



LIBRO RESUMEN Y ABSTRACTS

11 Y 12 DE SEPTIEMBRE 2026

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

EXPOSITORES EXTRANJEROS



Dra. Ana Teresa Abreu y Abreu
México



Dr. Luis Peña Quintana
España



Dra. Flavia Indrio
Italia



Dr. Vicente Navarro López
España



Dr. Fernando Medina Monroy
Colombia



Dra. Mónica de la Fuente
España



Dr. Aldo Maruy Saito
Perú



Dr. Mário Vieira
Brasil



Dr. Gianfranco Grompone
Suecia – Uruguay



Dra. Barbara Peters
Brasil

EXPOSITORES NACIONALES



Dra. Laura Solé



Dra. María Pía Taranto



Dra. Andrea Gonzalez



Lic. Diana Kabbache



Dr. Juan Pablo Stefanolo



Lic. Laura Romano



Dra. Mabel Carosella



Dr. Juan Pablo Bustamante



Dr. Diego Marmarusso

COORDINADORES DE MESA



Dra. Marina Orsi



Dra. Ingrid Gerold



Dra. Florencia Nemirovsky



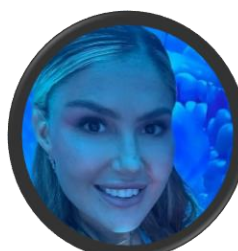
Dra. Debora Sabatelli



Dr. Pablo Moreno



Dr. Brian Cavagnari



Lic. Laura Manzano



Dra. Romina Mehaudy

PROGRAMA

TIMETABLE



11 y 12
Septiembre 2026

DÍA 1
VIERNES 11

08:00 a 08:45 Acreditación

08:45 a 09:00 Apertura

Dr. Christian Boggio Marzet / Dr. Jorge Martínez

09:00 a 09:45 Sesión Plenaria

Dr. Luis Peña Quintana

"Microbiota 2.0: ¿los microbios están reescribiendo la medicina moderna?"

Coordinador: Dr. Christian Boggio Marzet

09:45 a 10:35 Mesa 1

"¿Y si la mayoría de las enfermedades empiezan donde no estamos mirando?"

Coordinador: Dr. Juan Pablo Stefanolo

Dra. Laura Solé

"¿Qué es realmente la salud intestinal? Redefiniendo el concepto en la era de la microbiota"

Dra. Ana Teresa Abreu y Abreu

"Una vida, múltiples enfermedades: el rol oculto de la disbiosis intestinal"

10:35 a 11:20 Simposio Satélite Opella

Dra. Flavia Indrio

"Probióticos y salud intestinal: Bacillus clausii, resistencia durante la terapia antibiótica y modulación de la microbiota"

Coordinador: Dr. Jorge Martínez

11:20 a 11:50 Coffee Break 1° Piso

11:50 a 12:30 Simposio Cassará

Dr. Vicente Navarro

"Levaduras probióticas de nueva generación: el papel emergente de Kluyveromyces marxianus"

Coordinadora: Dra. Laura Solé

12:30 a 13:20 Mesa 2

"La microbiota decide cómo empezamos... y cómo envejecemos"

Coordinadora: Dra. Ingrid Gerold

Dr. Christian Boggio Marzet

"Microbiota temprana: clave en la desnutrición infantil y las trayectorias de salud"

Dra. Mónica de la Fuente del Rey

"¿Estamos envejeciendo desde el intestino? El papel de la microbiota en el cerebro y la longevidad"



13:20 a 14:30 Receso

14:30 a 15:15 Simposio Abbott - Biogaia

Dr. Gianfranco Grompone

"Bacterias intestinales productoras de serotonina bioactiva: desafiando la intimidad del holobionte"

Coordinadora: Dra. Marina Orsi

15:15 a 16:05 Mesa 3

"Microbiota en la vida temprana: del primer diálogo biológico al impacto de los antibióticos"

Coordinadora: Dra. Debora Sabatelli

Dr. Fernando Medina Monroy

"Microbiota, Inmunidad y Hormonas: Primer Diálogo en la vida"

Dr. Aldo Maruy Saito

"Antibióticos y microbiota: el delicado equilibrio entre tratar y dañar"

16:05 a 16:50 Simposio Biohelper

Dra. Ana Teresa Abreu y Abreu

"Microbiota, cerebro y emociones: ¿cómo se vinculan?"

Coordinador: Dr. Christian Boggio Marzet

16:50 a 17:10 Coffee Break 1° Piso

17:10 a 17:55 Simposio Profeni

Lic. Diana Kabbache | Dra. Andrea González

Dra. María Pía Taranto

"Fermentación, Microbiota y Nutrición: Interacciones claves para la salud humana"

Coordinador: Dr. Gabriel Vinderola



www.microbiotabuenosaires.com.ar

TIMETABLE

DÍA 2 SÁBADO 12



08:00 a 08:15. Acreditación

08:15 a 09:00 Simposio Nutrivate - Ordesa

Dr. Luis Peña Quintana

"Pequeños cambios con gran impacto: cómo el hidrolizado de arroz y los probióticos transforman la microbiota"

Coordinador: Dr. Jorge Martínez

09:00 a 09:45 Simposio Ethical Nutrition - Biogaia

Dr. Christian Boggio Marzet

"Escudos invisibles: Probióticos como primera línea de defensa en infecciones respiratorias superiores"

Coordinador: Dra. Florencia Nemirovsky

09:45 a 10:35 Mesa 4

"Microbios y biomarcadores: el rol de la microbiota en la inflamación eosinofílica y las alergias alimentarias"

Coordinador: Pablo Moreno

Dr. Mário Vieira

"Eosinófilos y microbiota: cuando los microbios dirigen la inflamación"

Dr. Jorge Martínez

"Microbiota intestinal como biomarcador emergente en alergia alimentarias"

10:35 a 11:20 Simposio IFF

Dra. Bárbara Peters

"Transformando la salud íntima femenina a través de los probióticos"

Coordinador: Dr. Christian Boggio Marzet

11:20 a 11:50 Coffee Break 1° Piso

11:50 a 12:40 Mesa 5

"Evidencia en un Click: Navegando entre Verdades y Mitos de la Microbiota"

Coordinador: Dr. Brian Cavagnari

Lic. Laura Romano

"De la fibra al feed: cómo educar sobre microbiota y alimentación en un mundo digital"

Dr. Gabriel Vinderola

"Redes, mitos, verdades y pseudociencias en la comunicación de la microbiota"

12:40 a 13:25 Simposio Opella

Dra. Mabel Carosella | Dr. Diego Marmarusso

"Bifidobacterias, cólico infantil e inmunidad: traduciendo la evidencia a la práctica clínica"

Coordinadora: Lic. Laura Manzano

13:25 a 14:25 Receso

14:25 a 15:15 Mesa 6

"Microbiota en debate: entre evidencia y exceso diagnóstico"

Coordinadora: Dra. Romina Mehaudy

Dr. Juan Pablo Bustamante

"Cuando la validez no alcanza: usos forzados y abusos de los tests de microbiota"

Dr. Juan Pablo Stefanolo

"¿Herramienta clínica o fábrica de diagnósticos?: el lado oscuro de los test de aire espirado"

15:15 a 16:00 Presentación de Trabajos

Coordinadores: Dr. Gabriel Vinderola - Dr. Juan Pablo Bustamante

16:00 a 16:45 Charla de Cierre

Dra. Flavia Indrio

"Microbiota sin fronteras: ciencia, clínica y el desafío de lo que viene"

Coordinador: Dr. Christian Boggio Marzet

16:45 a 17:00 Premiación a mejores trabajos

Dr. Gabriel Vinderola | Dr. Christian Boggio Marzet

Dr. Jorge Martínez

Conclusiones y cierre

Dr. Christian Boggio Marzet - Dr. Jorge Martínez



AUSPICIOS ACADÉMICOS



Auspician este Simposio



AUSPICIOS COMERCIALES



Sponsors



RESÚMENES TRABAJOS

E-POSTER 84

Nombre	EVIDENCIA IN VIVO DEL POTENCIAL PREBIÓTICO DE LA FIBRA CÍTRICA DE LIMÓN: EFECTOS SOBRE MICROBIOTA INTESTINAL, INMUNIDAD Y METABOLISMO LIPÍDICO
Autor (es)	Verónica Infante ¹ , Gabriel D Saez ¹ , Lucila Saavedra ² , Elvira M. Hebert ²
Institución	¹ San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina; Desarrollo de Nuevos Productos, I&D, SA San Miguel Global, Tucumán, Argentina. ² Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET-FML-FECIC).
Introducción Objetivos	Los prebióticos son sustratos utilizados selectivamente por microorganismos del huésped que confieren beneficios para la salud. La pectina y sus derivados, principales componentes de la fibra cítrica de limón (FC), han sido descritos como potenciales prebióticos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la administración de FC sobre la composición de la microbiota intestinal y parámetros metabólicos e inmunológicos en ratones C57BL/6 sanos.
Metodología	Se utilizaron 72 ratones C57BL/6 (50-60 días postnatales), distribuidos en 6 grupos: control macho (CM) y hembra (CH), FC macho (FM) y hembra (FH), e inulina macho (IM) y hembra (IH), como control prebiótico positivo. Los animales recibieron dieta estándar suplementada con 0.5% de FC o inulina durante 60 días. Previamente, se constató la resistencia de la FC a la digestión gastrointestinal simulada in vitro mediante la cuantificación de la fracción sólida residual. Se evaluaron: peso corporal y consumo de alimento; perfil lipídico sérico (colesterol total, LDL, HDL, triglicéridos) y enzimas hepáticas (AST, ALT); concentración de ácidos grasos de cadena corta (AGCC: lactato, acetato, propionato y butirato) en contenido cecal por UHPLC; IgA secretora (SIgA) en fluido intestinal por ELISA; y composición de la microbiota fecal mediante secuenciación del gen ARNr 16S (región V4, plataforma Illumina MiSeq). El análisis estadístico incluyó ANOVA y pruebas de de Tukey y Fisher ($p < 0.05$). El protocolo fue aprobado por el CICUAL del INIMEC-CONICET.
Resultados	No se observaron diferencias significativas en peso corporal, consumo de alimento ni parámetros histológicos entre grupos. Los animales suplementados con FC mostraron una reducción significativa de colesterol total y LDL-colesterol respecto al control ($p < 0.05$), con un efecto superior al de la inulina en machos para la fracción LDL. Los niveles séricos de AST y ALT no mostraron diferencias significativas, descartando cualquier efecto de hepatotoxicidad. En cuanto a los AGCC cecales, se observó una clara tendencia al aumento de lactato, acetato y butirato en los grupos alimentados con FC, aunque sin diferencia estadística significativa, lo cual resulta consistente con el estado homeostático propio de un modelo de animales sanos. La concentración de SIgA intestinal fue significativamente mayor en los grupos FC e inulina respecto al grupo control ($p < 0.05$), sugiriendo una estimulación inmunológica efectiva de la mucosa. El análisis metagenómico no evidenció diferencias en la diversidad alfa (índice de Shannon) ni en la diversidad beta (UniFrac ponderada) entre tratamientos. No obstante, a nivel de género, la administración de FC incrementó significativamente la abundancia relativa de <i>Pseudobutyrvibrio</i> y <i>Eisenbergiella</i> , géneros caracterizados como productores de AGCC, y redujo de forma significativa la presencia de <i>Ruminococcus</i> , <i>Ruminiclostridium</i> y <i>Turicibacter</i> , taxones habitualmente asociados a procesos inflamatorios y disbiosis intestinal ($p < 0.05$).
Conclusiones	La fibra cítrica de limón, cuya fracción soluble está constituida por pectina, cumple con los criterios científicos y regulatorios para ser considerada un nuevo prebiótico según las pautas del CAA y la ISAPP. El compuesto demostró resistir la digestión gastrointestinal, promover el crecimiento selectivo de bacterias intestinales beneficiosas y modular la microbiota colónica, desencadenando efectos fisiológicos positivos sobre la salud del huésped a través de la reducción del LDL-colesterol y la estimulación de la inmunidad mucosa. Estos efectos funcionales resultaron plenamente comparables a los del prebiótico comercial de referencia (inulina), evaluado bajo condiciones idénticas.

E-POSTER 85

Nombre	ALTA ADOPCIÓN Y BAJA FORMACIÓN: RESULTADOS DE UNA ENCUESTA NACIONAL SOBRE MICROBIOTA HUMANA EN PROFESIONALES DE LA SALUD DE ARGENTINA
Autor (es)	Arslanian B ¹ · Wodilla M ² · Fernández S ³
Institución	Grupo Independiente de Investigación en Microbiota Humana, Argentina · 2026 ¹ Lic. en Biología Molecular y Biotecnología · ² Lic. en Biología de Microorganismos, Especialista en Biotecnología Industrial · ³ Médica Gastroenteróloga, MN 90824 / MP 224016
Introducción Objetivos	La microbiota humana ha emergido como un componente central en la comprensión de múltiples procesos fisiológicos y patológicos, extendiendo su influencia desde el ámbito digestivo hacia áreas como inmunología, metabolismo y salud mental. Sin embargo, la velocidad de expansión de este campo ha sido notablemente superior a la capacidad de los sistemas formativos tradicionales para incorporarlo de manera estructurada. A diferencia de otros campos biomédicos, la microbiota requiere integrar conceptos provenientes de la ecología de comunidades, la genómica, la bioinformática y la fisiología del huésped, desafiando los marcos conceptuales clásicos de la práctica clínica. En Argentina no existen estudios que evalúen de manera sistemática cómo los profesionales de la salud perciben, utilizan e interpretan este conocimiento en su práctica cotidiana. Objetivo: Caracterizar el conocimiento, uso clínico, formación, barreras percibidas e interdisciplinariedad asociadas al abordaje de la microbiota humana entre profesionales de la salud argentinos.
Metodología	Se realizó un estudio observacional transversal mediante una encuesta digital anónima distribuida durante 2026 a profesionales de la salud de Argentina. Participaron 422 encuestados, incluyendo médicos (53,6%), nutricionistas (34,4%), bioquímicos (6,9%) y otros perfiles sanitarios. La encuesta exploró conocimientos conceptuales sobre microbiota y disbiosis, familiaridad con conceptos técnicos específicos, utilización clínica de intervenciones relacionadas con microbiota, criterios de selección de probióticos, percepción de relevancia clínica, formación recibida y barreras para su aplicación. Los resultados fueron analizados mediante frecuencias para variables categóricas y medidas de tendencia central para escalas numéricas.
Resultados	La microbiota humana forma parte de la práctica habitual del 72,7% de los participantes. Las intervenciones más utilizadas fueron probióticos (79,6%) y recomendaciones dietarias (67,8%), mientras que los estudios específicos de microbiota fueron utilizados por apenas el 3,6%. Aunque el 78,4% identificó correctamente la definición general de microbiota humana y el 93,0% manifestó familiaridad con el concepto de disbiosis, la comprensión de herramientas fundamentales para el análisis moderno del microbioma fue considerablemente menor. Solo el 32,1% reportó familiaridad con la metagenómica, el 29,2% con la metabolómica y menos del 6% con los conceptos de diversidad alfa y diversidad beta. En relación con la formación, el 58,5% declaró no haber recibido ningún tipo de capacitación formal en microbiota humana, mientras que únicamente el 12,3% reportó formación curricular específica. La principal barrera percibida para la incorporación clínica de este conocimiento fue la falta de formación (8,2/10), seguida por la ausencia de guías clínicas claras (7,6/10). Por otra parte, el 91,5% consideró necesario un abordaje interdisciplinario para integrar adecuadamente la microbiota humana a la práctica clínica. Sin embargo, disciplinas fundamentales para el estudio moderno del microbioma, como ecología y bioinformática, fueron valoradas por debajo de medicina y nutrición.
Conclusiones	Los resultados describen un patrón consistente de alta adopción clínica coexistiendo con baja formación formal, limitada capacidad interpretativa y conocimiento técnico fragmentado. Este desfase entre práctica y comprensión sugiere que la microbiota humana está siendo incorporada a la práctica clínica a una velocidad mayor que la capacidad de los sistemas educativos y profesionales para acompañar dicha integración. Más que una falta de interés o acceso a la información, los hallazgos señalan una brecha estructural entre utilización y comprensión. La consolidación de este campo requerirá no solo ampliar la oferta formativa, sino también promover marcos interdisciplinarios capaces de integrar medicina, ecología, genética y bioinformática, permitiendo una interpretación más sólida y una aplicación clínica más consistente del conocimiento sobre microbiota humana.

