipo de muestra analizada. Para mejorar la rapidez, en julio de 2025 se incorporó una RT-qPCR comercial para *Aspergillus* y así, poder complementar el abordaje diagnóstico.

OBJETIVOS

Evaluar la utilidad de este nuevo ensayo dentro del algoritmo diagnóstico aplicado a muestras de lavado broncoalveolar (BAL) y determinar si la detección de *Aspergillus* en suero permite identificar la posible diseminación sistémica de la infección, diferenciándola de una afectación localizada en un foco pulmonar.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevó a cabo un estudio observacional retrospectivo entre julio de 2025 y enero de 2026 en el Servicio de Microbiología y Parasitología del Hospital Universitario Miguel Servet de Zaragoza. Durante este periodo se recibieron 383 muestras de lavado broncoalveolar (BAL). En la sección de Micología, responsable del procesamiento y cultivo de este patógeno, se llevó a cabo una selección preanalítica estructurada de las muestras, basada en criterios clínicos y microbiológicos previamente definidos, con el fin de optimizar la indicación de las técnicas diagnósticas complementarias para priorizar la realización de la RT-qPCR VIASURE *Aspergillus* Real Time PCR Detection Kit (Certest Biotec), un panel dirigido a la detección de *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus terreus* y *Aspergillus flavus*.

RESULTADOS

Se procesaron 104 muestras de BAL mediante RT-qPCR. En estas mismas muestras se recopilaron y analizaron los resultados de galactomano (GM), microscopía directa y cultivo fúngico disponibles. Se detectaron 9 casos con resultado positivo (8,6 %). La totalidad de las detecciones por RT-qPCR correspondieron a *A. fumigatus* (9/9), observándose además detección de *A. flavus* en 2/9 casos y de *A. terreus* en 2/9. En 8 de los 9 BAL con RT-qPCR positiva (88,8 %) se obtuvo concordancia con al menos una técnica convencional. En 1 caso, la RT-qPCR fue negativa y el cultivo resultó positivo para *A. calidoustus*.

CONCLUSIONES

La RT-qPCR en BAL se aplica de forma dirigida, y ofrece resultados en pocas horas frente a los varios días requeridos por el cultivo, lo que facilita una comunicación clínica más precoz. La mayoría de los casos positivos presenta concordancia con técnicas convencionales, aunque se detecta un episodio positivo únicamente por RT-qPCR, lo que sugiere un posible valor añadido en casos con pruebas tradicionales negativas. El cultivo sigue siendo necesario para detectar especies no incluidas en el panel y para la caracterización microbiológica y el estudio de sensibilidad antifúngica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 146

EVOLUCIÓN TEMPORAL DE LAS DETERMINACIONES SEROLÓGICAS PARA VIRUS TROPICALES EN ASTURIAS

Autor/a/s: MARIA JOSEFA FIUNTE LÓPEZ, MARINA FERNANDEZ MARTÍN, ROCIO LÓPEZ-ARRANZ MOLICIE, REYES CARVAJAL PALAO, M.

CARMEN GONZALEZ NIETO, M^a TERESA FERNANDEZ GARCIA, M^a DEL CARMEN DIAZ CARRIÓN, M^a CARMEN LÓPEZ GONZALEZ, MARTA GARCIA SUAREZ, EDURNE RODRIGO ARRAZOLA

Centro de Trabajo: HOSPITAL CENTRAL DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: OVIEDO

CódigoPostal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: maria300765@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las enfermedades tropicales como el zika, dengue y chikungunya, transmitidas por mosquitos del género *Aedes*, suelen ser comunes en regiones tropicales. En Asturias se han reportado algunos casos de viajeros o de pacientes procedentes de zonas endémicas y además se realiza un cribado de zika en embarazadas que vengan de estos países o que hayan viajado recientemente.

OBJETIVOS

Analizar las peticiones y los resultados obtenidos para estos virus en el Hospital Universitario Central de Asturias en el periodo 2022-2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo de los resultados serológicos para zika, dengue y chikungunya durante el periodo 2022–2025, analizándose un total de 1716 muestras de suero, procesadas mediante técnicas de quimioluminiscencia y/o inmunocromatografía.

La determinación de anticuerpos se realizó mediante dos metodologías diagnósticas:

La quimioluminiscencia (VirCli[®] Chemoluminescence – VIRCELL[®]) se empleó para la detección de anticuerpos IgM frente a zika, dengue y chikungunya. Este método automatizado se basa en la reacción antígeno-anticuerpo, que genera una señal luminosa proporcional a la concentración de anticuerpos presentes en la muestra, ofreciendo alta sensibilidad y especificidad.

Por otro lado, la inmunocromatografía (Dengue Duo - Abbott) se utilizó para la detección cualitativa de anticuerpos IgM frente al virus Dengue. Esta técnica permite una identificación rápida mediante la migración de la muestra a través de una membrana que contiene antígenos específicos.

Los resultados se clasificaron en positivos, negativos y dudosos según las especificaciones de cada técnica.

RESULTADOS

En el caso del virus zika, se realizaron un total de 1086 determinaciones, de las cuales 15 fueron positivas, 1058 negativas y 13 dudosas. Desglosando las determinaciones totales por año, se hicieron 234 (21,5%) en 2022, 266 (24,5%) en 2023, 320 (29,5%) en 2024 y 266 (24,5%) en 2025.

En cuanto al virus dengue, de un total de 452 determinaciones 63 fueron positivas, 378 negativas y 11 dudosas. Los totales por año fueron 56 (12,4%) en 2022, 129 (28,5%) en 2023, 138 (30,5%) en 2024 y 129 (28,5%) en 2025.

Para el virus chikungunya, del total de 283 determinaciones 28 fueron positivas, 243 negativas y 12 dudosas. En cuanto a los totales por año, hubo 34 (12,0%) en 2022, 83 (29,3%) en 2023, 81 (28,6%) en 2024 y 85 (30,0%) en 2025.

CONCLUSIONES

Se observa un ligero incremento en las determinaciones realizadas desde 2022, probablemente debido al mayor volumen de pacientes procedentes de zonas endémicas y viajeros. Por lo tanto, cada vez es más importante la realización de estas técnicas en el laboratorio y la familiarización de los TEL con ellas.

TRANSICIÓN HACIA UNA VIROLOGÍA PREDICTIVA. APLICACIONES DE LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL GENERATIVA EN VIROLOGÍA CLÍNICA Y LABORATORIO HOSPITALARIO

Autor/a/s: Reyes Carvajal Palao, Cristina Suarez Rodriguez, Beatriz Carvajal Palao, María del Carmen Lopez Gonzalez, Marta Garcia Suarez, María Josefa Fiunte Lopez, Maria del Carmen Gonzalez Nieto.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA)

Localidad: OVIEDO

CódigoPostal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: reyes.solti@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La Inteligencia Artificial Generativa (IAG) está emergiendo como una herramienta disruptiva en el ámbito sanitario. En virología clínica, su capacidad para

analizar grandes volúmenes de datos genómicos, modelar trayectorias evolutivas virales y diseñar terapias innovadoras representa una transformación estructural del laboratorio hospitalario. Frente a un modelo diagnóstico tradicionalmente reactivo —basado en la detección y secuenciación retrospectiva— la IAG posibilita la transición hacia un enfoque predictivo. Este nuevo paradigma permite anticipar variantes emergentes, optimizar la vigilancia epidemiológica y mejorar la interpretación de datos moleculares complejos, consolidando una virología de carácter prospectivo.

OBJETIVOS

Analizar de forma sistemática la evidencia científica reciente sobre la aplicación de la Inteligencia Artificial Generativa en virología clínica y evaluar su impacto potencial en el laboratorio hospitalario desde la perspectiva del Técnico Superior de Laboratorio.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó una revisión sistemática estructurada conforme a la declaración PRISMA 2020.

Registros identificados: 142 artículos. Estudios incluidos: 25 trabajos con aplicabilidad clínica directa. Periodo de publicación: 2023–2026 Bases de datos: PubMed, Scopus, Web of Science y Frontiers

Estrategiadebúsqueda: (“GenerativeArtificialIntelligence”OR“GenerativeAI”)AND(“Virology”OR“InfectiousDiseases”)AND(“Clinical” OR “Diagnostics”)

Dominios analizados:

1. Diagnóstico viral asistido por IA.
2. Diseño de antivirales y vacunas.
3. Vigilancia epidemiológica predictiva.
4. Ética, regulación y validación clínica

Criterios de inclusión:

1. Aplicación directa en virología clínica o microbiología diagnóstica.
2. Metodología reproducible o evaluación crítica estructurada

RESULTADOS

La evidencia analizada muestra:

1. Predicción evolutiva viral. Modelos generativos y modelos de lenguaje proteico que permiten mapear paisajes de aptitud viral y predecir mutaciones con impacto funcional, facilitando estrategias de vigilancia anticipatorias.
2. Optimización del diseño terapéutico. La IAG acelera el desarrollo de antivirales basados en RNA, anticuerpos neutralizantes resistentes

a mutaciones y estrategias vacunales dirigidas a regiones genómicas conservadas.

3. Apoyo al diagnóstico clínico. Los modelos aplicados a datos clínicos y genómicos muestran un rendimiento comparable al de especialistas en tareas específicas, aunque con variabilidad significativa y necesidad de validación contextual.
4. Generación de datos sintéticos seguros, permitiendo el entrenamiento y evaluación de modelos en entornos simulados sin comprometer la bioseguridad.

Limitaciones identificadas:

1. Sesgos en los datos de entrenamiento.
2. Validación clínica actualmente limitada.
3. Riesgo de “alucinaciones” en modelos generativos.
4. Necesidad obligatoria de supervisión profesional.

Impacto en el laboratorio clínico: la IAG puede mejorar la eficiencia en la interpretación de secuencias complejas, apoyar la vigilancia epidemiológica hospitalaria, optimizar flujos diagnósticos y reducir tiempos de análisis. Sin embargo, requiere validación frente a datos clínicos reales, protocolos estructurados de implementación, un marco ético y regulatorio claro y la formación especializada del personal.

CONCLUSIONES

La Inteligencia Artificial Generativa constituye una herramienta estratégica en la transición hacia una virología “in silico” predictiva. La mayoría de los estudios presentan evidencias emergentes y validaciones preliminares, coherentes con una tecnología en fase temprana de implementación clínica. Su integración en el laboratorio clínico no sustituye al Técnico Superior de Laboratorio, sino que refuerza su papel como analista avanzado ya que exige una validación rigurosa y supervisión humana constante. Además, la IAG representa una oportunidad de posicionamiento profesional en un entorno diagnóstico digitalizado.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 148

CMV CONGENITO ¿CRIBADO UNIVERSAL?

Autor/a/s: María del Carmen Lopez Gonzalez, María del Carmen Gonzalez Nieto, Beatriz Carvajal Palao, Marta García Suarez, Cristina Suarez Rodriguez, María Josefa Fiunte Lopez, Reyes Carvajal Palao

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: OVIEDO

CódigoPostal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo primer firmante: maricarmengonzaleznieto@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La infección por citomegalovirus (CMV) es la infección viral congénita más frecuente en países desarrollados y una causa principal de hipoacusia neurosensorial y alteraciones del neurodesarrollo. El diagnóstico debe realizarse en las primeras 2–3 semanas de vida para confirmar el origen congénito. Sin embargo, muchos pacientes son asintomáticos al nacimiento y se estudian de forma diferida ante sospecha clínica (retraso psicomotor, alteraciones auditivas, hallazgos neurológicos). La utilización de muestras de sangre seca de talón (Dried Blood Spot, DBS), conservadas tras el cribado neonatal, permite la detección retrospectiva mediante técnicas de biología molecular.

OBJETIVOS

- Determinar la tasa de detección de CMV en muestras de sangre seca en pacientes con sospecha clínica.

- Analizar si los resultados obtenidos apoyan la necesidad de estrategias de cribado más amplias.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional descriptivo. Se analizaron 89 muestras de sangre seca de pacientes de 0 a 12 meses con sospecha clínica de infección congénita por CMV entre los años 2022 y 2025. Los datos fueron obtenidos mediante revisión del SIL del Servicio de Microbiología del HUCA (GestLab). La sangre recogida en papel secante (tarjeta de cribado neonatal), conservada en condiciones controladas hasta su procesamiento fue verificada respecto a identificación y trazabilidad. Se obtuvieron discos mediante perforación estandarizada y se procesaron en solución MEM a 56°C durante 1 hora y 30 minutos en un termobloque. El material eluido fue posteriormente purificado en un MagnaPure 96 y sujeto a PCR en tiempo real específica para CMV.

RESULTADOS

De las 89 muestras de sangre seca analizadas, 10 de ellas resultaron positivas, lo que representa una tasa de positividad del 11,2%. La tasa de positividad obtenida es significativamente superior a la descrita en programas de cribado universal neonatal (0,2–0,7%), lo que pone de manifiesto la elevada rentabilidad diagnóstica del cribado dirigido en pacientes con sospecha clínica. Estos hallazgos confirman la idoneidad del protocolo de extracción de muestra y aplicabilidad de la PCR a tiempo real en matriz de sangre seca como herramienta diagnóstica eficaz en el entorno clínico.

CONCLUSIONES

Aunque el cribado dirigido es eficaz en población seleccionada, la frecuencia de infección detectada y la presencia de neonatos asintomáticos al nacimiento subrayan el potencial beneficio del cribado universal. A nivel mundial, diferentes países están evaluando su implementación. Estas experiencias internacionales destacan que, aunque técnicamente viable y clínicamente beneficioso, el cribado universal requiere análisis de coste-efectividad, protocolos estandarizados y recursos de laboratorio adecuados para su implementación sostenible.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 150

CONTROL MICROBIOLÓGICO AMBIENTAL EN QUIRÓFANOS Y ÁREAS CRÍTICAS EN UN HOSPITAL DE 3ER NIVEL

Autor/a/s: Mónica Álvarez Minayo, Sonia Gutiérrez Rodríguez, Cristina Suárez Rodríguez, Rocío López-Arranz Molicie, M^a Josefa Fiunte López, Carmen M^a Fernández Giraldo, Carmen Iglesias Fariza, Almudena Gutiérrez Allende, Ana M^a Fernández Verdugo, M^a Eugenia Llana Velasco

Centro de Trabajo: HUCA

Localidad: OVIEDO

CódigoPostal: 33011

Provincia: ASTURIAS

Correo electrónico primer firmante: monica.alvarezmmi@sespa.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El control microbiológico ambiental es una tarea de vital importancia en un hospital para tratar de evitar infecciones relacionadas con determinados procedimientos que se llevan a cabo en él. Consiste en la vigilancia y evaluación periódica de la calidad del aire en aquellas zonas del hospital donde la limpieza y la esterilidad son fundamentales. En definitiva, se trata de comprobar que el ambiente de esas zonas comprometidas (como quirófanos, UCI, habitaciones de aislamiento, etc.) cumple con los estándares de esterilidad establecidos. Para ello,

se recogen muestras de aire que se analizan en el Laboratorio de Microbiología del propio hospital para determinar si se cumplen dichos estándares.

OBJETIVOS

Definir la sistemática para realizar el control microbiológico ambiental de quirófanos y áreas críticas en un hospital de 3er nivel, especificando métodos de recogida de muestras, medios de cultivo empleados, condiciones de incubación y microorganismos aislados.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para la toma de muestras se emplean muestreadores microbiológicos de aire (MAS-100 NT) basados en el principio de muestreo por impacto, que aspiran el aire ambiental a través de una placa perforada dirigiendo ese flujo de aire sobre una placa estándar de medio de cultivo.

El muestreo puede llevarse a cabo en dos áreas de la sala: una en la zona de la rejilla de impulsión del aire acondicionado y otra en el centro a una altura aproximada de 1m. Las tomas de muestras se deben realizar en la sala sin ningún tipo de actividad, corrientes de aire, ni movimientos de instrumentos y/o personal.

Los medios de cultivo dependerán de los tipos de microorganismos a determinar. En nuestro caso se empleará agar Triptona Soja (TSA) para bacterias aerobias, y agar Sabouraud Gentamicina Cloranfenicol (SGC2) para el aislamiento de hongos.

Las placas de TSA se incubarán a 37°C durante 72 horas y las de SGC2 a 30°C durante 7 días, emitiendo un resultado preliminar en el caso de los hongos a los 3 días.

Se realiza una lectura diaria de las placas, registrando el crecimiento y recuento de colonias observado.

RESULTADOS

Durante el año 2025 se recibieron en el Laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario Central de Asturias un total de 1123 muestras ambientales procedentes de 98 puntos de muestreo diferentes (de los cuales 35 se realizan con una periodicidad mensual, y 62 trimestral).

Del total de muestras, se detectaron 79 cultivos que se encontraban por encima del límite de aceptación según la norma UNE171340 (julio 2020) "Validación y cualificación de salas de ambiente controlado en hospitales", De esos cultivos con valores fuera de rango, en 62 se detectaron hongos filamentosos y levaduriformes, identificándose 11 *Aspergillus* y 1 *Fusarium*. El resto fueron hongos filamentosos y levaduriformes (no *Aspergillus*, *Fusarium*, *Scedosporium*, ni *Mucor*).

CONCLUSIONES

Del total de muestras recibidas un 93% fueron negativas. Un 7% fueron positivas, de las cuales 17 tuvieron crecimiento de bacterias mesófilas, 57 crecimiento micológico y 5 crecimiento mixto de bacterias y hongos.

Este control periódico ayudó a prevenir infecciones relacionadas con la asistencia sanitaria mediante la clausura de las salas donde se detectó crecimiento microbiológico ambiental, limpieza y nueva toma de muestras para comprobar su esterilidad antes de su nueva puesta en funcionamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 152

RESISTENCIAS ANTIBIÓTICAS DE HELICOBACTER PYLORI EN PEDIATRÍA DEL ÁREA OESTE DE VALLADOLID

Autor/a/s: García Sánchez, María Stella; Heredero Muñoz, Ana María; Luis Ferreira, Marta; Barbero García, María Magdalena; Nava González, Andrés; Castro Peralejo, Aarón; Crespo Arranz, María del Carmen; Navarro del Olmo Andrea; Fernández Terán Maite; Gómez Martínez Mercedes.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Río Hortega

Localidad: Valladolid

CódigoPostal: 47012

Provincia: Valladolid

Correo electrónico primer firmante: sgarciasanchez@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El *Helicobacter pylori* (*H.pylori*), es una bacteria Gram negativa en forma de espiral que habita en el estómago, siendo causa común de gastritis crónica y úlceras pépticas (llagas) en niños y adultos. Aunque muchos niños infectados son asintomáticos, puede causar dolor abdominal, anemia por déficit de hierro y un factor de riesgo prevenible para cáncer gástrico a largo plazo. El *H.pylori* tiene una antibioterapia prolongada. En España afecta al 25-30% de la población infantil.

OBJETIVOS

Describir el perfil de susceptibilidad antibiótica del *H. pylori* recuperado en niños en un periodo de 5 años, de pacientes del Área de salud de Valladolid Oeste, realizado en el laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario Río Hortega.

MATERIAL Y MÉTODOS

El *H.pylori* se aísla a partir de biopsias gástricas obtenidas a través de endoscopia en la sección de exudados, siempre empleando campana de flujo laminar y procesada lo antes posible.

1. Tinción de Gram de labiopsia
2. Ultraturrax, homogenizador de altocizallamiento
3. Placas, sembrar por aislamiento en placas de Agar Sangre, Agar Chocolate y medio selectivo de *H.Pylori*
4. Incubar en microaerofilia (sobres Campygen) en jarras de anaerobiosis a 37°C, 95% de humedad y estufa de CO₂, durante 3-7 días y hasta 10-14 días. Las colonias suelen ser pequeñas, convexas y translúcidas.
5. Identificación de las colonias del *H. pylori* mediante técnica de MALDI-TOF a través de un MALDI-TOF MS (Biomérieux)
6. Antibiograma, 3 McFarland en M.H Sangre, con antibióticos en Etest, Amoxicilina, Levofloxacino, Claritromicina, Metronidazol, Rifampicina y Tetraciclina, además de un pase a Agar sangre para comprobar la pureza (EUCAST 2026).
7. Lectura del Antibiograma pasados de 3 a 7 días.

RESULTADOS

Desde el año 2021 al 2025, se analizaron las muestras de 98 pacientes, hospitalizados y de consultas externas.

Amoxicilina –sensibles (89,2%), resistentes (10,8%)

Claritromicina- sensibles (54%), resistentes (46%)

Levofloxacino- sensibles (95,7%), resistentes(4,3%)

Metronidazol- sensibles (83,1%), resistentes(16,9%)

Rifampicina- sensibles (68,7%), resistentes(31,25%)

Tetraciclina- sensibles (98,7%), resistentes (1,3%)

CONCLUSIONES

Una infección de *H.pylori*, no tratada en niños, puede persistir hasta la edad adulta, elevando el riesgo de úlceras severas y cáncer gástrico.

El exceso de tratamientos antibióticos utilizados en clínica, hace que las resistencias aumenten, esto hace que los antibióticos habituales utilizados para *H.pylori*, sean altamente resistentes, como es el caso de la Claritromicina, que es un antibiótico utilizado en las terapias contra *H.pylori*.

La erradicación de la bacteria no impide futuras reinfecciones.

INFLUENCIA DE LA FASE PREANALÍTICA EN LA CUANTIFICACIÓN DE LA CARGA VIRAL DEL VIH.

Autor/a/s: Helen de los Angeles Rodríguez Sánchez, Angela Maria Ramos Nuez, Nereida del Pino Gonzalez Quevedo, Gema Maria DiazSantana, Diana LópezAcosta.

Centro Trabajo: Hospital Universitario de Gran Canaria Doctor Negrin

Localidad: Las Palmas

CódigoPostal: 35010

Provincia: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico primer firmante: helen.angeles@gmail.com

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

Los blips de VIH son repuntes transitorios de la carga viral plasmática (CVP) entre 20 y 200 copias/mL, en pacientes en tratamiento antirretroviral que previamente habían alcanzado y mantienen la carga viral indetectable. En ocasiones pueden ser debidos a errores preanalíticos por manipulación inadecuada de la muestra, como retraso en la separación del plasma, centrifugación incorrecta o transporte brusco. En estos casos pueden aparecer restos de ARN viral intracelular amplificado como viremia plasmática real, generalmente con bajo nivel de carga.

El control estricto de la fase preanalítica es complejo en la práctica asistencial. La centrifugación es esencial para garantizar una correcta separación del plasma y evitar la liberación del ARN intracelular. La detección de blips activa protocolos para descartar un fracaso terapéutico —confirmación en una nueva muestra— y puede generar carga psicológica en el paciente, ya que la pérdida de la indetectabilidad puede provocar ansiedad.

OBJETIVOS

El objetivo del estudio fue determinar si, en pacientes con CVP previamente indetectable y que presentan un blip, la repetición del análisis tras una nueva centrifugación de la muestra permite atribuir dicho blip a un posible problema preanalítico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional prospectivo durante el año 2025 que incluyó muestras de pacientes con infección por VIH en tratamiento antirretroviral y con respuesta virológica estable, quienes presentaron un blip de CVP utilizando el sistema automatizado Cobas 5800 (Roche). Se compararon los resultados antes y después de aplicar una nueva centrifugación del plasma (20 minutos, 3000 rpm).

RESULTADOS

Se incluyeron 129 muestras, que fueron procesadas el mismo día de la extracción y reprocesadas al día siguiente tras una nueva centrifugación, utilizando el tubo primario y el mismo equipo analítico. La media de CVP inicial fue de $42,5 \pm 16,7$ (21-152) cop/ml. Tras la nueva centrifugación, en 77 (59,7%) muestras la CVP fue indetectable, en 21 (16,3%) fue <20 cop/ml y en 31 (24,0%) se confirmó el repunte de CVP.

CONCLUSIONES

Las 3/4 partes de las muestras con blips se negativizan tras una nueva centrifugación, lo que apoya un origen preanalítico. Estos hallazgos tienen implicaciones en los protocolos de laboratorio, optimizan recursos y contribuyen a reducir la ansiedad del paciente.

VACUNAS INTELIGENTES ANTIPARASITARIAS: IA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Autor/a/s: Carolina Monedero Sierra, Virginia Ortiz González, Susana Rodríguez de Frutos, Ana Martín Martín, Daniel Carpio Hernández, Ana Centro de Trabajo: Hospital Universitario Ramón y Cajal

Localidad: Madrid

Código Postal: 28034

Provincia: Madrid

Correo primer firmante: carolina.monedero@salud.madrid.org

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

Las enfermedades parasitarias siguen siendo un problema importante de salud pública, especialmente en regiones tropicales y subtropicales con recursos sanitarios limitados. Parásitos como *Plasmodium falciparum*, *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania donovani* continúan causando una alta carga de enfermedad y mortalidad.

El desarrollo de vacunas es una herramienta clave para su control, aunque la complejidad biológica de estos organismos ha dificultado su avance. Actualmente, la combinación de biología molecular con herramientas de inteligencia artificial está facilitando la identificación de nuevos antígenos candidatos y acelerando el diseño de estrategias vacunales más eficientes.

OBJETIVOS

Destacar el papel de la biología molecular en la identificación y validación de nuevas dianas terapéuticas en parásitos como *Plasmodium falciparum*.

Revisar la evolución de las vacunas antiparasitarias, desde formulaciones completas hasta subunitarias recombinantes como RTS,S/AS01.

Analizar el aporte de la inteligencia artificial en el descubrimiento y optimización de nuevas terapias mediante modelos predictivos y análisis *in silico*.

MATERIAL Y MÉTODOS

El desarrollo de vacunas antiparasitarias combina estrategias de biología molecular con herramientas de inteligencia artificial (IA). Inicialmente, se identifican antígenos candidatos mediante genómica y transcriptómica, empleando la vacunología inversa, que utiliza análisis bioinformático del genoma y modelos predictivos de proteínas de superficie con herramientas como BLAST e IEDB Analysis Resource. Los genes candidatos se clonan y expresan de manera recombinante en sistemas como *Escherichia coli* o levaduras, utilizando vectores plasmídicos, enzimas de restricción, medios de cultivo y columnas de purificación.

