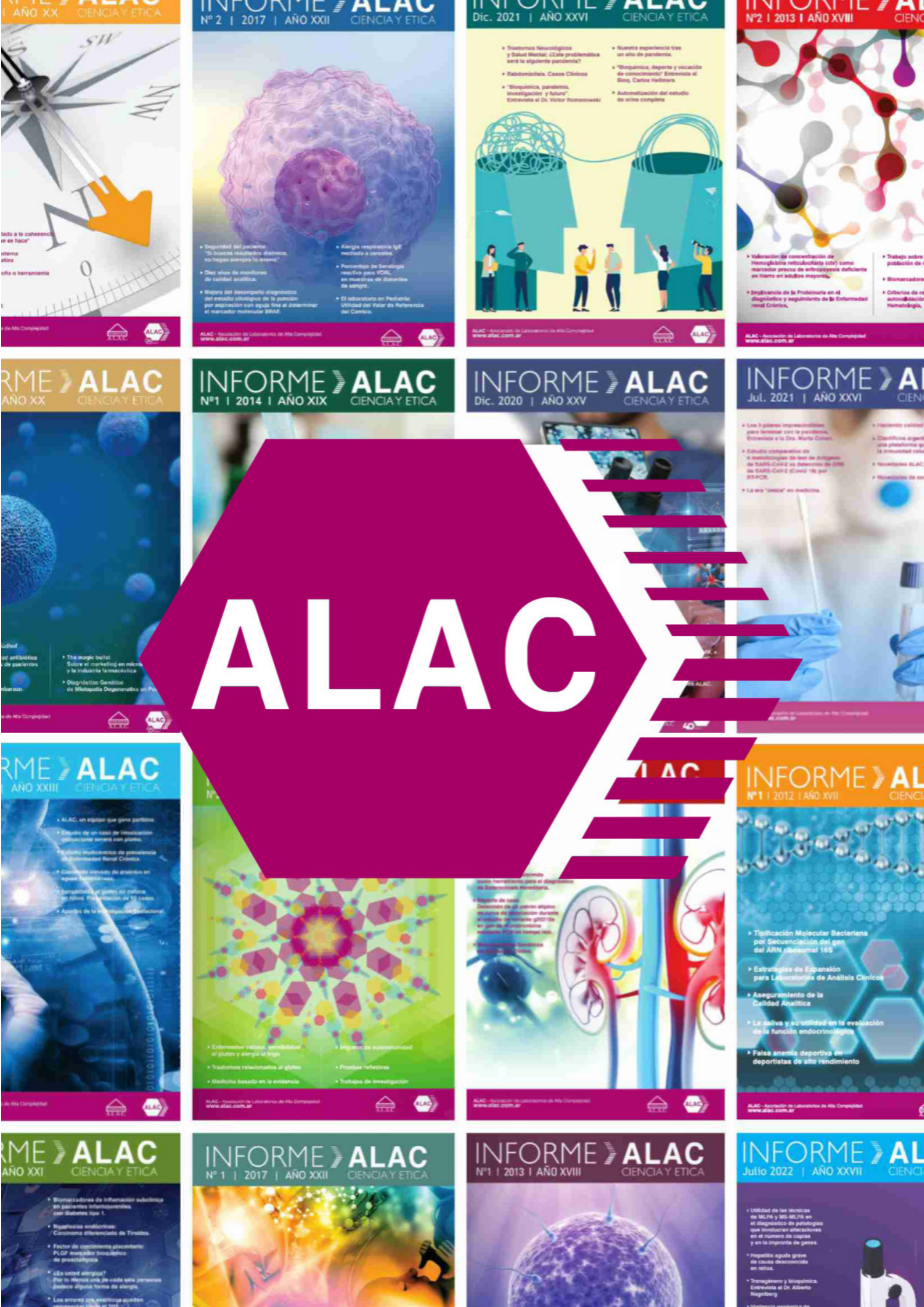


INFORME ALAC

Abril 2026 | AÑO XXXI

CIENCIA Y ÉTICA





Sumario

- 03 Editorial
- 05 Trabajos Premio ALAC 2025
- 23 Trabajo científico
- 35 Lado B de la Bioquímica
- 38 Responsabilidad Social Empresaria
- 41 Novedades de asociados
- 52 Trayectorias
- 58 Management
- 60 Nuevos socios
- 64 Homenajes
- 70 Reunión ALAC

Órgano de difusión de la Asociación de Laboratorios de Alta Complejidad (ALAC)

Av. Córdoba 890 3º, B, (1054) C.A.B.A., Argentina
 Tel: (54) (011) 4322-0555
 e-mail: sede@alac.com.ar
 web: www.alac.com.ar
 ISSN: 0328-7637

Coordinación de contenidos y diseño:
 Francisco Melchiori
franciscoelchiori@gmail.com

El contenido de las notas firmadas no representa la opinión del editor, siendo de exclusiva responsabilidad de sus autores. El contenido de los avisos publicitarios es responsabilidad única de los anunciantes.

Editorial

Hay Equipo



Equipo: Un equipo se define como un grupo de personas que trabajan juntas de manera colaborativa para alcanzar un objetivo común, su principal característica es la interdependencia, es decir, la necesidad de cada miembro de contribuir con sus habilidades y conocimientos para lograr el éxito colectivo. Trabajo en equipo: el trabajo en equipo es la unión organizada de personas con habilidades complementarias que colaboran, bajo un liderazgo compartido y comunicación efectiva, para alcanzar metas comunes de manera eficiente. Fomenta la sinergia, aumentando la productividad, creatividad y el compromiso, transformando desafíos individuales en logros colectivos. He decidido en esta oportunidad, comenzar mi mensaje con dos definiciones. Esto es a partir de la necesidad de agradecer el gran trabajo y esfuerzo, que con absoluta dedicación y mucho de pasión están llevando a cabo los diferentes grupos de trabajo

► Sigue en pág. 4



INFORME ALAC
 CIENCIA Y ETICA

La consolidación en red de más de cincuenta laboratorios de todo el país y el accionar de la misma, permite resolver cualquier problema analítico a nivel nacional.

La utilización de una moderna intercomunicación multifacética es facilitadora de la gestión conjunta de centros especializados en los cuales se desarrolla rutinariamente alta y diversificada tecnología científica, de excelente calidad y confiabilidad.

Comisión Directiva ALAC

Presidente **Adrian Aymard**
 Secretario **Andrés Albrecht**
 Tesorero **Matías Viniestra**
 Vocal 1º **Oswaldo Elbarcha**
 Vocal 2º **Natalia Piaggio**

Comisión Revisora de cuentas

Titulares
Gabriela Simesen
Alejandro Rapela
 Suplentes
Paulina Alonso



Es nuestro objetivo colaborar con la población para lograr una mejor calidad de vida. Teniendo en cuenta el avance de la tecnología y del manejo de información, impulsamos la interconexión entre laboratorios miembros, y con un fuerte compromiso hacia los profesionales de la salud y los pacientes.

Impulsamos actividades comunitarias, cursos, talleres, siempre con el desafío de mejorar y crecer en pos de una mejor vida para todos.

Consejo Fundación ALAC

Presidente
Maribel Martínez Wassaf
 Vice-presidente
Agustina Fares Taie
 Secretaria
Agustina Peverini
 Tesorero
Matías Viniestra
 Vocales
Fernando Elias
Alejandra Ensinck
Pablo Biaggioni
Matías Molina
Camila Gentili
Luz Cagliaris

que conforman los equipos que día a día dedican tiempo de su valioso descanso para contribuir en hacer grande a ALAC. Para nosotros estas definiciones deben completarse con la idea de compartir, hacerse cargo de las responsabilidades, generar nuevas ideas y proyectos, estar en acción continuamente, formar lazos de empatía, pero por sobre todo juntar nuestras fuerzas para ser mejores. La gestión de una Asociación tan importante como ALAC, requiere un esfuerzo no remunerado, que depende entonces de las ganas y voluntad de cada uno que lo asume. En ese sentido, creemos desde la Comisión Directiva que se han generado grupos de trabajo que integran los diferentes comités, repletos de participantes jóvenes y no tanto (la interacción intergeneracional es pilar de este sistema) que han revolucionado la vida interna de ALAC generando proyectos y herramientas de conocimiento que favorecen la mejora continua de nuestros socios. No es casualidad la incorporación de nuevos laboratorios socios en nuestras filas, el interés por las capacitaciones ofrecidas, la respuesta altamente positiva y las conclusiones de las auditorías de certificación ISO 9001 que resaltan como fortaleza la capacidad y formación de equipos que tiene nuestra asociación. Pasaron más de 45 años desde la fundación de ALAC, y el esfuerzo y los sueños de los pioneros, hoy se reflejan en estas acciones. Trabajar en equipo resulta siempre una experiencia muy positiva, que beneficia a todos los involucrados, porque no solo se apoya en la posibilidad de repartir esfuerzos y responsabilidades, sino fundamentalmente en compartir y sumar conocimientos y habilidades, lo que resulta en mayor creatividad, innovación y crecimiento. Y una muy buena forma de lograrlo es a través de actividades que fortalezcan la comunicación interna, las tormentas de ideas y la escucha continua entre todos los participantes. En ese sentido cada Comité y sus grupos de colaboradores establecieron en este tiempo lazos de comunicación y apoyo que entendemos van en ese camino. Crear cohesión y tener objetivos claros es el norte que se anhela. Esto genera un ambiente de trabajo agradable, y un clima que invita a la participación, hecho que observamos día a día a medida que se incorporan más colaboradores a nuestros grupos de trabajo. Tener una meta común en mente es fundamental a la hora

de priorizar proyectos y nuevas iniciativas. Cuando varios miembros del equipo trabajan en tareas individuales, contar con un objetivo ayuda a alinear los proyectos y a garantizar que se cumplan los objetivos. De esta manera también se logra la motivación, el compromiso y ese sentido de pertenencia que los miembros de ALAC nos jactamos de tener y nos enorgullecemos de mostrar. Podríamos terminar definiendo al trabajo en equipo como el resultado de las cinco C: comunicación, coordinación, complementariedad, confianza y compromiso. Todo esto, si se logra, genera un ambiente de trabajo donde participar es sentirse contento y valorado, con posibilidades de crecer y hacer crecer a los demás, aun cuando el esfuerzo demande horas que en otras circunstancias dedicaríamos al esparcimiento. Hoy contamos con cuatro Comités que trabajan a destajo en generar ideas que se transformen en proyectos y acciones que puedan ser útiles a los socios. Consejo de Fundación, Comité de Calidad, Comité de Gestión y Laboratorio de Ideas son nuestro ejemplo de trabajo en equipo: sus liderazgos sólidos, comunicación clara, confianza, colaboración, diversidad de pensamientos, responsabilidad y mejora continua, hacen muy fácil el trabajo de la Comisión Directiva a la hora de coordinar sus acciones. Dedico entonces este espacio para el agradecimiento al trabajo en equipo de nuestros grupos, fomentado la participación de todos los socios que estén interesados en mejorar nuestra asociación. Como buen aficionado del deporte y del fútbol en particular que soy, mi pensamiento sobre la competitividad de un equipo de trabajo se basa en que presente un mediocampo de equilibrio, defensores de las ideas y de la calidad y delanteros que avancen con tesón sobre los proyectos. Creo humildemente que el camino elegido se ve reflejado, con errores y aciertos, pero con la convicción de estar entregando todo para nuestra querida Asociación.



Adrian Aymard
Presidente de ALAC

Six sigma como herramienta de evaluación comparativa de calidad analítica en química clínica desde un programa de evaluación externa

Fernández Cruz, G.; de la Moneda, M. S.; Sotomayor, D. P.; Del Vecchio, L. P.

Programa de Aseguramiento de la Calidad para el Laboratorio Clínico "Buenos Aires" (ProgBA) - Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas "Norberto Quirno" (CEMIC) e Instituto Universitario CEMIC (IUC) - Galván 4102 Buenos Aires, Argentina. C1431FWO - gifernandez@cemic.edu.ar

RESUMEN

Introducción: La calidad analítica en bioquímica clínica es un componente esencial de la seguridad del paciente. La métrica Six Sigma permite integrar precisión, sesgo y error total permitido (TEa) en un único indicador de desempeño analítico. **Objetivo:** Evaluar el desempeño de siete analitos de química clínica mediante Six Sigma en el contexto de un programa latinoamericano de evaluación externa de calidad acreditado. **Materiales y métodos:** Estudio retrospectivo observacional basado en datos de las rondas 22-38 (2008-2024) del ProgBA. Se analizaron amilasa, bilirrubina total, LDL, fósforo, glucosa, hierro y magnesio. Se utilizó el percentil 50 de los coeficientes de variación (p50CV%) para estimar la métrica Sigma con tres estándares de TEa (CLIA, SEQC-ML y PNCQ). **Resultados:** La mayoría de los analitos presentó desempeño ≤ 3 Sigma con criterios CLIA. Amilasa mostró mejor desempeño re-

lativo, mientras que bilirrubina total, magnesio y fósforo evidenciaron valores Sigma consistentemente reducidos. LDL e hierro mostraron dependencia del estándar aplicado. **Conclusiones:** Six Sigma permitió identificar áreas prioritarias de mejora analítica y evidenció la influencia crítica del TEa en la interpretación del desempeño. Su incorporación en programas de evaluación externa favorece la mejora continua y la armonización regional.

La calidad analítica del laboratorio clínico es determinante para la seguridad del paciente, dado que una proporción significativa de decisiones médicas depende de los resultados bioquímicos. Los sistemas modernos de aseguramiento de calidad integran control interno, evaluación externa y trazabilidad metrológica para garantizar resultados comparables entre laboratorios y a lo largo del tiempo.

Los programas de evaluación externa de la calidad constituyen herramientas fundamentales para evaluar el desempeño metodológico en condiciones operativas reales, permitiendo comparaciones interlaboratorio bajo un marco estadístico estandarizado. Los estudios retrospectivos basados en estos programas resultan adecuados para estimar la robustez metodológica en poblaciones amplias de laboratorios.

La metodología Six Sigma se ha incorporado al laboratorio clínico como una herramienta cuantitativa que integra precisión, sesgo y error total permitido en un único indicador de desempeño. Este enfoque facilita la comparación entre métodos e instrumentos y permite optimizar estrategias de control de calidad. El error total permitido es el componente crítico del modelo, ya que define la tolerancia clínica al error analítico. Sin embargo, sus valores varían entre normativas internacionales, lo que puede modificar sustancialmente la clasificación del desempeño Sigma. En América Latina, donde coexisten distintos marcos regulatorios, la evaluación comparativa bajo múltiples estándares resulta particularmente relevante.

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el desempeño analítico de siete analitos de química clínica mediante la métrica Six Sigma utilizando datos de un programa latinoamericano de evaluación externa acreditado.

Se realizó un estudio retrospectivo observacional que analizó el desempeño analítico de siete analitos del área de química clínica, seleccionados en base a su frecuencia de solicitud clínica y disponibilidad de datos completos en el programa: Amilasa (Ami), Bilirrubina total (Bili-T), Colesterol-LDL (LDL-c), Fósforo (P), Glucosa (Glu), Hierro (Fe) y Magnesio (Mg) mediante la aplicación de la métrica Six Sigma en el contexto de un programa de evaluación externa de calidad. Los datos fueron obtenidos de las rondas 22 a 38 (2008–2024) del Programa de Evaluación Externa de

Calidad (ProgBA), acreditado por norma IRAM-ISO/IEC 17043:2014, con participación de laboratorios de Latinoamérica. La participación por analito varió entre 128 y 329 laboratorios según la ronda. El estudio utilizó datos provenientes de un programa de evaluación externa, sin identificación de laboratorios participantes ni información clínica de pacientes, por lo que no requirió consentimiento informado ni aprobación ética formal según normativas internacionales para estudios de calidad analítica. Para la estimación de la métrica Six Sigma se utilizó la mediana de los coeficientes de variación de cada analito (p50CV%), ya que este estimador permite representar el desempeño típico de la población participante y evita la sobreestimación del rendimiento asociada a laboratorios de alto desempeño aislados. El valor Sigma se calculó utilizando tres normativas internacionales—Clinical Laboratory Improvement Amendments (CLIA '25 - EE. UU.), Sociedad Española de Medicina de Laboratorio (SEQC-ML – España) y Programa Nacional de Controle de Qualidade (PNCQ - Brasil)— que reflejan distintos enfoques regulatorios y clínicos sobre la tolerancia al error analítico, permitiendo evaluar la sensibilidad de la clasificación Sigma frente a diferentes criterios normativos.

Los resultados obtenidos fueron los siguientes: Desempeño analítico de laboratorios participantes evaluado mediante la métrica Six Sigma. Los niveles se calcularon usando las normativas internacionales mencionadas. (Gráficos 1 a 7)

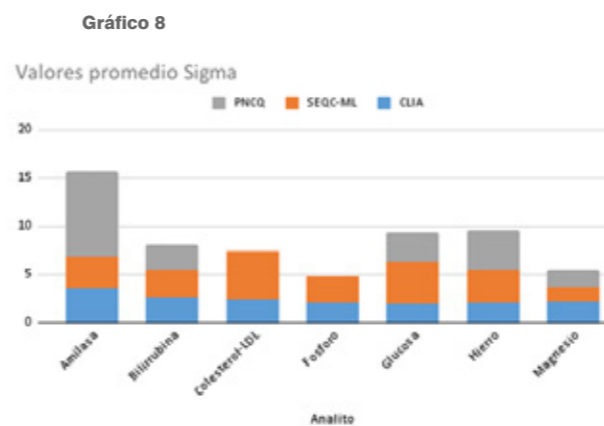
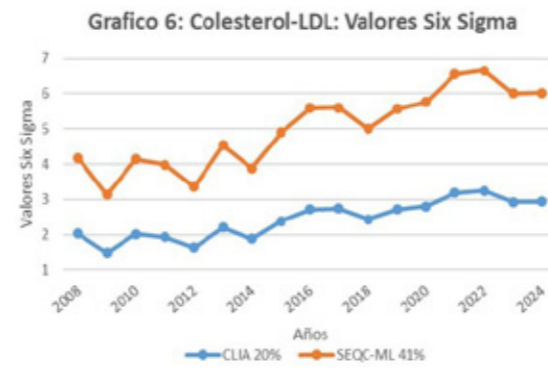
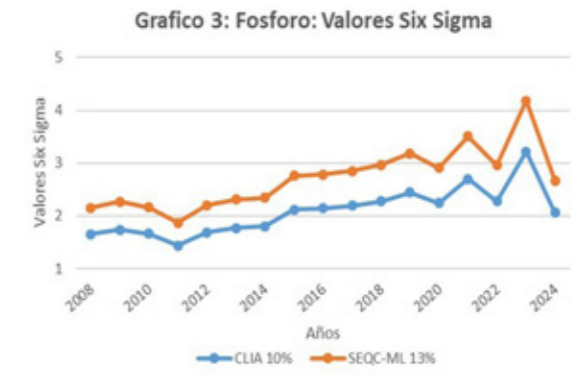
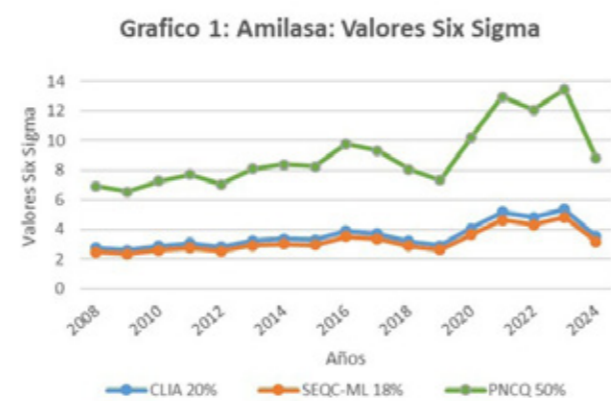


Gráfico 8: Desempeño promedio Six Sigma por analito bajo distintos estándares de calidad.