E-POSTER 86

Nombre	EVIDENCIA CLÍNICA EN PROBIÓTICOS (WGO 2023) Y DISPONIBILIDAD EN ARGENTINA: ANÁLISIS COMPARATIVO ORIENTADO A LA TOMA DE DECISIONES EN PATOLOGÍAS DIGESTIVAS
Autor (es)	María José Luna, Mg. Lic. y Patricia Mariela Chavez, Lic.
Institución	Colegio de Nutricionistas de la Provincia de Buenos Aires
Introducción Objetivos	Las directrices de la World Gastroenterology Organisation (WGO 2023) mencionan cepas probióticas específicas con evidencia clínica diferenciada según patologías digestivas. Sin embargo, en la práctica clínica diaria, la prescripción se ve condicionada por la heterogeneidad de productos disponibles en el mercado local, la variabilidad en formulaciones y la falta de herramientas que integren evidencia científica con disponibilidad real. Esta brecha dificulta la selección racional de probióticos basados en evidencia, según patología y sintomatología. OBJETIVO: Evaluar la concordancia entre cepas probióticas con evidencia clínica (WGO 2023) y su disponibilidad en Argentina, como herramienta de decisión clínica.
Metodología	Estudio descriptivo realizado entre enero y mayo de 2026, basado en las Directrices Mundiales sobre Probióticos y Prebióticos de la World Gastroenterology Organisation (2023). Se identificaron las intervenciones con probióticos respaldadas por evidencia clínica para patologías digestivas mencionadas por la WGO, se analizó su concordancia con las guías de AEPProbio de Estados Unidos y Canadá (2026) y se relevó la disponibilidad en el mercado argentino de las cepas específicas o combinaciones de cepas incluidas en la WGO. Para cada intervención se registraron: cepa, dosis (UFC), nivel de evidencia, indicación clínica, disponibilidad en Argentina (estable, limitada o no disponible) y denominación comercial en caso de corresponder.
Resultados	Se relevaron 92 intervenciones probióticas (cepas individuales, combinaciones multicepa y productos fermentados) distribuidas en 16 patologías digestivas. De las 92 intervenciones relevadas, 19 (20,65%) presentaron concordancia entre la evidencia clínica internacional y la disponibilidad estable en Argentina, mientras que otras 19 (20,65%) exhibieron una disponibilidad limitada, asociada principalmente a productos importados o de acceso restringido. Estos resultados evidencian una brecha relevante entre la evidencia clínica y su accesibilidad en Argentina, ya que solo una proporción reducida de las intervenciones mencionadas por la WGO presenta disponibilidad estable para su utilización en la práctica clínica habitual. El análisis por patología, calculado sobre el total de intervenciones relevadas para cada condición clínica, mostró una mayor proporción de intervenciones con disponibilidad estable en Argentina en la terapia coadyuvante para la erradicación de <i>Helicobacter pylori</i> (66,67%), seguida por la prevención de complicaciones postoperatorias (50%), las diarreas de distintas etiologías (33%), la reducción de los síntomas asociados a la mala digestión de la lactosa (25%), el síndrome de intestino irritable (17,39%) y el estreñimiento funcional (11,11%). No se identificaron intervenciones con disponibilidad estable para el resto de las patologías digestivas. Se vinculó cada intervención con su indicación, dosis, nivel de evidencia y disponibilidad en Argentina, evidenciando diferencias entre cepas y entre subtipos clínicos de una misma patología. Se evidenció una diferencia relevante entre las intervenciones mencionadas en la WGO y el acceso local a probióticos específicos, ya que el 58,7% de las intervenciones identificadas no se encontraban disponibles en Argentina.
Conclusiones	Se identificó una brecha relevante entre la evidencia clínica de probióticos respaldada por la WGO y su accesibilidad en Argentina, reflejada en la alta proporción de intervenciones no disponibles o con acceso limitado. La integración de las directrices de la WGO con información sobre disponibilidad, formulaciones comerciales y nivel de evidencia permitió caracterizar las opciones accesibles para distintas patologías digestivas y la posibilidad de desarrollar un vademécum orientado a la toma de decisiones clínicas basada en cepa específica. Estos hallazgos resaltan la importancia de disponer de recursos adaptados al contexto nacional que faciliten la selección racional de probióticos según indicación clínica, evidencia científica y acceso real, constituyendo una base para el desarrollo de futuras guías nacionales orientadas a estandarizar su utilización en patologías digestivas.

E-POSTER 87

Nombre	EFFECTO DE LA SUPLEMENTACIÓN CON GALACTOOLIGOSACÁRIDOS SOBRE LA RECUPERACIÓN DEL CRECIMIENTO Y LA ADQUISICIÓN DE MASA ÓSEA EN UN MODELO EXPERIMENTAL DE RECUPERACIÓN NUTRICIONAL POST-DESNUTRICIÓN PROTEICA.
Autor (es)	Seijo M, Mascias H, Zeni Coronel EM, Palomino I, Katz ME, Longo M., Rosetti F1, Zeni S. mseijo@fmed.uba.ar Instagram: @osteopatias.metabolicas
Institución	Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM – UBA –CONICET)
Introducción Objetivos	La desnutrición proteica durante el crecimiento compromete el desarrollo corporal y la adquisición de masa ósea. Los alimentos con prebióticos podrían favorecer la recuperación nutricional mediante la modulación de la microbiota intestinal y una mejor utilización de nutrientes y minerales. Objetivo: evaluar el efecto de la suplementación con galactooligosacáridos (GOS) sobre la recuperación ósea y su asociación con parámetros de crecimiento y fermentación intestinal en un modelo experimental de desnutrición proteica durante el crecimiento.
Metodología	Se utilizaron ratas macho Wistar al destete. Durante los primeros 7 días se dividieron en un grupo control (C), alimentado con dieta AIN-93G, y un grupo con restricción proteica (R), alimentado con dieta AIN-93G modificada con 4% de proteínas para inducir desnutrición. A partir del día 8 y hasta el día 29 de experiencia, los animales fueron subdivididos en tres grupos: control control (CC), animales que mantuvieron la alimentación con AIN-93G; restricción control (RC), animales previamente desnutridos alimentados con AIN-93G; y restricción prebiótico (RP), animales previamente desnutridos alimentados con AIN-93G con adición de GOS. Se evaluaron consumo de alimento (g/día), longitud corporal (LC; cm), peso corporal (PC; g), peso del ciego (C; g/100gPC), recuento de Lactobacillus spp utilizando el medio MRS (RCL; Log UFC/g heces), volumen óseo (VO; %) y Cartílago total (GPC.th; µm) e hipertrófico (HpZ.th; µm) por histología. Los datos se expresaron como media ± DE y se analizaron mediante ANOVA de una vía seguido de la prueba de Tukey, considerando significativo un valor de p < 0,05.
Resultados	A los 7 días de experiencia, el grupo R presentó una disminución significativa en el consumo de alimento, PC, VO, GPC.th y HpZ.th respecto del grupo C (p<0,05); sin diferencias en LC, C, RCL entre ambos grupos. A tiempo final, el grupo RC presentó una disminución significativa en el PC, RCL, VO, GPC.th y HpZ.th respecto del grupo CC (p<0,05). A su vez el grupo RP presentó valores significativamente más altos de PC, RCL, VO, GPC.th y HpZ.th respecto de RC (p<0,05), sin diferencias en el consumo de alimento, LC y C. Al comparar el grupo RP y CC no se observaron diferencias significativas en los valores de PC, LC, C, VO, GPC.th y HpZ.th, mientras que el RCL fue significativamente mayor en el grupo RP (p<0,05) (Tabla 1).
Conclusiones	La suplementación con GOS durante la recuperación nutricional posterior a una restricción proteica temprana mejoró parámetros asociados al crecimiento de bacterias benéficas y favoreció la recuperación del volumen óseo y del cartílago de crecimiento, respaldando el potencial de los prebióticos como estrategia nutricional para optimizar la adquisición de masa ósea en condiciones adversas durante el crecimiento. UBACYT 2023 200220220400137BA. PIP N° 0037.

Tabla 1: Resultados a los 7 y 29 días de experiencia en cada grupo analizado.

Días de experiencia	Grupo	Consumo (g/día)	Peso corporal final (g/100 g PC)	Longitud corporal final (cm)	Peso del ciego (g/100 g PC)	RCL (Log UFC/g heces)	Volumen óseo (%)	GPC.th (µm)	HpZ.th (µm)
0 a 7	C (n=6)	11,9 ± 1,98	119,2 ± 16,1	28,2 ± 0,82	1,43 ± 0,21	1,90 ± 0,62	31,3 ± 6,01	0,218 ± 0,034	0,119 ± 0,021
	R (n=6)	9,61 ± 0,97*	79,1 ± 9,2*	29,2 ± 1,07	1,41 ± 0,31	2,01 ± 0,60	20,3 ± 4,6*	0,152 ± 0,023*	0,093 ± 0,020*
8 a 29	CC (n=6)	11,9 ± 2,7	178,7 ± 46,1	32,1 ± 5,4	1,61 ± 0,22	3,43 ± 0,29	31,6 ± 5,5	0,150 ± 0,017	0,091 ± 0,040
	RC (n=6)	11,8 ± 2,17	134,9 ± 20,4**	35,4 ± 2,35	2,38 ± 0,39	2,81 ± 0,41**	25,9 ± 4,8**	0,138 ± 0,010**	0,071 ± 0,001**
	RP (n=6)	11,5 ± 1,86	185,7 ± 32,7#	34,5 ± 1,98	2,54 ± 0,54**	5,70 ± 0,80#,**	34,2 ± 8,5#	0,158 ± 0,010#	0,101 ± 0,005#

*p<0,05 vs. C; **p<0,05 vs. CC; # p<0,05 vs. RC.

E-POSTER 88

Nombre	EFFECTO DE LA SUPLEMENTACIÓN DIARIA CON LEVADURA PROBIÓTICA <i>KLUYVEROMYCES MARXIANUS</i> CIDCA 9121 SOBRE EL BIENESTAR GASTROINTESTINAL EN ADULTOS SANOS. RESULTADOS DE UN ESTUDIO ALEATORIZADO Y DOBLE CIEGO DE SUPLEMENTO PROBIÓTICO VS PLACEBO
Autor (es)	María Dolores Pendón, Malena Ferreyra Compagnucci, Lucía Jacquet, Maximiliano Riddick, Sebastián Cavalitto, Germán Cairó, Graciela L. Garrote, Martín Rumbo
Institución	
Introducción Objetivos	Existen numerosos estudios sobre el uso de probióticos en condiciones de salud específicas, sin embargo, los estudios del impacto de consumo de probióticos en individuos sanos son menos frecuentes. En los últimos años nuestro grupo de trabajo ha avanzado en el estudio de cepas de <i>Kluyveromyces marxianus</i> aisladas de kéfir en el CIDCA, determinando múltiples propiedades benéficas. Hemos observado que cepas de levaduras del género <i>Kluyveromyces</i> presentan capacidad moduladora de la respuesta inflamatoria del epitelio intestinal, tanto en modelos in vitro como en modelos murinos de enfermedad inflamatoria intestinal. A su vez recientemente hemos demostrado que la suplementación temprana con cepas del género <i>Kluyveromyces</i> tiene efectos benéficos a nivel de salud intestinal y crecimiento en pollos parrilleros y lechones. El objetivo del presente trabajo fue investigar los efectos de la suplementación con <i>K. marxianus</i> CIDCA 9121 sobre el bienestar gastrointestinal en individuos sanos de entre 20 y 60 años mediante un ensayo aleatorizado controlado con placebo.
Metodología	Un total de 114 participantes fueron asignados a dos grupos aleatorizados equilibrados en sexo y edad. Durante 21 días el grupo placebo recibió suero de leche en polvo, y el grupo Km una combinación de suero de leche y <i>K. marxianus</i> CIDCA 9121 liofilizada en dosis de 1×10^8 unidades formadoras de colonias (UFC) por día, seguido de una fase de lavado de 7 días. Los participantes respondieron un cuestionario semanal sobre bienestar intestinal y en los días 21 y 28, también completaron un cuestionario global sobre percepción del efecto de la intervención utilizando una escala de Likert de cuatro categorías. Durante el estudio los participantes mantuvieron sus dietas habituales y registraron cualquier alteración de salud o tratamiento médico recibido durante el mismo. El estudio fue aprobado por el Comité de Bioética de la Universidad Nacional de La Plata y las condiciones de exclusión de participantes fueron patologías gastrointestinales crónicas (enfermedad inflamatoria intestinal, alergias alimentarias, enfermedad celiaca y otras intolerancias alimentarias), embarazo y lactancia, haber cursado algún episodio gastrointestinal agudo o ingesta de antibióticos en las dos semanas previas al ensayo.
Resultados	La edad promedio de los participantes fue de $37,7 \pm 11$ años. No se informaron efectos adversos a lo largo del estudio. Los participantes del grupo Km percibieron una mejora significativa del bienestar intestinal al día 21 ($p < 0,01$, test de Welch), la cual fue más significativa en el día 28 ($p < 0,0001$, test de Welch). No se observaron diferencias significativas en el efecto observado respecto al sexo, siendo significativos los efectos benéficos tanto en varones ($n=20$ en cada grupo) como en mujeres ($n=37$ en cada grupo). Al considerar la edad de los participantes, el efecto benéfico fue evidente en los menores de 40 años: tanto en el tercil de menor edad (20 a 31 años) como en el tercil de edad intermedia el efecto reportado fue significativamente mejor entre los que recibieron el suplemento de levadura ($p = 0,000005577$ y $p = 0,00007515$ de acuerdo al test de Brunner Munzel) mientras que no se encontró significación estadística en el grupo de mayores de 40 años ($p=0,22012$ de acuerdo al test de Brunner Munzel), lo que indica que existe un efecto de la edad en las respuestas a la levadura probiótica estudiada. No se observaron diferencias significativas entre grupos en las evaluaciones parciales de sintomatología gastrointestinal realizadas en forma semanal durante las cuatro semanas del estudio (dolor abdominal, distensión, cambios abruptos en la frecuencia de deposiciones).
Conclusiones	En conclusión, los efectos benéficos observados posicionan a <i>K. marxianus</i> CIDCA 9121 como un candidato interesante para la promoción de la salud intestinal en la población sana.

E-POSTER 89

Nombre	EFFECTO DE FACTORES BIOACTIVOS SECRETADOS DE <i>BIFIDOBACTERIUM ANIMALIS SUBSP. LACTIS</i>INL1 SOBRE LA VIABILIDAD Y CAPACIDAD MIGRATORIA DE CÉLULAS TROFOBLÁSTICAS EN UN CONTEXTO PROINFLAMATORIO
Autor (es)	María Belén Novoa Díaz1*, Pedro Carriere1, Gabriela Sica2,3, Marcelo Gálvez1, Gabriel Vinderola4, Diego Cattoni5, Claudia Gentili1.
Institución	1 Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS) - INBIOSUR (CONICET-UNS), Bahía Blanca, Argentina. 2 Departamento de Ciencias de la Salud, UNS, Bahía Blanca, Argentina. 3 Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, UNS, Bahía Blanca, Argentina. 4 Universidad Nacional del Litoral (UNL) - INLAIN (CONICET-UNL), Santa Fe, Argentina. 5 Centro de Biología Estructural, CNRS-UM-INSERM, Montpellier, Francia. *mb.novoadiaz@gmail.com
Introducción Objetivos	Las alteraciones en la fertilidad, la implantación embrionaria y el desarrollo gestacional constituyen un problema prioritario de salud pública a nivel global y nacional, con un impacto sanitario y socioeconómico creciente. A pesar de los avances en el campo, su etiología, prevención y tratamiento persisten como un desafío en la investigación biomédica debido a la complejidad y naturaleza multifactorial de los procesos reproductivos y gestacionales. En este contexto, la implantación embrionaria y la placentación temprana dependen de una adecuada proliferación, migración e invasión de las células trofoblásticas, procesos altamente regulados por el microambiente inmunológico materno. El estudio de procesos inflamatorios y de la microbiota intestinal materna ha cobrado especial relevancia, para comprender los mecanismos que determinan el éxito reproductivo y para el desarrollo de estrategias terapéuticas innovadoras que incluyen el uso de microorganismos con efectos beneficiosos para la salud. Entre los microorganismos de interés, las bifidobacterias constituyen un grupo atractivo para su estudio durante la etapa gestacional, dado que están presentes y aumentan en la microbiota intestinal materna en este período. La cepa <i>Bifidobacterium animalis subsp. lactis</i> INL1, aislada de leche materna humana en Argentina, exhibe propiedades tecnológicas y funcionales atribuibles a un probiótico. Nuestro grupo de investigación cuenta con antecedentes respecto al rol del sobrenadante libre de células (SLC) de la cepa <i>B. lactis</i> INL1 en la modulación de procesos celulares, tanto de células intestinales como del sistema inmune. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del SLC de <i>B. lactis</i> INL1 sobre la viabilidad y la capacidad migratoria de células trofoblásticas expuestas a un ambiente proinflamatorio.
Metodología	Se utilizaron células trofoblásticas HTR-8 y macrófagos derivados de células THP-1. Se desarrollaron dos modelos experimentales. En el primero, los macrófagos fueron estimulados con lipopolisacárido (LPS, 1 µg/mL) y tratados con un 5% (v/v) de SLC de <i>B. lactis</i> INL1 para obtener un medio condicionado (MC); posteriormente, se expusieron las células HTR-8 a este MC y se evaluó la viabilidad celular mediante exclusión con azul tripano y la migración mediante ensayos Transwell y de cierre de la herida. En el segundo modelo, las células trofoblásticas fueron tratadas directamente con SLC de <i>B. lactis</i> INL1 y luego expuestas a LPS. La viabilidad celular se determinó mediante rojo neutro, la migración mediante ensayo de cierre de la herida y los cambios fenotípicos asociados a la transición epitelio-mesenquimal (TEM) mediante análisis morfológico.
Resultados	El tratamiento de macrófagos con SLC de <i>B. lactis</i> INL1 no modificó su viabilidad ni la de las células trofoblásticas expuestas posteriormente al MC. Sin embargo, dicho medio incrementó significativamente la capacidad migratoria trofoblástica, incluso en presencia de LPS. Por otra parte, el tratamiento directo de las células HTR-8 con el SLC aumentó significativamente su viabilidad, aun bajo condiciones proinflamatorias y promovió una mayor migración celular respecto de los controles expuestos únicamente a LPS. Además, se observaron cambios morfológicos compatibles con un fenotipo asociado a una mayor plasticidad y capacidad migratoria, sugiriendo una posible inducción de procesos relacionados con TEM.
Conclusiones	Los resultados demuestran que factores bioactivos presentes en el SLC de <i>B. lactis</i> INL1 ejercen efectos beneficiosos sobre funciones críticas de las células trofoblásticas. Estos efectos se manifiestan tanto de manera indirecta, mediante la modulación del perfil secretorio de macrófagos, como por acción directa sobre las células trofoblásticas, promoviendo su viabilidad y capacidad migratoria en un contexto proinflamatorio. En conjunto, estos hallazgos respaldan el potencial de <i>B. lactis</i> INL1 como fuente de componentes bioactivos capaces de modular procesos celulares involucrados en la implantación embrionaria y el desarrollo placentario temprano, aportando evidencia para el diseño de futuras estrategias orientadas a favorecer la salud reproductiva.