La validación de las vacunas se realiza mediante técnicas inmunológicas como ELISA, Western blot y citometría de flujo, así como mediante modelos en animales experimentales.

En paralelo, la IA se aplica para la predicción de epítopos mediante aprendizaje automático y bases de datos como UniProt, utilizando modelos como Random Forest, y para el modelado estructural 3D de proteínas con AlphaFold. Además, la inmunoinformática permite evaluar alergenicidad y toxicidad de los candidatos vacunales, optimizando el diseño de la vacuna antes de su fase experimental.

RESULTADOS

Los avances más destacados en vacunas antiparasitarias se han conseguido en la enfermedad de la Malaria, provocada por protozoos del género *Plasmodium*. En 2021 se aprobó la primera vacuna contra la

Malaria llamada RTS,S/AS01 basada en una proteína recombinante del parásito (CSP-circumsporozoite protein), actúa en la fase hepática del ciclo del parásito. Tiene una eficacia aproximada del 30-40 % en la prevención de casos graves, reducción significativa de hospitalización y mortalidad infantil. En 2023 se aprobó la vacuna R21/Matrix-M desarrollada por la University of Oxford que mostró una mayor eficacia en ensayos clínicos (70-75%) en ensayos de fase III, mejor respuesta inmune sostenida, está recomendada por la OMS, mayor producción y menor costo, facilitando la distribución en países endémicos.

En el caso del Schistosoma las vacunas se encuentran en fase de desarrollo clínico y preclínico. La Sm14 (proteína FABP) ha alcanzado ensayos clínicos en humanos (fase II) y también podría servir para otros helmintos. La Sm-TSP-2 (tetrasponina) se encuentra en fase de evaluación clínica-

En la Leishmania en la actualidad no hay vacuna humana aprobada pero existen varias en fases clínicas y preclínicas prometedoras como la LEISH-F3 más adyuvante GLA-SE, ha demostrado buena inmunogenicidad en ensayos clínicos fase I.

En el Toxoplasma están en fase experimental (principalmente preclínica), no existe una vacuna humana aprobada. Existen vacunas vivas atenuadas y vacunas recombinantes (subunitarias), se basan en proteínas del parásito como SAG1, GRA7 y ROP18, con protección parcial en modelos murinos, reducción de quistes cerebrales e inducción de respuesta Th1.

Vacunas de ADN están dando resultados prometedores en ratones y las vacunas multiepitópicas de diseño in silico.

CONCLUSIONES

La integración de técnicas de biología molecular con los avances recientes en inteligencia artificial permite mejorar la precisión en la selección de antígenos. Esta sinergia contribuye a reducir el tiempo y los costes de los ensayos clínicos, optimizando el diseño de vacunas multiepitópicas. Asimismo,

posibilita la personalización de las vacunas a nivel poblacional, considerando la distribución de los alelos HLA en distintos grupos, lo que potencia su eficacia y seguridad. El desarrollo continuo de la inteligencia artificial abre perspectivas prometedoras para la creación de nuevas vacunas antiparasitarias. y su...

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 164

EVALUACIÓN DE UN MÉTODO DE DETECCIÓN MOLECULAR DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS METICILIN RESISTENTE MEDIANTE PCR EN TIEMPO REAL.

Autor/a/s: Ana Belén Santos Ortiz, Silvia Caamaño García, María Teresa Gómez Borja; Nadhir Cecilia Tirado Uyuni; Jesús García Martínez.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Fuenlabrada

Localidad: Fuenlabrada

CódigoPostal: 28942

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: anamiguell@yahoo.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La colonización por *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) constituye un importante factor de riesgo para infección invasiva y transmisión nosocomial. La detección precoz de pacientes colonizados permite implementar medidas de aislamiento y estrategias de descolonización y prevenir la expansión de este agente infeccioso de carácter multirresistente. El cultivo selectivo y dirigido de MRSA ha sido tradicionalmente el método de referencia para su detección,

aunque presenta tiempos de respuesta prolongados (24–48 h) e implica una alta carga de trabajo. Las técnicas moleculares basadas en PCR ofrecen resultados rápidos y potencialmente con una mayor sensibilidad. Plataformas de alto rendimiento como el Panther Fusion pueden hacer frente a altas cargas de trabajo con una mínima intervención del personal técnico.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio fue evaluar el rendimiento diagnóstico del ensayo de PCR Panther Fusion® MRSA en comparación con el cultivo selectivo para la detección de colonización por MRSA en muestras de exudado faríngeo y nasal.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se diseñó un estudio comparativo prospectivo doble ciego en el que se compararon los resultados de la detección molecular de MRSA sobre 96 muestras (48 exudados faríngeos y 48 nasales) con los del cultivo selectivo de MRSA. Las muestras pertenecían a pacientes en riesgo de estar colonizados por MRSA según las guías clínicas y protocolos del Hospital Universitario de Fuenlabrada. De cada paciente incluido en el estudio, se recogieron de forma paralela 2 muestras de cada origen anatómico, exudado faríngeo y exudado nasal. La torunda destinada al cultivo de MRSA era de algodón que se acompañaba de medio de transporte con alginato (Copan Diagnostics, California, EEUU). La torunda destinada a la detección molecular era un ESwab (Copan Diagnostics, California, EEUU) compuesta de nylon sobre medio líquido de Amies. Para el aislamiento de MRSA, las muestras fueron sembradas en medio cromogénico selectivo chromID MRSA (bioMérieux, Marcy l'Etoile, Francia) e incubadas a 35–37 °C durante 48 horas en atmósfera aerobia. Las colonias sospechosas (coloración verde característica) fueron identificadas como *Staphylococcus aureus* mediante el sistema espectrométrico Vitek MS (bioMérieux, Marcy l'Etoile, Francia). La resistencia a meticilina se confirmó mediante un antibiograma realizado en el sistema Vitek2 (bioMérieux, Marcy l'Etoile, Francia). En paralelo, las mismas muestras fueron analizadas mediante el sistema automatizado Panther Fusion® MRSA assay, siguiendo las instrucciones del fabricante. Con los resultados obtenidos se calculó la sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo, valor predictivo negativo, exactitud diagnóstica e índice kappa de concordancia del sistema en evaluación. Se consideró el cultivo como estándar de referencia.

RESULTADOS

Se analizaron un total de 96 muestras de exudado nasal y faríngeo para la detección de colonización por *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA). Según el resultado del cultivo en chromID® MRSA, 24 muestras (25%) resultaron positivas y 72 (75%) negativas. El ensayo molecular Panther Fusion® MRSA detectó 28 muestras positivas y 68 negativas. Al comparar ambos métodos, 22 muestras fueron positivas por medio de cultivo y PCR y 66 muestras fueron negativas por los dos ensayos. Se identificaron 6 casos positivos por PCR y negativas por cultivo mientras que se observaron 2 muestras negativas por PCR y positivas por cultivo. Las discrepancias fueron confirmadas tanto por cultivo como por PCR, excepto en el caso de 2 muestras de exudado nasal que fueron positivas por PCR y al cultivarse de nuevo, se pudo recuperar el MRSA detectado por el kit de Panther Fusion. Con estos datos, el rendimiento diagnóstico del ensayo molecular comparado con el cultivo fue de sensibilidad=92,3%, especificidad= 94,3%, valor predictivo positivo=85,7%, valor predictivo negativo=97,1%, exactitud global: 93,8%. El índice de concordancia kappa fue de 0,84, lo que indica una concordancia sustancial entre ambos métodos.

CONCLUSIONES

El ensayo Panther Fusion® MRSA mostró alta sensibilidad y especificidad en comparación con el cultivo. Presenta un excelente valor

predictivo negativo, lo que lo convierte en una herramienta útil para descartar colonización de forma rápida. La concordancia global fue sustancial. La PCR del sistema de Hologic permite una reducción significativa en el tiempo de respuesta, favoreciendo la implementación precoz de medidas de control. Puede considerarse una alternativa válida al cultivo en estrategias de cribado hospitalario, especialmente cuando la rapidez diagnóstica es prioritaria y hay una alta carga de pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 165

ESTACIONALIDAD DE LAS INFECCIONES RESPIRATORIAS TRAS LA PANDEMIA COVID-19

Autor/a/s: María Teresa Gomez Borja, Silvia Caamaño García, Ana Belen Santos Ortiz; Jesús García Martínez.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Fuenlabrada

Localidad: Fuenlabrada

Código Postal: 28942

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: mgomez69@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las infecciones respiratorias presentan un patrón estacional bien definido en las regiones templadas del mundo. El virus Influenza, el virus respiratorio sincitial, rinovirus y coronavirus circulan con mayor intensidad durante los meses fríos. Sin embargo, durante la pandemia de COVID-19 este patrón se alteró notablemente por las medidas de salud pública como el uso masivo de mascarillas, el distanciamiento físico, el cierre de escuelas y la reducción de la movilidad. Como resultado, en muchos países se observaron temporadas gripales atípicas, con descensos históricos de casos o desplazamientos fuera de su periodo habitual.

OBJETIVOS

Nuestro objetivo es definir si la circulación de estos virus reapareció recuperando la dinámica estacional clásica o se mantuvieron los brotes fuera de temporada sin una marcada temporalidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo retrospectivo de los casos incidentes de infección aguda de virus Influenza A/B, SARS-CoV-2 y virus respiratorio sincitial (VRS) registrados en el Laboratorio del Hospital Universitario de Fuenlabrada desde el 2021 al 2026. Los virus Influenza A/B, SARS-CoV-2 y VRS fueron detectados en muestras respiratorias (exudados nasofaríngeos, lavados nasofaríngeos y aspirados bronquiales y alveolares) mediante la amplificación e hibridación de secuencias específicas de ARN viral usando el kit Panther Fusion® SARS-CoV-2/Flu A/B/RSV Assay (Hologic, Bruselas, Bélgica) y, además los virus Influenza A/B y SARS-CoV-2, mediante la detección de antígenos virales específicos usando los kits Panbio™ COVID-19/Flu A&B Rapid Panel (Abbott, Chicago, EEUU) y LYHER® SARS-CoV-2 + Influenza A/B (Lyher, Zhejiang, China). Cada test se usó en función del momento del año, tipo de paciente y disponibilidad definidos por los protocolos internos del centro. Se definió estacionalidad como la agrupación de más del 50% del total de casos registrados en un mismo trimestre anual. Se calcularon los casos encontrados por trimestre de forma anual para cada virus y se compararon con el resto de trimestres y de forma anual.

RESULTADOS

Se analizaron los casos de infección por SARS-CoV-2, gripe y VRS distribuidos por temporadas (2021-2022 a 2025-2026) y por estaciones del año. En el periodo global del estudio se registraron un total

de 4.126 casos de SARS-CoV-2, 2.815 casos de gripe y 1.415 casos de VRS.

Distribución estacional. SARS-CoV-2 mostró mayor incidencia en verano (n=1.628, 36,5%) y primavera (n=965, 23,4%), con un menor número de casos en otoño (n=854, 20,7%) e invierno (n=679, 16,5%). La gripe presentó un claro patrón estacional, concentrándose principalmente en invierno (n=1.585, 56,3%) y otoño (n=917, 32,6%), con circulación mínima en primavera (n=268, 9,5%) y verano (n=45, 1,6%). VRS también mostró un patrón estacional marcado, con mayor incidencia en invierno (n=760, 53,7%) y otoño (n=578, 40,8%), menor en primavera (n=70, 4,9%) y siendo prácticamente residual en verano (n=7, 0,5%).

Evolución por temporadas. SARS-CoV-2 presentó una distribución heterogénea, con incrementos relevantes en verano y primavera en varias temporadas (destacando verano 2021-2022 y 2023-2024, con 456 casos, 38%, y 397 casos, 30,5%). La gripe alcanzó sus mayores incidencias en las temporadas 2024-2025 (invierno: 526 casos, 86% de los casos de la temporada) y 2025-2026 (otoño: 664 casos; invierno: 420 casos). En las temporadas 2021-22 y 2022-23 las mayores agrupaciones se encontraron en primavera (161 casos, 90,5%) y en invierno (216, 49,2%), respectivamente. El VRS mostró mayor circulación en los inviernos de las temporadas 2022-2023 y 2025-2026, con máximas incidencias de 181 casos (50,7%) y 205 casos (85,1%), respectivamente. Las temporadas 2023-2024 y 2024-2025 también agruparon la mayoría de sus casos en un trimestre, otoño (166 casos, 50%) e invierno (185 casos, 55,2%). En la temporada 2021-2022 no hubo agrupación significativa de casos.

CONCLUSIONES

1. El virus Influenza y VRS han recuperado tras la pandemia un patrón epidémico claramente otoño-invernal, concentrando casi el 90-95% de los casos en estas estaciones. 2. SARS-CoV-2 muestra un comportamiento diferente, con mayor circulación en primavera-verano y menor dependencia del invierno, pero sin una clara distribución estacional. 3. La planificación sanitaria debe contemplar la estacionalidad clásica para gripe y VRS, pero vigilancia continua anual para SARS-CoV-2. 4. El invierno continúa siendo el periodo de mayor presión asistencial, por la superposición de virus respiratorios.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 171

TÉCNICA DE SINERGIA IN VITRO ENTRE AZTREONAM Y CEFTAZIDIMA/AVIBACTAM

Autor/a/s: Begoña Miguel Latorre, Lorena Llerena García, Vanesa Estepa Pérez, Nieva Hernández Medrano, Eva Algarra Hierro, Beatriz Fernández Pérez, Jennifer Posada Álvarez, Cristina Elvira Royo, Estíbaliz Erviti Machain, Miriam Blasco Alberdi.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario San Pedro

Localidad: Logroño

Código Postal: 26006

Provincia: La Rioja

Correo electrónico primer firmante: albego3@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Klebsiella pneumoniae, *Echerichia coli* y *Enterobacter cloacae* son las enterobacterias más frecuentes en infecciones urinarias, sepsis y neumonías nosocomiales. Pueden adquirir mecanismos de resistencia mediante plásmidos que transfieren genes entre bacterias. Entre estas resistencias se encuentran las enzimas betalactamasas, que engloban cefalosporinasas (BLEE y AmpC), serín-carbapenemasas (KPC y OXA-48) y metalo-betalactamasas (NDM, IMP y VIM). Si coe-

DIAGNÓSTICO DEL BROTE DE SARAMPIÓN REALIZADO EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO DE CANARIAS, OCURRIDO EN LA ISLA DE LA PALMA EN EL AÑO 2025.

Autor/a/s: Sara Melián Gutiérrez, María Montserrat Rodríguez Rodríguez, María Sonia Hernández Rosa, Yaiza González Martín, Celia López Millán.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Canarias

Localidad: La Laguna.

CódigoPostal: 38320

Provincia: Santa Cruz de Tenerife.

Correo electrónico primer firmante: seket7@hotmail.com

RESUMEN:**BREVE INTRODUCCIÓN**

El sarampión es una enfermedad vírica altamente contagiosa causada por el virus del sarampión (Measles virus), virus ARN de la familia Paramyxoviridae. El aumento de casos desde 2024, junto con la aparición de brotes en distintas comunidades autónomas, ha evidenciado fallos en la cobertura vacunal y un aumento de importaciones de casos desde otros países. Aunque se había logrado el estatus de país libre de Sarampión en 2016, la OMS retiró esta calificación en enero de 2025.

OBJETIVOS

Describir el procedimiento diagnóstico realizado en el Hospital Universitario de Canarias (HUC) ante un brote de Sarampión que tuvo lugar en la isla de La Palma durante los meses de Octubre y Diciembre de 2025.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un diagnóstico en dos pasos debido a las limitaciones diagnósticas del hospital de La Palma.

Se realizaron pruebas de serología (IgG e IgM frente a Sarampión) a todos los pacientes con sospecha de infección por virus del Sarampión.

A aquellos pacientes con serología y clínica compatible se les realizaba una toma de muestra de exudado faríngeo y muestra de orina y se remitían al HUC para su confirmación por técnicas moleculares. Las muestras se remitían el mismo día y con medio de transporte refrigerado (Las muestras de exudado faríngeo se remitieron en medio de transporte de virus UTM® (Universal Transport Medium) y se conservaron a 4°C hasta su procesamiento.

Las muestras de orina se centrifugaron a 4000 rpm / 5 min, el sedimento se traspasó a un tubo UTM® para preservar la viabilidad del virus y se conservaron a 4°C hasta su procesamiento.

El ARN viral se extrajo a partir de 200 µL de muestra mediante el sistema ELITe InGenius Systems®, obteniendo X µL de eluido. La RT-PCR se realizó con los reactivos de Progenie Molecular® en el equipo Andana1216 (Progenie Molecular®).

Todas las reacciones RT-PCR realizadas incluyeron control positivo y control negativo, así como un control interno de extracción. Los resultados se interpretaron según los criterios establecidos por el fabricante.

RESULTADOS

Se analizaron 69 muestras de orina y 67 muestras de exudados faríngeos, correspondientes a 71 pacientes (51% hombres; 49% mujeres). La media de edad fue de 18 años (rango 0-72 años).

Algunos pacientes remitieron muestra de orina aislada o muestra de exudado faríngeo aislado.

xisten varios mecanismos de resistencia en una misma cepa, las opciones terapéuticas se reducen. En este contexto, la combinación de aztreonam y ceftazidima/avibactam es interesante, ya que la sinergia entre ambos permite superar múltiples mecanismos de resistencia. El avibactam inhibe las betalactamasas y las serín-carbapenemasas, lo que facilita que el aztreonam sea eficaz frente a las metalo-beta-lactamasas.

OBJETIVOS

Describir la técnica de sinergia in vitro mediante tiras de gradiente (E-test) de aztreonam y ceftazidima/avibactam, y presentar los resultados obtenidos en cepas de enterobacterias resistentes a carbapenémicos (ERC) aisladas en el Hospital Universitario San Pedro durante un período de tres años.

MATERIAL Y MÉTODOS

Preparación del inóculo ajustado a 0,5 McFarland con nefelómetro en solución salina estéril. Siembra en césped en dos placas de agar Müller-Hinton (MH).

Identificación como Placa 1 y Placa 2.

Placa 1: Colocación de tiras de gradiente (E-test) de Aztreonam (A) y Ceftazidima/avibactam (B). Disposición en paralelo, enfrentadas, separadas 1,5–2 cm.

Incubación 18–20 horas a 35–37 °C.

Placa 2: Colocación inicial de las tiras en la misma disposición. Incubación durante 1 hora a temperatura ambiente.

Retirada de las tiras y colocación de nuevas tiras intercambiando posiciones:

- Sobre la impronta de aztreonam → ceftazidima/avibactam.
- Sobre la impronta de ceftazidima/avibactam → aztreonam. Incubación 18–20 horas a 35–37°C.

RESULTADOS

Tras la incubación, se determina la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) de cada antibiótico según los puntos de corte establecidos por European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST).

Se calcula el Índice de Concentración Inhibitoria Fraccional (ICIF):

$ICIF = (CMI\ A\ en\ combinación / CMI\ A\ sola) + (CMI\ B\ en\ combinación / CMI\ B\ sola)$ Interpretación:

- Sinergia: $ICIF \leq 0,5$
- Indiferencia (efecto aditivo): $0,5 < ICIF \leq 4$
- Antagonismo: $ICIF > 4$

En el Hospital Universitario San Pedro se realizaron 4 estudios de sinergia en los últimos tres años, todos con resultado sinérgico:

* 2023 Orina: *Klebsiella pneumoniae* productora de NDM → ICIF: 0,001

Exudado de herida quirúrgica: *Enterobacter cloacae* productora de IMP → ICIF: 0,02

* 2024 Frotis de colonización rectal: *Enterobacter cloacae* productora de VIM y NDM → ICIF: 0,25

* 2025 Orina: *Klebsiella pneumoniae* productora de NDM → ICIF: 0,003 En todos los casos se demostró efecto sinérgico.

CONCLUSIONES

La técnica de la sinergia in vitro mediante las tiras de gradiente (TG) aztreonam y ceftazidima/avibactam, constituye una herramienta eficaz y reproducible en el laboratorio de microbiología para detectar sinergia frente a enterobacterias resistentes a carbapenémicos productoras de metalo-beta-lactamasas.

La combinación de ambos antimicrobianos produce un efecto significativamente superior al observado con cada fármaco por separado, lo que puede orientar la elección de un tratamiento dirigido y optimizar el manejo clínico de estas infecciones.

Se confirmó el diagnóstico de sarampión en 21 pacientes, resultando positivas 18 muestras de orina y 20 muestras de exudado faríngeo. En el 81% de los casos fueron positivas ambas muestras.

En 2 pacientes solo se obtuvo un resultado positivo en muestra de exudado faríngeo.

Las edades de los pacientes diagnosticados de Sarampión fueron desde los 0 años hasta los 72 años.

CONCLUSIONES

La RT-PCR en tiempo real demostró ser una herramienta fundamental para la confirmación rápida y específica de casos de sarampión durante el brote estudiado. El procesamiento adecuado de muestras, especialmente la concentración del sedimento en orina mediante centrifugación, contribuye a mejorar la sensibilidad diagnóstica. La identificación del pico epidémico y la duración del brote permitió caracterizar la dinámica de transmisión y reforzar las medidas de control epidemiológico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 173

CRIBADO DE STREPTOCOCCUS. AGALACTIAE Y SENSIBILIDAD ANTIBIOTICA EN GESTANTES EN UN HOSPITAL DE SEGUNDO NIVEL

Autor/a/s: Celestina Sierra Atienza; M^a Lydia Soler Calderay; Ascensión Siso Pereiro; Adriana Marquez Sanabria; Veronica Gonzalez Galan

Centro de Trabajo: Area de Gestión Sanitaria Sur de Sevilla (hospital Virgen de Valme)

Localidad: Sevilla

Código Postal: 41014

Provincia: Sevilla

Correo primer firmante: celestina.sierra.sspa@juntadeandalucia.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Streptococcus agalactiae (estreptococo beta hemolítico del grupo B, SGB) es un coco gram positivo que coloniza el tracto gastrointestinal y genitourinario.

En gestantes, la colonización rectovaginal constituye el principal factor de riesgo para enfermedad precoz, incluyendo sepsis, neumonía y meningitis en recién nacidos. La detección de SGB entre las semanas 35-37 de gestación y la profilaxis antibiótica intraparto ha reducido significativamente la incidencia de enfermedad neonatal precoz.

OBJETIVOS

Analizar las características epidemiológicas de *Streptococcus agalactiae* y su perfil de sensibilidad antibiótica a macrólidos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio retrospectivo realizado durante el año 2025. Todas las muestras de exudado vagino-rectal fueron recogidas y transportadas al laboratorio en el medio universal amies eSwab®(COPAN). Para el procesamiento, se añadieron 100 ul de la muestra a un tubo de Todd Hewitt broth w. Antibiotic (DIFCO) para inhibir el crecimiento de la flora acompañante. Tras 24 horas en estufa se realizó subcultivo en placas de Agar Granada (BD), medio cromogénico que permite el crecimiento diferencial del SGB. Para la incubación del medio se utilizó atmósfera anaerobia colocando además un cubreobjetos estéril sobre la zona de siembra. Tras 48 h de incubación se procede a la visualización de las placas observando la presencia de colonias con pigmento naranja, indicativas de la presencia del SGB. Para el estudio de sensibilidad se utilizó el método de difusión en agar Mueller Hinton Sangre (5% sangre de oveja) con discos de Penicilina (1ug), Eritromicina (15ug) y Clindamicina (2ug) a una concentración de 0,5 McFarland.

Los discos de eritromicina y clindamicina se colocaron separados por una distancia 15mm de borde a borde para observar la presencia de resistencia inducible a clindamicina.

RESULTADOS

Durante el año 2025 fueron procesadas un total de 2465 muestras. De éstas, 2229 (90,4%) presentaron un cribado negativo mientras que en 236 (9.6%) muestras se aisló SGB.(90,4%). Los resultados obtenidos del estudio de sensibilidad fueron los siguientes: 167 casos sensibles a penicilina, eritromicina y clindamicina; 3 casos sensibles a penicilina, clindamicina y resistente a eritromicina; 33 casos sensibles a penicilina, resistente a eritromicina y clindamicina; 2 casos sensibles a penicilina, eritromicina y resistente a clindamicina

CONCLUSIONES

La colonización por *S.agalactiae* en gestantes continua siendo frecuente.

La penicilina sigue siendo el antibiótico de elección pero resulta conveniente el estudio de sensibilidad a macrólidos y clindamicina para aquellas pacientes con alergia a betalactámicos.

La vigilancia epidemiológica periódica es fundamental para detectar cambios en los patrones de sensibilidad antibiótica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 174

AGENTES ENTEROPATÓGENOS: DISTRIBUCIÓN Y SENSIBILIDAD ANTIMICROBIANA

Autor/a/s: M^a DOLORES DIAZ ZAYAS, MONTSERRAT LOPEZ GUTIERREZ, LUCIA LOPEZ ALCAIDE

Centro de Trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUIA

Localidad: VÉLEZ-MÁLAGA

Código Postal: 29700

Provincia: MALAGA

Correo electrónico primer firmante: jmyonte@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La etiología de estas infecciones es diversa e incluye bacterias, virus y parásitos. Sin embargo, la participación relativa de cada microorganismo varía según el área geográfica, las condiciones sanitarias, los factores socioeconómicos y las características demográficas de la población estudiada.

OBJETIVOS

Nuestro objetivo es conocer la etiología de los distintos agentes enteropatógenos (bacterianos y virales) y la sensibilidad de los principales aislados bacterianos en la población atendida en Nuestra Área Sanitaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han realizado estudios microbiológicos de muestras de heces provenientes de pacientes con gastroenteritis, las cuales fueron procesadas en nuestro laboratorio con el fin de identificar los agentes etiológicos involucrados y analizar sus patrones de sensibilidad antimicrobiana. Las muestras se procesaron según protocolos normalizados de trabajo del laboratorio. La identificación de las especies bacterianas *Aeromonas* spp., *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Plesiomonas* spp., *Yersinia enterocolitica* y *Campylobacter* spp. se realizó mediante espectrometría de masas MALDI-TOF Microflex (Bruker Daltonics, Bremen-Alemania) y reacciones de aglutinación en placa con antisueros para *Salmonella* spp. y *Shigella* spp. El estudio de sensibilidad antimicrobiana se realizó mediante el sistema comercial automatizado Vitek®2 (BioMérieux) y para el estudio de sensibilidad del *Campylobacter* spp. la técnica de difusión con tiras de E-test en

agar Mueller-Hinton sangre incubado a 42°C en atmósfera de microaerofilia. Los puntos de corte utilizados para la interpretación de los resultados fueron los de EUCAST para eritromicina, ciprofloxacino y tetraciclina.

