

PRESENTACIONES ORALES

O1

IMPACTO DE LOS GENES DE RESISTENCIA A LOS ANTIBIÓTICOS EN EL MICROBIOMA INTESTINAL DE PACIENTES DIABÉTICOS Y NO DIABÉTICOS CON ENFERMEDAD HEPÁTICA ESTEATÓSICA ASOCIADA A DISFUNCIÓN METABÓLICA (MASLD)

Bárbara SUÁREZ¹, María Florencia MASCARDI¹, Flavia MAZZINI¹, Sebastián MARCIANO², Paola CASCIATO², Adrián NARVÁEZ², Leila HADDAD², María Margarita ANDERS³, Orlando Nicolás Federico OROZCO GANEM³, Susana GUTT⁴, Adrián Carlos GADANO², Alberto PENAS STEINHARDT⁵, Julietta TRINKS¹

¹INSTITUTO DE MEDICINA TRASLACIONAL E INGENIERÍA BIOMÉDICA (IMTIB)- CONICET, UHIBA, HIBA, CABA, ²SECCIÓN DE HEPATOLOGÍA, SERVICIO DE CLÍNICA MÉDICA, HOSPITAL ITALIANO DE BUENOS AIRES, CABA, ³SERVICIO DE HEPATOLOGÍA, HOSPITAL ALEMÁN, CABA, ⁴SECCIÓN DE NUTRICIÓN, SERVICIO DE CLÍNICA MÉDICA, HOSPITAL ITALIANO DE BUENOS AIRES, CABA, ⁵LABORATORIO DE GENÓMICA COMPUTACIONAL, UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJÁN, PROVINCIA DE BS. AS. Contacto: julieta.trinks@hospitalitaliano.org.ar

Introducción: El uso prolongado de antibióticos aumenta el riesgo de diabetes mellitus tipo 2 (DM2) y MASLD, y se asocia a la expansión del resistoma, definido como el conjunto de genes de resistencia a los antibióticos (ARG) en el microbioma intestinal. Se desconoce la relación del resistoma con la MASLD y la DM2.

Objetivos: Caracterizar el resistoma intestinal activo de pacientes con MASLD con y sin DM2.

Materiales y Métodos: Se reclutaron 30 pacientes con MASLD confirmado por biopsia hepática, de los cuales 13 eran diabéticos tratados con metformina. De cada sujeto se obtuvieron datos clínicos, epidemiológicos, dietarios y materia fecal, de la cual se extrajo el ARN y se secuenció con Illumina® NovaSeq® 6000. El resistoma fue analizado con el workflow Chan-Zuckerberg ID (www.czid.org). Las diversidades alfa (Shannon y Chao1) y beta (Bray Curtis) del resistoma se compararon entre pacientes con y sin DM2 por test de Wilcoxon y PERMANOVA, respectivamente. El metatranscriptoma bacteriano fue analizado entre las muestras con y sin resistoma mediante MaAsLin2. La estadística descriptiva se analizó con SPSS 25.0.

Resultados: No se observaron diferencias significativas en cuanto a edad, sexo, IMC, dieta, ni estadio clínico de la MASLD entre los grupos ($p > 0,05$). Se detectó al menos un ARG expresado en 23 de las 30 muestras (76,7%): 76,9% de las muestras MASLD+DM2 y 76,5% de las muestras MASLD-DM2 ($p = 0,98$). La tasa de ARGs expresadas fue mayor en MASLD+DM2 (89/10; tasa de 8,9) al compararlos con MASLD-DM2 (100/13; tasa de 7,7) ($p = 0,3$). La expresión de ARGs a betalactámicos fue más abundante en MASLD+DM2 (28,4% vs. 16,9%; $p = 0,009$), pero la expresión de ARGs a tetraciclinas fue más prevalente en MASLD-DM2 (29,9% vs. 14,2%; $p = 0,0002$). El eflujo fue el mecanismo de resistencia más frecuente en MASLD+DM2 (38,9% vs. 15%; $p = 0,0001$), mientras que la protección del sitio blanco del antibiótico fue más prevalente en MASLD-DM2 (29,7% vs. 13,7%; $p = 0,01$). Los índices de Shannon y Chao1 revelaron un resistoma más diverso en el grupo MASLD-DM2. La diversidad beta de los resistomas fue similar entre los grupos. La actividad de *Bacteroides dorei* fue significativamente más abundante en el resistoma de MASLD+DM2, mientras que *Ruminococcus sp.* fue más activa en el resistoma de MASLD-DM2 ($q = 0,02$).

Conclusiones: El perfil metabólico de los pacientes con MASLD influye en las características de su resistoma intestinal, el cual podría impactar en la elección a futuro de una antibioticoterapia apropiada para estos pacientes.

O2

FIRMAS MOLECULARES DEL MICROBIOMA INTESTINAL DIFERENCIAN A PACIENTES DIABÉTICOS Y NO DIABÉTICOS CON ENFERMEDAD HEPÁTICA ESTEATÓSICA ASOCIADA A DISFUNCIÓN METABÓLICA (MASLD): ANÁLISIS INTEGRADO DEL METATRANSCRIPTOMA Y METABOLOMA INTESTINAL

María Florencia MASCARDI¹, Bárbara SUÁREZ¹, Flavia Noelia MAZZINI¹, Sebastián MARCIANO², Paola CASCIATO², Adrián NARVÁEZ², Leila HADDAD², María Margarita ANDERS³, Orlando Nicolás Federico OROZCO GANEM³, Susana GUTT⁴, Adrián GADANO², Alberto PENAS STEINHARDT⁵, Adriana Mabel ÁLVAREZ⁶, Julietta TRINKS⁷

¹INSTITUTO DE MEDICINA TRASLACIONAL E INGENIERÍA BIOMÉDICA (IMTIB)- CONICET, UHIBA, HIBA, CABA, ²SECCIÓN DE HEPATOLOGÍA, SERVICIO DE CLÍNICA MÉDICA, HOSPITAL ITALIANO DE BUENOS AIRES, CABA, ³SERVICIO DE HEPATOLOGÍA, HOSPITAL ALEMÁN, CABA, ⁴SECCIÓN DE NUTRICIÓN, SERVICIO DE CLÍNICA MÉDICA, HOSPITAL ITALIANO DE BUENOS AIRES, CABA, ⁵LABORATORIO DE GENÓMICA COMPUTACIONAL, UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJÁN, PROV. DE BS. AS., ⁶SECCIÓN DE ENDOCRINOLOGÍA, SERVICIO DE CLÍNICA MÉDICA, HOSPITAL ITALIANO DE BUENOS AIRES, CABA, ⁷INSTITUTO DE MEDICINA TRASLACIONAL E INGENIERÍA BIOMÉDICA-CONICET, UHIBA, HIBA, CABA. Contacto: julieta.trinks@hospitalitaliano.org.ar

Introducción: Son escasos los datos sobre el impacto de los factores de riesgo metabólicos, como la diabetes mellitus tipo 2 (DM2), en la contribución del microbioma intestinal al desarrollo de la MASLD.

Objetivos: Identificar firmas moleculares específicas del metaboloma y metatranscriptoma intestinal de pacientes diabéticos y no diabéticos con MASLD.

Materiales y Métodos: Se reclutaron 34 pacientes con MASLD confirmado por biopsia, de los cuales 14 eran diabéticos (MASLD+DM2) tratados con metformina. Se analizaron las características demográficas, clínicas y dietarias de los participantes, quienes proporcionaron una muestra de sangre y de materia fecal. El metaboloma fecal se estudió por HPLC-MS, y el *software* MetaboAnalyst analizó las diferencias entre los grupos MASLD+DM2 y MASLD-DM2. El metatranscriptoma fecal se secuenció con NovaSeq6000® y la expresión génica diferencial entre grupos se analizó con el *workflow* DESeq2/bioBakery. La interacción entre los componentes del metatranscriptoma y metaboloma diferenciales entre ambos grupos fue analizada mediante una red de correlación ponderada basada en el coeficiente de correlación de Spearman.

Resultados: No se detectaron diferencias significativas en cuanto a la edad, sexo, IMC, dieta, ni estadio clínico de la MASLD entre los grupos ($p>0,05$). El grupo MASLD+DM2 presentó concentraciones aumentadas de los metabolitos valerilcarnitina y octadecadienilcarnitina, y disminuidas de trigonelina al compararlo con MASLD-DM2 ($q<0,05$). La expresión génica de *Desulfobacteraceae bacterium*, la arquea *Methanobacterium bryantii*, el fago *Carjivirus communis* y el fago *Taranis de Faecalibacterium* se encontró aumentada en MASLD+DM2, mientras que la actividad de *Phocaeicola coprophilus*, los fagos *Mushu de Faecalibacterium*, 4A7 de *Escherichia*, P4 de Enterobacteria y SfIV de *Shigella*, *Blastocystis hominis* y las arqueas del orden *Methanomassiliicoccales* se encontró significativamente disminuida ($q<0,01$). La red de correlación destacó el rol regulador en el microbioma de MASLD+DM2 de los fagos 4A7 de *Escherichia*, P4 de enterobacteria y SfIV de *Shigella*, y la arquea *Methanobacterium bryantii*, y evidenció una fuerte correlación negativa entre valerilcarnitina y trigonelina.

Conclusiones: La actividad y el perfil metabólico del microbioma intestinal presentan firmas moleculares específicas en los pacientes diabéticos con MASLD. Estas diferencias evidencian mecanismos fisiopatogénicos de la MASLD dependientes del perfil metabólico del paciente.

O3

DESARROLLO Y OPTIMIZACIÓN DE UN NOVEDOSO INMUNOENSAYO CON ETIQUETA FLUORESCENTE PARA LA DETECCIÓN DE AUTOANTICUERPOS EN DIABETES AUTOINMUNE

Gisela Florencia RODAS, Silvina Sonia BOMBICINO, Juan Ignacio MARFÍA, Frank Fabrizio RODRÍGUEZ FRANCO, Silvia Noemí VALDEZ, Aldana TRABUCCHI

CÁTEDRA DE INMUNOLOGÍA, FACULTAD DE FARMACIA Y BIOQUÍMICA, UBA. IDEHU, CONICET-UBA, CABA. Contacto: aldanatrabucchi@gmail.com

Introducción: La identificación de autoanticuerpos contra las células beta pancreáticas en personas asintomáticas es el primer indicador de pérdida de función beta y progresión hacia la diabetes mellitus tipo 1 (DM1). Su detección temprana puede prevenir un inicio agudo con complicaciones graves, así como también facilitar una terapia preventiva. Debido a sus bajas concentraciones, se requieren métodos altamente sensibles y específicos para detectarlos.

Objetivos: Desarrollar inmunoensayos de fase sólida altamente sensibles y cuasi-cuantitativos, revelados con etiquetas fluorescentes, para la detección individual o simultánea de los autoanticuerpos anti-GAD (GADA) y anti-ZnT8 (ZnT8A).

Materiales y Métodos: Se plantearon dos inmunoensayos empleando como antígenos a la GAD producida en *E. coli* como proteína de fusión con tiorredoxina (TrxGAD) y a una molécula quimérica ZnT8/GAD producida en células de insecto Sf9. El diseño de los inmunoensayos se basó en el modelo de doble paratope en el cual los autoanticuerpos presentes en el suero de los pacientes interactúan con el antígeno inmovilizado en la placa *multiwell* y con el antígeno soluble marcado con biotina, revelándose con un fluorocromo. Se analizaron 27 sueros humanos normales (SHN) para establecer el valor de corte y 21 muestras de pacientes con DM1 GADA+ y/o ZnT8A+ determinados por el método de referencia (RBA). Las intensidades de fluorescencia de cada *well* se analizaron con Image J software y los resultados se expresaron como *score* de desvío standard (sDS).

Resultados: Empleando TrxGAD, la especificidad del inmunoensayo fue del 100% ya que todos los SHN fueron negativos (rango de sDS 1.43 a 1.93 y mediana -0.44). De 19 muestras GADA+ por RBA, 11 (58%) fueron positivas por el método desarrollado (rango de sDS de -1.14 a 7.88 y mediana 5.60). Empleando la molécula quimérica ZnT8/GAD, de 21 muestras positivas por RBA, 16 (76%) fueron positivas por el inmunoensayo propuesto (rango de sDS de 1.03 a 6.62 y mediana 5.69), siendo la especificidad del 100% (rango de sDS de SHN 1.61 a 1.50 y mediana 0.16). La diferencia de señales obtenidas entre las poblaciones analizadas para ambos casos fue altamente significativa ($p<0,0001$).

Conclusiones: Se lograron desarrollar dos inmunoensayos con etiqueta fluorescente para la detección de GADA y ZnT8A/GADA. El diseño propuesto constituye una herramienta analítica de fácil ejecución útil como método de *screening* rutinario en laboratorios de mediana y baja complejidad.

O4

ALTERACIONES SEXO-DEPENDIENTES EN EL HÍGADO DE FETOS DESCENDIENTES DE RATAS MACHO CON DIABETES

Irene PIRRONE¹, Virginia TAYLOR¹, Verónica MONTERO², Verónica VILA DIAZ², Alicia JAWERBAUM¹, Evangelina CAPOBIANCO¹

¹CEFYBO-UBA-CONICET, ²HOSPITAL SAN JUAN DE DIOS, PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: iru.pirrone@gmail.com

Introducción: La diabetes materna conduce a alteraciones en el metabolismo lipídico hepático fetal que condicionarán la salud metabólica luego del nacimiento. Sin embargo, los mecanismos mediante los cuales la diabetes paterna programa patologías metabólicas en su descendencia y pueden evidenciarse desde la vida fetal aún no han sido dilucidados.

Objetivos: Estudiar la programación paterna de las alteraciones en el metabolismo lipídico en el hígado de fetos hembra y macho a término a partir de un modelo de diabetes paterna en ratas.

Materiales y Métodos: Ratas Wistar macho controles (glucemia 93 ± 6 mg/dl) y diabéticas (obtenidas mediante inyección neonatal de estreptozotocina, 90 mg/kg, glucemia: 189 ± 19 mg/dl) fueron apareadas con hembras sanas ($n=8$). En el día 21 de gestación, las ratas preñadas con machos controles (grupo C) y con machos diabéticos (grupo D) fueron sometidas a eutanasia y los fetos fueron pesados, sexados; se obtuvo plasma e hígado fetal, el cual también fue pesado y guardado a -80°C para la posterior determinación de lípidos (mediante TLC). En el plasma paterno, materno y fetal se determinaron los niveles de glucemia, trigliceridemia y colesterolemia mediante kits colorimétricos (Wiener Lab). En el plasma fetal también se determinaron los niveles de proteína C reactiva ultrasensible (mediante autoanalizador Cobas 6000, ROCHE).

Resultados: La glucemia, trigliceridemia y colesterolemia paterna fueron mayores en diabéticos que en controles ($p<0,05$). La glucemia y trigliceridemia materna fueron similares en ambos grupos. La glucemia y colesterolemia fetal, y el peso corporal y del hígado fetal fueron similares en los grupos C y D, pero la trigliceridemia y la PCR se encontraron incrementadas en fetos hembra y macho del grupo D con respecto al C (trigliceridemia: incremento del 6,8% y 12,3%, respectivamente, $p<0,05$; PCR: incremento de 4,7 y 8,6 veces, respectivamente, $p<0,05$). En el hígado de fetos hembra del grupo D se observó un incremento en ácidos grasos libres (44,5%; $p<0,05$) y triglicéridos (62,0%; $p<0,05$) con respecto al C. En el hígado de fetos macho del grupo D observamos un incremento en los niveles de fosfolípidos y triglicéridos con respecto al C (35,7% y 122,6%, respectivamente, $p<0,05$).

Conclusiones: La diabetes paterna conduce a la programación de procesos proinflamatorios y alteraciones en los niveles de lípidos en el hígado fetal, un órgano altamente relacionado con la programación de enfermedades metabólicas en la vida posnatal de la descendencia.

O5

EFFECTOS DE UN CONCENTRADO PROTEICO OBTENIDO DE UN CAMARÓN DE LA CUENCA DEL PARANÁ SOBRE LA PRESIÓN ARTERIAL, LA LIPOTOXICIDAD Y EL ESTRÉS OXIDATIVO RENAL EN UN MODELO EXPERIMENTAL DE SÍNDROME METABÓLICO INDUCIDO POR LA ADMINISTRACIÓN DE UNA DIETA RICA EN SACAROSA

Michelle Berenice VEGA JOUBERT¹, Pablo Agustín COLLINS², María Eugenia D'ALESSANDRO¹

¹LABORATORIO DE ESTUDIO DE ENFERMEDADES METABÓLICAS RELACIONADAS CON LA NUTRICIÓN, FBCB, UNL/CONICET, ²INSTITUTO NACIONAL DE INMUNOLOGÍA (CONICET-UNL), PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: michellevegajoubert@gmail.com

Introducción: La lipotoxicidad y el estrés oxidativo desempeñan un papel clave en la fisiopatología del síndrome metabólico (SM) siendo el riñón un órgano altamente vulnerable al daño. Los aminoácidos funcionales (AAF) participan y regulan vías metabólicas claves para mejorar la salud. Entre sus beneficios se incluyen efectos antilipémicos, antihipertensivos y antioxidantes, entre otros. Los crustáceos dulceacuícolas poseen un alto contenido de proteínas y aminoácidos funcionales y serían una estrategia terapéutica prometedora en la prevención de numerosas enfermedades metabólicas como la obesidad, la diabetes o los desórdenes cardiovasculares.

Objetivos: Evaluar el efecto de un concentrado proteico de camarón (*Macrobrachium borellii*) sobre la hipertensión, la lipotoxicidad y el estrés oxidativo renal en ratas alimentadas con una dieta rica en sacarosa (DRS).