E-POSTER 90

Nombre	CARACTERIZACIÓN GENÓMICA Y EVALUACIÓN DEL EFECTO DE <i>LACTIPLANTIBACILLUS PLANTARUM</i> X18 SOBRE LA INTEGRIDAD DE UNA BARRERA TRANSEPITELIAL INTESTINAL SIMULADA IN VITRO FRENTE A UN DESAFÍO CON LIPOPOLISACÁRIDO.
Autor (es)	Sofía Pastene-Burgos ¹ (spastene2017@udec.cl), Héctor Valdebenito-Navarrete ¹ , Yaritza Ormazábal-Valladares ² , Felipe Zúñiga-Arbaltí ² , Apolinaria García-Cancino ¹ .
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 disbiosis intestinal, caracterizada por una pérdida en la diversidad y funcionalidad de la microbiota, se asocia directamente con la disrupción de las uniones estrechas del epitelio intestinal, pudiendo dar lugar al síndrome de intestino permeable (leaky gut). Este incremento en la permeabilidad favorece la translocación de componentes microbianos y toxinas hacia el torrente sanguíneo, contribuyendo a un estado inflamatorio de bajo grado con potenciales repercusiones sistémicas. Las bacterias ácido-lácticas (BAL) han demostrado tener la capacidad de modular y favorecer la integridad de la barrera intestinal. En este contexto, la cepa <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> X18, aislada de una biopsia gástrica, cuenta estudios preliminares de caracterización de potencial probiótico en aspectos funcionales, de seguridad y tecnológicos, además de demostrarse la ausencia de toxicidad en modelos larvales de pez cebra. Estos antecedentes la posicionan como candidata idónea para profundizar en su caracterización mediante un enfoque integrado que combine el análisis de su genoma con su evaluación biológica en un modelo de barrera transepitelial intestinal in vitro. Objetivo: Caracterizar determinantes genómicos de potencial probiótico en <i>L. plantarum</i> X18 y determinar su efecto preventivo sobre la integridad de una barrera transepitelial intestinal simulada in vitro frente a un desafío de disrupción con lipopolisacárido (LPS).
Metodología	Se realizó la anotación estructural y funcional del genoma de <i>L. plantarum</i> X18 (ensamblado previamente con SPAdes) utilizando la plataforma Bakta. El cribado de factores de virulencia y resistencia antimicrobiana (RAM) transferible se ejecutó mediante ABRicate frente a las bases de datos CARD, NCBI, ResFinder, MEGARES y VFDB, mientras que los plásmidos se identificaron con PlasmidFinder. En paralelo, se realizó la búsqueda de genes asociados a colonización, adherencia, tolerancia gastrointestinal, seguridad y rutas metabólicas de compuestos bioactivos. Para los ensayos funcionales, se evaluó previamente la citotoxicidad directa de distintas concentraciones de <i>L. plantarum</i> X18 sobre células Caco-2 mediante el ensayo de Sulfurodamina B (SRB). Posteriormente, las células Caco-2 se cultivaron en insertos Transwell® (poros de 0,4 µm) durante 21 días hasta alcanzar una monocapa madura, confirmada mediante valores de resistencia eléctrica transepitelial (TEER) ≥ 300 Ω·cm². Finalmente, se aplicó apicalmente <i>L. plantarum</i> X18 (MOI entre 100 y 300) en una fase de prevención (0-24 h), seguida de un desafío con LPS para evaluar la capacidad de la cepa de mitigar la pérdida de integridad de la barrera mediante el monitoreo cinético de la TEER.
Resultados	El análisis in silico reveló determinantes clave de colonización, destacando seis copias del gen de unión a mucina (mucBP), proteínas de anclaje epitelial, genes moonlighting de adhesión celular (groEL, tuf y dnaK), y un clúster completo para la producción de plantaricinas. También se identificaron genes asociados a la tolerancia gastrointestinal (hidrolasa de sales biliares, resistencia al pH ácido) y el operón completo de síntesis de triptófano. El cribado genómico confirmó la seguridad de la cepa al evidenciar la ausencia de genes de RAM transferibles y factores de virulencia, detectándose únicamente dos plásmidos de mantención no conjugativos. Mediante SRB se confirmó que <i>L. plantarum</i> X18 no es citotóxica en las concentraciones evaluadas. Tras la maduración exitosa de la monocapa, los ensayos preliminares de desafío indicaron que el pre-tratamiento con <i>L. plantarum</i> X18 atenúa la caída de la TEER inducida por el LPS.
Conclusiones	El perfil genómico de <i>L. plantarum</i> X18 es consistente con un potencial probiótico favorable, y revela determinantes robustos de adherencia, competitividad y síntesis de compuestos bioactivos. Los resultados experimentales preliminares confirman su inocuidad sobre células Caco-2 y su capacidad para preservar la integridad de la barrera epitelial frente a injurias inflamatorias, consolidando su potencial como candidato probiótico.

E-POSTER 92

Nombre	CARACTERIZACIÓN TEMPORAL DE VESÍCULAS EXTRACELULARES PRODUCIDAS POR LA CEPA PROBIÓTICA <i>LIMOSILACTOBACILLUS FERMENTUM</i>UCO-979C
Autor (es)	José Andrés Jácome Montaluisa ¹ , Héctor Antonio Contreras Moraga ² , Apolinaria del Rosario García Cancino ¹
Institución	1. Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile 2.Laboratorio de Biomarcadores y Proteínas Terapéuticas (BIOTER), Departamento de Bioquímica Clínica e Inmunología, Facultad de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
Introducción Objetivos	<i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C es una cepa probiótica con actividad previamente descrita para inhibir la colonización de <i>Helicobacter pylori</i> en epitelio gástrico, además de presentar efectos antiinflamatorios e inmunomoduladores. Dado que los efectos probióticos pueden estar mediados no solo por bacterias viables sino también por componentes secretados o asociados a estructuras celulares, el estudio de vesículas extracelulares bacterianas (bEVs) podría aportar información sobre los mecanismos vinculados a estas propiedades. En este contexto, <i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C constituye un modelo de interés para el estudio de bEVs derivadas de probióticos. Las bEVs han emergido como mediadores de la comunicación microorganismo-hospedador y podrían constituir componentes con potencial actividad biológica, ya que pueden transportar compuestos bioactivos implicados en dichas interacciones. Sin embargo, la estandarización de los métodos de aislamiento y caracterización continúa siendo un desafío, especialmente porque las condiciones de cultivo pueden influir en la cantidad y características de las bEVs obtenidas. Objetivo: Evaluar el efecto del tiempo de cultivo sobre la producción y características de bEVs derivadas de <i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C, considerando controles de medio (MRS) en la interpretación de las partículas recuperadas.
Metodología	<i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C fue cultivada en caldo MRS bajo condiciones estándar y se recolectaron sobrenadantes a 16 y 36 h de cultivo. Como control experimental, se procesó medio MRS sin inocular bajo las mismas condiciones temporales. Las muestras fueron filtradas con membranas de 0,22 µm, concentradas mediante ultrafiltración y sometidas a ultracentrifugación para la recuperación de partículas. El contenido proteico total de las suspensiones fue cuantificado por el método de Bradford. La concentración y distribución de tamaño de partículas fueron evaluadas mediante análisis de seguimiento de nanopartículas (NTA) mientras que su morfología se analizó mediante microscopía electrónica de transmisión (TEM).
Resultados	Por NTA se observaron diferencias en la concentración de partículas entre las muestras derivadas del cultivo bacteriano a 16 y 36 h y sus controles; sin embargo, estas no alcanzaron significancia estadística bajo las condiciones evaluadas (n=3). Asimismo, la cuantificación de proteínas totales no mostró diferencias significativas entre las suspensiones obtenidas a partir de los cultivos bacterianos y aquellas derivadas del medio MRS no inoculado. Por otra parte, el análisis mediante TEM reveló presencia de partículas y estructuras fibrilares, especialmente en las muestras recuperadas a partir del medio MRS sin inocular, en ambos tiempos, y del cultivo bacteriano de 16 h. En comparación, las partículas recuperadas a las 36 h exhibieron características morfológicas más consistentes con bEVs.
Conclusiones	Estos resultados muestran que estructuras nanométricas pueden recuperarse tanto desde cultivos de <i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C como desde medio MRS sin inocular, evidenciando la importancia de incorporar controles apropiados durante el aislamiento y la caracterización de bEVs. Este aspecto es relevante, ya que las partículas provenientes del medio podrían interferir en la interpretación de los resultados o contribuir a respuestas en ensayos funcionales posteriores. Con respecto al tiempo de cultivo, este podría influir en las características estructurales de las partículas obtenidas a partir de cultivos de <i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C bajo las condiciones evaluadas, destacándose una morfología más consistente con bEVs en las muestras obtenidas a las 36 h. En conjunto, estos resultados resaltan la necesidad de integrar la información aportada por cada técnica durante la cuantificación y caracterización de bEVs aisladas desde cultivos en medios complejos. Esta caracterización constituye una base para refinar el protocolo de aislamiento y evaluar futuros ensayos de biofuncionalidad con las bEVs de la cepa, incluyendo actividad frente a <i>Helicobacter pylori</i> y su posible efecto antiinflamatorio e inmunomodulador, a fin de explorar si las propiedades previamente descritas para <i>Limosilactobacillus fermentum</i> UCO-979C podrían estar mediadas, al menos parcialmente, por sus vesículas extracelulares.

E-POSTER 93

Nombre EFECTO DE UN YOGUR REDUCIDO EN LACTOSA CONTENIENDO GALACTOOLIGOSACÁRIDOS SOBRE LA ABSORCIÓN MINERAL Y LA MICROARQUITECTURA ÓSEA EN UN MODELO EXPERIMENTAL DE CRECIMIENTO.

Autor (es) Zeni Coronel E.M. 1,2, Mascias H1, Vénica C. 3, Longo M. 1, Vazquez D. 4, Gomez A. 4, Perotti M.C. 3, Seijo M. 1,5

Institución 1Laboratorio de Osteopatías metabólicas Óseas – INIGEM/CONICET/UBA 2Universidad de Buenos Aires, Fa Cs Veterinarias, Cat. Bioestadística; 3Instituto de Lactología Industrial (INLAIN, UNL/CONICET), Fac IngQca, Santa Fe, Argentina. 4Universidad de Buenos Aires, Fac Od, Cát de Dx por imágenes. 5Universidad de Buenos Aires, Fac Med. 2da Cát de Microbiología.

Introducción Los galactooligosacáridos (GOS) son compuestos reconocidos como prebióticos derivados de la lactosa que pueden contribuir a mejorar la absorción de minerales mediante la modulación de la microbiota intestinal. La síntesis enzimática de estos compuestos durante la elaboración de yogur, que conduce asimismo a la reducción de lactosa, permite incrementar la funcionalidad del producto.

Objetivos

Objetivo: evaluar el efecto del consumo de un yogur experimental que por su proceso de elaboración era reducido en lactosa y contenía GOS (YE) sobre la absorción mineral y la calidad ósea en un modelo preclínico de crecimiento normal.

Metodología Ratas macho recién destetadas (n=8/grupo) recibieron durante 30 días una dieta control AIN'93-G (C), una dieta a base de yogur regular sin GOS (YR, nivel de lactosa tradicional y sin GOS), o una dieta formulada con el yogur experimental (YE). A tiempo final se evaluó: consumo alimentario, peso corporal, absorción de calcio y fósforo (%AbsCa y %AbsP por el método de balance), desarrollo de colonias de Lactobacilos spp (RCL) utilizando el medio MRS, pH, nivel de ácidos grasos cadena corta en el contenido cecal (AGCC por HPLC-IR), profundidad de criptas intestinales (CI) (µm) por histología, y análisis de la microarquitectura trabecular del fémur distal mediante microtomografía computarizada, determinando porcentaje de volumen óseo (BV/TV), densidad de superficie ósea (BS/TV), espesor trabecular (Tb.Th), número de trabéculas (Tb.N), separación trabecular (Tb.Sp) y densidad de conectividad (Conn.D).

Resultados Los animales que consumieron YE presentaron incremento significativo en el RCL y mayores concentraciones de AGCC, junto con menor pH cecal respecto de YR y C (p<0,05). Asimismo, YE mostró mayor %AbsCa y %AbsP comparado con YR y C y mayor CI (p<0,05). El análisis por microCT mostró que YE presentó mayores valores de BV/TV respecto de C y YR (p<0,05), así como un aumento de BS/TV comparado con C y YR. Además, se observó una tendencia a mayores valores de Tb.Th, Tb.N y Conn.D y menores valores de Tb.Sp en YE (Tabla 1).

	C	YR	YE
Consumo de dieta (g/d)	16.5±2.7	15.4 ±0.8	16.4±0.6
PC (g)	229±39	222±15	218±15
AbsCa (%)	82.4±1.2	89.0±2.3*	91.3±3.1*,**
AbsPi (%)	66.7±5.1	76.4±2.2*	83.3±3.1*,**
Ácido láctico (mg)	0.78±0.11	0.89±0.08*	1.42±0.28*,**
Ácido acético (mg)	2.76±0.75	3.58±0.71*	14.45±3.02*,**
Ácido propiónico (mg)	2.41±0.47	2.23±0.35	6.52±1.21*,**
Ácido butírico (mg)	4.33±1.01	3.77±0.63	14.59±3.62*,**
pH	5.90±0.12	5.39±0.14*	5.17±0.13*,**
RCL (Log UFC/g heces frescas)	5.59±0.16	6.49±0.19*	7.16±0.26*,**

CI (µm)	205.12±2.92	212.59±3.28*	231.70±3.67*,**
BV/TV (%)	18.1 ± 2.13	17.4 ± 2.90	24.5 ± 3.35*,**
BS/TV (1/mm)	5.93 ± 0.980	5.93 ± 1.21	7.13 ± 1.47
Tb.Th (mm)	0.11 ± 0.02	0.11 ± 0.02	0.12 ± 0.01
Tb.N (1/mm)	1.70 ± 0.30	1.73 ± 0.38	2.19 ± 0.47
Tb.Sp (mm)	0.59 ± 0.27	0.58 ± 0.23	0.48 ± 0.28
Conn.D (1/mm³)	36.4 ± 11.6	34.9 ± 9.76	41.7 ± 15.9

Tabla 1: Parámetros analizados a tiempo final en los diferentes grupos evaluados (media ± DE). * p<0.05 vs. C; **p<0.05 vs. YR.

Conclusiones El consumo de un yogur reducido en lactosa conteniendo GOS favoreció la modulación del ambiente intestinal, aumentó la absorción mineral y mejoró parámetros de microarquitectura ósea durante el crecimiento. Estos resultados sugieren que esta matriz alimentaria con estas características podría constituir una estrategia nutricional para optimizar la adquisición de masa ósea, particularmente en individuos en crecimiento con intolerancia a la lactosa.