Las muestras procedentes de niños menores de 5 años se testaron para la detección de Rotavirus y Adenovirus por métodos inmunocromatográficos cualitativos.

RESULTADOS

Se procesaron un total de 9.734 coprocultivos, de los cuales 446 (4.58%) fueron positivos, 244 aislados correspondieron a *Campylobacter* spp. (54,71%), 172 *Salmonella* spp. (38,56%), 15 *Yersinia enterocolitica* (3,36%), 11 *Aeromonas* spp. (2,47%), 3 *Shigella* spp. (0,67%) y 1 *Plesiomonas shigelloides* (0,22%). *C. jejuni* y *Salmonella* spp. representaron el 84,98% (379) de todos los enteropatógenos aislados. La sensibilidad de los principales aislados fue: a) *C. jejuni*, el 95% de las cepas fueron sensibles a eritromicina y 50% a ciprofloxacino. b) *Salmonella* spp., 61% de los aislados fueron sensibles a ampicilina, el 92% a amoxicilina-clavulánico, el 65,2% a ciprofloxacino y el 83,1% a cotrimoxazol.

De las 1800 muestras pediátricas, 169 (9,4%) fueron positivas: 136 (80,47%) Rotavirus y 33 (19,53%) Adenovirus entéricos.

CONCLUSIONES

Los enteropatógenos más frecuentemente aislados fueron *Campylobacter jejuni* y *Salmonella* spp.

Sólo un 5% de las cepas de *C. jejuni* aisladas en nuestro medio fueron resistentes a eritromicina y un 50% a fluorquinolonas. *Salmonella* spp. presenta un 35% de resistencias a fluorquinolonas, siendo más sensible a amoxicilina-clavulánico y SXT

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 177

INFECCIONES VÍRICAS RESPIRATORIAS DIAGNOSTICADAS POR FILMARRAY EN EL ÁREA SUR DE GRAN CANARIA

Autor/a/s: Rodríguez Alonso, Pino Beatriz;; García Sepulveda, Fidelina de la Luz; Bolaños Macías, Rosa Delia; González Falcon, Ana Esther; Artiles Estupiñan, Isabel Inmaculada; Díaz Díaz, María Auxiliadora; Suárez Monzón, Rosa Delia; Jimenez Pérez, Sonia María; García Mayor, Cristina; Martín Rodríguez, Jose Carlos.

Centro de Trabajo: Servicio de Microbiología del Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno-Infantil

Localidad: LAS PALMAS

CódigoPostal: 35018

Provincia: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico primer firmante: rosibomacia@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las infecciones respiratorias víricas son una de las causas de atención sanitaria más frecuente. En España aproximadamente un 30% de las consultas por infección respiratoria son causadas por resfriados y un 20% por faringitis. Los virus son la principal causa de faringitis infecciosa aguda. Destacan por su frecuencia Rinovirus, Adenovirus, Virus Respiratorio Sincitial, Influenza, Parainfluenza y Coronavirus.

OBJETIVOS

Estudiar los virus más frecuentemente implicados en las infecciones respiratorias en nuestro medio, fundamentalmente en población pediátrica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo retrospectivo de las muestras respiratorias analizadas mediante filmarray en el área Sur de Gran Canaria durante

el año 2025. Mediante esta técnica se detecta la presencia de los siguientes virus: Adenovirus, Bocavirus, Coronavirus HKU1, NL63, OC43, 229E, Enterovirus/Rinovirus, Metapneumovirus, SARS-CoV-2, Influenza A y B, Virus Respiratorio Sincitial, Parainfluenza 1, 2, 3 y 4. En el Servicio de Microbiología hospitalario se utiliza básicamente para el diagnóstico de infecciones víricas respiratorias en población pediátrica.

El cribado se realiza por quimioluminiscencia (CCMIA) y los positivos son confirmados por inmunocromatografía o inmunoensayo en tira (LIA)

RESULTADOS

Se analizaron 2.821 muestras de exudado o lavado nasofaríngeo. El agente etiológico detectado con más frecuencia fue Rinovirus/Enterovirus, en un total de 1.071 pacientes (56.66% hombres). Seguido por Adenovirus en 343 pacientes, e Influenza A en 240 casos. De los pacientes infectados por Influenza A, los subtipos detectados con más frecuencia fueron H3 (135) y H1N1 (101). El Virus Respiratorio Sincitial fue responsable de infección en 174 pacientes (52.29% hombres), detectándose subtipo A en 66 casos, seguido de subtipo B en 53 pacientes. Metapneumovirus se detectó en 162. Con un menor recuento se detectaron SARS-CoV-2 (126 pacientes, 61.11% hombres), virus Parainfluenza (94 casos tipo 4, 93 tipo 3, 51 tipo 1 y 11 tipo 2), Influenza B en 89 pacientes, y otros Coronavirus (60 casos OC43, 49 HKU1, 25 NL63 y 18 229E). El virus detectado con menor frecuencia fue Bocavirus solo en 4 pacientes (50% hombres), todos de edad igual o inferior a 2 años. La distribución por sexos en la mayoría de los casos fue similar con un predominio masculino, salvo la infección por Coronavirus HKU1 (55.10% mujeres), Coronavirus 229 E (55.55%) mujeres, y virus Parainfluenza 2 (54.54%).

CONCLUSIONES

La técnica filmarray permite un diagnóstico rápido de especial interés para el diagnóstico de infecciones víricas respiratorias en el paciente atendido en el Servicio de Urgencias hospitalario.

Los virus respiratorios más frecuentemente implicados en la infección en población pediátrica en nuestro medio son Rinovirus/Enterovirus, Adenovirus, Influenza A y Virus Respiratorio Sincitial, siendo excepcional la infección por Bocavirus asociadas fundamentalmente a menores de 2 años.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 181

ESTUDIO DE LA PRESENCIA DE ADN DE VIRUS BK EN MUESTRAS CLÍNICAS DE PACIENTES SOMETIDOS A TRANSPLANTE RENAL.

Autor/a/s: ANA BELEN ROQUE GARCIA, SORAYA DEL MAR SANCHEZ ARBELO, NAYRA VEGA ATARES, ALICIA CARMEN ALEMAN MELIAN, YONATAN SIDIHAMED SUAREZ, MARTA MARIA SANTANA GARCIA.

Centro de Trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO INSULAR MATERNO INFANTIL

Localidad: SANTA MARIA DE GUIA

Código Postal: 35458

Provincia: Las Palmas De Gran Canaria

Correo electrónico primer firmante: anaroquegarcia@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El virus BK (VBK), es un poliomavirus cuya reactivación aumenta en condiciones de inmunodepresión de los pacientes transplantados. La infección por el VBK, es un problema emergente en el trasplante renal que contribuye a la pérdida crónica de los injertos renales, y la inmunosupresión desempeña un papel decisivo en su aparición.

OBJETIVOS

Detectar precozmente una nefropatía asociada a poliomavirus teniendo en cuenta la cuantificación de VBK en orina y/o plasma.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio retroactivo de la muestra para VBK en orina y plasma del año 2024. En nuestro servicio de Microbiología se procesaron dichas muestras realizando la extracción del ADN del virus en el equipo EZ2 Connect (Qiagen) y la cuantificación del virus mediante PCR a tiempo real (Altona) según las recomendaciones del fabricante.

Se considera que la cuantificación $\geq 10^4$ copias/ml en plasma y $\geq 10^7$ en orina, son valores compatibles con una posible nefropatía por VBK

RESULTADOS

Se analizaron un total de 1.212 muestras (803 orinas y 409 plasmas), pertenecientes a 380 pacientes.

Se detectaron 115 pacientes con orinas positivas, de los cuales 16 presentaban una cuantificación del virus BK $\geq 10^7$ copias/ml. En cuanto a las muestras de plasma se detectaron 57 pacientes con resultado positivo, de las cuales 9 presentaban una cuantificación de virus BK $\geq 10^4$ copias/ml. En total, hubo 18 pacientes con alguna muestra (orina y/o plasma) con resultado significativo. Para estos cálculos, se recogió el dato de la primera muestra positiva con cuantificación significativa por paciente.

Paciente	Virus BK:Orina (copias/mL).	Virus BK: Plasma (copias/mL).	Paciente	Virus BK:Orina (copias/mL)	Virus BK: Plasma (copias/mL).
1	670429.	60018.	10.	1094807268.	< 712
2	12362655.	No se detecta.	11.	2238116152.	9947
3.	13356556.	2484.	12.	2527762670.	320658
4.	25451373.	>712.	13.	264558621.	656052.
5.	45844454.	91935.	14.	3149068930.	1966
6	127982168.	3754.	15.	3430501045.	321958
7.	256915914.	91935.	16.	3457069324.	146244
8.	602059960.	4128.	17.	$>10^4$.	3578091
9.	1017373424.	No se detecta	18.	$>10^4$.	14032433

CONCLUSIONES

Durante el período de estudio, se detectaron 18 pacientes con muestras positivas con una cuantificación de VBK de $\geq 10^7$ copias/ml para orina y $\geq 10^4$ copias/ml para plasma.

En el 94% de los pacientes (17/18) con muestras con resultados significativos se detectó primero en orina.

En el 44% de los pacientes (8/18) se detectó de forma simultánea valores significativos tanto en orina como en plasma.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 182

EVOLUCIÓN DE LOS PERFILES DE SENSIBILIDAD MICROBIOLÓGICA EN UN HOSPITAL DE SEGUNDO NIVEL: ANÁLISIS LONGITUDINAL 2020-2025

Autor/a/s: Sara González-Nuevo, María del Pilar Mancera-Carrascosa, Laura Berlanga-Higes, Martina Gil-Ortega Calcerrada, Cristina Hidalgo-Sanz, Cristina Palacios-Escribano, María del Carmen Muñoz-Egea.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Rey Juan Carlos

Localidad: Móstoles

Código Postal: 28933

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: sgonzaleznuevo.sg@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El aumento global de las resistencias antimicrobianas constituye uno de los principales desafíos en la práctica clínica actual. En el ámbito

hospitalario, la emergencia y diseminación de bacterias multirresistentes, especialmente *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM), *Enterococcus* resistente a vancomicina (ERV) y enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y carbapenemasas, limita de forma significativa las opciones terapéuticas disponibles. En este contexto, el conocimiento actualizado de la epidemiología local resulta esencial para optimizar el tratamiento empírico y fortalecer los Programas de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA).

OBJETIVOS

Analizar la evolución de los perfiles de sensibilidad antimicrobiana de los aislados clínicos más frecuentes en el HURJC durante los últimos cinco años.

Monitorizar la prevalencia de patógenos multirresistentes, incluyendo *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM), *Enterococcus* resistente a vancomicina (ERV), *Escherichia coli* productora de BLEE y carbapenemasas, y *Klebsiella pneumoniae* productora de BLEE y carbapenemasas.

Optimizar la elección del tratamiento antimicrobiano empírico, con el objetivo de minimizar el riesgo de fracaso terapéutico y garantizar que cada paciente reciba el antibiótico más adecuado para la infección a tratar, en el marco del Programa de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA).

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio retrospectivo observacional de las resistencias anuales del Hospital Universitario Rey Juan Carlos desde 2020 a 2025, basado en los microorganismos aislados más frecuentes y los antibióticos más representativos de cada familia.

Criterios de inclusión:

- Sensibilidad antimicrobiana de los aislados clínicos (incluyendo únicamente aquellas especies bacterianas con ≥ 30 aislados), interpretada según los criterios EUCAST, mediante estudio de sensibilidad realizado con el sistema automatizado VITEK 2 (bioMérieux).
- Muestras procedentes de los servicios de Hospitalización, Urgencias y consultas externas.
- Tipos de muestras: hemocultivos, urocultivos, exudados, muestras respiratorias, materiales protésicos, puntas de catéter y líquidos biológicos.

Criterios de exclusión:

- Controles de colonización y controles de calidad internos y externos de laboratorio.

RESULTADOS

Entre 2020 y 2025, respecto a los aislados Gram negativos, *Escherichia coli* productora de BLEE ha experimentado un aumento significativo (15–18%), al igual que *E. coli* portador de carbapenemasas (0–1.73%), mientras que *Klebsiella pneumoniae* también ha mostrado un aumento de resistencias BLEE en este periodo (22–28%), mientras que los cepas con carbapenemasas se mantuvieron estables en torno al 3%, siendo la OXA-48 la más prevalente en nuestro entorno.

En cuanto a Gram positivos, el *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM) mostró un descenso sostenido, pasando del 65% en 2020 al 25% en 2024, manteniéndose estable en 2025, y el *Enterococcus* resistente a vancomicina (ERV) mostró casos esporádicos en este periodo (<6 aislamientos).

Las infecciones por *Escherichia coli* productora de BLEE se asocia con cuadros clínicos graves por el uso inadecuado de cefalosporinas de tercera generación, manteniendo una buena sensibilidad a Amikacina y carbapenémicos con sensibilidades del 98%-100%. Por su parte, *Klebsiella pneumoniae* ha presentado elevados niveles de re-

sistencia a quinolonas y cotrimoxazol, siendo Amikacina el antibiótico más activo con una sensibilidad cercana al 100%.

El ERV presenta resistencia intrínseca a múltiples antibióticos, con un perfil de paciente crítico por exposición previa a cefalosporinas de tercera generación y clindamicina, sumado a la transmisión cruzada de las manos del personal sanitario. En cuanto al SARM, se mantiene una alta sensibilidad ($\approx 100\%$) a fármacos de referencia como vancomicina, linezolid y daptomicina, que continúan siendo las principales opciones terapéuticas.

CONCLUSIONES

La evolución de las resistencias en nuestro centro, confirma la necesidad de mantener una vigilancia microbiológica activa. El incremento general de cepas multirresistentes, refuerza el papel del laboratorio en la orientación terapéutica y la relevancia de los Programas de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA) para un manejo adecuado de los pacientes. Las medidas de higiene de manos y el control de la transmisión cruzada continúan siendo pilares fundamentales para contener la diseminación de estos microorganismos.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 183

ENFERMEDAD DE CREUTZFELDT-JAKOB: A PROPÓSITO DE UN CASO CLÍNICO

Autor/a/s: Sara González-Nuevo, María del Pilar Mancera-Carrascosa, Laura Berlanga-Higes, Martina Gil-Ortega Calcerrada, Cristina Palacios-Escribano, Araceli López-García, María del Carmen Muñoz-Egea

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Rey Juan Carlos

Localidad: Móstoles

Código Postal: 28933

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: sgonzaleznuevo.sg@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La enfermedad de Creutzfeldt-Jakob (ECJ) es una encefalopatía espongiiforme transmisible, de naturaleza neurodegenerativa. Su fisiopatología se basa en un proceso de conversión conformacional anómala de la proteína priónica celular normal, lo que conduce a su acumulación, neurotoxicidad progresiva y muerte neuronal. Clínicamente, la ECJ se caracteriza por una demencia rápidamente progresiva de inicio subagudo, asociada a deterioro neurológico multifocal, con una evolución de semanas a meses y un pronóstico ominoso, siendo la supervivencia inferior a un año en la mayoría de los casos.

En España, las encefalopatías espongiiformes transmisibles humanas, incluida la ECJ, son enfermedades de declaración obligatoria según la Orden Ministerial de 21 de febrero de 2001, por lo que se regula la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica su notificación, seguimiento y control.

OBJETIVOS

Presentar y analizar el caso de un varón de 59 años que consulta en el servicio de urgencias por alteración del nivel de conciencia y déficit neurológico, con el objetivo de enfatizar la relevancia de considerar las enfermedades priónicas dentro del diagnóstico diferencial del deterioro neurológico de rápida progresión. Asimismo, se pretende revisar y destacar los principales criterios clínicos, hallazgos radiológicos y biomarcadores disponibles que orientan al diagnóstico de la enfermedad de Creutzfeldt-Jakob.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevó a cabo una recopilación sistemática de los datos clínicos del paciente a partir de los informes correspondientes al servicio de

urgencias y a la unidad de cuidados intensivos, incluyendo las exploraciones neurológicas iniciales y la evolución clínica posterior.

Los estudios complementarios realizados incluyeron pruebas de neuroimagen mediante resonancia magnética cerebral, así como la evaluación electrofisiológica mediante electroencefalograma.

Asimismo, se efectuó un análisis del líquido cefalorraquídeo (LCR), incluyendo el recuento celular al microscopio, la determinación de glucosa y proteínas totales y el estudio de biomarcadores de daño neuronal, como la proteína 14-3-3 y la tau total, además de marcadores específicos de enfermedades priónicas. La proteína tau total presenta una sensibilidad aproximada del 80–90% y, junto con la 14-3-3, mejora el rendimiento diagnóstico.

La detección de la proteína 14-3-3 para el diagnóstico diferencial de la enfermedad de Creutzfeldt-Jakob esporádica se realizó mediante la técnica de Western Blot en el Instituto de Salud Carlos III.

RESULTADOS

Las pruebas realizadas para establecer el diagnóstico fueron las siguientes:

- Pruebas radiológicas y neurofisiológicas (resonancia magnética cerebral y electroencefalograma): se observaron hallazgos inespecíficos compatibles con una encefalopatía difusa de grado leve, así como una lesión isquémica en la región frontal anterior izquierda con afectación exclusivamente cortical.

- Determinación de proteína 14-3-3 en líquido cefalorraquídeo (LCR): prueba de Harrington mediante técnica de Western blot, con resultado positivo.

- Recuento celular de LCR: sin celularidad con aspectoclaro.

- Análisis de proteínas y biomarcadores en LCR: Proteínas Totales: 42,40 mg/dl (valor de referencia: Inf. 45 mg/dl), Glucosa: 59 mg/dl (valor de referencia: 40-70 mg/dl), Tau total: 1856 pg/ml (valor de referencia: 146—410 pg/ml), Tau fosforilada: 40,70 pg/ml (valor de referencia: 21,5—59 pg/ml), Péptido beta-amiloide 1—42: 75 pg/ml (valor de referencia: 725—1777 pg/ml), Péptido beta-amiloide 1—40: 1604 pg/ml (valor de referencia: 7755-16715 pg/ml), Cociente beta-amiloide 1—42 / 1—40: 0,047 (valor de referencia: 0,068—0,115).

La combinación de Tau total muy elevada y ratio beta-amiloide 1—42 / 1—40 disminuida es altamente sugestiva de ECJ, especialmente en un contexto clínico de deterioro cognitivo subagudo y progresivo. Los hallazgos como el ictus cortical aislado son cofactores que deben ser monitorizados, pero no explican la progresión clínica rápida y, aunque algunos biomarcadores podrían superponerse con Alzheimer u otras demencias, la velocidad de progresión, la proteína 14-3-3 positiva y los hallazgos radiológicos apuntan fuertemente a ECJ.

CONCLUSIONES

La enfermedad de Creutzfeldt-Jakob puede manifestarse con deterioro neurológico rápido y simular un ictus u otras encefalopatías, por lo que el diagnóstico diferencial es fundamental. La combinación de historia clínica, resonancia magnética, electroencefalograma y marcadores de proteínas en LCR (proteína 14-3-3 y proteína Tau) permite orientar un diagnóstico probable.

Este caso destaca la importancia de considerar enfermedades priónicas en cuadros de deterioro cognitivo agudo o subagudo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 185

EVOLUCIÓN DE LA DENSIDAD DE INCIDENCIA DE CASOS CON TOXINA POSITIVA DE CLOSTRIDIODES DIFFICILE (2021–2025) Y SU UTILIDAD EN LA VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA

Autor/a/s: María del Pilar Mancera-Carrascosa, Sara González-Nuevo, Laura Berlanga-Higes, Martina Gil-Ortega Calcerrada, Cristina Hidalgo-Sanz, Cristina Palacios-Escribano, María del Carmen Muñoz-Egea

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Rey Juan Carlos

Localidad: Móstoles

Código Postal: 28933

Provincia: Madrid

Correo electrónico primer firmante: pmancerac@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La infección por *Clostridioides difficile* constituye una causa frecuente de diarrea asociada a la atención sanitaria y un indicador relevante de seguridad del paciente. Sus toxinas A y B inducen inflamación y daño intestinal, especialmente tras la administración de antibióticos. La monitorización de los casos con toxina positiva, junto con el cálculo de la densidad de incidencia por 1.000 estancias, permite evaluar tendencias temporales y detectar cambios significativos en la incidencia. En el Hospital Universitario Rey Juan Carlos se realiza un seguimiento trimestral y anual desde 2021, analizando la evolución de estos indicadores hasta 2025.

OBJETIVOS

Analizar de forma retrospectiva la evolución de la densidad de incidencia de casos con toxina positiva de *Clostridioides difficile* en pacientes de Urgencias y Hospitalización entre 2021 y 2025.

Evaluar la utilidad de este indicador como herramienta de vigilancia epidemiológica para la detección temprana de cambios en la incidencia y la activación o ajuste oportuno de medidas preventivas en coordinación con el Servicio de Medicina Preventiva.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un análisis retrospectivo del indicador de positividad de la toxina de *Clostridioides difficile* en el laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario Rey Juan Carlos, incluyendo muestras procedentes de Urgencias y Hospitalización durante el periodo 2021–2025. El proceso analítico se basó en un algoritmo de diagnóstico escalonado que integra la determinación del antígeno GDH de *C. difficile* y la detección de toxinas A y B, conforme al protocolo vigente del laboratorio.

En 2023 se implementó una optimización metodológica que permitió revisar y actualizar la serie histórica, pasando de un modelo basado en casos prevalentes a un enfoque de caso incidente, contabilizando únicamente el primer resultado positivo de cada paciente y excluyendo duplicados o muestras de seguimiento.

Para el cálculo del porcentaje de positividad y de la densidad de incidencia, se empleó el número de días de hospitalización como denominador, expresando los resultados como casos por 1.000 días de ingreso, con análisis trimestral y anual. Los datos microbiológicos se extrajeron del sistema informático del laboratorio, mientras que la información sobre actividad asistencial se obtuvo mediante la herramienta corporativa Power BI.

RESULTADOS

La densidad de incidencia de infección por *C. difficile*, definida por la detección de toxina positiva y expresada como casos por 1.000 estancias, evidenció variaciones significativas a lo largo del periodo 2021–2025.

Se observó un incremento progresivo desde 1,25 en 2021 a 1,46 en 2022 (+16,8%) y 2,22 en 2023, que representó el valor máximo de la serie (+77,6% respecto a 2021). El análisis de tendencia lineal para el periodo 2021–2023 mostró un aumento estadísticamente significativo ($p < 0,05$), confirmando un crecimiento sostenido en la incidencia de casos con toxina positiva durante estos años.

En 2024 la tasa descendió ligeramente hasta 2,16 (-2,7% respecto a 2023), sin diferencias estadísticamente significativas ($p = 0,62$). En 2025 se registró un descenso más acusado hasta 1,46, lo que supone

una reducción del 32,4% respecto a 2024 y del 34,2% respecto al pico observado en 2023, diferencia que alcanzó significación estadística ($p < 0,05$).

En conjunto, la serie temporal muestra una fase inicial de incremento significativo hasta 2023, seguida de un cambio de tendencia con disminución relevante en los dos últimos años analizados, lo que sugiere un posible impacto de las medidas de vigilancia y control implementadas.

CONCLUSIONES

La densidad de incidencia de infección por *C. difficile* con toxina positiva mostró un incremento significativo entre 2021 y 2023, alcanzando el valor máximo en ese periodo, seguido de un descenso relevante en 2024–2025. Estos resultados confirman que la monitorización de casos con toxina positiva por 1.000 estancias constituye un indicador sensible y robusto para la vigilancia epidemiológica hospitalaria, capaz de detectar cambios significativos en la tendencia y de orientar la implementación o ajuste oportuno de medidas de prevención y control, así como de optimizar estrategias de uso de antimicrobianos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 186

ESTRATEGIAS PARA EVITAR LA PERDIDA DE OPORTUNIDADES DIAGNÓSTICAS DE LA INFECCION POR VIH

Autor/a/s: Ortega González, Mario Simón; Gómez Navarro, M^a Magdalena; Hernández Falcón, M^a. Clorinda; López Pulido, Elisabeth; Santana Naranjo, Federico; Bolaños Macias, Rosa Delia; Cabrera Benítez, Ana María; Silva Reyes, M^a. Candelaria; Guzman Díaz, M^a. Victoria; Gil Reyes, M^a. Pino.

Centro de Trabajo: Servicio de Microbiología del Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno-Infantil

Localidad: LAS PALMAS

Código Postal: 35018

Provincia: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico primer firmante: rosibomacia@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El diagnóstico tardío de la infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) empeora el pronóstico del paciente. En Canarias como a nivel

nacional se estima que casi la mitad de los nuevos casos se diagnostican tardíamente. En nuestro medio el 21% se diagnostican en un estadio de enfermedad avanzada. Desde el Servicio de Microbiología podemos contribuir a la búsqueda activa de casos evitando la pérdida de oportunidades diagnósticas.