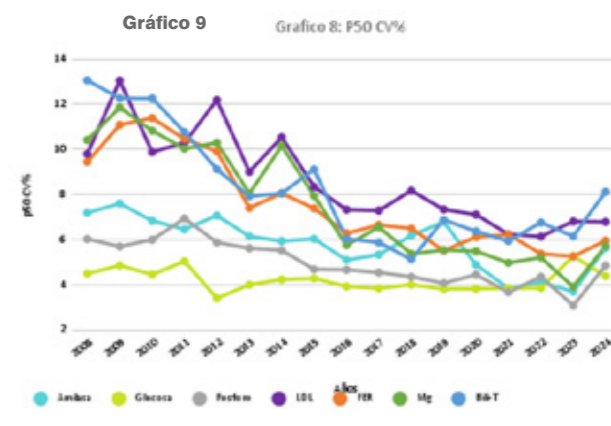


Gráfico 9: Comportamiento de p50CV% a lo largo del tiempo (2008-2024) de los laboratorios participantes en el ProgBA para los analitos evaluados.

Tabla 1

Analito	Σ (CLIA) Promedio	Σ (SEQC-ML) Promedio	Σ (PNCQ) Promedio
Amilasa (<u>Ami</u>)	3.6	3.2	9.0
Bilirrubina total (<u>Bili-T</u>)	2.6	2.9	2.6
LDL-c	2.4	5.0	--
Fósforo (P)	2.1	2.7	--
Glucosa (<u>Glu</u>)	1.9	4.3	3.1
Hierro (Fe)	2.1	3.4	4.1
Magnesio (Mg)	2.2	1.4	1.9

Se observó que la mayoría de los analitos evaluados presentaron desempeño ≤ 3 Sigma bajo criterios CLIA, indicando oportunidades de mejora analítica en la población evaluada. Solo el analito amilasa alcanzó desempeño cercano a 4 Sigma bajo CLIA y superior a 6 Sigma bajo PNCQ, evidenciando la influencia directa del TEa en la clasificación del desempeño. Por otro lado, según el estándar utilizado se detectaron diferencias significativas en los valores Sigma: Aplicando criterios CLIA, la mayoría de los analitos mostró desempeño bajo; Aplicando SEQC-ML, algunos analitos como LDL y glucosa alcanzaron desempeño aceptable y aplicando PNCQ, se observaron valores Sigma más elevados en analitos seleccionados. Estos resultados evidencian que la selección del TEa modifica sustancialmente la evaluación del desempeño analítico, fenómeno previamente descrito en estudios comparativos internacionales.

El análisis del comportamiento de los analitos evaluados evidenció limitaciones relevantes en el desempeño analítico según el estándar aplicado. La glucosa mostró valores Sigma reducidos con las especificaciones de CLIA, hallazgo de particular preocupación clínica dada su influencia directa en el diagnóstico y

seguimiento de la diabetes mellitus. La bilirrubina total —junto con magnesio y fósforo— presentó valores Sigma consistentemente reducidos frente a todos los estándares considerados, lo que sugiere problemas persistentes de imprecisión o sesgo metodológico que deberían ser investigados mediante revisión de calibraciones, trazabilidad metrológica y desempeño de reactivos. En contraste, LDL e hierro mostraron una clasificación Sigma dependiente del estándar de error total permitido, lo que pone en evidencia la sensibilidad de la evaluación a los criterios regulatorios utilizados y plantea la necesidad de interpretar estos resultados en el contexto clínico y normativo correspondiente.

La aplicación de Six Sigma permitió evaluar objetivamente el desempeño analítico global bajo diferentes estándares de calidad. Se evidenció la influencia crítica del umbral de error total (TEa) en la interpretación del desempeño, siendo CLIA el estándar más riguroso. Uno de los hallazgos más relevantes del estudio fue la marcada variabilidad en la clasificación del desempeño según el estándar de error total permitido utilizado. Analitos como glucosa y LDL mostraron diferencias sustanciales entre criterios CLIA y Sociedad Española de Medicina

de Laboratorio, confirmando que la selección del TEa constituye el determinante crítico del valor Sigma. La métrica Sigma constituye una herramienta práctica de gestión, ya que simplifica la variación analítica en un valor universal que guía las decisiones de control de calidad. Incorporar Six Sigma como herramienta complementaria fortalece la mejora continua, la evaluación comparativa entre laboratorios y la armonización internacional de criterios. En el contexto latinoamericano, la coexistencia de diferentes marcos regulatorios plantea el desafío de armonizar criterios de desempeño analítico sin comprometer la viabilidad operativa de los laboratorios.

Bibliografía

- Panchal KR, Vaghasiya ND, Vasava SH, Patel DS. Achieving High Standards in Clinical Biochemistry: Integrating Six Sigma, Quality Goal Index (QGI), and Operating Specifications (OPSspecs) for Targeted Quality Enhancement. *Cureus*. 2024 Nov 28;16(11):e74693. doi: 10.7759/cureus.74693.
- Zhou B, Wu Y, He H, Li C, Tan L, Cao Y. Practical application of Six Sigma management in analytical biochemistry processes in clinical settings. *J Clin Lab Anal*. 2020 Jan;34(1):e23126. doi: 10.1002/jcla.23126.
- Goel P, Malik G, Prasad S, Rani I,

- Manhas S, Goel K. Analysis of performance of clinical biochemistry laboratory using Sigma metrics and Quality Goal Index. *Pract Lab Med*. 2020 Dec 15;23:e00195. doi: 10.1016/j.plabm.2020.e00195.
- Emre HO. Six Sigma in Action: Evaluating Its Practicality in a Multi-Analyzer Laboratory under CLIA 2024 Guidelines. *Ann Clin Lab Sci*. 2025 May;55(3):416-425. PMID: 40750232.
- Huang Y, Loveday C, Vincent A. Potential use of Six Sigma metrics in the quality control review of hospital glucose meters. *Heliyon*. 2024 Aug 22;10(17):e36651. doi: 10.1016/j.heliyon.2024.e36651. PMID: 39263160; PMCID: PMC11387332.
- Six Sigma-Based Quality Assessment of Biochemical Analytes: A Comparative Analysis of Clinical Laboratory Improvement Amendments 1988 and 2024 Standards. Vol. 44 No. 8 (2025): *Journal of Medical Biochemistry*. DOI: <https://doi.org/10.5937/jomb0-58564>
- “Parte del texto del presente resumen ha sido mejorado con herramientas de inteligencia artificial; los datos obtenidos, el análisis de los resultados y las conclusiones reflejan la experiencia y opinión real de todos los autores.”



Análisis exploratorio de la secuenciación de metagenomas en tiempo real para el diagnóstico de infecciones respiratorias

Irazoqui José Matías¹, Marozzi Antonela^{2,3}, Cristiani Mariana², Fuhr Estefanía², Cappello Sandra⁴, Pairetti Natalia⁵, Eberhardt María Florencia¹, Santiago Gonzalo Manuel¹, Albrecht Andrés², Amadio Ariel Fernando¹.

¹ Instituto de Investigación de la Cadena Láctea, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Rafaela, Santa Fe.

² Departamento de biología molecular. Laboratorio Mega S.A., Rafaela, Santa Fe

³ Instituto de Investigaciones Biológicas y Tecnológicas (IIByT) CONICET-Universidad Nacional de Córdoba (UNC). Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTA), Facultad de Ciencias Exactas Físicas y Naturales, UNC.

⁴ Servicio de Infectología, Unidad de Terapia Intensiva Hospital Jaime Ferré, Rafaela, Santa Fe

⁵ Área de Bacteriología, Laboratorio de análisis clínicos del Hospital Jaime Ferré, Rafaela, Santa Fe

Resumen

El diagnóstico rápido de infecciones en pacientes hospitalizados es clave para su sobrevida, pero los métodos tradicionales de cultivo tardan al menos 48 horas en dar un diagnóstico certero y presentan limitaciones. La secuenciación de nueva generación surge como alternativa prometedora para identificar patógenos con mayor rapidez. En particular, la tecnología de secuenciación por nanoporos permite la detección en tiempo real y podría acortar significativamente los tiempos de diagnóstico. El objetivo de este trabajo fue realizar un estudio exploratorio sobre la utilidad de la secuenciación metagenómica en muestras de pacientes con asistencia

respiratoria mecánica (ARM) para analizar la factibilidad de reducir los tiempos de la identificación de microorganismos y la detección de posible resistencia antimicrobiana, mejorando el tratamiento y aumentando la posibilidad de sobrevida de los pacientes. Para su desarrollo se analizaron 6 muestras de lavado bronquialveolar de pacientes en ARM del hospital Jaime Ferré de Rafaela. Las muestras se analizaron mediante metodología convencional (cultivo y antibiograma) y por secuenciación de ADN metagenómico mediante tecnología de Nanopore. La extracción de ADN se realizó con un equipo automatizado (Taco) y se construyeron bibliotecas metagenómicas utilizando la metodología de rapid barcoding de Nanopore. Las muestras

fueron secuenciadas en MinION (R10.4.1) por 24 Hs., y se realizó el filtrado de lecturas mediante mapeo contra el genoma humano. Como era esperable, la mayoría de las lecturas obtenidas correspondió al genoma humano, y las restantes fueron analizadas mediante BugSeq, una plataforma que mapea las lecturas obtenidas contra una base de datos para la identificación de microorganismos. La gran mayoría de los organismos detectados por microbiología fueron también detectados mediante secuenciación. Además, se realizó la búsqueda de genes de resistencia a antimicrobianos, detectándose genes de resistencia a beta-lactámicos en la muestra 3, en consonancia con lo obtenido mediante antibiograma del aislamiento microbiano. Este estudio es exploratorio, pero demuestra la posibilidad de detectar mediante secuenciación directa de las muestras clínicas, la información genómica de los patógenos detectados mediante metodologías tradicionales. Además, plantea una alternativa para analizar la presencia de patógenos que no pueden aislarse mediante cultivo tradicional. Asimismo, el análisis del contenido genómico de los microorganismos detectados permite la identificación de factores relacionados con la resistencia antimicrobiana, permitiendo acelerar los tiempos de diagnóstico y toma de decisiones clínicas. Los resultados son alentadores y se propone continuar con este tipo de análisis, mejorando la metodología de extracción de ADN (por ejemplo, eliminando ADN del huésped) y aumentando la profundidad de secuenciación, lo que permitirá obtener más información genómica de los microorganismos, facilitando su identificación y análisis.

Introducción

Las infecciones del tracto respiratorio se encuentran entre las enfermedades infecciosas más frecuentes y con mayores tasas de morbilidad y mortalidad. La detección temprana de microorganismos en pacientes hospitalizados que cursan una enfermedad infecciosa es una eta-

pa crítica para su tratamiento y sobrevida [1]. Los pacientes que se encuentran con asistencia respiratoria mecánica (ARM) son de particular interés, ya que, debido al contexto en el que se encuentran, pueden desarrollar infecciones que conduzcan a una septicemia con riesgo de muerte [2]. En este contexto, el diagnóstico microbiológico resulta esencial para la determinación del agente etiológico y la aplicación de un tratamiento antimicrobiano adecuado, aunque el procesamiento de estas muestras en el laboratorio de microbiología presenta importantes limitaciones y controversias [1]. Tradicionalmente, el diagnóstico e identificación de microorganismos se realiza mediante cultivos y antibiogramas, requiriendo un mínimo de 48hs para determinar el agente etiológico y el tratamiento antibiótico adecuado. Sin embargo, algunos patógenos son difíciles de cultivar y de lento crecimiento, lo que dificulta su aislamiento e identificación. Asimismo, este procedimiento puede verse afectado por la contaminación dificultando el desarrollo de bacterias y enmascarando la presencia de los verdaderos patógenos. Además, el cultivo de ciertos patógenos es dificultoso y requiere de medios y procedimientos diagnósticos específicos para su detección [1].

En este contexto, es fundamental la implementación de nuevas herramientas de diagnóstico que permitan aumentar la precisión y mejorar los tiempos de identificación de patógenos y de su resistencia a antibióticos. Actualmente, las técnicas de secuenciación de nueva generación (NGS) tienen la potencialidad de resolver estas dificultades. La secuenciación por nanoporos basada en la plataforma de Oxford Nanopore Technologies (ONT), que ya ha sido probada en diversas muestras clínicas, permite la identificación de microorganismos patógenos en tiempo real, lo que podría disminuir los tiempos necesarios para el diagnóstico [3,4]. Si bien actualmente esta tecnología no suele utilizarse en la rutina de laboratorio debido a su costo



y la falta de profesionales capacitados, resulta prometedora para el diagnóstico de infecciones debido a la velocidad de respuesta tanto para la identificación de microorganismos como para la detección de la resistencia a antibióticos [5,6]. El objetivo de este trabajo fue realizar un estudio exploratorio sobre la utilidad de la secuenciación metagenómica en muestras de pacientes con ARM para reducir los tiempos de la identificación de agentes patógenos y su resistencia antimicrobiana con la subsecuente mejora del tratamiento e incremento de las probabilidades de supervivencia de los pacientes.

Materiales y Métodos

Consideraciones éticas:

El protocolo del presente estudio fue evaluado y aprobado por el Comité de Ética del Hospital Cullen (Santa Fe). Los

pacientes de quienes se obtuvieron las muestras fueron informados conforme a las normativas vigentes y otorgaron su consentimiento informado por escrito. Todas las muestras fueron sometidas a un proceso de anonimización y posteriormente destruidas al finalizar el estudio.

Muestras y análisis microbiológicos

Se analizaron muestras de lavado bronquioalveolar (BAL) de seis pacientes en ARM con signos clínicos de neumonía, provenientes del hospital Jaime Ferré de la ciudad de Rafaela. La obtención de las muestras se realizó enclavando el broncoscopio en el bronquio del segmento pulmonar radiográficamente afectado y se instilaron volúmenes variables de suero fisiológico estéril. Después de cada instilación se hizo una aspiración para recuperar el máximo volumen de líquido posible, formado por una mezcla del suero fisiológico y secreción bronco

alveolar. Se descartó la primera porción de líquido aspirado para el estudio microbiológico ya que suele contener un exceso de células escamosas y ciliadas.

Técnicas de cultivo

Se analizó la calidad de las muestras y su validez para el diagnóstico microbiológico mediante extendidos y coloraciones de Gram. Como resultado de la observación microscópica, todas las muestras incluidas en este estudio fueron clasificadas como “muestras representativas del tracto respiratorio inferior”, porque cumplían la condición de contener un porcentaje menor al 1% de células epiteliales escamosas. Las tinciones de Gram también se utilizaron para el diagnóstico presuntivo de las infecciones bacterianas, mediante la observación microscópica de las morfologías de las bacterias predominantes, y para la detección de la presencia de elementos fúngicos [7].

Las muestras se sembraron por método cuantitativo bajo las normas de bioseguridad y las condiciones de esterilidad correspondientes, en Agar CLDE, Agar Sangre, Agar Chocolate y Agar Sabouraud, incubadas hasta 72 horas en estufa de cultivo microbiológico a temperatura de 35 – 37°C, y observadas diariamente. Los Agar CLDE y los Agar Sabouraud se incubaron en atmósfera aeróbica, mientras que los Agar Sangre y los Agar Chocolate se incubaron en atmósfera enriquecida con CO₂ (capnofilia). Para su posterior estudio fueron considerados positivos los cultivos con una concentración bacteriana mayor o igual a 10.000 UFC/ml [7].

Dichas colonias microbiológicamente significativas se reislaron, y a cada una de ellas se le realizaron por métodos manuales las pruebas bioquímicas de identificación correspondientes. También se determinaron por método de difusión por disco (Kirby Bauer) y/o por CIM (E-test) las sensibilidades antibióticas, según las normas C.I.S.I. vigentes [7].

Extracción de ADN y secuenciación

La extracción de ADN se realizó mediante un sistema automatizado (Taco), solamente analizando aquellas en las que la calidad y cantidad de ADN era suficiente mediante geles de agarosa y cuantificación con Nanodrop y fluorimetría.

Se construyeron bibliotecas metagenómicas utilizando la metodología de barcoding rápido de Nanopore utilizando Rapid Barcoding kit SQK-RBK114.24). Las bibliotecas se secuenciaron en MinION Mk1c utilizando flowcells R10.4.1 por 24 Hs. El basecalling se realizó utilizando dorado v0.9.1 en su versión sup, luego, se realizó un control de calidad y filtrado de secuencias por calidad con nanoq, y, por último, las lecturas se mapearon contra el genoma humano (GRCh38.p14) utilizando minimap2 y se eliminaron las mapeadas con samtools.