Materiales y Métodos: Ratas macho Wistar fueron alimentadas durante 90 días: 1) Dieta control (DC); 2) DRS; 3) DRS con reemplazo parcial (50%) de la fuente proteica caseína por un concentrado proteico de camarones (DRS+CAM). Determinaciones: seguimiento del peso corporal, ingesta energética y de agua, diuresis y presión arterial (PA). Suero: glucosa, triglicéridos (TG), colesterol (COL), ácidos grasos no esterificados (AGNE) y ácido úrico. Peso de tejidos adiposos viscerales. Riñón: peso del órgano, contenido de TG y COL, sustancias reactivas al ácido tiobarbitúrico (TBARS), especies reactivas del oxígeno (ROS), glutatión (GSH) y actividad de las enzimas catalasa (CAT), glutatión peroxidasa (GPx) y glutatión reductasa (GR).

Resultados: La incorporación del concentrado proteico de camarón en el grupo DRS disminuyó ($p<0,05$): la ganancia de peso corporal, la PA sistólica y diastólica, los niveles séricos de glucosa, COL, AGNE, ácido úrico y el peso de los tejidos adiposos retroperitoneal y mesentérico, sin cambios en la ingesta energética y de agua y los niveles de TG en suero. En el riñón disminuyó el contenido de TG, COL y ROS alcanzando valores similares al grupo DC. Las reducidas actividades de las enzimas antioxidantes (CAT, GPx y GR) observadas en el grupo DRS lograron incrementarse en el grupo DRS+CAM. No se encontraron diferencias en los niveles de GSH entre los grupos.

Conclusiones: El consumo de camarón *M. borellii* podría ser beneficioso para prevenir o atenuar la hipertensión, la lipotoxicidad y el estrés oxidativo renal en el manejo del SM.

O6

DIETAS RICAS EN ACEITE DE OLIVA PREVIENEN LA PROGRAMACIÓN DE MARCADORES PROINFLAMATORIOS Y DE LA ANÓMALA DECIDUALIZACIÓN EN EL ÚTERO DE LA DESCENDENCIA Y DE FETOS DE RATAS CON DIABETES

Cintia Romina GATTI, Florencia SCHIBERT, Irune PIRRONE, María Laura LEONARDI, Romina HIGA, Alicia JAWERBAUM
CEFYO-UBA-CONICET, CABA. Contacto: gatticintia90@gmail.com

Introducción: La diabetes materna conduce a un entorno proinflamatorio intrauterino vinculado a la adversa programación fetal. Dietas ricas en aceite de oliva extra virgen (EVOO) regulan procesos antiinflamatorios/antioxidantes. Previamente, carac-

terizamos un modelo de diabetes pregestacional (F0) que programa diabetes gestacional en la descendencia (F1), donde se observan alteraciones en la decidualización, proceso clave en la implantación y desarrollo feto-placentario. Estas alteraciones en la decidualización podrían estar programadas en la F1 en forma previa a la gestación e incluso desde la etapa fetal.

Objetivos: Evaluar si la suplementación dietaria con EVOO en ratas con diabetes pregestacional (F0) regula los niveles de marcadores de decidualización (microRNA-21, miR-21) y receptor de prolactina (rPRL), y del entorno proinflamatorio/prooxidante (factor de necrosis tumoral alfa, TNF alfa), metaloproteasa 9 (MMP9) y 4-hidroxinonenal (4HNE) en el útero decidualizado de la descendencia prepúber (F1) de ratas diabéticas y en el útero fetal.

Materiales y Métodos: Se indujo un modelo de diabetes moderada en la F0 mediante la administración neonatal de estreptozotocina (90 mg/kg sc). Hembras sanas y con diabetes fueron apareadas con machos sanos, y durante la gestación recibieron o no una dieta enriquecida en EVOO (6%). La F1 fue alimentada con dieta estándar, y al día 30 posnatal se evaluó el útero decidualizado (mediante PMSG 50 UI/hCG 50 UI). Los úteros fetales se estudiaron al día 21 de preñez de la F0. Se evaluaron los niveles de rPRL (Western Blot/qPCR), MMP9 y 4HNE (inmunohistoquímica), y la expresión de TNFalfa y miR-21 (qPCR). Los resultados fueron analizados mediante ANOVA.

Resultados: En el útero decidualizado de la descendencia de ratas con diabetes se evidenciaron menores niveles de rPRL y miR-21 (-47% y -75%; $p < 0.05$), y mayores niveles de TNFalfa y MMP9 (70% y 49%; $p < 0.01$) en relación con el control. Estas alteraciones fueron prevenidas mediante la dieta enriquecida en EVOO. A nivel fetal, el útero mostró mayores niveles de 4HNE (50%; $p < 0.01$) y menor expresión de rPRL (-43%; $p < 0.05$), alteraciones prevenidas mediante la dieta rica en EVOO.

Conclusiones: La diabetes materna programa en la descendencia prepúber un entorno prooxidante/proinflamatorio y anomalías en los moduladores de la decidualización, evidentes desde la etapa fetal, y que se previenen con el tratamiento dietario con EVOO en la gestación de la F0.

O7

ANÁLISIS DE LOS NIVELES DE ADN MITOCONDRIAL CIRCULANTE EN UNA POBLACIÓN DE INDIVIDUOS CON OBESIDAD

Mailén ROJO¹, Andrea MILLÁN¹, Alejandra DUARTE, María Constanza PAUTASSO¹, Gloria CERRONE¹, Gustavo FRECHTEL², Hernán PÉREZ²

¹ INSTITUTO DE INMUNOLOGÍA, GENÉTICA Y METABOLISMO (INIGEM), UBA/CONICET, FACULTAD DE FyB, ²HOSPITAL DE CLÍNICAS, CABA.

Contacto: hernanperez82@gmail.com

Introducción: Si bien el ADN mitocondrial circulante (ADNmt-c) ha sido ampliamente estudiado como biomarcador de inflamación sistémica, recientemente ha emergido como potencial indicador de riesgo de enfermedades metabólicas (EM) y cardiovasculares (ECV). Estudios previos demostraron que los niveles de ADNmt-c están elevados en individuos con obesidad y DM2, sugiriendo una relación entre la disfunción mitocondrial y estas condiciones. La probabilidad de desarrollar EM aumenta con el número de factores de riesgo presentes en un individuo. Se ha descrito a un subgrupo de personas obesas que están protegidas contra el desarrollo de EM y presentan un fenotipo de obesidad metabólicamente saludable (OMS). Hasta el momento nada se sabe sobre los niveles de ADNmt-c en OMS y no saludable (OMNS). Comprender el rol del ADNmt-c en la fisiopatología de estas enfermedades permitirá mejorar la detección y el tratamiento temprano.

Objetivos: Evaluar los niveles de ADNmt-c en suero y su correlación entre los parámetros metabólicos en individuos OMS en comparación con OMNS y PN. Este trabajo busca comprender si los niveles elevados de este biomarcador están asociados a un mayor riesgo metabólico y cardiovascular.

Materiales y Métodos: En el Servicio de Nutrición del Hospital de Clínicas José de San Martín se recopilaron datos demográficos, edad y sexo de 24 individuos PN, 14 OMS y 14 OMNS. Se realizaron mediciones antropométricas, se tomó la presión arterial (PAS, PAD) y se llevaron a cabo estudios bioquímicos estandarizados (c-HDL, c-LDL, triglicéridos, glucemia, hemoglobina glicosilada, PCRus). El número de copias de ADNmt-c en suero se determinó mediante qPCR en tiempo real con el método SYBR Green. Se utilizaron ANOVA de una vía y la prueba de Tukey para comparar las características bioquímicas, clínicas y antropométricas, así como el contenido de ADNmt-c en suero.

Resultados: Identificamos una regresión lineal positiva entre el ADN mitocondrial libre en suero y los niveles de glucemia, hemoglobina glicosilada y el índice HOMA ($p < 0.01$). También encontramos que los niveles de ADNmt-c estaban correlacionados negativamente con los niveles de c-HDL y positivamente con el índice Castelli. Los niveles de ADNmt-c estaban elevados en individuos con obesidad ($p < 0.01$). No se encontraron diferencias en la cantidad de ADNmt-c entre individuos OMS y OMNS. Se observó una débil relación lineal positiva entre los niveles de ADNmt-c y la proteína C reactiva (PCRus) ($p = 0.27$).

Conclusiones: El ADNmt-c se encuentra aumentado en la obesidad y estaría relacionado con el control glucémico y la resistencia a la insulina pudiendo contribuir al monitoreo de trastornos metabólicos, como la DM. A pesar de haber encontrado una correlación entre el ADNmt-c y los niveles de HDLc, no fue posible distinguir los grupos de individuos con y sin síndrome metabólico. El aumento en los niveles de ADNmt-c podría estar asociado a un mayor riesgo cardiovascular según el índice Castelli. La débil relación observada entre los niveles de ADNmt-c y PCRus sugiere que este podría estar implicado en otros procesos biológicos, además de aquellos relacionados con la activación de mecanismos inflamatorios. Los resultados sugieren que el ADNmt-c en suero está asociado con varios parámetros metabólicos y de riesgo cardiovascular, lo que refuerza su potencial uso como biomarcador en la evaluación de las EM y las ECV. Sin embargo, se requiere más investigación para comprender mejor las implicaciones de estos hallazgos y para determinar la utilidad clínica del ADNmt-c en diferentes contextos de salud.

4-FENIL BUTIRATO Y DIETA NO SALUDABLE: ROL DEL ESTRÉS DEL RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO EN LAS ALTERACIONES METABÓLICAS HEPÁTICAS INDUCIDAS POR FRUCTOSA

María Cecilia CASTRO¹, Sherley FARROMEQUE², María Laura MASSA², Bárbara MAIZTEGUI², Flavio FRANCINI²

¹INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS DE LA SALUD, FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD, UNICEN, ²CENTRO DE ENDOCRINOLOGÍA EXPERIMENTAL Y APLICADA (CENEXA-FCM-UNLP-CONICET), PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: mccaastro05@yahoo.com.ar

Introducción: La dieta rica en fructosa (DRF) promueve estrés oxidativo (EO), estrés del retículo endoplásmico (RE), cambios endocrino-metabólicos, insulinoresistencia (IR) y respuesta inflamatoria, alteraciones similares a las observadas en la prediabetes (PD). A nivel hepático, la activación del estrés del RE participaría en el desarrollo y progresión de la PD a diabetes mellitus tipo 2 (DM2). El uso de la chaperona química ácido 4-fenil butírico (4-PBA) optimizaría el plegamiento de las proteínas y disminuiría el estrés del RE, mejorando la disfunción hepática.

Objetivos: Estudiar a nivel hepático los efectos de la administración de 4-PBA sobre las alteraciones en el metabolismo de carbohidratos, marcadores de estrés del RE y EO inducidos por la DRF.

Materiales y Métodos: Ratas SD macho se dividieron en tres grupos y se alimentaron durante 21 días: grupo control (C) con dieta comercial estándar y agua corriente; grupo F con dieta comercial estándar y fructosa 10% en el agua de bebida, y FPBA: F más 4-PBA administrado los últimos 5 días de tratamiento (i.p., 50 mg/kg). A los 21 días, las ratas se sacrificaron para determinar parámetros séricos y estudiar a nivel hepático el metabolismo de carbohidratos y marcadores de estrés del RE y EO.

Resultados: Las ratas alimentadas con DRF presentaron hipertrigliceridemia, disminución del col-HDL y aumento del col-noHDL, índice TG/HDL, actividad de fructoquinasa (FQ) y glucosa-6 fosfato deshidrogenasa (G-6-PDH) acompañados por mayor contenido de glucógeno hepático ($p < 0,05$). En las ratas F se registró además un aumento en la expresión génica de marcadores de estrés del RE (PERK e IRE-1) y disminución del contenido de GSH (marcador de EO). El tratamiento con la chaperona revirtió todas las alteraciones séricas y mejoró las actividades de FQ (C: $0,059 \pm 0,006$, F: $0,087 \pm 0,004$, FPBA: $0,060 \pm 0,007$ U/mg proteína) y G-6-PDH (C: $0,063 \pm 0,005$, F: $0,113 \pm 0,015$, FPBA: $0,077 \pm 0,013$ U/mg proteína), así como el contenido de glucógeno hepático (C: $98,38 \pm 4,16$, F: $143,20 \pm 12,67$, FPBA: $97,12 \pm 10,52$ $\mu\text{mol/mg}$ tejido %) y GSH (C: $16,72 \pm 0,80$, F: $13,82 \pm 0,85$, FPBA: $17,07 \pm 0,70$ $\mu\text{mol/mg}$ proteína). También mejoraron los niveles de ARNm de los marcadores de estrés del RE (PERK C: $1 \pm 0,16$, F: $2,63 \pm 0,14$, FPBA: $1,93 \pm 0,13$ UR; IRE-1 C: $1 \pm 0,05$, F: $3,06 \pm 0,17$, FPBA: $0,79 \pm 0,06$ UR).

Conclusiones: El tratamiento con 4-PBA revirtió los cambios producidos por la DRF a nivel hepático. Nuestros resultados promueven el empleo de esta chaperona para el desarrollo de nuevas herramientas terapéuticas en la prevención y tratamiento de la PD.

ASOCIACIÓN ENTRE PARÁMETROS BIOQUÍMICOS Y EL POLIMORFISMO RS174547 EN EL GEN FADS1 EN POBLACIÓN ADULTA RESIDENTE EN TRES MUNICIPIOS DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES CON RIESGO ELEVADO DE DESARROLLAR DIABETES TIPO 2

Luciana OLMEDO¹, Jorge ELGART², Hernán DOPAZO¹, Magalí PELLON MAISON¹, Flavio FRANCINI²

¹INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOQUÍMICAS DE LA PLATA (INIBIOLP), UNLP, CONICET CCT LA PLATA, ²CENTRO DE ENDOCRINOLOGÍA EXPERIMENTAL Y APLICADA (CENEXA-FCM-UNLP-CONICET), PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: magalipellon@med.unlp.edu.ar

Introducción: La diabetes mellitus tipo 2 (DM2) es una enfermedad multifactorial que se desarrolla por la interacción compleja entre factores genéticos y ambientales diversos. Entre los factores genéticos, el polimorfismo rs174547 T/C del gen FADS1 se ha asociado con el riesgo de desarrollar síndrome metabólico y DM2, aunque los hallazgos dependen de la población en estudio. El gen FADS1 codifica para la enzima $\Delta 5$ desaturasa, implicada en la síntesis endógena de ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga a partir de precursores esenciales. El alelo C se ha asociado con una menor actividad de la enzima, y consecuentemente con una disminución de la síntesis endógena de ácido araquidónico (ω -6), ácido eicosa-pentaenoico y docosahexaenoico (ω -3).

Objetivos: Estudiar la posible asociación entre esta variante genética con parámetros bioquímicos y antropométricos en una población con riesgo elevado de desarrollar DM2.

Materiales y Métodos: La población en estudio correspondió a un total de 164 adultos de ambos sexos, con un riesgo incrementado de desarrollar DM2 (puntuación ≥ 13 en el cuestionario FINDRISC), previamente reclutados en el estudio PPD-BA en 3 municipios de la provincia de Buenos Aires. Al inicio del reclutamiento se realizó una evaluación clínica, antropométrica y bioquímica en la que se recogieron las variables peso, talla, circunferencia de cintura, glucemia en ayunas, glucemia posprandial, hemoglobina glicosilada (HbA1c), triglicéridos, colesterol total, HDL-colesterol y LDL-colesterol. Además, se extrajeron muestras de ADN a partir de las cuales se obtuvieron los genotipos para el SNP en el gen FADS1 mediante qPCR utilizando sondas Taqman. La asociación entre los genotipos y los parámetros bioquímicos y antropométricos se realizó mediante modelos lineales multivariados (ANCOVA y regresión lineal múltiple) y regresión logística multivariada. Las variables de ajuste utilizadas fueron edad, sexo, nivel de actividad física y hábito tabáquico.

Resultados: Las frecuencias genotípicas obtenidas fueron de 38,4%, 37,8% y 23,8% para CC, CT y TT respectivamente. La probabilidad de tener un nivel de Hb1c $\geq 5,7\%$ fue 3,6 veces mayor para los homocigotas TT con relación a los homocigotas CC (OR: 3,6, IC 95%: 1,1- 12,5; $p=0,035$). Adicionalmente, los homocigotas TT tuvieron mayores niveles de creatinina en comparación con los homocigotas TT (CC=0,73 mg/dl vs. TT= 0,83 mg/dl; $p=0,022$). Aunque se observaron tendencias, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas para glucemia en ayunas, glucemia posprandial, variables antropométricas y de perfil lipídico entre genotipos

Conclusiones: El genotipo rs174547 para el gen FADS1 se asocia con estado de prediabetes en la población en estudio.