OBJETIVOS

Analizar la utilidad de dos estrategias implementadas en el Servicio de Microbiología para evitar la pérdida de oportunidades diagnósticas desde el Servicio de Urgencias hospitalario. La incorporación al programa “Deja Tu Huella” (DTH) y la asociación de una pregunta obligatoria a toda solicitud serológica. Una pregunta de consentimiento para ampliar el cribado de VIH y/o hepatitis si procede, con una respuesta dicotómica “Sí/No”.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional, retrospectivo, descriptivo de los nuevos casos diagnosticados de VIH en el Servicio de Microbiología de pacientes atendidos en el Servicio de Urgencias durante el periodo 2023–2025. Se analizaron datos demográficos, el motivo de solicitud de la prueba y el consentimiento para ampliar la prueba de VIH. Los motivos de solicitud fueron: neumonía adquirida en la comunidad y herpes

zóster en menor de 65 años, chemsex, infección de transmisión sexual, profilaxis post-exposición, síndrome mononucleósico, y otros contextos. En 2025 se incluyeron tres nuevos motivos de solicitud: fiebre de origen desconocido, país de origen de alta prevalencia y trombocitopenia.

RESULTADOS

Se analizaron durante el periodo de estudio 3721 serologías de VIH procedentes del Servicio de Urgencias, incrementándose el número de cribados por año, 1444 serologías fueron realizadas durante 2025. Se obtuvieron 65 resultados positivos para VIH, 35 nuevos casos, reduciéndose el número por año. 15 casos en 2023, 13 en 2024 y 7 en 2025. Con un predominio masculino. De los nuevos casos del último año solo una mujer fue diagnosticada, con un rango de edad entre 18 y 74 años. El motivo de solicitud asociado a un mayor número de nuevos diagnósticos fue otros contextos, con un total de 24 casos. Incluyendo la ampliación de prueba desde el Servicio de Microbiología si se autorizaba. Seguido en frecuencia por el motivo de neumonía en menor de 65 años (7 casos), y el diagnóstico de infección de transmisión sexual y fiebre de origen desconocido (dos casos por cada entidad). Además 67 pacientes durante el periodo de estudio presentaron un cribado serológico positivo para virus de hepatitis C (VHC).

CONCLUSIONES

Las estrategias de búsqueda activa de casos desde Microbiología en colaboración con otros servicios como Urgencias o Enfermedades Infecciosas demuestran ser efectivas para evitar la pérdida de oportunidades diagnósticas y favorecer un tratamiento precoz en la infección por VIH, y de otras infecciones como VHC. Resultaría útil la aplicación en otros ámbitos como Atención Primaria.

En nuestro caso la introducción de la pregunta solicitando consentimiento para ampliar el cribado de VIH nos permitió incrementar la oportunidad diagnóstica, evitando la pérdida de casos donde no se ofertó la prueba.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 187

PREVALENCIA DEL VIRUS TOSCANA EN NUESTRO ÁREA DE SALUD EN LOS ÚLTIMOS 4 AÑOS (2022 A 2025)

*Autor/a/s: Ana Belén Solano Moreno, María Dolores Estepa Huertas, María del Mar del Rosal Moreno, Francisca Roldán Vallejo, Cristina Elías López, Alberto Pomares de la Peña, *María del Mar Gallardo García, *María del Carmen Ortega Gavilán, Luis Martínez Martínez, Ana Belén Pérez Jiménez. *(Hospital Universitario Virgen de las Nieves de Granada).*

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía de Córdoba

Localidad: Córdoba

Código Postal: 14004

Provincia: Córdoba

Correo electrónico primer firmante: anabsolano975@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las arbovirosis, infecciones virales transmitidas por artrópodos, son un problema de salud de ámbito mundial. El virus Toscana (VTOS) es un arbovirus, perteneciente al género Phlebovirus, de la familia Bunyaviridae, transmitido por un flebotomo (Phlebotomus perniciosus- principal vector en nuestra región- y P. perfiliewi), causante de meningitis linfocitaria de evolución benigna.

Para su diagnóstico se requiere un alto índice de sospecha clínica y la realización de técnicas específicas de laboratorio, fundamentalmente la detección de inmunoglobulina M (IgM) y la transcripción

inversa-reacción en cadena de la polimerasa (RT-PCR) en líquido cefalorraquídeo (LCR), orina y suero y/o sangre total.

OBJETIVOS

Analizar la prevalencia (número de positivos) de meningoencefalitis asépticas causadas por virus Toscana en nuestra área de salud.

MATERIAL Y MÉTODOS

Entre enero de 2022 y octubre de 2025, se estudiaron 465 pacientes con diagnóstico compatible con meningoencefalitis aséptica de perfil vírico, descartando la presencia de herpesvirus en LCR. De estos 465, se decidió ampliar el estudio a 72 pacientes por alta sospecha de VTOS. Para ello, se analizaron muestras de LCR, orina y/o suero (siempre que se dispuso de ellas) mediante las técnicas de PCR a tiempo real (RT-PCR) en termociclador CFX96 (BioRad Laboratories) usando como reactivo el kit Realcycler TOSC (Progenie molecular), previa extracción en equipo EZ1 Advanced XL (Qiagen). Además, se realizó la determinación por enzoinmunoanálisis (ELISA) o quimioluminiscencia (QLIA) de anticuerpos (IgG e IgM en suero) e IgM en LCR en nuestro laboratorio de referencia.

RESULTADOS

De los 72 pacientes estudiados con alta sospecha clínica de infección por virus Toscana, 31,9% resultaron positivos, como mínimo, en alguna de las determinaciones realizadas. A pesar de haber estudiado 2/3 de hombres frente a 1/3 mujeres, no se apreciaron diferencias significativas por ninguno de los dos sexos, siendo positivos el 31,9% de hombres frente al 32% de mujeres. La prevalencia detectada por rango de edad fue de 0,22% en la etapa infanto-juvenil (menores de 14 años), 3,01% en la edad adulta (de 15 a 64 años) y de un 1,72% en mayores de 65 años. Todos los casos se originaron entre los meses de abril a noviembre presentando un pico en el mes de octubre (26,09% de positivos). De los 23 casos positivos, 10 correspondían a un perfil compatible con infección ya pasada, es decir, con detección aislada de IgG en suero, con el resto de determinaciones negativas. Los otros 13 presentaban resultados compatibles con infección en fase aguda o reciente. De estos 13, 12 resultaron positivos por PCR, como mínimo en una muestra, además de evidenciarse la presencia de anticuerpos; mientras que en el caso restante se detectaron los anticuerpos en suero y LCR con resultados de PCR negativos.

CONCLUSIONES

La mayor prevalencia de infección por VTOS en nuestra área sanitaria se da en adultos activos y durante el mes de octubre, probablemente debido a las condiciones de humedad y calor características de nuestro hábitat y una mayor exposición al medio natural.

Una baja sospecha clínica de esta infección puede dar lugar al infradiagnóstico, por lo que es importante incorporarlo a los algoritmos diagnósticos del laboratorio en casos de meningoencefalitis con perfil vírico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 189

REVISIÓN DE TÉCNICAS SEROLÓGICAS PARA LA DETECCIÓN DE IGM DE BARTONELLA HENSELAE EN EL DIAGNÓSTICO DE LA ENFERMEDAD POR ARAÑAZO DE GATO

Autor/a/s: MARIA JOSEFA FIUNTE LOPEZ, ROCIO LOPEZ-ARRANZ MOLICIE, ESTHER RODRIGUEZ REBOLLO, MARINA FERNANDEZ MARTINEZ, MARIA TERESA FERNANDEZ GARCIA, MARIA DEL CARMEN DIAZ CARRION, REYES CARVAJAL PALAO, FRANCISCA FERNANDEZ SAN MARTIN, MARTA GARCIA SUAREZ, SILVIA MARIA BOLAÑOS GARCIA

Centro de Trabajo: Hospital universitario Central De Asturias

Localidad: OVIEDO

Código Postal: 33011

Provincia: ASTURIAS

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La enfermedad por arañazo de gato (EAG) es una infección bacteriana zoonótica causada por *Bartonella henselae* (BH), transmitida principalmente por arañazos o mordeduras de gatos infectados. Su diagnóstico temprano es esencial para el tratamiento adecuado, pero suele ser difícil debido a la variabilidad clínica de la enfermedad y la falta de pruebas diagnósticas altamente sensibles y específicas. En este contexto, las pruebas serológicas que detectan IgM específicos frente a *Bartonella henselae* son útiles para un diagnóstico certero. Las técnicas de Inmunofluorescencia Indirecta (IFI) e inmunoensayo de quimioluminiscencia indirecta (CLIA) son dos de las más empleadas, pero la concordancia entre ellas continúa siendo objeto de evaluación.

OBJETIVOS

El objetivo de este estudio fue revisar las técnicas de Inmunofluorescencia Indirecta (IFI) y quimioluminiscencia (CLIA) para la detección de IgM frente a *Bartonella henselae* a partir de los resultados obtenidos en casos confirmados de EAG.

MATERIAL Y MÉTODOS

Análisis retrospectivo en el que se incluyeron 19 muestras de sueros de 19 pacientes pediátricos con EAG confirmada clínicamente, serología IgG positiva frente a BH y determinación de IgM frente a BH realizada mediante las técnicas de IFI y CLIA con al menos un positivo en alguna de ellas. Estas muestras fueron enviadas al Hospital Universitario Central de Asturias para su análisis serológico entre 2024 y 2025.

Fundamento de las técnicas utilizadas:

Inmunofluorescencia Indirecta (IFI): técnica inmunológica basada en la unión de los anticuerpos IgM a antígenos de BH fijados sobre un portaobjetos. Visualizando la luminiscencia con microscopio de fluorescencia gracias a la adición de un conjugado anti-IgM humano marcado con un fluorocromo.

Inmunoensayo de quimioluminiscencia indirecta (CLIA): técnica automatizada donde los anticuerpos IgM se unen a antígenos fijados en una fase sólida (habitualmente partículas magnéticas). Un conjugado marcado con un compuesto quimioluminiscente genera una señal luminosa proporcional a la concentración de anticuerpos, que es medida por el analizador de forma cuantitativa o semicuantitativa.

RESULTADOS

De los 19 pacientes incluidos en el estudio, 9 fueron hombres (47,4%) y 10 mujeres (52,6%), con una edad comprendida entre 5 y 17 años. En cuanto a los resultados serológicos, la técnica de inmunofluorescencia Indirecta (IFI) detectó IgM positiva en 18 de las 19 muestras (94,7%), mientras que la técnica de quimioluminiscencia indirecta (CLIA) detectó IgM positiva en 16 de las 19 muestras (84,2%). La concordancia de resultados positivos entre ambas técnicas se observó en 15 de las 19 muestras (78,9%). En total, se registraron 4 casos discordancias: 3 muestras fueron positivas por IFI y negativas por CLIA, y 1 muestra fue negativa por IFI y positiva por CLIA.

Comparativa de las dos técnicas utilizadas:

- Inmunofluorescencia Indirecta (IFI): tiene una complejidad alta por poseer un protocolo manual de varios pasos y un tiempo de procesamiento más largo (2 a 3 horas). La lectura de fluorescencia es subjetiva y se necesita personal cualificado lo que da lugar a una menor reproducibilidad y estandarización limitada. El coste por prueba es moderado y constante.
- Inmunoensayo de quimioluminiscencia indirecta (CLIA): la complejidad es baja, conlleva una intervención manual mínima y los tiempos de respuesta son cortos (1 a 2 horas). La necesidad de personal

especializado no es tan determinante ya que la interpretación de los resultados es objetiva. Posee reproducibilidad y estandarización alta gracias a la automatización, controles internos y calibración por lote. El coste por prueba es bajo-moderado, y puede disminuir en función del número de peticiones.

CONCLUSIONES

Ambas técnicas mostraron una alta concordancia en la detección de IgM frente a *Bartonella henselae*; sin embargo, de forma aislada ninguna de las dos técnicas consiguió detectar todos los casos confirmados con enfermedad por arañazo de gato. Por ello es importante la combinación de las dos técnicas, lo que permite aumentar la sensibilidad de detección, reducir la probabilidad de falsos negativos y aportar mayor solidez y fiabilidad a la interpretación clínica de los resultados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 190

MICROELIMINACIÓN DE LA HEPATITIS C EN EL ÁREA DE SALUD DE VALLADOLID OESTE

Autor/a/s: Sánchez del Valle Jérica, Pando Zapatero Omaira, González Nava Andrés, de Abajo Aguado Noelia, Toribio Prieto María del Carmen, Domínguez Viruete Francisco Javier, Castro Peralejo, Aaron.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Río Hortega de Valladolid

Localidad: Valladolid

Código Postal: 47012

Provincia: Valladolid

Correo electrónico primer firmante: yessik939@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Durante el periodo comprendido entre el 1 de enero de 2024 y el 1 de enero de 2025 el laboratorio de microbiología del Hospital Universitario Río Hortega (HURH) de Valladolid participó en un estudio para encontrar casos sin diagnosticar de hepatitis C. Para ello se llevó a cabo un cribado mediante el índice FIB4 en todas las muestras de Atención primaria y consultas externas pertenecientes al área de salud de Valladolid Oeste. Este estudio era ciego, por lo que no se consultó el historial de los pacientes a no ser que la prueba de hepatitis C resultase positiva, en el caso de tratarse de un paciente sin diagnosticar, la unidad de hepatología del HURH se pondría en contacto con él para ofrecerle tratamiento.

OBJETIVOS

Encontrar casos de Hepatitis C no diagnosticados para el tratamiento y eliminación de este virus en el área de salud de Valladolid Oeste, comprobando así la eficacia del estudio para en un futuro ampliarlo al resto de la comunidad autónoma.

MATERIAL Y MÉTODOS

1. Buscar diariamente las muestras de suero que cumplan criterios de daño hepático y congelarlas a -80°C.
2. Cuando haya 100 muestras almacenadas se realizan pools de 10 y de 100 muestras en el equipo Automate OLA.
3. Realizar PCR de Hepatitis C del pool de 100 muestras en el equipo Cobas 6800 de Roche.
4. Revisar los resultados: si el pool de 100 es negativo, las 100 muestras tendrán resultado negativo para Hepatitis C, si por el contrario el pool de 100 es positivo, realizaremos PCR a los 10 pools de 10 que forman el pool de 100. Revisamos los resultados de los pools de 10, procesando de manera individual las 10 muestras incluidas en el pool o pools de 10 que resulten positivos, así hasta encontrar las muestras individuales portadoras del virus.

5. Revisar el historial del paciente asociado al número/s de muestra positivo/s y en caso de ser un paciente sin diagnóstico se comunicará a la unidad de hepatología.

6. La unidad de hepatología se encarga de ponerse en contacto con los pacientes para poner el tratamiento y hacer el seguimiento.

RESULTADOS

En Enero de 2025 terminó el proyecto habiendo estudiado un total de 2000 muestras, por tanto, se procesaron 20 pooles de 100 muestras, de los cuales 15 fueron positivos, de los 150 pooles de 10 que hubo que procesar, 31 fueron positivos, lo que conllevó a realizar la PCR de 310 muestras individuales, resultando positivas 34.

De entre las muestras individuales positivas se encontraron 15 nuevos casos de VHC. Todos ellos fueron contactados por la Unidad de hepatología del Hospital y desde esta unidad se llevó a cabo el tratamiento (si el paciente lo acepta) y el seguimiento del mismo.

Dos de los pacientes encontrados se negaron a recibir tratamiento.

CONCLUSIONES

Con estos resultados podemos observar que sería posible llegar a eliminar la hepatitis C realizando un cribado poblacional.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 195

NEUMONÍA POR PNEUMOCYSTIS JIROVECI *¿*PODEMOS CONFIRMAR INFECCIÓN SÓLO CON LOS RESULTADOS DE QPCR?

Autor/a/s: Meritxell Jiménez Checa, Antonia Ruiz Pérez, Marta Navarro Ruiz, Delfina Bosio, Josefa Pérez Jové.

Centro de Trabajo: Catlab

Localidad: Viladecavalls

Código Postal: 08232

Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: txell.80@hotmail.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Pneumocystis jirovecii es un patógeno oportunista que causa neumonía grave en pacientes inmunodeprimidos. El gold standard para el diagnóstico de esta

infección, se basa en la identificación microscópica del hongo en muestras respiratorias. Sin embargo, presenta limitada sensibilidad y requiere de procedimientos invasivos. La PCR cuantitativa en tiempo real en muestras respiratorias presenta alta sensibilidad y buena especificidad. Permite cuantificar la carga fúngica, lo que facilita la diferenciación entre infección aguda y colonización asintomática. El (1-3)- β -D-glucano sérico es un componente de la pared celular fúngica. Su determinación en suero presenta baja especificidad, ya que puede elevarse en otras infecciones fúngicas.

OBJETIVOS

Evaluar si la PCR cuantitativa en tiempo real en lavado bronquioalveolar como prueba única, es capaz de confirmar de manera fiable neumonía fúngica por

P. jirovecii y estimar su valor asociado a β -D-glucano sérico para diferenciar infección activa vs. colonización.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo observacional en un laboratorio entre enero de 2023 y diciembre de 2025. Se incluyeron pacientes con sospecha clínica de neumonía fúngica en los que se solicitó de forma simultánea, o con un intervalo temporal 4 días: β -D-glucano sérico (β -Glucan Test de FUJIFILM Wako (Toxinometer® MT-6500))

y PCR cuantitativa en tiempo real (ELITE InGenius®) en lavado bronquioalveolar. Se clasificaron como neumonía asociada (confirmada/probable) o no asociada (colonización, falso positivo) a *Pneumocystis jirovecii* tras la revisión retrospectiva de historias clínicas recopilando variables clínicas, radiológicas y microbiológicas.

RESULTADOS

Se hallaron 179 pacientes, 111 (62%) fueron negativos para ambas pruebas y ninguna se asoció a neumonía fúngica por *P. jirovecii*. 68 pacientes (38%) presentaron al menos una determinación positiva. 43 pacientes fueron positivos para β -D-glucano y 49 para qPCR respectivamente. 24 fueron positivos para ambas pruebas. De estos, 22 (92%) se "Asociaron" a neumonía fúngica, mientras que 2 (8%) no presentaron asociación evidente.

Para la qPCR, la sensibilidad fue del 100% (29/29), la especificidad del 98,5% (130/132), el valor predictivo positivo del 93,55% (29/31) y el valor predictivo negativo del 100% (130/130).

Para β -D-glucano, la sensibilidad fue del 75,9% (22/29), la especificidad del 86,0% (129/150), el valor predictivo positivo del 51,2% (22/43) y el valor predictivo negativo del 94,9% (129/136).

Cuando ambas pruebas fueron positivas, la sensibilidad fue del 75,9% (22/29), la especificidad del 98,7% (148/150), el valor predictivo positivo del 91,7% (22/24) y el valor predictivo negativo del 95,5% (148/155).

CONCLUSIONES

El β -D-glucano sérico posee bajo VPP (51,2%), su valor como prueba única no sería suficiente para diagnosticar neumonía fúngica por *P. jirovecii*. La combinación de ambas pruebas positivas demuestra un alto VPP, lo que confirma que la asociación de estas determinaciones es una herramienta importante para diferenciar infección activa vs. colonización. Si bien la qPCR mostró un alto VPP y VPN como prueba aislada, la interpretación cualitativa de la prueba, no es suficiente para diferenciar con certeza entre colonización de neumonía fúngica. Para lograr un diagnóstico fiable, es necesario no solo evaluar los aspectos clínicos del paciente, sino también analizar los valores cuantitativos de la carga fúngica (log10). El conocimiento y estratificación de

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 201

INCIDENCIA Y CARACTERÍSTICAS EPIDEMIOLÓGICAS DE SÍFILIS Y VIH EN EL ÁREA DE SALUD DE LEÓN DURANTE 2025: ESTUDIO OBSERVACIONAL DESCRIPTIVO

Autor/a/s: Andrea de la Rosa Cuervo, Tania Barrio Valor, María Teresa Carro García, Iván Pastor Domínguez, Nuria Miguélez Rodríguez, Elva Valdés Vázquez, María Isabel Fernández Natal

Centro de Trabajo: Complejo Asistencial Universitario de León-SACYL

Localidad: León

Código Postal: 24079

Provincia: León

Correo electrónico primer firmante: adelarosa@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El incremento progresivo mundial de las infecciones de transmisión sexual (ITS) constituye un desafío para la Salud Pública por su impacto clínico, social y económico. Factores como su frecuente carácter asintomático, el aumento de conductas sexuales de riesgo, menor percepción de amenaza y acceso limitado a servicios de detección temprana, favorecen su expansión. Por todo ello, es deseable un diag-

VIGILANCIA MICROBIOLÓGICA DEL STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE A METICILINA EN MUESTRAS CLÍNICAS DURANTE EL AÑO 2025 EN EL ÁREA DE SALUD DE LEÓN

Autor/a/s: Tania Barreiro García; Victoria Castañón Rodríguez; Lucía Sanz Senovilla; Ana Isabel Fernandez Yanútolu; Begoña Gonzalez Carracedo; Marta Escalante Carazo; Patricia Gero de la Fuente; Elva Valdes Vazquez; Maria Isabel Fernandez Natal

Centro de Trabajo: Complejo Asistencial Universitario de León-SACYL

Localidad: León

CódigoPostal: 24008

Provincia: León

Correo electrónico primer firmante: taniabarreiro.barreiro@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Staphylococcus aureus resistente a meticilina (SARM) constituye una de las principales amenazas en el ámbito de la atención sanitaria debido a su capacidad de generar brotes y complicaciones clínicas significativas. Este microorganismo, caracterizado por su resistencia a múltiples antibióticos betalactámicos, ha adquirido relevancia tanto en entornos hospitalarios como en la comunidad. La presencia de SARM no solo se asocia a un aumento de la morbilidad y mortalidad, sino también a una mayor utilización de recursos sanitarios y prolongación de las estancias hospitalarias.

OBJETIVOS

Evaluar la incidencia de SARM en el área de salud de León durante el año 2025 según el tipo de muestra y el origen de la infección: nosocomial, relacionada con la asistencia sanitaria (IRAS) o comunitaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo en pacientes atendidos en el Complejo Asistencial Universitario de León entre enero y diciembre de 2025. Se incluyó una muestra por paciente con aislamiento de SARM a partir de muestras clínicas. Los datos de MRSA positivos se obtuvieron a partir de la base de datos del SIL (Servolab; Siemens), medios de cultivo, identificación mediante MALDI TOF Biotyper (Bruker) por espectrometría de masas, antibiograma por microdilución (MicroScan; Beckman Coulter) y detección molecular del gen mecA (GeneXpert®; Cepheid S.A). Los aislamientos de SARM fueron clasificados en función de la procedencia de muestras y origen de la infección. Las variables cualitativas se expresaron mediante frecuencias absolutas y porcentajes.

RESULTADOS

Se analizaron 515 muestras clínicas:

- 311 Exudados (60,4%), 106 Respiratorio (20,6%), 56 Orinas (10,9%), 29 Hemocultivos (5,6%), 13 Muestras genitales (2,5%)

En función del origen de la infección por SARM, la distribución fue:

- IRAS (260; 50,5%), Comunitario (163; 31,6%), Nosocomial (92; 17,9%)

Según tipo de muestra y origen de la infección por SARM:

- Exudados: IRAS (168; 5%), Comunitario (108; 34,7%), Nosocomial (35; 11,3%)
- Respiratorios: IRAS (40; 37,7%), Comunitario (26; 24,5%), Nosocomial (40; 34,7%)
- Orinas: IRAS (36; 64,3%), Comunitario (17; 30,4%), Nosocomial (3; 5,4%)
- Hemocultivos: IRAS (13; 44,8%), Comunitario (3; 10,3%), Nosocomial (13; 44,8%)

nóstico microbiológico temprano, eficaz y eficiente. Este estudio se centra en el diagnóstico microbiológico de sífilis (*Treponema pallidum*) y Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH) durante el año 2025

OBJETIVOS

Determinar la prevalencia de Sífilis (Lues) en la población de estudio durante el año 2025.

Analizar el perfil demográfico (edad y sexo) de los pacientes con resultados positivos.

Evaluar la tasa de coinfección VIH-Lues, identificando grupos de mayor riesgo

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio observacional descriptivo de corte transversal durante el año 2025, incluyendo muestras de suero de un total de 11.575 pacientes atendidos en el Área de Salud de León.

Ambos cribados serológicos, sífilis y VIH, se realizaron en el analizador Alinity i (Abbott) mediante técnica de inmunoensayo quimioluminiscente de micropartículas (CMIA). Para la determinación serológica de sífilis se estudiaron anticuerpos totales (IgG e IgM) frente a *Treponema pallidum*.

Las muestras con resultado reactivo en este cribado inicial fueron sometidas a pruebas confirmatorias, empleando una técnica treponémica específica (TPHA) que utiliza eritrocitos de ave (u otras partículas) sensibilizados con antígenos de *Treponema pallidum* y una prueba no treponémica (RPR) técnica de floculación macroscópica para valoración de actividad serológica, El antígeno (una mezcla de cardiolipina, lecitina y colesterol con partículas de carbón) reacciona con las reaginas (anticuerpos IgG e IgM frente a material lipídico liberado por las células dañadas).

Para el diagnóstico de infección por VIH, se realizó cribado combinado de Ag p24 y anticuerpos frente a VIH-1/VIH-2.

RESULTADOS

Se identificaron 358 casos positivos de sífilis y 78 casos positivos de VIH (3,09% y 0,67% del total de pacientes estudiados, respectivamente). La tasa de coinfección en pacientes con diagnóstico de sífilis fue un 6,15% (22 pacientes con VIH entre los 358 pacientes con sífilis). La tasa de coinfección en pacientes con VIH fue de 28% (22 pacientes con sífilis entre los 78 pacientes con VIH)

Respecto a la distribución por sexo y edad, en los casos de sífilis se observó un claro predominio del sexo masculino (82%), con edad media de 43 años (rango 0-90 años): En cuanto a los pacientes VIH positivos, un 79% fueron sexo masculino, con una edad media de 45 años (rango 15-89 años).

Todos los casos de coinfección sífilis y VIH se observaron en hombres (100%), con edad media de 38 años (rango de 15 -74 años).

En relación a las mujeres, en los casos de sífilis (18%) la edad media fue de 47 años (rango de 0-90 años), y en los casos de VIH positivo (20%) la edad media fue 49 años (rango de 27-82 años).

