



LIBRO RESUMEN Y ABSTRACTS

10 Y 11 DE OCTUBRE 2025

PALAIS ROUGE

CIUDAD DE BUENOS AIRES



DIRECTORES



Prof. Dr. Jorge Martinez



Prof. Dr. Christian Boggio Marzet

SECRETARIO CIENTÍFICO



Dr. Gabriel Vinderola

COMITÉ EVALUADOR DE TRABAJOS



Dr. Gabriel Vinderola



Dr. Jorge Martinez



Dr. Christian Boggio Marzet



Dra. Ana Binetti



Dr. Juan Pablo Bustamante



Lic. M. de la Paz Temprano

EXPOSITORES EXTRANJEROS



Dra. Ana Teresa Abreu y Abreu
México



Dr. Francisco Guarner Aguilar
España



Dra. Rosaura Leis Trabazo
España



Dra. Marilyn Urrutia Pereira
Brasil



Dr. Fernando Medina Monroy
Colombia



Dra. Rosa del Campo
España



Dr. Walter Sandoval
Paraguay



Dra. Apolinaria García
Chile



Dr. Rosalino Vazquez López
México



Dr. Pablo Peña
Paraguay



Dra. Barbara Peters
Brasil



Dr. Vicente Navarro
España

EXPOSITORES NACIONALES



Dra. Romina Lambert



Dr. Luis Soifer



Lic. Andrea Gonzalez



Dra. Marina Orsi

COORDINADORES DE MESA



Dra. Ana Binetti



Dra. Cecilia Araujo



Dra. Karina Leta



Dra. Mabel Carosella



Dr. Juan Pablo Bustamante



Dr. Pablo Moreno



Dra. Andrea Santos Muñoz

PROGRAMA

		CRONOGRAMA DEL 9° Simposio Internacional de Microbiota, Probióticos y Prebióticos
>>>>>>>>>>> 10 y 11 de Octubre · 2025		
VIERNES 10.10		
08:00 a 08:45	Acreditación Planta baja	
08:45 a 09:00	Apertura 2° Piso	
09:00 a 09:45	Simposio Satélite BIOHELPER <i>Coordinador: Dr. Christian Boggio Marzet</i> ● Dra. Ana Teresa Abreu y Abreu <i>"Probióticos para un intestino en conflicto: Microbiota y SII bajo la lupa"</i>	
09:45 a 10:35	<i>"Microbiota vulnerable: disbiosis en los extremos del ciclo vital"</i> <i>Coordinador: Dr. Jorge Martinez</i> ● Dr. Fernando Medina Monroy ● Dr. Luis Soifer <i>"Restaurando el equilibrio intestinal: manejo de la disbiosis en niños"</i> <i>"Disbiosis silenciosa: el desequilibrio microbiano que acelera el envejecimiento"</i>	
10:35 a 11:20	Simposio Satélite OPELLA <i>Coordinador: Dr. Christian Boggio Marzet</i> ● Dr. Francisco Guarner Aguilar <i>"Probióticos en tiempos de antibióticos: una oportunidad para reescribir el equilibrio"</i>	
11:20 a 11:50	Coffee Break - Planta Baja	
11:50 a 12:40	<i>"Ventana crítica: microbiota, desarrollo y trastornos funcionales del lactante"</i> <i>Coordina: Dra. Mabel Carosella</i> ● Dra. Rosaura Leis Trabazo ● Dr. Christian Boggio Marzet <i>"8000 días, 1 oportunidad: microbiota y programación de la salud futura"</i> <i>"Más allá del llanto: probióticos y el desafío del cólico infantil"</i>	
12:40 a 13:20	Presentación de Trabajos <i>Coordina: Dr. Gabriel Vinderola - Lic. María de la Paz Temprano</i>	
13:20 a 14:30	Receso	
14:30 a 15:15	Simposio Satélite NESTLÉ HEALTH SCIENCE <i>Coordina: Dra. Karina Leta</i> ● Dra. Marina Orsi <i>"Manejo de la EI: impacto del tratamiento nutricional en la microbiota intestinal"</i>	
15:15 a 16:05	<i>"Repensando los probióticos: de la desinformación a la innovación clínica"</i> <i>Coordina: Dra. Ana Binetti</i> ● Dr. Gabriel Vinderola ● Dra. Apolinaria Garcia <i>"Probióticos: 10 mitos comunes a desterrar para su implementación basada en la evidencia"</i> <i>"Innovación en terapias microbianas: desarrollo de un probiótico para la prevención de Helicobacter Pylori"</i>	
16:05 a 16:45	Sesión Plenaria <i>Coordina: Christian Boggio Marzet</i> ● Dra. Rosa del Campo <i>"Más allá del tabú: transferencia fecal y su impacto en la salud humana"</i>	
16:45 a 17:15	Coffee Break - Planta Baja	
17:15 a 18:00	Simposio Satélite NUTRIVATE - ORDESA <i>Coordina: Dr. Jorge Martinez</i> ● Dra. Rosaura Leis Trabazo <i>"Manejo Actual de la APLV: Modulación de la Microbiota y Rol de las Fórmulas de Arroz"</i>	
18:00 a 18:15	Conclusiones	



microBiotA²⁰²⁵
9° Simposio Internacional de Microbiota, Probióticos y Prebióticos

**CRONOGRAMA DEL 9°
Simposio Internacional de
Microbiota, Probióticos y
Prebióticos**

»»»»»»»»» 10 y 11 de Octubre · 2025

SÁBADO 11.10

08:00 a 08:15	Acreditación Planta baja
08:15 a 09:00	Simposio Satélite IFF Health Sciences <i>Coordinador: Dr. Jorge Martinez</i> ● Dra. Bárbara Peters <i>"Modulación de la salud metabólica a través de la microbiota intestinal: el rol de los probióticos"</i>
09:00 a 09:45	Simposio Satélite LACTÉOL FORT <i>Coordinador: Dr. Christian Boggio Marzet</i> ● Dr. Gabriel Vinderola <i>"Postbióticos: nuevas definiciones para clásicas aplicaciones"</i>
09:45 a 10:35	<i>"Alimentos que construyen, ingredientes que condicionan: impacto nutricional en la microbiota"</i> <i>Coordina: Dra. Cecilia Araujo</i> ● Dra. Ana Teresa Abreu y Abreu ● Dra. Andrea Gonzalez <i>"¿Sin calorías pero con consecuencias? Efectos de los edulcorantes en la Microbiota"</i> <i>"Nutrición inteligente: matrices, suplementos y hábitos para una estrategia prebiótica"</i>
10:35 a 11:20	Simposio Satélite CASSARA <i>Coordina: Dra. Andrea Santos Muñoz</i> ● Dr. Vicente Navarro <i>"Innovación en dermatología: modulación de la microbiota intestinal como diana terapéutica"</i>
11:20 a 11:50	Coffee Break - Planta Baja
11:50 a 12:40	<i>Cambios Climáticos y Microbiota. Los nuevos desafíos ambientales"</i> <i>Coordina: Pablo Moreno</i> ● Dra. Marilyn Urrutia Pereira ● Dr. Jorge Martinez <i>"Tu entorno habla: revelando el exposoma con la anamnesis ambiental"</i> <i>"Cambio climático y enfermedades inmunoalérgicas: ¿El microbioma en riesgo?"</i>
12:40 a 13:25	Simposio Satélite PROFENI <i>Coordina: Dr. Gabriel Vinderola</i> ● Dra. Andrea Gonzalez - Dra. Romina Lambert - Dr. Gabriel Vinderola <i>"Microbiota en los segundos 1000 días: rol de la fermentación en la nutrición"</i>
13:25 a 14:25	Receso
14:25 a 15:15	<i>"Del origen microbiano a la defensa inmunológica: dos miradas sobre la salud global"</i> <i>Coordina: Dr. Juan Pablo Bustamante</i> ● Dr. Pablo Peña - Dr. Walter Sandoval ● Dr. Rosalino Vazquez López <i>"Estudio y comprensión del microbioma de poblaciones rurales e indígenas: Global Microbiome Conservancy - Paraguay"</i> <i>Células dendríticas vs. Influenza: el rol clave del postbiótico Pulmonarom®"</i>
15:15 a 15:55	Sesión Plenaria de Cierre <i>Coordina: Dr. Christian Boggio Marzet</i> ● Dr. Francisco Guarner Aguilar <i>"Microbiota 360°: conectando ciencia, clínica y futuro"</i>
15:55 a 16:30	Entrega de premios <i>Dr. Gabriel Vinderola - Dr. Christian Boggio Marzet - Dr. Jorge Martinez</i> Conclusiones y Cierre <i>Dr. Christian Boggio Marzet - Dr. Jorge Martinez</i>



AUSPICIOS ACADÉMICOS



Auspician este Simposio



Declarado de Interés por la Facultad de Medicina de la Universidad de Buenos Aires

AUSPICIOS COMERCIALES



Sponsors

Diamante	Platino	Oro	Plata	Bronce

Colaboradores



RESÚMENES TRABAJOS

E-POSTER 02

Nombre	MICROBIOTA FÚNGICA ENDOMETRIAL: POSIBLE IMPACTO EN EL ÉXITO REPRODUCTIVO
Autor (es)	Díaz C1, Gómez Morano R2, Pérez-Sánchez M2, Durán E1, Douas F3, Martínez-Lara A4, Cotán D4.
Institución	(1) Pronacera, Laboratorio, Sevilla, España (2) Pronacera, I+D, Sevilla, España. (3) Universidad Pablo de Olavide, Sevilla, España (4) Pronacera y SINA E, Dirección, Sevilla, España
Introducción Objetivos	<p>La presencia de hongos en el endometrio es un área emergente de investigación, estando la mayor parte de la atención enfocada en las especies de <i>Candida</i>. Sin embargo, los tipos exactos de hongos presentes y su impacto en el éxito reproductivo siguen siendo poco conocidos. Los desequilibrios en el microbioma endometrial, incluido el sobrecrecimiento fúngico, pueden influir en la fertilidad, la implantación embrionaria y condiciones como la endometritis. Para comprender mejor su papel, es crucial estudiar qué hongos específicos se detectan en el endometrio. Este conocimiento mejorará nuestra comprensión de la implicación de los hongos en la salud reproductiva y su impacto potencial en la fertilidad.</p> <p>El objetivo de este estudio fue determinar qué hongos pueden estar presentes en el endometrio humano y cómo están influenciados por el microbioma endometrial.</p>
Metodología	<p>Un total de 363 mujeres (edad promedio= 39,61 años) fueron incluidas en un estudio observacional retrospectivo de datos obtenidos entre abril y octubre de 2024. Se recopilaban datos de muestras de biopsias endometriales de pacientes que se sometieron a una prueba de microbioma endometrial. Finalmente, las pacientes fueron clasificadas en dos grupos según la presencia o ausencia de especies específicas de hongos a nivel endometrial.</p> <p>Los datos se obtuvieron de pacientes con indicación de realizar el test de microbioma endometrial debido a fallos en la implantación o abortos espontáneos. La prueba de microbioma consistió en una RT-qPCR que se realizó en muestras de biopsia endometrial para la detección de un panel de microorganismos y patógenos, incluidos aquellos no clásicamente asociados con resultados reproductivos. Las muestras se clasificaron según la presencia o ausencia de varias especies de hongos, en concreto <i>Saccharomyces cerevisiae</i> y varias especies del género <i>Candida</i> (<i>C. albicans</i>, <i>C. dubliniensis</i>, <i>C. glabrata</i>, <i>C. krusei</i>, <i>C. lusitanae</i>, <i>C. parapsilosis</i>, <i>C. tropicalis</i>). Los datos fueron analizados utilizando la prueba de Shapiro-Wilk y la prueba U de Mann-Whitney.</p>
Resultados	<p>Un total de 25 muestras (6,89%) fueron positivas para la detección de al menos una especie de hongo (edad promedio= 39,68 años), mientras que 338 muestras (93,11%) no presentaron ninguna especie de hongo analizada (edad promedio= 39,61 años). <i>Saccharomyces cerevisiae</i> fue la especie detectada con mayor frecuencia, con una tasa de detección del 73,33% respecto al total de detecciones de hongos, seguida por <i>Candida glabrata</i> con un 13,33%, <i>Candida albicans</i> y <i>Candida parapsilosis</i>, ambas con una tasa de detección del 6,67%.</p> <p>En cuanto a la abundancia relativa de especies de <i>Lactobacillus</i>, se observa una tendencia hacia un mayor porcentaje relativo de presencia de <i>L. crispatus</i>, una bacteria que destaca por su capacidad para mantener un microbioma endometrial equilibrado, en muestras sin presencia de hongos ($P > 0,05$). Por el contrario, <i>L. iners</i>, cuya presencia se asocia con un mayor riesgo de infecciones y desequilibrios en el microbioma, tiende a tener un mayor porcentaje de abundancia en muestras con presencia de hongos ($P > 0,05$). Además, ninguna de las pacientes con diagnóstico de endometritis (3,58%) mostró presencia de material genético de cualquier especie de hongo analizada.</p>
Conclusiones	<p>Distintas especies de hongos son notablemente detectadas en el endometrio, algunas de ellas no vinculadas previamente a los resultados reproductivos. Es necesario investigar más a fondo las causas detrás de la colonización de estas especies y las posibles implicaciones a nivel endometrial en el éxito de la implantación y el posterior desarrollo de un embarazo a término.</p>

E-POSTER 05

Nombre	DIVERSIDAD Y COMPOSICIÓN DE LA MICROBIOTA ORAL DURANTE LA GESTACIÓN: ESTUDIO PRELIMINAR
Autor (es)	Verónica A. Dubois ¹ , Luciana R. D'Eramo ² , Guillermina Calo ³ , Brenda A. Lara ³ , Vanesa C. Hauk ³ , Claudia Pérez Leirós ³ , Pablo A. Salgado ^{1,2} , Aldo F. Squassi ² , Laura A. Gliosca ¹ .
Institución	(1) Instituto de Investigaciones en Salud Pública (IISAP), Cátedra de Microbiología, Facultad de Odontología, Universidad de Buenos Aires, Marcelo T. de Alvear 2142, Ciudad Autónoma de Buenos Aires (1122), Argentina. (2) Instituto de Investigaciones en Salud Pública (IISAP), Cátedra de Odontología Preventiva y Comunitaria, Facultad de Odontología, Universidad de Buenos Aires, Marcelo T. de Alvear 2142, Ciudad Autónoma de Buenos Aires (1122), Argentina. (3) Instituto de Química Biológica (QUIBICEN-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Av. Intendente Güiraldes 2610, Ciudad Universitaria, Pabellón 2, Ciudad Autónoma de Buenos Aires (1428), Argentina
Introducción Objetivos	La gestación conlleva modificaciones hormonales, inmunológicas y microambientales que pueden impactar en la microbiota oral, particularmente de la microbiota del <i>biofilm</i> subgingival. Estas alteraciones podrían favorecer un estado disbiótico con implicancias sistémicas. Este estudio evaluó la diversidad y composición microbiana subgingival en gestantes y no gestantes, así como variables asociadas a la gestación.
Metodología	Se incluyó una muestra no probabilística de 18 mujeres (13 gestantes y 5 no gestantes), de entre 20 y 45 años. Las gestantes se encontraban bajo control obstétrico regular en el hospital Argerich y fueron derivadas para su atención odontológica a la Facultad de Odontología de la Universidad de Buenos Aires. Se realizó una evaluación del estado gingivoperiodontal que incluyó: sangrado al sondaje (SS), índice de placa (IP), índice gingival (IG), y el índice periodontal de necesidad de tratamiento (CPITN). Las muestras obtenidas fueron de <i>biofilm</i> subgingival y su recolección se realizó mediante la inserción de conos de papel estériles en los sitios periodontales con mayores signos de inflamación determinados individualmente en cada paciente. Se extrajo ADN con kit comercial y se amplificaron las regiones V3-V4 del gen 16S rARN. La secuenciación se realizó en plataforma Illumina MiSeq™, y los datos fueron procesados con QIIME 2 utilizando un clasificador basado en la base de datos eHOMD.
Resultados	En cuanto a la composición microbiana en ambos grupos, los filos más abundantes fueron Firmicutes, Bacteroidetes, Fusobacteria y Proteobacteria. Los géneros con mayor abundancia relativa fueron <i>Streptococcus</i> , <i>Fusobacterium</i> , <i>Prevotella</i> , <i>Veillonella</i> , <i>Leptotrichia</i> y <i>Porphyromonas</i> . El grupo de gestantes presentó mayor abundancia relativa de <i>Porphyromonas gingivalis</i> . La diversidad alfa fue menor en mujeres gestantes en comparación con el grupo control, con diferencias significativas en 3 de los 4 índices evaluados: Shannon, Observed Features y Faith's PD ($p < 0.05$). El análisis de diversidad beta mostró diferencias significativas en la composición microbiana: Bray-Curtis, Weighted UniFrac, Unweighted UniFrac y Jaccard ($p < 0.01$). Weighted UniFrac explicó el 60,98% de la variabilidad en los tres primeros ejes del PCoA. Mediante el análisis ANCOM, se identificó una mayor abundancia de géneros periodontopatógenos en gestantes, destacando especialmente <i>Treponema</i> , así como las especies <i>Peptostreptococcus stomatis</i> y <i>Catonella morbi</i> . En cuanto a los índices derivados de la evaluación gingivoperiodontal, no se observaron diferencias significativas entre los grupos de estudio. Al considerar sólo las variables correspondientes al grupo de gestantes, no se observaron diferencias significativas en diversidad alfa o beta según la condición final de la gestación. Al comparar por semana de gestación, se registraron diferencias puntuales: menor uniformidad (Pielou) y riqueza (Observed Features) en mujeres con ≤ 16 semanas ($p < 0.05$). Solo la distancia Bray-Curtis mostró una diferencia significativa entre grupos ($p < 0.05$). ANCOM no identificó diferencias significativas consistentes según semana de gestación ni condición final, aunque se detectó mayor abundancia relativa de <i>Mollicutes bacterium HMT-504</i> y <i>Treponema socranskii</i> en algunos casos aislados.
Conclusiones	Los resultados sugieren que la gestación podría asociarse con cambios en la diversidad y composición de la microbiota oral subgingival, caracterizados por una mayor presencia de bacterias relacionadas con enfermedades inflamatorias como la gingivitis y periodontitis. Estos hallazgos preliminares refuerzan la importancia de realizar controles gingivoperiodontales durante la gestación y abren nuevas líneas de investigación sobre el papel de la microbiota oral en la salud materno-fetal.