E-POSTER 94

Nombre	LOS COMPONENTES BIOACTIVOS SECRETADOS POR BIFIDOBACTERIUM ANIMALIS SUBSP. LACTIS INL1 MODULAN LA FUNCIÓN DE CÉLULAS INMUNITARIAS Y AFECTAN LA VIABILIDAD DE CÉLULAS DE CÁNCER COLORRECTAL
Autor (es)	Pedro Carriere, María Belén Novoa Díaz, Cintia Birkenstok, Antonella Braidá, Gabriela Sica, Gabriel Vinderola, Quentin Boussau, Judith Bruyere, Diego Cattoni, Claudia Gentili.
Institución	
Introducción Objetivos	El cáncer colorrectal (CCR) es una enfermedad multifactorial cuya iniciación y progresión resultan de la interacción entre factores genéticos, ambientales, dietarios, inmunológicos y la microbiota intestinal. En este contexto, los factores derivados de probióticos han emergido como moduladores prometedores de la respuesta inmune y del microambiente tumoral. Objetivos: En este estudio se propuso evaluar si el sobrenadante libre de células (SLC) de <i>Bifidobacterium animalis</i> subsp. <i>lactis</i> INL1 (<i>B. lactis</i> INL1) (convenio UNS-UNL N.º REC-1092496-2), una cepa aislada de leche materna humana en Argentina, modula funciones efectoras de células inmunitarias relevantes para la respuesta antitumoral.
Metodología	Se emplearon células monocíticas THP-1, indiferenciadas y diferenciadas hacia un fenotipo similar al de macrófagos mediante tratamiento con forbol 12-miristato 13-acetato (PMA), para evaluar su capacidad fagocítica tras el pretratamiento con el SLC de <i>B. lactis</i> INL1. La capacidad fagocítica se evaluó mediante ensayos de protección con gentamicina, utilizando como blanco fagocítico una cepa de <i>Escherichia coli</i> Nissle 1917 fluorescente. Los resultados de este ensayo se analizaron mediante microscopía óptica y ensayos de unidades formadoras de colonias por goteo (drop-CFU). Adicionalmente, se evaluó la fagocitosis en células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) aisladas de donantes sanos. Se investigó, además, si la exposición al SLC alteraba el perfil de citoquinas de las células THP-1 y de las PBMCs, para lo cual se realizó un pretratamiento con el SLC bajo condiciones inflamatorias inducidas por lipopolisacárido (LPS), evaluando la liberación de las citoquinas IL-6, IL-1 β , IL-10, TNF- α y CCL2 mediante un inmunoensayo multiplex. Por último, se obtuvieron medios condicionados a partir de estas células inmunes pretratadas con el SLC y posteriormente expuestas a LPS, y se evaluó su efecto sobre la viabilidad de células de carcinoma colorrectal MC38.
Resultados	Las células THP-1 diferenciadas con PMA presentaron una mayor captación fagocítica luego de la exposición al SLC, resultado que fue confirmado mediante microscopía óptica y ensayos de drop-CFU ($p < 0.05$). En las PBMCs se observó un aumento comparable en su índice fagocítico. El pretratamiento con el SLC bajo condiciones inflamatorias inducidas por LPS moduló la liberación de IL-6, IL-1 β e IL-10 ($p < 0.05$), mientras que TNF- α y CCL2 no mostraron cambios significativos; estos efectos fueron específicos para cada tipo celular. Finalmente, los medios condicionados obtenidos a partir de células THP-1 y PBMCs pretratadas con el SLC y posteriormente expuestas a LPS redujeron la viabilidad de células de carcinoma colorrectal MC38 ($p < 0.05$).
Conclusiones	Estos resultados sugieren que factores derivados de <i>B. lactis</i> INL1 podrían modular la función de las células inmunitarias y la interacción entre células inmunitarias y tumorales, proporcionando una base para su evaluación en modelos in vivo y para el diseño de nuevas estrategias dirigidas a la prevención y el tratamiento del CCR.

E-POSTER 95

Nombre	CARACTERIZACIÓN ESTRUCTURAL, FUNCIONAL Y POTENCIAL PREBIÓTICO DE OLIGOSACÁRIDOS DE PLEUROTUS ERYNGII Y SU APLICACIÓN EN LECHE CAPRINAS FERMENTADAS CON BACTERIAS LÁCTICAS PROBIÓTICAS
Autor (es)	A. Bustos ^{1,2,3} , J. Gómez ¹ , A. Ledesma ^{1,4}
Institución	1. CIBAAL-UNSE-CONICET, Santiago del Estero, Argentina. 2. FAyA, UNSE, Santiago del Estero, Argentina 3. FHCSyS, UNSE, Santiago del Estero, Argentina. 4. FCEyT, UNSE, Santiago del Estero, Argentina.
Introducción Objetivos	<i>Pleurotus (P.) eryngii</i> es un hongo comestible rico en fibra dietética, vitaminas y compuestos bioactivos con propiedades beneficiosas para la salud. Los oligosacáridos derivados de este hongo constituyen una fuente potencial de compuestos prebióticos capaces de modular la microbiota intestinal y contribuir a la salud del huésped. Objetivos: i) Obtener, cuantificar y caracterizar estructuralmente oligosacáridos a partir de una cepa de <i>P. eryngii</i> ; ii) evaluar su capacidad antioxidante y su potencial prebiótico in vitro; y iii) investigar su efecto sobre el crecimiento, el perfil fermentativo y la viabilidad de cepas probióticas en leches de cabra durante el almacenamiento refrigerado.
Metodología	Se realizó una extracción etanólica en caliente a partir de cuerpos fructíferos de <i>P. eryngii</i> . El extracto fúngico (EF) se deshidrató a 60 °C y se pulverizó hasta obtener un polvo fino. Se determinaron los contenidos de carbohidratos totales, azúcares reductores y proteínas mediante métodos convencionales. La caracterización estructural se realizó por espectroscopia FT-IR y cromatografía líquida de alta resolución (HPLC). La actividad antioxidante se evaluó mediante los ensayos DPPH (2,2-difenil-1-picrilhidrazilo) y ABTS (ácido 2,2'-azino-bis(3-etilbenzotiazolina-6-sulfónico)). El potencial prebiótico se determinó en caldo MRS sin fuente de carbono, suplementado con 2% (p/v) de EF. Se utilizaron cepas probióticas de referencia (<i>Levilactobacillus brevis</i> , <i>Limosilactobacillus reuteri</i> y <i>Bifidobacterium longum</i>) y cepas nativas (<i>Lactiplantibacillus plantarum</i> CB2 y CB11, y <i>Lentilactobacillus parabuchneri</i> CB12). Como controles se emplearon glucosa y fructooligosacáridos (FOS, Raftilose® P95). Se calcularon la Tasa de Crecimiento Relativa (TCR) y la Puntuación de Actividad Prebiótica (PAP). Finalmente, se elaboraron leches de cabra fermentadas con las cepas CB2 y CB12 suplementadas con 2% (p/v) de EF, evaluándose la cinética de fermentación, producción de aminoácidos libres y la viabilidad bacteriana a los 1, 7, 14 y 28 días de almacenamiento a 4 °C.
Resultados	El EF presentó 25,2% (p/p) de carbohidratos totales, 0,34% (p/p) de azúcares reductores y 35,88 µg/mL de proteínas. El análisis por FT-IR reveló bandas características de β-glucanos (1147, 1078, 1031 y 998 cm ⁻¹), mientras que el HPLC mostró un predominio de oligómeros (95%) con grado de polimerización ≥ 10, además de glucosa y xilosa como monómeros. El EF exhibió una elevada capacidad antioxidante, con valores de IC ₅₀ de 0,83 mg/mL (DPPH) y 0,64 mg/mL (ABTS). Todas las cepas probióticas metabolizaron eficientemente el EF, alcanzando incrementos de crecimiento de hasta 2 Log UFC/mL y superando el efecto observado con FOS. Las TCR fueron ≥ 1 y las PAP resultaron positivas para todas las cepas, destacándose CB2 (0,19) y CB12 (0,25). Además, el EF inhibió el crecimiento de <i>Escherichia coli</i> ATCC 25922. En las leches de cabra fermentadas, la suplementación con el EF mejoró significativamente el crecimiento de las cepas probióticas (0,6 Log UFC/mL en promedio), aceleró la acidificación, incrementó la producción de ácido láctico y el contenido de aminoácidos libres. La viabilidad de ambas cepas no se modificó significativamente (p < 0.05) durante los 28 días de almacenamiento refrigerado con recuentos superiores a los del control sin EF.
Conclusiones	El extracto de <i>P. eryngii</i> presenta propiedades fisicoquímicas y funcionales que respaldan su potencial como ingrediente prebiótico. Su capacidad para estimular selectivamente bacterias lácticas probióticas y mejorar su viabilidad en leches de cabra fermentadas sustenta su aplicación en el desarrollo de alimentos sinbióticos.

E-POSTER 96

Nombre	INFLUENCIA DE LA MICROBIOTA SEMINAL SOBRE LA CALIDAD ESPERMÁTICA: HALLAZGOS MEDIANTE SECUENCIACIÓN METAGENÓMICA MASIVA
Autor (es)	Keller, L.1; Ruiz Merino, B2; Durán, E3; Pérez, M2; Gómez Morano, R2; Díaz, C3; Martínez, A3., Ramírez L4, M. Ferrulli5, N. M. Lavolpe5, D. Cotán2
Institución	1- Pronacera Argentina; 2- SINAIE, España; 3- Pronacera, España; 4- Banco Argentino de Esperma, Argentina; 5- Centro de Reproducción Asistida In Vitro Buenos Aires, Argentina
Introducción Objetivos	La microbiota seminal ha emergido como un potencial modulador de la fertilidad masculina; sin embargo, su relación con los parámetros seminales convencionales aún no está completamente esclarecida. Aunque diversos microorganismos han sido asociados con alteraciones de la función espermática, existe información limitada acerca de cómo la estructura global de las comunidades microbianas se relaciona con la calidad seminal. El uso de técnicas de secuenciación metagenómica de nueva generación permite caracterizar en profundidad estos ecosistemas y explorar su posible relevancia clínica. Objetivo: Investigar la asociación entre los perfiles de microbiota seminal caracterizados mediante secuenciación metagenómica de nueva generación y los parámetros convencionales de calidad espermática.
Metodología	Se realizó un estudio observacional exploratorio que incluyó 34 muestras seminales de varones con una edad media de 31,4 años, procedentes de una clínica de fertilidad y de un banco de semen de Argentina. Los parámetros seminales fueron evaluados y clasificados según los criterios de la Organización Mundial de la Salud. La composición microbiana fue caracterizada mediante secuenciación metagenómica Shotgun (Whole Genome Sequencing, WGS), determinándose la estructura de las comunidades bacterianas y la abundancia relativa de los distintos taxones. El análisis estadístico incluyó análisis de componentes principales (PCA), agrupamiento mediante mapas de calor, análisis de correlación y modelos de regresión logística para evaluar las asociaciones entre los microorganismos identificados y los indicadores de calidad seminal.
Resultados	Las muestras con parámetros seminales alterados mostraron una tendencia hacia una mayor diversidad microbiana; sin embargo, no se observaron diferencias significativas en los índices de diversidad alfa (Shannon y riqueza observada; $p > 0,05$), lo que sugiere una conservación de la estructura global de la comunidad microbiana. No obstante, se identificaron diferencias relevantes en la composición bacteriana. Las muestras con calidad seminal normal presentaron predominantemente un perfil comensal de piel y mucosas, caracterizado por géneros como <i>Corynebacterium spp.</i> y <i>Staphylococcus spp.</i>, junto con una presencia consistente de <i>Lactobacillus spp.</i>, considerado un marcador de salud urogenital. Por el contrario, las muestras con parámetros seminales alterados mostraron una marcada transición hacia comunidades enriquecidas en bacterias anaerobias. La abundancia de <i>Prevotella</i> fue significativamente mayor en este grupo ($p = 0,02$), constituyendo el hallazgo más relevante. Asimismo, se observó un enriquecimiento significativo de anaerobios estrictos, incluyendo <i>Prevotella bivia</i> ($p = 0,012$) y <i>Dialister spp.</i> Además, <i>Campylobacter ureolyticus</i>, considerado un patógeno urogenital emergente, fue detectado casi exclusivamente en las muestras alteradas ($p = 0,035$). A pesar de la similitud en los índices globales de diversidad, estos resultados sugieren una modificación cualitativa de la microbiota seminal caracterizada por el reemplazo de microorganismos comensales por taxones anaerobios oportunistas. Este patrón microbiano comparte características con comunidades descritas en alteraciones del tracto genital femenino y podría favorecer procesos inflamatorios y estrés oxidativo capaces de afectar la función espermática.
Conclusiones	La alteración de los parámetros seminales se asocia con cambios específicos en la composición de la microbiota seminal, caracterizados por una disminución relativa de microorganismos comensales y un enriquecimiento de bacterias anaerobias oportunistas. En particular, el incremento de <i>Prevotella spp.</i>, <i>Prevotella bivia</i> y otros anaerobios estrictos se relacionó con una peor calidad seminal. Estos hallazgos respaldan la posible utilidad del perfilado de la microbiota seminal como herramienta complementaria en la evaluación integral de la fertilidad masculina y de la pareja. Dado el carácter exploratorio y transversal del estudio, no es posible establecer relaciones causales, por lo que se requieren investigaciones adicionales para confirmar la relevancia clínica de estas asociaciones.

E-POSTER 97

Nombre	LA EXPOSICIÓN A DIETAS OBESOGÉNICAS DISMINUYE LA ABUNDANCIA DE BACTERIAS PRODUCTORAS DE AGCC ASOCIÁNDOSE CON INFLAMACIÓN Y DAÑO INTESTINAL EN UN MODELO PRECLÍNICO DE OBESIDAD
Autor (es)	Mayra Montecillo-Aguado ¹ , Ana Belen Tirado-Rodríguez ² , Gabriela Antonio-Andrés ² , Juana Rosalba García-Ramírez ¹ , Guillermina Baay-Guzmán ² , Daniel Hernández-Cueto ² , Esmeralda Rodríguez-Miranda ¹ , Sergio López-Briones ¹ , Marco Antonio Hernández-Luna ¹ .
Institución	1.Departamento de Medicina y Nutrición, Universidad de Guanajuato, León, Guanajuato, México. 2.Hospital Infantil de México Federico Gómez, Ciudad de México, México.
Introducción Objetivos	Las enfermedades crónicas no transmisibles, como el sobrepeso y la obesidad son patologías complejas caracterizadas por depósitos excesivos de grasa que predisponen al desarrollo de otros padecimientos, representando un grave problema de salud pública. En 2024 la Organización Mundial de la Salud reportó que, a nivel mundial, el 45% de la población adulta padeció sobrepeso y el 16% obesidad. El incremento anormal del índice de masa corporal se ha asociado al estilo de vida poco saludable, así como a la falta de actividad física y el incremento del consumo de dietas obesogénicas, caracterizadas por su alto contenido de grasas y carbohidratos, incluida la fructosa. Asimismo, el consumo de estas dietas se ha asociado con daño y disbiosis intestinal. Sin embargo, existe gran controversia sobre cómo estas dietas impactan sobre el intestino y la microbiota intestinal, incluyendo a las especies bacterianas productoras de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), como <i>Akkermansia</i>, <i>Bacteroides</i>, <i>Bifidobacterium</i> y <i>Clostridium</i>. Objetivos. Evaluar el efecto de las dietas obesogénicas sobre los cambios en las especies productoras de AGCC, así como su asociación con la inflamación, la atrofia, y el daño intestinal en un modelo preclínico de obesidad.
Metodología	Desarrollamos un modelo murino de obesidad donde los ratones se expusieron a tres tipos de dietas obesogénicas: dieta alta en grasas (DAG), dieta alta en fructosa (DAF), y dieta alta en grasa y fructosa (DAGF). Los ratones se alimentaron ad libitum. Semanalmente se registró su peso corporal y se recolectó una muestra fecal para la extracción de ADN total, el cual se utilizó para evaluar cambios en especies bacterianas productoras de AGCC por qPCR. Finalmente, a las 8 semanas los ratones se sacrificaron; el colon se diseccionó y se incluyó en parafina para su análisis histológico a través de tinciones de hematoxilina-eosina (HE), ácido periódico de Schiff-azul alcian (PAS-AB) e inmunohistoquímica para marcadores de inflamación y mucinas.
Resultados	Nuestros hallazgos muestran que los ratones que consumieron DAF y DAGF presentaron un aumento significativo en la inflamación, la atrofia y el daño intestinal, que fueron denotados por los cambios histomorfológicos y por el incremento de la expresión de marcadores de inflamación como HIF1 α y COX2, pero no YY1. Además, se observó alteraciones en la producción y expresión de mucinas, caracterizadas por un aumento significativo de mucinas neutras, así como, un incremento de la expresión de las mucinas MUC1 y MUC2 en la región proximal del colon de ratones alimentados con DAF. Conjuntamente, al analizar la abundancia de las especies productoras de AGCC, se observó que la DAG ocasionó una disminución significativa de <i>A. muciniphila</i> y <i>C. butyricum</i> , mientras que con la DAF encontramos una disminución de <i>B. longum</i> , y <i>C. symbiosum</i> . Por su parte, los ratones que consumieron DAGF tuvieron una reducción significativa en la abundancia de <i>E. rectale</i> , <i>R. bromii</i> , <i>F. prausnitzii</i> y <i>B. tetaiotaomicron</i> .
Conclusiones	Nuestros hallazgos indican que todas las dietas obesogénicas causan inflamación, atrofia y daño epitelial y esta se ve agravada por la fructosa. Asimismo, este estudio demuestra por primera vez la implicación de los factores de transcripción maestros HIF1 α , y YY1, así como COX2 en la inflamación y el daño al epitelio colónico causados por la exposición a altos contenidos de grasa y fructosa. Igualmente, mostramos que el daño al epitelio colónico podría estar relacionado con la disminución de la abundancia de las especies bacterianas productoras de AGCC, que son importantes por sus efectos antiinflamatorios y por salvaguardar la función de barrera intestinal; además de que la disminución de estas especies esta relacionada con la composición de la dieta obesogénica que consumen los animales.