CONCLUSIONES

El estudio evidencia una presencia destacable de sífilis en 2025 en el Área de Salud de León (3,09%), acorde con los datos de RENAVE (Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica), así como una elevada tasa de coinfección en pacientes con VIH (28%), todos ellos hombres y predominantemente adultos jóvenes. Cabe destacar la importancia de un diagnóstico idóneo, precoz y simultáneo de ambas ITS para el control de su expansión y la instauración de un tratamiento eficaz en fases tempranas de la enfermedad.

- Muestras Genitales: IRAS (3; 23%), Comunitario (9; 69,2%), Nosocomial (1;7,7%)

CONCLUSIONES

En las infecciones por SARM hay una prevalencia de origen IRAS (50,5%). El tipo de muestra más frecuente son los exudados. En los hemocultivos y las muestras respiratorias son comunes las infecciones nosocomiales complementarias a las IRAS, en las orinas el origen de la infección es IRAS (64,3%) mientras que las muestras genitales son más prevalentes en la comunidad, lo que respalda la necesidad de estrategias específicas de vigilancia y prevención.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 203

ESTUDIO COMPARATIVO DE MÉTODOS DE DETERMINACIÓN DE CMI DE CARBAPENÉMICOS EN AISLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUCTORES DE NDM

Autor/a/s: María Dolores Estepa Huertas, Cristina Elías López, Francisca Roldán Vallejo, Ana Belén Solano Moreno, María del Mar del Rosal Moreno, Irene Gracia Ahufinger

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía de Córdoba

Localidad: Córdoba

Código Postal: 14004

Provincia: Córdoba

Correo electrónico primer firmante: mdolores_86@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Klebsiella pneumoniae productora de carbapenemasa tipo Nueva Delhi metalo-Beta-lactamasa (NDM) es una enterobacteria con alta resistencia a carbapenémicos. Es uno de los agentes más importantes causantes de infecciones nosocomiales por tracto urinario, neumonía y sepsis, asociando en muchos casos una alta mortalidad.

Las técnicas disponibles para la detección de carbapenemasas son diversas y abundantes. Uno de los inconvenientes del estudio de sensibilidad a carbapenémicos en bacterias gramnegativas con métodos no estandarizados es que éstos ofrecen variabilidad en los valores de concentración mínima inhibitoria (CMI), especialmente en microorganismos productores de carbapenemasas.

OBJETIVOS

Comparar la CMI a los carbapenémicos imipenem (IMI), meropenem (MER) y ertapenem (ERT) obtenida por métodos comerciales de microdilución y tiras de gradiente frente al método de referencia (microdilución casera) para aislados de *Klebsiella pneumoniae* productora de NDM.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han estudiado 34 aislados (uno por paciente) de *K. pneumoniae* productores de NDM, recopilados en nuestro hospital entre enero de 2023 y diciembre de 2025. A dichos aislados se les había realizado previamente la secuenciación genoma completo con la plataforma NextSeq 500 de Illumina (BMKGENE). Los secuenciotipos (ST) y genes de resistencia se identificaron con PubMLST y Resfinder (Center for Genomic Epidemiology), respectivamente.

Para la determinación de la CMI de IMI, MER y ERT hemos realizado una microdilución estandarizada de referencia, según la normativa ISO 20776-2:2006. Además, se ha realizado microdilución con paneles comerciales MicroScan NC82 (Beckman-Coulter) y Sensititre-DKMGN (ThermoFisher) y tiras de gradiente (E-Test, BioMérieux).

La evaluación de las CMIs y las categorías clínicas se ha determinado calculando el acuerdo esencial (EA) y el sesgo (Bias), mediante al ISO 20776-2:2021, y el acuerdo categórico (CA) y los errores menores

(MinE), mayores (ME) y muy mayores (VME), siguiendo la norma ISO 20776-2:2007.

RESULTADOS

Los aislados correspondieron a los ST-20 (n=15), 1416 (n=7), 147 (n=4), 2235 (n=1), 45 (n=1), 307 (n=1) y desconocido/nuevo (n=5), mostrando gran variabilidad clonal. Se han estudiado 34 aislados (uno por paciente) de Kpn-NDM, recopilados en nuestro hospital entre enero de 2023 y diciembre de 2025.

Se observó una variación significativa en los diferentes métodos frente a los tres carbapenémicos evaluados. ERT mostró el mejor rendimiento global, alcanzando una CA del 100% en los tres sistemas, a pesar de presentar una EA baja en E-test (55,9%) debido a un marcado sesgo negativo (-73,5%).

En contraste, IMI presentó los mayores desafíos de fiabilidad:

- E-Test registró el desempeño más deficiente para IMI con la CA más baja (32,4%) y un elevado índice VME(36,4%).

- Sensititre DKMGN también mostró una CA reducida para IMI (35,3%) con un 18,2% de VME.

- MicroScan NC82 fue el método más equilibrado para IMI, aunque mantuvo un 41,2% de MinE.

Para MER, los niveles de CA oscilaron entre 58,8% (Sensititre-DKMGN) y 79,4% (E-Test), destacando la ausencia de ME en todos los métodos, aunque con persistencia de errores VME cercanos al 5,5% en Sensititre-DKMGN y E-Test.

CONCLUSIONES

Para los aislados de *Klebsiella pneumoniae* productora de NDM evaluados, hay un bajo acuerdo entre los valores de CMI y las categorías clínicas de IMI y MER obtenidos por microdilución de referencia y los obtenidos con paneles comerciales [NC82 (MicroScan) o DKMGN (ThermoFisher)] o con tiras de gradiente (bioMérieux). Sin embargo, en el caso del ERT se han obtenido mejores acuerdos. ente (bioMérieux). Sin embargo, en el caso del ERT se han obtenido mejores acuerdos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 205

IMPACTO DEL EFECTO INÓCULO EN LA DETERMINACIÓN DE LA CMI A CARBAPENÉMICOS EN AISLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUCTORES DE NDM

Autor/a/s: Francisca Roldán Vallejo, Cristina Elías López, María Dolores Estepa Huertas, María del Mar del Rosal Moreno, Ana Belén Solano Moreno, Irene Gracia Ahufinger

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía de Córdoba

Localidad: Córdoba

Código Postal: 14004

Provincia: Córdoba

Correo electrónico primer firmante: proldanv@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El efecto inóculo (EI) es un fenómeno microbiológico donde se observa un incremento de la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) al aumentar la carga bacteriana. Esto disminuiría significativamente la eficacia de un antibiótico dando lugar a un fracaso en el tratamiento. Es un efecto frecuente al testar carbapenémicos, especialmente en enterobacterias, como es el caso de *Klebsiella pneumoniae* productora de NDM.

OBJETIVOS

Evaluar el EI (medido como el aumento de la CMI ≥ 3 diluciones dobles) frente a carbapenémicos [imipenem (IMI), meropenem (MER) y

ertapenem (ERT)] en aislados clínicos de *K. pneumoniae* productores de NDM (Kpn-NDM), tanto con microdilución estandarizada de referencia (ME) como con ME con caldo deplecionado en zinc.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han estudiado 34 aislados (uno por paciente) de Kpn-NDM, recopilados en nuestro hospital entre enero de 2023 y diciembre de 2025. A dichos aislados se les había realizado previamente la secuenciación genoma completo con la plataforma NextSeq 500 de Illumina (BMK-GENE). Los secuenciotipos (ST) y genes de resistencia se identificaron con PubMLST y Resfinder (Center for Genomic Epidemiology), respectivamente.

Para la determinación de la CMI de IMI, MER y ERT hemos realizado una ME, según la normativa ISO 20776-2:2006 con inóculo habitualmente usado (100000 UFC/ml), así como con inóculo aumentado (10000000 UFC/ml). Además, se realizó una modificación en la ME utilizando el caldo deplecionado en zinc (mediante resina Chelex-BioRad).

RESULTADOS

Los aislados correspondieron a los ST-20 (n=15), 1416 (n=7), 147 (n=4), 2235 (n=1), 45 (n=1), 307 (n=1) y desconocido/nuevo (n=5), mostrandogran variabilidad clonal. Se han estudiado 34 aislados (uno por paciente) de Kpn-NDM, recopilados en nuestro hospital entre enero de 2023 y diciembre de 2025.

El EI fue más severo en caldo normal, afectando principalmente a IMI (79,4%) y MER (76,5%), frente a un 38,2% en ERT. Al deplecionar el zinc, este efecto se redujo significativamente, bajando al 29,4% para MER y a un residual 5,9% para ERT.

En cuanto al cambio de categoría clínica (de resistente a sensible/intermedio) al variar el inóculo, los hallazgos fueron:

- En caldo normal, el MER presentó la mayor inestabilidad con un 47,1% de cambios de categoría, seguido de IMI (35,3%). ERT no mostró cambios(0%).
- En caldo deplecionado en zinc, la estabilidad mejoró sustancialmente, reduciéndose los cambios de categoría al 14,7% para IMI, 8,8% para MER y manteniéndose en 0% paraERT.

CONCLUSIONES

El aumento de la carga bacteriana causa cambios significativos en la categoría clínica de IMI y MER, especialmente en la ME, lo que deriva en un alto porcentaje de afectación del EI.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 206

INFLUENCIA DE LA ELIMINACIÓN DEL ZINC EN LA DETERMINACIÓN DE LA CMI DE CARBAPENÉMICOS FRENTE A AISLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUCTORES DE NDM

Autor/a/s: María del Mar del Rosal Moreno, Cristina Elías López, Ana Belén Solano Moreno, María Dolores Estepa Huertas, Francisca Roldán Vallejo, Irene Gracia Ahufinger.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía de Córdoba

Localidad: Córdoba

CódigoPostal: 14004

Provincia: Córdoba

Correo electrónico primer firmante: marimarro69@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Se han descrito variaciones en los valores de Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) al evaluar la sensibilidad a carbapenémicos mediante distintos métodos en bacterias gramnegativas productoras de carbapenemasas. Ello puede deberse a una insuficiente estandarización

de componentes del medio como el zinc, esencial para la actividad de metalobetalactamasas. La norma ISO 20776-1:2006 establece para imipenem (IMI) y meropenem (MER) una concentración de zinc <3 mg/L, sin determinar un valor concreto. Para otros carbapenémicos, dicha concentración no se ha documentado, aunque se asume un rango similar.

OBJETIVOS

Valorar la influencia de la eliminación del zinc en el medio de cultivo utilizado para determinar las CMIs de carbapenémicos para aislados clínicos de *K. pneumoniae* productores de carbapenemasa tipo NDM.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han estudiado 34 aislados (uno por paciente) de *K. pneumoniae* productores de NDM, recopilados en nuestro hospital entre enero de 2023 y diciembre de 2025. A dichos aislados se les había realizado previamente la secuenciación genoma completo con la plataforma NextSeq 500 de Illumina (BMKGENE). Los secuenciotipos (ST) y genes de resistencia se identificaron con PubMLST y Resfinder (Center for Genomic Epidemiology), respectivamente.

Para la determinación de la CMI de IMI, MER y ertapenem (ERT) hemos realizado una microdilución estandarizada de referencia (ME), según la normativa ISO 20776-2:2006, utilizando caldo Mueller-Hilton ajustado en cationes de calcio y magnesio (BD-Difco). Además, se modificó la ME para eliminar el zinc del medio añadiendo 100 g/L de una resina quelante (Chelex-BioRad) durante 2 horas con agitación. Posteriormente, se reajustaron las concentraciones de calcio y magnesio y se determinaron las concentraciones de zinc por espectrometría de masas.

RESULTADOS

Los aislados correspondieron a los ST-20 (n=15), 1416 (n=7), 147 (n=4), 2235 (n=1), 45 (n=1), 307 (n=1) y desconocido/nuevo (n=5), mostrandogran variabilidad clonal. Se han estudiado 34 aislados (uno por paciente) de Kpn-NDM, recopilados en nuestro hospital entre enero de 2023 y diciembre de 2025. La concentración de zinc en el caldo comercial fue de 1,2 mg/L, mientras que en la microdilución en el medio deplecionado en zinc (MdZn) fue <0.0 mg/L. La presencia de zinc reveló un impacto crítico en los valores de CMI y la interpretación clínica para los tres antibióticosevaluados:

- IMI y MER: En el 100% de los aislados, la CMI disminuyó en ≥ 2 diluciones dobles al deplecionar en zinc. Asimismo, todas las muestras presentaron un cambio de categoría.
- ERT: Aunque el 100% de los aislados mostró una reducción significativa en la CMI (≥ 2 diluciones), el cambio de categoría clínica fue ligeramente inferior, con un 82,4% (n=28) de loscasos.

La comparación de la sensibilidad entre ME y la MdZn mostró un descenso drástico en todos los carbapenémicos:

- IMI: La CMI50 disminuyó de 8 mg/L a 0,12 mg/L y la CMI90 de >64 mg/L a 0,5mg/L.
- MER: Presentó la mayor reducción en la CMI50, pasando de 16 mg/L \leq 0.06 mg/L y la CMI90 de >64 mg/L a 2mg/L.
- ERT: Aunque partía de la CMI50 más alta en medio estándar (32 mg/L), en el medio MdZn cayó a \leq 0.06 mg/L y la CMI90 de >64 mg/L a 8 mg/L. La depleción de zinc restauró la sensibilidad microbológica en la mayoría de los aislados, reduciendo las CMI entre 6 y 9 dilucionesdobles

CONCLUSIONES

La depleción completa de zinc en el caldo empleado en la microdilución estándar causa un descenso pronunciado en las CMIs de IMI, MER y ERT, así como cambios abruptos en la categoría clínica. Estos cambios podrían indicar la necesidad de definir rangos concretos de concentración de zinc en el medio de cultivo cuando se evalúen cepas de *K. pneumoniae* productoras de metalo-betalactamasas.

CASOS SOSPECHOSOS DE SARAMPIÓN: DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE INFECCIONES EXANTEMÁTICAS

Autor/a/s: *Suhjey Hernández Hernández, Esther Gómez Ruiz, Julia Alcoba Florez*

Centro Trabajo: *Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria*

Localidad: *Santa Cruz de Tenerife*

CódigoPostal: *38010*

Provincia: *Santa Cruz de Tenerife*

Correo electrónico primer firmante: *suhjeyhdez@hotmail.com*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El sarampión continúa siendo un evento de notificación obligatoria y una prioridad para la vigilancia epidemiológica. La similitud clínica entre las distintas fiebres exantemáticas genera un elevado número de casos sospechosos que posteriormente resulta negativo su detección. El diagnóstico diferencial de infecciones exantemáticas contribuye a una mejor comprensión de la circulación viral, optimiza la clasificación de casos y fortalece la respuesta de salud pública.

OBJETIVOS

Caracterizar la etiología viral de los casos con sospecha clínica de sarampión remitidos al laboratorio durante el año 2025.

Identificar otros agentes etiológicos de infección exantemática en los casos descartados para sarampión.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo y transversal basado en el análisis de muestras remitidas al Laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario Nuestra Señora de la Candelaria (HUNSC) durante el año 2025.

- Población de estudio: Pacientes con cuadro febril exantemático y sospecha clínica de sarampión.
- Metodología diagnóstica: Detección molecular mediante reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (PCR-RT) de Sarampión, Enterovirus, Parvovirus, Virus Epstein-Barr (VEB), CMV, VHH6 y Parechovirus y anticuerpos IgG y IgM de sarampión, parvovirus y rubeola.
- Agentes analizados: Virus del sarampión, Enterovirus, Parvovirus, Virus de Epstein-Barr (VEB), CMV, VHH6, Parechovirus, Rubeola,
- Análisis de datos: Se calcularon frecuencias absolutas y porcentajes de positividad por agente etiológico.

RESULTADOS

Durante el período de estudio, se recibieron 103 muestras (suero, exudado faríngeo, orina) correspondiente a 36 casos con sospecha clínica de sarampión.

En los 36 casos con sospecha clínica de sarampión se realizó determinación serológica de anticuerpos IgM e IgG frente a virus del sarampión, junto con detección molecular mediante PCR-RT.

La detección de IgM fue positiva en 2 casos (5,6%), negativa en 33 casos (91,7%) y dudosa en 1 caso (2,8%). La detección de IgG fue positiva en 28 casos (77,8%) y negativa en 8 casos (22,2%).

En los estudios de rubéola y parvovirus, la IgM fue negativa en todos los casos analizados. La IgG frente a rubéola fue positiva en 16 casos, negativa en 9 y dudosa en 2. Para parvovirus, la IgG fue positiva en 7 casos y negativa en 20.

Se confirmaron 3 casos de sarampión por PCR-RT (8,33%), mostraron resultados serológicos discordantes

- Dos casos presentaron IgM positiva, compatibles con infección aguda.

CONCLUSIONES

La vigilancia del Laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario Nuestra Señora de la Candelaria (HUNSC) de los casos sospechosos de sarampión durante el año 2025 evidenció la circulación de otros virus exantemáticos, particularmente Enterovirus. La implementación de algoritmos diagnósticos complementarios fortalece la vigilancia epidemiológica y optimiza la toma de decisiones en salud pública.

FACTOR DE VIRULENCIA DE LAS CEPAS DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS: LEUCOCIDINA DE PANTON-VALENTINE (LPV) EN EL LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA DEL HUNSC (2025)

Autor/a/s: *María Candelaria Delgado Peña, Suhjey Hernández Hernández, Esther Gómez Ruiz, Laura Cabrera Martín, Ángeles Sampere Martínez, Cri Mateo León*

Centro de Trabajo: *Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria (HUNSC)*

Localidad: *Santa Cruz de Tenerife*

CódigoPostal: *38010*

Provincia: *Santa Cruz de Tenerife*

Correo primer firmante: *candedelgado197315@gmail.com*

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Staphylococcus aureus es un patógeno clínicamente relevante, asociado a infecciones cutáneas, bacteriemia, neumonía y otras infecciones invasivas.

La resistencia a meticilina (MRSA) constituye un importante problema terapéutico. Por otro lado, la producción de la Leucocidina de Pantón-Valentine (LPV) es un factor de virulencia asociado principalmente a infecciones cutáneas necrotizantes y abscesos.

La identificación de cepas productoras de LPV puede tener implicaciones pronósticas y terapéuticas.

OBJETIVOS

Determinar la prevalencia de Staphylococcus aureus productor de LPV en el Laboratorio de Microbiología del HUNSC durante 2025.

Analizar su distribución según el tipo de muestra clínica

MATERIAL Y MÉTODOS

Diseño del estudio: estudio descriptivo retrospectivo

Población de estudio: Muestras positivas para S. aureus en 2025, con detección de LPV.

Identificación de cepas: Sistema Ms-Prime (BioMérieux).

Sensibilidad antibiótica: AST-P666.

Detección de LPV: Técnica específica (PCR, según protocolo).

Se incluyen tanto muestras LPV positivas como negativas, para cálculo de prevalencia.

RESULTADOS

Durante el año 2025 se aislaron un total de 319 cepas de Staphylococcus aureus, de las cuales 48 (15%) resultaron positivas para LPV.

La mayor proporción de cepas LPV positivas se observó en muestras de piel y heridas, con 17 casos (33,3%). Le siguieron los abscesos, donde se identificaron 18 cepas LPV positivas (24%), y las muestras respiratorias, con 2 casos (20%).

En contraste, las muestras de sangre presentaron una menor fre-

cuencia de LPV, con 7 cepas positivas (6%), porcentaje similar al observado en el grupo de otras muestras, que registró 4 cepas LPV positivas (6%).

Hallazgos relevantes:

- Mayor proporción de LPV en muestras cutáneas y abscesos
- Baja frecuencia en hemocultivos (6%)
- Presencia de MRSA, en la mitad de las cepas LPV positivas

CONCLUSIONES

La prevalencia de cepas de *S. aureus* productoras de LPV en 2025 en el HUNSC, fue de un 15% resaltando la importancia de su identificación para el manejo clínico.

La frecuencia en infecciones cutáneas y abscesos refuerza la asociación de la LPV, con patologías supurativas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 229

BROTE DE MYCOPLASMA PNEUMONIAE EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA DURANTE LOS AÑOS 2023-2024

Autor/a/s: Bayón Sánchez, María Elena; Cotos Suárez, Ana; Castro Sánchez, Sergio; García Camazano, Rosa María; Reyes Sánchez, Teresa; Concejo Izquierdo, Xiomara María; Iglesias Lozano, Ramón; Cáceres Olloqui, Carmela; Sánchez Martín, Mónica; Gutiérrez Zufiaurre, María Nieves.

Centro de Trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE SALAMANCA (CAUSA)

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: ebayonsanchez@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Mycoplasma pneumoniae es uno de los principales agentes etiológicos de neumonía atípica en el ser humano. Tiene un patrón epidémico cada 3-5 años, y afecta principalmente a menores de 40 años, sobre todo a la población pediátrica. El 22 de noviembre de 2023, la OMS emitió un comunicado sobre el incremento de enfermedades respiratorias en niños desde junio en el norte de China, destacando *M. pneumoniae* entre los principales responsables.

OBJETIVOS

El objetivo de este trabajo es dar a conocer la epidemiología de *M. pneumoniae* en pacientes pediátricos en nuestra área sanitaria durante los años 2023 y 2024 para determinar si ha habido un aumento de los casos por este microorganismo.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo de las infecciones por *M. pneumoniae* en una cohorte de pacientes menores de 15 años durante un periodo de dos años. El diagnóstico microbiológico se efectuó mediante técnicas de biología molecular (PCR) empleando el panel sindrómico FilmArray™Respiratory Panel 2 (BioMérieux). Las determinaciones se llevaron a cabo a partir de muestras de exudado o aspiradonasofaríngeo.

RESULTADOS

Durante el periodo de estudio, se identificaron 134 muestras positivas para *M. pneumoniae* mediante PCR. La población afectada presentó una mediana de edad de 10 años, con una distribución por sexos equilibrada (49,3% varones; 50,7% mujeres). Cronológicamente, se observó un silencio epidemiológico inicial (ausencia de casos previos a diciembre de 2023). La incidencia mostró una curva ascendente

desde diciembre de 2023, alcanzando su pico máximo entre ese mes y marzo de 2024, con un rango de positividad de entre 3 y 32 casos mensuales. Tras este periodo, se registró un descenso progresivo hacia agosto de 2024, finalizando el año (noviembre y diciembre) sin nuevas detecciones.

La fiebre fue el signo constante en el 100% de la cohorte, con sintomatología respiratoria asociada en el 92% (n=123). Respecto al diagnóstico microbiológico, se observó monoinfección por *M. pneumoniae* en 59 pacientes (44%). En el resto de los casos se detectaron coinfecciones, siendo el Rinovirus el patógeno asociado más frecuente (n=39 de forma aislada; n=16 en presencia de otros virus). Los 20 casos restantes presentaron coinfecciones con diversos agentes respiratorios. En cuanto al flujo asistencial, el 67,9% de los pacientes acudió a través del Servicio de Urgencias, seguido de Atención Primaria (24,6%) y Consultas de Pediatría (5,2%). La tasa de hospitalización fue del 20% (n=26\$); cabe destacar que el 50% de los pacientes ingresados presentaba coinfección por Rinovirus.

CONCLUSIONES

La epidemia de *Mycoplasma* en nuestra zona no siguió el calendario habitual de verano-otoño visto en otros países, sino que se retrasó hasta el invierno, posiblemente debido a los cambios en la inmunidad tras la pandemia. Lo más relevante de nuestro estudio es que la combinación de esta bacteria con el Rinovirus parece ser "el peor escenario", ya que es la causa más frecuente de que los niños acaben ingresados en el hospital.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 230

"ESTUDIO EPIDEMIOLOGICO DE LAS INFECCIONES CAUSADAS POR MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS"

Autor/a/s: Bayón Sánchez, María Elena; García Camazano, Rosa María; Castro Sánchez, Sergio; Concejo Izquierdo, Xiomara María; Iglesias Lozano, Ramón; García Montes, María Teresa; Sánchez Martín, Mónica; Borrego Muñoz, Amparo Concepción; González Polo, Diego; Gutiérrez Zufiaurre, María Nieves.

Centro de Trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE SALAMANCA (CAUSA)

Localidad: SALAMANCA

CódigoPostal: 37007

Provincia: SALAMANCA

Correo electrónico primer firmante: ebayonsanchez@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las micobacterias no tuberculosas (MNT) son un grupo de bacterias ácido alcohol resistentes ubicuas en la naturaleza. Existen más de 200 especies, aunque la mayor parte no son patógenas; si bien, algunas pueden causar infecciones oportunistas. En las últimas dos décadas se ha observado un aumento significativo de su frecuencia. Además, el abordaje terapéutico difiere mucho entre especies. Por ello, una identificación microbiológica precisa resulta fundamental para la elección de un tratamiento antimicrobiano adecuado.

OBJETIVOS

El presente estudio tiene como finalidad describir la epidemiología y analizar los factores de riesgo asociados a las infecciones por MNT en el CAUSA.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un estudio retrospectivo (2017-2025) en el que se anali-

zaron todos los cultivos positivos para MNT considerando únicamente una muestra por cada paciente. Este tipo de muestras se procesaron en medio líquido (BD BACTEC MGIT 960) y/o en medio sólido (Lowenstein-Jensen).

A nivel de especie, la identificación se realizó mediante MALDI-TOF (BrukerDaltonics), que es una técnica rápida y precisa de espectrometría de masas (EM), que permite la identificación de micobacterias mediante el análisis de proteínas ribosómicas.

Conjuntamente con esta técnica, también se utilizó PCR/hibridación (Inno-LIPA Mycobacteria v2), que es una prueba molecular de PCR-hibridación inversa que permite la identificación rápida tanto del género *M. tuberculosis* como MNT.

RESULTADOS

En este periodo (2017-2025) se aislaron un total de 138 Micobacterias no Tuberculosas (MNT). La distribución por especies muestra que *M. avium* complex (MAC/MAI) es el grupo más prevalente con 80 aislamientos, seguido por *M. lentiflavum* (9), *M. marinum* (9), *M. abscessus* complex (9) y *M. fortuitum* complex (8).

El 70% de los pacientes afectados eran hombres (96 casos) y el 30% eran mujeres (42 casos) y la media de edad se sitúa en 65 años, con una procedencia mayoritaria de muestras respiratorias (95%).