E-POSTER 06

Nombre	MICROBIOTA SEMINAL Y FERTILIDAD MASCULINA EN LA POBLACIÓN ARGENTINA: HACIA UN ENFOQUE PERSONALIZADO EN MEDICINA REPRODUCTIVA
Autor (es)	Keller, L1; Pérez-Sánchez, M2; Gómez R2; Ramírez, L4; Ferrulli, M5; N. Fernández Peri4; Giordana, S4; Lavolpe, M5; Horcajadas J3; Cotán D3.
Institución	1 Sinae Argentina; 2 Sinae, España; 3 Pronacera y Sinae, Sevilla, España; 4 Banco Argentino de Esperma, Buenos Aires, Argentina; 5 In Vitro Buenos Aires, Argentina;
Introducción Objetivos	<p>La microbiota seminal humana desempeña un papel crucial en el mantenimiento de la homeostasis del tracto reproductor masculino. Evidencias emergentes sugieren que los desequilibrios o la presencia de microorganismos patógenos en esta microbiota pueden influir negativamente en la función espermática y, en consecuencia, en la fertilidad masculina. Comprender la composición de la microbiota seminal y su asociación con la calidad del semen es esencial para esclarecer posibles mecanismos subyacentes a la infertilidad idiopática y orientar futuras estrategias terapéuticas personalizadas.</p> <p>El objetivo del estudio es evaluar la relación entre el perfil de microbiota seminal y la calidad del semen, con el fin de determinar su posible impacto en la fertilidad masculina.</p>
Metodología	Estudio observacional prospectivo que incluyó a 30 hombres (edad media = 31,03 años) entre 2024 y 2025, provenientes de un banco de semen y una clínica de fertilidad de Argentina. Se analizaron muestras seminales para caracterizar los perfiles de microbiota y su posible asociación con parámetros espermáticos. Las muestras se recolectaron siguiendo un protocolo estandarizado, y los parámetros de calidad espermática se evaluaron mediante métodos convencionales, atendiendo a los criterios de clasificación de la OMS. Se empleó RT-qPCR para analizar un panel de microorganismos (bacterias, virus, hongos y protozoo) asociados a resultados reproductivos y salud intestinal en las muestras seminales. Los resultados obtenidos se analizaron utilizando herramientas bioinformáticas, aplicando la prueba de correlación de Pearson, la prueba t de Student, la prueba U de Mann-Whitney y la prueba de chi-cuadrado.
Resultados	La distribución porcentual de filos bacterianos en nuestro estudio fue: Bacteroidetes 28%, Firmicutes 31%, Proteobacteria 26%, Actinobacteria 13% y otros filos 2%. Al analizar la correlación de los taxones hallados con los parámetros seminales, el filo Bacteroidetes mostró una tendencia a la correlación negativa ($p=0.0803$) y la especie <i>Klebsiella pneumoniae</i> en sentido inverso ($p=0.0649$) con el volumen seminal. El pH fue afectado negativamente por <i>Escherichia coli</i> ($p<0,01$) y <i>Actinomyces</i> ($p<0,05$), y la viscosidad correlacionó positivamente con la presencia de <i>Mycoplasma hominis</i> ($p<0,01$). <i>Lactobacillus jensenii</i> mostró correlación positiva con la concentración espermática ($p<0,05$), y <i>E. coli</i> , la familia <i>Enterobacteriaceae</i> y <i>Akkermansia muciniphila</i> con la motilidad progresiva ($p<0,05$).
Conclusiones	<p>La presencia de microorganismos patógenos puede afectar negativamente los parámetros seminales. Los resultados obtenidos hasta el momento forman parte del primer estudio exploratorio en Argentina orientado a identificar los perfiles microbianos asociados con la calidad del semen.</p> <p>La composición de filos bacterianos identificada en este estudio muestra un patrón consistente con los datos reportados en estudios previos. Sin embargo, la literatura disponible sobre microbiota asociada a la calidad seminal es aún escasa y dispersa, y rara vez se enfoca en la caracterización detallada de taxones específicos con potencial relevancia biológica o clínica.</p> <p>La realización de estudios controlados que analicen su correlación con los resultados reproductivos será fundamental para comprender el impacto directo de la microbiota seminal en la fertilidad.</p> <p>En este contexto, la incorporación del perfil microbiológico en los protocolos de medicina reproductiva personalizada podría contribuir a optimizar los tratamientos y mejorar las tasas de éxito en los procedimientos de reproducción asistida.</p>

E-POSTER 10

Nombre	MICROBIOMA INTESTINAL Y CÁNCER COLORRECTAL ESPORÁDICO: IDENTIFICACIÓN DE PERFILES TAXONÓMICOS Y FUNCIONALES ASOCIADOS A RUTAS METABÓLICAS DIFERENCIALES CON APLICACIONES EN DETECCIÓN TEMPRANA Y EN MEDICINA DE PRECISIÓN EN UNA COHORTE ARGENTINA.
Autor (es)	Florencia Adriana Lohmann ¹ , Lucía Manuela Herrera ¹ , Fabiana Alejandra Ferro ² , Juan Pablo Santino ³ , Laura Raquel Soto ¹ , Florencia Sanchez ³ , Marcela Alejandra Martinez von Scheidt ⁴ , Carlos Alberto Vaccaro ^{1,2,5} , Tamara Alejandra Piñero ¹
Institución	1 Instituto de Medicina Traslacional e Ingeniería Biomédica (IMTIB), Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA) - Universidad del Hospital Italiano de Buenos Aires (UHIBA) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Potosí 4240, CABA (1199), Argentina. florencia.lohmann@hospitalitaliano.org.ar , luciam.herrera@hospitalitaliano.org.ar , laura.soto@hospitalitaliano.org.ar , tamara.pinero@hospitalitaliano.org.ar 2 Programa Cáncer Hereditario, Hospital Italiano de Buenos Aires Perón 4190, CABA (1199), Argentina. alejandra.ferro@hospitalitaliano.org.ar 3 Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Perón 4190, CABA (1199), Argentina juan.santino@hospitalitaliano.org.ar , mariaf.sanchez@hospitalitaliano.org.ar 4 Investigación e Innovación tecnológica - Departamento de Informática en Salud, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Perón 4190, CABA (1199), Argentina. marcela.martinez@hospitalitaliano.org.ar 5 Servicio de Coloproctología, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Perón 4190, CABA (1199), Argentina. carlos.vaccaro@hospitalitaliano.org.ar
Introducción Objetivos	El cáncer colorrectal esporádico (CCR) constituye una neoplasia multifactorial donde la microbiota intestinal desempeña un rol clave en la carcinogénesis. En este marco, se propone vincular la caracterización taxonómica y funcional del microbioma intestinal en CCR esporádico con la identificación de biomarcadores microbianos de valor diagnóstico temprano y pronóstico, que sienten las bases para el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas dirigidas.
Metodología	Entre 2018–2024 se reclutaron 109 pacientes con CCR y 117 controles sanos (CS) en el Hospital Italiano de Buenos Aires relevando hábitos y variables epidemiológicas, anatomo-clínico-patológicas. Se secuenció la región V4 del gen 16S rRNA a partir de ADN de muestras de materia fecal. El análisis metagenómico se realizó mediante QIIME2 (v2024.2) y el algoritmo DADA2. La taxonomía se asignó con Naïve Bayes (Greengenes) y la filogenia con MAFFT y FastTree. La diversidad alfa se evaluó con las métricas Shannon, Simpson, Chao1 y riqueza observada, y la beta con Bray-Curtis, UniFrac y Jaccard, mediante PERMANOVA. La abundancia diferencial se evaluó con DESeq2 y la predicción funcional con PICRUST2, obteniendo ortólogos KEGG y rutas MetaCyc. Las redes de coocurrencia a nivel de género se construyeron mediante el coeficiente de Spearman.
Resultados	La cohorte mostró edades medias de 66 (30–93) y 60 años (30–84) en CCR y CS respectivamente. En CCR, el 88% refirió consumo semanal de carnes rojas, 44% consumo de alcohol, 45% tabaquismo y 32% antecedentes familiares de cáncer. Los tumores se localizaron en colon ascendente (40%), descendente (34%), recto (22%) y transversal (4%), predominando los estadios T3N0. El análisis taxonómico reveló dominio de los <i>phyla Firmicutes</i> y <i>Bacteroidota</i> , seguidos por <i>Actinobacteriota</i> y <i>Proteobacteria</i> , sin variaciones significativas en abundancia relativa ni en el cociente <i>Bacteroidota/Firmicutes</i> . Dentro de <i>Firmicutes</i> predominó <i>Clostridiales</i> y en <i>Bacteroidota</i> , <i>Bacteroidales</i> . Los géneros más abundantes fueron <i>Bacteroides</i> , <i>Faecalibacterium</i> , <i>Blautia</i> , <i>Subdoligranulum</i> y <i>Agathobacter</i> . En CCR se detectó mayor abundancia relativa de <i>Escherichia-Shigella</i> , <i>Alistipes</i> y <i>Fusobacterium</i> , previamente asociadas a mecanismos proinflamatorios. La diversidad alfa, evaluada con los índices Chao1, observadas, Shannon y Simpson, no mostró diferencias significativas entre CCR y CS (H=0.78, p=0.378; H=0.79, p=0.374; H=0.14, p=0.709; H=0.47, p=0.494). La diversidad beta, analizada por PERMANOVA sobre distancias Bray-Curtis, UniFrac y Jaccard, tampoco presentó diferencias (p=0.738, p=0.764, p=0.286 y p=0.374), indicando mayor variabilidad interindividual que entre grupos. Las redes de coocurrencia en CS evidenciaron correlaciones positivas entre <i>Ruminococcus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Turicibacter</i> y <i>Akkermansia</i> , relacionadas con fermentación de polisacáridos, y mucinas, productoras de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), la integridad de la barrera mucosa y la modulación inmune. En CCR, las asociaciones se observaron

principalmente entre *Clostridium*, *Blautia*, *Fusobacterium* y *Porphyromonas*, lo que sugiere comunidades con potencial proinflamatorio y tumorigénico.

Funcionalmente, CCR mostró predominio de rutas de degradación de L-valina, biosíntesis *de novo* de purinas y un ciclo del ácido tricarboxílico modificado (TCA), favoreciendo producción energética, síntesis de macromoléculas y mantenimiento del potencial redox, consistente con un fenotipo de Warburg microbiano. En CS predominaron reciclaje de L-metionina, biosíntesis de NAD a partir de triptófano y catabolismo de azúcares, vinculados con equilibrio epigenético, redox y homeostasis intestinal.

Conclusiones

El microbioma en CCR mostró mayor abundancia de géneros proinflamatorios (*Fusobacterium*, *Escherichia-Shigella*, *Alistipes*), menor de productores de AGCC (*Faecalibacterium*, *Subdoligranulum*) y predominio de rutas vinculadas a proliferación celular, frente a funciones de homeostasis e inmunorregulación en CS. Este estudio genera evidencia sobre el rol del microbioma en la progresión del CCR y su potencial como fuente de biomarcadores para estratificación de riesgo y detección temprana en poblaciones subrepresentadas.

E-POSTER 11

Nombre	CARACTERIZACIÓN LONGITUDINAL DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN EL TRASPLANTE ALOGÉNICO DE CÉLULAS MADRE HEMATOPOYÉTICAS: EXPERIENCIA PILOTO EN ARGENTINA
Autor (es)	Florencia Adriana Lohmann ¹ , Maria Silvina Odstrcil Bobillo ² , Lucrecia Liliana Oses ² , Letizia Yamamoto ³ Laura Raquel Soto ¹ , Marcela Alejandra Martinez von Scheidt ⁴ , Carlos Alberto Vaccaro ¹⁻⁵ , Jorge Alberto Alberbide ² , Tamara Alejandra Piñero ¹
Institución	1 Instituto de Medicina Traslacional e Ingeniería Biomédica (IMTIB), Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA) - Universidad del Hospital Italiano de Buenos Aires (UHIBA) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Potosí 4240, CABA (1199), Argentina. florencia.lohmann@hospitalitaliano.org.ar, laura.soto@hospitalitaliano.org.ar, tamara.pinero@hospitalitaliano.org.ar 2 Servicio Hematología, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Perón 4190, CABA (1199), Argentina. silvina.odstrcil@icloud.com; lucrecia.oses@hospitalitaliano.org.ar, jorge.arbelbide@hospitalitaliano.org.ar 3 Sección Inmunología, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Perón 4190, CABA (1199), Argentina. leticia.yamamoto@hospitalitaliano.org.ar 4 Investigación e Innovación tecnológica - Departamento de Informática en Salud, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Perón 4190, CABA (1199), Argentina. marcela.martinez@hospitalitaliano.org.ar 5 Servicio de Coloproctología, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Perón 4190, CABA (1199), Argentina. carlos.vaccaro@hospitalitaliano.org.ar
Introducción Objetivos	La reconstitución de la microbiota intestinal tras un trasplante alogénico de células madre hematopoyéticas (allo-HSCT) constituye un proceso determinante en la evolución clínica de los pacientes, dada su estrecha relación con la respuesta inmunológica, la inflamación sistémica y la susceptibilidad a infecciones oportunistas. Sin embargo, la dinámica e impacto del microbioma en el contexto post-trasplante permanecen escasamente caracterizados, particularmente en América Latina. Este estudio constituye el primer análisis integral del microbioma intestinal en pacientes sometidos a allo-HSCT en Argentina, con el objetivo de caracterizar los cambios en la composición y diversidad de la microbiota intestinal y evaluar su potencial como biomarcador pronóstico y diana terapéutica.
Metodología	Una cohorte de 24 pacientes adultos sometidos a allo-HSCT en el Hospital Italiano de Buenos Aires fue evaluada prospectivamente. El análisis metagenómico se efectuó sobre secuencias de la región V4 del gen 16S rRNA obtenidas a partir de ADN proveniente de muestras de materia fecal recolectadas a los días 0, +15 y +100 post-trasplante, incluyendo un grupo control de individuos sanos.
Resultados	La cohorte presentó un rango etario de 25-71 años (media ± DE: 51 ± 13), con 54% hombres y 46% mujeres. Durante el seguimiento, la mortalidad fue del 42%. Las enfermedades de base más frecuentes fueron síndrome mielodisplásico, leucemia linfoblástica aguda, leucemia mieloide aguda y linfoma no Hodgkin. La profilaxis antibiótica habitual consistió en trimetoprima-sulfametoxazol, complementada en algunos casos con antibióticos de amplio espectro en los tres meses previos al trasplante (amikacina, vancomicina, piperacilina-tazobactam, meropenem) según el riesgo infeccioso individual. Los esquemas de inmunosupresión incluyeron combinaciones de metotrexato con ciclosporina (MTX-FK) o tacrolimus con metilprednisolona (FK-MF), junto con profilaxis antifúngica (posaconazol, isavuconazol o combinaciones) y administración de timoglobulina en determinados casos. La diversidad alfa (índices Shannon y Simpson) disminuyó significativamente al día +15 respecto al basal (Shannon: Kruskal-Wallis $\chi^2=10.33$, $p=0.0057$; ANOVA $F=5.83$, $p=0.0051$; Simpson: Kruskal-Wallis $\chi^2=8.12$, $p=0.017$; Dunn post-hoc $p\text{-adj}=0.024$ entre días 0 y +15), con recuperación parcial al día +100. La diversidad beta (PERMANOVA, distancias Bray-Curtis y Jaccard) mostró un efecto significativo del tiempo ($R^2=0.1107-0.1243$; $p=0.001$). El análisis taxonómico a nivel de género reveló diferencias significativas en <i>Roseburia</i> , <i>Blautia</i> , <i>Faecalibacterium</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Enterococcus</i> y <i>Staphylococcus</i> ($p\text{-adj}<0.05$). <i>Blautia</i> , previamente asociado a pronóstico favorable, se mantuvo estable en pacientes con evolución clínica positiva, mientras que <i>Enterococcus</i> presentó sobreabundancia persistente en casos con desenlaces adversos. La carga microbiana global presentó fluctuaciones significativas (Kruskal-Wallis $\chi^2=6.19$, $p=0.045$), reflejando la influencia combinada del trasplante y de las intervenciones farmacológicas sobre el ecosistema intestinal. La dinámica de la microbiota intestinal post-allo-HSCT evidenció una pérdida transitoria de diversidad, cambios composicionales sostenidos y la asociación de géneros específicos con el pronóstico clínico. <i>Blautia</i> y <i>Enterococcus</i> emergen como potenciales biomarcadores y dianas de intervención.

Conclusiones

Estos hallazgos aportan evidencia para el desarrollo de estrategias personalizadas de profilaxis e intervenciones dirigidas a modular la microbiota intestinal, con el potencial de reducir complicaciones infecciosas y mejorar la recuperación inmunológica tras el allo-HSCT. Asimismo, establecen un precedente para investigaciones en poblaciones latinoamericanas, tradicionalmente subrepresentadas en este campo, aportando un marco de referencia para guiar políticas clínicas y estudios multicéntricos que evalúen el impacto de la preservación y restauración de la diversidad microbiana en los desenlaces post-trasplante.

E-POSTER 13

Nombre	ENSAYO PILOTO DE UN ESQUEMA DE SUPLEMENTACIÓN NUTRICIONAL PERSONALIZADA PARA RECOBRAR EL EQUILIBRIO FUNCIONAL DE LA MICROBIOTA INTESTINAL Y EL CONTROL GLUCÉMICO EN TIJUANA.
Autor (es)	Ingrid D. Schilling-Álvarez ¹ , Lucia E. Azuara ² , Ernestina Santillana ² , Nydia A. Castillo-Martínez ² , Ana G. Magallanes-Rodríguez ² , Julio R. Martínez-Alvarado ² , Kenia Palomino-Vizcaino ¹ , Hector A. Magaña ¹ , Giovanni Palomino-Vizcaino ^{1, 2}
Institución	(1) Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias e Ingeniería, Facultad de Ciencias Químicas e Ingeniería, Universidad Autónoma de Baja California, Calzada Universidad #14416, Mesa de Otay, 22390 Tijuana, B.C. México. (2) Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Baja California, Blvd Universitario 1000 Valle de Las Palmas, 22260 Tijuana, B.C.México. G. Palomino (gpalomino@uabc.edu.mx)
Introducción Objetivos	La diabetes mellitus 2, es la novena causa de muerte a nivel mundial y para el año 2045 se estima que el número de afectados aumente a los 700 millones. Sin embargo, esta se destaca como una enfermedad prevenible. La diabetes es precedida por la prediabetes, un estado metabólico transitorio caracterizado por niveles de glucosa en sangre entre valores normales a altos, y constituye el mayor factor de riesgo para desarrollar diabetes. En México, aproximadamente 8.5 millones de personas padecen diabetes, mientras que la prevalencia de prediabetes alcanza el 22.1%, representando un importante desafío para la salud pública. El manejo y control eficaz de la prediabetes puede ayudar a retrasar o prevenir la progresión a diabetes, destacando las intervenciones dietéticas. En este contexto, la comunidad de microorganismos intestinales, ahora denominada microbiota intestinal, desempeña un papel decisivo en la extracción de energía a partir de los alimentos; el predominio de ciertas poblaciones bacterianas condiciona el procesamiento preferencial de alimentos; dependiendo de las proporciones de bacterias residentes cambiará la disponibilidad energética y hormonal que regulan el metabolismo de los carbohidratos y lípidos durante la digestión. Estudios han identificado una composición microbiana característica en individuos con prediabetes en comparación con controles sanos; marcado por una menor diversidad, una mayor abundancia del filo <i>Bacillota</i> y una menor abundancia de <i>Bacteroidota</i> y <i>Verrucomicrobiota</i> . Además, se ha observado que las personas con menor riqueza de bacterias intestinales tienden a presentar mayor adiposidad, resistencia a la insulina, dislipidemia y un fenotipo inflamatorio más acentuado, en contraste con las personas con alta riqueza bacteriana. Por otro lado, la composición de la microbiota intestinal se ve influenciada por el estilo de vida, la dieta, las enfermedades, los fármacos, entre otros factores, los cuales en algunos contextos pueden favorecer un estado de desequilibrio, definido por el aumento de la presencia de patobiontes y/o pérdida de diversidad microbiana. Para recobrar el equilibrio de la microbiota, las intervenciones basadas en probióticos, prebióticos y postbióticos, han demostrado promover el crecimiento de taxones microbianos que brindan beneficios al hospedero, como promover la integridad de la barrera intestinal mejorando los niveles de glucemia. El objetivo de este proyecto es modular la composición de la microbiota intestinal, empleando un esquema personalizado de prebióticos, probióticos y posbióticos, a partir de un análisis de microbiota intestinal fecal con secuenciación 16s rRNA, y objetivar sus efectos en la glucemia, resistencia a la insulina y endotoxemia, en una cohorte de prediabéticos Tijuanaenses. Como objetivos secundarios se propone evaluar la adherencia al tratamiento y tolerancia al esquema de suplementos por medio de auto reporte diario.
Metodología	Estudio piloto, experimental, prospectivo, longitudinal de series clínicas, que emplea dos grupos de 10 personas sanas y prediabéticas, entre 45 a 60 años, que no estén en tratamiento con hipoglicemiantes ni hipolipemiantes, a los cuales se les realizará una serie de determinaciones clínicas y análisis de la microbiota intestinal fecal por medio de secuenciación 16S rRNA. Con estos resultados, se diseña un esquema de suplementación personalizado para recobrar el equilibrio de la microbiota intestinal, empleando probióticos, plantago psyllium, inulina y butirato.
Resultados	Se espera que la intervención contribuya a aumentar la diversidad de la microbiota intestinal, favoreciendo taxones con un beneficio al hospedero y contribuyan a la producción de AGCC, conduciendo a mejorar el control glucémico, la sensibilidad a la insulina, HOMA y endotoxemia.
Conclusiones	Se ha diseñado y aprobado éticamente un protocolo de suplementación personalizado basado en el análisis de la microbiota para restablecer el control glucémico y mejorar la calidad de vida.