O10

EFFECTOS DE LA ADMINISTRACIÓN DE UN CONCENTRADO PROTEICO OBTENIDO DE UN CRUSTÁCEO DULCEACUÍCOLA NATIVO SOBRE LA DISLIPEMIA, LIPOTOXICIDAD Y METABOLISMO LIPÍDICO DEL MÚSCULO ESQUELÉTICO EN UN MODELO DE SÍNDROME METABÓLICO EXPERIMENTAL. ROL DE NF- κ B FOSFORILADO

María Eugenia OLIVA¹, Valentina María DEGRAVE², Pablo COLLINS³, María Eugenia D'ALESSANDRO¹

¹LABORATORIO DE ESTUDIO DE ENFERMEDADES METABÓLICAS RELACIONADAS CON LA NUTRICIÓN, FBCB, UNL/CONICET, ²LABORATORIO DE ESTUDIO DE ENFERMEDADES METABÓLICAS RELACIONADAS CON LA NUTRICIÓN-FBCB-UNL, ³INSTITUTO NACIONAL DE LIMNOLOGÍA (CONICET-UNL). PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: olivaeugenia@hotmail.com

Introducción: El síndrome metabólico (SM) se define como un conjunto de alteraciones que predisponen al desarrollo de enfermedad cardiovascular (ECV) y diabetes mellitus tipo 2 (DM2). El músculo esquelético contribuye de forma importante al metabolismo energético de todo el organismo. La acumulación de grasa intramuscular desempeña un papel en el desarrollo de la lipotoxicidad. Varios mecanismos contribuyen al desarrollo de la misma, entre ellos, una mayor disponibilidad de lípidos, alteraciones en la captación/transporte, oxidación, síntesis y degradación, y cambios en la expresión de factores de transcripción (PPAR α , SREBP-1c y NF- κ B). Recientemente se ha visto que la activación de la vía de IKK β /NF- κ B conduce a la acumulación de lípidos intracelulares. Encontrar nuevos enfoques terapéuticos para prevenir o mejorar estas alteraciones y mitigar el riesgo de complicaciones asociadas es una prioridad en la investigación. Un grupo de interés biológico por sus cualidades son los crustáceos decápodos de la cuenca del Río Paraná, Argentina, los cuales tienen posibles beneficios para la salud humana por su alto contenido de proteínas y aminoácidos funcionales.

Objetivos: Evaluar los efectos de un concentrado proteico obtenido de una especie de camarón de la cuenca del Paraná (*Macrobrachium borellii*) sobre la dislipemia, la lipotoxicidad y el metabolismo lipídico en el músculo esquelético de animales alimentados con una dieta rica en sacarosa (modelo de SM) durante 90 días. Investigar el rol del factor de transcripción NF- κ Bp65 fosforilado.

Materiales y Métodos: Ratas macho Wistar fueron alimentadas durante 90 días: 1) Dieta de Referencia (DR); 2) Dieta Rica en Sacarosa (DRS); 3) DRS+CAM: DRS conteniendo 18% de proteínas [9% (p/p) de caseína y 9% (p/p) concentrado de proteínas de camarón. Determinaciones: seguimiento del peso corporal e ingesta energética. Suero: glucosa, triglicéridos (TG), colesterol, ácidos grasos libres y ácido úrico. Músculo esquelético gastrocnemio: determinación del contenido de TG, actividades enzimáticas de enzimas lipogénicas: acetil-CoA carboxilasa, sintasa de ácidos grasos, glucosa-6-fosfato deshidrogenasa, enzima málica, actividad de la enzima carnitina-palmitoil transferasa 1 involucrada en la oxidación mitocondrial de ácidos grasos. Masa proteica del NF- κ Bp65 fosforilado (Western blot).

Resultados: Los resultados mostraron que la administración del concentrado proteico del camarón dulceacuícola en el grupo DRS mejoró la dislipidemia, disminuyó el contenido de TG y las actividades de las enzimas lipogénicas, y aumentó la actividad de la enzima CPT-1 del músculo esquelético gastrocnemio, alcanzando valores similares a los del grupo DR. Además, se observó una disminución significativa de la masa del factor de transcripción pNF- κ Bp65, alcanzando valores similares al grupo DR.

Conclusiones: El presente estudio demostró nuevas propiedades y mecanismos moleculares de la administración de un concentrado proteico de camarón dulceacuícola sobre la lipotoxicidad, el metabolismo lipídico (lipogénesis vs. oxidación) y el rol del factor de transcripción pNF- κ B p65 (vía IKK/NF- κ B) del músculo esquelético gastrocnemio en un modelo experimental de SM, representando una estrategia potencial para el tratamiento/prevención de los trastornos implicados en el SM.

O11

PREDICCIÓN DEL TIPO DE MODY PRESENTE EN INDIVIDUOS CLÍNICAMENTE CARACTERIZADOS MEDIANTE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO (MACHINE LEARNING), EN BASE A PARÁMETROS BIOQUÍMICOS, CLÍNICOS Y GENÉTICOS

Daniela MENNICKENT¹, Alejandro DE DIOS², María Silvia PÉREZ³, Gustavo FRECHTEL², Ariel Pablo LÓPEZ⁴, Andrea MILLÁN⁴

¹DEPTO. DE CIENCIAS BÁSICAS Y MORFOLOGÍA, FAC. DE MED., UNIVERSIDAD CATÓLICA DE LA SANTÍSIMA CONCEPCIÓN, ²DIVISIÓN NUTRICIÓN, HOSPITAL DE CLÍNICAS JOSÉ DE SAN MARTÍN, UBA, ³LABORATORIO MANLAB, ⁴CÁTEDRA DE GENÉTICA, FACULTAD DE FARMACIA Y BIOQUÍMICA, UBA. CABA. Contacto: aplopez@ffybu.uba.ar

Introducción: La diabetes MODY se produce por variaciones patogénicas en diferentes genes y se diferencia de las diabetes clásicas por su patogénesis, tratamiento y pronóstico. Pese a ello, muchas veces los pacientes son mal diagnos-

ticados y tratados de forma deficiente con deterioro de su calidad de vida y pronóstico. Dado que posterior a la caracterización clínica de posible MODY se realiza el diagnóstico por secuenciación del gen candidato, muchas veces resulta difícil establecer qué gen estudiar primero. Por lo tanto, hemos aplicado el aprendizaje automático (*Machine Learning*, ML) sobre variables bioquímicas, clínicas y genéticas para evaluar la posibilidad de predecir en individuos sin estudio genético cuál es el gen con mayores probabilidades de tener la alteración causal.

Objetivos: Evaluar el potencial de una estrategia basada en ML para diferenciar subtipos de diabetes MODY a partir de parámetros bioquímicos, clínicos y genéticos.

Materiales y Métodos: Se consideraron 33 pacientes (24 MODY2, con mutación en el gen GCK, y 9 MODY3 con mutación en el gen HNF1A) y 6 parámetros bioquímicos y clínicos: sexo, edad al momento del diagnóstico, IMC, glicemia en ayunas, HbA1c y longitud telomérica. Los datos fueron preprocesados por autoescalado y analizados mediante diferentes técnicas de aprendizaje automático de clasificación: LDA (*linear discriminant analysis*), XGBoost (*extreme gradient boosting*) y PLS-DA (*partial least squares discriminant analysis*). Todos los modelos fueron sometidos a validación cruzada dejando uno fuera, y evaluados mediante el cálculo de su tasa de no-error.

Resultados: El análisis del conjunto de 6 parámetros mediante LDA, XGBoost y PLS-DA permitió obtener una tasa de no-error en validación cruzada del 68,1%, 68,1% y 77,1%, respectivamente. Los parámetros contribuyeron al modelo en el siguiente orden decreciente de importancia: glicemia en ayunas, IMC, HbA1c, edad al momento del diagnóstico, sexo, longitud telomérica. El poder predictivo del mejor modelo de 6 parámetros fue mayor que el de los modelos generados a partir de parámetros individuales.

Conclusiones: Establecimos una aproximación sobre la aplicación de técnicas de ML para intentar predecir el gen más probable alterado en pacientes con clínica de MODY, pero sin diagnóstico molecular. Nuestros resultados muestran una diferencia significativa entre los pacientes MODY2 y MODY3, lo que podría ayudar a centrar su estudio posterior con técnicas moleculares.

O12

INFLUENCIA DE LOS HÁBITOS ALIMENTARIOS SOBRE EL GRADO DE METILACIÓN DEL ADN EN TEJIDO ADIPOSO VISCERAL

Bárbara DUMRAUF¹, María Victoria MENCUCCI¹, Ezequiel LACUNZA², Martín Carlos ABBA², Luis Emilio FLORES¹, Bárbara MAIZTEGUI¹, Juan José GAGLIARDINO¹, Flavio FRANCINI¹, Carolina Lisi ROMÁN¹

¹CENTRO DE ENDOCRINOLOGÍA EXPERIMENTAL Y APLICADA (CENEXA-FCM-UNLP-CONICET), ²CENTRO DE INVESTIGACIONES INMUNOLÓGICAS BÁSICAS Y APLICADAS. Contacto: barbaradumrauf@live.com

Introducción: El consumo de una dieta rica en fructosa (DRF) es uno de los principales factores que contribuyen a la diabetes mellitus tipo 2 (DM2). El tejido adiposo visceral (TAV) desempeña un papel fundamental actuando no solo como depósito de grasa, sino también como un órgano endocrino. Alteraciones en los patrones de metilación del ADN en diversos tejidos con alta tasa metabólica, incluido el TAV, se asocian con el desarrollo de DM2.

Objetivos: Caracterizar los perfiles de metilación del ADN en muestras de TAV de ratas alimentadas con una DRF y las posibles alteraciones resultantes del cambio en la dieta.

Materiales y Métodos: Ratas macho adultas normales consumieron una dieta comercial estándar durante 70 días y se dividieron en 3 grupos: control (C) bebió agua; F consumió fructosa al 10% en el agua de bebida; y FC bebió solución de fructosa durante 21 días, seguida de agua los 49 días restantes. Finalizado el tratamiento, se sacrificaron los animales midiéndose el perfil lipídico de triglicéridos [TG], colesterol total y c-HDL) y se calculó la relación TG/c-HDL (índice de insulino-resistencia). Se extrajo ADN del TAV y se realizó un análisis del genoma completo mediante secuenciación con bisulfito para identificar secuencias diferencialmente metiladas (DM). Se realizaron validaciones de algunos de estos genes por qPCR.

Resultados: No se observaron diferencias significativas en los niveles séricos de colesterol (total, c-HDL y c-no HDL) entre los grupos. Sin embargo, el grupo F mostró un aumento significativo de los TG (235±6 vs. 94±19) y de la relación TG/c-HDL (5,24±1,27 vs. 1,70±0,30) respecto de los animales C ($p<0,05$). Estos cambios se revirtieron significativamente en el grupo FC. Se identificaron 5 sitios CpG DM en el grupo F respecto de C, asociados con 4 genes: Uxs1, Kdm4c, Emb y LOC680200. Entre F y FC, identificamos 7 CpG DM asociados con 6 genes: Uxs1, Emb, Clvs2, LOC257642, Gas8 y Ces1f. Los niveles de ARNm de Uxs1 en los animales F disminuyeron significativamente con respecto a C, y se revirtieron en FC. En el caso de Kdm4c, los niveles de ARNm disminuyeron significativamente en los grupos F y FC comparados con C. Por último, los valores de ARNm de Ces1f disminuyeron significativamente solo en el grupo FC respecto de C y F. Los genes validados se relacionan principalmente con la apoptosis, la adipogénesis y el metabolismo de ácidos grasos.

Conclusiones: Estos hallazgos en los cambios de la metilación del ADN contribuyen a una mejor comprensión de las alteraciones metabólicas en el TAV en las primeras etapas del desarrollo de la DM2 (prediabetes). Asimismo, la demostración que una dieta saludable es capaz de revertir estas alteraciones, subraya la importancia de intervenciones nutricionales tempranas.

LA ATENUACIÓN DEL ESTRÉS DEL RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO CON CHAPERONAS QUÍMICAS REVIERTE LAS ALTERACIONES ENDOCRINO-METABÓLICAS INDUCIDAS POR UNA DIETA RICA EN FRUCTOSA EN UN MODELO MURINO DE PREDIABETES

Sherley FARROMEQUE, Carolina Lisi ROMÁN, Luis Emilio FLORES, Bárbara MAIZTEGUI,

CENTRO DE ENDOCRINOLOGÍA EXPERIMENTAL Y APLICADA (CENEXA-FCM- UNLP-CONICET), PROVINCIA DE BUENOS AIRES.

Contacto: sfarromeque@med.unlp.edu.ar

Introducción: La administración de una dieta rica en fructosa (DRF) a ratas induce cambios endocrino-metabólicos similares a los de la prediabetes (PD) humana. La insulinoresistencia (IR) presente en la PD induce una sobrecarga funcional β que activa el estrés del retículo endoplasmático (ERE), el cual cumpliría un rol crucial en la progresión de la PD a DM2.

Objetivos: Evaluar el efecto del ácido 4-fenil butírico (PBA), chaperona química que atenúa el ERE, sobre las alteraciones inducidas por una DRF en un modelo murino de PD.

Materiales y Métodos: Ratas normales consumieron por 21 días una dieta comercial estándar (C), 10% de fructosa en el agua de bebida (F) o F+PBA (50 mg/kg/día, i.p. los últimos 5 días de tratamiento). Se midieron los niveles séricos de glucosa, triglicéridos (TG), TBARS, col-total, col-HDL y la relación TG/col-HDL (índice de IR). Se realizó una prueba de tolerancia a la glucosa y se calculó el área bajo la curva (ABC). En islotes pancreáticos se midieron los niveles de expresión génica (qPCR y WB) de los marcadores de la vía de señalización de la insulina, ERE, autofagia, inflamación y apoptosis.

Resultados: Los animales F mostraron una tolerancia a la glucosa alterada (TGA) que se restableció con el tratamiento con PBA (ABC: C: 19403±473; F: 25155±939; F+PBA: 21517±1,084 mg/dl/120 min; p<0,05). La DRF aumentó los niveles séricos de TG, TBARS, col-noHDL e índice de IR, y disminuyeron los de col-HDL. El PBA revirtió todos estos parámetros. Las ratas F presentaron un aumento significativo de los niveles de ARNm de los marcadores de ERE (CHOP 24±0,5; ATF4 36±1; Xbp1s 48±1, PERK 45±8; IRE1 α 106±38%), autofagia (Hsc70 70±1; p62 48±2%), inflamación (TNF- α 233±68; IL-1 β ; 90±22; IL-6 317±81, PAI-1 140±54, NFkB 180±13%) y apoptosis (Casp-8 24±5; Bad 67±12; Casp-12 97±2; Casp-3 25±1; Casp-9 156±40%), y una disminución de los niveles de ARNm y proteína de los mediadores de la cascada de insulina. El PBA revirtió todas estas alteraciones (p<0,05).

Conclusiones: La DRF induce un estado de PD con dislipemia, estrés oxidativo, IR, TGA y sobrecarga funcional de las células junto con un ERE y un aumento del proceso de inflamación y apoptosis, responsables de la disfunción y disminución de la masa β . Todas estas alteraciones fueron revertidas/atenuadas con la administración de PBA, indicando que el uso de chaperonas químicas resultaría una alternativa terapéutica prometedora para prevenir o retrasar el desarrollo de la DM2.

REVERSIÓN DEL ESTADO DE METILACIÓN DEL ADN EN MUESTRAS DE HÍGADO DE UN MODELO MURINO LUEGO DE LA ADMINISTRACIÓN DE UNA DIETA RICA EN FRUCTOSA

Bernardita D' ALFONSO¹, María Victoria MENCUCCI¹, Bárbara MAIZTEGUI¹, Carolina Lisi ROMÁN¹, Luis Emilio FLORES¹, Martín ABBA², Ezequiel LACUNZA², Flavio FRANCINI¹

¹CENTRO DE ENDOCRINOLOGÍA EXPERIMENTAL Y APLICADA (CENEXA-FCM- UNLP-CONICET), ²CENTRO DE INVESTIGACIONES INMUNOLÓGICAS BÁSICAS Y APLICADAS-CINIBA (FCM-UNLP-CICPBA), PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: bdalfonso@med.unlp.edu.ar

Introducción: Las dietas ricas en fructosa (DRF) inducen alteraciones endocrino-metabólicas similares al síndrome metabólico humano y modificaciones epigenéticas (metilaciones del ADN), las cuales podrían revertir mediante una dieta balanceada.

Objetivos: Caracterizar los perfiles de metilación del ADN hepático en un modelo de prediabetes (PD) siguiendo su evolución durante su reversión.

Materiales y Métodos: Se procesaron hígados y suero de ratas Control -C (70 días dieta control + agua), PD (70 días dieta control + agua/10% fructosa) y Reversión -R (21 días dieta control + agua/10% fructosa y luego 49 días dieta control + agua) (ADN n=3; sueros n=6). Se secuenció el genoma completo con bisulfito para analizar metilación del ADN. Se evaluó: 1) control de calidad y preprocesamiento de lecturas (paquete de R/Bioconductor Rfastp); 2) alineación de lecturas con el genoma de referencia de rata (versión rn6) y determinación de metilación de sitios CpG (programa Bismark); 3) análisis de metilación diferencial y anotación de los sitios CpGs (paquete de R/Bioconductor Methylkit); 4) análisis de enriquecimiento funcional (paquete de R/Bioconductor Clusterprofiler).

Resultados: Ratas PD incrementaron la glucemia, TG, índices Glu-TG y TG/HDL vs. C (127±4 mg/dL, 193±18* mg/dL, 9,4±0,1* vs. 4,2±0,5), IR según el índice Glu-TG >8,8 y tolerancia a la glucosa alterada. El retorno a una dieta balanceada redujo la glucemia (111±3 mg/dL), TG (88,4±6,5* mg/dL) y mejoró la IR (Glu-TG y TG/HDL, 8,4±0,1* y 1,93±0,1* respectivamente); (*p<0,05). Se encontró un total de 415 sitios CpG diferencialmente metilados (DM) en las 3 comparaciones posibles entre los grupos; en el 58,1% se observó hipometilado y en el 41,9% hipermetilado, localizados mayoritariamente en regiones intergénicas. Estos sitios DM se asociaron a 92 genes vinculados a fosforilación oxidativa, cardiomiopatía diabética y carcinogénesis química o por estrés oxidativo. En particular, se encontraron 198 sitios DM asociados a PD (C vs. PD). De

esos sitios, solo el 12% (23 sitios CpG DM) revirtió su estado de metilación en el grupo R. Sin embargo, si nos centramos solo en los sitios CpG DM en PD, ubicados en el ADN mitocondrial, el 77% de los mismos revirtió su estado de metilación.