Análisis de secuencias

Las secuencias no mapeadas contra genoma humano fueron analizadas utilizando la herramienta BugSeq [11], en la cual se realizó la asignación taxonómica de las lecturas a agentes patógenos y se estableció su abundancia relativa. BugSeq cuenta con una base de datos específica de cada tipo de muestra analizada, clasificándolos en tres categorías, “Very Likely” (muy probable), “Likely” (probable) y “Unlikely” (poco probable), de mayor a menor probabilidad de causar infección en ese tipo de muestra. En este caso, se seleccionó “Respiratory lower” como tipo de muestra y solo se consideraron aquellos microorganismos clasificados como “Likely” y “Very Likely”. Para la detección de secuencias que contuvieran genes de resistencia a antibióticos se utilizó el software abricate contra la base de datos del NCBI.

Resultados

El control de calidad de las muestras indicó una buena concentración y calidad de ácidos nucleicos para poder proceder con la secuenciación. Al analizar las lecturas filtradas, en cada una de las muestras se identificaron diversas especies bacterianas

Tabla 1

	Nro Lecturas	% humano	Desarrollo microbiano	BugSeq			Nro Lecturas
				Identificación	Índice	Abundancia	
Muestra 1	45.751	70,11%	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Bartonella alsatica</i>	1 - Very likely	0,0%	1
				<i>Escherichia coli</i>	2 - Likely	9,2%	1150
				<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2 - Likely	3,3%	414
				<i>Staphylococcus aureus</i>	2 - Likely	2,4%	298
				<i>Enterobacteriaceae</i>	2 - Likely	1,3%	160
				<i>Escherichia ruysiae</i>	2 - Likely	1,3%	167
Muestra 2	103.282	89,75%	<i>Acinetobacter sp.</i> <i>Candida albicans</i>	<i>Acinetobacter baumannii</i>	2 - Likely	16,6%	287
				<i>Acinetobacter calcoaceticus baumannii complex</i>	2 - Likely	2,0%	35
Muestra 3	134.071	85,73%	<i>Staphylococcus aureus</i> <i>Klebsiella pneumoniae</i> <i>Candida albicans</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	2 - Likely	3,7%	617
				<i>Escherichia coli</i>	2 - Likely	3,4%	557
				<i>Enterobacteriaceae</i>	2 - Likely	2,8%	468
				<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2 - Likely	2,0%	337
Muestra 4	109.556	89,50%	<i>Pseudomona aeruginosa</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	2 - Likely	13,8%	307
Muestra 5	93.332	88,97%	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	2 - Likely	9,4%	857
				<i>Enterobacteriaceae</i>	2 - Likely	5,5%	502
				<i>Escherichia coli</i>	2 - Likely	2,4%	220
				<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2 - Likely	2,3%	214
Muestra 6	74.532	82,21%	<i>Staphylococcus aureus</i> <i>Proteus mirabilis</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	2 - Likely	1,5%	182

Tabla 1: Resultados de secuenciación de muestras metagenómicas de lavados bronquioalveolares. Número de lecturas indica el número total de secuencias obtenidas; % humano corresponde a la fracción de lecturas que mapean contra el genoma humano; Desarrollo microbiano corresponde a los resultados microbiológicos obtenidos (aislamiento); Identificación corresponde al género y especie detectado mediante el mapeo de lecturas filtradas contra la base de datos de BugSeq. Solo se muestran aquellos organismos identificados como "Likely" o "Very Likely", es decir aquellos que podrían estar relacionados con procesos infecciosos en este tipo de muestra.



En todas las muestras se observó una elevada proporción de lecturas que corresponden a genoma humano (entre el 70-90% de las lecturas obtenidas; Tabla 1). La Fig 1 muestra la abundancia de las diferentes especies identificadas. Si bien las muestras fueron filtradas para el ADN humano, aún fue posible detectar lecturas humanas en algunas de las muestras. En cinco de las seis muestras analizadas se detectaron lecturas de secuenciación compatibles con los patógenos identificados mediante cultivo. Es claro que además de aquellas coincidencias entre la detección microbiológica y la de la secuenciación, la utilización de secuenciación de muestras metagenómicas detecta un mayor número de especies

microbianas, que no pueden considerarse patogénicas, incluso se detectaron más microorganismos, pero fueron filtrados como se indica en Materiales y Métodos, manteniendo sólo aquellos que se consideraba más probable que fueran causantes de la infección.

Si bien la profundidad de secuenciación obtenida fue relativamente baja analizando el volumen total de lecturas obtenidas para cada muestra, fue posible la detección de 2 lecturas que contenían un gen de resistencia a antibióticos en la muestra 3 (resistencia a beta-lactámicos, usando el software abricate) la cual también fue identificada por antibiograma.

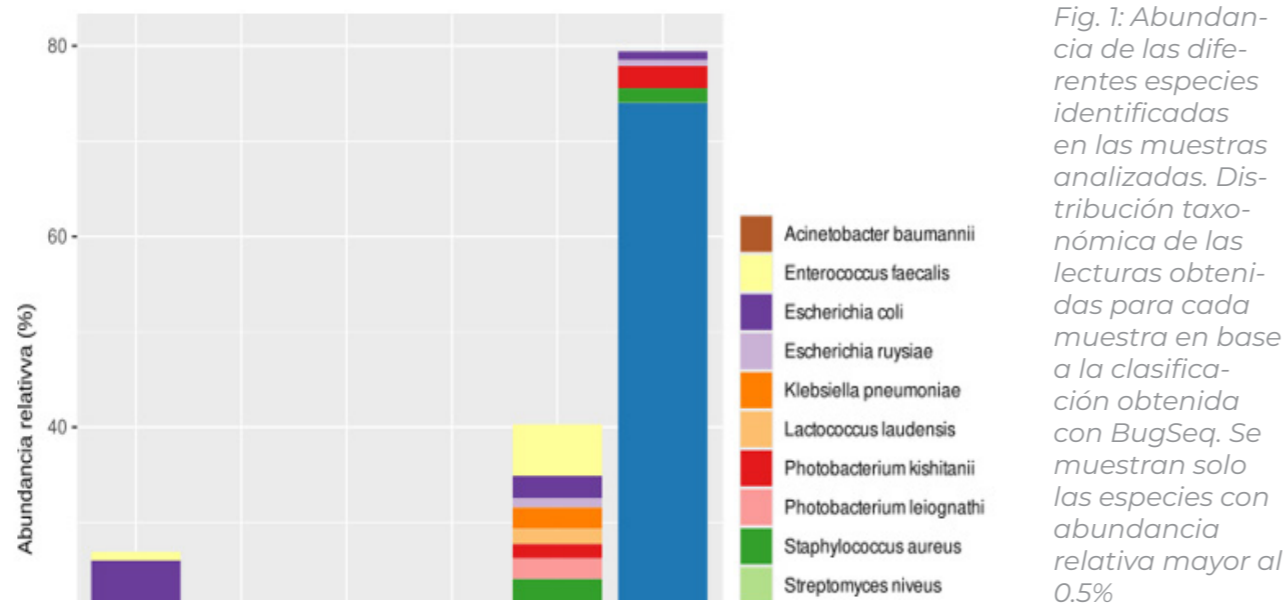


Fig. 1: Abundancia de las diferentes especies identificadas en las muestras analizadas. Distribución taxonómica de las lecturas obtenidas para cada muestra en base a la clasificación obtenida con BugSeq. Se muestran solo las especies con abundancia relativa mayor al 0.5%.

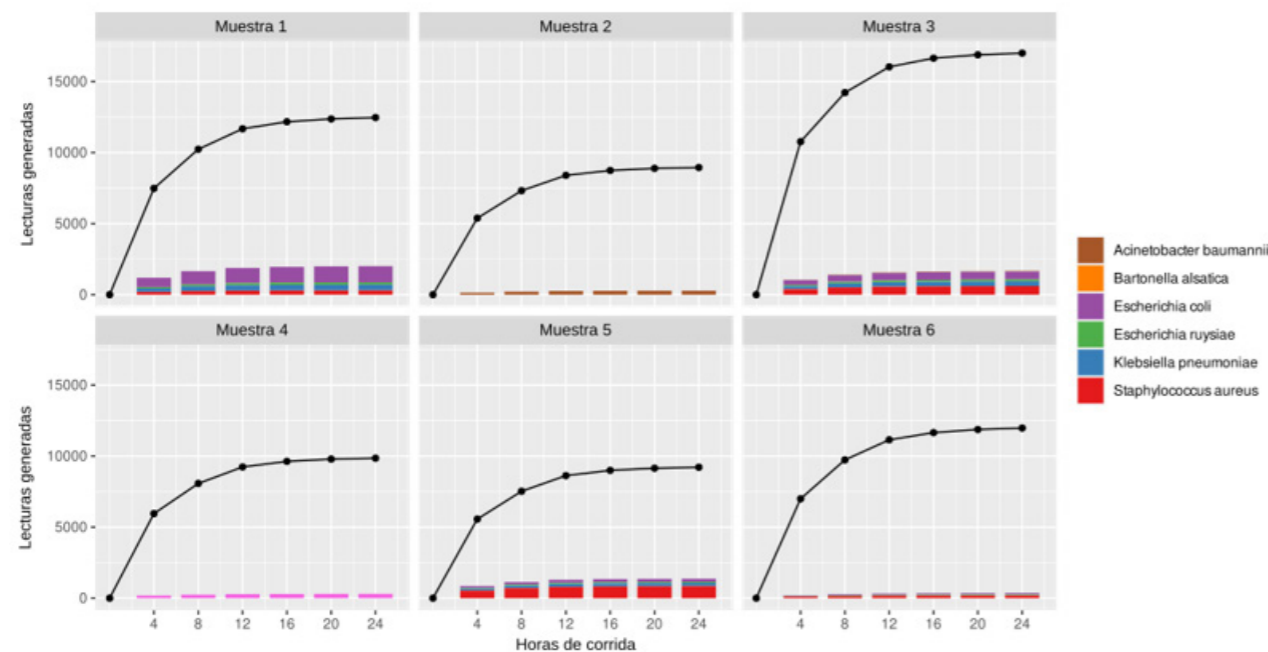


Fig. 2: Tiempos necesarios para la detección de microorganismos potencialmente patógenos. La línea negra representa el número total de lecturas generadas que no mapearon contra el genoma humano, mientras que las barras indican la abundancia de cada especie de interés en el tiempo indicado.

Finalmente, se evaluó el tiempo necesario para la detección de los microorganismos patógenos (Fig. 2). A partir de las 4 Hs. de secuenciación, se logró encontrar evidencia de todos los microorganismos patógenos presentes en una muestra. Si bien la corrida se realizó por 24 Hs., se observa que luego de 16 Hs. la generación de lecturas se reduce considerablemente y, consecuentemente, la obtención de lecturas de microorganismos de interés también disminuye.

Discusión y conclusiones:

Las infecciones respiratorias en pacientes con ARM representan un problema de gran importancia, dado el alto riesgo de muerte que conllevan. Es por ello que la identificación del agente causante de la infección y su caracterización fenotípica pueden dar información crítica para el tratamiento del paciente y su supervivencia. En este sentido, las tecnologías de secuenciación de nueva generación re-

presentan una alternativa de interés para reducir los tiempos necesarios para la rápida detección del agente etiológico.

En el presente trabajo se analizaron muestras de BAL de 6 pacientes con síntomas de neumonía. Para estudiar la comunidad microbiana en cada muestra, se realizó una corrida de secuenciación de ONT por 24 Hs. Si bien el número de lecturas obtenidas varió desde 45.751 hasta 134.071 lecturas, al menos un 70% de ellas correspondieron a ADN humano, por lo que una gran proporción de los datos generados fueron descartados. La dificultad de secuenciación metagenómica en este tipo de muestras ha sido reportada ampliamente en la bibliografía dado que las mismas pueden contener más de un 50% de ADN del hospedador. Esto implica una reducción significativa en la sensibilidad para la detección de microorganismos [2]. Por este motivo, se plantea para futuros trabajos, utilizar técnicas de extracción de ADN diferenciales (por ejemplo, lisis diferencial) para poder reducir la carga genética del huésped y de esta manera obtener mayor profundidad en el análisis de los genomas microbianos que se encuentran en baja proporción [7].

Actualmente, el laboratorio microbiológico se enfoca en técnicas de cultivo que demoran como mínimo 48 Hs. para identificar el patógeno [1]. En el caso de los pacientes con ARM, la identificación del agente infeccioso, también se ve dificultada debido a la falta de especificidad, principalmente causada por la contaminación de la muestra [2]. Asimismo, el tiempo asociado a la identificación del agente e incluso su resistencia a antibióticos tiene como consecuencia que, en la mayoría de los casos, se realice un tratamiento de amplio espectro para evitar una septicemia con riesgo de muerte del paciente [1]. Los resultados obtenidos en nuestro trabajo muestran que esos tiempos se podrían disminuir considerablemente. La clasificación taxonómica obtenida con BugSeq muestra que las lecturas generadas en las primeras 4 Hs.

de secuenciación contienen todos los microorganismos de interés presentes en cada muestra. Si bien la corrida total duró 24 Hs., no se detectaron nuevos organismos luego de las 4 Hs. Utilizando tecnologías de extracción de ADN automáticas, como Taco, y el protocolo de preparación de bibliotecas rápidas de ONT, estimamos que el tiempo total para la identificación de un organismo patógeno podría rondar las 8 hs desde la toma de la muestra, aunque tiempos de secuenciación más largos podrían aportar a su caracterización. Un hallazgo temprano del agente etiológico permite un ajuste antibiótico adecuado, dando mayores probabilidades de supervivencia al paciente evitando toxicidades y reduciendo fuertemente el gasto hospitalario. Asimismo, la desescalada terapéutica está directamente relacionada con la reducción de la resistencia antimicrobiana, un factor clave para proteger la eficacia futura de los antibióticos [9,10]. La secuenciación de muestras compuestas por una comunidad de microorganismos mediante metagenómica, se propone como una técnica de búsqueda de microorganismos sin un sesgo, es decir, sin una búsqueda dirigida. Esto genera, que además de los posibles agentes patógenos que se pudieran identificar, se detectarían todos los miembros de esa comunidad microbiana. Esta diferenciación entre microorganismos potencialmente patógenos de aquellos que pertenecen a la comunidad microbiana "sana" del tracto respiratorio es uno de los desafíos de este tipo de técnicas. Además, existe diversidad genética entre microorganismos pertenecientes a una misma especie que normalmente ocupan estos nichos, que pueden o no tener un potencial patogénico. En estos casos, es difícil de determinar la diferencia entre estos microorganismos mediante sólo una asignación taxonómica, y es por esto que la obtención de información genómica, podría ser crucial para diferenciarlas. Por ejemplo, mediante la detección de la presencia de factores de virulencia y adhesión, islas de patogenicidad y cualquier otro

tipo de contenido génico crucial para la expresión de la patogenicidad.

Los resultados presentados en este trabajo son exploratorios y tienen como objetivo evaluar la potencialidad de aplicar una técnica de NGS al laboratorio de diagnóstico bioquímico. En cinco de las seis muestras analizadas fue posible detectar mediante secuenciación metagenómica los mismos patógenos detectados mediante metodologías tradicionales y además se identificaron otros potenciales agentes patógenos no identificados mediante cultivos. Aun así, el número de lecturas obtenido es relativamente bajo, y por lo tanto no se pudo reconstruir el genoma de las bacterias obtenidas, lo que implica un paso fundamental para poder abordar esta diferenciación. El aumento de la profundidad de secuenciación es clave para poder obtener mejores resultados en estos análisis y en la identificación de genes de resistencia. Los resultados obtenidos en este trabajo, resultan alentadores y se propone continuar con este tipo de análisis, mejorando la metodología de extracción de ADN (por ejemplo, eliminando ADN del huésped) y aumentando la profundidad de secuenciación, lo que permitirá obtener más información genómica completa de los microorganismos, facilitando su identificación y caracterización. La metodología utilizada resulta prometedora para la identificación de microorganismos y de factores relacionados con la resistencia antimicrobiana, permitiendo acelerar los tiempos de diagnóstico y toma de decisiones clínicas.

Bibliografía

- 1. Alonso, C., Bartolomé, R., Domínguez, J., Matas, L. & Rabella, N. Procedimientos en Microbiología Clínica. Recomendaciones de la Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. (2007).
- 2. Kim, M. et al. Host DNA depletion on frozen human respiratory samples enables successful metagenomic sequencing for microbiome studies. *Commun Biol* 7, 1590 (2024).

- 3. Petersen, L. M., Martin, I. W., Moschetti, W. E., Kershaw, C. M. & Tsongalis, G. J. Third-Generation Sequencing in the Clinical Laboratory: Exploring the Advantages and Challenges of Nanopore Sequencing. *J Clin Microbiol* 58, e01315-19 (2019).
- 4. Zhang, L. L., Zhang, C. & Peng, J. P. Application of Nanopore Sequencing Technology in the Clinical Diagnosis of Infectious Diseases. *Biomedical and Environmental Sciences* 35, 381–392 (2022).
- 5. Liao, Y. et al. Applying nanopore sequencing in the etiological diagnosis of bloodstream infection. *Front. Microbiol.* 16, (2025).
- 6. Yonkus, J. A. et al. "Answers in hours": A prospective clinical study using nanopore sequencing for bile duct cultures. *Surgery* 171, 693–702 (2022).
- 7. Flandes Aldeyturriaga, J. El lavado broncoalveolar: un procedimiento sencillo que aporta mucha información. *Revista de Patología Respiratoria* 14, 41–42 (2011).
- 9. Tratamiento dirigido. Ajuste del tratamiento antibiótico. Desescalamiento <https://proantibioticos.com/uso-de-antibioticos-2/desescalamiento/>.
- 10. Rodríguez-Baño et al. Programas de optimización de uso de antimicrobianos (PROA) en hospitales españoles: documento de consenso GEIH-SEIMC, SEFH y SEMPSPH. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 30(1), 22-e1 (2012).
- 11. Fan, J., Huang, S. & Chorlton, S.D. BugSeq: a highly accurate cloud platform for long-read metagenomic analyses. *BMC Bioinformatics* 22, 160 (2021). <https://doi.org/10.1186/s12859-021-04089-5>.