Respecto a la comorbilidad, de los aislamientos en muestras respiratorias, un 23% (n=26) de los pacientes presentaba asma o EPOC, un 11% (n=12) estaba vinculado a procesos oncológicos y un 3% (n=4) a fibrosis quística.

Las micobacterias no tuberculosas (MNT) aisladas en muestras extrapulmonares fueron dos en infecciones de piel y tejidos blandos, abscesos en la mano por *M. marinum* y en el muslo por *M. chelonae*, respectivamente.

Se documentó un hemocultivo positivo para *M. abscessus* y un aislamiento de *M. avium* (MAI) procedente de una cirugía. Se identificó una biopsia positiva para *M. abscessus* y se contabilizaron 3 infecciones diseminadas por MAC, en pacientes VIH, incluyendo afectación ganglionar y un absceso vertebral.

CONCLUSIONES

Las infecciones provocadas por micobacterias no tuberculosas (MNT) constituyen un reto cada vez mayor tanto desde el punto de vista clínico como epidemiológico, sobre todo en pacientes con enfermedades respiratorias previas o con el sistema inmunitario comprometido. En las muestras respiratorias, las especies que se aíslan con mayor frecuencia pertenecen al complejo *Mycobacterium avium* (MAC). Además de las técnicas convencionales, las herramientas moleculares y, actualmente, la espectrometría de masas MALDI-TOF desempeñan un papel fundamental en la identificación y diagnóstico de estas infecciones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 238

PREVALENCIA Y DISTRIBUCIÓN ESTACIONAL DE CAMPYLOBACTER SPP EN MUESTRAS CLÍNICAS DURANTE EL AÑO 2025

Autor/a/s: IDOIA CASCAJAR ANTON, HUGO RODRIGUEZ TAPIA, M^a DEL MAR NEGRO CASTRO, ANA M^a MORAIS HIDALGO, ALMUDENA CHILLÓN RAMOS, LAURA JULIAN CONTRERAS, CARMEN AMAY MORENO MARTIN, MARTA PÉREZ LORENZO, NOELIA BAUTISTA ESTEVEZ, NEREA FONTANILLO PASCUALI

Centro de Trabajo: LABORATORIO DE MICROBIOLOGIA. HOSPITAL VIRGEN DE LA CONCHA DE ZAMORA

Localidad: ZAMORA

Código Postal: 49012

Provincia: ZAMORA

Correo electrónico primer firmante: idoiaagus@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La campilobacteriosis es una infección bacteriana (zoonosis) causada por campylobacter, siendo reconocido por la Organización Mundial de la Salud una de las causas más comunes de gastroenteritis de transmisión alimentaria, a menudo por el consumo de carne de aves poco cocinable, leche cruda o agua contaminada. Los síntomas incluyen diarrea (frecuentemente con sangre), dolor abdominal, fiebre y náuseas, durante generalmente una semana.

OBJETIVOS

Analizar la incidencia mensual de campylobacter y comparar la frecuencia de campylobacter jejuni frente a campylobacter coli.

MATERIAL Y MÉTODOS

La muestra ideal para el aislamiento e identificación en el laboratorio son heces frescas (líquidas o semiblandas) recolectadas en la fase aguda. Los coprocultivos son el examen de laboratorio que evalúa muestras fecales para diagnosticar infecciones intestinales (bacterias, virus y parásitos),

problemas digestivos, sangrado o inflamación, incluye estudios macroscópicos, microscópicos y químicos para identificar causas de síntomas como diarrea, dolor abdominal o fiebre, permitiendo determinar el tratamiento adecuado. En nuestro laboratorio se siembra el coprocultivo en la placa CHROM, Agar Campylobacter; que es un medio de cultivo cromogénico selectivo diseñado para la detección, diferenciación y enumeración directa de Campylobacter termotolerantes (principalmente *C. jejuni*, *C. coli*). Las placas permiten una lectura fácil mostrando colonias de color rojo intenso sobre un agar translúcido tras 36-48 horas de incubación, microaerófila a 42°C. Se verifica haciendo un maldi MALDI-TOFF que es una técnica de espectrometría de masas rápida y precisa para identificar microorganismos y analizar macromoléculas (proteínas, péptidos) sin romperlas. Utiliza un láser para ionizar la colonia en una matriz, midiendo el tiempo de vuelo de los iones para determinar su peso molecular. A continuación sabiendo el microorganismo que es, le haremos el antibiograma que es crucial debido a la alta resistencia de los antibióticos, siendo la eritromicina (macrólido) el tratamiento de primera línea seguida de la azitromicina.

RESULTADOS

Meses	Muestras %	Muestras positivas	nº C. jejuni	en %	nº C.coli	en %		
Enero	415	9,87	41	15	36,48%	2	4,87%	
Febrero	440	8,86	39	12	30,76%	3	7,69%	
Marzo	499	8,81	44	15	36,48	15	11,36%	
Abril	467	11,77	55	22	40%	22	9,09%	
Mayo	505	10,3	52	24	46,15%	1	1,92%	
Junio	430	10,23	44	14	40,90%	4	9,09%	
Julio	488	13,32		65	41	63,07%	6	9,29%
Agosto	485	7,63	37		19	51,35%	1	2,70%
Septiembre	485	7,83	38	22	57,89%	5	13,15%	
Octubre	526	5,7	30	16	53,33%	4	13,33%	
Noviembre	444	4,05	18	8	44,44%	2	11,11%	
Diciembre	395	7,59	30	12	40%	2	11,11%	
Total	5579	8,83	493	224	45,44%	40	8,11%	

De las 493 muestras positivas: Campylobacter jejuni: 224 casos (45,44% de los positivos) y Campylobacter coli: 40 casos (8,11% de los positivos)

CONCLUSIONES

La tasa global de positividad fue 8.83 % (493/55789).

Se observa un claro aumento en los meses de verano, siendo Julio el mes con mayor positividad del campylobacter jejuni un 13.32%.

C. jejuni es claramente la especie predominante, representando aproximadamente 5 veces más casos que C. coli.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 239

EVOLUCIÓN DE LA MICROBIOTA EN OTITIS MEDIA Y EXTERNA: ANÁLISIS QUINQUENAL (2021-2025). EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA (0-18 AÑOS) EN LA PROVINCIA DE ZAMORA

Autor/a/s: IDOIA CASCAJAR ANTON, HUGO RODRIGUEZ TAPIA, M^a DEL MAR NEGRO CASTRO, ANA M^a MORAIS HIDALGO, ALMUDENA CHILLÓN RAMOS, LAURA JULIAN CONTRERAS, CARMEN AMAY MORENO MARTIN, MARTA PÉREZ LORENZO, NOELIA BAUTISTA ESTEVEZ, NEREA FONTANILLO PASCUAL

Centro de Trabajo: LABORATORIO DE MICROBIOLOGIA. HOSPITAL VIRGEN DE LA CONCHA DE ZAMORA

Localidad: ZAMORA

CódigoPostal: 49012

Provincia: ZAMORA

Correo electrónico primer firmante: idoiaagus@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Las otitis constituyen una de las infecciones más frecuentes en la edad pediátrica y un motivo habitual de consulta médica y solicitud de estudios microbiológicos. Se clasifican principalmente en:

- Otitis media (OM): inflamación del oído medio; causada por Streptococcus pneumoniae, Haemophilus influenzae, Moraxella catarrhalis, y menos frecuentes Streptococcus pyogenes y Coinfecciones virales respiratorias
- Otitis externa (OE): inflamación del conducto auditivo externo; causada por Pseudomonas aeruginosa, Staphylococcus aureus y hongos.

El diagnóstico etiológico y el control microbiológico son fundamentales para orientar el tratamiento y prevenir complicaciones.

OBJETIVOS

Analizar la distribución microbiológica de las otitis media y externa en población pediátrica (0-18 años) durante el periodo 2021-2025, evaluando la evolución temporal de los patógenos aislados y su relevancia para el diagnóstico microbiológico y la vigilancia epidemiológica en el laboratorio clínico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestras clínicas y procesamiento en Laboratorio. Tipos de muestras:

- Exudado ótico (si perforación timpánica o secreción visible).
- Aspirado del conducto auditivo externo. Procedimiento general:

1. Recolección con técnica estéril.
2. Transporte en medio adecuado si demora más de 2 horas.
3. Cultivo bacteriano estándar: Agar chocolate, Agar Columbia, Agar Mc Conckey y Agar Candida.
4. Identificación microbiológica con el MALDI-TOFF que es una técnica de espectrometría de masas rápida y precisa para identificar microorganismos

RESULTADOS

Año	Microorganismo	n	%	Año	Microorganismo	n	%
2021	Pseudomonas aeruginosa	8	50	2021	Staphylococcus aureus	3	18,75

2021	Streptococcus pneumoniae	3	18,75	2021	Candida parapsilosis	1	6,25
2021	Actinomyces odontolyticus	1	6,25	2022	Pseudomonas aeruginosa	9	28,12
2022	Streptococcus pyogenes (beta-hemolítico grupo A)	8	25	2022	Staphylococcus aureus	6	18,75
2022	Haemophilus influenzae	5	15,625	2022	Streptococcus pneumoniae	2	6,25
2023	Streptococcus pyogenes (beta-hemolítico grupo A)	19	31,14	2023	Haemophilus influenzae	12	19,67
2023	Streptococcus pneumoniae	11	18,03	2023	Staphylococcus aureus	8	13,11
2023	Pseudomonas aeruginosa	6	9,83	2024	Haemophilus influenzae	13	29,54
2024	Streptococcus pyogenes (beta-hemolítico grupo A)	12	27,27	2024	Staphylococcus aureus	6	13,63
2024	Pseudomonas aeruginosa	8	18,18	2024	Staphylococcus aureus resistente meticilina	3	6,81
2025	Staphylococcus aureus	17	33,33	2025	Haemophilus influenzae	12	23,59
2025	Pseudomonas aeruginosa	10	19,60	2025	Streptococcus pyogenes (beta-hemolítico grupo A)	9	17,64
2025	Achromobacter xyl.ssp denitrificans	2	3,92				

CONCLUSIONES

El análisis microbiológico de las otitis pediátricas entre 2021 y 2025 muestra una variabilidad temporal significativa en la distribución de los patógenos aislados, con cambios en el microorganismo predominante según el año de estudio. Se observa una transición desde el predominio inicial de Pseudomonas aeruginosa hacia una mayor presencia de patógenos respiratorios clásicos y, posteriormente, de Staphylococcus aureus.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 241

INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Autor/a/s: Isabel María Gil López, María Isabel Elena Herrero Bonilla

Centro de Trabajo: Complejo Asistencial Universitario de Burgos

Localidad: Burgos

CódigoPostal: 09006

Provincia: Burgos

Correo electrónico primer firmante: guppila@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La calidad del diagnóstico microbiológico depende de la idoneidad de la muestra objeto de estudio. Durante la fase preanalítica se determina si esta es adecuada según los siguientes criterios de aceptación de muestras: muestra inadecuada para la sospecha diagnóstica, muestra insuficiente, muestra no recibida, muestra con ausencia o error en la identificación del paciente, o error en la toma/transporte/conservación de la misma.

OBJETIVOS

El objetivo es describir la evolución de la actividad de aceptación/rechazo de muestras y solicitudes analíticas a lo largo de 5 años así como relatar las acciones de mejora implementadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se describió la evolución a lo largo de los años 2020-2025 así como su distribución por ámbito asistencial en porcentajes.

Además se analizó la distribución según el motivo de rechazo en porcentajes, y se detallaron las acciones de mejora implementadas.

RESULTADOS

Los porcentajes de muestras rechazadas en % fueron: 2020:0.91; 2021:0.85; 2022:1.07; 2023:1.16; 2024:1.51; 2025:1.48 (media

1.18%) La distribución de muestras rechazadas por ámbito asistencial en % fueron:

- Atención Primaria: 2020-2023:19.13; 2024:21.93; 2025:24.78
- Consultas Externas: 2020-2023:15.62; 2024:15.18; 2025:16.79
- Centros Sociosanitarios: 2020-2023:1.59; 2024:1.03; 2025:0.98
- Hospital: 2020-2023:63.65; 2024:61.86; 2025:57.43

La distribución de muestras rechazadas según motivo en % fueron:

- Muestra inadecuada: 2024:8.66; 2025:10.2
 - Muestra insuficiente: 2024:12.65; 2025:22.84
 - Muestra no recibida: 2024:9.39; 2025:8.62
 - Muestra con error en identificación del paciente: 2024:28.29; 2025:21.69
- Error en toma/conservación/transporte de muestra: 2024:41; 2025:36.61

Las acciones correctoras y/o preventivas adoptadas fueron: actualización y difusión de protocolos (Manual de toma/conservación/transporte de muestras), formación sobre criterios de aceptación de muestras, comunicaciones, registro y seguimiento de indicadores, y emisión de informes de indicadores.

CONCLUSIONES

La implementación en 2020 y la estabilización de esta actividad permitió identificar y abordar los errores producidos en la fase preanalítica, evidenciando que el control es esencial para garantizar la calidad y promover la mejora continua del proceso; no obstante la realización de registros voluntarios, supone un sesgo especialmente respecto a los retrasos de informes.

En 2025 se observan modificaciones en la distribución de los motivos de rechazo, debidas a cambios en los criterios de aceptación (Muestra insuficiente), una mejora de errores en tom/conservación/transporte, y una disminución del porcentaje total de rechazos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 247

IMPLEMENTACIÓN DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA LA EXCELENCIA OPERATIVA Y EL ÉXITO EN AUDITORÍAS EN MICROBIOLOGÍA

Autor/a/s: María Sagrario Merino Martínez

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Gran Canaria Dr. Negrín

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

CódigoPostal: 35010

Provincia: Las Palmas

Correo electrónico primer firmante: margalopezpaz@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La gestión técnica en un laboratorio de Microbiología implica el control de más de 1000 productos y más de 200 equipos. La carga administrativa de supervisar stocks caducables y mantenimientos técnicos puede derivar en errores. La Inteligencia Artificial (IA) se propone como una solución para digitalizar la recepción, automatizar pedidos y asegurar que el laboratorio esté permanentemente preparado para una auditoría, eliminando la gestión manual y el riesgo de rotura de stock.

OBJETIVOS

Automatizar la previsión de pedidos de material fungible y la reclamación de incumplimientos. Centralizar la custodia de datos técnicos, comerciales y registros de mantenimiento.

Garantizar el éxito en auditorías mediante la trazabilidad total del material y el estado de los equipos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se plantea el uso de LibreOffice Calc como base de datos estructurada vinculada a modelos de IA para:

Logística Inteligente: Análisis de inventario para programar pedidos según consumo y alertar sobre materiales próximos a caducar.

Mantenimiento Documental: Registro digital de partes de reparación y limpiezas. La IA generará avisos automáticos para mantenimientos programados y alertas al Servicio de Mantenimiento ante averías.

Digitalización de Recepción: Registro asistido de pedidos y distribución automática por secciones.

Cronograma Estimado (Fase Piloto)

Se estima un periodo de 3 semanas para un modelo piloto (1 sección, 10 equipos, 50 productos): Semana 1: Estructuración de la base de datos y volcado de información técnica.

Semana 2: Configuración de alertas de stock y programación de avisos. Semana 3: Pruebas de trazabilidad y simulación de respuesta ante auditoría.

RESULTADOS

Resultados Esperados

Éxito en Auditorías: Localización inmediata de documentos mediante un Dashboard visual. Eficiencia Logística: Reducción de material caducado y optimización del almacenamiento.

Control de Equipos: Coordinación fluida con el servicio de Microbiología y vigilancia de equipos críticos.

CONCLUSIONES

La IA transforma la gestión del técnico en un sistema predictivo. Al automatizar el control de pedidos y la documentación, se garantiza un flujo de trabajo ininterrumpido y una trazabilidad total, asegurando que la información técnica esté disponible y actualizada ante cualquier inspección.

MISCELÁNEA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 061

TERATOZOOSPERMIA AISLADA. ¿ES SUFICIENTE EL SEMINOGRAMA PARA GUIAR EL TRATAMIENTO?

Autor/a/s: Cristina Serrano Huete, Ana Isabel Navarro Abad, José Blas Fructuoso Martínez, Xavier Aparisi Domingo, Ana María Bastante Rubio, Estrella Madrid Martín de Lucia

Centro de Trabajo: Hospital General Universitario de Ciudad Real

Localidad: Ciudad Real

Código Postal: 13005

Provincia: Ciudad Real

Correo electrónico primer firmante: cristinaserranohuete@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La teratozoospermia aislada (seminograma con presencia de espermatozoides con una morfología ideal <4%), es una entidad clínica poco conocida con implicaciones contradictorias en términos de potencial de fertilidad y estrategias de tratamiento. Se le debe prestar especial atención en pacientes tras meses de intentos de concepción sin éxito, en casos en los que exista también alguna anomalía de concentración o movilidad y frente a fragmentación de ADN espermático alta. La fragmentación es un factor clave en la esterilidad masculina, ya que afecta a las tasas de fertilización y a los resultados de tratamientos de reproducción asistida. En este estudio se evaluó la fragmentación del ADN de pacientes diagnosticados de esterilidad primaria con diferentes

OBJETIVOS

Correlacionar la presencia de teratozoospermia aislada con alteraciones genéticas detectadas mediante el estudio de fragmentación de ADN espermático. En función de los resultados, proponer recomendaciones para la evaluación clínica de pacientes con teratozoospermia aislada.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se ha llevado a cabo analizando 50 muestras seminales de pacientes con una media de edad de 36,4 años que presentaban esterilidad primaria. En todos los casos se guardó una abstinencia de 3 días, las muestras se obtuvieron por masturbación y se analizaron pasados 20 minutos tras su extracción. Tras licuefacción se analizó la concentración y movilidad en cámara de Makler. La morfología se estudió sobre una extensión de semen teñida con panóptico. A todos los pacientes se les amplió el estudio de fragmentación de ADN espermático realizado en un laboratorio de referencia que utiliza la técnica SCD (test de dispersión de la cromatina que no diferencia entre rotura de cadena sencilla y/o doble). El análisis estadístico se lleva a cabo mediante el programa R.

RESULTADOS

El semen de los 50 pacientes se estudió según el manual de la OMS de 2021 obteniendo diagnósticos de normozoospermia, oligozoospermia, astenozoospermia, teratozoospermia y sus combinaciones. La fragmentación del ADN se consideró patológica cuando se obtenía más del 25% de espermatozoides fragmentados. Tras un análisis estadístico de McNemar mediante el programa R, se obtienen los siguientes resultados: 17 pacientes (52%) con teratozoospermia aislada presentan una alteración en la fragmentación espermática, 5 pacientes (15%) con teratozoospermia aislada y/o combinada no pre-

sentan una alteración en la fragmentación espermática, 7 pacientes (27%) con normozoospermia presentan alteración en la fragmentación espermática y 2 pacientes (6%) normozoospermicos no presentan alteraciones en la fragmentación espermática. El p valor obtenido es de 0,422 por lo que no existen diferencias significativas.

CONCLUSIONES

Según los datos obtenidos, tras realizar el análisis estadístico, no existen diferencias significativas. Por lo tanto, no se puede establecer una relación exacta entre la presencia de teratozoospermia aislada y/o combinada y una alta fragmentación espermática para este tamaño muestral. Por ello, en pacientes que presenten teratozoospermia aislada se debe realizar una evaluación más completa, en la que se incluyan estudios de

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 072

¿PUEDE UNA SESIÓN FORMATIVA MEJORAR LAS INCIDENCIAS EN PREANALÍTICA?

Autor/a/s: Ana Isabel Martínez Martínez, Luis Ángel Codesido Martínez, María Carmen Armentia Gamarra, María Lorena Alonso Maté, Aranzazu López Bardeci, Julia Romero Tornavaca, Julia María Moreno Morillo, José Manuel Rico García, Ainara Agirrebaltzategi Revilla, Nagore Fernández Muñoz

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ÁLAVA (HUA)

Localidad: Vitoria

Código Postal: 01009

Provincia: Álava

Correo electrónico primer firmante: izarraluna@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La fase pre-analítica incluye los procesos de solicitud por el médico peticionario, preparación del paciente, extracción de la muestra y su transporte hasta el laboratorio, donde se llevará a cabo el procedimiento analítico.

Los errores preanalíticos suponen el mayor porcentaje de errores de un laboratorio clínico (40-70%), representando un riesgo importante para la seguridad del paciente.

Una formación adecuada del personal de TCAEs y de enfermería de los centros de extracción periféricos es fundamental para poder minimizar estos errores.

OBJETIVOS

Detectar y recabar errores preanalíticos de los centros de extracción periféricos para posteriormente realizar una sesión formativa a fin de minimizar estos errores mediante la formación del personal correspondiente.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se procedió a realizar un estudio observacional prospectivo durante un mes de los errores preanalíticos más frecuente detectados en la recepción de las neveras de los centros periféricos de extracción de Atención Primaria.

Casuística de errores encontrados:

Etiqueta en ubicación inadecuada/incorrecta envolante.

Número de tubos extraídos insuficiente/incorrecto.

Etiquetas mal colocadas en tubomuestra.

Etiquetas intercambiadas respecto a diferente tipo de tubo/ diferentespacientes.

Posteriormente, se convocaron dos sesiones formativas para el personal que realiza las tareas de recogida de muestras, etiquetado de volantes y muestras, conciliación de volantes y su posterior envío al laboratorio central para su procesamiento.

La primera sesión se realizó de forma presencial para los profesionales de los centros de salud de la ciudad.

La segunda sesión se realizó en formato zoom para los profesionales de los centros de atención primaria de la zona rural.

RESULTADOS

La sesión presencial se realizó en dos tandas de 8 personas cada día. Se realizó una visita guiada a nuestro laboratorio, centrándose en las secciones de Recepción de Muestras, Secretaría y Automatización Core.

Se obtuvo un gran feedback entre estos profesionales y el personal del laboratorio, exponiendo dudas y circunstancias habituales en los centros de salud. Posteriormente, se realizó una sesión en la sala de reuniones con una presentación de las incidencias y peculiaridades preanalíticas más frecuentes.

La sesión vía zoom consistió en realizar la misma presentación además de dos vídeos cortos realizados en la Recepción de Muestras y en la cadena.

Aunque todavía no hemos podido evaluar el impacto de las sesiones mediante indicadores, porque estas sesiones se han realizado recientemente, ya estamos notando clara mejoría en cuanto al etiquetado de las muestras y volantes, orden en la clasificación de las muestras en las neveras y principalmente un aumento de la comunicación para la resolución de dudas, previos a la toma de muestras en los centros periféricos.

CONCLUSIONES

La sesión formativa impartida ha tenido un impacto positivo en la reducción de errores preanalíticos.

Creemos que la formación periódica del personal implicado es esencial para continuar disminuyendo las incidencias y seguir mejorando la calidad preanalítica, y con ello, la seguridad del paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 074

IMPACTO DE LA ERGONOMÍA EN LA PRECISIÓN ANALÍTICA Y LA SALUD DEL TÉCNICO DE LABORATORIO

Autor/a/s: OLGA LUCIANA RODRÍGUEZ MORALES; AZUCENA CABRERA SARABIA; MIREYA HERNÁNDEZ GARCÍA; MINERVA HERNÁNDEZ SÁNCHEZ; ROSA MARÍA RODRÍGUEZ FUENTES

Centro de Trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA PEÑA

Localidad: PUERTO DEL ROSARIO

CódigoPostal: 35600

Provincia: FUERTEVENTURA

Correo electrónico primer firmante: luciana.olga@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En el laboratorio clínico, la obsesión por la precisión de los analizadores suele invisibilizar al motor del proceso: el técnico. Jornadas marcadas por el estatismo frente al microscopio y la repetición mecánica de pipeteo generan una carga física silenciosa que trasciende la salud laboral. El malestar muscular no es solo una dolencia personal, sino un precursor crítico del error humano que pone en riesgo la seguridad del paciente. Este trabajo reivindica la ergonomía no como un extra

de bienestar, sino como un pilar de la calidad analítica. Demostramos que cuidar la salud de quien analiza es la estrategia más eficaz para garantizar la fiabilidad de lo analizado.

OBJETIVOS

El propósito central de este estudio es identificar los principales riesgos ergonómicos presentes en las distintas secciones del laboratorio y proponer intervenciones sencillas pero de alto impacto que mejoren el bienestar del personal.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para el desarrollo de este análisis se llevó a cabo una fase de observación directa en un laboratorio de rutina hospitalaria durante una jornada completa de ocho horas, registrando las posturas adoptadas en áreas críticas como hematología, microbiología y urgencias. Complementariamente, se distribuyó un cuestionario anónimo entre treinta profesionales para evaluar la percepción del dolor en zonas específicas como la región lumbar, el cuello y las muñecas al finalizar el turno. Tras la recopilación de datos, se procedió a implementar una fase piloto de mejora que incluyó el uso de reposapiés regulables, la reorganización del material de uso frecuente según el radio de alcance del brazo y la formación en técnicas de estiramiento breves para realizar entre series de muestras.

RESULTADOS

Los datos obtenidos inicialmente revelaron que más del ochenta por ciento de los técnicos reportaban molestias físicas habituales, especialmente cervicalgias relacionadas con el uso del microscopio y tendinitis en el pulgar por el manejo de micropipetas manuales. Tras la implementación de los ajustes ergonómicos y la redistribución del espacio, se observó una mejora significativa en la percepción de fatiga al final de la jornada. Los técnicos que adoptaron las pausas activas mostraron un nivel de alerta superior en las últimas horas del turno, y se registró una disminución en la necesidad de repetir frotis o procesamientos por errores de manipulación. El cambio más valorado fue la disposición "en herradura" de los consumibles, que redujo los desplazamientos innecesarios y las torsiones de tronco.