E-POSTER 14

Nombre	EFFECTO DE UNA FORMULACIÓN PROBIÓTICA SOBRE LA SINTOMATOLOGÍA GASTROINTESTINAL EN PERSONAS CON INTOLERANCIA A LA LACTOSA.
Autor (es)	Cristian Parra-Sepúlveda ^{1,2} , M. José Ortiz ³ , Miquel Martorell ³ , Héctor Valdebenito ² , Víctor Fuentes ² , Cristóbal Goic ² , Claudia Ortega ² , Catalina Garrido Rojas ⁴ y Apolinaria García ² .
Institución	(1) Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Universidad de la Frontera, Temuco, Chile (2) Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, BioBio, Chile. (3) Departamento de Nutrición y Dietética, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, BioBio, Chile. (4) Liva Company, Santiago, Chile
Introducción Objetivos	La intolerancia a la lactosa es una condición que tiene una incidencia de aproximadamente un 70% de la población mundial y que afecta la calidad de vida de las personas, generando diversos malestares gastrointestinales como diarrea, flatulencias, indigestión, entre otros. La lactosa es un disacárido que se hidroliza a nivel intestinal en glucosa y galactosa mediante la acción de una enzima específica denominada lactasa (β -D-galactosidasa); esto permite que tales monosacáridos sean absorbidos. Sin embargo, cuando tal condición fisiológica no se materializa debido a la ineficiencia o déficit enzimático, se concreta la presentación sintomatológica característica de la IL, derivado de la malabsorción del carbohidrato que, al estar presente en el intestino grueso, aumenta la carga osmótica y el contenido de agua intestinal, donde es fermentada por microorganismos que median la producción de hidrógeno gaseoso (H_2), dióxido de carbono (CO_2), metano (CH_4) y ácidos grasos de cadena corta. Una alternativa para combatir esta condición es el uso de probióticos que podrían modular esta expresión clínica. Por esto es que el Objetivo de este estudio fue analizar el efecto de una formulación probiótica sobre la sintomatología gastrointestinal de personas adultas con intolerancia a la lactosa.
Metodología	Se llevó a cabo un estudio piloto aleatorizado, doble ciego controlado con placebo en 22 participantes. Los participantes con resultado positivo al test de hidrógeno en aire espirado (HBT), fueron asignadas al grupo intervenido o placebo según su diagnóstico. Los participantes intervenidos consumieron capsulas con una formulación de 2 cepas probióticas <i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i> y <i>Limosilactobacillus fermentum</i> en una concentración de 10^9 UFC/ml para cada cepa (14 participantes) o capsulas con placebo (8 participantes) una vez al día, todos los días durante 12 semanas. Se les aplicó un cuestionario de presentación e intensidad de síntomas (CPeIS) pre, durante y post-intervención y fueron sometidos a controles nutricionales sucesivos.
Resultados	La edad media de los participantes fue de 27,5 años, el 59% de los participantes era de sexo femenino y el 41% de sexo masculino. En promedio, los grupos presentaban obesidad abdominal al inicio de la intervención, condicionante dada por la medición de la circunferencia de cintura (cm) y la cantidad de grasa visceral. La concentración media de H_2 (ppm) medida en un HBT post intervención no disminuyó en el grupo IL+probiótico. Sin embargo, hubo una disminución estadísticamente significativa ($p < 0,05$) en la intensidad percibida de flatulencias y ($p < 0,01$) borborigmos en el grupo IL+ probiótico.
Conclusiones	La formulación probiótica redujo significativamente la intensidad de algunos síntomas gastrointestinales, asociados a la ingesta de productos con lactosa, a pesar de que no se observó una mejoría en los resultados del HBT. Por lo tanto, los resultados preliminares del presente estudio se pueden considerar de base para una segunda etapa con un número mayor de participantes.

E-POSTER 15

Nombre	OPTIMIZACIÓN DE LAS CONDICIONES DE CRECIMIENTO DE LA CEPA <i>LACTICASEIBACILLUS PARACASEI</i>X100 POTENCIALMENTE PROBIÓTICA CON EFECTO ANTAGÓNICO SOBRE CEPAS DE <i>STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE</i>.
Autor (es)	Ruiz A, Anabalón F, Fuentes V, García A.
Institución	Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Departamento de Microbiología, Universidad de Concepción, Chile.
Introducción Objetivos	<p>La neumonía, una de las principales causas de morbilidad y mortalidad a nivel mundial, es provocada por diversos microorganismos, siendo <i>Streptococcus pneumoniae</i> el agente más frecuente en adultos mayores. Esta bacteria ha desarrollado resistencia a múltiples antibióticos, lo que ha generado la necesidad de explorar nuevas estrategias terapéuticas y preventivas. En este contexto, los probióticos han emergido como una alternativa prometedora, especialmente aquellos con propiedades inmunomoduladoras y antimicrobianas.</p> <p>El presente estudio se centró en la cepa <i>Lacticaseibacillus paracasei</i>, aislada y caracterizada en el Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana de la Universidad de Concepción, seleccionada por su actividad antagónica frente a <i>S. pneumoniae</i>, particularmente el serotipo 7F. Esta cepa fue previamente identificada mediante secuenciación de ARN ribosomal 16S y se ha caracterizado por su capacidad de estimular el sistema inmune, producir bacteriocinas y modular la microbiota intestinal. Dada su potencial aplicación como probiótico funcional, se planteó como objetivo principal determinar y optimizar sus condiciones de crecimiento a escala de laboratorio.</p>
Metodología	<p>Para ello, se realizaron ensayos de crecimiento en medio MRS bajo condiciones de aerobiosis y microaerobiosis (10% CO₂), para comparar su crecimiento en diferentes atmósferas. Se aplicó un diseño experimental Box-Behnken multifactorial, que permitió analizar la influencia individual y combinada del pH inicial (4,7; 5,7; y 6,7), la velocidad de agitación (0, 50, y 100 rpm) y la temperatura (35°C, 37°C, y 39°C) sobre la velocidad de crecimiento bacteriano. Se llevaron a cabo 24 ensayos en condiciones variables y 6 réplicas en condiciones estándar, utilizando la técnica de recuento por microgota para estimar la concentración de unidades formadoras de colonias por mililitro y obtener la velocidad máxima de crecimiento bacteriano. Todo se trabajó en tubos Falcon, utilizando 20 mL de caldo MRS con pH ajustado al inicio de los ensayos, en un Shaking Incubator.</p>
Resultados	<p>Los resultados mostraron que no hay diferencia significativa en el crecimiento en diferentes atmósferas. Así también, el pH inicial fue el factor más determinante en el crecimiento de la cepa, seguido por la temperatura, mientras que la agitación tuvo un efecto poco significativo. La cepa alcanzó concentraciones superiores a 10⁹ unidades formadoras de colonia por mililitro en menos de 24 horas, evidenciando un crecimiento robusto y consistente entre réplicas. El modelo estadístico presentó un coeficiente de determinación ajustado de 84.2%, lo que indica una alta capacidad explicativa. Las interacciones entre variables no fueron estadísticamente significativas, lo que sugiere que los efectos individuales predominan en la cinética de crecimiento.</p> <p>La optimización del modelo permitió identificar las condiciones ideales de cultivo términos de pH (6,0), temperatura (36°C) y velocidad de agitación (45 rpm). Estas condiciones favorecen la producción de biomasa, lo que resulta fundamental para el escalamiento industrial del proceso. Se destaca que el diseño experimental aplicado es reproducible y puede ser utilizado como base para futuras investigaciones en biorreactores de mayor escala.</p> <p>Este estudio contribuye al desarrollo de estrategias biotecnológicas para la producción de probióticos con aplicaciones en salud respiratoria.</p>
Conclusiones	<p>La investigación realizada permite establecer parámetros técnicos y biológicos para el cultivo eficiente de la cepa 100, sentando las bases para su aplicación en la industria alimentaria y farmacéutica. Se recomienda continuar con estudios complementarios que validen su comportamiento en condiciones industriales reales.</p>

*Cepa probiótica en proceso de patente por su funcionalidad.

E-POSTER 16

Nombre	OPTIMIZACIÓN DE LAS CONDICIONES DE ESCALAMIENTO DE LA CEPA <i>LACTICASEIBACILLUS RHAMNOSUS 134</i> QUE POSEE PROPIEDADES POTENCIALMENTE PROBIÓTICAS CON EFECTO ANTAGÓNICO SOBRE CEPAS DE <i>CANDIDA SPP.</i>
Autor (es)	Lagos F ¹ , García A ¹ , Guzmán V ²
Institución	(1) Laboratorio de patogenicidad Bacteriana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. (2) Departamento de Ingeniería de Materiales, Facultad de Ingeniería, Universidad de Concepción, Edmundo Larenas 315, Concepción, Chile.
Introducción Objetivos	El cuerpo humano alberga una gran cantidad de microorganismos que desempeñan funciones clave para la salud, como la protección contra infecciones y la regulación del sistema inmunológico. <i>Candida spp.</i> , un hongo que forma parte de la microbiota humana normal y es considerado oportunista, puede proliferar descontroladamente debido a factores como el estrés, el uso excesivo de antibióticos o un sistema inmunológico debilitado. El Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana de la Universidad de Concepción de Chile ha aislado <i>Lacticaseibacillus rhamnosus 134</i> , una cepa potencialmente probiótica, que inhibe el crecimiento de tres cepas de <i>Candida spp.</i> Con el fin de alcanzar un escalamiento eficiente de esta cepa es necesario optimizar sus condiciones de crecimiento. Se diseñó un modelo experimental multifactorial Box-Behnken para evaluar el efecto de variables como la oxigenación, pH, temperatura y velocidad de agitación sobre el crecimiento bacteriano en condiciones controladas de laboratorio. Los resultados preliminares indican que no hubo diferencias significativas en el crecimiento entre condiciones de aerobiosis y Microaerobiosis. Además, se identificó que la variable más influyente en su crecimiento fue el pH, siendo el rango entre 6 y 7 los valores en los cuales se observa el crecimiento óptimo respecto a la concentración máxima bacteriana alcanzada.
Metodología	Se empleó una cepa aislada de origen humano, obtenida de un cepario con 800 microlitros de caldo de cultivo y 200 microlitros de glicerol. El cultivo inicial se preparó en caldo Man Rogosa y Sharpe y se incubó overnight a 37 °C. Para las curvas de crecimiento bacteriano, se consideró una concentración inicial de 10 ⁵ -10 ⁶ unidades formadoras de colonia por mililitro. Las condiciones evaluadas fueron aerobiosis y microaerobiosis, incubados a 37 °C. El crecimiento se siguió por conteo en placa mediante la técnica de microgota cada 4 horas durante 24 horas. Posteriormente, se utilizó el modelo Box Behnken multifactorial para estimar la combinación óptima de las condiciones para obtener el mayor crecimiento, para ello se requirió realizar un total de 17 ensayos con las 3 variables distribuidas de forma aleatoria, para este caso, se analizó el pH inicial, la temperatura y la agitación. Las condiciones de pH consideradas fueron 4,7, 5,7 y 6,7; estos ensayos se llevaron a cabo con ajuste de pH inicial del medio, no bajo pH constante, con fermentadores sin control de pH. Para evaluar el crecimiento bacteriano en condiciones variables de temperatura, se ajustó la estufa a 34 °C, 37 °C y 40 °C, a la vez que las muestras fueron dejadas sobre un agitador, con agitación variable de 0, 50 y 100 revoluciones por minuto. Con los datos sobre el crecimiento de <i>Lacticaseibacillus rhamnosus 134</i> en condiciones variables, se realizó un análisis estadístico en el software STATGRAPHICS Centurion XVI basándose en el modelo Box Behnken que evalúa las interacciones entre las variables y proporciona estimaciones aproximadas con un intervalo de confianza del 95 %.
Resultados	Tanto en condiciones de aerobiosis como de microaerobiosis <i>Lacticaseibacillus rhamnosus 134</i> mantuvo una velocidad máxima en un rango de 0,6 y 0,7 horas a la menos uno, sin diferencias estadísticas significativas. Asimismo, la cepa mantuvo un crecimiento óptimo en un rango de pH entre 6 y 7, en un rango de temperatura entre 37 °C y 38 °C y un rango de agitación de 0 y 50 revoluciones por minuto.
Conclusiones	<i>Lacticaseibacillus rhamnosus 134</i> mantuvo un crecimiento similar en aerobiosis y microaerobiosis, lo que sugiere que es tolerante a diferentes niveles de oxígeno. La ligera ventaja observada en microaerobiosis podría aprovecharse para optimizar su producción a nivel industrial. Por otro lado, el pH es la variable más significativa en el crecimiento de esta cepa en múltiples variables.

E-POSTER 17

Nombre	ABORDAJE DE LA MICROBIOTA EN LA COLITIS MICROSCÓPICA INESPECÍFICA
Autor (es)	Martín Sofía
Institución	Médica especialista Jerarquizada en Clínica Médica, Diplomada en Medicina del Estilo de Vida y Experta Universitaria en Microbiota Intestinal. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina
Introducción Objetivos	<p>La colitis microscópica es un proceso inflamatorio crónico del intestino grueso que se caracteriza por una infiltración linfocítica de la mucosa. Los estudios endoscópicos son de características macroscópicas normales, y su diagnóstico se realiza con biopsia de mucosa colónica. Dentro de su espectro clínico se caracteriza por cursar con distensión abdominal, dolor tipo cólico, diarrea acuosa intermitente y recidivante. Se clasifica histológicamente en colitis linfocítica, colitis colágena y colitis microscópica incompleta o inespecífica (CMI). La historia natural no está definida; es tradicionalmente considerada una enfermedad benigna, pero se asocia a un deterioro de la calidad de vida.</p> <p>Objetivo: dar a conocer una patología frecuente, subdiagnosticada, con base fisiopatológica de disbiosis intestinal y activación inmunitaria; aportar un enfoque diagnóstico y terapéutico enfocado en la microbiota intestinal.</p>
Metodología	Estudio descriptivo, retrospectivo de serie de casos de pacientes estudiados de manera ambulatoria por colitis inflamatoria microscópica, a quienes se implementó una estrategia terapéutica basada en la desinflamación intestinal y recomposición de la eubiosis bacteriana intestinal.
Resultados	<p>Se incluyeron 37 casos de consultas realizadas entre 2024-2025, en el consultorio de Clínica médica orientada a microbiota intestinal, con un promedio de un caso detectado cada 9 días. El grupo etario mayoritario fue de 40-50 años (51%); mediana de edad de consultante de 42 años. El 83.8% (31) fueron mujeres. Los antecedentes clínicos personales fueron Hipotiroidismo 30.3% (10), seguido por Gastritis (15.2%), Alergias (15.2%), Celiaquía (12.1%), y alteraciones de Fertilidad (12.1%). Los síntomas que motivaron la consulta fueron en el 100% (37) distensión y dolor abdominal; en un 51.4% se asoció a diarrea(19); y en un 10.8% (3) a constipación. De los estudios complementarios solicitados, en el 41.2% presentaron leucocitos aumentados en el directo de materia fecal; en Videocolonoscopia digestiva baja el informe fue aspecto mucoso normal 78.4% (29), en 8.1% (3) se detectaron ulceraciones, en 8.1% (3) diverticulosis y en 2 de ellos pólipos colónicos. Se realizaron biopsias escalonadas de colon en el 100% (37), cuyo resultado histopatológico fue: 81% (30) colitis inespecífica, en 8.1% (3) colitis ulcerosa, 8.1% colitis linfocítica y en 1 paciente colitis eosinofílica. Los términos descriptivos de la histología colónica en las colitis inespecíficas fueron: "Linfocitos en acúmulos; Microhemorragias y acúmulos linfoides; Infiltrados linfoplasmocitarios; Hiperplasia linfoidea reactiva". En el plan terapéutico que se implementó en todos los casos fue alimentación rica en fibra, cese de harinas ultra-refinadas y azúcar añadida; y se prescribió un Probiótico (<i>Bifidobacterium infantis</i>, <i>Bifidobacterium breve</i>, <i>Lactobacillus rhamnosus</i>, <i>Lactobacillus acidophilus</i>, <i>Lactobacillus delbrueckii ssp. Bulgaricus</i>, <i>Lactobacillus casei</i>, <i>Streptococcus thermophilus</i>) y suplemento de Ácido Butírico (430mg) por 3 meses. El seguimiento fue a los 45 y 90 días, detectando en el 100% de los casos la mejoría del síntoma que motivó la consulta (distensión y dolor abdominal), la catarsis fue referida como mejor (en escala de Bristol) en el 80% de los casos.</p>
Conclusiones	El enfoque desde la perspectiva de la microbiota exige del diagnóstico histológico más allá del aspecto macroscópico normal de la mucosa intestinal por videocolonoscopia; no debe perderse la oportunidad de tomar la muestra de biopsia escalonada colónica para diagnosticar este tipo de patologías. Los síntomas más frecuentes fueron distensión y dolor abdominal, lo cual tradicionalmente se interpreta desde el espasmo intestinal con el uso de drogas para calmar el síntoma y no en interpretar la fisiopatología del cuadro con análisis de epitelio colónico y modificación de estado inflamatorio a partir de la microbiota intestinal. Es una población con patologías asociadas. Todos los pacientes mostraron satisfacción y remisión de la sintomatología con el tratamiento instaurado.

E-POSTER 18

Nombre	METFORMINA MODULA EL MICROBIOMA INTESTINAL ALTERADO POR SINDROME METABOLICO EXPERIMENTAL.
Autor (es)	Micaela Medrano ¹ , M.Virginia Gangoiti ²
Institución	(1) CIDCA (CONICET-UNLP-CIC), 47 y 116, La Plata, Bs. As. Argentina. (2) Laboratorio de Investigaciones en Osteopatías y Metabolismo Mineral (LIOMM- Facultad de Ciencias Exactas - UNLP-CICPBA), 50 y 115, La Plata, Bs. As. Argentina.
Introducción Objetivos	El Síndrome metabólico (SM) se considera un problema de salud pública, un 25% de la población lo presenta y sigue en franco aumento como consecuencia del estilo de vida sedentario y la mala alimentación. Dentro de los factores que contribuyen a aumentar la prevalencia del SM se encuentra el estado de la microbiota intestinal [Reyes Diaz, 2023]. El "microbioma" no solo está conformado por microorganismos sino también por todo el espectro de moléculas producidas por ellos tales como sus componentes estructurales, metabolitos (ácidos grasos de cadena corta, AGCC), toxinas, etc [Berg, 2020]. Algunos estudios demostraron que <i>Akkermansia muciniphila</i> , un probiótico intestinal, mejora la modulación de la inflamación sistémica, fortaleciendo la barrera intestinal [Liu, 2020] y brindando efectos beneficiosos en SM [Song, 2018]. Un modelo de SM inducido en ratas por agregado de Fructosa en el agua de bebida resulta ser muy sencillo e interesante [Felice, 2017]. Se ha observado que los azúcares simples como sacarosa y fructosa causan una rápida desregulación de la microbiota y por ende del hospedador [Moszak 2020]. La Metformina, un fármaco muy utilizado en la práctica clínica para el tratamiento de pacientes con SM que presentan insulino-resistencia, aumenta la abundancia de <i>Akkermansia</i> , con efectos beneficiosos sobre la homeostasis de la glucosa e incremento de células caliciformes productoras de mucina [Tang, 2019]. El objetivo de este trabajo fue evaluar si el tratamiento con Metformina es capaz de evitar los efectos que produce el SM sobre <i>Akk. muciniphila</i> y los AGCC.
Metodología	Se utilizó un modelo murino (ratas) de SM que se obtiene con una dieta rica en Fructosa (20% en el agua de bebida durante dos semanas), expuesto o no a un tratamiento con Metformina oral durante cuatro semanas adicionales, conformando cuatro grupos experimentales: C (sin tratamiento), F (reciben Fructosa), FM (reciben Fructosa y Metformina) y M (Metformina). Al completar los tratamientos, se extrajeron muestras de sangre para la determinación del estado metabólico (lipidemia, glucemia, fructosamina sérica). Luego, los animales anestesiados fueron sacrificados por dislocación cervical, se disecaron los intestinos y se procesaron para evaluar las células caliciformes en cortes histológicos teñidos con Azul alcian, y se colectaron muestras de materia fecal (MF) para determinar los perfiles de AGCC por cromatografía gaseosa y la amplificación del gen 16S rDNA con primers específicos para <i>Eubacteria</i> y <i>Akk. muciniphila</i> ; se analizó la intensidad de las bandas de los amplicones obtenidos en los geles de agarosa utilizando el programa Image J y se calculó la relación de manera de tener información cualitativa de la abundancia relativa de esta especie.
Resultados	En los animales del grupo F se encontró un aumento significativo de la glucemia, trigliceridemia, relación TG/HDLc y fructosamina, siendo compatible con el desarrollo de SM. (Asimismo se encontró un aumento significativo en la adiposidad mesentérica). Por su parte, al analizar los perfiles de AGCC, en las MF del grupo F, encontramos una disminución significativa (respecto al grupo C) en los niveles de Ácido Acético así como en el número de células caliciformes por 100 µm de vellosidad. Estos hallazgos van de la mano con la disminución encontrada en la relación de intensidad de bandas (<i>Akkermansia/Eubacteria</i>) lo cual podría relacionarse con una disminución de esta especie. Este resultado tendría que ser confirmado mediante metodologías cuantitativas. Los efectos descriptos fueron prevenidos por el tratamiento con Metformina oral (grupo FM).
Conclusiones	El tratamiento con Metformina modula los efectos negativos del Síndrome metabólico, manteniendo los niveles de AGCC, y el número de células caliciformes en la mucosa del intestino.