Diabetes: Análisis del punto de corte a los 60 minutos en la prueba de tolerancia oral a la glucosa (PTOG)

Díaz, Stefania Leticia; Avila, Sofia Belen; Oneto, Adriana; Aranda, Claudio; Louzán, Silvia. TCba Laboratorio-LACba, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. stefaniadiazbq@gmail.com

Introducción

La diabetes mellitus (DM) es un trastorno metabólico crónico caracterizado por hiperglucemia persistente, resultante de una deficiencia en la secreción de insulina, una resistencia a su acción o una combinación de ambas. Este desequilibrio glucémico prolongado genera un entorno metabólico proinflamatorio y promueve el desarrollo de complicaciones microvasculares —como retinopatía, nefropatía y neuropatía— y macrovasculares, que incrementan el riesgo de enfermedad cardiovascular entre dos y cuatro veces (Zheng et al., 2018).

La prevalencia de la diabetes tipo 2 (DM2), que representa aproximadamente el 90% de los casos, ha alcanzado proporciones epidémicas. Según la Federación Internacional de Diabetes (FID), más de 537 millones de adultos viven actualmente con diabetes, y se proyecta que esta cifra alcanzará los 783 millones para 2045 (International Diabetes Federation, 2023). La creciente prevalencia se asocia con cambios en el estilo de vida, el envejecimiento poblacional y el incremento del sobrepeso y la obesidad.

A pesar del desarrollo de múltiples métodos diagnósticos, la prueba de tolerancia

oral a la glucosa (PTOG) de 75 g sigue siendo el estándar de oro para detectar alteraciones del metabolismo glucídico, particularmente la alteración de la tolerancia a la glucosa (ATG) y la diabetes mellitus. Sin embargo, se ha sugerido que la glucemia a los 60 minutos de la PTOG podría tener un valor predictivo superior para la detección temprana del riesgo metabólico. La FID propuso que una glucemia superior a 155 mg/dL a los 60 minutos predice un riesgo metabólico elevado con una sensibilidad del 75%, incluso antes de que se manifiesten alteraciones a los 120 minutos (Bergman et al., 2024).

En este contexto, la identificación de individuos con hiperglucemia temprana postcarga resulta de gran relevancia para el diagnóstico precoz, la intervención oportuna y la prevención de complicaciones crónicas asociadas a la diabetes.

Objetivo

Evaluar la utilidad del valor de corte a los 60 minutos como marcador de riesgo propuesto por la FID, comparado con los valores a los 120 minutos en la PTOG recomendado por ADA (Asociación Americana de Diabetes)

Materiales y Métodos

Se realizó un análisis retrospectivo de 431 pruebas de tolerancia oral a la glucosa (PTOG) con determinaciones a los 60 y 120 minutos en adultos mayores de 18 años, atendidos en TCba Laboratorio-LACba. Se excluyeron mujeres embarazadas y pacientes con diagnóstico previo de diabetes. Los individuos incluidos presentaron glucemias basales de hasta 125 mg/dL.

Se analizó un subgrupo de 235 pacientes con glucemia basal normal (<100 mg/dL). Las determinaciones de glucosa se realizaron mediante el método de glucosa hexoquinasa en el analizador Atellica™ CH (Siemens). La clasificación diagnóstica se realizó conforme a los criterios de la Asociación Americana de Diabetes (ADA, 2024): valores <140 mg/dL (normales), entre 140–199 mg/dL (ATG) y ≥200 mg/dL (diabetes).

Se compararon los resultados obtenidos con los criterios propuestos por la FID (glucemia ≥155 mg/dL a los 60 minutos como marcador de riesgo metabólico, y ≥209 mg/dL para DM). Los datos fueron analizados mediante la prueba Chi-cuadrado (χ²) para evaluar diferencias de proporciones, considerando significativos los valores de p < 0.05.

Resultados

En el grupo total (n=431), 219 pacientes (51%) presentaron glucemias >155 mg/dL a los 60 minutos. En 71 casos (32%), las glucemias a los 120 minutos no alcanzaron el valor diagnóstico para diabetes según ADA; sin embargo, a los 60 minutos sí superaron el punto de corte establecido por la FID. Los 18 pacientes (4%) que presentaron valores compatibles con diabetes a los 120 minutos también mostraron niveles elevados a los 60 minutos. (Ver tabla 1 y gráfico 1)

En el subgrupo con glucemia basal normal (n=235), el 31% de los individuos presentó picos de glucosa significativos (>155 mg/dL) a los 60 minutos post car-

ga, pese a valores normales a los 120 minutos. Este hallazgo sugiere la presencia de una disfunción metabólica temprana no detectable con los parámetros tradicionales. (Ver tabla 2 y gráfico 2)

El análisis comparativo de las clasificaciones según ADA y FID mostró diferencias significativas (p < 0.05) en todos los grupos, lo que respalda la sensibilidad del criterio a los 60 minutos para identificar estados intermedios de riesgo glucémico.

Discusión

Los resultados de este estudio evidencian la relevancia de la medición intermedia a los 60 minutos en la PTOG como marcador temprano de riesgo glucémico. La aparición de picos de glucosa en esta etapa se asocia con una disminución temprana de la sensibilidad a la insulina y un retraso en la secreción de insulina de primera fase, fenómenos reconocidos como predictores de progresión hacia la diabetes tipo 2 (Jagannathan et al., 2020).

Diversos estudios internacionales han corroborado que el punto de corte de 155 mg/dL a los 60 minutos identifica a individuos con riesgo de desarrollar diabetes, síndrome metabólico y enfermedad cardiovascular, incluso cuando las mediciones a los 120 minutos permanecen dentro del rango normal. En poblaciones latinoamericanas, estos hallazgos adquieren especial relevancia debido a la alta prevalencia de obesidad central y resistencia insulínica, factores que contribuyen a un perfil metabólico más adverso (Carrillo-Larco et al., 2019).

A pesar de las fortalezas metodológicas, como el tamaño muestral adecuado y la estandarización analítica, el diseño retrospectivo y la falta de seguimiento longitudinal limitan la posibilidad de establecer asociaciones causales. Sin embargo, la evidencia obtenida refuerza la utilidad clínica de incorporar la glucemia a los 60 minutos en la rutina diagnóstica de laboratorio.

Conclusión

Los hallazgos obtenidos demuestran que los valores patológicos a los 120 minutos se manifiestan previamente a los 60 minutos, lo que confirma el valor predictivo del punto de corte propuesto por la FID. Casi la mitad de los adultos evaluados presentaron glucemias >155 mg/dL a los 60 minutos, incluso con valores normales a los 120 minutos.

Por lo tanto, la incorporación de la medición intermedia en la PTOG podría optimizar la detección precoz de individuos con riesgo metabólico, permitiendo intervenciones preventivas oportunas y una reducción potencial en la incidencia futura de diabetes mellitus tipo 2.

Referencias

- American Diabetes Association. (2024). Standards of Medical Care in Diabetes—2024. *Diabetes Care*, 47(Suppl. 1), S1–S194. <https://doi.org/10.2337/dc24-S001>
- Bergman, M., Manco, M., Satman, I., Chan, J., Schmidt, M. I., Sesti, G., Fiorentino, T. V., Abdul-Ghani, M., Jagannathan, R., Aravindakshan, P. K. T., Gabriel, R., Mohan, V., Buysschaert, M., Bennakhi, A., Kengne, A. P., Dorcely, B., Nilsson, P. M., Tuomi, T., Battelino, T., & Tuomilehto, J.

(2024). International Diabetes Federation Position Statement on the 1-hour post-load plasma glucose for the diagnosis of intermediate hyperglycaemia and type 2 diabetes. *Diabetes Research and Clinical Practice*, 209, 110123. <https://doi.org/10.1016/j.diabres.2024.110123>.

3. Carrillo-Larco, R. M., et al. (2019). The risk of mortality among people with type 2 diabetes in Latin America: A systematic review and meta-analysis of population-based cohort studies. *Diabetes Research and Clinical Practice*, 150, 30–37. <https://doi.org/10.1016/j.diabres.2019.02.005>.

4. International Diabetes Federation. (2023). *IDF Diabetes Atlas (10th ed.)*. Brussels, Belgium: International Diabetes Federation. <https://diabetesatlas.org>.

5. Jagannathan, R., Bergman, M., & Narayan, K. M. V. (2020). Why we should care about the 1-hour plasma glucose value in oral glucose tolerance testing. *Diabetes Care*, 43(8), 1831–1835. <https://doi.org/10.2337/dci20-0010>.

6. Zheng, Y., Ley, S. H., & Hu, F. B. (2018). Etiology and epidemiology of type 2 diabetes mellitus and its complications. *Nature Reviews Endocrinology*, 14(2), 88–98. <https://doi.org/10.1038/nrendo.2017.15>.

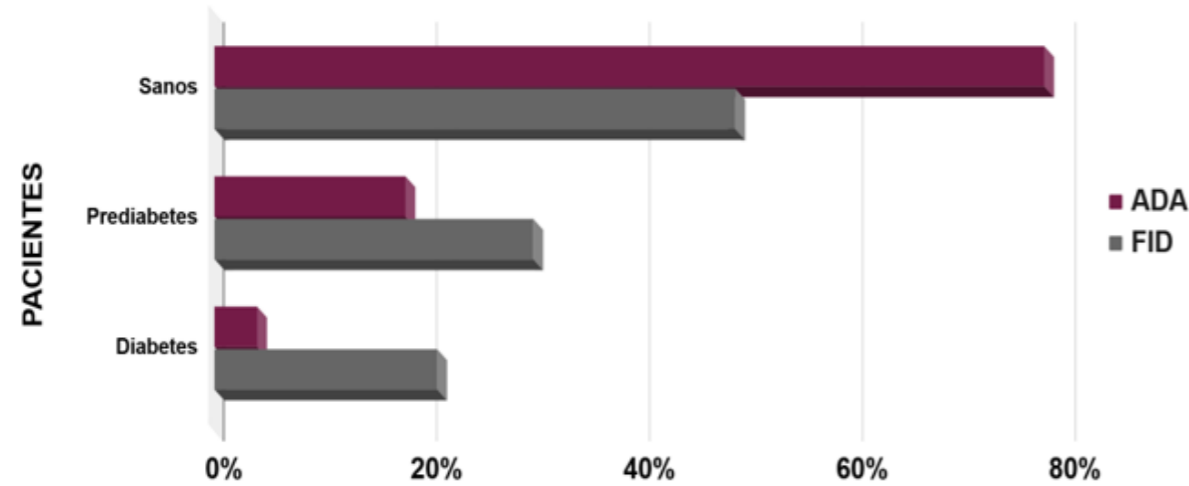
Anexo de figuras:

ADA \ FID	Glucemias < 155 mg/dL	Glucemias 155-208 mg/dL	Glucemias ≥209 mg/dL	TOTAL
Glucemias < 140 mg/dL	206	99	30	335 (78%)
Glucemias 140- 199 mg/dL	6	31	41	78 (18%)
Glucemias ≥ 200 mg/dL	0	0	18	18 (4%)
TOTAL	212 (49%)	130 (30%)	89 (21%)	431 (100%)

Tabla 1. PTOG agrupadas según los valores de glucemia a los 120 y a los 60 minutos (grupo total)

Gráfico 1: Comparación entre ADA Y FID en porcentajes.

COMPARACIÓN EN PORCENTAJES ENTRE AMBOS CRITERIOS



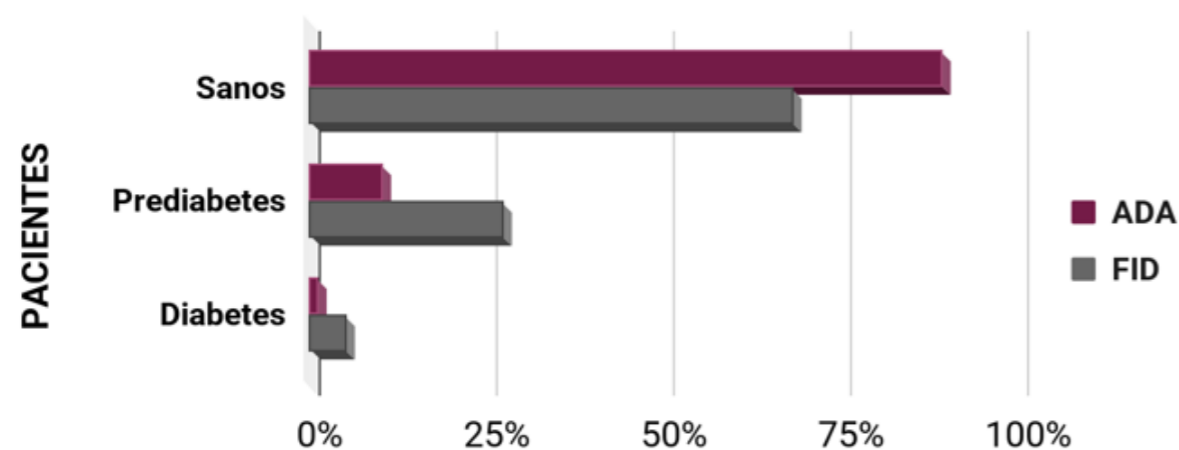
Se observan diferencias significativas con un $p < 0.05$ para cada tipo de paciente entre ambos criterios.

Tabla 2. PTOG agrupadas según los valores de glucemia a los 120 y a los 60 minutos (subgrupo)

ADA \ FID	Glucemias < 155 mg/dL	Glucemias 155-208 mg/dL	Glucemias ≥ 209 mg/dL	TOTAL
Glucemias < 140 mg/dL	160	46	3	209 (89%)
Glucemias 140- 199 mg/dL	1	17	5	23 (10%)
Glucemias ≥ 200 mg/dL	0	0	3	3 (1%)
TOTAL	161 (68%)	63 (27%)	11 (5%)	235 (100%)

Gráfico 2: Comparación entre ADA Y FID en porcentajes en porcentajes (subgrupo).

COMPARACIÓN EN PORCENTAJES ENTRE AMBOS CRITERIOS



Se observan diferencias significativas con un $p < 0.05$ para cada tipo de paciente entre ambos criterios.

Un modelo Integrado para la predicción avanzada del riesgo cardiovascular en la población argentina

Milagros Trotta^{1*}, Bianca Brun^{2*}, Gina Compagnucci^{3*}, Anabella Trigila^{4*}, Cristian Rohr^{5*}, Anibal Gentiletti^{6*}, Martín Vazquez^{7*}

¹Cibic Laboratorios / Heritas Medicina de Precisión, Rosario, 2000, Santa Fe, Argentina.

²Hospital Italiano Garibaldi, Rosario, 2000, Santa Fe, Argentina

³milagros.trotta @heritas.com.ar

La Enfermedad Arterial Coronaria (EAC) es una de las principales causas de muerte a nivel mundial. Su riesgo está determinado por la compleja interacción entre la predisposición genética y factores de estilo de vida. En este contexto, el Score de Riesgo Poligénico (PRS) ha emergido como herramienta para estimar la carga genética de un individuo para enfermedades complejas como la EAC. Sin embargo, la mayoría de los modelos de PRS han sido desarrollados en poblaciones de ascendencia europea, lo que limita su precisión en grupos más diversos, como la población de Argentina. Por lo tanto, el objetivo inicial de nuestro trabajo fue validar un PRS establecido para la EAC en una cohorte local. En segunda instancia, nuestro objetivo fue ir más allá del componente genético para desarrollar una herramienta de riesgo integrada, multifactorial y fácilmente interpretable que combine el PRS con factores de riesgo clínicos y de estilo de vida.

Inicialmente, realizamos un estudio transversal con 150 individuos de Rosario, Argentina, y calculamos el PRS a partir de la secuenciación completa de genoma de baja profundidad. Para la se-

gunda fase, diseñamos un modelo multifactorial, seleccionando un conjunto de variables clínicas y de estilo de vida estandarizadas utilizando modelos de inteligencia artificial entrenados.

Los resultados del estudio de validación inicial mostraron una diferencia estadísticamente significativa en las puntuaciones de PRS entre los casos y los controles ($p=0.000288$), con un aumento de 2 a 2.5 veces en las probabilidades de tener EAC para los individuos en el decil más alto de riesgo genético. El modelo genético demostró una precisión predictiva robusta (AUC = 0.767), confirmando su utilidad en la población local. La simulación de la herramienta integrada demostró que el modelo combinado puede mejorar significativamente el poder predictivo (AUC = 0.85) en comparación con los modelos unifactoriales.

En conclusión, estos hallazgos establecen que el PRS es una herramienta válida y útil para identificar individuos con alto riesgo genético de EAC en la población argentina. Además, la integración de esta herramienta genética con datos clínicos y de estilo de vida mejora la precisión y

la utilidad clínica del modelo predictivo. La herramienta de riesgo integrada tiene el potencial de guiar decisiones médicas más informadas y personalizadas. La aplicabilidad de este trabajo se extiende a la posibilidad de una validación a gran escala, en colaboración con el sistema de salud argentino, lo que podría transformar la investigación en una herramienta de salud pública para la prevención de la EAC en todo el país.

Introducción

La enfermedad arterial coronaria (EAC) representa una carga significativa para la salud global, y continúa siendo la principal causa de morbilidad y mortalidad a nivel mundial (Khan et al., 2020). Esta enfermedad compleja surge de la interacción entre factores ambientales, elecciones de estilo de vida y un componente genético sustancial, que se estima explica entre el 40 y el 60 % del riesgo individual (Won et al., 2015). Si bien los factores de riesgo tradicionales son ampliamente conocidos, no logran capturar de manera completa la predisposición individual a la enfermedad. En este contexto, los métodos de predicción basados en información genómica podrían permitir la identificación temprana de individuos en riesgo, generando una ventana de oportunidad para intervenciones preventivas.