CONCLUSIONES

La conclusión principal es que un técnico cómodo es un técnico más seguro y eficiente. La ergonomía no debe ser una recomendación teórica en un manual de prevención, sino una práctica integrada en la cultura del laboratorio. Invertir en sillas adecuadas, sistemas de pipeteo automáticos o simplemente en concienciar sobre la higiene postural tiene un retorno directo en la disminución del absentismo y en la excelencia del servicio prestado. Al final del día, la calidad de cada resultado que sale del laboratorio depende directamente del bienestar de las manos y los ojos que lo procesan.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 079

DEL OJO HUMANO AL ALGORITMO: EVALUACIÓN MEDIANTE INTELIGENCIA ARTIFICIAL DE ALOPECIA EN RATÓN

Trabajo de: Jose Luis Gómez Rubio, Elena Calama Marcos, Gloria Aniorte Martí, Amadeu Gavaldà Monedero

Centro de Trabajo: Laboratorios Almirall S.A

Localidad: Sant Feliu de Llobregat

Código Postal: 08980 Provincia: Barcelona

Correo electrónico primer firmante: jose.luis.gomez@almirall.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La alopecia areata es una enfermedad autoinmune en la que el sistema inmunitario ataca los folículos pilosos provocando la caída del

pelo. La cepa de ratones C3H/HeJ ha sido utilizada en modelos animales de la enfermedad ya que genera alopecia de manera espontánea.

En nuestro laboratorio, la evaluación del grado de alopecia de estos ratones se realiza habitualmente mediante inspección visual, un método rápido pero sujeto a variabilidad entre observadores. Con la incorporación de herramientas de inteligencia artificial, como el software HALO®, es posible obtener análisis digitales más objetivos y reproducibles. Ante esta posibilidad, decidimos comparar la evaluación visual tradicional con un análisis digital asistido por IA, con el fin de valorar utilidad en la cuantificación de la alopecia.

OBJETIVOS

El objetivo de este trabajo es determinar la concordancia entre la valoración visual del grado de alopecia y las mediciones cuantitativas obtenidas mediante el software HALO®, estableciendo así su utilidad como herramienta complementaria para mejorar la precisión y reproducibilidad en el análisis del estado alopécico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio se utilizaron ratones C3H/HeJ con distintos grados de alopecia. La evaluación tradicional se realizó mediante inspección visual, asignando un grado de afectación según la extensión de las áreas despobladas de pelo: 0-25% = score 1, 25-50% = score 2, 50-75% = score 3, 75-100% = score 4.

Para el análisis digital, se capturaron imágenes estandarizadas del dorso y abdomen con una cámara Canon Rebel 6i de cada animal y se procesaron en el software HALO®, empleando herramientas de segmentación asistida por inteligencia artificial para cuantificar de forma objetiva la superficie afectada.

RESULTADOS

La correlación obtenida entre la medición visual y la asistida por IA presenta un coeficiente de determinación $R^2 = 0,9$, lo que indica que el 90% de la variabilidad de la valoración visual puede explicarse a partir de la medición cuantitativa generada por HALO® lo que representa una excelente concordancia entre ambas metodologías.

El sistema HALO®, por tanto, reproduce con gran fidelidad la valoración del evaluador y el sistema de IA es capaz de capturar la progresión de la alopecia de manera consistente a lo largo del rango observado en nuestros ensayos.

La dispersión relativamente baja de los puntos alrededor de la línea de regresión indica baja variabilidad y un comportamiento homogéneo del algoritmo. A medida que aumenta el porcentaje de alopecia detectado por HALO®, la valoración visual aumenta de manera proporcional, lo que sugiere una relación lineal robusta entre ambas mediciones.

En resumen, se observó una alta correlación entre ambas metodologías, indicando que la cuantificación automática reproduce con fiabilidad la valoración clínica visual.

CONCLUSIONES

En conjunto, los resultados demuestran que el módulo de IA de HALO® constituye una herramienta robusta y objetiva para la cuantificación del área de alopecia, aportando un valor añadido en, ensayos preclínicos y proyectos que requieren mediciones precisas y reproducibles de pérdida de pelo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 093

HACIA UN DIAGNÓSTICO PRECOZ: IDENTIFICACIÓN DE FACTORES DE RIESGO PARA LA PREVENCIÓN DE LA OBESIDAD EN LAS PRIMERAS ETAPAS DE LA VIDA

Autor/a/s: Lola Martínez Biot; Francisco Aguilar Bacallado; Nuria García Carbonell; Christine Deutsh; Francisca Arocas; Ana De Blas Zapata; Isa Hartgring; Laura González Ramos, Julio Álvarez Pitti

Centro de Trabajo: FUNDACIÓN INVESTIGACIÓN, CONSORCIO HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO DE VALENCIA, PEDIATRÍA.

Localidad: VALENCIA

Código Postal: 46014

Provincia: VALENCIA

Correo electrónico primer firmante: LOLET24@HOTMAIL.COM

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La obesidad es una de las principales amenazas para la salud de la población mundial, con un aumento sostenido de su prevalencia en las últimas décadas y una serie de comorbilidades que afectan gravemente el bienestar individual y la esperanza de vida como pueden ser la diabetes tipo 2, enfermedades cardiovasculares, cáncer, apnea del sueño, artrosis y trastornos metabólicos. Es fundamental contar con estrategias de prevención eficaces para evitar las complicaciones del sobrepeso a lo largo de la vida. Nuestro equipo de investigación está realizando un proyecto europeo "EprObes" (Early Prevention of Obesity) junto con otros países para la prevención a lo largo de la vida mediante la identificación temprana de los factores de riesgo, el pronóstico y la intervención.

OBJETIVOS

Determinar el valor predictivo de biomarcadores moleculares en la patogénesis de la obesidad, evaluando la influencia de factores epigenéticos y ambientales desde la etapa periconcepcional, prenatal, hasta la adolescencia temprana, con especial énfasis en el desarrollo de conductas alimentarias.

MATERIAL Y MÉTODOS

El objetivo del estudio es reclutar a una cohorte de 280 sujetos con seguimiento desde el nacimiento hasta los 24 meses de edad. Se recogerán datos clínicos sobre los progenitores, curso del embarazo y somatometría, presiones arteriales, nutrición del RN al nacer, a los 3, 6, 12 y 24 meses. Además se hace extracción de sangre de cordón y a los 24 meses, para realizar estudios bioquímicos, metabólicos, epigenéticos y hormonas de inflamación. Al momento del parto, se recolectaron muestras de sangre de cordón umbilical mediante dos tubos de extracción: uno para bioquímica (obtención de 500 µL de suero) y otro con EDTA (500 µL de plasma). Ambas muestras se procesaron mediante centrifugación refrigerada (4°C, 10 min a 3000 rpm).

El análisis metabólico se efectuará mediante espectroscopia de RMN (Bruker AVANCE 600 MHz) para identificar alteraciones moleculares y evaluar la influencia de factores exógenos en el desarrollo. Paralelamente, se realizó la extracción de ácidos nucleicos empleando el kit Quick-DNA Miniprep Plus, obteniendo un eluido final de 50 µL. Para garantizar una muestra representativa y de alta calidad para el estudio de metilación del ADN, se cuantificó y evaluó la pureza genómica mediante espectrofotometría (NanoDrop™). Todos los bioespecímenes se almacenaron a -80°C hasta su procesamiento.

El seguimiento clínico consiste en cuatro visitas hospitalarias durante los primeros dos años, donde se registran variables hemodinámicas (presión arterial) y antropométricas (peso, talla). Asimismo, se recopilaron datos sobre antecedentes genéticos, hábitos alimentarios y entorno familiar. El protocolo integra evaluaciones de hitos madurativos, salud mental y perfiles conductuales para conformar una base de datos epidemiológica y clínica integral. En esta comunicación se presentan los datos clínicos preeliminares al nacimiento de los 141 sujetos reclutados hasta el momento.

RESULTADOS

Población de estudio: Se reclutaron 141 sujetos (n=141) con un peso medio al nacer de 3281 g (± DE) y una edad gestacional media de 39,5 semanas. Según la relación peso/edad gestacional, el 83,7%

se clasificó como adecuados para la edad gestacional (AEG). No se hallaron diferencias significativas entre sexos, salvo en parámetros somatométricos, con valores superiores en varones.

Perfil materno y procedencia: El 25,5% de las madres presentaba obesidad pregestacional (distribución por origen: 60,4% europeo, 33,3% americano y 6% asiático), cifra que ascendió al 36,3% durante la gestación. De este grupo, el 14% de los neonatos fueron grandes para la edad gestacional (GEG).

Impacto del tabaquismo gestacional: El 15,6% de las madres fumaron durante el embarazo. En este grupo, la incidencia de neonatos pequeños para la edad gestacional (PEG) fue del 11,7% y de GEG del 17,6%, frente al 5,2% (PEG) y 12,1% (GEG) observado en madres no fumadoras.

Lactancia Materna (LM) y adherencia: Al nacimiento, la prevalencia de LM exclusiva fue del 63,8%. Tras la intervención, la adherencia a los 6 meses se situó en el 50%, cumpliendo con los Objetivos de Desarrollo Sostenible de la OMS. El análisis longitudinal mostró una correlación inversa entre la edad del lactante y la prevalencia de LME, con un incremento compensatorio de la lactancia artificial, mientras que la lactancia mixta permaneció estable. Se observó, de manera relevante, una mayor persistencia de la LM en madres con obesidad en comparación con el grupo normopeso.

En base a estudios realizados por nuestro grupo de investigación (1), el análisis metabólico no reveló diferencias significativas intersexuales. No obstante, se identificaron metabolitos específicos con una asociación estadísticamente significativa con el peso neonatal ($p < 0.05$). Estos resultados son una buena base para el estudio actual que añade además un seguimiento longitudinal y poder determinar si estos cambios se mantienen a los 2 años de edad.

CONCLUSIONES

La identificación de una firma epigenética y metabólica neonatal asociada al peso al nacer puede ser un biomarcador temprano con alto potencial predictivo. Nuestros resultados podrían valorar el impacto en el peso y estado metabólico del niño a los 2 años, del estado nutricional materno y del tipo de alimentación en los primeros 1000 días de vida. El seguimiento longitudinal a los 24 meses será determinante para contrastar la estabilidad de los biomarcadores y consolidar su valor pronóstico en la identificación precoz de factores de riesgo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 107

EFFECTO DE LA IRRADIACIÓN GAMMA SOBRE LOS PARÁMETROS BIOQUÍMICOS EN CONCENTRADOS DE HEMATÍES DURANTE EL ALMACENAMIENTO

Autor/a/s: Pérez Boo, Antonio; Fernández Aneiros, Javier; Pérez Duarte, Susana; Vázquez Castro, Marcos; Piñeiro Freire, Marta; Aldrey Rey, Ana; Rodríguez Suárez, Rosa; Rodríguez Carreira, Fernando.

Centro de Trabajo: Axencia Galega de Doazón de Órganos, Tecidos e Sangue (ADOS)

Localidad: Santiago de Compostela

Código Postal: 15704

Provincia: A Coruña

Correo electrónico primer firmante: antonioaperboo@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Una reacción adversa no deseable de la transfusión de glóbulos rojos es la Enfermedad Injerto contra Huésped Asociada a Transfusión (EICH) para evitar esta complicación existe la indicación de transfundir concentrados de hematíes irradiados a pacientes con determinadas patologías.

La irradiación gamma de los concentrados de hematíes produce que la membrana del glóbulo rojo se torne más frágil haciéndose más susceptible a la lisis, este proceso provoca alteraciones metabólicas que disminuyen la supervivencia posttransfusional de los glóbulos rojos, afectando a su funcionalidad. Por esta razón las recomendaciones actuales establecen que los concentrados de hematíes irradiados deben ser transfundidos lo antes posible, pero siempre antes de los 14 días postirradiación y no más tarde de 28 días desde la donación.

OBJETIVOS

Medir el grado de hemólisis, potasio, sodio, glucosa y lactato en los concentrados de hematíes en el momento de la irradiación y tras 28 días post almacenamiento

MATERIAL Y MÉTODOS

Se seleccionaron 20 concentrados de hematíes procedentes de donación sangre total. Se irradiaron entre 2-3 días post extracción siguiendo el proceso vigente en ADOS

Se realizaron determinaciones de hemólisis, potasio, sodio, glucosa y lactato en todos ellos el primer día tras la irradiación y a los 28 días tras la irradiación y se pasaron a tabla Excel para su tratamiento y valoración

En el análisis estadístico se calcularon la media, la desviación estándar y el porcentaje de cambio. Se utilizó T-test pareado y se consideró significativo: $p < 0,05$

Equipos

Irradiador Biológico de Cesio 137 (IBL 437C Tipo H) para irradiación gamma Gasómetro GEM Premier 3500

Symex XN-1000 BB mode específico para componentes sanguíneos

RESULTADOS

Parámetros promedios encontrados en el primer día y tras 28 días tras la irradiación

La concentración media de glucosa disminuyó significativamente de 441 ± 36 mg/dL a 277 ± 78 mg/dL, representando una reducción del 37 %. El lactato aumentó de $10,6 \pm 2,3$ mmol/L a $13,7 \pm 1,9$ mmol/L, con un incremento del 29 %.

El potasio mostró el cambio más significativo, aumentando de $9,5 \pm 2,9$ mmol/L a $17,9 \pm 3,9$ mmol/L, lo que representa un incremento del 88 %. El sodio disminuyó de $133,6 \pm 3,4$ mmol/L a $106,1 \pm 2,8$ mmol/L.

La hemólisis aumentó de $0,07 \pm 0,04$ g/dL a $0,16 \pm 0,07$ g/dL, lo que supone un incremento del 128 %.

Se evidencia disminución del nivel de Glucosa consumo metabólico eritrocitario, el aumento del Lactato como consecuencia de la glucólisis anaeróbica El aumento más significativo lo encontramos a nivel del potasio como resultados de la salida K+ intracelular

CONCLUSIONES

Como era de esperar, y así lo relatan las guías y está descrito en la literatura, con la irradiación gamma, la membrana de los glóbulos rojos se fragiliza, dando lugar a cambios en el metabolismo que se evidencian a medida que aumentan los días de almacenamiento posteriores a la irradiación.

Aunque se ve un aumento de la hemólisis el grado de hemólisis se mantiene muy por debajo de los límites aceptados, que es 0.8%

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 119

CAMINANDO HACIA LA SOSTENIBILIDAD

Autor/a/s: LORENA ALVAREZ RECOBER, NURIA LOPEZ SOLER, SERGIO CALPENA GRAU, ESTHER ALACID LARROSA, GUILLERMO GOMIS FITOR, CAROLINA FRANCISCA LOPEZ MARTINEZ, MARIA TISCAR VALE-

RO, MARIA CIUDAD LOPEZ, MAR ESPASA FERRANDO, MARIA TERESA SILVA PONZO

Centro de Trabajo: HOSPITAL MARINA BAIXA

Localidad: VILLAJYOUSA

Código Postal: .3570

Provincia: ALICANTE

Correo electrónico primer firmante: LORENA.RECOBER@GMAIL.COM

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

Los laboratorios clínicos constituyen en la actualidad un reto importante en materia de eficiencia y sostenibilidad debido a su elevado consumo de energía, agua y reactivos, así como a la generación constante de residuos sanitarios. La correcta gestión de estos residuos y el uso responsable de los recursos naturales se han convertido en un objetivo prioritario dentro de los sistemas sanitarios. En este contexto, la implantación de certificaciones ambientales específicas para laboratorios permite avanzar hacia un modelo más sostenible, alineado con la normativa vigente y los objetivos de desarrollo sostenible.

OBJETIVOS

El objetivo principal de este trabajo es mostrar de forma visual y práctica las medidas que están al alcance de los Técnicos Especialistas de Laboratorio (TEL) para mejorar la sostenibilidad del laboratorio clínico, basándose en la implantación de la certificación My Green Lab, la correcta clasificación de residuos sanitarios y la optimización del consumo de recursos.

MATERIAL Y MÉTODOS

La certificación My Green Lab es un estándar internacional reconocido que evalúa el impacto ambiental de los laboratorios en áreas clave como el consumo energético, uso de agua, gestión de residuos, compras sostenibles, seguridad química y comportamiento del personal. Esta certificación se apoya en el marco legislativo europeo, especialmente en:

- Directiva 2008/98/CE sobre residuos y economía circular.
- Reglamento (CE) nº 1907/2006 (REACH) sobre registro, evaluación y autorización de sustancias químicas. Reglamento (CE) nº 1272/2008 (CLP) sobre clasificación, etiquetado y envasado de sustancias peligrosas. ISO 14001, sistemas de gestión ambiental.
- ISO 15189 e ISO 17025, que garantizan calidad, competencia técnica y mejora continua en laboratorios clínicos.

La metodología empleada incluye la observación directa de los procesos, el seguimiento de consumos de agua, electricidad y reactivos, la verificación del reciclaje y la evaluación de la correcta clasificación de los residuos sanitarios, según la normativa autonómica vigente.

Se realiza especial hincapié en la correcta clasificación de residuos sanitarios:

- Grupo I: residuos asimilables a urbanos.
- Grupo II: residuos sanitarios no específicos.
- Grupo III: residuos sanitarios específicos o de riesgo biológico.

RESULTADOS

La actualización de equipos por versiones más modernas ha permitido reducir la cantidad de muestra necesaria y, por tanto, el consumo de reactivos y soluciones de lavado. Se ha observado una disminución significativa del consumo energético mediante la optimización de apagados, ajustes de temperatura y mejora en la climatización de salas.

La correcta segregación de residuos ha permitido reducir el volumen de residuos de nivel III y IV, con el consiguiente descenso del impacto ambiental y del coste de gestión. La reducción de repeticiones innecesarias, la mejora en los programas de mantenimiento y el ajuste

de calibraciones han contribuido a una mayor eficiencia global del laboratorio.

CONCLUSIONES

No hay planeta B. La implantación de certificaciones como My Green Lab, junto con pequeños cambios en los hábitos de trabajo del personal, demuestra que es posible reducir de forma significativa el impacto ambiental del laboratorio clínico. La correcta clasificación de residuos, el uso racional de consumibles y la concienciación del personal permiten avanzar hacia un laboratorio más eficiente, sostenible y comprometido con las generaciones futuras.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 133

GESTION EFICIENTE Y PRECISA EN LA TRAZABILIDAD DE LAS MUESTRAS BIOLÓGICAS CON CENTROS PERIFERICOS

Autor/a/s: SUSANA COBOS FRAILE, LETICIA ELENO MARTIN, M^a GUALUPE GARCIA GALLARDO, ELVIS JON DEL RIO ELGUERA, IRATXE PASCUAL ORTIZ Y M^a PAZ GONZALEZ ANDRES.

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CRUCES

Localidad: BARACALDO-CRUCES

CódigoPostal: 48903

Provincia: VICAYA

Correo primer firmante: SUSANA.COBOSFRAILE@OSAKIDETZA.EUS

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La gestión eficiente del Mapa del Proceso de Diagnóstico Biológico, es crítica para la precisión diagnóstica y la seguridad del paciente. Como organización sanitaria integra (OSI) conformada por un hospital terciario, dos hospitales satélites y once unidades de atención primaria; gestionamos un alto volumen de muestras biológicas en 11 laboratorios interconectados. Siendo referentes para otras OSIs, ya que los laboratorios actualmente ocupan la octava posición en la edición 2025 del Monitor de Reputación sanitaria (Merco).

OBJETIVOS

Reforzar y establecer un Mapa de Proceso Biológico integral y transversal que abarque desde la solicitud analítica hasta la emisión de resultado, optimizando los tiempos de respuesta y garantizando la seguridad del paciente

MATERIAL Y MÉTODOS

A través de grupos multidisciplinarios se proponen protocolos centrados en cuatro ejes:

1. Trazabilidad: Integración de aplicaciones informáticas con historia clínica para una conciliación ininterrumpida y volcado automático de los resultados.
2. Logística: creación de un circuito para garantizar la conservación y transporte óptimo de las muestras, estableciendo estaciones intermedias en los laboratorios para dar cobertura de manera continua. Creando puntos específicos y comunes dentro de cada enlace del circuito, mejorando no solo el proceso sino también el contacto directo, personalizando las muestras.
3. Notificación: Definición de circuitos para el reporte inmediato de incidencias, hallazgos críticos y relevantes.
4. Calidad en Point Of Care Teams (POCT): creación de un comité de gestión para asegurar que las pruebas a pie de cama cumplan los mismos estándares de calidad que el laboratorio central.

RESULTADOS

Se comenzó a buscar una mejora en el proceso de trazabilidad del proceso biológico en el 2023 y se realizan seguimientos y reuniones

semestrales hasta diciembre del 2025. La visión transversal del proceso permitió reducir los tiempos de obtención de resultados urgentes en tres minutos este último año. La trazabilidad integral disminuyó las incidencias de identificación, pasando de 1.18% a 1.10% en 2025. Asimismo, la gestión proactiva del Comité de hallazgos críticos y relevantes aseguró que los valores críticos lleguen al clínico sin demoras; incrementándose la notificación de valores críticos de 2790 resultados en el 2023 a 3054 en 2025. Por otro lado, la creación del comité para gestión del POCT permitió el correcto procesamiento en el año 2023 de 35607 muestras y de 37621 en el año 2025, en los 75 equipos POCT disponibles.

CONCLUSIONES

Un mapa de Proceso estandarizado es un pilar fundamental para la seguridad del paciente. La optimización del flujo biológico elimina errores de procesamiento y aporta la agilidad necesaria para una toma de decisiones clínicas inmediata y precisa.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 144

IMPLEMENTACIÓN DE LA MEDIDA DE PROGESTERONA PREVIA A CRIOTRANSFERENCIA PARA INCREMENTARLAS TASAS DE EMBARAZO

Autor/a/s: Catalina Nieto Segura, Claudia Rueda Ruzafa, Bárbara Esmeralda Ruiz Castro, María Antonia López López,

Centro de Trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO TORRECARDENAS

Localidad: ALMERÍA

Código Postal: 04009

Provincia: ALMERÍA

Correo electrónico primer firmante: katynieto71@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La progesterona es esencial para favorecer la fase lútea y la implantación embrionaria. La transferencia de embriones vitrificados o criotransferencia (CT), a

diferencia del procedimiento en fresco, permite controlar el grosor endometrial, evitar la inflamación post-punción ovárica y la hiperestimulación. Sin embargo, es necesario determinar la concentración de progesterona sérica ([sPG]) para asegurarnos de su biodisponibilidad, siendo relevante en mujeres de edad avanzada o con pocos embriones vitrificados.

OBJETIVOS

El objetivo fue implantar en nuestra Unidad de Reproducción Humana Asistida (URHA) la determinación de [sPG] el día previo a la CT con un doble propósito: asegurarnos de que los niveles de la hormona son óptimos para realizar el procedimiento y comprobar la eficacia de esta medida comparando las tasas de embarazo en pacientes cuya [sPG] no fue realizada anteriormente

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio comparativo realizado durante el 2024. En el primer semestre las determinaciones de [sPG] no fueron realizadas previa CT, mientras que en el segundo semestre esta medida fue implementada. El día previo a la CT se realizó a las pacientes control endometrial y extracción sanguínea sin ayuno. Las muestras fueron tomadas antes de las 12P.M. debido a que la [sPG] disminuye a lo largo del día. La [sPG] fue determinada inmunoquímicamente en analizadores Dxl-800 (Beckman Coulter®). El punto de corte establecido para proceder con las CT fue de 10 ng/dL. En caso de obtener niveles inferiores de [sPG], la CT era cancelada hasta el siguiente mes aumentando la dosis de PG exógena. La coriogonadotropina humana (HCG) para determinar el embarazo fue medida 14 días después de la CT con las mismas condiciones preanalíticas y metodológicas. La confirmación de embarazo

evolutivo fue realizada mediante ecografía dos semanas después de la HCG+.

RESULTADOS

237 CT realizadas durante el periodo de estudio. Resultados del primer semestre, sin determinación previa de [sPG]:172 CT, con 57 HCG+(29,4%) y 47 embarazos evolutivos (72,3%). Resultados del segundo semestre, con medición de [sPG] el día previo:65 CT, con 25 HCG+(46,8%) y 21 gestaciones evolutivas (87,3%). Destacamos que en este último periodo se realizaron menos CT debido a los periodos vacacionales, aunque en base a nuestra experiencia los resultados serían proporcionales. La [sPG] media en las CT realizadas fue de 19ng/dL, demostrándose la efectividad del tratamiento.

Asimismo, todas las pacientes con HCG positivas tenían [sPG] por encima del umbral óptimo.

CONCLUSIONES

Las CT con determinación de [sPG] resultaron en mayores tasas de embarazo en comparación con aquellos pacientes con [sPG] desconocida. Este estudio pone de manifiesto la importancia de una adecuada [sPG] tanto para favorecer la implantación del embrión como para su desarrollo evolutivo. Se trata de una práctica sencilla de implantar mediante una buena comunicación con el laboratorio; coste-efectiva debido a que reduce los elevados gastos en fármacos y material fungible, así como tiempo de los sanitarios en la práctica clínica y listas de espera; inocua para el paciente al requerir una extracción sanguínea, garantizando un mayor aprovechamiento de sus embriones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 197

LA ACTUACIÓN DEL LABORATORIO CLÍNICO EN LA DONACIÓN Y EXTRACCIÓN DE ÓRGANOS PARA TRASPLANTE EN MUERTE ENCEFÁLICA

Autor/a/s: Castellanos Valderrama, Esmeralda; García Ahijado, Ana Isabel; Muñoz Maroto, María Sonsoles; Sánchez Grande, María Reyes; Mirón Encinar, María Jesús; Caro Iglesias, Eva María; López Pérez, María Pilar; Hernández Blanco, María Elena; Jiménez González, Fernando Agustín; Rodríguez Cabrero, María.

Centro de Trabajo: HOSPITAL NUESTRA SEÑORA DE SONSOLES

Localidad: ÁVILA

Código Postal: 05004

Provincia: ÁVILA

Correo electrónico primer firmante: esmebilbo@hotmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

El laboratorio clínico desempeña un papel crítico y urgente en el proceso de donación. Su objetivo principal es garantizar la seguridad y eficacia del trasplante, minimizando riesgos de rechazo o transmisión de patógenos mediante la evaluación del donante.

OBJETIVOS

El objetivo general es describir y protocolizar la actuación multidisciplinaria del laboratorio clínico en el proceso de donación de órganos procedentes de donantes en muerte encefálica.