E-POSTER 19

Nombre	VARIABILIDAD EN LA RELACIÓN <i>FIRMICUTES-BACTEROIDETES</i> DE LA MICROBIOTA INTESTINAL HUMANA EN DIFERENTES ENTORNOS: UN ANÁLISIS EXPLORATORIO DE LOS EXTREMOS GEOGRÁFICOS DE CHILE.
Autor (es)	Marcell Leonario-Rodríguez ^{1,2} , Raúl Arias-Carrasco ³ , Claudio Vasquez ^{1,4} , Michel Abanto ⁴ , Vinicius Maracaja-Coutinho ^{5*} and Nicolas Saavedra ^{6*}
Institución	<p>¹Programa de Doctorado en Ciencias, mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile; marcell.leonariol@gmail.com</p> <p>²Escuela de Nutrición y Dietética, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Mayor, Santiago, Chile; marcell.leonario@umayor.cl</p> <p>³Instituto Universitario de Investigación y Desarrollo Tecnológico (IDT), Universidad Tecnológica Metropolitana, Santiago, Chile; raul.arias@utem.cl</p> <p>⁴Unidad de Genómica y Bioinformática, Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN), Universidad de La Frontera, Temuco, Chile; claudio.vasquez@ufrontera.cl, michel.abanto@ufrontera.cl</p> <p>⁵Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS), Faculty of Chemical & Pharmaceutical Sciences & Faculty of Medicine, Universidad de Chile, Santiago, Chile; vinicius.maracaja@uchile.cl</p> <p>⁶Centro de Biología Molecular y Farmacogenética, Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile; nicolas.saavedra@ufrontera.cl</p>
Introducción Objetivos	La microbiota intestinal (MI) es un determinante crítico de la salud humana, ya que influye en el metabolismo de nutrientes, la modulación inmunológica y la patogénesis de enfermedades. En regiones con diversidad geográfica y socioeconómica, la composición de la MI puede variar significativamente. La geografía única de Chile y sus disparidades en el desarrollo comunitario lo convierten en un escenario ideal para estudiar estas variaciones. Frente a esto, el objetivo del trabajo fue analizar las diferencias en la relación Firmicutes/Bacteroidetes y sus subclasificaciones taxonómicas en poblaciones de las regiones extremas de Chile, comparándolas con la Región Metropolitana.
Metodología	Se realizó un estudio transversal en tres ciudades: Porvenir (extremo sur), Calama (desierto del norte) y Santiago (capital) de Chile. Se recolectaron muestras de heces (n=59) utilizando kits estabilizadores de ácidos nucleicos y se almacenaron a 80 °C. El ADN fue extraído con el kit Fast DNA Spin Kit® y las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA fueron secuenciadas mediante MiSeq (Illumina). La asignación taxonómica y los análisis bioinformáticos se realizaron con la plataforma DADA2. Las comparaciones estadísticas incluyeron chi-cuadrado, Kruskal-Wallis y análisis descriptivos.
Resultados	El estudio reveló diferencias significativas en la composición de la MI entre las regiones. <i>Bacteroidetes</i> predominó en Porvenir (67,9%) y Calama (53,5%), mientras que <i>Firmicutes</i> predominó en Santiago (68,9%). La diversidad taxonómica fue mayor en Santiago, con 14 géneros de <i>Firmicutes</i> identificados, en comparación con un menor número de géneros en Calama y Porvenir. El análisis sociodemográfico mostró diferencias en la distribución por edad y estado nutricional, observándose en Santiago participantes más jóvenes y con mejor salud. El Índice de Desarrollo Comunitario indicó un mayor desarrollo en Santiago, lo que se correlacionó con cambios en la composición de la MI.
Conclusiones	La composición de la MI en poblaciones chilenas refleja una transición desde el predominio de Bacteroidetes en regiones menos urbanizadas hacia el predominio de Firmicutes en áreas urbanizadas, influenciada por el desarrollo comunitario y factores ambientales. Estos hallazgos subrayan la importancia de considerar la variabilidad regional en los estudios de microbiota y sugieren que las prescripciones probióticas deberían tener en cuenta los contextos locales. Se requieren investigaciones adicionales, incluyendo análisis funcionales y estudios experimentales, para explorar las implicancias en la salud de estas diferencias.

E-POSTER 20

Nombre	ESTUDIO DE LA MICROBIOTA INTESTINAL HUMANA EN POBLACIÓN SUDAMERICANA: REVISIÓN SISTEMÁTICA DE ENFOQUES METODOLÓGICOS
Autor (es)	Catalina González ¹ , Constanza López ² , & Marcell Leonario Rodríguez ²
Institución	² Escuela de Nutrición y Dietética, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Mayor, Santiago, Chile.
Introducción Objetivos	La microbiota intestinal (MI) constituye un ecosistema microbiano complejo que desempeña un rol central en la salud humana, incluyendo funciones digestivas, inmunológicas y metabólicas. Su composición puede verse influida por factores geográficos, genéticos, dietarios y socioculturales, especialmente en regiones con amplia diversidad. A pesar del creciente interés por caracterizar la MI e identificar sus potencialidades terapéuticas, existe una brecha importante en cuanto a los estudios realizados en países de altos ingresos frente a otras regiones del mundo, como Sudamérica. Esta realidad limita la comparación entre países y el diseño de intervenciones regionales basadas en evidencia local. Esta síntesis busca identificar patrones comunes, que orienten futuras investigaciones y permitan avanzar hacia una comprensión más integral y contextualizada de la MI en Sudamérica. Frente a esto, el objetivo del presente trabajo fue analizar sistemáticamente la composición de la microbiota intestinal humana de población sudamericana, considerando las diferencias técnicas y metodológicas de la evidencia publicada a la fecha.
Metodología	Se realizó búsqueda bibliográfica en las bases de datos PubMed y Scopus, considerando las directrices PRISMA durante el primer semestre del año 2025. Se ocuparon los términos "gastrointestinal microbiome", "gut microbiota", "gut microbiome", "intestinal microbiota", "intestinal microbiome", junto con operadores booleanos OR. También se incluyeron descriptores para cada país conjugados con AND ("Chile" y "Chilean"). La búsqueda fue realizada por dos investigadoras independientes de manera cruzada, seleccionando todos los artículos originales que describieran la composición de la microbiota intestinal de población sudamericana. La selección definitiva, discrepancias y eliminación de repetidos fue realizada por un tercer investigador. De los artículos elegidos, se extrajo y analizó la siguiente información: autor, año, país, número de sujetos, edad, etnia, estado de salud, control de variables y tipo de secuenciación.
Resultados	Se seleccionaron 57 estudios, de los cuales la mayoría proviene principalmente de Brasil (36,8%) y Colombia (19,3%), dado que otros países presentan una menor producción científica en esta área (<10%). Se evidencia predominio de estudios en adultos, siendo la caracterización pediátrica y perinatal limitada (38,6 % en conjunto). La secuenciación de 16S rRNA continúa siendo la técnica hegemónica (61,4 %), pero se observa una incorporación progresiva de enfoques metagenómicos (12,3 %), especialmente en Brasil y Ecuador. Las pruebas no detectaron diferencias significativas entre técnicas y grupos etarios ($\chi^2 = 4,12$; $p=0,131$), ni entre países y técnicas ($\chi^2 = 18,2$; $p = 0,079$); sin embargo, la tendencia sugiere que la adopción de metagenómica podría concentrarse en centros con mayor infraestructura. Se evidencia una mayor tendencia hacia estudios en adultos con condiciones clínicas específicas por sobre población infantil ($\chi^2 = 13,20$; $p=0,0003$).
Conclusiones	La caracterización de la microbiota intestinal en Sudamérica evidencia desigualdades geográficas y metodológicas, dado que predominan los estudios en poblaciones brasileñas y colombianas, con amplia utilización de 16S rRNA. La introducción paulatina de metagenómica no ha alcanzado significancia estadística en su distribución, pero apunta a disparidades en capacidad tecnológica. Investigaciones a futuro deberían estandarizar protocolos y fomentar consorcios regionales para mejorar comparabilidad y cobertura poblacional.

E-POSTER 21

Nombre	MODULACIÓN DE LA BARRERA TRANSEPITELIAL GÁSTRICA <i>IN VITRO</i> DE CÉLULAS CACO-2, MEDIADA POR CEPAS PROBIÓTICAS CON ACCIÓN PREVENTIVA FRENTE A LA INFECCIÓN POR <i>HELICOBACTER PYLORI</i>
Autor (es)	Valdebenito H.1, Ormazabal Y. 2, Ortega C. 1, Zegpi N. 1, Zúñiga F. 2, García A.1.
Institución	(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Chacabuco s/n, Barrio Universitario, Concepción, Chile (2) Universidad de Concepción, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Víctor Lamas 1290, Concepción, Chile
Introducción Objetivos	<p>Los probióticos que de acuerdo con la OMS y la FAO “son microorganismos vivos que al ser administrados en cantidades adecuadas confieren beneficios a su huésped” pueden ayudar a mejorar la permeabilidad de la barrera intestinal, al fortalecer la función de esta. Esto se logra modulando la microbiota intestinal y reduciendo la inflamación, lo que a su vez puede mejorar la absorción de nutrientes y prevenir el paso de sustancias dañinas al torrente sanguíneo. La infección por <i>Helicobacter pylori</i> (<i>H. pylori</i>) puede afectar la permeabilidad de la barrera intestinal, tanto en el estómago como en el intestino delgado. Esto se debe a que este patógeno puede dañar la mucosa protectora y alterar la microbiota intestinal, lo que lleva a un aumento de la permeabilidad y potencialmente a una mayor inflamación y daño tisular. Ante este daño, es que los probióticos toman un rol preponderante en la prevención y fortalecimiento de la barrera intestinal, modulando la respuesta inflamatoria. El trabajo de investigación realizado tiene por objetivo determinar la capacidad de los probióticos <i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C, <i>Lactocaseibacillus rhamnosus</i> UCO-25A y la cepa potencialmente probiótica <i>Lactocaseibacillus paracasei</i>X100 de impulsar la formación de la barrera transepitelial gástrica y prevenir el daño causado en el modelo <i>in vitro</i> de infección por <i>H. pylori</i>.</p>
Metodología	<p>Se evaluó la integridad de la barrera transepitelial gástrica utilizando el modelo <i>in vitro</i> de células Caco-2 (células de epitelio de carcinoma de colon humano) cultivadas en insertos Transwell®. Se midió la resistencia eléctrica transepitelial (TEER) utilizando el equipo EVOM Voltohmmeters tanto para el proceso de formación de barrera como para una barrera de células formada tras 21 días. Se incubaron con los probióticos en estudio a una concentración de 1×10^7, por sí solos y en diferentes mezclas de estos mismos. Posteriormente, se realizó medición de la TEER cada 2 horas (0, 2, 4, 6 y 8 horas) y nuevamente a las 24 horas de la adición de los tratamientos. Transcurridas 24 horas de incubación con los tratamientos probióticos, se trató con <i>H. pylori</i> como patógeno disruptor de la barrera generada con las células Caco-2 y se continuó registrando la medición de la TEER durante 24 horas y a lo largo de 3 días (24, 48 y 72 horas).</p>
Resultados	<p>Los resultados mostraron un incremento en los valores de TEER cercanos a 120 $\omega\text{-cm}^2$ (porcentaje) entre las 4 y 6 horas de la exposición a las cepas probióticas, en comparación con el control y los valores iniciales obtenidos antes del tratamiento cercanos a 105 $\omega\text{-cm}^2$ (porcentaje), lo que indica un fortalecimiento de la barrera epitelial. Al exponer posteriormente estas células previamente tratadas con probióticos a <i>H. pylori</i>, la disminución de la TEER estuvo en valores cercanos al control 100 $\omega\text{-cm}^2$. En contraste, las células que fueron expuestas únicamente a <i>H. pylori</i> presentaron una disminución significativa en los valores de TEER cercanos a 50 $\omega\text{-cm}^2$ (porcentaje), evidenciando un mayor daño en la integridad de la barrera epitelial, esto tanto en formación de barrera como de la barrera ya formada.</p>
Conclusiones	<p>Los resultados mostraron que la exposición de las células a <i>H. pylori</i> afecta negativamente la integridad de la barrera epitelial. Los tratamientos con cepas probióticas indujeron significativamente la formación de la barrera epitelial y el fortalecimiento de la barrera ya constituida en un período acotado de tiempo. Cuando las células fueron preincubadas con los tratamientos probióticos y posteriormente con <i>H. pylori</i>, se observó un efecto protector frente al patógeno, evidenciado por valores de TEER significativamente más altos en comparación con las condiciones sin tratamiento probiótico, esto se relaciona con el uso preventivo de los probióticos frente al patógeno.</p>

E-POSTER 22

Nombre	DETERMINACIÓN DE LA ACCIÓN PREVENTIVA DE LAS CEPAS PROBIÓTICAS <i>LIMOSILACTOBACILLUS FERMENTUM</i> UCO-33 Y <i>LACTICASEIBACILLUS RHAMNOSUS</i> X134 EN BARRERA TRANSEPITELIAL DE CÉLULAS DE EPITELIO DE CARCINOMA DE COLON HUMANO (CACO-2) FRENTE A LA INFECCIÓN POR <i>HELICOBACTER PYLORI</i>
Autor (es)	Ormazabal Y. 1, Valdebenito H. 2, Ortega C. 2, Zegpi N. 2, Zúñiga F. 1, García A.2.
Institución	(1) Universidad de Concepción, Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Víctor Lamas 1290, Concepción, Chile (2) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Chacabuco s/n, Barrio Universitario, Concepción, Chile
Introducción Objetivos	<i>Helicobacter pylori</i> es una bacteria patógena que infecta el epitelio gástrico de humanos. Posee una alta prevalencia en la población. Desencadena lesiones gástricas de distinta gravedad, desde gastritis superficial hasta cáncer gástrico. Su resistencia a los antibióticos mantiene alerta a la sociedad como lo señaló la OMS en la lista de patógenos prioritarios para I+D el 2021, además de estar clasificado como carcinógeno del grupo 1. <i>H. pylori</i> afecta la barrera epitelial gástrica mediante diversos mecanismos, incluyendo la adherencia, la liberación de toxinas y la alteración de las uniones estrechas. Esto puede llevar a la inflamación, daño celular y, en algunos casos, al desarrollo de enfermedades como úlceras y cáncer gástrico. Los probióticos por su parte ayudan a mantener un microbioma intestinal saludable y son capaces de combatir a diversos patógenos bacterianos gástricos, estudios indican que los probióticos pueden fortalecer las uniones estrechas y reducir la permeabilidad intestinal. Al mejorar la función de la barrera intestinal, los probióticos pueden contribuir a la prevención y tratamiento de diversas enfermedades gastrointestinales como lo es la infección por <i>H. pylori</i> . Para este ensayo se utilizaron células de la línea epitelial de adenocarcinoma de colon humano (Caco-2), seleccionadas por su capacidad de diferenciarse espontáneamente y adquirir características funcionales y morfológicas similares a las del epitelio intestinal. El objetivo de este estudio es analizar cómo los probióticos <i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-33 y <i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i> X134 contribuyen al fortalecimiento de la barrera gástrica, así como evaluar los efectos secundarios que se presentan cuando esta barrera se ve comprometida por la exposición a <i>H. pylori</i> .
Metodología	Las células fueron sembradas en la cara apical de insertos en placas Transwell y utilizadas en dos grupos de estudio, el primero en donde se trabajó dos días posterior a su siembra (formación de barrera) y el segundo donde se cultivaron durante 21 días (barrera formada) periodo en el que se monitoreó la resistencia eléctrica transepitelial (TEER) utilizando el equipo EVOM Voltohmmeters, con el fin de confirmar la formación de una barrera epitelial funcional. Se consideró en el ensayo el control, las cepas probióticas <i>L. fermentum</i> UCO-33 y <i>L. rhamnosus</i> X134. La TEER fue medida a las 0, 2, 4, 6 y 24 horas posteriores a la adición de los probióticos. Concluida esta etapa, las células fueron expuestas a <i>H. pylori</i> durante 72 horas, registrando mediciones de TEER cada 24 horas.
Resultados	Tras las primeras 4 horas con los tratamientos de cada una de las cepas probióticas los valores obtenidos bordean los 120 $\omega\text{-cm}^2$ (porcentaje), ahora bien, cuando ambas cepas son utilizadas en el tratamiento el valor bordea los 170 $\omega\text{-cm}^2$ (porcentaje), tanto en la formación de la barrera como en la barrera ya formada, esto indica un fortalecimiento de la integridad de la barrera epitelial. En contraste, el tratamiento solo con <i>H. pylori</i> provocó una disminución significativa de la TEER; sin embargo, en las células que habían sido tratadas previamente con probióticos, la reducción en la TEER fue considerablemente menor.
Conclusiones	Estos hallazgos sugieren que los probióticos evaluados ejercen un efecto protector frente al daño inducido por <i>H. pylori</i> , contribuyendo a mantener la funcionalidad y estabilidad de la barrera epitelial, además los resultados demuestran que existe una sinergia asociada al uso de las dos cepas en conjunto en el fortalecimiento de la barrera epitelial y en la acción preventiva frente al patógeno.