Los estudios de asociación del genoma completo (GWAS) son comúnmente utilizados para identificar variantes genómicas que estén estadísticamente asociadas con un riesgo de enfermedad o un rasgo específico (Uffelmann et al., 2021). Este método involucra la comparación del genoma de cientos o miles de individuos con el fin de identificar polimorfismos de nucleótidos únicos (SNPs) que sean más frecuentes en personas con una enfermedad o rasgo específico en comparación con aquellos que no lo tienen (Klarin D & Natarajan P, 2021). Los puntajes de riesgo poligénico (PRS) han surgido a partir de estudios de asociación del genoma completo (GWAS) a

gran escala como una herramienta para cuantificar el efecto acumulativo de miles de variantes genéticas comunes sobre el riesgo de desarrollar una enfermedad. Aunque estas variantes por sí solas no causarían la enfermedad, el conjunto de efectos de todas las variantes acumuladas en el genoma sí lo hace. Además, no todas las variantes tienen el mismo peso estadístico en la influencia del riesgo (Collister et al., 2022). En los últimos 15 años, se ha confirmado mediante varios GWAS las bases poligénicas de enfermedades cardiometabólicas como las enfermedades de las arterias coronarias, diabetes tipo II, fibrilación auricular y enfermedad tromboembólica venosa (O'Sullivan et al., 2022). Esto ha tenido un impacto directo en el número de PRS disponibles.

Para la EAC, se han identificado millones de variantes genéticas comunes asociadas y, a partir de ellas, se han desarrollado varios PRS en diferentes poblaciones. Estos scores no solo se utilizan para estratificar a los pacientes, sino que también tienen un amplio potencial en la investigación clínica. Se ha comprobado que personas con un alto valor de PRS para EAC pueden tener un riesgo igual o mayor de desarrollar EAC que pacientes con mutaciones puntuales en los genes asociados a la hipercolesterolemia familiar (Khera et al., 2018).

Un ejemplo de ello es el MetaGRS (GRS de Genomic Risk Score), desarrollado por Inouye y sus colaboradores (Inouye et al., 2018), que evalúa 1.700.000 SNPs y ha sido validado en más de 480.000 individuos del UK Biobank, demostrando un poder predictivo que puede superar al de factores de riesgo clínicos individuales. Estos puntajes permiten la estratificación de los individuos en diferentes categorías de riesgo según su composición genética única, llegando en algunos casos a identificar niveles de riesgo comparables a los asociados con mutaciones raras de un solo gen. Más tarde, los mismos investigadores evaluaron la capacidad predictiva de ciertos facto-

res de riesgo clínicos (tabaquismo actual, diabetes, hipertensión, IMC (índice de masa corporal), niveles de colesterol y antecedentes familiares), MetaGRS y una combinación de ambos. Se demostró que el mejor rendimiento se logra al combinar MetaGRS con los factores clínicos y que MetaGRS por sí solo da mejores resultados que el análisis de los factores de riesgo individualmente (Inouye et al., 2018).

Sin embargo, la precisión predictiva de un PRS puede verse reducida cuando se aplica a poblaciones con ancestría diferente de aquellos en los que fue desarrollado. La población argentina se caracteriza por una mezcla reconocida de ancestrías europeas, amerindias y africanas, aunque continúa estando subrepresentada en los principales estudios genómicos. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue realizar una validación clínica del metaGRS para EAC específicamente en una cohorte local argentina, con el fin de evaluar su efectividad y respaldar su implementación como herramienta preventiva en nuestra población.

Materiales y Métodos

Se diseñó un estudio de corte transversal en el que se incluyeron 150 participantes distribuidos en dos grupos, conformados por pacientes con EAC (grupo casos) y sujetos sin presencia de EAC (grupo controles). En ambos grupos se incluyeron individuos de entre 30 y 70 años, con ancestría europea, americana, amerindia o latina. El grupo de casos estuvo constituido por pacientes con diagnóstico clínico confirmado de enfermedad arterial coronaria, definido por la presencia de infarto agudo de miocardio no fatal, cirugía de revascularización miocárdica o angioplastia coronaria transluminal percutánea. El grupo control estuvo integrado por individuos sin diagnóstico de enfermedad arterial coronaria ni antecedentes de factores de riesgo cardiovascular mayores, incluyendo ausencia de tabaquismo actual o previo, índice de masa corporal inferior

a 30 kg/m², ausencia de diagnóstico de diabetes mellitus, ausencia de hipertensión arterial definida como presión sistólica menor a 140 mmHg y presión diastólica menor a 90 mmHg, niveles de colesterol total inferiores a 200 mg/dl y ausencia de antecedentes familiares de enfermedad coronaria de primer grado. Se consideró antecedente familiar positivo la documentación de enfermedad coronaria clínica o muerte súbita en un familiar de primer grado menor de 55 años en hombres o menor de 65 años en mujeres. Fueron excluidos del estudio todos aquellos individuos que, aun cumpliendo con los criterios de inclusión, no pudieron otorgar su consentimiento informado debido a discapacidad mental, psíquica o física. El protocolo del estudio fue evaluado y aprobado por el Comité de Ética del Hospital Italiano Garibaldi el 15 de junio de 2022, y la participación fue completamente voluntaria. El proceso de consentimiento informado fue debidamente certificado y el estudio se llevó a cabo de conformidad con la normativa nacional e internacional vigente, incluyendo la Declaración de Helsinki de la Asociación Médica Mundial y las Normas de Buenas Prácticas Clínicas ICH E6.

El ADN analizado se obtuvo a partir de muestras de saliva, recolectadas en tubos Oragene DNA Saliva Collections. La preparación de bibliotecas genómicas se realizó siguiendo el protocolo Illumina DNA Prep Reference Guide (Illumina, 2020a) y se utilizó el kit de ensayo Quant-iT™ PicoGreen® dsDNA (Invitrogen) para realizar la cuantificación fluorimétrica de las muestras de ADN. El proceso de secuenciación se llevó a cabo siguiendo la guía NextSeq 500 System guide de Illumina (Illumina, 2019) y fue procesado mediante secuenciación de baja profundidad, con posterior imputación utilizando el panel de referencia 1000 Genomas.

Para el cálculo del PRS se seleccionó el PRS metaGRS ID PGS000018 en la base de datos de PGS Score, el cual evalúa más de 1.700.000 SNPs para CAD (Inouye

et al., 2018). El PRS se calculó para cada individuo siguiendo la especificación del trabajo original, utilizando el software R (Versión 4.2.2) (R Project for Statistical Computing, Vienna, Austria).

Para la estandarización de los valores de PRS se calculó la media y la desviación estándar de los valores de PRS del grupo controles. A todos los valores de PRS de casos y controles, se les restó la media y se dividió por la desviación estándar de los controles para obtener el z-score para cada individuo. De esta manera, los valores de PRS normalizados de los controles tienen una distribución normal con una media de cero y una desviación estándar

de uno. Con el objetivo de combinar riesgo genético, clínico y de estilo de vida, se construyó un modelo integrado multifactorial siguiendo un esquema multiplicativo basado en regresión logística para estimar riesgo basal clínico-comportamental, seguido de la aplicación de un factor multiplicador correspondiente al PRS. Las variables incluidas correspondieron a colesterol LDL, presión sistólica, diabetes, índice de masa corporal, tabaquismo, ejercicio físico y calidad de dieta. La probabilidad resultante se transformó mediante función sigmoidea y posteriormente, el riesgo genético relativo, representado por el decil de PRS, se aplicó como multiplicador.

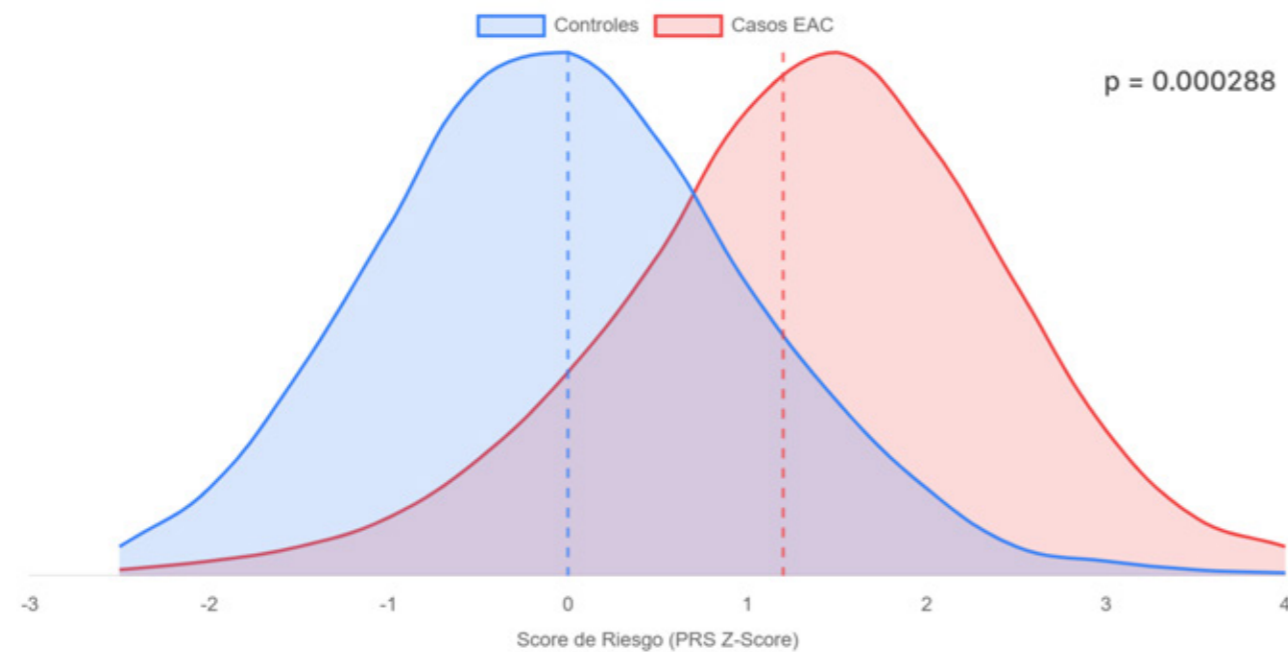


Figura 1. Gráfico de densidad del Z-score del PRS para enfermedad arterial coronaria (EAC) según grupo. El grupo de casos (rojo) presenta una mayor concentración de individuos con valores más altos de Z-score del PRS en comparación con el grupo control (azul) ($p = 0.000288$).

de uno. Se emplearon los paquetes clásicos ggplot2 (<https://ggplot2.tidyverse.org>) y rstatix (<https://CRAN.R-project.org/package=rstatix>) para realizar el resumen estadístico descriptivo y los gráficos necesarios en el análisis. Se aplicó la función t.test() del paquete ggpubr (<https://CRAN.Rproject.org/package=ggpubr>) para realizar la prueba T, con el objetivo de determinar si existe una diferencia estadísticamente significativa entre las medias de ambos grupos.

Resultados

La distribución del Score de Riesgo Poligénico (PRS) para Enfermedad Arterial Coronaria mostró diferencias significativas entre los individuos con diagnóstico de EAC (casos) y los individuos sanos (controles). Tal como se observa en la Figura 1, el análisis de densidad del PRS, expresado como Z-score, evidenció un desplazamiento de la distribución de los casos

hacia valores más altos en comparación con los controles. La media del PRS fue significativamente mayor en el grupo de casos, diferencia que resultó estadísticamente significativa ($p = 0.000288$), confirmando la asociación entre una mayor carga genética poligénica y la presencia de EAC en esta cohorte.

El análisis estratificado por deciles del PRS reforzó este hallazgo. En la Figura 2 se presenta la distribución proporcional de casos y controles a lo largo de los deciles del PRS. Se observó un incremento progresivo en la proporción de individuos con EAC a medida que aumentaba el decil de riesgo genético. Mientras que los deciles inferiores se encontraron dominados por individuos del grupo control, los deciles superiores, particularmente el décimo decil, mostraron una clara sobre-representación de casos. En el decil más alto de PRS, el número de casos superó ampliamente al de controles, lo que es consistente con un aumento de 2 veces el riesgo relativo de EAC en

El análisis estratificado por deciles del PRS reforzó este hallazgo. En la Figura 2 se presenta la distribución proporcional de casos y controles a lo largo de los de-

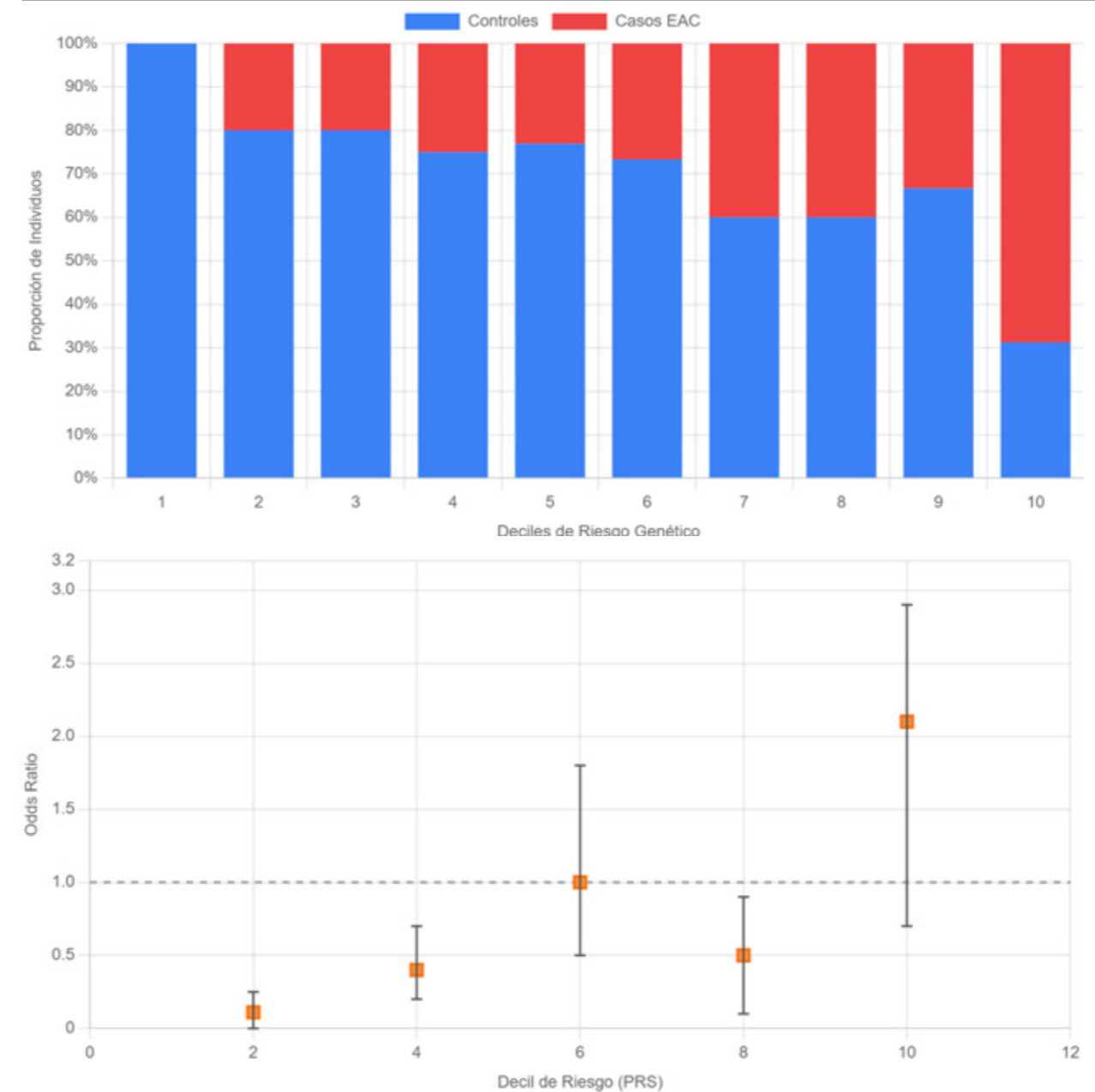


Figura 2. (A) Distribución proporcional de individuos con enfermedad arterial coronaria (EAC) y controles a lo largo de los deciles de riesgo genético definidos por el score de riesgo poligénico (PRS). (B) Ratio de odds (OR) para EAC según deciles del PRS, utilizando el sexto decil como categoría de referencia ($OR = 1$). Los puntos representan las estimaciones puntuales del OR y las barras verticales los intervalos de confianza.

individuos ubicados en el percentil superiores de riesgo genético en comparación con la media de la población (Figura 2B). Este patrón apoya la capacidad del PRS para estratificar a la población en categorías de riesgo clínicamente relevantes.

Luego, se evaluó la capacidad predictiva del modelo mediante el análisis de la curva característica operativa del receptor (ROC), que permitió cuantificar su habilidad para discriminar entre individuos con y sin EAC. Tal como se muestra en la Figura 3, el modelo alcanzó un área bajo la curva (AUC) de 0.767, lo que indica una capacidad discriminativa moderada a alta. Este valor refleja un desempeño sustancialmente superior al

esperado por azar, representado por la línea de referencia, y confirma la utilidad del modelo para la clasificación correcta de casos y controles en la cohorte analizada. La curva ROC evidenció un equilibrio adecuado entre sensibilidad y especificidad a distintos puntos de corte, con una precisión global cercana al 77%, lo que sugiere que el modelo identifica de manera consistente a individuos con EAC manteniendo una tasa aceptable de falsos positivos. En conjunto, estos resultados respaldan la robustez del modelo predictivo y confirman su potencial aplicación como herramienta de estratificación de riesgo en el contexto clínico y preventivo.