Conclusiones: Cambios en los hábitos alimenticios mejoran los parámetros séricos analizados, pero solo revierten parcialmente las modificaciones epigenéticas causadas por una DRF. Algunos de los sitios CpG DM no modificados por la reversión podrían tener implicancias en la progresión de PD a DM2.

O15

EL CONSUMO DE FRUCTOSA GENERA CAMBIOS ESTABLES EN EL METILOMA NUCLEAR Y MITOCONDRIAL DE ISLOTES DE RATA QUE SON ÚTILES PARA LA BÚSQUEDA DE MARCADORES EPIGENÉTICOS DE PREDIABETES

Lucía AHRTZ¹, María Victoria MENCUCCI¹, Carolina Lisi ROMÁN¹, Bárbara MAIZTEGUI¹, Flavio FRANCINI¹, Juan José GAGLIARDINO¹, Martín Carlos ABBA², Ezequiel LACUNZA², Luis Emilio FLORES²

¹ CENTRO DE ENDOCRINOLOGÍA EXPERIMENTAL Y APLICADA (CENEXA-FCM-UNLP-CONICET), ²CENTRO DE INVESTIGACIONES INMUNOLÓGICAS BÁSICAS Y APLICADAS-CINIBA (FCM-UNLP-CICPBA), PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: luislab3301@yahoo.com

Introducción: En las ratas el retorno a una dieta saludable revierte el estado similar a la prediabetes (PD) humana inducido por una dieta rica en fructosa (DRF). Sin embargo, se desconoce el impacto epigenético que produce esta conducta alimenticia sobre las células insulares.

Objetivos: Caracterizar el cambio en el metiloma insular de ratas generado por el consumo de DRF y por el retorno a una dieta saludable, e identificar posibles marcadores epigenéticos de PD (MEPD).

Materiales y Métodos: Ratas Sprague Dawley macho, adultas, divididas en 3 grupos (C, F y R) recibieron la misma comida sólida y diferentes bebidas por 70 días: las C bebieron agua; las F, fructosa al 10% p/v (DRF), y las R, DRF por 21 días, y luego agua (49 días). Determinamos parámetros séricos (glucosa, triglicéridos [TG] y colesterol total y HDL [colHDL]), y realizamos una prueba de tolerancia a la glucosa (PTG). Aislamos los islotes con colagenasa y extrajimos el ADN y ARN para analizar la metilación del ADN y validar por RT-qPCR los cambios de expresión génica (test estadístico: ANOVA y Test-t). Secuenciamos el ADN luego del tratamiento con bisulfito y realizamos el control de calidad. Las lecturas obtenidas se preprocesaron con Rfastp-Bioconductor y se alinearon para determinar la metilación diferencial con Bismark y methylKit-Bioconductor. Usamos Enrichr+KEGG para el análisis de enriquecimiento funcional.

Resultados: El estado PD-símil de las ratas F y su reversión en R se corroboró con el aumento significativo ($p < 0,05$) de los TG, el índice de IR (TG/colHDL), la PTG y los cambios significativos ($p < 0,05$) en la expresión de genes que regulan la función y masa β registrados en F respecto a C y a R. La comparación del grado de metilación del ADN de islotes C, F y R mostró un total de 1005 sitios CpGs diferencialmente metilados (DM) que correspondieron a hipometilaciones en un 88,3%, siendo el ADN mitocondrial (ADNmt) el que acumuló la mayoría de los cambios (68%). Si bien solo el 3% se alojó en regiones promotoras, cambios alojados en el cuerpo de los genes también afectaron su expresión, tal como ocurrió con los genes mitocondriales Nd1, Nd2 y Atp6 (validados por RT-qPCR). Los CpGs DM se asociaron a 104 genes, principalmente relacionados a la fosforilación oxidativa, termogénesis, cardiomiopatía diabética y enfermedades neurológicas. Solo 30 CpGs DM (asociados a los genes Uxs1, Vom2r7 y Rn18s) revirtieron en R el cambio registrado en F. Por su coincidencia con lo obtenido en leucocitos, los genes Lzts1 y Brca2 podrían proponerse como posibles MEPD.

Conclusiones: La DRF genera una marca epigenética muy estable en el ADN de células insulares (principalmente en ADNmt) que la adopción de hábitos saludables no logra revertir con la misma celeridad que lo hace a nivel metabólico-funcional. La propuesta de posibles MEPD constituye un avance en la búsqueda de herramientas de detección de la PD que le permitan al equipo de salud efectuar intervenciones precoces a fin de prevenir la DM2.

O16

CARACTERÍSTICAS Y PRESENTACIÓN DE NIÑOS, NIÑAS Y ADOLESCENTES CON DIABETES TIPO 2 EN UN HOSPITAL PEDIÁTRICO

Laura GAETE, Florencia MIARI, Agustina LACQUANITI, Patricia PALENQUE, Adriana ROUSSOS

HOSPITAL DE NIÑOS RICARDO GUTIÉRREZ, SECCIÓN NUTRICIÓN Y DIABETES, CABA. Contacto: lvgaete@yahoo.com.ar

Introducción: La diabetes mellitus tipo 2 (DM2) presenta un incremento en edades pediátricas a nivel mundial a la par que la obesidad. En los centros especializados observamos esa tendencia. Conocer y compartir las características de estos pacientes permitirá una mejor detección y abordaje de su enfermedad.

Objetivos: Describir la forma de presentación, las características clínicas, antropométricas, de laboratorio, comorbilidades/complicaciones y tratamiento inicial de niños, niñas y adolescentes (NNyA) con DM2 al diagnóstico. Relacionar las características de base y la presentación con las variables de laboratorio y los factores de riesgo personales y familiares.

Materiales y Métodos: Estudio observacional, retrospectivo que incluyó NNyA con DM2 seguidos en un hospital pediátrico entre 2/1/20 y 15/5/23. Variables: sexo, edad, peso, talla, IMC, ZIMC, cintura, forma de presentación (FP): CAD, cetosis, compensada, sintomatología de DM; internación; laboratorio (glucemia, HbA1c, péptido C, COLT, LDL, HDL, TG, col no HDL, GOT, GPT, úrico); antecedentes familiares de primer grado (AFP) y de segundo grado (AFS): obesidad (OB) y DM; factores de riesgo personales (AP): DM durante el embarazo (gestacional o previa), recién nacido pretérmino (RNPT), RCIU, bajo peso edad gestacional (BPEG), alto peso edad gestacional (APEG).

Resultados: N36; F 23 (63,9% p<0,05), X edad 13,4±2,1 (R 9-18,6), X IMC 29,7 ± 6,3, X z-score IMC +2,4±1,06, púberes 27/36 (p<0,05), OB 25/36 (69,5% p<0,05), diagnóstico en nuestro servicio N33 (CAD 4, PTOG 12, hiperglucemia 17); ya diagnosticados N3, síntomas de DM 18 (50%), requirieron internación 19(53%). Insulina de inicio:19 (53%), tiempo de insulina X 3,3 m±4,3 (R 7 d- 10 m), comienzo de metformina X 2,2 m ±2,9 (R 7d-10 m). Acantosis 24 (66,7% p<0,05), relación cintura/talla aumentada 22/22. X glucemia 300±160, XHbA1c 9,7 ±3,3, X péptido C 2,7±1,4, con una relación inversa entre glucemia y péptido C (p 0,05). Comorbilidades: hipertrigliceridemia 65%, esteatosis 64%, microalbuminuria 16,2%, prehipertensión 13,5%, 1 paciente catarata incipiente, 1 paciente aumento media íntima carotídea. FRP: OB 21(58,3%) DM 16(45%), FRS: OB 19(53%) DT 22(61%) AP: diabetes durante el embarazo 10/36(28%), RNPT o RCIU 8 (22,2%), APEG o BPEG 9 (24,3%). El 80% de los prepúberes presentó AP de DM durante el embarazo, 33% fueron APEG. Todos tenían AFP de DM y 80% AFP de OB. Los varones presentaron mayor glucemia (X 376±231 vs. 257±78; p<0,05), HbA1c (X 11,5±3,2 vs. 8,6±2,8; p<0,05) y TAG (X 277±231 vs 161±98; p<0,05); menor péptido C (X 2,09±0,9 vs. 3,11±1,5; p<0,05) y mayor % de FRP OB (11/13 vs. 10/23; p<0,05). Los pacientes con síntomas cardinales presentaron mayor glucemia (X385±185 vs. 215±53; p 0,05), HbA1c (X12,5±2 vs. 7±1,26; p 0,05), menor péptido C (X1,7±0,8 vs. 3,7±1,2; p 0,05).

Conclusión: LA DM2 fue más prevalente en mujeres, pero la presentación fue más severa en varones, con mayor hiperglucemia y menor péptido C. Si bien la mayoría de los pacientes eran púberes o postpúberes, casi un 14% eran prepuberales. La obesidad previa y los antecedentes familiares de obesidad y DM fueron prevalentes. Más de la mitad requirió insulinización al inicio. Esto marca la importancia de detectar los individuos con factores de riesgo para realizar una intervención temprana. Además, la presencia de complicaciones al diagnóstico impacta sobre el pronóstico y la calidad de vida futura de estos jóvenes.

O17

DIABETES MONOGENÉTICA EN LA INFANCIA: ANÁLISIS RETROSPECTIVO EN UN HOSPITAL PEDIÁTRICO DE TERCER NIVEL

Natalia MORENO, Irina RAMÍREZ, Cristina ALONSO, Mariana PRIETO, Consuelo BARCALA, Carolina MARTÍNEZ MATEU, Gabriela KROCHIK

HOSPITAL J.P. GARRAHAN, CABA. Contacto: moreno.natalia1087@gmail.com

Introducción: La diabetes (DM) monogénica es un tipo de DM poco frecuente que representa entre el 2,5% y 6,5% de los casos de DM infantil. Se clasifica en DM neonatal o de primera infancia, MODY, resistencia a insulina, asociada a alteraciones extrapancreáticas (ISPAD). Tener el diagnóstico molecular en los pacientes con sospecha de causa monogénica, permite ofrecer un tratamiento adecuado, disminuir el riesgo de complicaciones como también dar asesoramiento familiar.

Objetivos: Describir la presentación clínica, metabólica, caracterización genética y evolución de una serie de pacientes pediátricos con diagnóstico de DM monogénica.

Materiales y Métodos: Estudio descriptivo observacional de análisis retrospectivo de pacientes con diagnóstico fenotípico de DM monogénica seguidos en el Hospital de Pediatría S.A.M.I.C "Prof. Dr. Juan P. Garrahan", estudiados mediante un panel de los genes más frecuentemente asociados a DM monogénica.

Resultados: Se analizaron datos de 36 pacientes con sospecha de DM monogénica, el 67% (24/36) tenía el diagnóstico genético confirmado, el 14% (5/36) resultado genético negativo en el panel estudiado y el 19% (7/36) continúa en estudio. Los subtipos genéticos más frecuentes fueron: MODY2(10/24), MODY5 (5/24) y KCNJ11 (4/24), también; MODY3 (3/24), MODY1(1/24) y enfermedad mitocondrial (1/24). El 60% era mujeres y la media de edad al diagnóstico fue de 6,4±5,6 años. La presentación clínica al diagnóstico de la DM fue variada, el 5% resultó de un hallazgo de laboratorio, el 11% por POTG y el 86% presentó hiperglucemia, dentro de los cuales 3 casos con cetosis y 4 con cetoacidosis. La mediana de glucemia al diagnóstico fue de 155 mg/dl (RIC 90-866) y del péptido C al inicio 0,97 ng/ml (RIC 0.1-7.2). Encontramos la presencia de autoanticuerpos positivos en 2 pacientes para GADA y en 4 para Znt8, todos con diagnóstico genético positivo. Al corte de la última consulta, la media de edad era de 11,8±5,6 años, el z-score del peso -0,74±1,8, el z-score de la talla 0,96±1,6 y el z-score del IMC 0,14±1,5. La HbA1C media fue de 6,6%±1,5 (49,5±16,9 mmol/mol). El 44% en tratamiento dietético, el 36% con requerimiento de insulina, el 14% usa glibenclamida y el 1% glimepirida y metformina

Conclusiones: La sospecha diagnóstica es el primer paso para llegar a un diagnóstico certero, tanto es así que en contraste con los datos publicados obtuvimos mayor frecuencia de MODY 5 y KCNJ11, así como diagnóstico molecular positivo en pacientes con autoinmunidad.

O18

ESTADO HIPEROSMOLAR HIPERGLUCÉMICO EN PEDIATRÍA: REPORTE DE CASOS

Diana Carolina CARLOS OLIVA, Carolina MARTÍNEZ MATEU, Gabriela KROCHIK, Mariana PRIETO, Consuelo BARCALA

HOSPITAL J.P. GARRAHAN, CABA. Contacto: dianacarlosoliva@gmail.com

Introducción: El estado hiperosmolar hiperglucémico (EHH) es una entidad infrecuente en pediatría. Es menos común que la cetoacidosis diabética (CAD), sin embargo tiene una tasa de mortalidad mayor. En los últimos años se ha reportado un aumento en la incidencia en niños y adolescentes.

Objetivos: Describir las características y la evolución clínica de pacientes pediátricos con EHH en un hospital pediátrico de alta complejidad durante 7 años (2016-2022), y evaluar los factores de riesgo asociados como la obesidad, las enfermedades de base y los fármacos.

Materiales y Métodos: Se presenta un reporte de casos. El diagnóstico de EHH se estableció según guías ISPAD 2022.

Resultados: El Hospital J. P. Garrahan realiza el seguimiento de 400 pacientes con DM. Cada año se presentan 74 nuevos casos. De ellos, el 71,6% tiene DM1, el 6,7% DM2 y el 21,6% tiene otros tipos de DM. Nueve pacientes cumplieron los criterios diagnósticos. La edad media fue de 13,42 años. Todos presentaban una enfermedad de base. Cinco niños tenían obesidad severa con acantosis *nigricans*. Siete estaban recibiendo medicación farmacológica: corticoides, quimioterapia y psicofármacos. La mayoría presentó compromiso neurológico a su ingreso. El tratamiento instaurado se basó en solución fisiológica y/o agua destilada como líquido de inicio y mantenimiento, y la insulino terapia en algunos casos. Se asumió resolución del cuadro cuando se alcanzaba una glucemia por debajo de 600 mg/dl. El tiempo promedio para lograr ese valor fue de 14,12 horas. Como complicaciones se observaron: insuficiencia renal, rhabdomiólisis, hipertermia maligna, hiperuricemia. Dos pacientes fallecieron. Como diagnóstico final, seis niños presentaron DM secundaria y dos DM2.

Caso	Año	Sexo	Edad	AC	IMC (z-score)	OB	Acantosis	Enfermedad de base	Medicación
1	2016	M	16,5	Sí	38,3 (+3,29)	Sí	Sí	OB severa	-
2	2017	M	12,29	Sí	-	Sí	Sí	OB severa. Síndrome de Down	-
3	2017	F	13,35	No	29,9 (+2,52)	Sí	Sí	OB. Síndrome de Down. LLA	Quimioterapia, corticoides, antipsicóticos
4	2018	M	14,86	No	25 (+1,63)	No	No	Síndrome de Down. LLA	Quimioterapia, corticoides, antipsicóticos
5	2018	F	13,04	No	-	No	No	Osteosarcoma. Miocardiopatía	Quimioterapia, corticoides, diuréticos
6	2019	F	12,22	No	38,95(+3,95)	Sí	Sí	MA. Panhipopituitarismo	Desmopresina, corticoides, levotiroxina
7	2020	M	13,42	No	21,5 (+1,08)	No	No	Tumor del SNC	Quimioterapia, corticoides
8	2021	F	14,3	No	19,76 (0,02)	No	No	Rechazo de trasplante cardíaco	Tacromilus, corticoides, diuréticos

AC: antecedentes familiares.

Tabla: Características generales.

Conclusiones: El estado hiperosmolar es una entidad infrecuente en pediatría, pero con una morbimortalidad superior a la CAD. Este síndrome se presenta mayormente en pacientes con enfermedades de base y puede tener consecuencias graves si no se trata adecuadamente. La obesidad y el uso de ciertas medicaciones, como los corticoides, parecen ser factores de riesgo en el desarrollo de EHH en los pacientes. Es importante la sospecha clínica, sin esperar la tríada típica de la presentación de la DM. Los síntomas de EHH pueden confundirse con otros diagnósticos, lo que hace importante considerar la historia clínica del paciente para un diagnóstico adecuado. Es de vital importancia poder reconocer las diferencias fisiopatología con la CAD, enfatizando en la reposición inicial del volumen intravascular. Aunque no existen protocolos de tratamiento establecidos para el EHH, el uso de solución fisiológica y/o agua destilada como líquido de inicio, y la insulino terapia en casos necesarios, parecen ser medidas efectivas. El tiempo promedio para lograr una glucemia por debajo de 600 mg/dl fue de 14,12 horas, lo que indica que el tratamiento puede ser prolongado y requiere una monitorización constante del paciente.