E-POSTER 23

Nombre	ANÁLISIS DE LA RESISTENCIA TRANSEPITELIAL EN CÉLULAS DE EPITELIO DE CARCINOMA DE COLON HUMANO (CACO-2) Y EL EFECTO INMUNOMODULADOR DE LAS CEPAS PROBIÓTICAS <i>LIMOSILACTOBACILLUS FERMENTUM</i> UCO-33 Y <i>LACTICASEIBACILLUS RHAMNOSUS</i> L-134 EN UN AMBIENTE DE ESTRÉS OXIDATIVO
Autor (es)	Ortega C ^{1,3} , Valdebenito H ¹ , Ormazábal Y ² , Fuentes F ¹ , Uribe E ³ , García A ¹ .
Institución	(1) Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. Email: clortega2019@udec.cl. (2) Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. (3) Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
Introducción Objetivos	La barrera intestinal es esencial para mantener la homeostasis del tracto gastrointestinal, actuando como una interfase selectiva que es capaz de regular la absorción de los nutrientes, además de proteger contra patógenos y toxinas. Las células Caco-2 son un modelo celular <i>in vitro</i> ampliamente utilizado, capaz de diferenciarse y formar una monocapa con características similares a los enterocitos del intestino delgado. Sin embargo, condiciones como el estrés oxidativo pueden alterar la formación y función de barrera contribuyendo a trastornos gastrointestinales. Los probióticos como <i>L. fermentum</i> UCO-33 y <i>L. rhamnosus</i> L-134 han demostrado tener efectos beneficiosos en la salud intestinal, ya que estos microorganismos no solo modulan la microbiota, sino que también influyen en la integridad de la barrera epitelial. Estudios previos indican que los probióticos pueden fortalecer las uniones estrechas, reducir la permeabilidad intestinal y modular la respuesta inflamatoria mediante la regulación de citoquinas. En este contexto, este estudio busca evaluar el impacto de estas cepas probióticas en la integridad de la barrera intestinal formada por células Caco-2, tanto en condiciones normales y bajo estrés oxidativo inducido por H ₂ O ₂ y analizar el efecto inmunomodulador del tratamiento probiótico en la línea celular.
Metodología	Se evaluó la integridad de la barrera intestinal mediante células Caco-2 cultivadas en insertos Transwell® durante 21 días. Se midió la resistencia eléctrica transepitelial (TEER) utilizando el equipo EVOM Voltohmmeters, se consideró en el ensayo el control (barrera intacta), tratamiento con probióticos (<i>L. fermentum</i> UCO-33 y <i>L. rhamnosus</i> L-134, individualmente y combinados), y estrés oxidativo (H ₂ O ₂ 25 mM) para evaluar la protección probiótica. Las mediciones se realizaron a las 2, 4, 6 y 24 horas post-tratamiento probiótico e igual con la adición de H ₂ O ₂ . Adicionalmente, se cuantificaron citoquinas en el medio basolateral mediante citometría de flujo (kit BD CBA Human Inflammatory Cytokines) para correlacionar los cambios en la TEER con la permeabilidad a moléculas inflamatorias. Este enfoque del ensayo permitió determinar el efecto fortalecedor de los probióticos en la barrera, su capacidad para mitigar el daño por H ₂ O ₂ y la modulación de la respuesta inflamatoria asociada a la integridad epitelial.
Resultados	Tras el tratamiento con las cepas probióticas individuales (<i>L. fermentum</i> UCO-33 y <i>L. rhamnosus</i> L-134), se observó un aumento progresivo en la resistencia transepitelial (TEER) en comparación con el control, lo que demuestra un fortalecimiento de la barrera intestinal. La combinación de ambas cepas mostró un efecto sinérgico, ya que los valores de TEER fueron significativamente superiores a los obtenidos con los probióticos por separado, lo que sugiere una potenciación de sus beneficios. Al exponer las células a H ₂ O ₂ , se confirmó el efecto perjudicial del estrés oxidativo, evidenciado por una caída pronunciada en la TEER en el grupo control. Sin embargo, en los tratamientos con probióticos, esta reducción fue menor, lo que indica un efecto protector de las cepas sobre la integridad de la barrera. Este efecto fue aún más notable en la combinación de probióticos, reforzando su acción sinérgica. Adicionalmente, se evidenció un efecto inmunomodulador tanto en los tratamientos individuales como en combinación, ya que los probióticos lograron provocar una reducción de las citoquinas IL-6, IL-8 e IL-1β, mitigando el daño inducido por H ₂ O ₂ y modulando la respuesta inflamatoria asociada. Estos resultados respaldan el potencial terapéutico de estas cepas para preservar la función de barrera intestinal y regular la respuesta inmune en condiciones de estrés oxidativo.

Conclusiones

Los probióticos *L. fermentum* UCO-33 y *L. rhamnosus* L-134 fortalecen la barrera intestinal mostrando un efecto sinérgico. Protegen contra el estrés oxidativo y modulan la inflamación. Estos resultados sugieren su potencial terapéutico para trastornos gastrointestinales asociados a disfunción de la barrera epitelial e inflamación.

E-POSTER 24

Nombre	EVALUACIÓN DEL POTENCIAL PROBIÓTICO DE UNA CEPA BACTERIANA CON ACTIVIDAD CITOTÓXICA SOBRE UN MODELO DE CARCINOMA MAMARIO CANINO
Autor (es)	Nhur-Aischa J. Zegpi ¹ , Héctor I. Valdebenito-Navarrete ¹ , Yaritza P. Ormazabal ² , Apolinaria D. García-Cancino ¹ .
Institución	1.Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. 2.Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
Introducción Objetivos	<p>El cáncer es la principal causa de muerte en el perro doméstico (<i>Canis lupus familiaris</i>). En las hembras, el cáncer mamario representa alrededor del 30% de los tumores detectados, donde aproximadamente la mitad son neoplasias malignas, con pronósticos reservados y limitadas opciones terapéuticas. El tratamiento convencional consiste en la remoción quirúrgica del tumor, acompañado en algunos casos de quimioterapia. Sin embargo, este enfoque, aunque efectivo en ciertos escenarios, no está exento de complicaciones, por lo que es necesario investigar terapias alternativas y/o complementarias, para mejorar la calidad de vida de los pacientes.</p> <p>En este contexto, los probióticos han emergido como estrategia para complementar el tratamiento de diversas enfermedades y, más recientemente, como potencial anticancerígeno sobre células de carcinoma mamario humano, como la línea MCF-7, sin embargo, esto no se ha estudiado en modelos animales. Las bacterias ácido-lácticas (BAL), un grupo de microorganismos que habita naturalmente el tracto gastrointestinal de humanos y animales, podrían ser consideradas probióticas cuando cumplen con una serie de características funcionales, de seguridad e idoneidad tecnológica y, dada su zona de colonización, pueden ser aisladas a partir de muestras de origen gastrointestinal.</p> <p>El objetivo fue determinar el potencial probiótico de cepas bacterianas aisladas de hisopado rectal de perros (<i>Canis lupus familiaris</i>), que presenten actividad citotóxica frente a células de carcinoma mamario canino.</p>
Metodología	<p>Se obtuvieron muestras de hisopado rectal de perros de la Región del Biobío, Chile, mediante tómulas estériles con medio de transporte Stuart, manteniéndolas a 4°C y procesándolas dentro de las 24 h posterior a la toma. Las muestras fueron sembradas en agar MRS, se seleccionaron colonias por sus características macroscópicas y se caracterizaron mediante tinción de Gram y pruebas de catalasa y oxidasa, almacenando las cepas que eran Gram positivas, catalasa y oxidasa negativas.</p> <p>Para evaluar la actividad citotóxica de las cepas, se implementó un ensayo de sulforodamina B (SRB) utilizando la línea de carcinoma mamario canino (CF41.Mg) además de células epiteliales de riñón (MDCK) como control no tumoral. Para esto, se cultivaron las células en condiciones controladas y se trataron con las distintas cepas bacterianas. Pasadas las 24 h, los tratamientos fueron eliminados, y las células se tiñeron con SRB para determinar la viabilidad celular. Los resultados fueron medidos en un espectrofotómetro ajustado a 510 nm.</p> <p>De los distintos tratamientos, se seleccionó la cepa con mayor efecto citotóxico en las células CF41.Mg, pero con menor reducción de viabilidad en las células MDCK, y se analizó para determinar si cumplía con propiedades probióticas como la tolerancia a pH y sales biliares en distintos tiempos y concentraciones. Además, se evaluó el potencial hemolítico de la cepa en agar sangre.</p>
Resultados	<p>Se aislaron 20 cepas de BAL catalasa y oxidasa negativas, Gram positivas, cocáceas o bacilares de distribución variada, características coincidentes con las de BAL probióticas.</p> <p>De los 20 tratamientos aplicados a las células, la cepa 6 destacó disminuyendo la viabilidad de CF41.Mg en un 90.4%, mientras que solo redujo un 8.5% la viabilidad en MDCK, sugiriendo un efecto selectivo hacia células cancerosas.</p> <p>Finalmente, se observó que la cepa 6 presentaba tolerancia a pH 3h post exposición, con 5.9×10^6 UFC/mL y a sales biliares al 2%, con $3,7 \times 10^8$ UFC/mL. Además, se observó que la cepa poseía actividad gamma-hemolítica, cumpliendo con un criterio de seguridad para ser considerado probiótico. La identidad de la cepa aún no se conoce, ya que esta no ha sido secuenciada.</p>
Conclusiones	La cepa 6 posee actividad citotóxica significativa y selectiva sobre células CF41.Mg, resiste condiciones fisiológicas del tracto gastrointestinal del perro y no genera hemólisis, por lo que exhibe potencial probiótico y podría ser considerada para el desarrollo de futuras investigaciones.

E-POSTER 25

Nombre	DESARROLLO DE UN ÍNDICE DE DISBIOSIS ESTRATIFICADO POR EDAD PARA LA EVALUACIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN CANINOS Y FELINOS
Autor (es)	Leidy Alejandra Giraldo Martínez ¹ ; Juan Esteban Lamprea Rodríguez ¹ ; Farley Adriana Garavito Jaimes ¹ ; Felipe Amador Lujan ¹ ; María Helena Bonilla Lagos ¹ ; Alida Carolina Valencia Gafaro ¹ ; Juan Camilo Álvarez Díaz ¹ ; Luz Ángela Vanegas Moreno ² ; Juan Carlos Builes ¹ ; Francesc Minguell Martín ³ ; César Orlando Muñoz Cadavid ^{1**}
Institución	1Grupo de Investigación On Site Research, On Site Diagnostic SAS, Medellín, Colombia. 2Nutriología veterinaria, Bogotá, Colombia. 3Instituto de Acupuntura Veterinaria, Bogotá, Colombia. **Email: direccioncientifica@osdiagnostic.com
Introducción Objetivos	La microbiota intestinal tiene una relación directa con diversas enfermedades. El cambio en la proporción de algunos grupos de bacterias se ha asociado a enteropatías crónicas, mientras que otros se relacionan a una buena salud intestinal. Aunque técnicas como la secuenciación pueden identificar patrones microbianos, la demora en el tiempo de entrega de resultados y su complejidad analítica, limitan su uso clínico. El objetivo de este estudio fue desarrollar un índice de disbiosis estratificado por edad para perros y gatos, capaz de discriminar entre estados normobióticos y disbióticos.
Metodología	Se realizó un estudio de corte transversal, con análisis comparativo entre grupos etarios en controles sanos respecto a individuos con enteropatías (enteropatías incluídas: enteropatía responsiva a esteroides, enteropatía responsiva a antibióticos, enteropatía responsiva a dieta, enteropatía no responsiva). La estratificación etaria se definió como: cachorros <8 meses, adultos 9-84 meses, gerontes >85 meses. Se colectaron muestras de materia fecal de 98 perros y 38 gatos ubicados en las ciudades de Medellín y Bogotá, divididos en dos grupos: controles sanos (caninos n=52, felinos n=18) y animales con enteropatías (caninos n=46, felinos n=20), el número de individuos por tipo específico de enteropatía no fue analizado por separado. Se extrajo el ADN con un kit comercial y se determinó su calidad utilizando espectrofotometría. En este estudio se realizó transferencia tecnológica del modelo previamente reportado por AlShawaqfeh et al. (2017) y Sung et al. (2022), por lo que mediante qPCR-SYBR Green se analizaron 9 grupos bacterianos (<i>Bacteroides</i> spp., <i>Bifidobacterium</i> spp., <i>Blautia</i> spp., <i>C. hiranonis</i> , <i>E. coli</i> , <i>Faecalibacterium</i> spp., <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Streptococcus</i> spp., <i>Turicibacter</i> spp.) con primers reportados para amplificar una región del 16S, con un protocolo de 95°C por 2 minutos, seguido de 40 ciclos de 95°C por 5 segundos y 60°C por 20 segundos. Se eligieron estos grupos bacterianos específicos porque han sido previamente identificados en la literatura como marcadores clave de salud intestinal en caninos y felinos. Los datos se normalizaron con bacterias totales y se generaron estándares de microbiota sana (μCH) y alterada (μCD). El índice de disbiosis (ID) se calculó con la ecuación: $\text{ID}(x; \mu\text{CD}, \mu\text{CH}) = \sqrt{(x - \mu\text{CH})^2} - \sqrt{(x - \mu\text{CD})^2}$ (7). Los umbrales de disbiosis se establecieron utilizando el percentil 95 en cada grupo. El análisis estadístico se realizó en Python, se emplearon pruebas de Kruskal-Wallis (seguidas de corrección FDR-Benjamini/Hochberg) y Mann-Whitney. Los datos descriptivos del índice de disbiosis se expresaron como media \pm DE.
Resultados	De los 98 caninos y 38 felinos evaluados, se halló una diferencia significativa entre el grupo de sanos (caninos ID: -2.21 \pm 1.02; felinos ID: -1.24 \pm 0.82) respecto al grupo de enteropatías (caninos ID: 1.92 \pm 1.07; felinos ID: 1.16 \pm 0.61) (p=0.0001). Los umbrales de disbiosis resultaron específicos por especie y por edad, como se observa en las Figuras 1 y 2. En el análisis de regresión lineal entre la edad en meses y la abundancia bacteriana, en gatos se observó una asociación significativa donde <i>Bifidobacterium</i> spp. mostró un incremento de 0.019 unidades por mes (p=0.014; R ² =0.324), indicando un enriquecimiento progresivo con la edad. Por otro lado, en caninos se halló una disminución de esta bacteria al aumentar la edad (pendiente=-0.0065; p=0.003; R ² =0.103). En felinos con enteropatías <i>E. coli</i> aumentó 0.014 unidades mensuales (p=0.041; R ² =0.213), vinculándose a disbiosis en individuos patológicos. La baja varianza obtenida en el análisis sugiere que factores no medidos como dieta, raza o actividad física podrían modular estas dinámicas en todas las bacterias. En los caninos sanos, se hallaron tendencias de crecimiento significativas al aumentar la edad en <i>Bacteroides</i> (pendiente = 0.00687, p=0.011), <i>Blautia</i> (0.00892, p=0.011), <i>C. hiranonis</i> (0.00949, p=0.003), <i>Faecalibacterium</i> (0.01162, p=0.004) y <i>Turicibacter</i> (0.01064, p=0.006). Mientras que en los individuos enfermos disminuyeron <i>Bacteroides</i> (-0.00921, p=0.010) y <i>C. hiranonis</i> (-0.01915, p<0.001).

Conclusiones

El índice de disbiosis puede ser una herramienta útil para discernir entre pacientes normobióticos y disbióticos, a través de un valor cuantitativo. Este es el primer estudio en donde se determina un índice de disbiosis ajustado por edad para caninos y felinos en Colombia, lo que sienta las bases para el desarrollo de una herramienta diagnóstica estandarizada. Esta investigación realizó una transferencia tecnológica un modelo previamente reportado, reproduciendo y validando la metodología de cuantificación de grupos bacterianos específicos en una población de mascotas colombianas, ya que factores como la edad y la ubicación geográfica pueden influir en la composición de la microbiota intestinal, es necesario contar con valores de referencia adecuados al contexto local. El estudio continúa recolectando individuos sanos con el fin de incrementar el tamaño de la muestra y aumentar el poder estadístico para una mayor representatividad. Entre las limitaciones de este estudio se encuentra la inclusión de animales de compañía de dos ciudades principales sin una clasificación por raza y tipo de enteropatía, por lo que la aplicabilidad del índice a todas las razas de perros y gatos, y a cada tipo de enteropatía requiere ser confirmada en estudios posteriores. Futuras investigaciones deben considerar la evaluación de otros factores potencialmente moduladores como raza, dieta y hábitos de vida.

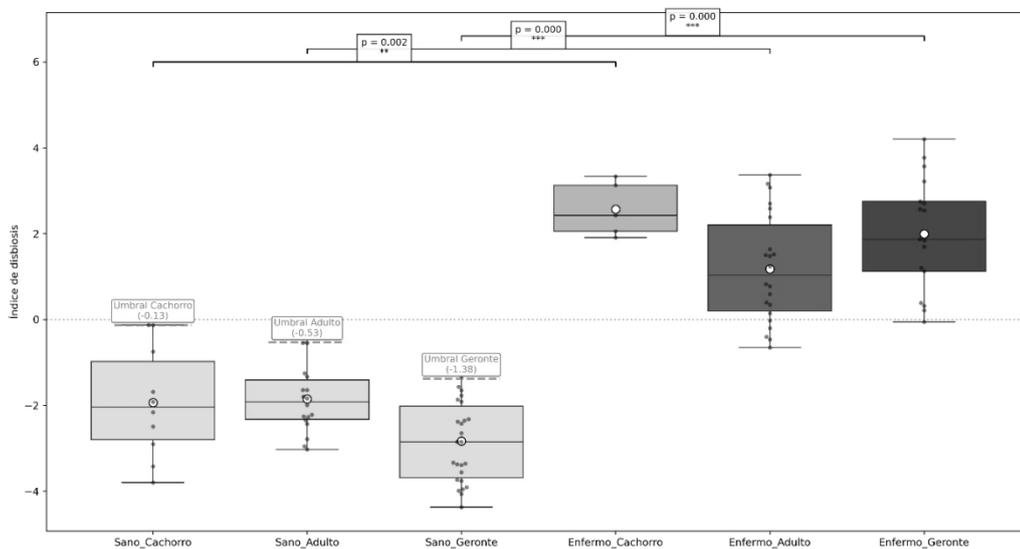


Figura 1. Índice de disbiosis en cada grupo etario en caninos sanos y con enteropatías.

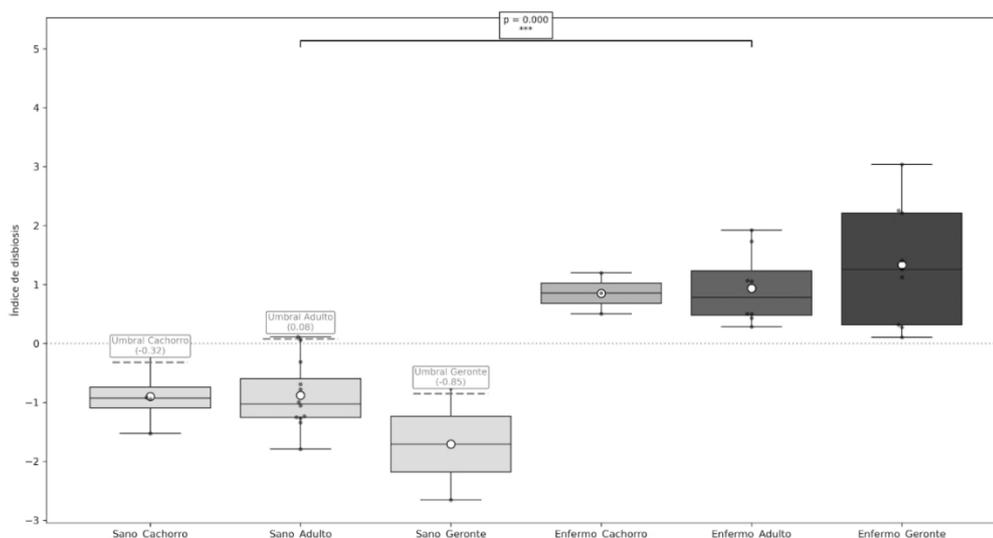


Figura 2. Índice de disbiosis en cada grupo etario en felinos sanos y con enteropatías.

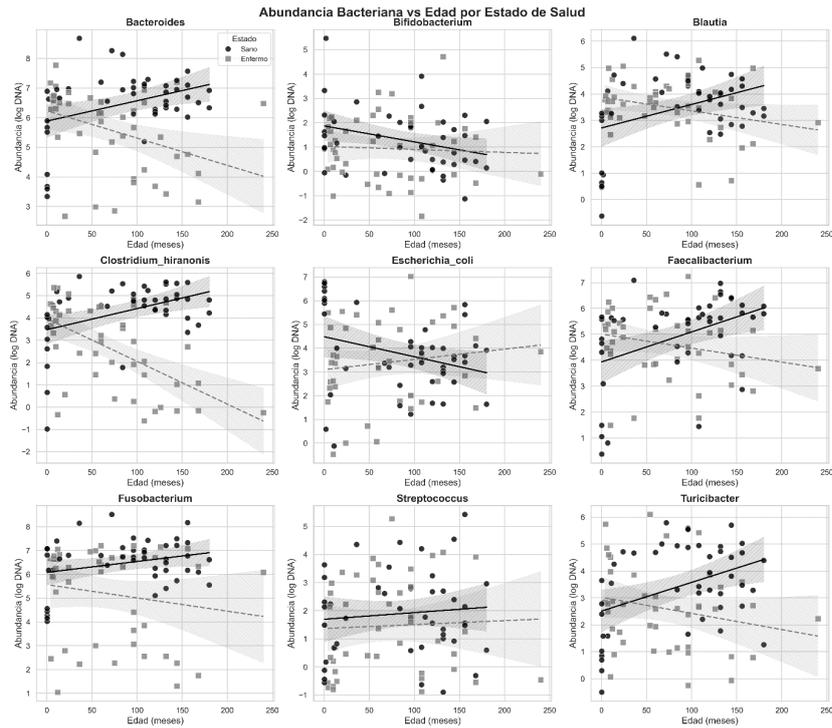


Figura 3. Abundancia de cada bacteria por edad en caninos, en los individuos sanos (círculos) y enfermos (cuadrados). La línea indica la tendencia de los datos. El área sombreada representa el intervalo de confianza (95%).