Adicionalmente, se evaluó la distribu-

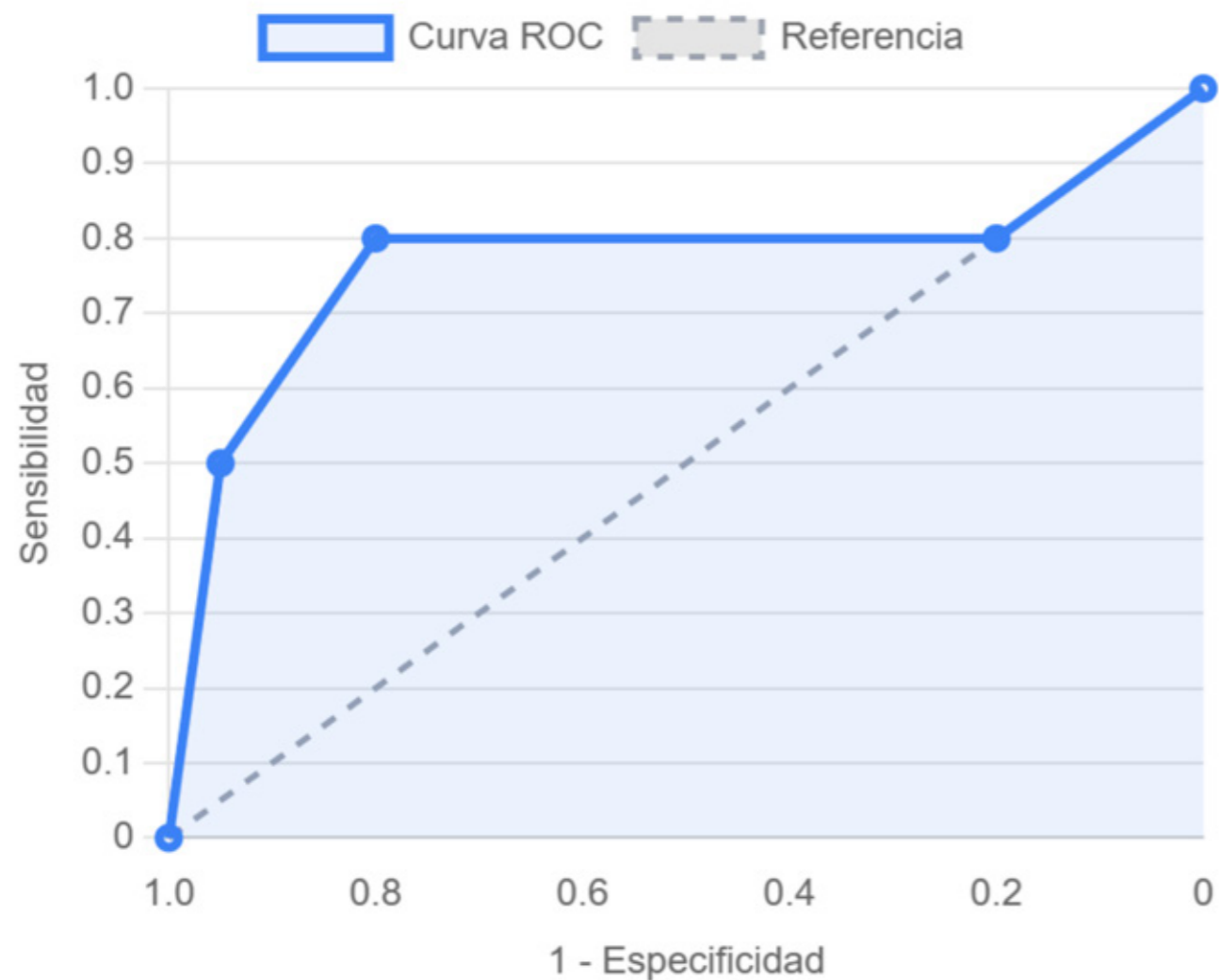


Figura 3. Curva característica operativa del receptor (ROC) del modelo predictivo para enfermedad arterial coronaria (EAC). La curva representa la relación entre sensibilidad y 1-especificidad para distintos puntos de corte del modelo, mostrando un área bajo la curva (AUC) de 0.767

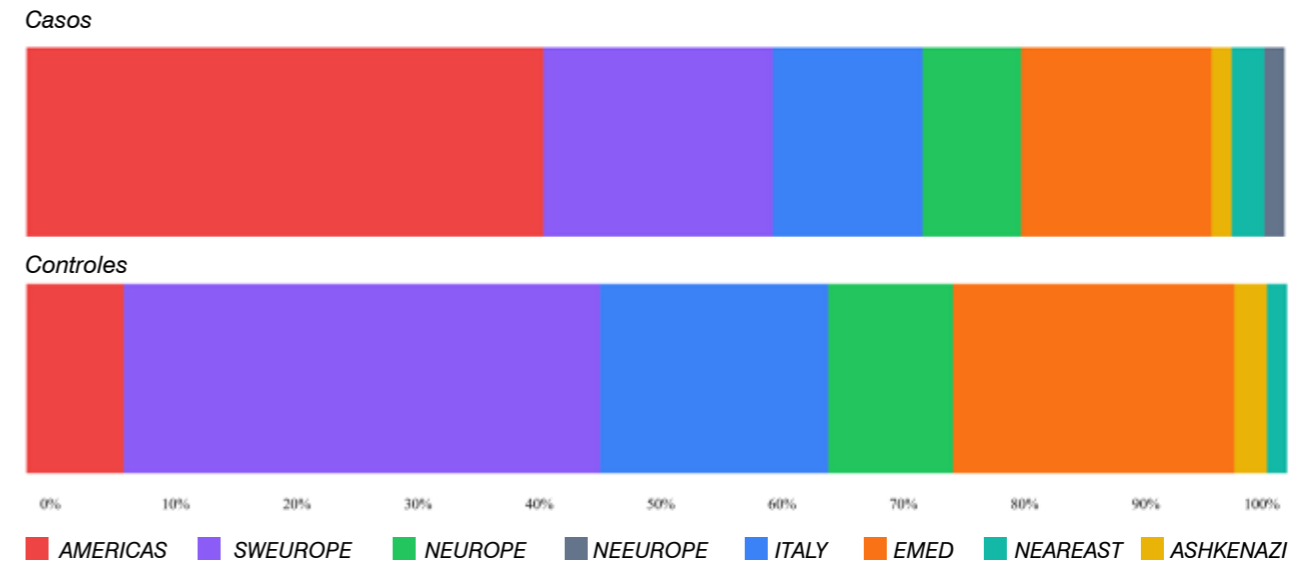


Figura 4. Distribución proporcional de los principales componentes de ascendencia genética en los grupos de casos con enfermedad arterial coronaria (EAC) y controles. Las barras apiladas representan la proporción relativa de cada componente ancestral estimado mediante análisis de ascendencia. Los componentes incluyen: AMERICAS (rojo), que agrupa ancestros nativos americanos; SWEUROPE (violeta), correspondiente a Europa suroccidental; NEUROPE (verde), que representa Europa noroccidental; NEEUROPE, correspondiente a Europa oriental (gris); ITALY (azul), asociado a poblaciones del sur de Europa con predominio italiano; EMED (naranja), que representa el Mediterráneo oriental; NEAREAST (verde azulado), correspondiente a poblaciones de Oriente Cercano; y ASHKENAZI (amarillo), asociado a poblaciones judías asquenazíes. Las proporciones se expresan como porcentaje del total de ascendencia estimada para cada individuo y se comparan entre ambos grupos.

ción de los principales componentes de ascendencia genética entre los grupos de casos y controles (Figura 4). El análisis reveló diferencias en la composición ancestral entre ambos grupos, observándose una mayor proporción de ascendencia americana en el grupo de casos, mientras que los controles presentaron una mayor contribución de componentes europeos, particularmente del sur y suroeste de Europa. Estos resultados reflejan la naturaleza heterogénea de la población estudiada y subrayan la importancia de realizar validaciones locales de los PRS en poblaciones con heterogeneidad genética, ya que la ascendencia puede influir tanto en la distribución del PRS como en su desempeño predictivo.

Con el objetivo de evaluar si la integración del riesgo genético con variables clínicas y de estilo de vida mejora la capacidad predictiva para EAC, se desarrolló y aplicó un modelo de riesgo multifactorial que combina un puntaje clínico basal con un factor multiplicador derivado del PRS. El modelo de ries-

go integrado combinó el riesgo clínico basal con el PRS mediante un enfoque multiplicativo, permitiendo estimar un riesgo personalizado de Enfermedad Arterial Coronaria que integra factores genéticos y no genéticos. En este modelo, el riesgo clínico fue calculado mediante regresión logística utilizando variables demográficas, clínicas y de estilo de vida (Tabla 1), mientras que el PRS fue incorporado como un factor multiplicador del riesgo clínico estimado. La aplicación de este enfoque mostró una mejora sustancial en la capacidad predictiva del modelo en comparación con el PRS aislado. En la simulación del modelo integrado, se observó un aumento del área bajo la curva (AUC) de 0.85, reflejando una discriminación superior entre individuos con y sin EAC que el PRS por sí solo (0.767). Asimismo, la incorporación del componente genético permitió una reclasificación más precisa de los individuos, particularmente dentro del grupo de riesgo intermedio, evidenciada por un índice de reclasificación neta (NRI) positivo. Estos resultados indican que el

PRS aporta información independiente y complementaria a los factores clínicos tradicionales, refinando la estimación del riesgo y fortaleciendo la utilidad clínica del modelo integrado.

Discusión

En el presente estudio se evaluó la capacidad de un Score de Riesgo Poligénico (PRS) para discriminar riesgo de EAC a en una cohorte argentina. Los resultados obtenidos muestran una diferencia significativa en la distribución del PRS entre individuos con EAC y controles, así como un claro gradiente de riesgo a lo largo de los deciles genéticos, con un incremento aproximado de dos veces en el riesgo relativo para los individuos ubicados en el decil superior. Estos hallazgos concuerdan con lo reportado por Inouye et al., quienes demostraron que el PRS permite identificar individuos con riesgo sustancialmente elevado de EAC incluso en ausencia de factores clínicos tradicionales, destacando su potencial utilidad en estrategias de prevención primaria.

La capacidad discriminativa observada en nuestro modelo, con un AUC de 0.767, se encuentra dentro del rango reportado en estudios previos realizados en grandes cohortes poblacionales. En el trabajo original de Inouye et al., el modelo genómico alcanzó valores de AUC cercanos a 0.79 en la cohorte del UK Biobank, lo que sugiere que, pese a las diferencias poblacionales y al tamaño muestral reducido del presente estudio, el desempeño del PRS se mantiene robusto. Este resultado es particularmente relevante dado que la mayor parte de los PRS disponibles han sido desarrollados y validados en poblaciones predominantemente europeas, mientras que la población argentina presenta una mezcla compleja de ancestrías. Estudios metodológicos recientes subrayan la importancia de validar localmente los PRS para evitar sesgos y garantizar su aplicabilidad clínica en poblaciones no europeas.

El análisis estratificado por deciles del PRS refuerza su utilidad clínica potencial al demostrar una progresiva concentra-

ción de casos de EAC en los percentiles superiores de riesgo genético. Este patrón de estratificación es consistente con los hallazgos de Khera et al., quienes mostraron que los individuos con PRS elevados pueden presentar un riesgo equiparable al de mutaciones monogénicas de alto impacto. Desde una perspectiva clínica, esta capacidad de estratificación resulta particularmente valiosa para identificar individuos con riesgo elevado que podrían beneficiarse de intervenciones preventivas tempranas, aun en ausencia de manifestaciones clínicas o factores de riesgo convencionales.

Asimismo, la evaluación de la composición de ancestría genética reveló diferencias entre los grupos de casos y controles, reflejando la naturaleza heterogénea de la cohorte estudiada. La mayor proporción de ancestría americana observada en el grupo de casos, frente a una mayor contribución europea en los controles, subraya la necesidad de considerar el contexto poblacional al interpretar los PRS. Estudios metodológicos en genética poblacional y GWAS han señalado que la ancestría puede influir tanto en la distribución de variantes genéticas como en la transferencia de los modelos de riesgo, lo que refuerza la importancia de este tipo de validaciones locales para avanzar hacia una implementación equitativa de la medicina genómica (Morales et al., 2018).

La incorporación de un modelo de riesgo integrado que combina el PRS con variables clínicas y de estilo de vida representa un avance sustantivo respecto de los enfoques tradicionales de predicción del riesgo cardiovascular. En el presente estudio, la aplicación de este modelo permitió mejorar la capacidad discriminativa observada con el PRS aislado, así como refinar la estratificación de riesgo, especialmente en individuos ubicados en categorías intermedias. El enfoque multiplicativo empleado, en el que el PRS actúa como un modulador del riesgo clínico basal, permite capturar la contribución independiente y complementaria del riesgo genético heredado y de

Variable	Tipo de variable	Rango / Categorías	Coefficiente o factor aplicado	Interpretación clínica
Edad	Continua	40-79 años	$\beta = 0.075$ por año	Incremento progresivo del riesgo con la edad
Sexo	Binaria	Masculino / Femenino	$\beta = 0.50$ (hombre)	Mayor riesgo relativo en hombres
Colesterol LDL	Continua	70-190 mg/dL	$\beta = 0.015$ por mg/dL	Aumento del riesgo con LDL elevado
Presión arterial sistólica	Continua	110-180 mmHg	$\beta = 0.020$ por mmHg	Riesgo creciente con aumento de la presión
Diabetes mellitus	Binaria	Sí / No	$\beta = 0.90$	Riesgo aproximadamente 2.5 veces mayor en individuos con diabetes
Tabaquismo	Binaria	Sí / No	$\beta = 0.70$	Incremento significativo del riesgo asociado al consumo de tabaco
Índice de masa corporal (IMC)	Continua	15-45 kg/m ²	$\beta = 0.04$ por unidad	Incremento gradual del riesgo con mayor adiposidad
Actividad física	Ordinal	0-3 (sedentario a alto)	$\beta = -0.25$ por nivel	Efecto protector asociado a mayor actividad física
Calidad de la dieta	Ordinal	1-5 (muy pobre a óptima)	$\beta = -0.15$ por nivel	Reducción progresiva del riesgo con mejor calidad dietaria
Score de Riesgo Poligénico (PRS)	Ordinal (deciles)	Deciles 1-10	Factor multiplicador 0.5 - 2.5	El decil superior duplica o triplica el riesgo clínico basal

Tabla 1. Variables incluidas en el modelo de riesgo integrado y factores multiplicadores

los factores modificables, ofreciendo una estimación de riesgo más completa y clínicamente relevante.

Estos hallazgos se alinean con la evidencia previa que sostiene que el principal valor clínico del PRS emerge cuando se lo integra dentro de modelos multifactoriales. Inouye et al. demostraron que los PRS derivados de estudios genómicos a gran escala aportan información predictiva robusta para la EAC, pero destacaron que su mayor utilidad reside en complementar los factores de riesgo tradicionales en estrategias de prevención primaria. De manera concordante, Khera et al. mostraron que los individuos

con PRS elevados pueden presentar un riesgo comparable al de mutaciones monogénicas de alto impacto, aunque dicho riesgo es susceptible de ser modulado significativamente mediante intervenciones sobre factores clínicos y conductuales, lo que refuerza la necesidad de modelos integrados que permitan traducir el riesgo genético en acciones preventivas concretas.

Asimismo, la declaración científica de la American Heart Association (O'Sullivan, J. W. et al. 2022) subraya que la integración del PRS en modelos de riesgo clínico mejora la identificación de individuos con riesgo elevado sin desplazar a los



scores tradicionales, sino potenciando su capacidad de estratificación. Klarin y Natarajan destacan que los modelos combinados favorecen una mejor reclasificación del riesgo y facilitan la toma de decisiones clínicas al transformar la información genética en un componente interpretable dentro del marco de la práctica médica habitual. En este sentido, el modelo propuesto en este estudio ofrece una arquitectura particularmente adecuada para la implementación clínica, ya que mantiene la transparencia de los modelos logísticos clásicos y permite comunicar el impacto del riesgo genético de manera clara y contextualizada para el paciente. Esta aproximación facilita, además, su aplicación práctica mediante herramientas digitales de apoyo a la decisión clínica, como una aplicación web interactiva que permite estimar en tiempo real el riesgo cardiovascular personalizado a partir de los datos clínicos, conductuales y genéticos del paciente, reforzando su potencial traslacional.

No obstante, este estudio presenta limitaciones que deben ser consideradas. La validación del PRS en una cohorte con mayor diversidad regional y un número más amplio de participantes permitiría ajustar mejor el modelo y evaluar su desempeño en subgrupos específicos. A futuro, estudios prospectivos y la integración del PRS con modelos multifactoriales que incorporen variables clínicas, conductuales y ambientales podrían mejorar aún más la capacidad pre-

dictiva y la utilidad clínica del modelo.

Conclusión

En conjunto, los resultados de este estudio demuestran que el Score de Riesgo Poligénico para Enfermedad Arterial Coronaria presenta una capacidad adecuada para discriminar entre individuos con y sin EAC en una cohorte argentina genéticamente heterogénea. La asociación significativa observada entre PRS elevado y mayor riesgo de enfermedad, junto con un desempeño predictivo comparable al reportado en grandes cohortes internacionales, respalda la validez del PRS en este contexto poblacional. Asimismo, la integración del PRS dentro de un modelo multifactorial que combina variables clínicas y de estilo de vida permitió mejorar la capacidad predictiva y refinar la estratificación del riesgo, especialmente en individuos con riesgo intermedio, aportando un enfoque más completo y clínicamente relevante. Desde una perspectiva traslacional, este modelo puede ser aplicado en la práctica clínica a través de una aplicación web interactiva que permite calcular en tiempo real el riesgo cardiovascular personalizado a partir de los datos clínicos, de estilo de vida y genéticos del paciente, facilitando su interpretación y su uso como herramienta de apoyo a la toma de decisiones preventivas. En conjunto, estos hallazgos constituyen un paso inicial hacia la incorporación de herramientas genómicas integradas en

la prevención cardiovascular y abren la puerta a futuras investigaciones orientadas a su validación a gran escala y a la optimización de modelos de riesgo personalizados en poblaciones diversas.