Los objetivos específicos son evaluar la viabilidad funcional de los órganos mediante parámetros bioquímicos y hematológicos, garantizar la compatibilidad inmunológica entre donante y receptores potenciales mediante tipificación HLA y asegurar la ausencia de enfermedades transmisibles en el donante para un trasplante seguro.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó una revisión de los protocolos de actuación clínica y técnica utilizados en el laboratorio para el proceso de donación. Las técnicas y materiales incluyeron:

- Inmunología: Equipos de tipificación molecular para antígenos leucocitarios humanos (HLA) de alta resolución y determinación de grupo sanguíneo ABO.
- Pruebas Cruzadas: Metodologías de crossmatch tanto físicas (celulares) como virtuales para la detección de anticuerpos preformados.
- Serología y Microbiología: Técnicas de cribado para la detección de VIH, hepatitis B y C, y citomegalovirus (CMV).
- Bioquímica y Hematología: Analizadores automáticos para la medición de niveles de creatinina, urea (función renal), transaminasas y bilirrubina (función hepática).

RESULTADOS

El laboratorio permite la caracterización precisa del donante, facilitando la selección del receptor más compatible. Las pruebas de cribado microbiológico y la evaluación funcional aseguran que solo se trasplanten órganos aptos, optimizando la supervivencia del injerto y la seguridad del paciente.

CONCLUSIONES

La actuación del laboratorio clínico es un eslabón crítico en la cadena del trasplante. Su capacidad de respuesta “contrarreloj” y la precisión de sus resultados son determinantes para el éxito de la donación en muerte encefálica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 204

LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL APLICADA EN EL LABORATORIO DEL SERVICIO DE FARMACIA, UNA REALIDAD ACTUAL.

Autor/a/s: M.C. Yepes Donaire; A Carmona Romero; C. Labrador Valles; S. Mira Prieto; M. Muro Chimenos.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Arnau de Vilanova

Localidad: Lleida

Código Postal: 25198

Provincia: Lleida

Correo electrónico primer firmante: cayedo@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En 2026, la utilización en los laboratorios farmacológicos de programas basados en Inteligencia Artificial, así como las colaboraciones con grandes empresas desarrolladoras de estas tecnologías, es ya una realidad evidente. Las investigaciones, los ensayos y su aplicación en diferentes sectores permitirán que tanto los laboratorios del Servicio de Farmacia como los pacientes —que son, en última instancia, los principales beneficiarios de todo este proceso y la razón de nuestro trabajo— se vean claramente favorecidos.

OBJETIVOS

Conocer la actualidad en Inteligencia Artificial aplicada a los laboratorios farmacológicos, así como identificar sus proyectos, ensayos y novedades, nos permitirá valorar qué herramientas podrían incorporarse en nuestro laboratorio del Servicio de Farmacia del Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida. Este análisis, junto con una comparativa respecto al trabajo que realizamos actualmente, facilitará detectar oportunidades de mejora y anticipar futuras líneas de desarrollo.

MATERIAL Y MÉTODOS

Utilización de la Inteligencia Artificial Gemini.

Corroborar los enlaces sugeridos con la información aportada por las siguientes fuentes:

- AstraZeneca: Artificial Intelligence in Oncology and R&DPfizer
- Artificial Intelligence and BreakthroughsInSilico Medicine: Pharma Artificial Intelligence for Oncology
- Recursion Pharmaceuticals: Artificial Intelligence Drug Discovery
- Exscientia: Artificial Intelligence Drug DesignRealizar un proceso de búsqueda

Análisis de la información proporcionada por estas entidades para identificar aplicaciones potenciales en nuestro Servicio de Farmacia.

RESULTADOS

Se destacan tres apartados donde la utilización de la Inteligencia Artificial puede aplicarse en el laboratorio de Farmacia:

1) Oncología: se diseñan moléculas que bloquean proteínas específicas que favorecen el crecimiento tumoral. Ejemplos: REC--617 (Recursion & Exscientia) para tumores sólidos como ovario, pulmón o mama; frente a Paclitaxel o terapias hormonales, este fármaco bloquea CDK7 sin dañar células sanas. REC4-881 (Recursion) para poliposis adenomatosa familiar; a diferencia de Celecoxib, el inhibidor de MEK1/2 actúa sobre la vía genética que impulsa los pólipos. REC1-245 (Recursion) para linfomas y tumores sólidos; mientras que el tratamiento habitual sería Pembrolizumab, este compuesto degrada la proteína RBM39. REC7-735 (Recursion & Exscientia) es un inhibidor dirigido al cáncer de mama.

2) Nutrición Parenteral: actualmente se trabaja con gemelos digitales (Grifols), réplicas virtuales de las fábricas que permiten simular errores antes de que ocurran. En control de estabilidad y dosificación personalizada, Grifols, Baxter y Fresenius Kabi emplean sensores inteligentes para evitar la degradación de mezclas y algoritmos que calculan fórmulas exactas para prematuros o pacientes críticos. En el Hospital Gregorio Marañón (Madrid), robots guiados por algoritmos preparan bolsas de nutrición oncológica; en el Hospital Clínic (Barcelona) se personaliza la nutrición en UCI según el gasto energético real. En nuestro Servicio de Farmacia se utiliza Pharmasuite, que calcula los nutrientes y posteriormente son validados por los farmacéuticos.

3) Antibióticos: la IA contribuye a la lucha contra la resistencia bacteriana. Recursion Pharmaceuticals, mediante su sistema Recursion OS, mapea la biología celular y descubre antibióticos de forma masiva. Exscientia, junto con Sanofi y Merck KGaA, diseña moléculas de alta precisión como antibióticos y antivirales. El Proyecto Abaucin (Universidad McMaster y MIT) ha identificado un nuevo fármaco activo frente a *Acinetobacter baumannii*, bacteria frecuente en el entorno hospitalario.

CONCLUSIONES

Con la utilización de programas de Inteligencia Artificial en la industria farmacéutica, los técnicos de laboratorio podremos elaborar tratamientos personalizados para pacientes oncológicos, preparar nutriciones parenterales inyectables con total seguridad en la mezcla y disponer de antibióticos de novo creación, incorporando además la predicción de resistencias .

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 207

PLAN DE TRASLADO DEL ÁREA DE ELABORACIÓN DE MEDICAMENTOS ESTÉRILES: IMPACTO AMBIENTAL, ORGANIZATIVO Y EN LA SEGURIDAD

Autor/a/s: M. Muro Chimenos; S. Mira Prieto; M.C. Yepes Donaire; C. Labrador Valles; A. Carmona Romero; E. Rodriguez Gonzalez

Centro de Trabajo: Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida

Localidad: Lleida

CódigoPostal: 25198

Provincia: Lleida

Correo electrónico primer firmante: mireiamuro@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

La elaboración de preparaciones intravenosas estériles requiere entornos controlados que garanticen condiciones ambientales estrictas, una vigilancia microbiológica continua y personal adecuadamente

formado. En nuestro Centro, esta actividad se realiza en el Servicio de Farmacia y la llevan a cabo los técnicos de laboratorio.

La construcción de una nueva área estéril para la elaboración de medicamentos en nuestro servicio obligó a trasladar temporalmente la actividad asistencial de preparación de mezclas intravenosas a un hospital cercano, cuya área estéril disponía de una superficie menor. Este cambio supuso una reorganización integral de todo el proceso de elaboración.

OBJETIVOS

Diseñar un plan estructurado para el traslado del área estéril y garantizar la trazabilidad, la calidad y la seguridad durante la transición

MATERIAL Y MÉTODOS

Se elaboró un plan de traslado con una duración prevista de 14 meses, iniciado en febrero de 2025. Las principales actuaciones incluyeron:

- Comunicación del plan a todos los servicios implicados.
- Externalización de las nutriciones parenterales protocolizadas para reducir la carga de trabajo.
- Implementación de los mismos sistemas de información utilizados en el centro de origen:
 - *Pharmasuite para medicamentos no peligrosos.*
 - Farmis Oncofarm, con control gravimétrico, para medicamentos peligrosos.
- Utilización de sistemas cerrados de transferencia de medicamentos en la preparación de medicamentos estériles peligrosos.
- Establecimiento de un servicio continuo de transporte de las preparaciones elaboradas entre ambos hospitales.
- Intensificación de los controles microbiológicos del producto final en medicamentos estériles no peligrosos.
- Refuerzo del programa de control microbiológico ambiental mediante placas de sedimentación en el interior de las cabinas de flujo laminar.
- Ampliación de la plantilla de técnicos de laboratorio (de 6 a 10 profesionales) e incorporación de un celador para el transporte interno.

RESULTADOS

CONCLUSIONES

La planificación estructurada del traslado y la coordinación entre servicios permitieron mantener la actividad asistencial durante todo el periodo de transición, asegurando la continuidad en la elaboración de medicamentos estériles pese a la reducción del espacio disponible.

La reorganización del trabajo, la externalización estratégica de nutriciones parenterales y el incremento de técnicos de laboratorio facilitaron una adaptación eficiente al nuevo entorno, manteniendo la trazabilidad y la seguridad del proceso mediante el uso de sistemas de información integrados y dispositivos

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 216

LABORATORIOS VERDES: TRANSFORMANDO DESAFÍOS EN OPORTUNIDADES.

Autor/a/s: Óscar Bello Gutiérrez, Jacobo Javier Villacampa Jiménez, José Miguel de Salamanca Hernández, María Beatriz Martín Hernández, Elene Laburu Dañobeitia, Elena Isabel Silvera Mejias, María Beatriz Botau Bitá, Rita Hernández Ramos, María José Afonso Suárez.

Centro de Trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Canarias (CHUC)

Localidad: La Laguna

Código Postal: 38320

Provincia: Santa Cruz de Tenerife

Correo electrónico primer firmante: oscarbg83ff@gmail.com

RESUMEN:

BREVE INTRODUCCIÓN

En octubre de 2024, la empresa gestora de residuos hospitalarios emitió una No Conformidad dirigida al laboratorio central del Complejo Hospitalario Universitario de Canarias (CHUC) tras detectar una garrafa de biorriesgo que presentaba riesgo potencial de explosión. Este incidente motivó la apertura de una No Conformidad en el Sistema de Gestión de Calidad del mismo, cuyo análisis derivó en la concepción de un proyecto de transformación del laboratorio en un Laboratorio Verde, iniciativa orientada a la incorporación de principios de sostenibilidad ambiental, eficiencia de recursos y mejora continua en sus procesos operativos.

OBJETIVOS

El objetivo principal fue avanzar hacia un modelo de laboratorio sostenible, alineado con los estándares europeos de gestión ambiental en el ámbito clínico. En marzo de 2025 se formalizó el proyecto Laboratorio Verde, que dio lugar a la creación de la Comisión de Sostenibilidad y Gestión Medioambiental del Laboratorio Central. Esta comisión, de carácter multidisciplinar, se estructuró bajo principios de mejora continua, metodología rigurosa y aportación de valor institucional. Sus metas estratégicas se orientaron a la obtención del certificado EFLM Green Labs (Certificate of achievement as Green & Sustainable Laboratory), promovido por la European Federation of Clinical Chemistry and Laboratory Medicine (EFLM).

MATERIAL Y MÉTODOS

Con el fin de cumplir los criterios establecidos por la certificación EFLM Green Labs, se constituyeron cuatro grupos de trabajo especializados en áreas clave:

- Gestión de eficiencia energética
- Gestión del agua
- Gestión de residuos
- Química verde

Cada grupo estableció planes de acción específicos e indicadores de seguimiento, conforme a los checklists oficiales de la EFLM:

- Revisión de segregación
- Reclasificación de residuos
- Cambios de procedimientos
- Formación al personal
- Indicadores mensuales de seguimiento

RESULTADOS

A mediados de agosto de 2025 se completaron los checklists correspondientes a los requisitos técnicos, organizativos y documentales exigidos para la certificación. Con el apoyo económico de la empresa colaboradora Roche Diagnostics, se formalizó la solicitud ante el organismo certificador, obteniéndose la certificación EFLM Green Labs el 1 de septiembre de 2025. El laboratorio se convirtió así en el primer laboratorio verde de Canarias, el segundo laboratorio hospitalario público en España y el quinto laboratorio a nivel nacional en disponer de este reconocimiento. Posteriormente, en noviembre de 2025, la comisión organizó las Primeras Jornadas de Sostenibilidad y Gestión Medioambiental Hospitalaria, con la participación de profesionales de otros centros previamente certificados, quienes compartieron experiencias, estrategias y resultados en la implementación de prácticas sostenibles.

Al analizar los datos correspondientes a noviembre de 2025 y compararlos con los registros de meses previos a la implantación del comité, se observó una reducción aproximada de 200 kg mensuales en la generación de residuos biosanitarios. Este descenso se atribuye a una

mejora en los procedimientos de segregación de residuos, lo que ha permitido optimizar la gestión y reducir los costes asociados entorno a 400 € mensuales para el sistema.

En consecuencia, la Dirección del hospital propuso la creación de una Unidad de Gestión Medioambiental, reafirmando el compromiso del centro con la mejora continua y fomentando la expansión de prácticas sostenibles, iniciativa a la que ya se están sumando otras unidades/servicios del propio centro hospitalario.

CONCLUSIONES

Una situación inicial de no conformidad se transformó en una oportunidad de mejora estructural y de cambio positivo. El proceso culminó con la obtención de una certificación ambiental oficial, la organización de actividades formativas, la consolidación de una cultura institucional comprometida con la sostenibilidad, con una reducción de residuos biosanitarios y con una disminución de costes de gestión para el sistema hospitalario.

ÍNDICE DE AUTORES

AUTOR/A	Páginas
ALBALADEJO MANQUILLO, BEATRIZ	12
ALEJANDRE ALEGRE; MARIA	122
ALGAR ROMERO, ANA ISABEL	24
ALONSO MATÉ, MARÍA LORENA	83
ALONSO PRIETO, AIDA	31
ÁLVAREZ ABELLA, CRISTINA	3
ÁLVAREZ MINAYO, MÓNICA	125
ÁLVAREZ ORGAZ, MARÍA;	35
ALVAREZ RECOBER, LORENA	150
ALVAREZ, MARCOS	24
ANIORTE, GLORIA	3
ANTOMIL ANTUÑA, NATALIA	87
APARISI DOMINGO, XAVIER	8, 9
ARANA MONTE, Mª DEL CARMEN	110
ARMENTIA GAMARRA, MARÍA CARMEN	76
ARNEDO MAGALLÓN, ESTER	23
BADILLO LLAMAZARES, LARA	6
BAJO GALLEGO, MARTA	92
BARBA MIRAMONTES, MARÍA JOSÉ;	53
BARREIRO GARCÍA; TANIA	139
BARROSO BOHÓRQUEZ; ALICIA	55
BAYÓN SÁNCHEZ, MARÍA ELENA	143
BEATO VIRLAN, MARIA ISABEL	7
BECERRA GARCIA, MARÍA JOSÉ	91
BELLO GUTIÉRREZ, ÓSCAR	154
BENITO PÉREZ, MARÍA ESPERANZA;	27, 28, 29
BERGUA SANCHEZ, LETICIA	80
BESADA BEA, SUSANA	117
CABERO FERNANDEZ , Mª ELENA	16
CABRERA BENÍTEZ, ANA MARÍA	116
CÁDIZ, ALICE	62
CALVO CRESPO, REBECA	79
CAMPOS REY, ROSA MARIA;	25
CANTALEJO GUTIÉRREZ, ADOLFO	106
CARAVANTES ALMENA, MARIA DEL CARMEN	78, 79
CÁRDENAS HERNÁNDEZ, NEYSAR MAOLY	44
CARVAJAL PALAO, REYES	124
CASCAJAR ANTON, IDOIA	144, 145
CASTELLANOS VALDERRAMA, ESMERALDA	11, 152
CASTRO REGADERA, FERNANDO MANUEL	64
CASTRO SÁNCHEZ, SERGIO	44
CASTRO VAL, PAZ	4
COBOS FRAILE, SUSANA	151
CONEJO TENORIO, FRANCISCO JAVIER	59
COSTAN MEDINA, BEATRIZ	90, 91, 96
COSTUMERO CALLEJÓN, CORAL	33
COULLAUT GARCÍA, ELENA	58
COUSELO NOYA, MARÍA JESÚS;	67
CUBERO TRUJILLO, ENCARNACIÓN	119
DE FRUTOS LUENGO, ADELAIDA	113
DE LA ROSA CUERVO, ANDREA	138
DEL AMO GOMEZ, ANA ISABEL	100
DEL ROSAL MORENO, MARÍA DEL MAR	141
DELGADO PEÑA, MARÍA CANDELARIA	142
DIAZ VALDES, MARIA JOSE	85

AUTOR/A	Páginas
DIAZ VEGA. - MARÍA JESÚS	72
DIAZ VILLA, ANA	102
DIAZ ZAYAS, Mª DOLORES	131
DURO OLIVAS YOLANDA	39
ESPARTOSA MANCEBO, ELENA	121
ESTEBAN BENITEZ, JONATAN;	38
ESTEPA HUERTAS, MARÍA DOLORES	140
ESTEPA PÉREZ, VANESA	109
FERNÁNDEZ ÁLVAREZ; TERESA MARÍA	77
FERNANDEZ COELLO, MARIA VICTORIA;	78
FERNÁNDEZ ROMÁN, SONIA	46
FERNÁNDEZ SUÁREZ, VERÓNICA;	21
FERNÁNDEZ TUDA , ROCÍO	36
FERNANDEZ, C.	30
FIUNTE LÓPEZ, MARIA JOSEFA	123, 136
FLORENCIO DA SILVA, FRANCIVONE;	81
FORTEBOA GIL, IRENE;	106
FORNER LAPIEDRA, EMILIO	53
GADEA BARAHONA, ROBERTO	61
GALAN LOPEZ, MARTA	46
GALISTEO ESCORZA, ARANCHA;	95
GALLO RODRÍGUEZ, ESTÍBALIZ	73
GARCÍA ANTÚNEZ, MAYTE	93
GARCÍA MONTES, Mª TERESA	110
GARCÍA RODRÍGUEZ, M.	7
GARCÍA SÁNCHEZ, MARÍA STELLA;	126
GARCIA SILVA, FRANCISCA	89
GARCÍA TERRADILLOS, Mª CONCEPCIÓN;	58
GARCÍA VALVERDE, SORAYA	32, 33
GARCIA VELA, JH.,	111, 112
GARRIDO GARNIER. SAMANTHA MARÍA	117
GIL LÓPEZ, ISABEL MARÍA	145
GIL VILARIÑO; EDUARDO	60
GÓMEZ RUBIO, JOSE LUIS	148
GÓMEZ ABADIA, ANDREA	30, 31
GÓMEZ ÁLVAREZ, MARÍA ÁNGELES	73
GOMEZ BORJA, MARIA TERESA	129
GOMEZ GONZALEZ, MARIA DE LOS ANGELES;	65
GÓMEZ SANZ, ALICIA,	51
GONZALEZ DEL RÍO, Mª MERCEDES;	94
GONZÁLEZ DORADO, NURIA	4
GONZÁLEZ MARTÍN, SOFÍA;	19, 75
GONZÁLEZ MESONERO, Mª CARMEN;	17
GONZALÉZ NAVA, ANDRÉS;	118
GONZÁLEZ RIEIRO, ISABEL	81
GONZÁLEZ RUIZ, RAQUEL	42
GONZÁLEZ-NUEVO, SARA	133, 134
GRILLO GALLARDO, MIGUEL ÁNGEL	56
GUERRERO CRESPILO, ÁNGELA MARÍA	116
GUIJARRO PÉREZ, ROCÍO	42
HERNANDEZ BENITO, MELANIA	8
HERNÁNDEZ HERNÁNDEZ, SUHJEY	142
HERNÁNDEZ MEDRANO, NIEVA	115
HERNÁNDEZ MORALES ; EVA MARÍA	45
HURTADO GARCÍA; ANA MARÍA	49

AUTOR/A	Páginas
IGLESIAS DEL CUETO,ROMINA	120
IGLESIAS LOZANO, RAMON	113, 114
JIMÉNEZ CHECA, MERITXELL	138
LAO SANTIAGO, CRISTINA.	34
LEÓN RODRÍGUEZ.MANUEL	70, 71
LETÓN RUIZ, ROCÍO	55
LLERENA GARCÍA, LORENA	109
LOPEZ ALCAIDE, LUCIA	90
LOPEZ GONZALEZ, MARIA DEL CARMEN	125
LOPEZ GUTIERREZ, MONTSERRAT	10
LUJÁN GARCÍA, MARÍA ISABEL	19
MANCERA-CARRASCOSA, MARÍA DEL PILAR	134
MARTIN GUIJARRO, Mª DEL CARMEN	56
MARTÍN MARTÍN, M.ELENA	47
MARTÍN PÉREZ, ESTHER	62
MARTÍN VEGA, JOSÉ VALERIO	13
MARTINA GIL-ORTEGA CALCERRADA,	34
MARTÍNEZ BIOT; LOLA	149
MARTÍNEZ MARTÍNEZ, ANA ISABEL	22, 147
MARTINEZ MATEOS; DAVID	123
MATEOS SEVILLANO, Mª DOLORES;	95
MELIÁN GUTIÉRREZ,SARA	130
MENA LLAMAS, INMACULADA;	103
MERINO MARTÍNEZ, MARÍA SAGRARIO	146
MIGUEL LATORRE,BEGOÑA	129
MONEDERO SIERRA, CAROLINA	127
MORALEJA NOVILLO, CRISTINA	57
MORÁN CRIADO Mª JESÚS;	15, 74
MORENO CASARES; ANTONIA MARÍA	50
MUÑOZ HORTIGUELA, SARA -	88
MURO CHIMENOS; M.	153
NAVAS, LUIS CARLOS	83
NIETO SEGURA, CATALINA	152
NIEVES PINTO, ANA ISABEL	26
OLIVARES OSUNA, DAVID	54
OÑATE MORAL, JULIA;	40
OPORTO LÓPEZ, LAURA	121
ORTEGA BRAVO, EVA	17
ORTEGA GONZÁLEZ, MARIO SIMÓN;	135
ORTEGA HERRERA, REBECA	82
ORTEGA ROJO, FRANCISCO JOSÉ.	5
ORTEGA SÁNCHEZ, IRENE	41
ORTIZ GONZÁLEZ, VIRGINIA	88, 98
PAGAN RAMOS, ISABEL	103
PÉREZ ALMEIDA, YAIZA	101
PÉREZ BOO, ANTONIO; F	150
PÉREZ CALLES, ENCARNACIÓN	107
PEREZ GALAN,SUSANA	74
PEREZ GONZALEZ , MARIA ISABEL	12, 18
PINTO GARCÍA MANUEL;	14
PONCE GÓMEZ, ANDREA;	39
QUINTANA VEGA , MARÍA DOMINGA	85
RAMOS PANIAGUA, JONATAN;	60
REDONDO LÓPEZ LAURA,	84
RODRÍGUEZ ALONSO, PINO BEATRIZ	132
RODRÍGUEZ BRAVO, Mª CARMEN	105
RODRÍGUEZ LÓPEZ, ADELAIDA;	37
RODRÍGUEZ MORALES; OLGA LUCIANA	148
RODRÍGUEZ SÁNCHEZ, HELEN DE LOS ÁNGELES	127

AUTOR/A	Páginas
RODRÍGUEZ SANTANA, Mª EULALIA	51
RODRÍGUEZ VICENTE, NATALIA	100
ROJO VIDAL, CECILIA	98
ROLDÁN VALLEJO, FRANCISCA	140
ROMERO GARCIA ,PAULA;	66, 76
ROQUE GARCIA, ANA BELEN	132
RUIZ DE OCENDA VELEZ DE MENDIZABAL, LAURA	86
SAGRADO ARROYO, MARIA MONTSERRAT	36
SALGADO GONZALEZ, NATALIA	101
SALGADO LÓPEZ, LORENA	119
SÁNCHEZ DEL VALLE JÉSICA,	137
SÁNCHEZ FRANCISCO, MIRIAM	114
SÁNCHEZ GARCÍA, ALICIA	29
SANCHEZ GARCIA, MARIA DE GRACIA;	16
SÁNCHEZ LUCÍO, ANA CRISTINA;	68, 69
SÁNCHEZ PORRAS, ÁNGELES	64
SANFÉLIX LÁZARO, TERESA	52
SANTANA LOZANO, MARÍA FÁTIMA	21
SANTOS ORTIZ, ANA BELEN	128
SASTRE GARROTE, ANA Mª;	49
SEIJAS SANTAMARIÑA; MARÍA	11
SERRANO HUETE, CRISTINA	147
SIERRA ATIENZA, CELESTINA	131
SISO PEREIRO, Mª ASCENSIÓN	108
SOLANO MORENO, ANA BELÉN	136
SOLER CALDERAY,M.ª LYDIA	120
SOLIS GIACALONE, MARTINA	22
SUÁREZ PENAS, MARINA;	27
SUAREZ RODRIGUEZ, CRISTINA	122
SUAZO RODRIGUEZ, MARÍA JESÚS;	107
TOLOSA ANTOLÍN, AZUCENA;	48
UÑA DURÁN, LORENA.	26
VARELA CANOURA, PATRICIA;	65
VÁZQUEZ BERTO A, CARMEN.	77
VÁZQUEZ CASTRO, MARCOS	97
VEGA RODRÍGUEZ, DAVID	37
VEGA VARGAS, CONCEPCIÓN	25
VERA DÍAZ, DAFNE	43
VICENTE MONTERO, E. ,	102
VICENTE PARRA, ARIADNA	104
VICO DÍAZ-PARREÑO, SANTIAGO	69
VILLA VELAZQUEZ, MARIA ISABEL	87
VILLANUEVA DE DIOS, AURORA;	67
VILLARRUBIA MARTIN-VILLAMUELAS, ELVIRA	20
WARD MIGUEL, CARLOS	10
YEBRA ELIPE, BELEN;	41
YEPES DONAIRE; M.C.	153



**FUNDACIÓN - FRANCISCO
SORIA MELGUIZO**