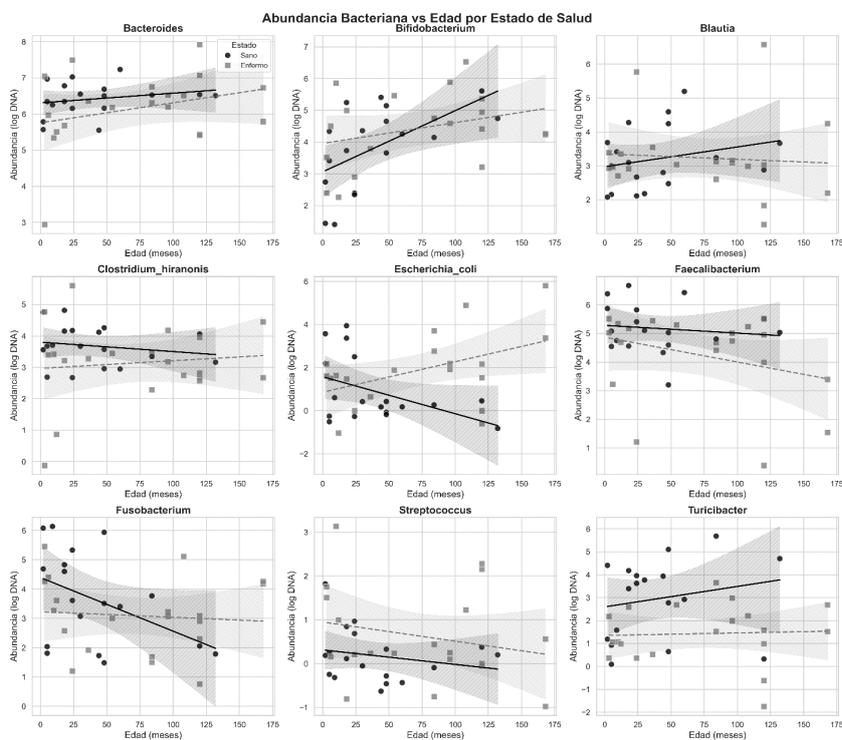


Figura 4. Abundancia de cada bacteria por edad en felinos, en los individuos sanos (círculos) y enfermos (cuadrados). La línea indica la tendencia de los datos. El área sombreada representa el intervalo de confianza (95%).

E-POSTER 26

Nombre	DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE PROFAGOS EN LA CEPA PROBIÓTICA <i>WEISSELLA VIRIDESCENS</i> UCO SMC3.
Autor (es)	Kimberly Sánchez-Alonzo ¹ , Silvia Contreras-Quintana ¹ , Víctor Fuentes-Barrera ¹ , Joaquín Olivares-Muñoz ¹ , Francisco Fuentes-Villalobos ¹ , Apolinaria García-Cancino ¹ .
Institución	(1)Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario, Concepción, Chile.
Introducción Objetivos	Los profagos (fagos en estado lisogénico) pueden encontrarse frecuentemente en bacterias, esto implica la integración del genoma del fago al cromosoma bacteriano en puntos de inserción bien definidos, participación en fenómenos de transducción y pueden conferir fenotipos que pueden otorgar una ventaja competitiva a su hospedador o alguna característica negativa como alguna propiedad metabólica negativa o alguna toxina. El objetivo de este estudio fue caracterizar los profagos de la cepa probiótica <i>Weissella viridescens</i> UCO-SMC3, aislada de baba de caracol, que posee mecanismos beneficiosos para la piel, beneficios que se verificaron a través de un estudio piloto en humanos. Además, esta cepa bacteriana muestra capacidad inmunomoduladora determinada a través de modelos celulares y modelo animal.
Metodología	Utilizando la herramienta PHASTEST, se analizó cada <i>conting</i> del <i>draft</i> del genoma completo de la cepa UCO-SMC3, para detectar posibles secuencias candidatas a profagos. También se indujo la liberación de fagos desde la cepa UCO-SMC3 mediante el uso de Mitomicina C, exponiendo cultivos en caldo MRS al inicio de la etapa de crecimiento exponencial medido a una Densidad Óptica de 600 nanómetros igual a 0.2 entre 20 y 1200 segundos, para luego cultivarse durante 8 horas a 37 Celsius con agitación (150 rpm) en tubos falcon protegidos de la luz. Los cultivos se centrifugaron a 500 xg durante 12 minutos, posteriormente se obtuvo los sobrenadantes con un filtro de poro de 0,22 micrometros. Se realizaron curvas de crecimiento por densidad óptica a 600 nm en un lector de microplacas Infinite M200 PRO (Tecan Trading Ag, Suiza) tomando puntos cada dos horas durante 24 horas.
Resultados	Los resultados muestran que de los 19 <i>contings</i> analizados con PHASTEST, uno posee un profago intacto. También se observó una disminución considerable en la velocidad de crecimiento proporcional al tiempo de exposición a Mitomicina C. La verificación de la liberación de profagos se realizará a través de microscopía electrónica (actividad en ejecución)
Conclusiones	En conclusión, el análisis bioinformático arroja que la cepa UCO-SMC3 contiene al menos un profago intacto en su genoma, y el uso de Mitomicina C, podría generar la inducción de este profago.

E-POSTER 27

Nombre	<i>LACTICASEIBACILLUS CASEI</i> UCO-A14.2: UN PROBIÓTICO ESCALABLE QUE MEJORA LA SALUD DE <i>APIS MELLIFERA</i> (ABEJA COMÚN)
Autor (es)	Romina I Carvajal ^{1,2} , Héctor Valdebenito ¹ , Héctor Benavides ¹ , Luis Villamarín ¹ , Apolinaria García ¹
Institución	(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile. rominacarvajal@udec.cl
Introducción Objetivos	<p><i>Apis mellifera</i> es un himenóptero polinizador de distribución mundial, con un importante rol ecológico y económico. Su supervivencia se ve amenazada por diversas infecciones, comúnmente tratadas con antibióticos; sin embargo, estos tratamientos pueden alterar su microbiota intestinal y, en consecuencia, comprometer su sistema inmune. El uso de probióticos ha demostrado mejorar su salud, fortalecer el sistema inmune y ofrecer protección contra patógenos.</p> <p>La bacteria <i>Lacticaseibacillus casei</i> UCO-A14.2, aislada del tracto gastrointestinal de abejas en el Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana de la Universidad de Concepción, presenta tolerancia a altas concentraciones de sacarosa, resistencia a pH ácido y elevada susceptibilidad a antibióticos. Su suplementación en la dieta de abejas ha demostrado efectos positivos como fenotipos más saludables, aumento en su actividad motora, expresión de compuestos antimicrobianos del sistema inmune y reducción de infecciones por los patógenos <i>Nosema</i> spp. y <i>Varroa destructor</i>.</p> <p>En este estudio se evaluó el impacto de la administración oral de la cepa probiótica UCO-A14.2 liofilizada, en concentraciones de 10^6 UFC/mL y 10^7 UFC/mL, sobre la supervivencia de abejas comunes mantenidas en mini colmenas a escala de laboratorio.</p>
Metodología	<p>Se trabajó con tres mini colmenas experimentales y dos colmenas control, cada una compuesta por diez abejas. Los grupos experimentales recibieron el probiótico disuelto en jarabe (agua y azúcar en proporción 1:1) únicamente el día 1 (tiempo 0); posteriormente, solo se administró jarabe con el fin de evaluar la respuesta frente al tratamiento inicial. En contraste, los grupos control recibieron exclusivamente jarabe durante todo el ensayo. El monitoreo se extendió por 26 días.</p> <p>De forma complementaria, se evaluó la viabilidad del liofilizado de UCO-A14.2 empaquetado en sobres termosellados en intervalos de 0, 15, 20, 30 y 50 días posteriores al envasado, de muestras con y sin refrigeración almacenadas por 113 días; y de muestras disueltas en 1 L de jarabe tras 0, 24, 48, 72 y 168h desde su disolución.</p>
Resultados	Los resultados indicaron que las abejas alimentadas con 10^7 UFC/mL del probiótico mostraron una supervivencia comparable a la de los controles hasta el día 6. La cepa mantuvo recuentos superiores a la concentración mínima con efecto inmunomodulador (CMEI= 1×10^5 UFCmL ⁻¹) en todos los análisis desde el paquete termosellado. Las muestras con y sin refrigeración no mostraron diferencias significativas en los recuentos y aquellas disueltas en jarabe se mantuvieron con recuentos disminuidos, sin embargo, por sobre la CMEI pasadas las 48 horas desde su disolución.
Conclusiones	<i>L. casei</i> UCO-A14.2, además de sus propiedades probióticas, no causa daño a las abejas en sus diferentes concentraciones durante el tiempo que requiere ser administrado en las colmenas. Asimismo, es capaz de mantener un recuento bacteriano estable en diferentes condiciones de almacenamiento, lo que respalda su potencial aplicación como probiótico a gran escala en la apicultura.

E-POSTER 28

Nombre	AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS, DESDE SISTEMA GASTROINTESTINAL DE TRUCHA AIRCOIRIS, PARA SU USO EN ACUICULTURA COMO PROBIÓTICOS
Autor (es)	Carrasco-Guñez C ¹ , Campos V ¹ , Contreras F ¹ , García-Cancino A ¹ .
Institución	(1)Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario, Concepción, Chile.
Introducción Objetivos	<p>La salmicultura en Chile y el mundo es una industria crucial y de alto crecimiento debido a la alta valoración de la proteína de pescado. Sin embargo, a pesar de sus beneficios, esta intensificación productiva conlleva desafíos inherentes, siendo los brotes de enfermedades uno de los más apremiantes. Las patologías parasitarias, bacterianas y virales impactan negativamente la producción acuícola, generando pérdidas económicas y mala calidad de vida para los organismos en cultivo. Además, el estrés en los peces, causado por alta densidad en jaulas, también afecta negativamente su bienestar, crecimiento y sistema inmune. Con el consiguiente riesgo de enfermedades y estrés crónico en la población de los animales, el manejo de enfermedades en sistemas de cultivo intensivo ha recurrido al uso profiláctico o terapéutico de antibióticos. Si bien esta práctica puede ser efectiva a corto plazo, plantea serias preocupaciones debido al desarrollo y la propagación de la resistencia antimicrobiana, así como a posibles impactos negativos en el medio ambiente. Esta situación ha impulsado una búsqueda urgente de alternativas que mejoren la salud de los peces y su resistencia a las enfermedades, reduciendo la dependencia de las terapias químicas, surgiendo los probióticos como una alternativa sostenible y respetuosa con el medio ambiente. Los probióticos, definidos como suplementos microbianos vivos que confieren un efecto fisiológico beneficioso al huésped cuando se administran en cantidades adecuadas, busca con su implementación aumentar la resistencia de los peces a enfermedades, fortaleciendo la inmunidad, compitiendo contra patógenos y mejorando la microbiota intestinal.</p> <p>El objetivo del trabajo fue aislar y caracterizar una cepa láctica, desde sistema gastrointestinal de trucha arcoiris para evaluar su eficacia y conocer su potencial uso en la acuicultura.</p>
Metodología	<p>Aislamiento desde el sistema gastrointestinal de <i>Oncorhynchus mykiss</i> mediante dilución seriada y siembra en medio de cultivo MRS.</p> <p>Caracterización microscópica y macroscópica de aislados: colonias placares blanquecinas-amarillas que crecieran en condiciones de microaerofilia a 37°C por 24-48 h. Tinción Gram positiva de bacilos-cocobacilos.</p> <p>Caracterización microbiológica: se les realizó test de catalasa, test oxidasa</p> <p>Actividad hemolítica, tolerancia a pH y sales biliares, test de susceptibilidad a antibióticos (comunes y aquellos más usados en acuicultura), hidrofobicidad de superficie y actividad antimicrobiana.</p> <p>Líneas celulares:</p> <p>I. Cultivo de células HT-29: DMEM alto en glucosa + 10% SFB + 1% pen/strep. Para realizar ensayo de adherencia a línea epitelial y ensayo de citotoxicidad mediante técnica MTT</p> <p>II. Cultivo de células SHK-1: Leibovitz L-15 + 10% FBS. No requiere CO₂.</p> <p>Para RT-qPCR de la expresión de citoquinas: Tras los tratamientos con LPS y sin LPS, se aisló ARN total de las células (método TRIzol) y se trató con DNase. Se sintetizó cDNA mediante retrotranscripción con enzima transcriptasa reversa. Luego, se cuantificó la expresión de los genes IL-1beta, TNF-alfa, IL-10 y TGF-beta mediante PCR en tiempo real (RT-qPCR) en un protocolo de dos pasos (retrotranscripción + PCR cuantitativa)</p>
Resultados	<p>Se aislaron 50 cepas bacterianas desde sistema gastrointestinal de trucha arcoiris, de las cuales 5 cepas bacterianas no presentaron actividad hemolítica, susceptibilidad segura a antibióticos, actividad antibacteriana, resistencia a pH ácido y sales biliares entre otras.</p> <p>Pero solo Bg-4 fue seleccionada para pruebas de adherencia y citotoxicidad, y RT-qPCR</p>
Conclusiones	<p>La cepa bacteriana pasó con eficacia todas las pruebas, los resultados sugieren que BG-4, presentan características que sugieren una potencial alternativa como suplemento nutricional para peces de acuicultura con facilidad de implementación y reducido impacto ambiental.</p>

E-POSTER 29

Nombre	MASTITIS GRANULOMATOSA Y <i>CORYNEBACTERIUM</i>. ANÁLISIS POBLACIONAL DEL HOSPITAL ARGERICH DE BUENOS AIRES
Autor (es)	Gustavo Fernández ¹ , Ingrid Sehringer ¹ , Mariela Fernández ² y Darío Mata ³
Institución	Hospital General de Agudos Dr. Cosme Argerich - Buenos Aires - Argentina. 1- Servicio de Cirugía (Mastología) 2-Servicio de Patología 3-Servicio de Reumatología
Introducción Objetivos	La mastitis granulomatosa (MG) es una enfermedad inflamatoria crónica de la mama que se presenta como una tumoración dolorosa, frecuentemente acompañada de fistulas y úlceras, simulando un proceso inflamatorio agudo o un cáncer de mama. Desde su descripción en 1972, ha sido considerada idiopática sin una etiología claramente definida, aunque se postula un mecanismo inmunológico modulado por especies de <i>corynebacterium</i> . En el 2002, Paviour aisló especies de este bacilo en pacientes con MG y en el 2003 Taylor demostró una fuerte asociación de la MG con infección por <i>corynebacterium</i> . En el 2011, Renshaw describió un subtipo de MG con vacuolas lipídicas rodeadas de neutrófilos asociado fuertemente a la especie <i>krappenstedtii</i> acuñando el termino Mastitis Granulomatosa Neutrófila Quística MGNQ). Diversas especies de <i>Corynebacterium</i> forman parte del microbioma mamario. Se postula que desbalances en el microambiente ductal, junto con alteraciones en la microbiota, podrían inducir daño epitelial, liberación de mediadores inflamatorios y disbiosis, desencadenando una respuesta inmunitaria frente a antígenos bacterianos. Asimismo, se sospecha una predisposición genética, dada la elevada incidencia de MG en países de la región mediterránea.
Metodología	Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo y observacional de pacientes con diagnóstico de mastitis granulomatosa tratadas en nuestro hospital entre enero de 2017 y julio de 2025. Se recolectaron datos demográficos, antecedentes mamarios, obstétricos y de lactancia. La presentación clínica fue categorizada según la clasificación de Yaghan, que distingue cuatro tipos: A: Tumor asintomático, B: Tumor inflamatorio, C: Tumor abscedado, D: Tumor con fístulas y/o úlceras. Se añade la categoría "e" para los casos con enfermedad extramamaria asociada. Se evaluaron estudios por imágenes mamarias, cultivos microbiológicos, test de PPD y radiografía de tórax. Las biopsias mamarias fueron analizadas mediante técnicas histológicas y microbiológicas: hematoxilina-eosina, Ziehl-Neelsen, PAS, Gram y Giemsa.
Resultados	Se evaluaron 110 mujeres con una edad media de 38.2 años, antecedente de embarazos y lactancia en el 87 %. La presentación clínica fue con patrón de Yaghan A 10 %, B 36 %, C 39 % y D 15 %. La manifestación extramamaria (e) fue el eritema nodoso en 9%. Las imágenes mamarias fueron categorizadas BIRADS 4/5 en el 75%. La radiografía de tórax fue normal en 100% de los casos y la prueba de PPD fue positiva en 2 pacientes (1.8%). Se realizaron cultivos en 90 pacientes (81.8%) aislándose especies de <i>corynebacterium</i> en 33 (36.6%). La más frecuente fue la <i>krappenstedtii</i> en 15 pacientes (45.4%). Los hallazgos patológicos fueron MG en 64 pacientes (58 %), 18 de ellas con cultivo positivo para <i>corynebacterium</i> (9 de la especie <i>krappenstedtii</i>) y MGNQ en 47 (42 %), 15 de ellas con aislamiento de <i>corynebacterium</i> (6 <i>krappenstedtii</i>) y 12 con visualización de bacilos intra quísticos.
Conclusiones	En nuestra serie, 65 de las 110 pacientes (59%) presentaron evidencia de <i>Corynebacterium</i> . -18 casos con hallazgos exclusivamente bacteriológicos, -15 casos con hallazgos bacteriológicos y patológicos, -32 casos con hallazgos exclusivamente patológicos. El 41% restante incluyó a 24 pacientes con cultivos negativos, en su mayoría con antecedentes de tratamiento antibiótico previo, lo que podría haber dificultado el aislamiento bacteriano, y 21 pacientes sin cultivo realizado. Estos datos sugieren la posibilidad de falsos negativos debido a las limitaciones del aislamiento bacteriológico convencional, y un porcentaje de casos podría considerarse idiopática. Para mejorar la detección etiológica, sería clave incorporar técnicas de PCR dirigida al gen 16S rRNA, lo que permitiría aumentar la tasa de detección de especies de <i>Corynebacterium</i> . Además, sería relevante estudiar su presencia y características en la microbiota mamaria de mujeres argentinas, con el objetivo de compararlas con otras poblaciones y así optimizar el diagnóstico y tratamiento de esta enfermedad inflamatoria crónica.