Bibliografía

- Collister, J. A., Liu, X., & Clifton, L. (2022). Calculating Polygenic Risk Scores (PRS) in UK Biobank: A Practical Guide for Epidemiologists. *Frontiers in Genetics*, 13. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.818574>
- Illumina. (2019). NextSeq 500 System Guide (15046563). www.illumina.com/company/legal.html. Illumina. (2020a). Illumina DNA Prep Reference Guide (1000000025416). www.illumina.com/company/legal.html.
- Illumina. (2020b). NextSeq500 and NextSeq550 Sequencing Systems. Denature and Dilute Libraries Guide.
- Inouye, M., Abraham, G., Nelson, C. P., Wood, A. M., Sweeting, M. J., Dudbridge, F., Lai, F. Y., Kaptoge, S., Brozynska, M., Wang, T., Ye, S., Webb, T. R., Rutter, M. K., Tzoulaki, I., Patel, R. S., Loos, R. J. F., Keavney, B., Heminway, H., Thompson, J., ... Samani, N. J. (2018). Genomic Risk Prediction of Coronary Artery Disease in 480,000 Adults: Implications for Primary Prevention. *Journal of the American College of Cardiology*, 72(16), 1883–1893. <https://doi.org/10.1016/j.jacc.2018.07.079>
- Khan, M. A., Hashim, M. J., Mustafa, H., Baniyas, M. Y., Al Suwaidi, S. K. B. M., AlKatheeri, R., Alblooshi, F. M. K., Almatrooshi, M. E. A. H., Alzaabi, M. E. H., Al Darmaki, R. S., & Lootah, S. N. A. H. (2020). Global Epidemiology of Ischemic Heart Disease: Results from the Global Burden of Disease Study. *Cureus*. <https://doi.org/10.7759/cureus.934>
- Khera, A. V., Chaffin, M., Aragam, K. G., Haas, M. E., Roselli, C., Choi, S. H., Natarajan, P., Lander, E. S., Lubitz, S. A., Ellinor, P. T., & Kathiresan, S. (2018). Genome-wide polygenic scores for common diseases identify individuals with risk equivalent to monogenic mutations. In *Nature Genetics* (Vol. 50, Issue 9, pp. 1219–1224). Nature Publishing Group.
- Klarin D, & Natarajan P. (2021). Clinical utility of polygenic risk score for coronary artery disease. *Nature Reviews Cardiology*, 19, 291–301.
- Morales, J., Welter, D., Bowler, E. H., Cerezo, M., Harris, L. W., McMahon, A. C., Hall, P., Junkins, H. A., Milano, A., Hastings, E., Malangone, C., Buniello, A., Burdett, T., Flicek, P., Parkinson, H., Cunningham, F., Hindorf, L. A., & MacArthur, J. A. L. (2018). A standardized framework for representation of ancestry data in genomics studies, with application to the NHGRI-EBI GWAS Catalog. In *Genome Biology* (Vol. 19, Issue 1). BioMed Central Ltd. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1396-2>.
- O'Sullivan, J. W., Raghavan, S., Marquez-Luna, C., Luzum, J. A., Damrauer, S. M., Ashley, E. A., O'Donnell, C. J., Willer, C. J., & Natarajan, P. (2022). Polygenic Risk Scores for Cardiovascular Disease: A Scientific Statement From the American Heart Association. In *Circulation* (Vol. 146, Issue 8, pp. E93–E118). Lippincott Williams and Wilkins. <https://doi.org/10.1161/CIR.0000000000001077>
- Won, H. H., Natarajan, P., Dobbyn, A., Jordan, D. M., Roussos, P., Lage, K., Raychaudhuri, S., Stahl, E., & Do, R. (2015). Disproportionate Contributions of Select Genomic Compartments and Cell Types to Genetic Risk for Coronary Artery Disease. *PLoS Genetics*, 11(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.100562>
- Uffelmann, E., Huang, Q. Q., Munung, N. S., de Vries, J., Okada, Y., Martin, A. R., Martin, H. C., Lappalainen, T., & Posthuma, D. (2021). Genome-wide association studies. In *Nature Reviews Methods Primers* (Vol. 1, Issue 1). Springer Nature. <https://doi.org/10.1038/s43586-021-00056-9>

Entre pacientes, montañas y madrugadas

María Agustina Azpiroz - Bioquímica (FFYB, UBA), Doctora en Ciencias (FMED, UBA), Laboratorio de Análisis Pérez Cambet (Lab 9 ALAC)

Hay días en los que todo empieza antes de que salga el sol.

El despertador suena, la casa todavía está en silencio y yo ya estoy en movimiento. Acomodar las viandas, preparar el desayuno, armar el mate. Subir a despertar a las chicas. Uniformes, peinados, algo que nos olvidamos de la noche anterior. El caos familiar de todas las mañanas.

Y, como todos los días a las 7 AM, Anto y Ame salen para el colegio con Mati.

En cuanto arranca el auto, me ato las zapatillas casi en automático. Afuera, el aire frío de Tandil me despierta del todo. Empiezo a correr.

Correr es uno de los pocos momentos del día que es solo mío.

Después, todo se acelera.



Soy bioquímica. Junto con mi hermana y mi marido dirigimos dos laboratorios en Tandil. Sabemos que nuestro trabajo no es solo técnico. Es sostener calidad, tiempos, confianza y responsabilidad. Es entender que detrás de cada muestra hay una persona esperando. Una historia. Una preocupación. Una familia.

Pero también soy mamá.

Y ahí el tiempo tiene otro ritmo. Más caótico, más intenso, más real. Mochilas, comidas, charlas a las apuradas, abrazos que frenan todo. Ser madre es estar en mil lugares a la vez, incluso cuando estás parada en uno solo.

Si. Amo mi vida pero durante mucho tiempo sentí que algo me faltaba.

Hasta que encontré, corriendo, mi equilibrio.

No es solo correr. Es ordenar la cabeza, descargar tensiones, volver a mí. Es recordar que, además de todo lo que hago para otros, también necesito hacer algo para mí.

No siempre es fácil. Hay días de cansancio, de culpa, de agendas imposibles. Días en los que parece que no alcanza. Pero también hay días en los que todo encaja. En los que cruzo una meta —en la montaña o en la vida— y entiendo que todo tiene sentido.

Y en ese equilibrio imperfecto encontré mi manera de estar bien.

Empecé a correr cuando volví a Tandil,



allá por 2013. Lo que al principio fue un cable a tierra fue creciendo con el tiempo, y empezaron a aparecer objetivos que me desafiaban en un lugar distinto al profesional.

Corrí mucho en la calle, pero descubrí que lo que más me gusta es correr en las sierras, en la montaña, en senderos. Lugares que, probablemente, nunca recorreríamos en un día normal. Ese mundo se llama trail running.

Y entrenar trail en Tandil es un privilegio: las sierras están a minutos de casa.

Corrí muchas carreras acá en mi ciudad, sumé otras en diferentes lugares del país y fui construyendo, casi sin darme cuenta, el camino hacia uno de mis grandes objetivos: el Cruce de los Andes.

Cada carrera tuvo su historia, su desafío, su aprendizaje. No todas fueron fáciles. Pero todas sumaron.

En febrero de 2025 sentí que era el momento. Me inscribí, junto con tres amigas, al Cruce de los Andes que se correría en Villa La Angostura en diciembre de ese mismo año.

Tres días. Cien kilómetros.



Montañas, arroyos, senderos, lagos, filos, bosques.

Cansancio. Emoción.

Una experiencia que no solo puso a prueba el cuerpo, sino también la cabeza y el corazón. Porque en este tipo de desafíos, lo físico es importante, pero son la mente y el corazón los que te sostienen hasta la meta.

El Cruce es la carrera por etapas más grande del mundo: más de 5000 corredores, de 43 nacionalidades, distribui-



dos en distintos grupos a lo largo de tres días, durmiendo dos noches en campamentos en plena montaña.

Pero, como alguna vez leí: “El Cruce no es una carrera, es una experiencia de vida”.

Y doy fe. Fue transformadora.

En el camino me emocioné, me reí, lloré, me enojé. Dejé algunas cosas que necesitaba soltar y me traje otras que no quiero olvidar. Conversé conmigo misma y con otros. Corrí, caminé, subí durante horas. Bajé con las piernas al límite. Me caí, me levanté, me llené de barro, de agua, de lluvia. Crucé arroyos, me embarqué, sentí el frío, el calor, el cansancio.

Me desarmé. Y me volví a armar.

Y también me llené el corazón con algunas de las imágenes más lindas que vi en mi vida: Villa La Angostura desde la cima del Cerro Bayo el primer día, y desde el filo del cerro O'Connor el último día.

No hay palabras suficientes para describirlo. Pero sí una certeza: agradecí profundamente poder estar ahí. Y, además, compartirlo con amigas.

La montaña enseña.

En uno de los momentos más difíciles del segundo día, agotada física y mentalmente, recordé una idea que me había quedado de un libro: avanzar es, muchas veces, simplemente ir un kilómetro más.

Entonces hice eso.

Me enfoqué en un kilómetro a la vez.

Y en cada kilómetro que avanzaba pensaba en alguien importante para mí. Mis hijas, mi marido, mis papás, mis hermanas, amigas. Personas que, en ese momento, confiaban en mí más de lo que yo misma podía hacerlo.

Cuando quise darme cuenta, estaba cruzando el arco de llegada del segundo día.



A veces, en la montaña y en la vida, la única manera de avanzar es dejar de mirar todo lo que falta y concentrarse en el próximo paso.

Otra certeza: nadie llega solo.

Aunque el desafío es personal, siempre hay una red. Una tribu. Personas que acompañan, sostienen, y empujan cuando uno duda.

A esta carrera viajé con parte de mi grupo de entrenamiento. Tres amigas con las que compartí mucho más que kilómetros. Y en el camino, en los campamentos, en cada charla, esa sensación de pertenecer a algo más grande me fortaleció y nos fortaleció como equipo.

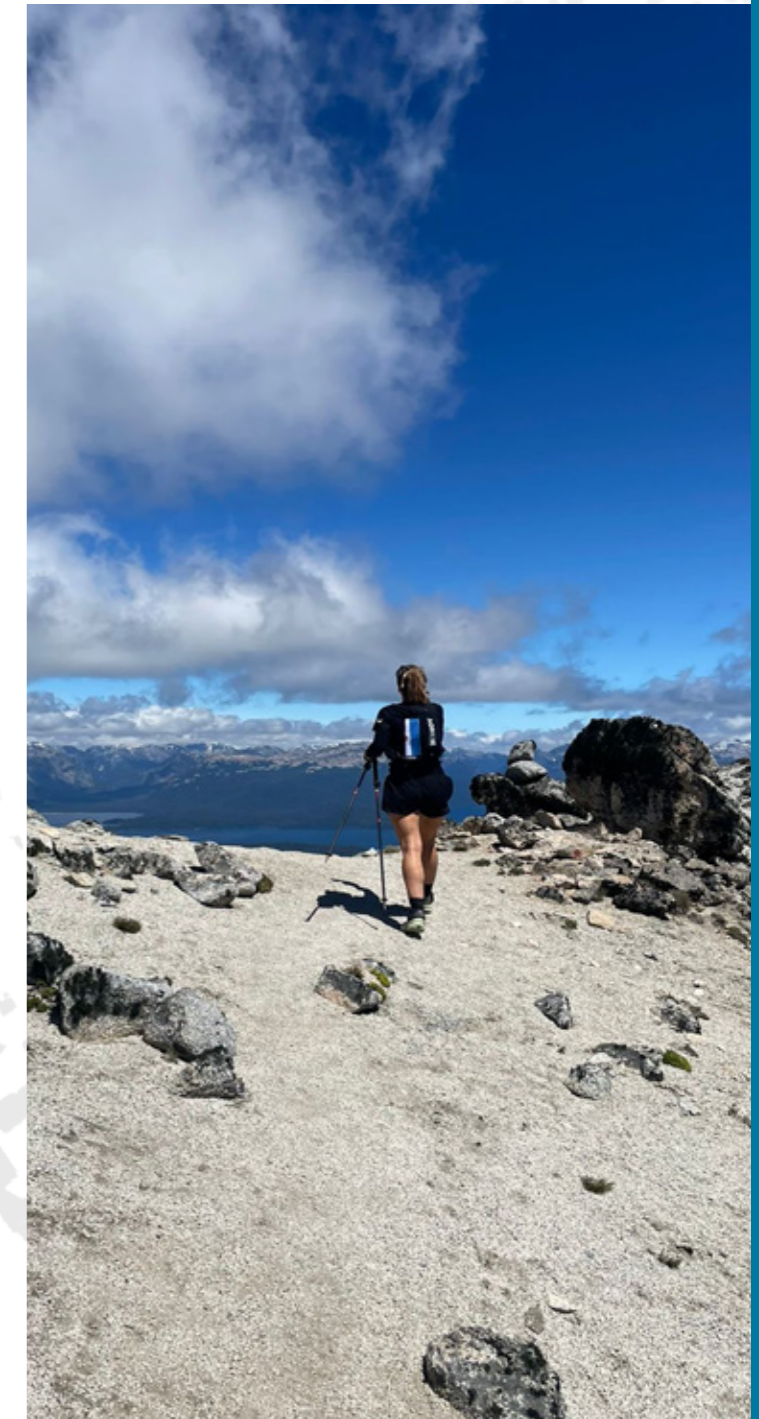
Cruzar el arco final en Villa La Angostura, el 3 de diciembre de 2025, con amigas fue una emoción inmensa.

Ahí estaba yo: bioquímica, mamá... y corredora.

Inmensamente feliz.

Pero cuando uno cumple un objetivo, inevitablemente aparecen nuevos desafíos.

Después del Cruce —ese sueño que me acompañó durante tanto tiempo— sentí que era momento de ir por más.



Hoy, ese nuevo desafío tiene nombre y fecha.

El 9 de abril de 2026 voy a correr mi primer maratón de montaña en Patagonia Run. Van a ser 42K en San Martín de los Andes, uno de mis lugares preferidos, el lugar al que quería irme a vivir cuando era solo una niña.

Y, como cada mañana antes de que salga el sol, todo vuelve a empezar.

Día Internacional de la Mujer
Innovación y equidad:

Cibic Laboratorios refuerza el compromiso institucional a través de los principios Wep´s sobre el empoderamiento de las mujeres.

En el Mes del Día Internacional de la Mujer, Cibic Laboratorios comparte su camino hacia la transversalización de género. Un proceso que va más allá de la gestión administrativa de acciones para convertirse en el corazón de su estrategia de cultura organizacional.

Para Cibic Laboratorios, la calidad institucional integra tanto la precisión técnica como la gestión de su capital humano. Bajo esta visión, la organización avanzó en la ejecución de un Plan de Acción en Género alineado con los Principios para el Empoderamiento de las Mujeres (WEP´s) de ONU Mujeres y el Pacto Mundial de las Naciones Unidas. Estos siete principios constituyen el marco normativo y la guía técnica utilizada para promover la igualdad de oportunidades en todas las áreas de la empresa.

Estos son los 7 principios:

1. Promover la igualdad desde la dirección al más alto nivel.
2. Tratar a todos los hombres y mujeres de forma equitativa en el trabajo – respetar y defender los derechos humanos y la no discriminación.
3. Velar por la salud, la seguridad y el

4. Promover la educación, formación y desarrollo profesional de las mujeres.
5. Llevar a cabo prácticas de desarrollo empresarial, cadena de suministro y marketing a favor del empoderamiento de las mujeres.
6. Promover la igualdad mediante iniciativas comunitarias y liderando con el ejemplo (cabildeo).
7. Evaluar y difundir los progresos realizados a favor de la igualdad de género.

La integración de la perspectiva de género es una decisión estratégica orientada a fortalecer la competitividad y la sostenibilidad de la organización. La creación de entornos inclusivos no solo mejora el clima laboral y la retención de talento, sino que optimiza la operatividad interna. Asimismo, este enfoque se traslada al ámbito de la salud: la for-

bienestar de todos los trabajadores y trabajadoras.



Taller interno sobre sensibilización de la Política de Género y Diversidad.

mación y capacitación de equipos respecto a pacientes diversos asegura una atención más técnica y profesional, y por sobre todo empática, mejorando la experiencia del servicio y consolidando el compromiso de Cibic.

Para que la transformación cultural sea efectiva, Cibic Laboratorios estableció una base sólida centrada en el compromiso de su liderazgo y la creación de marcos normativos claros. En este sentido, el primer año de ejecución -2025-, de este plan integral permitió materializar el compromiso institucional en acciones concretas que ya forman parte del “ADN” de la organización.

“Adherir a los principios Wep´s, no fue solo una firma, es el compromiso diario de construir entre todos juntos una cultura organizacional más justa, diversa e inclusiva”. Bioq. Fabián Fay, Director de Cibic Laboratorios.

Entre los hitos más significativos del 2025, destaca la creación de la Política de Género, Diversidad e Inclusión, el documento rector que ordena los principios y compromisos de la empresa. En

intonía con este marco, se desarrolló el Protocolo de Acoso y Violencia Laboral, estableciendo procedimientos claros y transparentes para garantizar ambientes seguros para todas las personas que trabajan en Cibic y su entorno. Asimismo, la equidad se trasladó a la gestión del talento, incorporando formalmente la perspectiva de género en los procesos de contratación y selección de personal.

Este avance normativo fue acompañado por una fuerte estrategia de sensibilización y participación. La transformación se hizo tangible a través de programas de capacitación que alcanzaron a los niveles de liderazgo y a toda la estructura organizacional, sumando a los equipos de trabajo en conversaciones críticas sobre inclusión. La creación del equipo de voluntariado WEP´s fue fundamental para motorizar este cambio desde adentro, impulsando charlas, campañas y la producción de materiales audiovisuales y gráficos que refuerzan el sentido de pertenencia. Estas acciones, respaldadas por una comunicación interna activa y el involucramiento directo de la alta dirección, tiene como objetivo que la protección de los colaboradores y el res-

peto mutuo sean pilares innegociables de la identidad institucional.

“En Cibic, estamos convencidos que alinear nuestra cultura con los principios de igualdad no solo nos hace referentes; nos comprometemos a seguir integrando diferencias para crecer.” Vanessa Mazzoni, Gta. Capital Humano de Cibic Laboratorios.

Para convertir estas políticas en una verdadera cultura compartida, Cibic apostó por un enfoque innovador que transformó la comunicación institucional en una experiencia de identidad y pertenencia. Mediante la creación de piezas de comunicación de gran valor estético e ilustradas con arte original, el compromiso con la equidad se volvió tangible para cada colaborador, fortaleciendo el orgullo de formar parte de una comunidad que valora la diversidad.

Con una visión de largo plazo, Cibic ratifica su compromiso de mejora continua mediante la consolidación de espacios

de formación y el fortalecimiento de canales de escucha activa. Este camino marca el inicio de una transformación profunda del modelo de liderazgo, donde la innovación, excelencia científica y la integridad ética convergen para garantizar el desarrollo profesional y el acceso a las oportunidades estén determinados exclusivamente por el talento y la capacidad. De esta manera, Cibic establece el respeto mutuo y la igualdad de condiciones como principios fundamentales de su práctica profesional, entendiendo que una cultura inclusiva es el motor indispensable para la vanguardia y la calidad del servicio.

Para ampliar o complementar esta información, consultá estos enlaces:

- <https://www.cibic.com.ar/home/cibic-laboratorios-8marzo/>
- <https://www.cibic.com.ar/home/cibic-laboratorios-marzo-m-mujeres/>



Dossier de distribución interna ilustrado por la artista Malena Guerrero.