E-POSTER 98

Nombre	FIRMAS MUTACIONALES, MICROBIOMA Y DIETA EN CÁNCER COLORRECTAL: UN ESTUDIO INTEGRADO EN PACIENTES ARGENTINOS
Autor (es)	Florencia Adriana Lohmann ¹ , Lucía Manuela Herrera ¹ , Fabiana Alejandra Ferro ² , Juan Pablo Santino ³ , Laura Raquel Soto ¹ , Florencia Sánchez ³ , Andrea Romina Cajal ¹ , Walter Hernán Pavicic ¹ , Carlos Alberto Vaccaro ^{1,2,4} , Tamara Alejandra Piñero ¹
Institución	¹ Instituto de Medicina Traslacional e Ingeniería Biomédica (IMTIB), Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA)–Universidad Hospital Italiano de Buenos Aires (UHIBA)–Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ² Programa de Cáncer Hereditario, Hospital Italiano de Buenos. ³ Serv. de Anatomía Patológica, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA). ⁴ Serv. de Coloproctología, Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA).
Introducción Objetivos	Las firmas mutacionales constituyen el registro molecular de los procesos biológicos y las exposiciones ambientales que han actuado sobre el genoma tumoral durante la carcinogénesis. En el marco del proyecto internacional Mutographs Cancer Grand Challenge, pacientes argentinos con cáncer colorrectal (CCR) esporádico presentaron un enriquecimiento significativo y una marcada coocurrencia de las firmas mutacionales SBS89, DBS8 e ID_J, cuya etiología permanece desconocida. La evidencia disponible sugiere que el microbioma intestinal puede participar en procesos mutagénicos mediante mecanismos inflamatorios, metabólicos y genotóxicos. Aunque las firmas mutacionales reflejan exposiciones ocurridas previamente, la caracterización integrada del microbioma intestinal y los patrones dietarios puede aportar información complementaria sobre los procesos biológicos asociados a dichas firmas. El objetivo del presente estudio fue investigar la presencia entre firmas mutacionales, composición del microbioma intestinal y patrones dietarios en pacientes argentinos con cáncer colorrectal esporádico.
Metodología	Se analizaron muestras pareadas de tejido tumoral y normal de 53 pacientes argentinos con CCR mediante secuenciación del genoma completo. Las firmas mutacionales se identificaron con SigProfilerExtractor y se atribuyeron mediante Mutational Signature Attribution. Trece pacientes contaban además con perfiles del microbioma intestinal obtenidos por secuenciación de la región V4 del gen ARNr 16S. Se evaluaron la composición taxonómica, la diversidad alfa y beta, y los patrones dietarios. Las abundancias bacterianas y las variables dietarias se estandarizaron mediante puntajes Z respecto de una cohorte local de referencia, y se integraron con los datos genómicos para explorar asociaciones con las firmas mutacionales.
Resultados	De los 53 pacientes, 39 presentaron tumores microsatélites estables. En este subgrupo, SBS89 se identificó en 4 casos (10,3%), DBS8 en 8 (20,5%) e ID_J en 9 (23,1%). Cuatro pacientes presentaron simultáneamente las tres firmas, otros cuatro mostraron DBS8 e ID_J, y uno presentó únicamente ID_J. En conjunto, 9 de 39 tumores (23,1%) exhibieron al menos una firma. Esta distribución confirmó su enriquecimiento y fuerte asociación ($P < 1,7 \times 10^{-11}$), compatible con un proceso mutagénico común. La coocurrencia de SBS89, DBS8 e ID_J y su similitud con las huellas inducidas por colibactina respaldan la hipótesis de una genotoxina microbiana con un mecanismo análogo, aunque no necesariamente atribuible a colibactina. En los pacientes con datos de microbioma no se observaron diferencias significativas en la diversidad alfa ni en la estructura global de las comunidades respecto de la cohorte de referencia, sin evidencia de disbiosis generalizada. Sin embargo, se identificaron alteraciones taxonómicas específicas, con enriquecimiento recurrente de <i>Butyrivibrio</i> , <i>Epulopiscium</i> , <i>Coprobacillus</i> , <i>Solobacterium</i> , <i>Fournierella</i> , <i>Raoultibacter</i> y <i>Porphyromonas</i> , y menores abundancias de <i>Actinomyces</i> , <i>Eggerthella</i> , <i>Veillonella</i> , <i>Akkermansia</i> y <i>Holdemania</i> . El grupo presentó mayor consumo de carnes procesadas ($Z=2,79$), carnes rojas ($Z=2,18$) y huevos ($Z=1,81$), y menor ingesta de pescado ($Z=-1,24$). Los portadores de SBS89 o ID_J mostraron menor consumo de granos refinados, huevos y pescado, y mayor ingesta de vegetales crudos.
Conclusiones	La integración de datos genómicos, microbianos y dietarios permitió identificar patrones taxonómicos y alimentarios diferenciales en portadores de SBS89, DBS8 e ID_J, aun sin disbiosis global. La coocurrencia de estas firmas y su semejanza con el patrón mutagénico asociado a colibactina apoyan la hipótesis de una exposición microbiana temprana capaz de generar distintas clases de daño en el ADN. Como ocurre con SBS88 e ID18, el microorganismo o la configuración microbiana responsables podrían no persistir hasta el diagnóstico. Por ello, los patrones actuales no reconstruyen directamente la exposición original, pero aportan un marco biológico para priorizar microorganismos, funciones microbianas y factores dietarios potencialmente relacionados.

E-POSTER 99

Nombre	PERFILES MICROBIANOS E INMUNOLÓGICOS ASOCIADOS CON LA RECEPTIVIDAD Y LA COLONIZACIÓN ENDOMETRIAL POR <i>CANDIDA</i> SPP.
Autor (es)	Martínez Lara, A1; Díaz, C1; Pérez, M2; Durán, E1; Keller, L.2; D. Cotán3
Institución	1- Pronacera, España; 2- Pronacera Argentina; 3- SINAIE, España
Introducción Objetivos	La composición del microbioma endometrial ha emergido como un factor potencialmente relevante en la salud reproductiva y la implantación embrionaria. Aunque la mayoría de los estudios se han enfocado en comunidades bacterianas, existe escasa información sobre la presencia de <i>Candida spp</i> y su interacción con otros microorganismos y con la respuesta inmunitaria local. Comprender estas interacciones podría aportar nuevos conocimientos sobre los mecanismos que influyen en la receptividad endometrial. Objetivo: Investigar las asociaciones entre la colonización endometrial por <i>Candida spp</i>, el entorno microbiano e inmunológico local y la receptividad endometrial.
Metodología	Se realizó un estudio de cohorte observacional retrospectivo que incluyó 4.948 biopsias endometriales recolectadas entre enero de 2024 y enero de 2026 de mujeres con fracaso reproductivo sugestivo de compromiso del factor endometrial. Las muestras fueron analizadas mediante RT-qPCR para cuantificar comunidades bacterianas, fúngicas, virales y protozoarias, así como marcadores inmunitarios mucosos (IgA secretora y lactoferrina). La receptividad endometrial fue evaluada mediante un panel validado de RT-qPCR microfluídica de 48 genes, clasificando las muestras como pre-receptivas, receptivas o post-receptivas. Los análisis estadísticos incluyeron pruebas exactas de Fisher para variables categóricas y pruebas de Mann-Whitney/Kruskal-Wallis para cargas microbianas cuantitativas. Se evaluaron las asociaciones entre los grupos microbianos, la colonización por <i>Candida spp</i>, los marcadores inmunitarios y el estado de receptividad, considerando significativos valores de $p < 0,05$.
Resultados	La colonización por <i>Candida spp</i> se asoció fuertemente con un perfil bacteriano de tipo oportunista. Se observaron correlaciones positivas con <i>Enterobacteriaceae</i> ($p < 0,001$) y <i>Escherichia coli</i> ($p < 0,001$), mientras que se evidenciaron correlaciones negativas con <i>Prevotella</i> ($p < 0,001$) y <i>Bacteroides</i> ($p = 0,01$). El análisis inmunológico mostró niveles más elevados de IgA secretora en las muestras positivas para <i>Candida</i> (mediana: 2.138 vs. 1.955 ng/ml; $p < 0,001$) y niveles más bajos de lactoferrina (mediana: 9,74 vs. 10,14 ng/ml; $p = 0,046$), lo que sugiere una respuesta inmunitaria adaptativa aumentada junto con una disminución de los mecanismos de defensa innata. En relación con la receptividad endometrial, mayores abundancias de <i>E. coli</i> se asociaron con un estado post-receptivo ($p < 0,05$), mientras que la presencia de <i>Enterococcus spp</i> se correlacionó con un estado pre-receptivo ($p = 0,038$). Estos hallazgos podrían indicar que la colonización por <i>Candida spp</i> y las alteraciones de la receptividad endometrial convergen en un contexto caracterizado por un perfil microbiano oportunista enriquecido en microorganismos de origen entérico y por una respuesta inmunitaria mucosal alterada.
Conclusiones	La colonización endometrial por <i>Candida spp</i> se asocia con un perfil microbiano enriquecido en microorganismos de origen entérico y con un perfil inmunológico distintivo caracterizado por niveles elevados de IgA secretora y disminuidos de lactoferrina. Además, determinados patrones bacterianos se corresponden con alteraciones en la ventana de implantación endometrial. Estos resultados sugieren que la caracterización dirigida de los perfiles microbianos e inmunológicos podría contribuir al desarrollo de estrategias destinadas a preservar la salud endometrial y optimizar los resultados de implantación. Dado que se trata de un estudio observacional, no es posible establecer relaciones causales. Se requieren investigaciones adicionales para validar la relevancia clínica de estos hallazgos.

E-POSTER 100

Nombre	VARIABILIDAD GEOGRÁFICA DEL MICROBIOMA ENDOMETRIAL: DIFERENCIAS ENTRE MUJERES EUROPEAS Y LATINOAMERICANAS Y SU IMPACTO SOBRE LA INTERPRETACIÓN DE LA SALUD ENDOMETRIAL
Autor (es)	Veramendi-Espinoza, L.1; Cotán, D.2; Qquellon, J.1; Acedo-Lazo, S.3; Pérez, M.2; Durán, E.2; Díaz, C.2; García-Podestá, M.1; Keller, L.4,5.
Institución	1. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú; 2. Pronacera Therapeutics, España; 3. Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú; 4. SINAIE, España; 5. Pronacera Argentina
Introducción Objetivos	La dominancia de <i>Lactobacillus</i> spp. se ha considerado tradicionalmente un marcador de equilibrio microbiano endometrial. En medicina reproductiva, la eubiosis suele definirse como una abundancia relativa superior al 90% de <i>Lactobacillus</i> spp, siendo este punto de corte ampliamente aceptado por la literatura científica. Sin embargo, la variabilidad poblacional del microbioma endometrial podría limitar la aplicabilidad universal de este umbral. Objetivo: Comparar los perfiles del microbioma endometrial entre mujeres europeas y latinoamericanas sometidas a evaluación reproductiva, y explorar si el umbral clásico de eubiosis es aplicable de forma equivalente entre poblaciones.
Metodología	Se realizó un estudio observacional retrospectivo que incluyó 2.803 biopsias endometriales obtenidas durante la ventana de implantación de mujeres sometidas a evaluación por problemas reproductivos. La cohorte incluyó mujeres control sin antecedentes de falla de implantación: europeas (n = 483), peruanas (n = 97) y latinoamericanas multicéntricas (n = 190), y pacientes con antecedentes de fracaso reproductivo: europeas (n = 1.847) y latinoamericanas (n = 186). La caracterización microbiológica se realizó mediante qPCR cuantitativa para bacterias, virus, hongos y protozoos. Adicionalmente, se determinaron marcadores inmunometabólicos locales, incluyendo lactoferrina e inmunoglobulina A (IgA). Las comparaciones entre grupos se realizaron mediante prueba de Wilcoxon para variables continuas y prueba exacta de Fisher para variables categóricas, considerando significativo un valor de $p < 0,05$.
Resultados	Se observaron diferencias significativas en la composición del microbioma endometrial entre las cohortes europeas y latinoamericanas. Las mujeres europeas sin antecedentes de fracaso reproductivo presentaron una mediana de abundancia de <i>Lactobacillus</i> spp. de 91,2%, predominantemente representada por <i>Lactobacillus crispatus</i> ($p < 0,001$). En contraste, las mujeres controles peruanas mostraron una abundancia significativamente menor de <i>Lactobacillus</i> spp. (60,4%), junto con una mayor presencia de <i>Enterobacteriaceae</i>, <i>Escherichia coli</i> y <i>Bifidobacterium</i> spp. que las europeas. Asimismo, presentaron concentraciones significativamente más elevadas de lactoferrina (11,27 vs 9,98 ng/mL; $p < 0,001$). Entre las pacientes con fracaso reproductivo, las europeas mostraron una reducción moderada de <i>Lactobacillus</i> spp. (91,2% a 85,4%), asociada principalmente con <i>Ureaplasma parvum</i>, <i>Candida</i> spp., <i>Prevotella</i> spp. y <i>Enterococcus</i> spp. Por el contrario, las pacientes latinoamericanas presentaron una disminución más marcada de <i>Lactobacillus</i> spp. (49,7%), acompañada por un aumento significativo de <i>E. coli</i>, <i>Enterobacteriaceae</i>, citomegalovirus, virus Herpes Simplex, <i>Streptococcus</i> spp., <i>Actinomyces</i> spp. y <i>Candida</i> spp., junto con niveles superiores de lactoferrina (11,6 vs 10,05 ng/mL; $p < 0,001$).
Conclusiones	Nuestro estudio identificó una marcada variabilidad geográfica en la composición del microbioma endometrial de mujeres evaluadas en el contexto reproductivo. El umbral clásico de eubiosis endometrial, ampliamente aceptada por la literatura científica y basada en una abundancia superior al 90% de <i>Lactobacillus</i> spp., podría no evidenciar adecuadamente la variabilidad poblacional observada, especialmente en cohortes latinoamericanas. En mujeres europeas, el fracaso reproductivo se asoció con reducciones moderadas de lactobacilos y la presencia de microorganismos específicos, mientras que en la cohorte latinoamericana se observó una mayor representación de microorganismos de origen entérico y niveles elevados de lactoferrina, que sugieren mecanismos locales de regulación antimicrobiana. Estos resultados sugieren que la interpretación clínica de los perfiles microbiológicos endometriales podría beneficiarse de criterios diagnósticos adaptados a las características de cada población. Dado el diseño observacional retrospectivo del estudio y las características de los grupos control, se requieren investigaciones adicionales para validar estos hallazgos y definir su relevancia clínica.