O19

ASOCIACIÓN ENTRE INJURIA RENAL AGUDA EN NIÑOS QUE DEBUTAN CON CETOACIDOSIS DIABÉTICA Y ENFERMEDAD RENAL POR DIABETES: ESTUDIO DE CASOS Y CONTROLES

Carla MANNUCCI, María Eugenia ANDRES, Mabel FERRARO, Alejandro Abel BALESTRACCI

HOSPITAL DE NIÑOS PEDRO DE ELIZALDE, CABA. Contacto: carlamannucci@yahoo.com.ar

Introducción: Durante los episodios de cetoacidosis diabética (CAD), debido a la deshidratación severa, pueden producirse episodios de injuria renal aguda (IRA) que podrían ser un factor de riesgo para progresión a enfermedad renal por diabetes (ERD). El fundamento de la elección de este tema se basó en que no se conoce con certeza el impacto de la IRA en la aparición de la ERD en los niños y adolescentes. Por lo tanto, identificar esta asociación permitirá realizar intervenciones destinadas a prevenirla, y a su vez los pacientes que la hayan sufrido podrán tener un seguimiento más estricto para detectar su aparición y tratarla en forma precoz.

Objetivos: *Primario:* determinar si haber presentado IRA al momento de la CAD al debut se asocia a la presencia de ERD. *Secundarios:* evaluar si la gravedad de la IRA se asocia con mayor frecuencia de ERD; evaluar si la repetición de episodios de IRA se asocia con mayor frecuencia de ERD.

Materiales y Métodos: Estudio retrospectivo, de casos y controles. Los casos fueron pacientes con ERD con antecedente de CAD al debut de DM1 previamente identificados en nuestra base de datos (muestra conveniente), mientras que los controles fueron pacientes sin ERD que consultaron el mismo día que la última visita de los casos, y que cumplían los criterios de inclusión. Se excluyeron a los pacientes con enfermedad renal de otra causa. La medida de resultado fue el estado renal (ERD o no) a los 8 años de evolución de la DM1. Se realizó análisis univariado y multivariado.

Resultados: Se incluyeron 17 casos y 42 controles; 22 presentaron IRA al momento de la admisión en CAD. Comparado con los controles, los casos presentaron un promedio de HbA1c desde el debut más elevado (8,7 vs. 7,7; p=0,04), y la presencia de IRA durante la CAD fue más frecuente (12/17 vs. 10/42; p=0,001) y más severa, estadios 2 + 3 (6/17 vs. 3/42; p=0,012). Mediante análisis multivariado, solo el antecedente de IRA (OR 5,4, 95%CI 1,18-24,6; p=0,02) se mantuvo asociado significativamente con ERD.

Variable	Sin ERD (n=42)	ERD (n=17)	p
Edad a los 8 años de evolución (años), mediana RIC	12,6 (11,16)	15 (11,7-16)	0,22
Edad al diagnóstico de DM1 (años), mediana RIC	4,6 (3-8)	7,4 (3,7-8)	0,17
Sexo femenino (n,%)	20 (47,5)	8 (47)	0,96
HbA1c al debut de DM1, mediana RIC	19 (9-11,4)	11 (9-14)	0,57
Promedio de HbA1c desde el debut de DM1, mediana RIC	7,7 (7,1-8,6)	8,7 (8,1-9)	0,004
Número de CAD, mediana RIC	1 (1-1)	1 (1-2)	0,58
IRA (cualquier grado) (n,%)	10 (23,8)	12 (70,5)	0,001
IRA (grados 2+3) (n,%)	3 (7,1)	6 (35,3)	0,012
Hipertensión arterial (n,%)	0 (0)	1 (5,8)	0,28
Hipercolesterolemia (n,%)	7 (17,5)	5 (29,4)	0,29
Sobrepeso/obesidad (n,%)	6 (14,3)	5 (29,4)	0,26
Neuropatía (n,%)	3 (7,1)	1 (5,8)	1,00
Retinopatía (n,%)	1 (2,4)	1 (5,8)	1,00
Enfermedad celíaca (n,%)	11 (26,2)	3 (17,6)	0,52

Tabla 1: Parámetros asociados a la presencia de enfermedad renal por diabetes. Análisis univariado.

Variable	VIF	Odds ratio	IC 95%	p
Edad al diagnóstico de DM1	1,06	1,19	0,92-1,56	0,18
Promedio de HbA1c desde el debut de DM1	1,07	1,47	0,88-2,46	0,13
IRA (cualquier grado)	1,46	5,4	1,18-24,6	0,02
Severidad de la IRA (grados 2+3)	1,49	2,95	0,41-20,9	0,27
Modelo X ² 16,9; p=0,002 Hosmer-Lemeshow; p=0,34 Capacidad predictiva 81,4%				

VIF: factor de inflación de varianza.

Tabla 2: Parámetros asociados a la presencia de enfermedad renal por diabetes. Análisis multivariado.

Conclusiones: La presencia de IRA durante los episodios de CAD al debut de la DM1 se asoció en forma independiente con el posterior desarrollo de ERD. Mayores esfuerzos destinados a la prevención de la CAD al debut de la enfermedad podrían mejorar significativamente la función renal a largo plazo.

O20

DIABETES TIPO 2 EN LA POBLACIÓN INFANTOJUVENIL

Laura Virginia GAETE¹, María Laura ARZAMENDIA², Florencia MIARI¹, Laura BRAGUINSKY², Patricia PALENQUE¹, Alejandra FRANCHELLO², María Eugenia ANDRES², Adriana ROUSSOS¹

¹HOSPITAL DE NIÑOS RICARDO GUTIÉRREZ, SECCIÓN NUTRICIÓN Y DIABETES, ²HOSPITAL DE NIÑOS PEDRO DE ELIZALDE, CABA.

Contacto: lvgaete@yahoo.com.ar

Introducción: La diabetes mellitus tipo 1 (DM1) es el tipo más frecuente en la población infantojuvenil. En las últimas décadas, la DM2 parece presentar un incremento probablemente consecuencia del aumento de la obesidad a edades tempranas. En nuestro país no existe registro sobre la prevalencia de DM2 en niños/as y adolescentes (NNyA).

Objetivos: Determinar el porcentaje de debut de DM2 en NNyA en dos centros de referencia pediátricos en dos períodos similares. Describir y comparar las presentaciones clínicas, antropométricas y de laboratorio de los distintos tipos de DM en ambos períodos.

Materiales y Métodos: Estudio observacional, retrospectivo, multicéntrico sobre los nuevos casos de DM diagnosticados en dos centros de referencia (criterios ADA/ISPAD) durante los períodos 1/3/ 2013 al 28/2/2015 (GRUPO A) y 1/3/ 2021 al 28/2/ 2023 (GRUPO B). Se excluyeron diabetes secundarias. Variables: sexo, edad, peso, talla, IMC, z-score IMC, forma de presentación (FP): CAD, cetosis, compensada. Se clasificó el tipo de DM en DM1, DM2, MODY o neonatal según evolución clínica, péptido C al año, en algunos casos anticuerpos y estudios genéticos específicos. Se analizaron y compararon las variables entre ambos grupos.

Resultados: Grupo A: N=206; F 51%; x edad 9,4±3,8 (R 0,2-18a); x IMC: 18,46±7,3; FP: CAD 43,7%, cetosis 8,5%, compensados 47,7%. Grupo B: N=228; F 55%; x edad 9,9±3,8 (R 0,9-17,7a); x IMC 19,4±6,1; FP: CAD 53,1%, cetosis 25,7%, compensados 21,2%. Entre ambos grupos no se encontró diferencia significativa entre el porcentaje de debut de DM1: 169 (82%)

vs. 187 (82%), MODY: 4 (1,9%) vs. 3 (1,3%) y neonatal 1 (0,5%) vs. 0. La CAD fue la FP más frecuente en menores de 6 años. El Grupo B presentó menor porcentaje de población sin clasificar o sin seguimiento 9 (3,9%) vs. 18 (8,7%) p0,03, y mayor porcentaje de CAD como FP (53,1% vs. 43,7% p0,05). Se incrementó en forma significativa el porcentaje de pacientes con DM2: 29 (12,7%) vs. 14 (6,8%) p0,03. Los pacientes con DM2 en ambos grupos presentaron similar distribución por sexo (F 9/14 vs. 20/29). No presentaron diferencias significativas en x edad (12,47 vs. 13,1), xHBA1C (8,7 vs. 8,7), x péptido C (2,2 vs. 2,8). El Grupo B presentó una media y z-score de IMC mayores: x IMC (31,94 vs. 27,49; p0,04) y x z-score IMC (2,97 vs. 2,3; p0,04).

Conclusiones: El incremento significativo de la DM2 en nuestra población plantea la necesidad de aumentar la detección de factores de riesgo para realizar el diagnóstico y tratamiento precoz, así como prevenir o atenuar el riesgo de morbi-mortalidad en la población joven. Se necesitarán más estudios para establecer la prevalencia en nuestro país.

O21

TENDENCIAS EN LA TALLA EN NIÑOS LATINOAMERICANOS CON DEBUT DE DIABETES TIPO 1 DURANTE UN PERÍODO DE 3 AÑOS

Valeria HIRSCHLER¹, Claudia MOLINARI¹, María Eugenia ANDRES¹, Ángela FIGUEROA SOBRERO¹, Victoria FEMENIA¹, Guadalupe PIETROPAOLO¹, María Laura MAJOR¹, Edith Raquel SCAIOLA¹, Sandra Fabiana MAZZETTI¹, Norma Patricia PASAYO¹, Amanda Josefina BENÍTEZ¹, Andrea ESCALANTE MARASSI, Laura PARDO², Carlos DEL AGUILA VILLAR³, Julie PELICAND⁴, Ernesto BOGADO¹, Alejandra FRANCHELLO¹, Elizabeth GARCÍA RUSCA¹, Andrea Soledad REINOSO¹, Analía MORIN¹, Eduardo Alberto ROSSI¹, María Verónica VACCAREZZA¹, María Daniela RODRÍGUEZ FUENTES¹, María Paula PAZ POVEDANO¹, Ana Laura GARCÍA¹, Fabiola BLANCO⁵, Silvia GORBAN DE LAPERTOSA¹, Osvaldo NÚÑEZ ALMACHE⁶, Ana PARADA¹, Patricia BOCCO¹, Francisca RIERA⁷, María Laura ARZAMENDIA¹, Carla MANNUCCI¹, Laura BRAGUINSKY¹, Claudio GONZÁLEZ

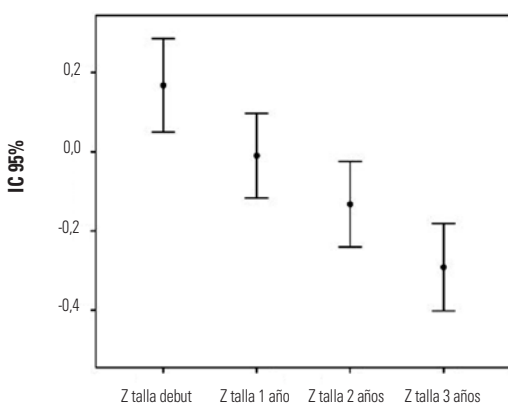
¹SOCIEDAD ARGENTINA DE DIABETES, ²SOCIEDAD URUGUAYA DE DIABETES, URUGUAY, ³UNIVERSIDAD NACIONAL FEDERICO VILLARREAL, LIMA, PERÚ, ⁴UNIVERSIDAD DE VALPARAISO, CHILE, ⁵SOCIEDAD PARAGUAYA DE DIABETES, PARAGUAY ⁶INSTITUTO NACIONAL DE SALUD DEL NIÑO, LIMA, PERÚ, ⁷UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE, SANTIAGO, CHILE. Contacto: vhirschler@gmail.com

Introducción: El pobre control metabólico en individuos con diabetes mellitus tipo 1 (DM1) puede afectar negativamente el crecimiento lineal.

Objetivos: Evaluar la tendencia en la z-talla durante un período de seguimiento de 3 años según el control metabólico en niños con debut de DM1 de varios centros latinoamericanos.

Materiales y Métodos: En un análisis retrospectivo de historias clínicas se examinaron las tendencias de z-talla, HbA1c y dosis de insulina en niños de 6 meses a 16 años diagnosticados con debut de DM1 en 19 centros latinoamericanos (Argentina, Chile, Paraguay, Perú y Uruguay) de 2020 a 2023. Se empleó un análisis de la varianza con medidas repetidas, con comparaciones *a posteriori* de Bonferroni. Se calcularon las áreas bajo la curva (AUC) de los valores de HbA1c, las dosis de insulina y la talla a lo largo de los 3 años de seguimiento. Se obtuvieron áreas incrementales o decrementales según "regla del trapecioide." Se realizó análisis de regresión lineal múltiple para evaluar la asociación las AUC de la HbA1c, dosis de insulina, y talla, edad y sexo.

Resultados: Se incluyeron 433 niños (49,0% femenino) de 8,7±3,7 años al inicio del estudio. La media de HbA1c fue de 9,9% al debut, 8,2% al año 1, 8,5% al año 2 y 8,7% al año 3. Como se puede observar, la HbA1c disminuyó significativamente después del debut, alcanzando su punto más bajo en el primer año y aumentando en los años 2 y 3, aunque manteniéndose significativamente menor que al inicio. Sin embargo, solo el 11,1% de los niños alcanzó un valor de HbA1c <7% al tercer año. Las medias de la dosis de insulina se incrementaron durante todo el seguimiento desde 0,59 UI/Kg al debut, 0,62 al año 1, 0,70 al año 2, 0,75 al año 3. Las medias de z-talla decrecieron durante todo el seguimiento desde 0,17 al debut, -0,01 al año 1, -0,13 al año 2, -0,29 al año 3. La regresión lineal múltiple demostró que AUC incremental de la HbA1c (variable dependiente) se asoció significativamente con el AUC decremental de la talla, ajustado por variables confundentes (R2=0.19).



Conclusiones: Observamos que los niños con seguimiento de 3 años con mayor decremento de talla se asociaron con un peor control metabólico ajustado por variables confundentes.

ANÁLISIS DE TIEMPO EN RANGO, TIEMPO EN RANGO ESTRECHO Y SU CORRELACIÓN CON LA HEMOGLOBINA GLICOSILADA ENTRE MICROINFUSORA MINIMED 670G Y 780G EN UN CENTRO DE CÓRDOBA

Yamilén Sofía RUEDA, Romina BENKOVIC, Luis DE LOREDO, Santiago DE LOREDO, Karina FUENTES, Silvina DALUZ, Carina Valeria DUARTE, Florencia CUTÓ

HOSPITAL PRIVADO UNIVERSITARIO DE CÓRDOBA, CÓRDOBA. Contacto: yamilenrueda@gmail.com

Introducción: El porcentaje de tiempo que los valores de glucosa están en el rango de 70 a 180 mg/dL (tiempo dentro del rango, TIR), medido con monitorización continua de glucosa, se ha convertido en una métrica integral para evaluar el control glucémico de atención clínica. El TIR tiene una fuerte asociación con complicaciones micro y macrovasculares. Un objetivo del 70% de TIR como objetivo que se aproxima HbA1c del 7%. Hay circunstancias en las que el porcentaje de tiempo que los valores de glucosa son de 70 a 140 mg/dL (tiempo en rango estrecho, TITR) puede ser más relevante ya que se aproxima más a la normogluemia. Teniendo esto en cuenta es importante comprender la relación entre TIR y TITR. ¿Deberían establecerse nuevos objetivos glucémicos?

Objetivos: *General:* comparar TIR, TITR y su correlación con A1C entre microinfusora minimed 670g y 780G en pacientes con DM1 atendidos en el Servicio de Diabetes del Hospital Privado de Córdoba durante abril y mayo de 2024. *Específicos:* determinar la prevalencia de sobrepeso y si a mayor IMC se corresponde con TIR más bajo; determinar si con el empleo del modo automático mayor al 80% se correlaciona con mayor TIR y menos coeficiente de variación.

Materiales y Métodos: Estudio retrospectivo, descriptivo, observacional, en el cual se recopilaron datos de pacientes con diagnóstico de DM1, usuarios de microinfusora de insulina, 670 y 780G durante abril y mayo de 2024. Este estudio se realizó en el Hospital Privado de Córdoba capital, donde se recolectaron datos de la historia clínica y del perfil de glucosa ambulatoria de un período de 2 meses de 2024. Inclusión: toda persona con diagnóstico de DM1, usuaria de microinfusora de insulina subcutánea de medtronic 670 y 780G. Exclusión: DM2, no usuarios de microinfusora de insulina subcutánea.

Resultados: Con un total de 83 pacientes con DM1 usuarios de microinfusora, 670 y 780G. Sexo femenino: 75,9%. Edad promedio 36,8 años. IMC: normopeso: 42,2%, sobrepeso 37,3% y obesidad 10,8%. Años de DM promedio: 20. El 50,6% minimed 780G y el resto de 670G. No se observaron diferencias estadísticamente significativas entre sexo, edad, IMC. Al comparar los valores medios de TIR y TITR entre minimed 670g y 780G, se observaron diferencias estadísticamente significativas, siendo en ambos casos superior en el grupo tratado con 780G. La diferencia de medias no fue estadísticamente significativa en cuanto a sobrepeso y TIR. El modo automático mayor al 70 y 80% se correlacionó con mayor TIR, pero no fue estadísticamente significativo. La A1C fue superior en el grupo de 670G, siendo estadísticamente significativa

Conclusiones: Los pacientes con microinfusora 780G mostraron un porcentaje significativamente mayor de TIR y TITR, por lo que es más efectiva en mantener los niveles de glucosa lo que es crucial para reducir el riesgo de complicaciones asociadas a la DM. Se observó una diferencia significativa en los niveles de A1C, con valores más bajos en los usuarios de la microinfusora 780G, lo que contribuye a un mejor control a largo plazo de la DM. No se encontraron diferencias significativas en TIR en función del IMC. Sin embargo, el control del peso sigue siendo un factor importante en la gestión integral de la DM. El modo automático por más del 80% del tiempo se correlacionó con un mayor TIR, aunque esta correlación no alcanzó significancia estadística. Esto apoya la adopción de que tecnologías más avanzadas en el manejo de la DM1 para mejorar los resultados de los pacientes.