E-POSTER 30

Nombre	FERMENTACIÓN IN VITRO DEL DEXTRANO OBTENIDO DE GRÁNULOS DE KEFIR DE AGUA
Autor (es)	Simonelli Nicolás ^{1,2} , Medrano Micaela ^{1,3} , Tanisawa Kumpei ⁴ , Abraham Analía Graciela ^{1,2} nsimonelli@biol.unlp.edu.ar
Institución	(1)Centro de Investigación y Desarrollo en Ciencia y Tecnología de los Alimentos (CIDCA) (CONICET-UNLP-CIC), La Plata, Argentina (2)Área Bioquímica y Control de Alimentos-FCE, UNLP. La Plata, Buenos Aires, Argentina (3)Laboratorio de Alimentos, Salud y Microbiota (LASYM), Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional Arturo Jauretche (UNAJ), Florencio Varela, Buenos Aires, Argentina. (4)Facultad de Ciencias del Deporte, Universidad de Waseda, Tokorozawa, Saitama, Japón.
Introducción Objetivos	La fermentación de fibras dietarias con actividad prebiótica por la microbiota intestinal es un mecanismo esencial en la generación de metabolitos beneficiosos para la salud humana, como los ácidos grasos de cadena corta, que contribuyen al mantenimiento de la homeostasis intestinal, la modulación inmunológica y a la prevención de diversas patologías. Entre los prebióticos emergentes, aún poco estudiados, se destacan los exopolisacáridos producidos por bacterias ácido-lácticas que representan una categoría de metabolitos extracelulares con funciones tecnológicas y biológicas. En particular, la matriz de los gránulos empleados en la elaboración de kefir de agua está compuesta mayoritariamente por un homopolisacárido de glucosa con potencial prebiótico caracterizado estructuralmente como dextrano. Con el objetivo de evaluar la fermentabilidad del dextrano por la microbiota intestinal humana, se extrajo el polisacárido a partir de gránulos de kefir de agua deshidratados, y se evaluó la producción de ácidos orgánicos en un modelo de fermentación <i>in vitro</i> .
Metodología	Para la extracción, los gránulos fueron molidos y dispersados en NaOH 1M (60°C, 30 min), neutralizados, centrifugados y el polisacárido presente en el sobrenadante fue precipitado con dos volúmenes de etanol frío, manteniéndose a -20°C overnight. El precipitado se recuperó por centrifugación, se deshidrató en estufa (45°C, 16 h), se molió y se almacenó. La fermentabilidad <i>in vitro</i> se evaluó en un medio de cultivo suplementado con 3 g/L del dextrano extraído, utilizando como controles FOS comercial, glucosa y un medio sin azúcares. El inóculo consistió en un pool obtenido utilizando materia fecal de tres niños sanos (2-3 años, dieta omnívora, sin consumo de antibióticos en los últimos seis meses). Se diluyó la suspensión (1:10) en los medios preparados y se incubó en anaerobiosis a 37°C durante 48 h. Los sobrenadantes se analizaron por cromatografía gaseosa empleando una columna DB-FATWAX Ultra Inert acoplada a un detector FID para cuantificar ácido acético, propiónico y butírico; de los pellets microbianos se extrajo ADN para determinar composición y abundancia bacteriana relativa mediante secuenciación masiva con tecnología de Illumina.
Resultados	En todas las condiciones con carbohidratos, la producción de ácidos acético, propiónico y butírico fue significativamente mayor que en el medio basal sin azúcar (10,6 mM, 4,3 mM y 4,1 mM, respectivamente a las 24 horas, y 13,3 mM, 5,4 mM y 5,8 mM a las 48 horas). A las 24 horas, el dextrano generó los niveles más altos de ácidos, superando al FOS comercial en acético (22,7 vs. 17,0 mM) y propiónico (12,3 vs. 7,1 mM), con valores equivalentes de butírico (10,2 vs. 10,8 mM). A las 48 horas, el dextrano mantuvo el perfil de producción de ácidos más elevado, con concentraciones de acético (16,0 vs. 14,0 mM) y propiónico (8,8 vs. 6,8 mM) superiores al FOS y butírico equivalente (10,3 vs. 9,7 mM). En cuanto a la modulación de la microbiota intestinal, a las 48 horas y respecto al control sin azúcar, el dextrano estimuló las familias <i>Tannerellaceae</i> , <i>Veillonellaceae</i> , <i>Bifidobacteriaceae</i> y <i>Prevotellaceae</i> . El FOS, además de éstas, promovió <i>Selenomonadaceae</i> y <i>Streptococcaceae</i> . Dichas familias incluyen géneros productores de ácidos grasos de cadena corta, ya sea de manera directa o mediante mecanismos de <i>cross-feeding</i> , lo que concuerda con los mayores niveles de producción observados para dextrano y FOS frente al medio basal.
Conclusiones	En conjunto, los resultados demuestran que la microbiota fecal infantil utilizada en el modelo <i>in vitro</i> fue capaz de fermentar el dextrano de gránulos de kefir de agua, estimulando poblaciones benéficas productoras de ácidos orgánicos. Este trabajo constituye una primera aproximación al estudio de la fermentabilidad del polisacárido presente en los gránulos de kefir de agua por la microbiota humana y representa una etapa inicial en la evaluación de su potencial prebiótico.

E-POSTER 31

Nombre	MICROBIOMA Y METABOLOMA VAGINAL EN PACIENTES CON CANDIDIASIS RECURRENTE
Autor (es)	Hidalgo-Pajuelo Cristian ¹ , Ramos-Pérez Marcela ²
Institución	(1) Instituto Latinoamericano de Ginecología ILAGINE, Lima, Perú. Email: hidalgocri@gmail.com . Médico Especialista en Ginecología y Obstetricia, ORCID:0009-0003-5392-5840 (2) Universidad Científica del Sur, Facultad de ciencias de la salud, Carrera de Medicina Humana, Lima, Perú. Email: 100076401@cientifica.edu.pe . Estudiante de medicina, ORCID 0009-0008-7672-6808
Introducción Objetivos	La candidiasis vulvovaginal recurrente (CVVR) constituye un desafío clínico por su elevada frecuencia, la respuesta limitada a terapias antifúngicas convencionales y su asociación con alteraciones de la microbiota vaginal. El estudio integrado de microbioma y metaboloma aporta información clave sobre los mecanismos que perpetúan la colonización por <i>Candida</i> spp., la pérdida de lactobacilos protectores y la presencia de metabolitos inflamatorios que favorecen la disbiosis. El objetivo fue describir el perfil microbioma-metaboloma en mujeres con CVVR atendidas en un centro de referencia ginecológica.
Metodología	Estudio transversal descriptivo en el Instituto Latinoamericano de Ginecología (ILAGINE, Lima, Perú), noviembre de 2024-junio de 2025. Se incluyeron mujeres adultas con CVVR confirmada (≥ 3 episodios en 12 meses). Se evaluaron parámetros microbiológicos, inmunológicos y metabólicos, incluyendo presencia de <i>Candida</i> spp., coinfecciones, abundancia relativa de cuatro especies de <i>Lactobacillus</i> (<i>Lactobacillus crispatus</i> , <i>Lactobacillus jensenii</i> , <i>Lactobacillus iners</i> , <i>Lactobacillus gasser</i>), el índice Iners/Crispatus (IIC), niveles de IgA secretora, lactoferrina, pH vaginal y metabolitos vinculados con procesos inflamatorios e inmunorregulatorios.
Resultados	Se incluyeron 13 pacientes. La especie más frecuente fue <i>Candida albicans</i> (84,6 %); <i>Candida glabrata</i> y <i>Candida dubliniensis</i> se identificaron en 7,7 % cada una. Entre las coinfecciones, predominó <i>Prevotella</i> spp. (61,5 %), seguida de <i>Ureaplasma parvum</i> , <i>Gardnerella vaginalis</i> , <i>Streptococcus</i> spp. y <i>Atopobium vaginae</i> (23,1% cada uno). En menor proporción se detectaron <i>Mycoplasma hominis</i> , <i>Ureaplasma urealyticum</i> , citomegalovirus y <i>Escherichia coli</i> (7,7 % cada uno). Se observó un déficit absoluto de <i>Bacteroides</i> spp., compatible con desplazamiento de especies protectoras en contexto de disbiosis. El análisis de la relación entre perfiles de <i>Lactobacillus</i> y coinfecciones mostró que la disminución de <i>L. jensenii</i> y <i>L. crispatus</i> se asoció con <i>Prevotella</i> spp. (55,6 %), seguida de <i>G. vaginalis</i> (33,3 %) y <i>Streptococcus</i> spp. (22,2 %). En el grupo con otros <i>Lactobacillus</i> dominantes (n = 5), la coinfección más frecuente fue <i>Prevotella</i> spp. (75 %), seguida de <i>A. vaginae</i> y <i>U. parvum</i> (50 % cada uno). En el perfil de <i>Lactobacillus</i> , <i>L. jensenii</i> estuvo bajo en 76,9 %, normal en 7,7 % y alto en 15,4 %; <i>L. crispatus</i> estuvo bajo en 76,9 % y normal en 23,1% (sin valores altos). En contraste, <i>L. iners</i> mostró el patrón opuesto, con predominio de valores normales (53,9 %) y altos (23,1 %), siendo bajo en 23,1 %. <i>L. gasser</i> presentó un patrón intermedio (bajo 53,9 %, normal 46,2 %). El IIC confirmó el predominio del patrón "iners dominante" (61,5 %), seguido de "transición" (23,1%) y "crispatus dominante" (15,4 %). En los marcadores inmunológicos, la IgA secretora fue normal en 69,2 %, baja en 15,4 % y elevada en 15,4 %. La lactoferrina mostró concentraciones altas en 84,6 %, normales en 7,7 % y bajas en 7,7 %.
Conclusiones	Las mujeres con CVVR presentaron un patrón microbiológico caracterizado por pérdida de <i>L. crispatus</i> y <i>L. jensenii</i> y sustitución relativa por <i>L. iners</i> , asociado a coinfecciones frecuentes y a un entorno metabólico inflamatorio. Este perfil integrado microbioma-metaboloma apoya que la CVVR no es solo un proceso infeccioso aislado, sino la manifestación de un ecosistema vaginal alterado donde convergen disbiosis bacteriana, disfunción inmune local y cambios metabólicos. La identificación de este patrón ofrece base para estrategias diagnósticas y terapéuticas dirigidas a restaurar la estabilidad microbiana y metabólica del entorno vaginal.

E-POSTER 32

Nombre	MICROBIOTA VAGINAL EN INFECCIONES VAGINALES RECURRENTE: ROL DEL <i>LACTOBACILLUS</i>.
Autor (es)	Hidalgo-Pajuelo Cristian ¹ , Ramos-Pérez Marcela ²
Institución	Instituto Latinoamericano de Ginecología ILAGINE, Lima, Perú. Email: hidalgocri@gmail.com . Médico Especialista en Ginecología y Obstetricia, ORCID:0009-0003-5392-5840 Universidad Científica del Sur, Facultad de ciencias de la salud, Carrera de Medicina Humana, Lima, Perú. Email: 100076401@cientifica.edu.pe . Estudiante de medicina, ORCID 0009-0008-7672-6808
Introducción Objetivos	La disbiosis vaginal en mujeres con infecciones vaginales recurrentes (IVR) suele implicar una transición desde comunidades dominadas por <i>Lactobacillus crispatus</i> hacia especies menos protectoras como <i>Lactobacillus iners</i> . Buscamos caracterizar los patrones de alteración de la microbiota y explicitar cómo se determinó la disbiosis (método y referencias), evaluando además un índice Iners/Crispatus (IIC) como marcador operacional.
Metodología	Estudio transversal descriptivo en ILAGINE (Lima, Perú), nov-2024 a jun-2025, con 39 mujeres con IVR (≥ 3 episodios/12 meses). El microbioma vaginal se analizó mediante RT-PCR microfluidica (Biomark X, Standard BioTools) con dianas para 39 microorganismos. Se determinó el estado de disbiosis con pH vaginal fuera de valores de referencia (VN) 3.5-4.5; (ii) depleción de <i>L. crispatus</i> / <i>L. jensenii</i> y/o expansión de <i>L. iners</i> , <i>Gardnerella vaginalis</i> , <i>Atopobium vaginae</i> , <i>Candida</i> spp respecto de los intervalos de referencia internos del panel (laboratorio Pronacera-SINAE; con controles positivos/negativos y aseguramiento de calidad); y (iii) presencia de ≥ 1 patógeno priorizado. Se registraron IgA secretora (VN 300-2 500 ng/mL) y lactoferrina (VN 0.5-3 ng/mL). Dominancia se definió por mayor abundancia relativa del <i>Lactobacillus</i> por muestra. IIC = <i>L. iners</i> / <i>L. crispatus</i> (categorías: crispatus-dominante <0.1; transición 0.1-1; iners-dominante >1) y se interpretó complementariamente a pH y VN (índice exploratorio, no validado como estándar externo).
Resultados	<i>L. crispatus</i> fue la especie predominante en el 35,9 % de los casos, con mayor depresión frente a <i>Streptococcus</i> spp (78 %), <i>Gardnerella vaginalis</i> (75 %) y <i>Candida</i> spp (73 %). <i>L. iners</i> predominó en el 30,8 % de las pacientes, especialmente en presencia de <i>Atopobium vaginae</i> (50 %), <i>Gardnerella</i> (37,5 %) y <i>Candida</i> spp (36,4 %). El índice Iners/Crispatus (IIC) fue >1 en el 41 % de los casos, mostrando un dominio clínicamente relevante de <i>L. iners</i> sobre <i>L. crispatus</i> en infecciones por <i>Candida</i> spp (55 %), lo que sugiere una disbiosis avanzada. La dominancia de <i>L. iners</i> sobre <i>L. crispatus</i> (IIC > 1) fue clínicamente pertinente porque co-ocurrió con pH elevado (mediana 6.0; VN 3.5-4.5), alta carga de patógenos priorizados (79.5 %) y depleción de <i>L. crispatus</i> , triada que caracteriza un microambiente predisponente a recurrencia. En este contexto sintomático, el IIC agrega valor práctico para la estratificación de riesgo y orienta medidas dirigidas (acidificación y estrategias que favorezcan <i>L. crispatus</i>), manteniendo su uso como marcador operacional complementario a pH y VN del panel.
Conclusiones	En IVR se observó pérdida de <i>L. crispatus</i> y expansión relativa de <i>L. iners</i> , particularmente con <i>Candida</i> spp, <i>G. vaginalis</i> y <i>A. vaginae</i> . El IIC, interpretado junto con pH e intervalos de referencia del panel, ofrece una lectura clínica integrada de la transición disbiótica. Los hallazgos respaldan estrategias preventivo-terapéuticas que restauren estabilidad basada en <i>L. crispatus</i> .

Tabla 1. Características de las pacientes evaluadas (n=39)

Característica	Mediana	p25 - p75	Rango	Valor normal
Edad en años	38	32 - 41	24 - 70	
pH	6	5.5 - 6	4 - 7	3.5 - 4.5
IgA secretora	1379.09	686.27 - 2051.71	50 - 3552.68	300,00 - 2.500,00 ng/mL
Lactoferrina	9.8	5.64 - 15.9	0.01 - 38.84	0.5 -3 ng/mL
Característica	n (%)			
Patógenos priorizados				
Prevotella	15 (38.46%)			
Candida	11 (28.21%)			
Ureaplasma	9 (23.08%)			
Streptoc	9 (23.08%)			
Gardenella	8 (20.51%)			
Atopobium	6 (15.38%)			
Número de patógenos priorizados				
Ninguno	8 (20.51%)			
1	16 (41.03%)			
2	7 (17.95%)			
3	4 (10.26%)			
4	4 (10.26%)			

Figura 1. Perfil de Lactobacillus en pacientes por cada patógeno priorizados cuantificando por número de pacientes por caso.

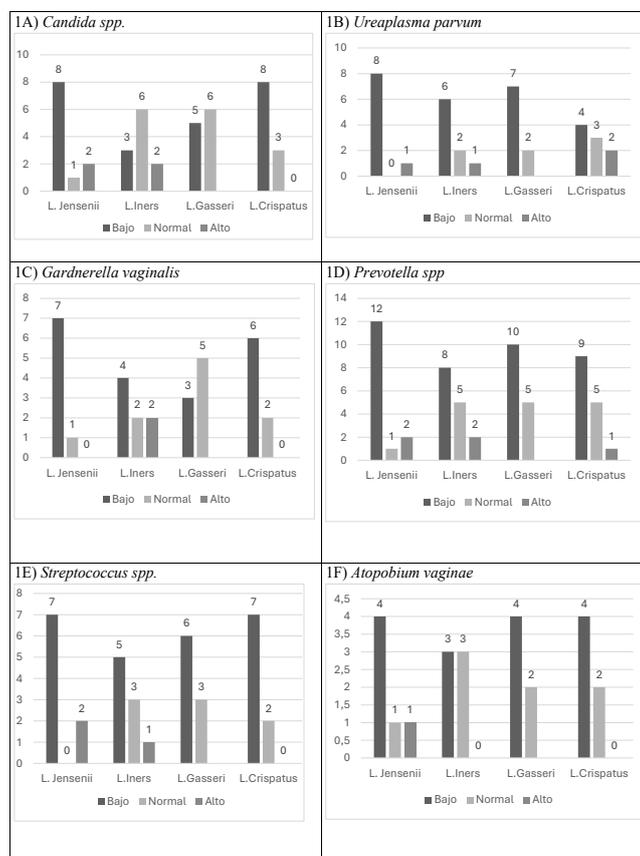


Figura 2: Lactobacillus dominantes según patógeno:

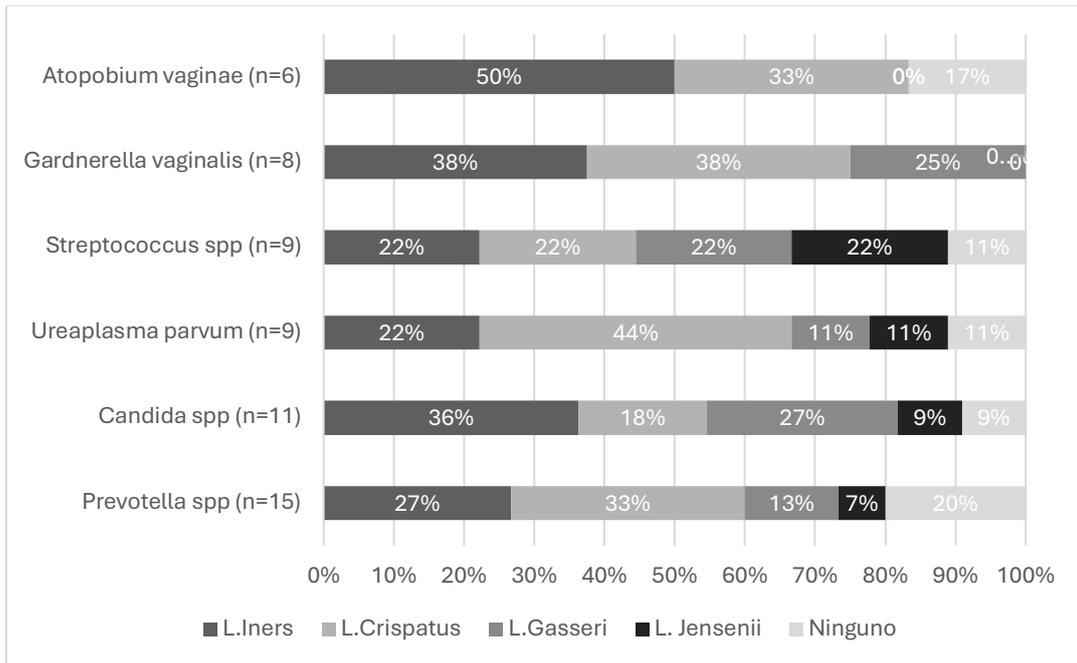
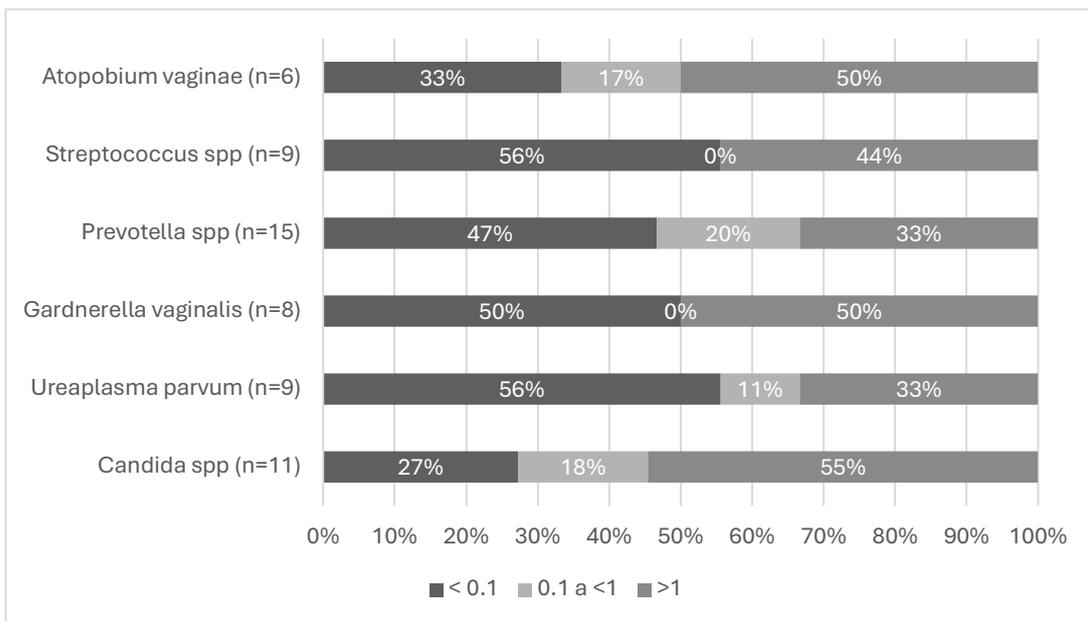