E-POSTER 101

Nombre	MADURACIÓN DE LA MICROBIOTA Y EQUILIBRIO ECOLÓGICO EN RECIÉN NACIDOS DE MUY BAJO PESO AL NACER EN UNA MATERNIDAD DE REFERENCIA EN MONTEVIDEO, URUGUAY.
Autor (es)	Catalina Vaz Ferreira, MD 1; Josefina Vera 2; Florencia Peñalba 2; Mario Moraes, MD 3; Nadia Riera, PhD 2,4.
Institución	1.Servicio de Recién Nacidos. Centro Hospitalario Pereira Rossell. Montevideo, Uruguay. 2. Laboratorio de Genómica Microbiana. Institut Pasteur de Montevideo. Montevideo, Uruguay. 3. Unidad Académica de Neonatología. Universidad de la República. Centro Hospitalario Pereira Rossell. Montevideo, Uruguay. 4. Centro de Innovación en Vigilancia Epidemiológica, CIVE. Institut Pasteur de Montevideo. Montevideo, Uruguay.
Introducción Objetivos	La mortalidad en recién nacidos de muy bajo peso (RNMBP) representa hasta el 70% de la mortalidad neonatal y 30% de la infantil. La sobrevida ha aumentado mundialmente, sin embargo, presentan un mayor riesgo de desarrollar complicaciones y discapacidad a largo plazo. Los RNMBP son particularmente vulnerables a alteraciones en la colonización y establecimiento de patobiontes nosocomiales. En un estudio previo, observamos que <i>Klebsiella pneumoniae</i> y <i>Escherichia coli</i> predominan en el microbioma de RNMBP. La colonización precoz por enteropatógenos se vincula con mayor riesgo de sepsis y enterocolitis necrotizante, sino también con retrasos en el neurodesarrollo y alteraciones respiratorias. El objetivo del estudio es describir cambios en el perfil de colonización de la microbiota intestinal en RNMBP y evaluar el exposoma en la conformación de la misma. Proponemos que el índice <i>Clostridium/Klebsiella</i> podría funcionar como un indicador relevante predictor de resultados clínicos.
Metodología	Este estudio de cohorte prospectivo incluyó 65 RNMBP (≤ 35 semanas de gestación, ≤ 1500 g) en el Centro Hospitalario Pereira Rossell (CHPR), Uruguay, entre abril de 2024 y junio de 2025. La cohorte se categorizó según su exposición a leche materna propia (LMP), en RNMBP que recibieron $>70\%$ y $<70\%$ de LMP alimentados con leche donada o fórmula. Las muestras fecales se recolectaron en dos momentos: al alcanzar la alimentación enteral total con 150 mL/kg/día (M1) y a las 36 semanas postmenstruales (M2). Se implementó una estrategia de mejora de calidad para el fomento de lactancia materna en RNMBP. Se extrajo ADN fecal con QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit con modificaciones y se amplificó y secuenció el gen de ARNr 16S mediante tecnología Illumina Novaseq Xplus, PE 250bp y 50K lecturas por muestra. Los reads fueron filtrados según su calidad y clasificados utilizando el paquete DADA2. La predicción funcional se realizó con PICRUSt2. El análisis se realizó utilizando paquetes vegan y phyloseq en una plataforma R.
Resultados	Se incluyeron 65 RNMBP, y se obtuvieron 125 muestras fecales (5 perdidas en M2). La edad gestacional media fue de 29,6 semanas y el peso al nacer de 1165 g. El 38,5 % y el 15,4 % recibió $>70\%$ de LMP en T1 y T2, respectivamente. El 80 % recibió antibióticos postnatales. La microbiota intestinal de los RNMBP mostró una evolución hacia una comunidad más madura y anaerobia, con aumento de los géneros <i>Clostridium</i> y <i>Veillonella</i>, y disminución significativa de los géneros <i>Klebsiella</i> y <i>Escherichia-Shigella</i> en T2. Este cambio se acompañó de un aumento en los índices de diversidad alfa y de modificaciones en vías metabólicas. Se observó una reducción de genes asociados a rutas de degradación de histidina y lipogénesis (HISDEG-PWY y LIPASYN-PWY), junto con incremento de la vía de degradación de feniletilamina (PWY-6071). Estos resultados sugieren una transición funcional a la maduración intestinal y un perfil antiinflamatorio en los RNMBP. La exposición prolongada a antibióticos afectó negativamente la diversidad de bacterias anaerobias y favoreció a taxones facultativos como <i>Enterobacter</i>, <i>Citrobacter</i> y <i>Klebsiella</i> mientras que redujo <i>Clostridium</i> y <i>Veillonella</i>. La relación <i>Clostridium/Klebsiella</i> emergió como un posible predictor de desenlaces clínicos, especialmente en RN de extremo bajo peso en T1. Asimismo, la leche materna propia se asoció con un mayor establecimiento de <i>Clostridium butyricum</i> (valor $p = 7,54 \times 10^{-8}$) y <i>Clostridium perfringens</i> (valor $p = 0,01$), observándose un efecto dosis-dependiente sobre dicha relación.
Conclusiones	La microbiota intestinal de los RNMBP muestra una maduración dinámica, actuando la alimentación con LMP como un factor protector sobre el efecto deletéreo de los antibióticos sobre ella. La relación <i>Clostridium/Klebsiella</i> emerge como un prometedor biomarcador predictor clínico y refleja un perfil microbiano más favorable en esta población vulnerable.

E-POSTER 102

Nombre	ALIVIO DE SINTOMAS GASTROINTESTINALES E IMPACTO EN CALIDAD DE VIDA CON <i>ALKALIHLOBACILLUS CLAUSII</i> (SIN, O/C, N/R, T) EN CONDICIONES DE VIDA REAL EN ADULTOS: RESULTADOS INTERINOS DE UN ESTUDIO OBSERVACIONAL PROSPECTIVO
Autor (es)	Bruno Scarpellini (1), Belen Ketelhohn (2), Heacleff Gutierrez Arismendy (3) Alejandro Concha Mejia (4), Sharon Yu Lin Chua (5), Jian-Hui Chong (6), Maria do Carmo Passos (7)
Institución	1.Opella Healthcare, San Pablo, Brasil, 2.Opella Healthcare, Buenos Aires, Argentina, 3.Opella Healthcare, Bogotá, Colombia, 4.Clínica del Country, Bogotá, Colombia, 5.Real World Solutions, IQVIA Asia Pacific, Singapur, 6.Real World Solutions, IQVIA Malaysia, 7.Clínica BiosNa, Belo Horizonte, Brasil
Introducción Objetivos	Los síntomas digestivos son una causa frecuente de automedicación y afectan el bienestar diario. Aunque los probióticos se usan ampliamente en autocuidado, la evidencia en condiciones de vida real, especialmente en farmacias comunitarias de América Latina, sigue siendo limitada. Este estudio evaluó la efectividad de <i>Alkalihalobacillus clausii</i> (SIN, O/C, N/R, T) (AC) para reducir síntomas gastrointestinales (GI) y mejorar la calidad de vida relacionada con la salud (CVRS) en adultos de Brasil y Colombia.
Metodología	ENRICH es un estudio observacional, prospectivo y multicéntrico realizado en farmacias comunitarias de Brasil y Colombia en 2025. Se evaluaron adultos de 18 a 65 años que adquirieron AC para el automanejo de síntomas digestivos (N=208); tras aplicar los criterios de selección, se incorporaron 159 participantes. Los participantes completaron cuestionarios electrónicos autoadministrados al inicio (Día 0), Día 1 y Día 7. Los síntomas GI se evaluaron con la Gastrointestinal Symptom Rating Scale (GSRS), y la CVRS mediante un cuestionario multidimensional validado. El criterio principal fue el cambio en la puntuación total de la GSRS del Día 0 al Día 7; los análisis se ajustaron por el valor basal mediante ANCOVA. El Full Analysis Set (FAS) incluyó 88 participantes con datos basales y de seguimiento evaluables; el Sensitivity Analysis Set (SAS) incluyó 69 participantes según la ventana de evaluación predefinida.
Resultados	De los 159 participantes incorporados, las exclusiones del FAS se debieron principalmente a evaluaciones basales incompletas, al inicio tardío del tratamiento (>48 horas desde el Día 1) o a la falta de datos de GSRS o CVRS. Entre los 88 participantes, la edad media fue de 37 años y el 65,9% eran mujeres. Al inicio, los síntomas gastrointestinales eran frecuentes y persistentes: el 76,2% informó síntomas al menos tres veces por semana (incluido un 11,4% diariamente), con una media de 2,4 síntomas por participante; los más frecuentes fueron dolor abdominal (68,2%), diarrea (60,2%), distensión abdominal (47,7%) y flatulencia excesiva (42,0%). La mayoría de los participantes (70,5%) planeaba utilizar AC durante siete días o más. Desde el Día 0 hasta el Día 7, la puntuación total de la GSRS mostró una mejoría estadísticamente significativa, con un cambio medio ajustado por el valor basal de mínimos cuadrados (LS) de -1,33 (IC del 95%: -1,83 a -0,84; $p<0,001$), lo que corresponde a una reducción aproximada del 39,6% en la carga global de síntomas (puntuación media de 3,4 a 2,0). Las mejoras de los síntomas se observaron de manera consistente en todos los dominios de la GSRS, incluidos reflujo, malestar abdominal, indigestión, diarrea y estreñimiento, con reducciones concordantes en las medianas y los rangos intercuartílicos, y sin datos faltantes en los distintos dominios. La CVRS también mejoró significativamente durante el período de 7 días. El cambio medio ajustado por el valor basal de mínimos cuadrados (LS) en la puntuación total de la CVRS fue de -0,66 (IC del 95%: -0,99 a -0,32; $p<0,0002$), lo que representa una reducción del 25,2% en el impacto negativo sobre la vida diaria (puntuación media de 2,6 a 2,0). Se observaron mejoras en los dominios funcional, físico, cognitivo y emocional, con tendencias direccionales consistentes.
Conclusiones	En este análisis interino en condiciones de vida real, el uso de AC en farmacias comunitarias se asoció con reducciones relevantes de los síntomas GI y mejoras de la CVRS en 7 días. Estos hallazgos respaldan la relevancia de AC como opción de autocuidado para adultos con malestar digestivo y destacan el valor de la evidencia observacional para captar resultados reportados por los pacientes en la práctica habitual.

E-POSTER 104

Nombre	ANÁLISIS ESTRUCTURAL Y FILOGENÉTICO DE BACTERIOCINAS DE LA MICROBIOTA ORAL: IMPLICACIONES PRELIMINARES PARA EL DISEÑO DE PROBIÓTICOS
Autor (es)	Paola C. Mancinelli a,b, Marcos R. Rengifo Carrillo a,b,c, Gabriela A. Vinueza Sarango b,d, Pablo A. Salgado b,e, Claudia V. Filomatori a,c,f,* , Wanda M. Valsecchi a,b,c,*
Institución	a UBA, FFyB, Depto de Química Biológica, Bs. As, Argentina. b UBA, Facultad de Odontología, Cátedra de Microbiología y Parasitología, Bs. As., Argentina. c Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) – UBA, Instituto de Química y Fisicoquímica Biológicas "Prof. Alejandro C. Paladini" (IQUIFIB). d Fundación Instituto Leloir (IIBBA-CONICET). e Instituto de Investigaciones en Salud Pública (IISAP-FOUBA). f FOUBA, Cátedra de Biofísica y Bioestadística. * cfilomatori@gmail.com, wvalsecchi@ffyb.uba.ar.
Introducción Objetivos	El microbioma oral es un ecosistema complejo cuyo equilibrio es fundamental para la salud del hospedador. La disbiosis es un factor etiológico clave en el desarrollo de patologías como la caries dental y la enfermedad periodontal. En este ambiente altamente competitivo, las bacterias han desarrollado diversas estrategias para colonizar nichos ecológicos y asegurar su supervivencia, entre ellas, la producción de péptidos antimicrobianos conocidos como bacteriocinas. <i>Streptococcus mutans</i>, principal agente etiológico asociado a la caries dental, es uno de los mayores productores de estas moléculas, conocidas como mutacinas. Estas moléculas ejercen su actividad antimicrobiana mediante distintos mecanismos, como la formación de poros en la membrana, la inhibición de la síntesis de pared celular o la degradación del material genético. Como contraparte, las bacterias sensibles han desarrollado estrategias de resistencia, como la expulsión activa mediante transportadores, la degradación enzimática, el bloqueo de la unión de la bacteriocina a su receptor, o las síntesis de sus propias bacteriocinas. Pese a su relevancia biológica y potencial terapéutico, las propiedades estructurales de las mutacinas permanecen inexploradas, por lo que este trabajo aborda esta brecha mediante un análisis integral basado en herramientas bioinformáticas y de biología estructural. Nuestro objetivo es caracterizar estructural y funcionalmente las bacteriocinas producidas por <i>S. mutans</i>. Para ello, nos propusimos: 1) construir una base de datos curada de secuencias; 2) predecir sus estructuras tridimensionales; y 3) clasificarlas en grupos conformacionales, analizar sus propiedades fisicoquímicas y flexibilidad, e identificar contactos tanto intramoleculares como con moléculas del hospedador.
Metodología	Se recopilaron y curaron secuencias de aminoácidos de bacteriocinas reportadas para <i>S. mutans</i> a partir de la base de datos GenBank. Se predijo la estructura tridimensional de 70 bacteriocinas utilizando AlphaFold. Los modelos obtenidos fueron agrupados estructuralmente mediante DALI. La flexibilidad conformacional se estudió mediante CabsFlex, y se analizó el perfil de carga de cada modelo estructural. Finalmente, con Ring se identificaron contactos clave entre residuos y con moléculas del hospedador.
Resultados	Las bacteriocinas modeladas de <i>S. mutans</i> presentan arreglos estructurales simples, aunque suficientemente diversos como para clasificarlas en 15 grupos conformacionales. Algunas mutacinas, como las pertenecientes a la clase 2, poseen dos o tres hélices α de aproximadamente 20 aminoácidos cada una, seguidas de por una región C-terminal poco estructurada y altamente flexible. La longitud de estas hélices es compatible con un posible mecanismo de inserción en membrana y formación de poros. En contraste, otras bacteriocinas presentan hélices considerablemente más cortas, de menos de 9 residuos, lo que sugiere mecanismos alternativos de actividad antimicrobiana. El modelado de complejos oligoméricos (8 subunidades) permitió identificar posibles contactos interproteína que podrían participar en la estabilización de estas estructuras funcionales. Por otra parte, el análisis de la dinámica molecular reveló zonas conservadas de flexibilidad estructural, sugiriendo regiones clave para su función. Finalmente, el análisis del perfil de carga mostró que la mayoría de las mutacinas presentan un elevado punto isoeléctrico debido a un marcado carácter catiónico, que podría favorecer su interacción inicial con los componentes aniónicos de la membrana bacteriana, concentrando los péptidos sobre su superficie como paso previo a su mecanismo de acción.
Conclusiones	Este estudio constituye la primera caracterización estructural integral de las bacteriocinas producidas por <i>S. mutans</i> . Nuestros análisis revelan que estos péptidos presentan una notable diversidad conformacional compatible con distintos mecanismos de acción. La identificación de regiones flexibles, posibles interfaces de oligomerización y distribución de cargas proporciona un marco para comprender los mecanismos moleculares que subyacen a su actividad inhibitoria y establece una base para el diseño racional de bacteriocinas sintéticas.

E-POSTER 105

Nombre	AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS, DESDE SISTEMA GASTROINTESTINAL DE TRUCHA AIRCOIRIS, PARA SU USO EN ACUICULTURA COMO PROBIÓTICOS
Autor (es)	Correa Deza M.A.1, Font de Valdez G. 1, Salva S., Gerez C.L. 1
Institución	CERELA-CONICET, San Miguel de Tucumán, Argentina. Contacto: clugerez@cerela.org.ar
Introducción Objetivos	Las enfermedades respiratorias agudas (ERAs) pueden causar daños graves debido a una respuesta inflamatoria excesiva, lo que motiva la búsqueda de alternativas terapéuticas como los componentes bioactivos de bacterias probióticas. El estudio de los componentes bacterianos no viables, denominados posbióticos, representa un avance significativo en el desarrollo de bioproductos terapéuticos para ERAs. <i>Lactobacillus rhamnosus</i> CRL1505 se destaca por su capacidad de acumular polifosfato inorgánico (polyP) intracelular en respuesta al estrés ambiental. Objetivo: Evaluar la eficacia del polyP de la cepa CRL1505, actuando como un agente posbiótico, en la prevención de la inflamación pulmonar en un modelo animal.
Metodología	La presencia de gránulos de polyP se confirmó mediante tinción de Neisser y microscopía óptica. La longitud de las cadenas de polyP presentes en el extracto intracelular (EIC) de CRL1505 se determinó mediante electroforesis en geles de poliacrilamida (PAGE). Para los estudios in vivo, se utilizó un modelo murino de inflamación respiratoria aguda inducida por administración intranasal de LPS de <i>Escherichia coli</i> 055 (200 µg/kg). Se incluyeron un grupo control sano y cuatro grupos desafiados con LPS tratados por vía intranasal con agua destilada estéril (control de inflamación), budesonida (control positivo), polyP sintético (P45) o EIC de CRL1505. A las 6 horas post-desafío con el LPS, se evaluó la respuesta inflamatoria mediante recuento leucocitario total y diferencial en lavado broncoalveolar (LBA) y determinación de citoquinas por citometría de flujo.
Resultados	En CRL1505 se evidenció la presencia de polyP por tinción de Neisser y microscopía óptica. Las cadenas de polyP mostraron una longitud superior a 45 residuos de fosfato. Los tratamientos con EIC, polyP sintético o budesonida redujeron significativamente los recuentos de macrófagos (41,3–57,2%; $p < 0,05$) y neutrófilos (90,5–93%; $p < 0,05$) en el LBA, alcanzando valores comparables a los observados en animales sanos. Asimismo, estos tratamientos normalizaron los niveles sistémicos de citoquinas proinflamatorias respecto del grupo control de inflamación ($p < 0,05$), restableciendo valores similares a los fisiológicos.
Conclusiones	Tanto el polyP sintético como el polyP derivado de <i>L. rhamnosus</i> CRL1505 previnieron el desarrollo de la respuesta inflamatoria inducida por LPS en las vías respiratorias, mostrando una eficacia comparable a la budesonida. Estos resultados respaldan el potencial del polyP de CRL1505 como un posbiótico seguro y prometedor para el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas destinadas a la prevención y el tratamiento de las enfermedades respiratorias agudas.