EVALUACIÓN Y ELECCIÓN DEL TRATAMIENTO ANTIBIÓTICO EMPÍRICO EN PACIENTES INTERNADOS POR PIE DIABÉTICO INFECTADO

Claudia ISSA, Julio Guillermo BULA ORCASITA, Judith Basilia PIMENTEL ALFARO, Juan Carlos GÓMEZ PASTRANA

SANATORIO GÜEMES, CABA. Contacto: clauissa@gmail.com

Introducción: Las infecciones en el pie diabético (PD) representan una complicación grave que pone en riesgo el miembro afectado y la vida de los pacientes. El tratamiento se ha basado en la literatura internacional con pocas publicaciones nacionales, por lo que conocer la microbiología local es necesario para formular un tratamiento antibiótico empírico.

Objetivos: Identificar los gérmenes hallados en cultivos de lesiones del pie diabético infectado e identificar el esquema antibiótico con mayor cobertura. Describir la gravedad de la presentación del pie diabético y el requerimiento de amputación.

Materiales y Métodos: Estudio descriptivo observacional que incluyó 55 pacientes adultos internados por PD clínicamente infectado del 01/05/23 al 31/05/24. De nuestra base de pacientes se recolectaron datos demográficos, bioquímicos y microbiológicos de punciones por piel sana, toilette quirúrgica y tejido óseo analizados según protocolo institucional de cultivos microbiológicos. Se utilizó la clasificación de Texas para categorizar la severidad del PD.

Resultados: El compromiso de infección e isquemia evaluado por Texas fue del 52% (D1-2-3), solo infección moderada/severa 33% (B2-3) y 15% leve (B1). Se realizó angiografía al 52% de los pacientes, resultando en angioplastia el 30% y *bypass* el 3%. Se obtuvieron 48 cultivos, 18 punciones por piel sana y 30 intraoperatorios. De ellos solo 9 muestras resultaron polimicrobianas. Del total de los rescates, 53,8% fueron gérmenes Gram positivos con 20% *Staphylococcus* y el 35,8%

Gram negativos siendo *Pseudomona aeruginosa* el más frecuente (28%). La sensibilidad acumulada en ambos grupos para ciprofloxacino y TMS fue del 82,9%, mientras que para AMS fue del 65,7%. La sensibilidad a los diferentes gérmenes de los antibióticos se describe en la Tabla. El esquema antibiótico iniciado de manera empírica fue 41,8 % AMS/TMS, 20% ciprofloxacino/clindamicina, 14,5% piperacilina/tazobactam/vancomicina, 16,3% otro y el resto sin antibióticos. Luego del rescate se mantuvo el esquema en 29 pacientes, se escaló en 7 y se descendió en 12. La sensibilidad combinada de terapias como AMS/TMS y AMS/ciprofloxacino fue del 74,3% frente a ciprofloxacino/clindamicina que solo fue del 65%. Requhirieron amputación 33 (60%) pacientes, mayor en 15 y menor 18, 3 pacientes que inicialmente recibieron amputación conservadora requhirieron ampliación de márgenes, 29 de los pacientes amputados correspondieron a Texas D1, 2 y 3. De los 33 pacientes que requhirieron amputación, 23 presentaron osteomielitis.

	Gran negativos (n=14) 40%		Staphylococcus (n=8) 23%		Enterococcus (n=7) 20%		Streptococcus (n=3) 9%		Corynebacterium amycolatum (n=3) 9%	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Antibióticos										
Ampicilina	3	21,4	4	50	7	100	3	66,6	3	100
Ampicilina/sulbactam	7	50	4	50	7	100	2	66,6	3	100
Cefalosporina 1G	5	35,7								
Cefalosporina 2G	6	42,9								
Cefalosporina 3G	12	85,7								
Cefalosporina 4G	11	78,6								
Cefalosporina 5G	10	71,4								
Quinolonas	10	71,4	6	75	7	100	3	100	3	100
Amikacina	12	85,7	0	0	4	57,1	0	0	3	100
Minociclina	10	71,4	8	100	7	100	3	100	3	100
Meropenem	12	85,7	4	0	7	100	3	100	3	100
Fosfomicina	12	85,7								
Clindamicina	0	0	5	62,5	7	100	3	100	2	66,6
Trimetropina/sufametaxazol	9	64,3	7	87,5	7	100	3	100	3	100
Tigeciclina	14	100								
Oxacilina			4	50	7	100	2	66,6	3	100
Vancomicina	0	0	7	87,5	7	100	3	100	3	100
Linezolid			7	87,5	7	100	3	100	3	100

Tabla: Sensibilidad a los diferentes gérmenes de los antibióticos.

Conclusiones: Acorde a nuestros resultados consideramos la combinación de AMS/TMS o AMS/ciprofloxacino para el tratamiento de infecciones de partes blandas, con y sin sospecha de osteomielitis. La categorización inicial mediante la clasificación de Texas nos permite evaluar la severidad de la infección y el compromiso macrovascular, factores críticos que definen el riesgo de amputación ante la imposibilidad de contar con la Ap. de clasificaciones. La alta tasa de amputaciones refleja la gravedad de las complicaciones asociadas con las infecciones en PD haciendo énfasis en una pronta intervención multidisciplinaria para reducir el riesgo.

PREVALENCIA DE ATEROMATOSIS SUBCLÍNICA EN PACIENTES CON PREDIABETES

María Del Rosario RODRÍGUEZ, Fiorella Sofía CHICOTE, Lucía SELVAGGIO, Ayelén Nadia RIDOLFO, Vittorio FALCO, Isaac SINAY, María Cristina FAINGOLD, Hugo Daniel SANABRIA
 INSTITUTO CARDIOVASCULAR DE BUENOS AIRES, CABA. Contacto: mrosariorodriguez922@gmail.com

Introducción: La prediabetes se asocia a un mayor riesgo cardiovascular (CV) en diferentes estudios epidemiológicos. Sin embargo, los *scores* clínicos habitualmente utilizados subestiman este riesgo CV. La presencia de ateromatosis subclínica por ultrasonido o *score* de calcio coronario puede ser una herramienta útil para mejorar la valoración de estos pacientes.

Objetivos: Evaluar la prevalencia de ateromatosis subclínica en pacientes con prediabetes.

Materiales y Métodos: Se realizó un estudio transversal que incluyó 67 pacientes con prediabetes, asintomáticos y sin eventos cardiovasculares previo a lo cual se les evaluó la presencia de ateromatosis subclínica mediante tomografía cardíaca para medición de *score* de calcio coronario (SCC) y ecografía Doppler de las arterias de vasos de cuello y de arterias femorales. La prediabetes se definió por glucemia en ayunas (GA) elevada (entre 100-125 mg/dl) y/o intolerancia a la glucosa con glucemia poscarga (GPC) a los 120 minutos entre 140-199 mg/dl y/o hemoglobina glicosilada (HbA1c) entre 5,7-6,4%.

Resultados: El 43% de los pacientes fueron hombres, edad media de 57 años (±8). Presentaron GA de 112 mg/dL (±11,7), GPC de 120,5 mg/dL (±42,7) y HbA1c de 5,7% (±0,42) (Tabla 1). El 55,6% presentó 2 o 3 criterios para prediabetes. Con respecto al grado ateromatosis subclínica, el 59,7% presentó evidencia de ateromatosis por ecografía vascular y el 41% un SCC ≥1 unidades Agatston (UA). Solo el 31,3% de los pacientes no presentó ningún grado de ateromatosis subclínica. El 25,4% presentó extensa afectación, con evidencia de ateromatosis en 3 o 4 territorios periféricos y/o SCC ≥300 UA (Tabla 2).

Características	n=67
Edad años, media (DS)	57,7 (8,23)
Sexo masculino, n(%)	29 (43,3)
IMC, media (DS)	32,1 (5,58)
Perímetro cintura, media (DS)	105,3 (13,79)
GA mg/dl, media (DS)	112,1 (11,75)
GPC mg/dl, media (DS)	120,5 (42,70)
HbA1c, media (DS)	5,6 (0,42)
Clearance creatinina, media (DS)	78,5 (14,93)

Tabla 1: Características de la población general.

Variable	n=67
Sin afectación vascular, n(%)	21 (31,3)
Afectación de algún territorio vascular, n(%)	46 (68,7)
Afectación de 3 o 4 territorios y/o SCC ≥300 UA, n(%)	17 (25,4)

Tabla 2: Ateromatosis subclínica en la población general.

Conclusiones: Los pacientes con prediabetes presentan una alta prevalencia de ateromatosis subclínica, incluso con afectación extensa. Los métodos de imágenes son herramientas útiles que permiten una estratificación de riesgo más precisa.

O25

CETOACIDOSIS PANDÉMICA: ESTUDIO OBSERVACIONAL, RETROSPECTIVO DE UN CENTRO DE ATENCIÓN TERCIARIA DE ADULTOS EN MENDOZA

Giuliana GUIDARELLI, Emmanuel FERRI, Hugo Daniel LAVANDAIO, Luz Carolina DROMI, Santiago GÓMEZ CENTURIÓN, Carlos Andrés MATILE, Patricia Inés GISBERT, Sofía GONZÁLEZ, Matías FERNÁNDEZ, CHIRINO Griselda, SORIA Natalia

HOSPITAL LUIS LAGOMAGGIORE, MENDOZA. Contacto: matiasfernandez1504@gmail.com

Introducción: En el contexto de la pandemia por COVID-19, el área de salud se vio afectada por la atención de esta grave infección emergente, lo que llevó a la descompensación de las patologías de base.

Objetivos: Analizar y comparar las características clínicas y epidemiológicas y de laboratorio de episodios de cetoaci-dosis diabética (CAD) ocurridos durante la pandemia, y comparar con episodios de CAD ocurridos previo a la misma, en un centro de atención terciaria de Mendoza.

Materiales y Métodos: Estudio protocolizado, observacional, descriptivo, retrospectivo y comparativo de episodios de CAD internados en el Servicio de Clínica Médica, Hospital L. C. Lagomaggiore. Criterios de inclusión: pacientes >15 años internados en Clínica Médica, desde marzo de 2020 a julio de 2022. CAD definida según ADA. Análisis estadístico: SPSS v20, medias, (IC95%), chi-cuadrado y test de Student, p<0,05.

Resultados: Se analizaron 132 eventos, cumplieron criterios de inclusión 65 (49%). Masculinos 38 (58,5%), edad x: 38,9 años. Comórbidas: tabaquismo 22 (34%), obesidad 14 (21,5%), sustancias ilícitas: 13 (20%), enolismo 9 (14%), HTA 7 (11%) e hipotiroidismo 7 (11%). Tipo de DM: debut (DMDe) 12 (18,4%), DM1-LADA 37 (57%) y DM2 16 (24,6%). Desenca-denantes: abandono medicación 27 (41%), infecciones 28 (43%) y transgresión alimentaria 22 (34%). Infecciones: urinaria: 9 (32%), COVID: 8 (28,5%) y neumonía: 6 (21%). Tiempo de resolución CAD x: DMDe 17,2 h (DS 7.6) vs. diabéticos conoci-dos (DMCon) 12,9 h (DS 7.8) p NS. HbA1c x: 13,5% (DS 2.9). Comparando COVID vs. No COVID: estadía x: 22,4 (DS 31.8) vs. 9,1 días (DS 8.9) p 0,012, sin diferencias en severidad de CAD. Complicaciones: hipercloremia 57 (87,6%), hipokalemia 43 (66,1%), hipoglucemia 33 (50,7%), fallo renal 30 (46,1%), reentrada a CAD 5 (7,6%), UTI 31 (47%), óbito 1 (1,5%). La comparación de DMDe vs. DMCon mostró mayor edad x 46,5 vs. 37,2 años p=0,043, >HbA1c 15,3 vs. 13,0% p=0,017, > glucemia de ingreso 623 vs. 453 mg/dl p=0,021, y 7 días se relacionó con DMDe 10/12 vs. 23/53 p=0,023, DM2 16/18 vs. 17/47 p<0,0001 y glucemia 546 vs. 423 mg/dl p=0.03. Se compararon eventos 2020-2022 durante pandemia vs. CAD 2014-2018 pre-pandemia: Creció la DMDe 12 (18%) vs. 11 (8%) p=0,02, y la proporción de DM2 16 (24%) vs. 21 (15%) p=0,0004, estadía x 10,7 (DS 14.1) vs. 5 (DS 3.5) días p=0,0001, desencadenante infeccioso 28 (43%) vs. 33 (23,7%) p=0,0049 y HbA1c 13,5% (DS 2.9) vs. 11,9% (DS 2.2) p=0,0002, menos CAD recurrente 20 (31) vs. 63 (46) p=0,04.

Conclusiones: Durante la pandemia aumentó la manifestación de CAD como debut diabético, con peor control metabólico según glucemia y HbA1c. La estadía hospitalaria fue más prolongada y los desencadenantes infecciones fueron más frecuentes. Esto podría corresponderse a la menor accesibilidad de los pacientes a la atención sanitaria en épocas de cuarentena, con un menor control ambulatorio de las patologías de base y la dificultad de acceder a los tratamientos crónicos.

RESULTADOS GLUCÉMICOS DEL ASA CERRADA HÍBRIDA AVANZADA (BOMBA PARCHE SISTEMA TOUCHCARE® NANO) EN PACIENTES CON DIABETES TIPO 1 EN ARGENTINA

Rodrigo CARNERO¹, Dana CONTRERAS², Adrián PROIETTI³, María Laura KABAKIAN⁴, Jorgelina FERNÁNDEZ⁵, Sabina Anahí CARBAJAL⁶, Ariela PORTNOY⁷, Franca BALDI⁸

¹INSTITUTO MÉDICO RÍO CUARTO, ²HOSPITAL ALLENDE, ³KYNET-INTEGRAL, ⁴DNMMIN INTERIOR, ⁵HOSPITAL CHURRUCA, ⁶MULTIESPACIO CONTENER, ⁷INTECMED, ⁸MULTIESPACIO CONTENER. Contacto: rodrigocarnero@gmail.com

Introducción: La administración automatizada de insulina (también conocida como circuito de asa cerrada) ha demostrado potencial para mejorar el control glucémico y la calidad de vida en personas con diabetes mellitus tipo 1 (DM1).

Objetivos: Evaluar los resultados glucémicos en pacientes argentinos con DM1 bien controlada a partir de diferentes tratamientos basales, utilizando un protocolo de inicio estructurado para la bomba parche de insulina con sistema de asa cerrada (AHCL) TouchCare® Nano.

Materiales y Métodos: En este estudio multicéntrico, prospectivo, abierto, de un solo brazo, invitamos a participar a pacientes con DM1 y HbA1c por debajo del 8,5% con diferentes tratamientos basal. Todos los participantes siguieron un protocolo de iniciación estructurado con cuatro pasos. El resultado principal de este estudio fue el cambio en los siguientes parámetros: tiempo en el rango (TIR) de 70-180 mg/dl, tiempo en el rango estrecho (TTIR) de 70-140 mg/dl, tiempo por debajo del rango (TBR) de 70 mg/dl y HbA1c desde el inicio hasta la fase de estudio. El cuestionario TRIM-D se realizó al inicio y al final del estudio. Se utilizó la prueba t de Student pareada para el análisis estadístico y un valor de p<0,05 se consideró estadísticamente significativo.

Resultados: Se reclutaron 20 participantes y 18 completaron el estudio de 16 semanas. 12 (66,7%) fueron de sexo femenino, la media de edad fue 21,7 años (7-46±12,6), los tratamientos previos fueron: 26% (7) minimed 670, 22% (6) MDI, y el resto otras bombas no AHCL. El TIR aumentó de 61,58% ±15,19 al inicio del estudio a 70,98% ±6,97 en las 12 semanas (p<0,011). El TTIR aumentó de 37,89% ±16,2 al inicio del estudio a 48,32% ±7,55 en las 12 semanas (p<0,010). Luego del uso del modo AUTOMEAL, el TIR aumentó a 72,93% ±8,27 y el TTIR aumentó a 50,88% ±9,1 en la semana 16. En relación con el TBR, no hubo diferencia significativa de 1,99% ±1,59 al inicio al 2,24% ±1,09 en la fase de estudio (p<0,12). La HbA1c disminuyó de 7,27% ±0,69 al inicio del estudio a 6,83% ±0,69 al final del mismo (p<0,03). Al concluir la experiencia, el 69% de los pacientes alcanzó el TIR y el 56% el TTIR. El cuestionario TRIM-D mostró un aumento en la satisfacción con la comodidad y facilidad del tratamiento, incluso una mejora en la comodidad de la vida diaria y una disminución en la frecuencia de interferir con otras actividades. No se informaron episodios de hipoglucemia grave o CAD.