Figura 3: Valor del índice Iners/Crispatus por cada patógeno priorizado



E-POSTER 34

Nombre	MODIFICACIONES SOBRE LA ESTRUCTURA Y RESISTENCIA ÓSEA EJERCIDAS POR EL APORTE DE PREBIÓTICOS EN DIETAS CON DIFERENTE CONTENIDO DE CALCIO Y VITAMINA D
Autor (es)	Zeni Coronel EM1, Bonanno M1, Gomez A2, Vazquez D2, Seijo M1
Institución	(1) Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM), CONICET-UBA-Hospital de Clínicas, Laboratorio de Osteopatías Metabólicas, Av. Córdoba 2351 (C1120), Cdad. Autónoma de Buenos Aires Argentina. Email: ezenicoronel@fvet.uba.ar (2) Cátedra de Diagnóstico por imágenes, Universidad de Buenos Aires, Facultad de Odontología, Marcelo Torcuato de Alvear 2142 (C1122), Cdad. Autónoma de Buenos Aires, Argentina.
Introducción Objetivos	La ingesta adecuada de calcio (Ca) y vitamina D (VD) es necesaria para la salud ósea. Los prebióticos han demostrado mejorar la absorción intestinal de Ca y su retención en hueso. El objetivo fue evaluar los efectos del consumo de una mezcla prebiótica (MP) sobre la estructura y resistencia ósea, en dietas con diferente contenido de Ca y VD, utilizando un modelo experimental de baja masa ósea inducida por ovariectomía (OVX).
Metodología	Ratas Wistar adultas OVX fueron alimentadas con una dieta comercial durante 15 días post OVX y posteriormente divididas en grupos con dieta AIN ⁹³ -M variando el contenido de VD 100UI% o 0UI% (+D y -D), Ca 0.5% o 0.3% (Ca normal o bajo) y mezcla prebiótica (MP) de GOS/FOS (2.5%MP o 0%MP) dando lugar a 8 grupos: +D0.5; -D0.5;+D0.3;-D0.3;MP+D0.5;MP-D0.5; MP+D0.3; MP-D0.3. Al finalizar se determinó en fémur la densidad mineral ósea por DEXA (DMOf), volumen óseo (BV/TV), separación trabecular (Tb.Sp) y número de trabéculas (Tb.N) por micro-CT y fuerza máxima de fractura [Fmax (N)].
Resultados	En los grupos sin MP, se observa que el bajo aporte de Ca (0.3%) y la ausencia de VD impactan negativamente en ftDMO, BV/TV, Tb.N y Fmax, reflejando un deterioro de la calidad ósea. Con la incorporación de MP se revierten parcialmente estos efectos. Notablemente, en el grupo MP-D0.3, la ftDMO y Fmax son significativamente superiores a los del grupo -D0.3 alcanzando valores similares a los observados en condiciones normales (+D0.5).
Conclusiones	MP tiene un efecto protector sobre el hueso, especialmente en condiciones dietarias desfavorables, mejorando tanto parámetros estructurales (BV/TV, Tb.N, Tb.Sp) como mecánicos (Fmax) corrigiendo parcialmente el efecto de la baja ingesta de Ca y/o VD.

Variable	+D0.5	-D0.5	+D0.3	-D0.3	MP+D0.5	MP-D0.5	MP+D0.3	MP-D0.3
ftDMO (mg/cm ²)	285.5±5.7 B	252.8±5.6 C	280.4±9.3 B	246.7±12.2 C	302.9±6.9 A	287.3±5.6 B	292.4±2.1 A	270.3±9.6 B
BV/TV (%)	15.5±1.6 C	10.9±1.3 AB	10.5±3.6 AB	8.7±3.2 A	13.3±3.0 D	15.6±1.2 C	11.7±1.7 B	11.4±1.8 B
Tb.N (1/mm)	197±0.40 D	145±0.23 B	141±0.53 B	118±0.42 A	201±0.19 D	183±0.21 D	166±0.42 BC	147±0.49 B
Tb.Sp (mm)	0.74±0.16 C	0.94±0.22 D	0.84±0.24 C	0.93±0.21 D	0.33±0.07 A	0.84±0.07 C	0.59±0.20 B	0.84±0.34 C
Fmax (N)	117.9±7.2 C	98.5±2.1 A	83.0±8.8 A	79.8±5.6 A	142.3±6.2 D	119.1±5.3 C	117.0±4.3 B	103.2±4.7 B

Tb.N: Determinaciones realizadas a tiempo final (media ±DE). Letras diferentes corresponden a p<0.05.

E-POSTER 36

Nombre	UNA PRIMERA MIRADA AL IMPACTO DEL ESTILO DE VIDA EN EL MICROBIOMA INTESTINAL DE POBLACIONES ARGENTINAS
Autor (es)	Gabriel Vinderola1,2*, Olga Brovkina3*, Guillermo Peralta1, John Costa3, Lucas Moitinho-Silva2,3, Katya Moniz4,5, June Teichmann5,6, Catalina Prósperi1, Melisa Puntillo1, Mathieu Groussin2,3, Ana Binetti1,2,†, Mathilde Poyet2,7,†.
Institución	(1) Instituto de Lactología Industrial (INLAIN, UNL-CONICET), Facultad de Ingeniería Química, Universidad Nacional del Litoral, Santiago del Estero 2829, Santa Fe (3000), Argentina. (2) Global Microbiome Conservancy, microbiomeconservancy.org (3) Institute of Clinical Molecular Biology, Kiel University, Kiel, Germany. (4) The Center for Microbiome Informatics & Therapeutics, Massachusetts Institute of Technology, Cambridge, MA, USA. (5) OpenBiome, Woburn, Massachusetts, USA (affiliation at the time of sampling). (6) Children's Hospital of Philadelphia, PA, USA. (7) Institute of Experimental Medicine, Kiel University, Kiel, Germany. *: co-first authors †: co-senior authors
Introducción Objetivos	El estilo de vida, incluyendo el patrón alimentario, la exposición a factores ambientales y el lugar de residencia, influyen en la composición y función del microbioma intestinal humano. Comprender las interacciones entre el huésped y el ambiente puede ayudar a diseñar mejores políticas para la salud pública y personal. Gran parte del conocimiento actual proviene de países desarrollados, mientras que muchas regiones del mundo permanecen aún subrepresentadas en la ciencia del microbioma. El <i>Global Microbiome Conservancy</i> (GmBC, www.microbiomeconservancy.org) es una red internacional con sede en Kiel (Alemania), dedicada a profundizar la comprensión del microbioma humano y promover la capacidad de investigación a nivel global. El objetivo de este trabajo colaborativo fue estudiar la asociación de tres estilos de vida y ambientes diferentes con la composición del microbioma intestinal en Argentina.
Metodología	Se recolectó un total de 97 muestras de materia fecal de participantes voluntarios (18-65 años), sin enfermedades crónicas diagnosticadas, en tres localidades: ciudad de Santa Fe (urbana, ~400.000 habitantes, 25 m s.n.m.), Progreso (Provincia de Santa Fe, rural, ~2700 habitantes, 25 m s.n.m.) y San Marcos Sierras (Provincia de Córdoba, rural, ~3300 habitantes, 625 m s.n.m.). Los participantes completaron un cuestionario de frecuencia alimentaria y estilo de vida y el muestreo se llevó a cabo en diciembre de 2023. Las muestras de materia fecal fueron congeladas <i>in situ</i> dentro de la primera hora tras la donación. Se extrajo el ADN y se secuenciaron los genes 16S rRNA, que se procesaron con QIMME2 (versión 2024.5). La significancia estadística se determinó utilizando valores p ajustados para pruebas múltiples mediante la corrección de Benjamini-Hochberg (valores q). Los análisis se realizaron en el entorno R (versión 4.5.1, 13 de junio de 2025) con los paquetes <i>phyloseq</i> , <i>vegan</i> y <i>Maaslin2</i> .
Resultados	La diversidad alfa (α -diversity, índice Shannon) no difirió entre localidades ($F = 0,36$; $p = 0,7$). La edad mostró una tendencia positiva no significativa ($F = 3,07$; $p = 0,083$) y el sexo no tuvo efecto ($F = 1,18$; $p = 0,28$). Los resultados de diversidad filogenética de Faith (PD) fueron similares: sin diferencias significativas entre localidades ($F = 0,33$; $p = 0,721$), edad ($F = 0,75$; $p = 0,4388$) o sexo ($F = 0,39$; $p = 0,532$). En general, la diversidad alfa fue comparable entre sitios. Se evaluaron diferencias en la composición de las comunidades mediante PERMANOVA sobre distancias Bray-Curtis, ajustando por edad y sexo. La localidad mostró un efecto significativo ($R^2 = 0,046$; $p = 0,001$). El sexo tuvo un efecto significativo ($R^2 = 0,015$; $p = 0,046$), mientras que la edad no presentó diferencias ($R^2 = 0,011$; $p = 0,36$). El PCoA mostró una amplia superposición de la diversidad bacteriana entre localidades. Las comunidades bacterianas estuvieron dominadas por <i>Bacillota</i> (linajes GTDB Bacillota_A/C/I) y <i>Bacteroidota</i> , con marcada variación interindividual dentro de cada sitio y sin cambios locales visualmente prominentes. El análisis de abundancia diferencial identificó múltiples ASVs asociados significativamente con la localidad ($q < 0,05$) en ambos linajes <i>Bacteroidota</i> (por ejemplo, <i>Prevotella</i> , <i>Alloprevotella</i> , <i>Phocaecicola_A</i>) y <i>Bacillota</i> (por ejemplo, <i>Mogibacterium_A</i> , <i>Gemmiger_A_73129</i> , <i>Pararoseburia</i> , <i>Limnivacinus</i> , <i>Muricoprocola</i> , <i>Hominilimicola</i>), indicando que las diferencias por localidad implican variaciones en varios linajes intestinales comunes.

Conclusiones

Estos análisis preliminares indican diferencias composicionales entre comunidades urbanas (Santa Fe) y rurales (Progreso y San Marcos Sierras) en Argentina, en concordancia con las tendencias globales observadas por otros miembros del consorcio GMbC en el mundo. Cabe destacar que la microbiota de una localidad rural mostró una mayor abundancia del género *Prevotella*, fermentador de fibra y productor de butirato. Los próximos pasos incluirán el análisis de la asociación entre los resultados de los cuestionarios de estilo de vida y frecuencia alimentaria con los perfiles del microbioma de los participantes, una actividad actualmente en curso.

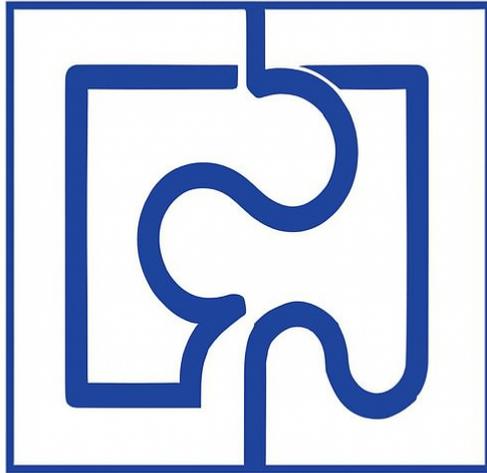
E-POSTER 37

Nombre	EFFECTO DE LA ADMINISTRACIÓN DE PROTEÍNA DE SUERO DE LECHE Y <i>LACTICASEIBACILLUS RHAMNOSUS</i> GG EN LA MICROBIOTA INTESTINAL DE RATONES CON COLITIS INDUCIDA
Autor (es)	Lacerda S1, Ascanio A1, Galiardo JC1, Silva EV1, Cavallini DCU1
Institución	(1) Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Universidad Estadual Paulista, Rodovia Araraquara - Jáu, Km 01 - s/n, Campos Ville, 14800-903, Araraquara, São Paulo, Brasil.
Introducción Objetivos	La colitis ulcerativa (CU) es una enfermedad inflamatoria intestinal (EII), que provoca inflamaciones crónicas y recurrentes en el colon y el recto. Los síntomas incluyen diarrea, sangre y moco en las heces, dolor abdominal, fatiga, pérdida de peso y ruptura de la homeostasis de la mucosa intestinal. Los pacientes con EII presentan disbiosis intestinal, caracterizada por un aumento de microorganismos patogénicos y una disminución de especies beneficiosas. En este contexto, la modulación de la microbiota intestinal surge como un enfoque terapéutico prometedor. Entre las estrategias utilizadas para la modulación de la microbiota intestinal, se destaca la ingestión de microorganismos probióticos, capaces de contribuir a la integridad de la barrera intestinal y reducir la inflamación. La proteína del suero de leche también ha sido asociada a efectos protectores en las DII, debido a la presencia de péptidos bioactivos y ácidos grasos poliinsaturados. Así, el objetivo de este estudio fue investigar el efecto de la ingestión combinada de proteína del suero de leche y de la cepa probiótica <i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i> GG en la colitis inducida en modelo animal, a fin de auxiliar en la homeostasis de la microbiota intestinal.
Metodología	El estudio se realizó con ratones C57BL/6J y la colitis se indujo mediante la ingestión de sulfato de dextrano sódico (3%), disuelto en el agua ofrecida a los animales durante siete días. Los tratamientos comenzaron siete días antes de la inducción de la colitis y se mantuvieron durante todo el período experimental (14 días). Los animales fueron distribuidos en cuatro grupos (n=10): C - control saludable sin colitis; CL - colitis inducida sin tratamiento; CLS - colitis inducida con administración de proteína de suero de leche (0,2 g/kg); CLSP - colitis inducida con administración de proteína de suero (0,2 g/kg) y <i>L. rhamnosus</i> GG (8 log UFC). Los grupos C y CL recibieron el mismo volumen de agua esterilizada para simular el estrés de la gavaje. El desarrollo de la colitis se evaluó mediante el índice de actividad de la enfermedad. Los datos del índice de actividad de la enfermedad se evaluaron mediante ANOVA mixta con ajuste de Greenhouse-Geisser (p<0,05). La microbiota intestinal se caracterizó mediante el secuenciamiento del gen 16S rRNA de muestras fecales recogidas en T0, T7 y T14. La extracción del ADN se realizó con el kit QIAamp Fast DNA Stool (Qiagen, EE.UU.) y el secuenciamiento en el sistema Illumina MiSeq®. El secuenciamiento fue previamente analizado y agrupado según la taxonomía, utilizando la aplicación BaseSpace 16S Metagenomics de Illumina.
Resultados	La ingestión de proteína del suero de leche, combinada o no con <i>L. rhamnosus</i> GG, redujo los síntomas de la colitis, resultando en un menor índice de actividad de la enfermedad al final del protocolo. Se observó predominancia de los filos Bacteroidetes y Firmicutes en todos los grupos experimentales. Sin embargo, en el grupo CL se observó un aumento de <i>Bacteroides vulgatus</i> , especie que puede producir proteasas que contribuyen al desarrollo de la CU. Además, el grupo CL mostró una reducción de Verrucomicrobia y de <i>Akkermansia muciniphila</i> . Por otro lado, en el grupo CLSP, hubo aumento de <i>A. muciniphila</i> , bacteria presente en la microbiota colónica saludable e inversamente relacionada con el proceso inflamatorio.
Conclusiones	Los resultados indican que la ingestión conjunta de la proteína del suero de leche y la cepa probiótica <i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i> GG representa una alternativa para ayudar en el control de los síntomas de la colitis y que este efecto puede estar relacionado con la modulación benéfica de la microbiota intestinal.

E-POSTER 38

Nombre	TRASPLANTE DE MICROBIOTA FECAL COMO ESTRATEGIA PARA LA RECUPERACIÓN DE LA MICROBIOTA TRAS LA ADMINISTRACIÓN DE CÓCTEL DE ANTIBIÓTICOS
Autor (es)	Galiardo JC1, Ascanio A1, Silva EV1, Lacerda S1, Cavallini DCU1
Institución	(1) Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Universidad Estadual Paulista, Rodovia Araraquara-Jaú, Km 01 - s/n, Campos Ville, 14800-903, Araraquara, São Paulo, Brasil..
Introducción Objetivos	En los últimos años, ha aumentado el uso de cócteles de antibióticos para tratar enfermedades como colitis ulcerativa e infecciones por <i>Helicobacter pylori</i> u otras bacterias resistentes. Sin embargo, su uso excesivo puede causar resistencia antimicrobiana, disbiosis intestinal, alteración de la respuesta inmune y malestar gastrointestinal. El trasplante de microbiota fecal (TMF) puede revertir estos cuadros al favorecer la recolonización benéfica de la microbiota. Así, este estudio evaluó la reconstitución de la microbiota intestinal en ratones tras la administración de un cóctel de antibióticos de amplio espectro, utilizando el TMF como intervención terapéutica.
Metodología	El estudio se llevó a cabo con ratones machos Swiss, libres de patógenos específicos (n=48), que recibieron un cóctel de antibióticos durante 7 días consecutivos. Los antibióticos se administraron en agua esterilizada ofrecida a los animales (6 días), y solo el cuarto día se realizó la gavaje oral. En el agua, las concentraciones fueron 1 mg/mL (ampicilina, neomicina y metronidazol) y 0,5 mg/mL (vancomicina). Por gavaje oral, se administraron 10 µL/g de peso corporal de una solución con 10 mg/mL (ampicilina, neomicina y metronidazol) y 5 mg/mL (vancomicina). Los donantes de heces para el TMF fueron 5 niños (2 a 5 años de edad), sin antecedentes de enfermedades ni uso de antibióticos en últimos 3 meses. El TMF se preparó según el procedimiento convencional y cada niño colonizó a 10 animales mediante 5 gavajes orales (150 µL), con un intervalo de 2 días entre cada administración (T9 a T19). Tras la quinta gavaje, los animales se mantuvieron durante diez días (T29) con dieta convencional para la colonización de la nueva microbiota.
Resultados	Los datos de la variación de peso se sometieron a análisis de varianza mixta y prueba de medias de <i>Sidak</i> ($p < 0,05$). Los datos de secuenciación se analizaron y agruparon según la taxonomía, utilizando la aplicación <i>16S Metagenomics</i> disponible en la plataforma <i>BaseSpace Sequence Hub</i> de <i>Illumina</i> , clasificando los reads con la base de datos <i>Greengenes</i> . La abundancia relativa (%) de los taxones se estimó comparando con el número total de secuencias de la muestra. El cóctel de antibióticos se administró en agua para minimizar el estrés en los animales; sin embargo, el cuarto día fue necesario administrarlo por gavaje debido a deshidratación, pérdida de peso (de 100% a $84,08 \pm 9,47$ %) y prolapso rectal. Tras el TMF, se observó una reversión gradual de la pérdida de peso (T9: $103,14 \pm 8,64$ %; T19: $119,08 \pm 13,46$ %; T29: $129,51 \pm 14,01$ %) y del prolapso rectal. Al inicio del protocolo experimental (T0), el análisis de la microbiota mostró predominio de los filos <i>Bacteroidetes</i> , <i>Firmicutes</i> y <i>Proteobacteria</i> . La depleción de la microbiota (T7) provocó una profunda alteración, con dominancia de <i>Proteobacteria</i> y reducción de <i>Bacteroidetes</i> y <i>Firmicutes</i> . El filo <i>Proteobacteria</i> está representado principalmente por bacterias Gram negativas patógenas, lo que podría asociarse a un empeoramiento del estado de los animales. En esta fase, se observó un aumento en la abundancia de <i>Escherichia</i> spp. y <i>Pseudomonas</i> spp. (29,49% y 4,64%) en comparación con el período basal. Al final de la recolonización de la microbiota (T29) se restableció el equilibrio entre los principales filos, con predominio nuevamente de <i>Bacteroidetes</i> y <i>Firmicutes</i> , además de aumento de <i>Bacteroides</i> spp., <i>Blautia</i> spp., <i>Akkermansia</i> spp. y <i>Prevotella</i> spp.
Conclusiones	El uso del cóctel de antibióticos resultó agresivo, modificando drásticamente la microbiota y debilitando la salud de los animales. La recolonización mediante TMF revirtió la disbiosis intestinal, el prolapso rectal y la pérdida de peso en los ratones, confirmando el potencial de esta terapia en el control de enfermedades que impliquen alteración de la microbiota intestinal.

GENUP



**Gastroenterología y
Nutrición Pediátrica**