E-POSTER 106

Nombre	DESARROLLO Y FUNCIONALIDAD DEL BANCO DE MICROBIOTA FECAL DEL HOSPITAL DE CLÍNICAS
Autor (es)	Fabiana López Mingorance-Pablo Antelo-Carlos Waldbaum-Karina Cerviño Jesica Andruetto-Carolina Garrafa-Juan Sordá-Esteban González Ballerga.
Institución	
Introducción Objetivos	En el año 2017 se creó el Banco de microbiota fecal en la División de Gastroenterología del Hospital de Clínicas. Su función principal es procesar, almacenar y proveer muestras de heces de donantes que sean seguras, estandarizadas y de alta calidad. Estas soluciones se emplean en el Trasplante de Materia Fecal (TMF), un tratamiento indicado para pacientes con infección por <i>Clostridioides difficile</i> (CDI) recurrente o refractaria a la terapia habitual. Además, el biobanco garantiza la trazabilidad absoluta de cada muestra y realiza un seguimiento riguroso para evaluar potenciales efectos adversos. Los objetivos son: evaluar el número de TMF realizados, las patologías en que fueron empleados, la aceptabilidad por parte del paciente receptor y las consecuencias de los criterios de exclusión de los donantes.
Metodología	Los donantes son voluntarios, no remunerados, mayores de 18 y preferiblemente menores de 50 años, seleccionados por entrevista, cuestionario y análisis bioquímicos, serológicos y de materia fecal. Las heces se procesan dentro de las 5 horas de la defecación. La muestra debe ser mayor de 50g, se homogeneiza con 3-5 veces el volumen de solución fisiológica estéril en homogeneizador, bajo flujo laminar, se utiliza un tamiz metálico para separar fragmentos no deseados y se agrega glicerol 10% como crioprotector, se fracciona, se almacena a -80°C y se registra. Las muestras son conservadas durante 6 meses para ofrecer una carga bacteriana apropiada. Para su utilización en el trasplante de microbiota intestinal, la muestra es descongelada a 37°C por 1 hora y se carga, bajo flujo laminar, en jeringas para su instilación por sonda transpilórica, endoscopia alta (50ml) o colonoscopia (100ml). En caso de requerir traslado externo, este se realiza en un recipiente seguro conservado en hielo, debiendo administrarse la muestra dentro de las 24 horas posteriores a su descongelación.
Resultados	Durante el periodo del 2017 al 2026 se realizaron 492 TMF, las patologías que los requirieron fueron: ICD, Colitis ulcerosa/Enfermedad de Crohn, EICH, otros. Hasta la fecha se han procesado las heces de 77 donantes, y el banco cuenta con cerca de 150 muestras. Solamente el 10% de los donantes cumplieron con los criterios de inclusión al banco.
Conclusiones	Es indispensable contar con un banco de microbiota para tener disponible el material estandarizado de calidad para responder rápidamente a la demanda, en especial patologías en las cuales el tiempo es relevante. Los resultados observados en el tratamiento de la infección por <i>Clostridioides difficile</i> con TMF, y la aceptación de los pacientes, han considerado esta práctica como parte integrante del algoritmo terapéutico; considerando su aplicación en otras patologías donde la regulación de la microbiota sea crucial.

E-POSTER 108

Nombre	DIÁLOGO INMUNOLÓGICO ENTRE CÉLULAS DENDRÍTICAS Y LINFOCITOS T MEDIADO POR VESÍCULAS DE MEMBRANA DE MICROORGANISMOS BENEFICIOSOS DE LA MICROBIOTA INTESTINAL
Autor (es)	Natalia Diaz-Garrido ^{1,2} , Josefa Badia ² and Laura Baldomá ²
Institución	1. Universidad Católica del Maule, Maule, Chile 2. Departament de Bioquímica i Fisiologia, Facultat de Farmàcia i Ciències de l'Alimentació, Universitat de Barcelona; Institut de Biomedicina de la Universitat de Barcelona - Institut de Recerca Sant Joan de Déu, Spain.
Introducción Objetivos	La interacción entre los componentes de la dieta y la microbiota intestinal desempeña un papel fundamental en el mantenimiento de la salud del hospedero, mientras que su alteración contribuye al desarrollo de diversas enfermedades. Los probióticos han surgido como una estrategia nutricional prometedora para promover el equilibrio de la microbiota y restaurar la homeostasis intestinal. Aunque sus efectos beneficiosos están ampliamente documentados, los mecanismos moleculares que median su actividad aún no se comprenden completamente. Entre ellos, las vesículas de membrana (MVs), estructuras nanométricas liberadas por las bacterias, han cobrado especial interés por su capacidad para mediar la comunicación bacteria-hospedero y modular la respuesta inmunitaria. Objetivo: Evaluar la contribución de las vesículas de membrana derivadas de la microbiota intestinal en la regulación de la respuesta inmunitaria del hospedero y caracterizar los principales mediadores moleculares implicados en este proceso.
Metodología	Se utilizaron diferentes modelos celulares del sistema inmunitario. Monocitos de donantes sanos fueron diferenciados a células dendríticas (DCs) durante siete días y posteriormente estimulados con MVs derivadas del probiótico <i>Escherichia coli</i> /Nissle 1917 (EcN) y de la cepa comensal ECOR12. Las DCs estimuladas se co-cultivaron con linfocitos T utilizando dos modelos experimentales: (i) contacto directo con linfocitos T CD4 ⁺ y (ii) contacto indirecto con linfocitos T CD4 ⁺ naïve mediante sistemas Transwell. La respuesta inmunitaria se evaluó mediante citometría de flujo y cuantificación de citocinas. Además, se aislaron exosomas derivados de las DCs, los cuales fueron caracterizados estructuralmente y fenotipificados utilizando el kit MACSplex Exosome.
Resultados	Las MVs de ambas cepas promovieron la maduración de las DCs, aunque indujeron perfiles diferenciales de secreción de IL-10, IL-6 y TNF-α. Tras seis días de co-cultivo, las DCs activadas por MVs indujeron una polarización específica de los linfocitos T CD4 ⁺ hacia respuestas Th1, Th2 y Th17, dependiendo de la cepa bacteriana utilizada. Los exosomas liberados por las DCs presentaron un tamaño similar, pero mostraron diferencias en la expresión de marcadores de superficie, lo que sugiere una composición funcional distinta y un posible papel diferencial en la modulación de la respuesta inmunitaria.
Conclusiones	Las vesículas de membrana derivadas de la microbiota intestinal constituyen importantes moduladores de la función de las células dendríticas. Una vez activadas, estas células coordinan la respuesta de los linfocitos T reguladores y de los linfocitos T colaboradores mediante mecanismos dependientes del contacto celular y de factores solubles, incluidos citocinas y exosomas. Estos hallazgos aportan nueva evidencia sobre los mecanismos mediante los cuales las vesículas de membrana bacterianas median la comunicación entre la microbiota intestinal y el sistema inmunitario del hospedero.

E-POSTER 109

Nombre	SUPLEMENTACIÓN CON ARABINO-XILOOLIGOSACÁRIDOS ANTIOXIDANTES EN CONDICIONES FISIOLÓGICAS: IMPACTO EN PARÁMETROS NUTRICIONALES, METABÓLICOS, HISTOLÓGICOS Y EN MICROBIOTA INTESTINAL
Autor (es)	L. Nelegatti ¹ , E. Andrada ^{1,2} , C. Tomei ¹ , A. Marquez ¹ , M. Obregozo ¹ , F. Campos Casal ² , C. Abeijón-Mukdsi ¹ , P. Gauffin-Cano ¹ , R. Medina ^{1,2} .
Institución	1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET-FML-FECIC), Tucumán, Argentina. 2 Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria (FAZyV-UNT), Tucumán, Argentina.
Introducción Objetivos	Los arabinoxilanos son constituyentes de la fibra dietaria de cereales, considerados prebióticos emergentes con potenciales beneficios para la salud. Aplicando tecnologías verdes (tratamiento hidrotérmico y xilanasas comerciales) hemos obtenido un extracto hidrolizado (HID) enriquecido en arabino-xilooligosacáridos ferulados (AXOs) a partir de salvado de trigo. Este HID presenta un 48% (p/v) de AXOs y un elevado contenido de ácido ferúlico libre y esterificado (0,4 y 7,5 mg/g HID, respectivamente), un compuesto de reconocida actividad antioxidante, antiinflamatoria y anticancerígena. Además, su secado mediante aspersión fue tecnológicamente satisfactorio para su conservación, resultando económicamente conveniente. Objetivo: evaluar la tolerancia y funcionalidad de HID en ratones sanos en diferentes dosis analizando parámetros nutricionales, indicadores metabólicos, microbiota y estructura intestinal.
Metodología	Se alimentaron ratones C57BL/6 de 6-8 semanas de edad con dieta estándar y agua ad libitum sin suplementación (grupo control: CON), o suplementada con 500 (alta dosis, AXOs-A) o 250 (dosis baja, AXOs-B) mg HID/kg/día durante 8 semanas (n=5, N=15). El HID secado por aspersión se disolvió diariamente en el agua de bebida para su administración. Se realizó un seguimiento rutinario del consumo de agua de bebida y alimento, de la consistencia de la materia fecal (MF) y del peso corporal. A 7 semanas de suplementación, se tomaron muestras de MF para siembra en agar MRS y LAPTg modificados (adicionados con cisteína, ácido propiónico y cloruro de litio, incubados en anaerobiosis) a fin de cuantificar bacterias lácticas y bifidobacterias (BLB), y en agar Violeta Rojo Bilis (VRB) y McConkey (MC) para enterobacterias (EB) a 37 °C. Finalmente, los animales se sacrificaron tras un ayuno de 12 horas. Se realizaron estudios bioquímicos en plasma, histología de íleon y colon, se registró el peso del tejido adiposo epididimal (TAE) y se cuantificaron los ácidos grasos de cadena corta (AGCC) en contenido cecal mediante HPLC.
Resultados	Los animales consumieron un promedio de 5 mL agua de bebida/ratón/día, sin diferencias entre grupos, y no se observaron alteraciones de la consistencia de la MF durante la suplementación. En el grupo AXOs-A se observó una ganancia de peso corporal similar al grupo CON (8,9±3,1 vs 14,4±5,2 g/100 g peso corporal inicial), mientras que la eficiencia alimentaria fue significativamente inferior (0,54±0,15 vs 0,93±0,09, p < 0,02). El índice de adiposidad (g TAE/g peso corporal*100) no se alteró por la suplementación. El recuento de BLB y EB fue superior en los grupos suplementados con AXOs que en CON, con incrementos de 1,22-1,97 log UFC/g MF (p ≤ 0,001) pero sin diferencias significativas en la ratio BLB: EB. La cuantificación de AGCC reportó similar contenido de ácido acético, propiónico y butírico entre los grupos experimentales. Los valores de glucemia basal, triglicéridos y aminotransferasas (ALT y AST) plasmáticas no fueron afectados por la suplementación. El colesterol total y LDL también se encontraron en valores similares, mientras que el HDL-colesterol fue superior en los ratones suplementados con AXOs (0,51-0,53±0,05 g/L) en comparación a los controles (0,42±0,08 g/L, p < 0,03). Además, se observó un incremento de células caliciformes en el colon de los animales suplementados con AXOs-A. En conclusión, la suplementación con HID en agua de bebida fue bien tolerada por ratones sanos. La administración de 500 mg HID/kg/día durante 8 semanas logró disminuir la eficiencia alimentaria de los animales e incrementar el HDL-colesterol. El estudio de las modificaciones en la microbiota intestinal será profundizado mediante secuenciación masiva.
Conclusiones	Estos resultados sustentan la funcionalidad de este extracto enriquecido en AXOs en condiciones fisiológicas, e impulsa futuros estudios para evaluar su potencial terapéutico o preventivo como suplemento dietario.

E-POSTER 110

Nombre	LA SUPLEMENTACIÓN CON ARABINO-XILOOLIGOSACÁRIDOS FERULADOS ATENÚA LAS ALTERACIONES METABÓLICAS INDUCIDAS POR LA OBESIDAD: EVIDENCIA PRECLÍNICA DEL POTENCIAL DE UN PREBIÓTICO EMERGENTE
Autor (es)	L. Nelegatti ¹ , E. Andrada ^{1,2} , C. Tomei ¹ , A. Marquez ¹ , M. Obregozo ¹ , F. Campos Casal ² , C. Abeijón-Mukdsi ¹ , P. Gauffin-Cano ¹ , R. Medina ^{1,2} .
Institución	1 Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET-FML-FECIC), Tucumán, Argentina. 2 Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria (FAZyV-UNT), Tucumán, Argentina.
Introducción Objetivos	La potencialidad de los arabinoxilanos para contribuir a la prevención de enfermedades metabólicas es de creciente interés en la comunidad científica, diferenciándose de prebióticos como la inulina debido a su mayor complejidad estructural y potencial antioxidante. Aplicando metodologías ambientalmente amigables (calor húmedo y enzimas fúngicas), logramos obtener un hidrolizado de salvado de trigo (HID) enriquecido en fracciones solubles de estos compuestos: arabino-xilooligosacáridos ferulados (AXOs). Estos AXOs pueden ser mejor tolerados por el consumidor que los arabinoxilanos. El HID obtenido se compone de un 48% (p/v) de AXOs de bajo peso molecular y 7,5 mg de ácido ferúlico esterificado, y fue secado por aspersión para su conservación a largo plazo. De esta forma, puede ser incorporado en diferentes presentaciones farma/nutracéuticas. Objetivo: evaluar el efecto protector de la administración a diferentes dosis de HID en un modelo de obesidad inducida por dieta en ratones, en comparación con la suplementación con inulina.
Metodología	Los estudios in vivo se realizaron en ratones C57BL/6 (6-8 semanas de edad) los cuales fueron divididos en 5 grupos (n=5, N=25): 1-Control (CON): dieta estándar (DE) y agua ad libitum; 2-Control Obeso (OB): dieta rica en grasa (DRG, DE + 30% grasa porcina) y agua ad libitum; 3-Ob+Inulina: DRG suplementada en agua de bebida con inulina de achicoria 500 mg/kg/día (99,5% pureza, Sigma-Aldrich®); 4-Ob+AXOs-A: DRG suplementada en agua de bebida con 500 mg HID/kg/día (alta dosis, AXOs-A); y 5-Ob+AXOs-B: DRG suplementada en agua de bebida con 250 mg HID/kg/día (baja dosis, AXOs-B).
Resultados	Luego de 8 semanas de suplementación, la ganancia de peso corporal (GPC, % peso inicial) del grupo OB fue de 39±3%, mientras que la del grupo CON fue de 14±5%. La suplementación con AXOs-A redujo la GPC inducida por la DRG a valores similares a CON (14±9%, p < 0,002). Además, en Ob+AXOs-A se observaron reducciones significativas en las concentraciones plasmáticas de triglicéridos, colesterol total y LDL-colesterol comparado con OB (0,14±0,02 vs 0,31±0,06 g/L; 0,66±0,08 vs 0,88±0,04 g/L; 0,20±0,08 vs 0,73±0,08 g/L, respectivamente). Asimismo, la glucemia basal de Ob-AXOs-A fue similar a CON (117±4 mg/dL), y significativamente inferior a OB (184±16 mg/dL). La suplementación en Ob-AXOs-A evitó el incremento en el índice Triglicéridos-Glucosa (ITG) producido por la DRG en OB (7,0±0,3 vs 7,8±0,3). Las suplementaciones prebióticas y la DRG incrementaron los valores de HDL-colesterol. En particular, el incremento en la relación LDL/HDL inducido por la DRG en OB (1,0±0,2) con respecto a CON (0,7±0,3), fue significativamente disminuido por la suplementación con AXOs-A (0,3±0,1). Por su parte, Ob-AXOs-B mostró una tendencia a la disminución del ITG y LDL/HDL, sin impacto en otros parámetros, sugiriendo que un menor riesgo cardiovascular depende de la dosis de AXOs administrada. Por su parte, la suplementación con inulina redujo la GPC (21±9%), la glucemia basal (150±4 mg/dL), el ITG (7,4±0,3) y la relación LDL/HDL (0,72±0,14) de forma menos pronunciada que AXOs-A. Notoriamente, las suplementaciones prebióticas no indujeron cambios en la cuantificación de bacterias fecales en agar MRS o LAPtg modificado (para bacterias lácticas y bifidobacterias, BLB) o en agar Violeta Rojo Bilis o McConkey (para enterobacterias, EB), a excepción de una tendencia a la reducción del ratio BLB: EB en suplementados con respecto a OB (1,08-1,16 vs 1,22). La cuantificación de ácidos grasos de cadena corta en contenido cecal (HPLC) no evidenció diferencias significativas entre los grupos experimentales. La histología de íleon y colon reflejó cambios compatibles con la administración de prebióticos.
Conclusiones	Los resultados resaltan la funcionalidad dosis-dependiente del HID, un extracto no purificado derivado de un subproducto agroindustrial, frente a la obesidad, dislipemia y resistencia a la insulina inducida por DRG.