Variable	Inicio		4 semanas		8 semanas		12 semanas		16 semanas		P1 valor		P2 valor	
	Media	ED	Media	ED	Media	ED	Media	ED	Media	ED	Base vs. 12w	12w vs. 16w		
HbA1c	7,27%	0,69	-	-	-	-	-	-	6,83%	0,69	0,0303	-		
Autobolus	-	-	4,8	3,38	5,02	3,84	6,15	4,11	19,51	11,1	0,001	<0,0001		
TIR 70-180	61,598	15,19	72,76	8,68	70,67	9,56	70,98	6,97	72,93	8,27	0,0114	0,3253		
TAR 180	26,34	10,19	16,21	4,81	16,34	5,15	17,28	4,53	17,08	6,1	0,0011	0,8781		
TAR 250	10,12	8,1	7,56	4,64	9,36	6,93	8,27	3,48	6,98	3,65	0,2369	0,1469		
TBR 70	1,99	1,57	2,5	2,12	2,69	2,39	2,59	2,19	2,24	1,09	0,1579	0,3471		
TBR 54	0,53	0,85	1,02	1,01	0,94	1,23	0,87	1,36	0,77	1,29	0,0450	0,8037		
TTIR 70-140	37,89	16,22	50,58	7,94	48,79	10,45	48,32	7,55	50,88	9,12	0,0104	0,1844		
Glucosa media del sensor	163,68	22,61	148,5	14	151,2	17,87	151,7	12,3	148,6	12,51	0,0122	0,313		
% tiempo en automode	-	-	96,88	5,23	80,12	33,43	93,93	13,26	92,52	22,48	-	0,6347		

Tabla 1

Variable	Valor TIR	Inicial		1 mes		2 meses		3 meses		4 meses		p
		n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	
Rango 70-140	<50%	13	77,2	12	66,7	8	44,4	11	31,1	8	44,4	0,2093
	>50%	5	27,8	6	33,3	10	55,6	7	38,9	10	55,6	
Rango 70-180	<70%	12	66,7	9	50	8	44,4	7	38,9	6	33,3	0,1979
	>70%	6	33,3	9	50	10	55,6	11	61,1	12	68,7	

Tabla 2

Conclusiones: Los pacientes con DM1, que recibían distintos tratamientos y que iniciaron el sistema de bomba parche de asa cerrada TouchCare® Nano siguiendo un protocolo de inicio estructurado, mejoraron sus métricas glucémicas y lograron los objetivos de control glucémico recomendados internacionalmente como TIR >70%, TTIR >50%, TBR <5% y HbA1c de <7%.

DIABETES GESTACIONAL. CARACTERÍSTICAS Y RECATEGORIZACIÓN POSPARTO EN UN CENTRO PRIVADO

Elena CORNEJO PUCCI¹, María Luján COSTA², José COSTA GIL³

¹CENTRO MÉDICO PRIVADO, ²INSTITUTO DE CARDIOLOGÍA, ³INSTITUTO DE CARDIOLOGÍA, CABA. Contacto: ecomejopucci@gmail.com

Introducción: La diabetes mellitus gestacional (DMG) es una de las complicaciones más frecuentes del embarazo, de la mano de la epidemia de obesidad y la maternidad diferida, que genera dificultades en la madre, el feto y el recién nacido, las cuales muchas cesan en el posparto, pero persiste el riesgo materno de iniciar una DM2 en un lapso variable. Con diagnóstico oportuno y tratamiento adecuado se pueden evitar o limitar.

Objetivos: Analizar las características generales de la muestra, los factores de riesgo asociados con DMG y con factores predictores de requerimiento de insulina, complicaciones más frecuentes y recategorización posparto.

Materiales y Métodos: Estudio observacional, analítico y retrospectivo en un centro médico privado de pacientes con DMG mayores de 18 años, en el lapso 01/2016-06/2021. Se siguieron los criterios diagnósticos, de control y terapéuticos de SAD/ALAD. Según la recategorización posparto se evaluó: edad, IMC, ganancia de peso en el embarazo, antecedente familiar de DM, de DMG previa, diagnóstico de preeclampsia, forma de diagnóstico y requerimiento de insulina para lograr metas. Tamaño de muestra requerido: 96 casos. Se respetaron los criterios éticos internacionales y nacionales.

Resultados: Se evaluaron 92 mujeres con 95 embarazos con DMG (3 cursaron más de un embarazo) y nacieron 97 niños. Edad media: 33,8 años. Los factores de riesgo más frecuentes fueron edad ≥ 30 años y el antecedente familiar de DM2. La mitad de las mujeres inició el embarazo con normopeso y un 44,2% con sobrepeso/obesidad. La ganancia media de peso fue de 10 kg (44% logró lo recomendado). Diagnóstico: 81,9% en el tercer trimestre y el 88,4% por POTG. Requerimiento de insulina: 40%. El sobrepeso/obesidad y el antecedente familiar de DM aumentaron el riesgo de requerir insulina. Recategorización posparto: 52 mujeres (55,3%). 41 (78,8%) fueron normo-glucémicas, 3 (5,8%) presentaron DM2, 2 (3,8%) GAA, 5 (9,6%) TGA y 1 (1,9%) GAA+TGA. La frecuencia de recategorización fue mayor en pacientes con diagnóstico temprano (primer y segundo trimestre) y en quienes requirieron insulina ($X^2=6,4$; $p=0,011$)

Conclusiones: Los factores de riesgo y las complicaciones materno-fetales concuerdan con la literatura. Los más frecuentes entre los factores de riesgo fueron la edad y el antecedente familiar de DM y de complicaciones, el nacimiento por cesárea y la preeclampsia. El requerimiento de insulina para lograr las metas fue alto. Los factores predictores del requerimiento de insulina fueron el sobrepeso/obesidad, el antecedente familiar de DM y el diagnóstico temprano o por glucemia en ayunas. La recategorización posparto fue moderada.

ADHERENCIA A LA RECLASIFICACIÓN POSPARTO EN MUJERES CON DIABETES GESTACIONAL, PERSISTENCIA DE LA POTG ANORMAL Y FACTORES ASOCIADOS

Aldana María DEGRAVE, Lina Inés CAPURRO,

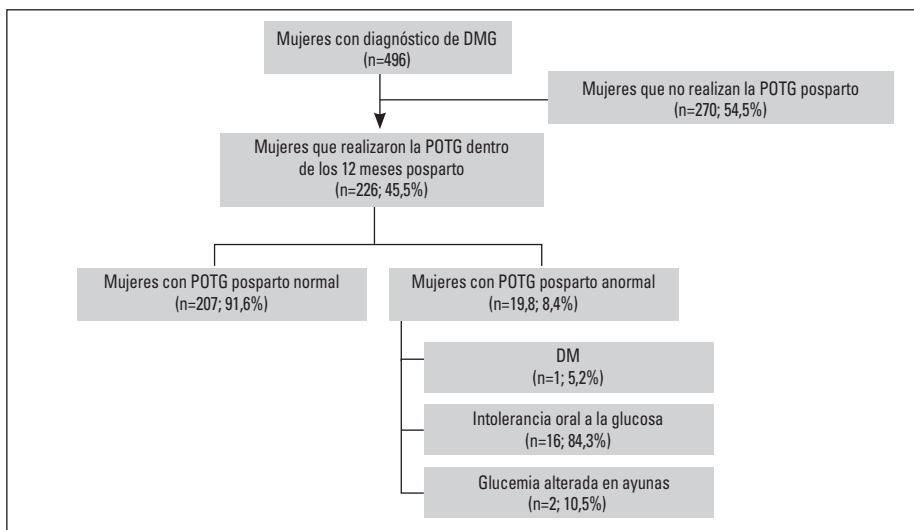
HOSPITAL ITALIANO DE BUENOS AIRES, CABA. Contacto: aldanam.degrave@gmail.com

Introducción: La diabetes mellitus gestacional (DMG) se define como una alteración del metabolismo de los carbohidratos que comienza o se reconoce por primera vez durante el embarazo. La prevalencia creciente de DM en embarazadas ha resaltado la importancia de investigar la relación entre la glucemia y el embarazo. Las mujeres con antecedentes de DMG presentan un riesgo elevado de desarrollar prediabetes o DM2 en el futuro. No existen datos locales sobre el seguimiento posparto de mujeres con DMG ni sobre la evolución de su metabolismo glucídico a largo plazo. Este estudio se centra en la adherencia a la reclasificación posparto y la persistencia de alteraciones glucídicas en mujeres con DMG.

Objetivos: *Primario:* Determinar el porcentaje de mujeres con DMG que realiza la reclasificación dentro de los 12 meses posteriores al parto, la proporción que persiste con alteraciones glucídicas y los factores asociados. *Secundarios:* describir las características materno-fetales de la población; determinar la frecuencia de alteraciones glucídicas durante 5 años de seguimiento y la recurrencia de DMG en embarazos posteriores.

Materiales y Métodos: Estudio observacional, descriptivo y analítico de corte longitudinal ambispectivo. Ámbito: Hospital Italiano de Buenos Aires, incluyendo dos hospitales universitarios y 25 centros de atención periféricos. Población: mujeres mayores de 18 años con embarazo único y diagnóstico de DMG según criterios SAD/ALAD, seguidas de enero de 2011 a diciembre de 2020. Criterios de inclusión: mujeres con primer diagnóstico de DMG, embarazo único, seguidas en el Hospital Italiano. Captura de datos: revisión de historias clínicas electrónicas, seleccionando mujeres con diagnóstico de DMG y confirmación mediante POTG. Descripción de variables continuas y categóricas, análisis bivariado utilizando test estadísticos apropiados, almacenamiento de datos en Access y análisis en STATA v14.

Resultados: Se incluyeron 496 mujeres con DMG. La mediana de edad materna fue de 35 años, con un 79,8% mayor de 30 años. El 51% tenía un IMC pregestacional superior al normal. El 77,8% fue diagnosticada de DMG entre las semanas 24-28 de gestación. El 79,6% logró el control metabólico solo con medidas higiénico-dietéticas. El 45,5% realizó la POTG dentro de los 12 meses posparto, con un 91,6% normoglucémicas y un 8,4% con alteraciones glucídicas. El seguimiento a largo plazo mostró una incidencia de alteraciones glucídicas del 13,7%, y un 43% presentó DMG en embarazos posteriores (Figura y Tablas).



Figura

Factores asociados con la realización de la POTG posparto		
Variable	OR (IC 95%)	p
Edad materna ≥30 años	1,55 (0,99-2,44)	0,054
Seguimiento por especialidad	1,81 (1,21-2,65)	0,002
Nuliparidad	1,3 (0,9-1,8)	0,15
Dg de DMG posterior a la semana 24	2 (1,27-3,11)	0,002
Parto pretérmino	0,8 (0,45-1,42)	0,452
Cesárea	1,1 (0,8-1,69)	0,402

Tabla 1: Factores asociados con la realización de la POTG posparto.

Factores asociados a la persistencia de la alteración glucídica durante la POTG posparto		
Variable	OR (IC 95%)	p
Edad materna ≥30 años	1,1 (0,29-3,9)	0,91
Antecedentes familiares de 1º grado	0,9 (0,35-2,34)	0,84
IMC pregestacional ≥25 kg/m ²	3,4 (1,1-10,6)	0,03
Tratamiento farmacológico	2,5 (1,1-6,6)	0,046
GEG	0,6 (0,2-1,9)	0,67

Tabla 2: Factores asociados a la persistencia de la alteración glucídica durante la POTG posparto.

Conclusiones: La tasa de cribado posparto en mujeres con DMG es baja. Es crucial reevaluar el estado glucémico en el posparto y mantener un seguimiento estrecho para detectar precozmente las alteraciones metabólicas. Se deben implementar estrategias que mejoren la adherencia a la POTG y fomentar un control periódico en esta población de alto riesgo.

BARRERAS PSICOSOCIALES QUE AFECTAN EL TRATAMIENTO DE LA DIABETES GESTACIONAL

Sofía ORUETA, Marisol OLIVARES, Marina VILLARREAL, José Ignacio CORREA, Carina VERDASCO, María Carolina MIGLIANELLI, Jorge Luis OLIVARES

UNIVERSIDAD NACIONAL DE LA PAMPA, LA PAMPA. Contacto: jorgeluis57.olivares@gmail.com

Introducción: En la diabetes mellitus gestacional (DMG) el cumplimiento del tratamiento es esencial para prevenir consecuencias negativas en la salud de la madre/hijo y la futura aparición de DM2. Distintos autores plantean la importancia de identificar en la atención de pacientes con DMG la presencia de factores psicológicos y sociales que dificulten el tratamiento.

Objetivos: Describir y analizar en pacientes con DMG los factores psicosociales que actúan como barreras para efectuar el adecuado tratamiento.

Materiales y Métodos: Estudio transversal descriptivo en 23 pacientes con DMG, que recibieron como tratamiento educación diabetológica, entrega gratuita de reflectómetro y tiras reactivas para medir glucemia e insulina en un hospital público de La Pampa en 2023. Se realizó entrevista semiestructurada a cada embarazada con diabetólogo y psicóloga, y se empleó el inventario de ansiedad de Beck, que clasifica síntomas de ansiedad frente al impacto del diagnóstico y tratamiento. Se utilizó prueba chi-cuadrado y coeficiente de contingencia de Cramer para medir el grado de asociación entre las variables. El trabajo fue aprobado por el Comité de Ética e Investigación.

Resultados: La edad promedio de las pacientes fue de 28,6 años; 35% tenía más de 30 años, 48% tenía secundario incompleto, 69,6% estaba desempleada y 57% recibía ayuda social. El 65% presentó síntomas de angustia de grado intenso ante el diagnóstico de DMG, para lo cual se les ofreció acompañamiento psicológico. Respecto del cumplimiento del tratamiento, el 61% de las pacientes indicó dificultad para realizarlo por problemas socioeconómicos ($\chi^2 = 7,89$; $p=0,01$); el 56% presentó angustia por tener que realizar cambios de hábito alimentarios, y angustia al efectuar monitoreo glucémico 3 veces/día y obtener valores de glucemia fuera de rango. Las mujeres refirieron que la angustia se relacionaba con reconocer a las glucemias elevadas como factores de riesgo de vida para ellas y sus hijos/as. La falta de empleo ($\chi^2 = 17,81$, $p = 0,02$) generó ansiedad porque les impedía cumplir con la alimentación recomendada.

Conclusiones: El diagnóstico y tratamiento de la DMG generó angustia al 65% y 61% respectivamente de las pacientes entrevistadas, mostrando la importancia de abordar interdisciplinariamente las barreras sociales y psicológicas, y no solamente guiar en el control metabólico. Es necesario hacer una apertura a la intervención de asistencia psicológica en estas pacientes.

O30

PRIMER REGISTRO MULTICÉNTRICO DE LA SITUACIÓN DEL CUIDADO DE LA DIABETES TIPO 1 EN NIÑOS, ADOLESCENTES Y ADULTOS JÓVENES EN ARGENTINA: CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS Y DE TRATAMIENTO. SUBSIDIO SAD 2023. RESULTADOS PRELIMINARES

Lidia CARACOTCHE¹, Carmen MAZZA², Ángela FIGUEROA SOBRERO³, Adriana FLORES¹, Gabriela KROCHIK², Guadalupe PIETROPAOLO⁴, Marcela RAGGIO⁵, Adriana ROUSSOS⁶, María Eugenia ANDRES⁷, Edit Raquel SCAIOLA¹, Verónica VERSACE¹, María de los Ángeles ARRIGO⁸, María Laura MAJOR¹, Luis Fabio PALACIOS PORTA⁹, María Paula PAZ POVEDANO¹⁰, Andrea ESCALANTE MARASSI¹, María Verónica VACCAREZZA¹, Gabriel Felipe EIBERMAN¹, Miriam TONIETTI¹, Mariana JAROVSKY¹, María Esther IBAÑEZ DE PIANESI¹¹, Florencia GRABOIS¹², Florencia MIARI⁶, Laura Virginia GAETE⁶, Mariana PRIETO², Carolina MARTÍNEZ MATEU², Consuelo BARCALA², Nuria Ruth GRIMBERG⁷, Patricia TABERNER⁷, Carla MANNUCCI⁷, Irene Beatriz STRASNOY⁷, Verónica JIMÉNEZ⁷, María Clemencia GANDOLFO DE LA FUENTE⁷, Viviana Alicia BALBI⁴, Andrea Soledad REINOSO⁴, Franco SABINO⁴, Ernesto BOGADO³

¹COMITÉ DE PEDIATRÍA, SAD, ²HOSPITAL J.P. GARRAHAN, ³HOSPITAL MATERNO INFANTIL SAN ROQUE, ⁴HOSPITAL SOR MARÍA LUDOVICA DE LA PLATA, ⁵HOSPITAL UNIVERSITARIO AUSTRAL, ⁶HOSPITAL DE NIÑOS RICARDO GUTIÉRREZ, ⁷HOSPITAL PEDRO ELIZALDE, ⁸HOSPITAL DE NIÑO DE SAN JUSTO, ⁹HOSPITAL NACIONAL PROFESOR POSADAS, ¹⁰CLÍNICA UNIVERSITARIA REINA FABIOLA, ¹¹HOSPITAL PEDIÁTRICO DR. FERNANDO BARREYRO, ¹²HOSPITAL PROVINCIAL NEUQUÉN. Contacto: guadapietro@gmail.com

Introducción: Diferentes estudios muestran que solo el 30% de los niños y adolescentes con diabetes mellitus tipo 1 (DM1) alcanza los objetivos metabólicos. Desde el Comité de Pediatría de la SAD nos propusimos realizar un registro multicéntrico con el objetivo de identificar barreras, armonizar el cuidado e identificar inequidades para mejorar el tratamiento de niños y adolescentes con DM1.

Objetivos: Confeccionar un registro multicéntrico de niños, adolescentes y adultos jóvenes de 1 a 25 años atendidos por profesionales del Comité de Pediatría de la SAD con el propósito de evidenciar la situación actual del cuidado de la DM1.

Materiales y Métodos: Registro multicéntrico nacional de pacientes con DM1 de 1 a 25 años, con diagnóstico de más un año de evolución, asistidos en centros de atención de diabetes infantojuvenil del país. El registro contó con la aprobación de los Comités de Ética de cada centro interviniente. Variables: demográficas, de tratamiento, control metabólico, complicaciones agudas, tipo de cobertura. Los datos se recopilaron en formularios vía *web*, diseñados en el programa RedCap (*Research Electronic Data Capture* versión 12.4.1). El procesamiento y análisis estadístico estuvo a cargo del Hospital Garrahan.

Resultados: Del período 1/02/24 al 01/05/24 participaron 39 centros de 15 provincias y de CABA. Se analizaron 1675 pacientes (89%), edad 12,05 (R 2-18), 50,4% mujeres, tiempo de evolución 3,15 años (R 0-16), tipo de tratamiento: convencional 2,2%, intensificado 97,8%, de estos el 9,5% utilizó bomba, el resto múltiples dosis. Monitoreo capilar 57,5%, 4 por día (R 3-5), continuo 42,5%. HbA1c 8% (R 7,10-9,05%), TIR 55% (R42-68), TBR 3% (R2-7) TAR 36% (R24-50). La Tabla muestra los valores media y mediana de HbA1c de acuerdo al tratamiento y cobertura.

HbA1c	Múltiples dosis con monitoreo capilar n=958	Múltiples dosis con sensor n=580	Bomba con monitoreo capilar n=14	Bomba con sensor asociado n=14	Bomba con sensor integrado n=153
Media	8,72	7,68	7,88	7,13	7,23
Mediana	8,54 (7,60-9,60)	7,59 (6,90-8,30)	7,75 (7,45-8,18)	7,05 (6,70-7,73)	7,10 (6,78-7,60)
%pacientes <7,49	22,54% n=216	46,55% n=270	28,57% n=4	64,28% n=9	67,97% n=104
HbA1c	Obra social n=798	Medicina prepaga n=305		Sistema estatal n=704	
Media	8,01	7,60		8,82	
Mediana	7,80 (7,10-8,80)	7,40 (6,80-8,10)		8,52 (7,59-9,70)	
%pacientes <7,49	37,34% n=298	52,45% n=160		21,73% n=153	

Conclusiones: Los resultados preliminares aportan información relevante del control glucémico de acuerdo con el tipo de tratamiento y la cobertura para mejorar la calidad del tratamiento de pacientes con DM1. Se agradece la colaboración del laboratorio Sanofi.

O31

FACTORES ASOCIADOS AL DESARROLLO DE PREDIABETES O DIABETES TIPO 2 EN POSPARTO EN MUJERES CON DIABETES GESTACIONAL

Silvia GORBAN DE LAPERTOSA¹, Jorge ELGART², Elizabet Gladys MÉNDEZ³, Pilar de las Mercedes PEREYRA⁴, Nélica GIMÉNEZ⁵, Sonia PACO LEAÑOS⁶, Laura OTIÑANO MERLO⁶, Mario Alberto BARRIOS³, Ivana OLIVEROS⁷, Ana María TETTA MIRABAL⁸, Evangelina SOSA¹, Sergio RUEDA⁶, María ACIAR⁹, María Inés ARGERICH¹⁰, Raúl Alejandro DAVID¹⁰, Natalia ZAMORA¹⁰, Darío Nicolás AGUERA¹¹, Milagros SAFENREITER¹¹, Laura LEWIN¹¹, Griselda Mariel VIDES¹², Carolina Valeria FARIAS¹³, Florencia ORTIZ MERCADO⁸, Eliana GONZÁLEZ¹⁴, María Mercedes FREGENAL¹², Leticia QUIROGA¹³, Gloria Silvia GUERRA¹², Sabrina LAFOURCADE¹³, Susana SALZBERG¹

¹FACULTAD DE MEDICINA UNIVERSIDAD NACIONAL DEL NORDESTE, ²CENEXA, ³HOSPITAL MADARIAGA, ⁴HOSPITAL MATERNO INFANTIL, ⁵HOSPITAL MATERNO INFANTIL SALTA, ⁶HOSPITAL RAWSON, ⁷HOSPITAL RAWSON, ⁸INSTITUTO DE MATERNIDAD NUESTRA SEÑORA DE LAS MERCEDES, ⁹HOSPITAL MATERNO INFANTIL, ¹⁰HOSPITAL PERRUPATO, ¹¹HOSPITAL MUNICIPAL RAMÓN SANTAMARINA TANDIL, ¹²HOSPITAL MATERNO INFANTIL SALTA, ¹³MATERNIDAD PROVINCIAL 25 DE MAYO, ¹⁴HOSPITAL SAMIC EL DORADO. Contacto: dralapertosa@hotmail.com

Introducción: La diabetes mellitus gestacional (DMG) se asocia con un riesgo elevado de desarrollar prediabetes o DM2 después del parto. La evidencia local sobre los factores asociados al resultado de recategorización posparto en mujeres con DMG es escasa.

Objetivos: Describir los resultados de la reclasificación luego del parto en una cohorte de mujeres con DMG del estudio EDUGEST y determinar los factores asociados al diagnóstico de prediabetes o DM2.

Materiales y Métodos: Estudio observacional y analítico sobre registros de mujeres gestantes con DMG reclutadas en el marco del estudio EDUGEST. Se analizó la información registrada en el QUALIDAB-GEST de las pacientes que completaron la reclasificación 6 semanas posparto (a mayo de 2024), el cual relevó FRCV concurrentes, antecedentes obstétricos, indicadores clínicos y metabólicos, tratamientos, formas de terminación del embarazo, características del recién nacido (RN), complicaciones maternas y fetales-neonatales, y resultado de la reclasificación. Se realizó un análisis descriptivo con media ± desvío estándar (DE) o proporciones; se verificaron diferencia utilizando pruebas paramétricas y no paramétricas, según correspondiera. Se utilizaron modelos de regresión para evaluar los factores asociados al desarrollo de prediabetes o DM2 posparto.

Resultados: Se incluyeron en el análisis 573 pacientes con 31,5±10,9 años de edad al momento del embarazo, edad gestacional de 28,4±5,1 semanas al momento del diagnóstico de DMG y un IMC de 31,4±6,6 kg/m² en la primera consulta. En la reclasificación posparto encontramos que el 76,3% tuvo un resultado normal, el 19,5% compatible con prediabetes y el 4,2% con DM2. Entre las pacientes con DM2 hubo mayor porcentaje de pacientes con hipertensión (16,7%), antecedentes de DMG previa (26,1%), prematuridad fetal (20,8%) y que recibieron tratamiento con insulina durante el embarazo (70,8%). El desarrollo de DM2 se asoció significativamente con el uso de insulina durante el embarazo (OR: 4,41), hipertensión (OR: 3,46) y antecedente de DMG previa (OR: 2,98), mientras que la prediabetes se asoció significativamente con hipertensión (OR: 2,42), el uso de insulina durante el embarazo (OR: 1,59), el IMC (OR: 1,06) y la fructosamina (OR: 1,02).

Datos registrados	X ± DE	n
Edad de la madre al inicio del embarazo (años)	31,5±10,9	567
Edad gestacional (1° consulta)	28,4±5,1	548
Peso de la madre (1° consulta) kg	78,8±17,5	567
IMC (1° consulta)	31,4±6,6	556
Fructosamina (1° consulta)	224,0±45,0	473
Colesterol total (1° consulta)	241,3±51,8	508
Triglicéridos (1° consulta)	220,6±75,1	498
Antecedentes	%	n
FRCV		
HTA	5,8	573
Obesidad	32,5	573
Tabaquismo	5,6	573
Dislipidemia	1,6	573
Antecedentes obstétricos		
DMG en gestas previas	10,0	573
Prematurez	7,7	573
Preeclampsia	7,0	573
Antecedentes familiares de DM	52,6	573
Nacidos >4 kg	12,5	573
HIE	7,5	573
Eclampsia	0,7	573

Conclusiones: Nuestro estudio identificó factores como hipertensión, antecedentes de DMG previa, prematuridad fetal, requerimiento de insulina durante el embarazo y el IMC elevado como factores asociados al desarrollo posterior de DM2 y prediabetes. Consideramos valiosos estos datos ya que no solo permiten identificar tempranamente pacientes, sino que facilitarán identificar tempranamente pacientes de mayor riesgo, incluso jerarquizar la reclasificación posparto, la cual posibilita la implementación del tratamiento precoz en DM2 y establecer estrategias de prevención en las mujeres con prediabetes.

O32

PREVALENCIA DE ENVEJECIMIENTO VASCULAR ACELERADO Y FACTORES DE RIESGO ASOCIADOS EN PACIENTES CON DIABETES TIPO 2. PRIMER ESTUDIO BASADO EN POBLACIÓN DE LA ARGENTINA

Alejandro DIAZ¹, Guillermo ODRIOZOLA², María Cecilia CASTRO³, Maximiliano BARRIONUEVO², Flavio FRANCONI⁴, Daniel BIA⁵

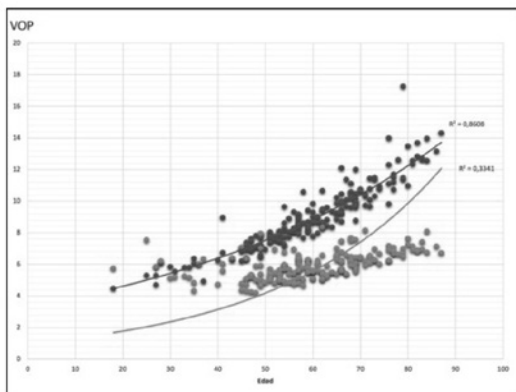
¹CONICET TANDIL, IICS, FACULTAD MEDICINA, UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BS. AS, ²SISTEMA INTEGRADO DE SALUD DEL MUNICIPIO DE TANDIL, ³INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS DE LA SALUD, UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BS. AS, ⁴CENTRO DE ENDOCRINOLOGÍA EXPERIMENTAL Y APLICADA (CENEXA-FCM- UNLP- CONICET), ⁵CENTRO UNIVERSITARIO DE INVESTIGACIÓN, INNOVACIÓN Y DIAGNÓSTICO ARTERIAL, FACULTAD DE MEDICINA, UDELAR, PROVINCIA DE BUENOS AIRES. Contacto: aadiaz@salud.unicen.edu.ar

Introducción: El envejecimiento vascular acelerado (EVA) se refiere a las alteraciones prematuras en la estructura y función de las arterias que incrementan la rigidez arterial (RA) e imitan los efectos del envejecimiento. El aumento de la velocidad de la onda del pulso (VOP) define la RA y mejora la predicción del riesgo más allá de los factores de riesgo cardiovascular (FRCV) tradicionales. En nuestro país aún no se ha investigado la prevalencia de EVA a nivel poblacional ni en pacientes con DM2.

Objetivos: 1) Establecer el z-score de VOP y las variables hemodinámicas para determinar la prevalencia de EVA en la población general sin FRCV y en pacientes con DM2; 2) identificar las variables asociadas al EVA; 3) identificar el grado de alejamiento jerárquico de las variables hemodinámicas (z-scores) en pacientes con DM2 respecto del grupo saludable de referencia (GR).

Materiales y Métodos: En un estudio poblacional prospectivo se midieron variables antropométricas y bioquímicas, y se evaluaron de manera no invasiva variables hemodinámicas, VOP y morfología de la onda del pulso. Se definió EVA con z-score de VOP >1,96.

Resultados: Se evaluaron 1464 adultos (50% masculinos, 52,2±16 años), 80% sedentario, 69% con sobrepeso/obesidad, 58% con dislipemia y 45% con hipertensión arterial. La prevalencia de DM2 fue de 12,5%. Los pacientes con DM2 presentaron mayores valores de VOP que el GR (9,03±2,0 vs. 6,1±1,32m/s, respectivamente; p<0,05). Los valores de VOP en DM2 del medio rural fueron mayores (9,2±2,0 vs. 8,9 m/s en urbanos). La Figura muestra que la VOP tuvo correlación positiva con la edad, especialmente en DM2 (r: 0,86, en gris claro) con una pendiente más acentuada en relación al GR (gris oscuro) reflejando mayor EVA. La prevalencia de EVA fue de 5,29% y 28,20% en el GR y pacientes con DM2, respectivamente (p<0,001). Las variables que más se alejaron del GR (z-score en DM2) fueron en orden jerárquico: presión arterial (PA) sistólica, VOP, PA aórtica, PA media, PA diastólica, PA del pulso, gasto cardíaco, frecuencia cardíaca y ondas de pulso (incidente y refleja). La edad, la hipertensión, la PAS subóptima y el sexo masculino fueron predictores del EVA.



Conclusiones: Este trabajo representa el primer estudio epidemiológico poblacional que evidencia una elevada y alarmante prevalencia de EVA en pacientes con DM2 en el ámbito urbano y rural. El perfil hemodinámico de los pacientes con DM2 determina una tasa de incremento de la rigidez arterial más acelerada mostrando notables diferencias entre la edad arterial y la edad cronológica que condiciona un incremento del riesgo CV. Con similar prevalencia de EVA, existen diferencias de perfil hemodinámico en pacientes del medio urbano y rural. El control óptimo de la PA es primordial en el abordaje del EVA, especialmente en pacientes con DM2.

DISFUNCIÓN DIASTÓLICA EN PACIENTES CON DIABETES TIPO 2 Y SU RELACIÓN CON EL CONTROL METABÓLICO

Hugo Daniel SANABRIA, Pedro Antonio BECERRA, Santiago LYNCH, Carlos Javier BUSO, Fiorella Sofía CHICOTE, Valeria CALZIA, Cecilia MASIELLO, Juan NAVARRO, Ezequiel FORTE

CONSEJO DE CARDIOMETABOLISMO, SOCIEDAD ARGENTINA DE CARDIOLOGÍA. Contacto: ezeeforte@yahoo.com

Introducción: La disfunción diastólica (DD) es un marcador precoz de daño miocárdico en pacientes con diabetes mellitus tipo 2 (DM2). La prevalencia de DD varía ampliamente de un 7 a un 35% dependiendo de la edad, de las poblaciones analizadas, de la definición y de las comorbilidades asociadas.

Objetivos: Evaluar la prevalencia de DD y su relación con el control metabólico en pacientes con DM2 sin enfermedad cardiovascular previa.

Materiales y Métodos: Se realizó un estudio observacional y multicéntrico en el que se incluyeron pacientes con DM2 menores de 65 años sin enfermedad cardiovascular, evaluados de forma ambulatoria con ecocardiograma Doppler color transtorácico y Doppler tisular. Se excluyeron pacientes con enfermedad cardiovascular clínicamente establecida, tensión arterial en el momento de la medición ecocardiográfica >140/90 mmHg, fibrilación auricular o enfermedad renal. El diagnóstico y severidad de la DD se evaluaron de acuerdo con la definición de las recomendaciones conjuntas de la Sociedad Estadounidense de Ecocardiografía (ASE).

Resultados: Se incluyeron 196 pacientes con DM2. La edad promedio de la población fue de $55 \pm 6,6$ años y el 46,3% fueron hombres. La mediana de tiempo de evolución de la DM fue de 6 años (IC 3-11) con un promedio de HbA1c de $7,0 \pm 2\%$. La media del IMC fue de $31,7 \pm 6$ kg/m², la media de presión arterial fue de $126/78 \pm 7,5$ mmHg. Con respecto al tratamiento, el 16,8% de pacientes utilizaba insulina, 15,8% iSGLT2 y 11,7% arGLP1. La prevalencia de DD definida por 3 o más criterios convenidos fue del 1,5% con una alta prevalencia de DD indeterminada (62%). Cuando evaluamos la presencia de alteración en el llenado del ventricular izquierdo, hallamos que el 46% de los pacientes presentó una alteración en el mismo definido por una relación E/a invertida <0,8. Asimismo, el 26,5% de los pacientes presentaba aurícula izquierda dilatada (>34 ml/m²) con una alta prevalencia de velocidades de onda e' reducidas en el análisis del Doppler tisular. La presencia de una relación e/e' elevada (>14) como marcador de elevación de presión de fin de diástole fue baja (1,7%) (Figura 1). Se realizó un análisis de la correlación lineal entre la HbA1c y los parámetros de DD (relación e/e' y relación e/a) sin observarse correlación estadísticamente significativa (Figura 2).

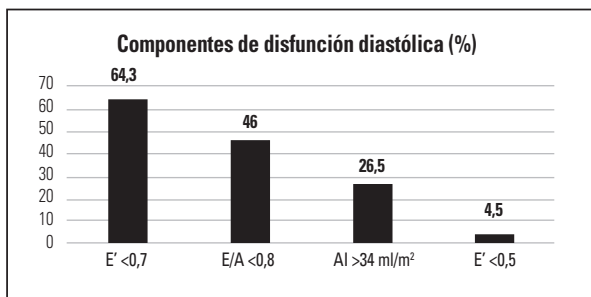


Figura 1

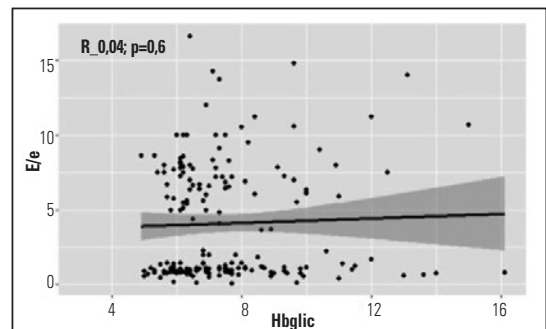


Figura 2

Conclusiones: La DD definida por ASE, en una población de pacientes con DM2 sin enfermedad cardiovascular, resultó baja, aunque la frecuencia de alteraciones miocárdicas y funcionales de los componentes aislados de DD fue frecuente. No hallamos correlación significativa en relación con la HbA1c y la alteración del llenado ventricular.