E-POSTER 111

Nombre	USO DE <i>DROSOPHILA MELANOGASTER</i> COMO BIOSENSOR PARA DETECTAR ALTERACIONES EN LA MICROCRIOBIOTA HUMANA
Autor (es)	T. Prieto ^{1,2} ; J. Della Giustina ^{1,3} ; A. Beltrán Teran ^{1,3} ; J. Sordá ⁴ ; O. Quintero ⁴ ; F. López ⁴ ; M. Katz ^{1,3,5} .
Institución	1 Departamento de Ciencias Fisiológicas, Facultad de Medicina, Universidad de Buenos Aires (UBA). Buenos Aires, Argentina. 2 Universidad Argentina de la Empresa (UADE). Facultad de Ingeniería y Ciencias Exactas. Buenos Aires, Argentina. 3 Instituto de Fisiología y Biofísica Bernardo Houssay (IFIBIO Houssay, UBA-CONICET). Buenos Aires, Argentina. 4 Hospital de Clínicas José de San Martín (UBA). Buenos Aires, Argentina. 5 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). mail: tgsprieto@gmail.com maximilianokatz@fmed.uba.ar
Introducción Objetivos	El estudio de la disbiosis de la microbiota intestinal se realiza principalmente mediante técnicas de secuenciación masiva, que caracterizan la abundancia y diversidad taxonómica e indirectamente mediante la cuantificación de metabolitos, factores de inflamación o cambios en la permeabilidad intestinal. Estos ensayos son costosos, por lo que la disponibilidad de nuevos métodos que brinden información preliminar de forma costo-efectiva, son bienvenidos por la comunidad científica. En este contexto, emplear organismos modelo representa una oportunidad para el desarrollo de herramientas exploratorias. La mosca de la fruta <i>Drosophila melanogaster</i>, representa una herramienta con potencial para evaluar la capacidad patogénica de la microbiota. Este modelo posee un ciclo de vida corto, dispone de amplia evidencia sobre sus regulaciones celulares, metabólicas y fisiológicas, y es muy versátil para la evaluación de la homeostasis gastrointestinal. Nuestro objetivo es establecer a <i>Drosophila</i> como biosensor de modificaciones en la microbiota fecal que impacten en la homeostasis gastrointestinal. En este trabajo presentamos resultados preliminares de la evaluación del impacto funcional de la alimentación de moscas con microbiota humana de donantes sanos o con patologías intestinales inflamatorias.
Metodología	Esta evaluación fue realizada mediante la determinación del patrón de defecación de las moscas, cuya materia fecal se tiñe mediante la suplementación del medio de cultivo con colorante alimenticio. Este protocolo permite visualizar las deposiciones, obtener imágenes de las mismas y definir patrones cuantitativos y cualitativos de las heces. Cada grupo de trabajo consistió en 10 réplicas con 5 moscas hembras por réplica (50 moscas por condición evaluada). Se alimentaron moscas silvestres (cepa Canton-S) durante 24 horas con medio alimenticio de moscas (polenta, levadura, agar agar, sacarosa y ácido propiónico) suplementado con 200 µl de una suspensión de microbiota de tres donantes sanos y comparamos su patrón de defecación (cantidad, área e intensidad de las deposiciones evaluados por análisis de imágenes) con el de moscas que no fueron alimentadas con muestras de materia fecal. Las muestras de materia fecal fueron provistas por el División de Gastroenterología del Hospital de Clínicas José de San Martín (UBA) bajo consentimiento informado.
Resultados	La alimentación de moscas con microbiota humana de donantes control no modificó la cantidad defecada en el período evaluado, así como tampoco las características de las deposiciones. Contrariamente, el alimento suplementado con microbiota de un paciente con enfermedad de Crohn (EC), y de otro con colitis ulcerosa (CU), alteró dicho patrón. La microbiota de EC provocó un aumento significativo (27%) en la cantidad total defecada comparada con el control que consumió microbiota de pacientes sanos, siendo además las deposiciones más pequeñas (11%) e intensas en color (62%). Estos resultados sugieren que la microbiota de pacientes con EC no solo provoca un incremento en la cantidad de materia fecal, sino también la deshidratación de las deposiciones. Por su parte, la de CU también incrementó la cantidad total defecada (11%), acompañada de un aumento del 10% en el área de las deposiciones, evidenciando que la suplementación del medio con esta microbiota provoca un fenotipo de tipo diarreico.
Conclusiones	Estos resultados preliminares indican que la microbiota de pacientes con EC y CU altera el patrón de defecación de <i>Drosophila</i> de manera diferencial. A través de estos ensayos, proponemos a <i>Drosophila</i> como modelo promisorio para evaluar, de forma rápida y económica, el impacto de la microbiota derivada de pacientes sobre la funcionalidad digestiva. Estos resultados abren novedosas posibilidades de análisis, no solo para determinar el potencial patológico/benéfico de un determinado perfil de microbiota, sino también para monitorear su evolución durante las etapas sintomáticas o de remisión de distintas patologías. Asimismo, este enfoque permite evaluar el efecto de tratamientos farmacológicos o nutracéuticos sobre dicha funcionalidad.

E-POSTER 113

Nombre	PROTOCOLO PARA EL MAPEO DE BRECHAS EN LA EVIDENCIA METAANALÍTICA SOBRE PREBIÓTICOS Y PROBIÓTICOS EN ADULTOS
Autor (es)	Ostolin, TLVDP1; Fonseca DC*2; Filippi, EFM1; Ostolin, TLVDP3
Institución	1 Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), 2 A Beneficência Portuguesa de São Paulo; 3 Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP)
Introducción Objetivos	La expansión de la investigación sobre la microbiota humana ha generado un volumen creciente y heterogéneo de evidencia sobre intervenciones con prebióticos y probióticos. La diversidad de poblaciones estudiadas, condiciones de salud, microorganismos, géneros, especies, cepas, formulaciones y compuestos prebióticos, así como de los desenlaces evaluados, dificulta la comprensión de la distribución del conocimiento disponible. Aunque numerosos metaanálisis han sintetizado los efectos de estas intervenciones, la evidencia permanece fragmentada entre diferentes áreas clínicas y de investigación. Los mapas de brechas de evidencia constituyen una estrategia para organizar campos complejos, representar la concentración de la evidencia e identificar áreas con evidencia limitada o ausente. Objetivo: Describir el protocolo para identificar, caracterizar y mapear la distribución de la evidencia metaanalítica sobre los efectos de intervenciones con prebióticos y probióticos en adultos e identificar brechas y concentraciones de evidencia según poblaciones, características de las intervenciones y desenlaces relacionados con la salud.
Metodología	Se desarrollará un mapa de brechas de evidencia basado en metaanálisis publicados de estudios de intervención con prebióticos o probióticos en adultos mayores de 18 años. Se realizarán búsquedas sistemáticas en MEDLINE vía PubMed, Embase, Scopus, Biblioteca Virtual en Salud y Cochrane Library, sin restricción por fecha de publicación y considerando estudios publicados en inglés, portugués o español. Las estrategias combinarán vocabulario controlado, cuando esté disponible, y términos libres relacionados con prebióticos, compuestos prebióticos, probióticos, géneros, especies, cepas y candidatos probióticos de nueva generación. Se incluirán metaanálisis con síntesis cuantitativa de dos o más estudios primarios de intervención. La selección será realizada por dos revisores independientes. Los datos serán extraídos mediante un formulario estandarizado y verificados por un segundo revisor. La calidad metodológica será evaluada mediante AMSTAR 2. Se construirá una matriz tridimensional basada en población o condición de salud x intervención prebiótica o probiótica x desenlace relacionado con la salud. Como capas adicionales del mapa, se incorporarán el volumen de evidencia, la dirección de los hallazgos metaanalíticos y la calidad metodológica. No se realizará un nuevo metaanálisis.
Resultados	Se espera obtener una representación estructurada de la distribución de la evidencia metaanalítica sobre prebióticos y probióticos en adultos, permitiendo visualizar las poblaciones y condiciones de salud más estudiadas, los tipos de intervenciones con mayor volumen de síntesis y los desenlaces más frecuentemente evaluados. El mapa permitirá identificar combinaciones de población, intervención y desenlace con evidencia metaanalítica limitada o ausente, diferenciando brechas en la síntesis de evidencia de una eventual ausencia de estudios primarios. La incorporación de la dirección de los hallazgos y de la calidad metodológica permitirá contextualizar la distribución de la evidencia sin realizar una nueva síntesis cuantitativa. Se espera que la estructura propuesta facilite la navegación en un campo caracterizado por elevada heterogeneidad taxonómica y metodológica y contribuya a la priorización de futuras revisiones, metaanálisis y estudios primarios.
Conclusiones	El protocolo propone una estrategia multidimensional para organizar y visualizar la evidencia metaanalítica sobre intervenciones con prebióticos y probióticos en adultos. El mapeo sistemático de poblaciones, intervenciones y desenlaces puede contribuir a identificar brechas de síntesis, áreas de concentración de evidencia y prioridades de investigación en el campo de la microbiota. La aplicación de este enfoque podrá ampliar la accesibilidad y la utilidad de la evidencia disponible para investigadores y otros actores interesados en intervenciones dirigidas a la modulación de la microbiota.

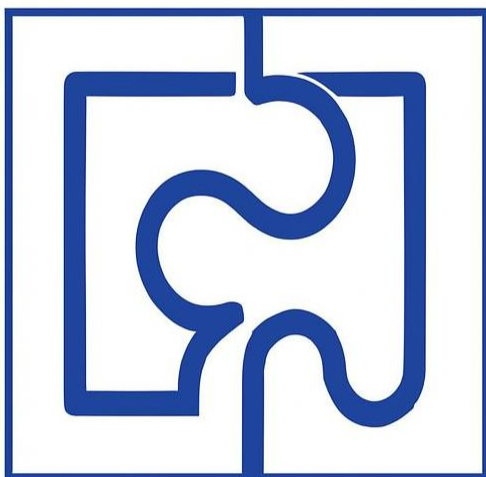
E-POSTER 114

Nombre	PRUEBA DE CONCEPTO: MAS ALLÁ DE LA IDENTIFICACIÓN DE UN PATOGENO; LA METAGENÓMICA VAGINAL REVELA UN ECOSISTEMA UROGENITAL ALTERADO EN UNA INFECCIÓN URINARIA RECURRENTE POR ESCHERICHIA COLI BLEE
Autor (es)	Cristian Hidalgo Pajuelo
Institución	Instituto Latinoamericano de Ginecología Funcional – Perú
Introducción Objetivos	Las infecciones urinarias recurrentes (ITUr) continúan siendo abordadas principalmente mediante la identificación del microorganismo responsable a través del urocultivo. Sin embargo, este enfoque no explica por qué numerosas pacientes presentan recurrencias pese a recibir tratamientos dirigidos según antibiograma. Estudios recientes sugieren que el ecosistema vaginal puede actuar como un reservorio dinámico de uropatógenos, aunque los métodos microbiológicos convencionales no permiten caracterizar la complejidad ecológica de este nicho. La secuenciación metagenómica de nueva generación (NGS) ofrece la posibilidad de analizar simultáneamente microorganismos, elementos genéticos relacionados con resistencia antimicrobiana y componentes del ecosistema que podrían participar en la persistencia clínica. Objetivo: Presentar un reporte de caso que ilustre el potencial de la metagenómica vaginal para caracterizar el ecosistema vaginal en una paciente con infección urinaria recurrente por <i>Escherichia coli</i> BLEE, más allá de la identificación del patógeno urinario.
Metodología	Se describe el caso de una mujer de 55 años con antecedente de cirugía para incontinencia urinaria mediante colocación de malla, complicada con retención urinaria. Durante el año previo presentó seis episodios de infección urinaria documentada por <i>Escherichia coli</i> BLEE. Los urocultivos mostraron sensibilidad únicamente a meropenem y ticarcilina. Recibió múltiples esquemas antibióticos (Cefalexina, Amoxicilina/ácido clavulánico, Amikacina e Imipenem), con mejoría transitoria seguida de recurrencia. Al ingreso presentaba polaquiuria severa (micción cada 20 minutos), flujo vaginal escaso y pH vaginal de 7. Se obtuvo un exudado vaginal para análisis metagenómico clínico (AMC) realizado por Xenogene (España) mediante metagenómica con secuenciación completa de última generación. El análisis incluyó extracción estandarizada de ADN, identificación taxonómica de bacterias, plásmidos, virus (Acytota), arqueas, hongos, protozoos y otros componentes del ecosistema mediante análisis bioinformático. Posteriormente inició un programa multidisciplinario de restauración del ecosistema vaginal, con seguimiento durante tres meses.
Resultados	El urocultivo identificó exclusivamente <i>Escherichia coli</i> BLEE. En contraste la metagenómica permitió caracterizar simultáneamente bacterias, plásmidos, virus y otros componentes del ecosistema vaginal. Se evidenció disbiosis caracterizada por ausencia completa de <i>Lactobacillus crispatus</i>, coexistencia de <i>Enterococcus faecalis</i> (12,96%), <i>Escherichia coli</i> (8,99%) y <i>Lactobacillus iners</i> (0,039%) %. Además, se detectaron múltiples plásmidos relacionados con transferencia horizontal de genes de resistencia (incluyendo ColV-K30, IncF, pIP501, R1 y F, entre otros) y diversos bacteriófagos asociados a <i>Enterococcus</i> y <i>Escherichia</i>, configurando un ecosistema con una elevada carga de elementos genéticos móviles compatibles con intensa presión antibiótica y potencial intercambio de determinantes de resistencia. Tras tres meses de un programa de restauración del ecosistema vaginal (incluía restauración del pH vaginal con cápsulas vaginales de ácido bórico + ácido láctico, recuperación con cápsulas vaginales de <i>Lactobacillus crispatus</i> JYLQ-33, intervención nutricional y de la salud emocional), la paciente presentó una mejoría clínica aproximada del 80%, con reducción de la frecuencia miccional de una micción cada 20 minutos a tres micciones diurnas y dos nocturnas, sin nuevos episodios documentados de infección urinaria durante el seguimiento.
Conclusiones	Este reporte de caso demuestra que la metagenómica aporta información ecológica complementaria al urocultivo convencional, al caracterizar simultáneamente microorganismos, plásmidos y otros elementos del ecosistema vaginal potencialmente implicados en la persistencia de infecciones urinarias recurrentes. Los hallazgos apoyan la hipótesis de que, en un subgrupo de pacientes, las ITUs recurrentes podrían reflejar una alteración del ecosistema vaginal además de la infección vesical. Estudios prospectivos serán necesarios para confirmar la utilidad clínica de este enfoque.

E-POSTER 115

Nombre	MODULACIÓN DE METABOLITOS DERIVADOS DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN PACIENTES CON DIABETES TIPO 1 Y SOBREPESO LUEGO DE UNA INTERVENCIÓN EN ESTILO DE VIDA
Autor (es)	Quesada IM ^{1*} , Marino B2, Cicchitti A3, Fernández A2, Farfán S2, Castelli G2, Lucero P2, Rodríguez M4, Turco M2 y Castro C1. imariaquesada@gmail.com iquesada@mendoza-conicet.gob.ar
Institución	1Laboratorio de Biología Vascular, IMBECU-CONICET, Facultad de Ciencias Médicas -UNCuyo, 2Instituto de Endocrinología, Metabolismo y Nutrición, FCM-UNCuyo, 3Hospital Universitario, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. 4Centro de Excelencia en Productos y Procesos, CEPROCOR. Ministerio de Ciencia y Tecnología, Gobierno de La Provincia de Córdoba.
Introducción Objetivos	La microbiota intestinal participa en el metabolismo de nutrientes como colina y carnitina, generando trimetilamina (TMA), posteriormente convertida en N-óxido de trimetilamina (TMAO) en el hígado. Niveles elevados de TMAO se han asociado con inflamación crónica y mayor riesgo cardiometabólico. El objetivo fue evaluar el efecto de una intervención basada en alimentación saludable y actividad física sobre metabolitos derivados de la microbiota intestinal y su relación con marcadores inflamatorios y de estrés oxidativo en pacientes con diabetes mellitus tipo 1 (DM1) y sobrepeso.
Metodología	Se incluyeron 24 pacientes con DM1, más de cinco años de evolución e IMC ≥ 27 kg/m ² , que participaron durante 12 meses en un programa de modificación del estilo de vida. Se cuantificaron TMA y TMAO séricos mediante UPLC-MS/MS, MCP-1 por ELISA y TBARS por espectrofotometría. Se analizaron los cambios entre los valores finales e iniciales (Δ).
Resultados	El 66% de los participantes redujo significativamente el peso corporal (90,1 $\pm$ 3,1 vs 81,7 $\pm$ 2,8 kg; p<0,05). El 52% presentó una disminución significativa de TBARS (2,10 $\pm$ 0,13 vs 1,44 $\pm$ 0,16 μ M; p<0,004). Diez pacientes mostraron una reducción de MCP-1 (Δ =-107,8 $\pm$ 40,8 pg/mL) y una marcada disminución de la relación TMAO/TMA (31,6 $\pm$ 11,5 vs 9,2 $\pm$ 3,0 μ M). Además, el Δ TMAO se correlacionó positivamente con el Δ MCP-1 (r=0,6414; p=0,0007), evidenciando una asociación entre el metabolismo derivado de la microbiota intestinal y la inflamación sistémica.
Conclusiones	La intervención sobre el estilo de vida se asoció con una mejora del perfil metabólico, una reducción de metabolitos derivados de la microbiota intestinal relacionados con riesgo cardiometabólico y una disminución de marcadores inflamatorios y de estrés oxidativo. Estos hallazgos respaldan la relevancia del eje microbiota-metabolismo-inflamación como potencial blanco terapéutico en pacientes con DM1 y sobrepeso.

GENUP



**Gastroenterología y
Nutrición Pediátrica**