El medio ambiente es un compromiso de todos



Con el objetivo de fortalecer su compromiso con la sostenibilidad y la responsabilidad social, el Laboratorio de Endocrinología y Análisis Clínicos Dra. Gladys Ibáñez firmó un convenio de colaboración con la Fundación CEOS-SOL para la recolección y reciclaje de papel y plásticos no contaminados generados en su actividad diaria.

La iniciativa forma parte del programa **“Salta el Desafío de Creer – El Medio Ambiente, un compromiso de todos”** y de la campaña **“Demos una mano de corazón”**, que buscan transformar residuos en recursos con impacto social. A través de este acuerdo, el laboratorio se encarga de la correcta separación de los materiales reciclables, mientras que la fundación realiza la recolección semanal, su clasificación y procesamiento.

Cada retiro queda registrado mediante un comprobante, y posteriormente se emite un Certificado de Disposición Final con el detalle del peso entregado, garantizando transparencia y trazabilidad en todo el proceso. El convenio tiene una duración inicial de 12 meses, con renova-

ción automática, consolidando una acción sostenida en el tiempo. Más allá del impacto ambiental positivo, esta iniciativa tiene un fuerte componente solidario: los fondos obtenidos a partir del reciclaje se destinan a campañas ambientales y a la provisión de anteojos para niños de escuelas carentes. De este modo, cada acción cotidiana dentro del laboratorio contribuye también a mejorar la calidad de vida de comunidades vulnerables.

El programa contempla además instancias de capacitación y concientización para promover hábitos responsables en la gestión de residuos. Entre los materiales reciclables se incluyen papeles administrativos, cartón, diarios, revistas y ciertos plásticos, reforzando la importancia de la separación en origen.

Desde la institución destacaron la satisfacción de sumarse a esta propuesta, entendiendo que el cuidado del medio ambiente es un compromiso colectivo que se construye a través de acciones concretas y sostenidas.

Laboratorio D'Agostino Bruno obtuvo el Premio Nacional a la Calidad



El Laboratorio D'Agostino Bruno fue distinguido con el Premio Nacional a la Calidad 2025 en la categoría "Gestión Integral de PyMEs", el máximo reconocimiento otorgado por el Estado argentino a organizaciones que demuestran excelencia en su gestión. Instituido por la Ley 24.127, este premio evalúa el desempeño integral de las instituciones, considerando aspectos como liderazgo, planificación estratégica, gestión de procesos, orientación a resultados, innovación, desarrollo del capital humano y responsabilidad social.

El proceso de evaluación es riguroso y contempla la presentación de documentación detallada, análisis técnico y una instancia presencial en la que una Junta de Evaluadores verifica la coherencia entre lo declarado y la práctica real. En este marco, el laboratorio llevó adelante una autoevaluación integral que permitió identificar fortalezas y oportunidades de mejora, consolidar información estra-

tégica y formalizar prácticas ya incorporadas a su cultura organizacional. La distinción reconoce un sistema de gestión construido a lo largo de décadas, basado en procesos estandarizados, trazabilidad integral, integración tecnológica y monitoreo constante mediante indicadores críticos. Asimismo, cuenta con certificación IRAM ISO 9001:2015, lo que respalda la calidad y consistencia de sus procesos.

Con 69 colaboradores, múltiples sedes y equipamiento de alta complejidad, el laboratorio ha sostenido un crecimiento acompañado por la profesionalización de su equipo y el fortalecimiento de su estructura organizativa, manteniendo como eje la precisión diagnóstica y la confiabilidad analítica.

Para los fundadores, los Dres. Jorge Bruno y Liliana D'Agostino, la distinción no representa un punto de llegada sino la confirmación de una convicción soste-



nida en el tiempo: la excelencia es un proceso permanente. "Alcanzar este reconocimiento significa ver consolidado aquel proyecto inicial y demostrar que, desde una organización independiente y con visión de largo plazo, es posible desarrollar un modelo de gestión alineado con los estándares más exigentes del país".

Y agregan: "Nada de esto sería posible sin el compromiso cotidiano de nuestros colaboradores. La excelencia no la produce solo la tecnología; la sostienen las personas y el trabajo con disciplina y mejora continua".

En un ámbito donde la precisión es clave, este premio reafirma que la calidad de gestión es un pilar fundamental del desempeño técnico y del desarrollo institucional.



Clínica Dr. Roberto Raña incorpora nuevo equipamiento de alta complejidad en su laboratorio central

En el marco de un proceso sostenido de crecimiento y fortalecimiento de su infraestructura, Clínica Dr. Roberto Raña anunció la incorporación de un nuevo equipamiento de última generación en su laboratorio central, una inversión estratégica orientada a mejorar la capacidad operativa, optimizar tiempos de respuesta y acompañar la creciente demanda de la región.

La renovación tecnológica implicó un acuerdo con Abbott para sumar la nueva plataforma **Alinity ci**, equipamiento automatizado de alta complejidad que representa un salto significativo en términos de eficiencia, flexibilidad e innovación. Gracias a esta incorporación, el laboratorio amplía su capacidad total de procesamiento a más de **1.550 tests por hora**, mejora el rendimiento en química clínica con hasta **1.350 determinaciones por hora** y alcanza casi un **90% más**

de disponibilidad de reactivos para inmunoensayos vinculados a hormonas, marcadores tumorales, enfermedades infecciosas y autoinmunes, entre otros estudios.

Desde la conducción de la clínica destacaron que esta inversión responde a una mirada estratégica de largo plazo. “Para seguir creciendo de manera sostenible, era necesario contar con tecnología que acompañe la demanda actual y futura, manteniendo los estándares de calidad que nos caracterizan”, señalaron.

La incorporación del nuevo equipamiento se enmarca en la visión de la Clínica Dr. Roberto Raña de continuar invirtiendo en innovación tecnológica, fortaleciendo su rol como actor clave del sistema de salud regional y reafirmando su compromiso con la comunidad neuquina.



Compras conjuntas: el valor de estar unidos en la gestión

La compra grupal continúa consolidándose en Argentina como una herramienta estratégica dentro del sector de la salud. En la actualidad, 18 laboratorios participan activamente de esta iniciativa impulsada por Portada Salud, empresa pionera en el desarrollo de grupos de compra y con experiencia en diversas implementaciones, siendo este el primer grupo conformado específicamente por laboratorios en conjunto con ALAC.

Este crecimiento refleja no solo la confianza en el modelo, sino también los beneficios concretos que aporta: mayor capacidad de negociación, optimización de costos y procesos más eficientes. Asimismo, la dinámica colaborativa permite a las instituciones consolidarse como grupo, generando una sinergia de experiencias que fortalece la toma

de decisiones en materia de compras. La propuesta se sustenta en un entorno digital ágil, práctico y sin necesidad de instalaciones, que facilita la operatoria desde cualquier ubicación. A ello se suma la transparencia en cada operación y el acompañamiento permanente a las instituciones a lo largo de todo el proceso.

Esta combinación de tecnología y cercanía contribuye a una gestión más ordenada, previsible y colaborativa.

¿Dónde estamos?

Nos capacitamos junto al equipo de <https://portadasalud.com/>, definimos insumos muy básicos y simples como primer prueba y efectuamos un primer pedido que a mediados de Abril 2026 está próximo a confirmarse y ejecutarse la compra. El proceso de implementación recién comienza,



pero con pasos firmes y aprendiendo.

De cara al futuro, las proyecciones son alentadoras, con el objetivo de continuar ampliando la red e incorporar nuevos actores y por supuesto, buscar comprar insumos que reporten un verdadero e importante ahorro de costos y/o mejora de condiciones de entrega y descuentos por formas de pago.

En este marco, Portada Salud ofrece además la posibilidad de probar la plataforma, permitiendo a cada institución conocer su funcionamiento e integrarla

progresivamente como una herramienta clave en la gestión de compras. Esto es así porque si un laboratorio no cuenta hoy con un sistema de compras completo, por un mínimo abono de uso, sistematiza en forma completa el mismo con dicho site de compras.

Hoy lideran la iniciativa Humberto Capobianco (Clínica Dr. Roberto Raña) y Fernando Borghello (NANNI Laboratorios). Los invitamos a sumarse al grupo de whatsapp que es independiente del general de ALAC.

Innovar en red: la compra conjunta que transformó el uroanálisis en ALAC

En el marco de la Comisión de Digitalización de ALAC, se desarrolló una experiencia de compra conjunta de equipamiento para uroanálisis que constituye un ejemplo concreto de gestión colaborativa aplicada al fortalecimiento del sector.

El proceso se inició en febrero de 2025 con la solicitud de presupuestos a distintos proveedores y el análisis comparativo de tecnologías disponibles. A partir de allí, se convocó a laboratorios interesados, conformándose un grupo que trabajó de manera coordinada en la evaluación técnica, económica y estratégica de las propuestas.

La elección del sistema automatizado UN3000 de Sysmex se basó no solo en sus prestaciones tecnológicas, sino también en la posibilidad de impulsar una mejora cualitativa en el análisis de orina, una práctica históricamente subvalorada a pesar de su relevancia diagnóstica. Un aspecto central fue la construcción de una contrapropuesta que, además de lo económico, incluyó el compromiso de los laboratorios de trabajar activamente en la valorización de los diferenciales de esta tecnología, particularmente en la generación de indicadores de función renal y en la anticipación de información microbiológica en tiempos más breves. Esta visión permitió consolidar una verdadera alianza estratégica con el proveedor.

La negociación conjunta, sostenida en el tiempo, logró una mejora sustancial de las condiciones comerciales, alcanzando una reducción cercana al 60% respecto del valor unitario inicial, con una propuesta viable tanto para laboratorios de alto como de bajo volumen.

Inicialmente, ocho laboratorios concre-



taron la incorporación del equipamiento, iniciando las instalaciones a fines de 2025. Posteriormente, la propuesta se mantuvo abierta dentro de ALAC, permitiendo la incorporación de nuevos participantes y alcanzando a la fecha un total de diez laboratorios adheridos. Este modelo continúa vigente y disponible para que más instituciones se sumen, consolidando una red colaborativa en expansión.

Esta experiencia demuestra que la articulación entre pares no solo optimiza recursos, sino que también impulsa la innovación, mejora la calidad diagnóstica y fortalece el posicionamiento del laboratorio bioquímico en el sistema de salud.

Comisión de Digitalización – ALAC
Bioq. Norma Balsamo y equipo



Menopausia 2026: Evidencia, Controversias y Práctica Clínica



El 17 de abril, el Laboratorio Güemes fue sede de un encuentro científico de alto nivel junto a la Asociación Argentina para el Estudio del Climaterio (AAPEC) y la Delegación NEA, donde más de 50 profesionales de la salud del área médica en conjunto con profesionales del Laboratorio compartieron conocimientos clave sobre el abordaje actual de la menopausia, en un contexto de constante evolución médica y científica.

Durante la jornada se debatieron temas que hoy están en el centro de la práctica clínica:

- Diagnóstico
- Microbiota
- Longevidad y salud ósea
- Desafíos endocrinos en el climaterio

Cada exposición aportó una mirada actualizada, integrando evidencia científica con experiencia clínica, lo que permitió a los asistentes fortalecer su criterio profesional y optimizar la toma de decisiones en la atención de sus pacientes, elevando así los estándares de calidad en cada intervención.

Mención especial para nuestra profesional: Bioq. Teresita Falcón, Especialista en Endocrinología, quien abordó con claridad y precisión los cambios hormonales y la importancia de las condiciones preanalíticas en la correcta interpretación de estudios. Su exposición puso en valor un aspecto fundamental que muchas veces pasa desapercibido, pero que resulta determinante para garantizar resultados confiables, comparables y clínicamente útiles.

El intercambio entre colegas, las preguntas y los espacios de discusión enriquecieron aún más la jornada, consolidando un entorno de aprendizaje colaborativo, actualización constante y construcción conjunta de conocimiento aplicado.

Un encuentro donde la evidencia se tradujo en práctica, y la práctica en mejores decisiones para el paciente. Desde el Laboratorio Güemes fomentamos el conocimiento científico y la sinergia entre los profesionales de la salud, entendiendo que la calidad diagnóstica es el primer paso para un tratamiento efectivo, oportuno y personalizado.



asociación argentina para el estudio del climaterio
Laboratorio de Análisis de Hormonas y Fisiología del Climaterio
el 17 de Octubre de 2025

Jornada de AAPEC y la Delegación NEA
Menopausia 2026: Evidencia, Controversias y Práctica Clínica
Viernes 17 de abril Laboratorio Güemes
de 12.30 a 19 hs. Resistencia, Chaco

Jornada Arancelada, dirigida a todos los Profesionales de la Salud

Temario:

- Testosterona en la mujer
- Nueva Medicina Especial
- Biomarcadores - Microbiota
- Sangrado Uterino Anormal
- Síndrome Genitorario de la Menopausia
- Cambios Endocrinos durante el Climaterio
- Microbiota
- Insuficiencia Ovárica Prematura

Auspician

Asociación de Clínicos y Químicos del Chaco
GUEMES
Laboratorio de Análisis de Hormonas y Fisiología del Climaterio
Dr. Luis H. Lago

Acompañan

Elea
Laboratorio con vida

Adium

Informe e inscripción +549 362 454-9309

Directores:

- Dra. Analia Pesado
- Dr. Nicolás Genevry

Disertantes:

- Dra. Marcia Fieno
- Dr. Pablo Carpitner
- Dra. Rita Caro
- Dra. Claudia Rey
- Dr. Gustavo Litterio
- Dra. G. López de Degasi
- Dra. Teresita Falcón
- Dr. Osvaldo Mormandi

AAPEC es miembro de IMS



TRAYECTORIAS

Historias que nos unen



IBC:
LABORATORIOS

El Instituto de Bioquímica Clínica (IBC) inició su camino en 1970 en la ciudad de Rosario, naciendo como un laboratorio unipersonal fundado por los Dres. José Scrigna y Martha Solari. Impulsados por una visión de crecimiento y la formación de un equipo sólido, en 1973 el laboratorio se trasladó a la calle San Juan, donde comenzó a crecer en complejidad. Un hito fundamental en esta etapa inicial fue la incorporación, en 1975, del colega y amigo Dr. Hugo Pugliesi, conformando el equipo que fue el núcleo del nacimiento de IBC, funcionando bajo dicha denominación desde 1976.

Desde sus comienzos, el espíritu guía ha sido la amalgama entre el saber científico, el avance tecnológico y la ética profesional. En 1980, IBC reafirmó su liderazgo nacional al convertirse en Miembro Fundador de la Asociación de Laboratorios de Alta Complejidad (ALAC). Esta trayectoria de vanguardia se consolidó con la inauguración de su

edificio propio en San Juan 1768 en 1994 y la obtención de la Certificación Internacional ISO 9001 en 2006, estándar que mantenemos vigente bajo la norma 9001:2015.

Hoy, bajo la dirección de la segunda generación —hijos de los fundadores—, IBC es uno de los laboratorios con mayor experiencia en su área de influencia. Contamos con dos sedes estratégicas en Rosario (Sede Centro y Sede Eche-sortu) y un equipo de 80 colaboradores dedicados a brindar un servicio de atención personalizado, ágil y seguro.

Nuestro staff de profesionales especializados garantiza exámenes analíticos de la más alta precisión y confiabilidad, defendiendo permanentemente la ética y el profesionalismo que nos han acompañado durante más de cinco décadas. En IBC Laboratorios seguimos mirando al futuro, centrados en el bienestar del paciente y en el liderazgo tecnológico que nos define como referentes en diagnóstico de alta complejidad.

TRAYECTORIAS

Historias que nos unen



TRAYECTORIAS

Historias que nos unen

TRAYECTORIAS

Historias que nos unen



En abril de 1978, el Dr. Carlos Beleme funda el Laboratorio con el objetivo de ejercer la profesión y brindar sus servicios a la comunidad de San Nicolás. Las primeras herramientas que lo acompañaron fueron un fotocolorímetro, una estufa de cultivo, una centrífuga, un microscopio binocular, material de vidrio y una estufa de esterilización, marcando el inicio de un camino construido con vocación y compromiso.

Con el paso del tiempo, la evolución tecnológica permitió reemplazar el fotocolorímetro por un espectrofotómetro, posibilitando la implementación de las primeras determinaciones al ultravioleta y dando inicio a una etapa de crecimiento sostenido.

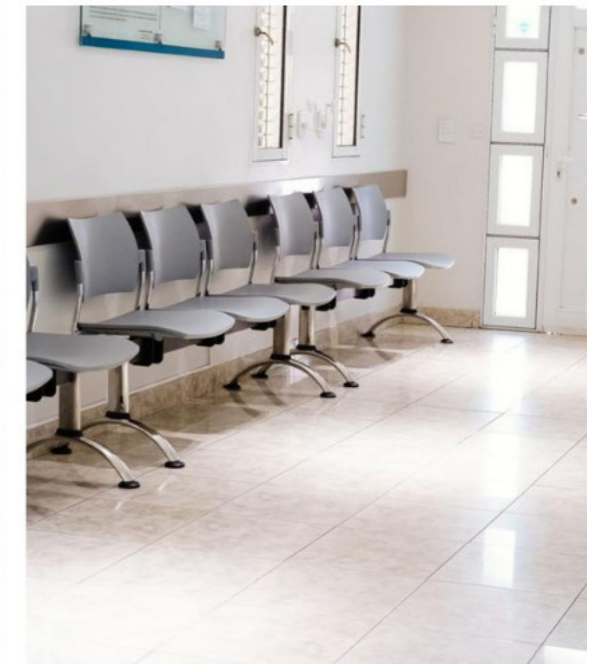
En el año 1998, el avance científico impulsa una importante expansión edilicia. La nueva estructura incorpora en planta baja: sala de espera, recepción, boxes de extracción y el laboratorio principal, donde se ubican las áreas de Hematología, Química Clínica y Endocrinología, cada una de ellas automatizada. En planta alta se desarrollan los sectores de Microbiología, Inmunología y Radioinmunoanálisis,

depósito de insumos junto con espacios para el personal, consolidando una organización moderna y eficiente.

Hacia el año 2000, el Laboratorio se integra a la red ALAC, fortaleciendo la calidad analítica en sus procesos impulsado por el intercambio de conocimientos y experiencias entre sus integrantes incentivando la mejora continua.

A comienzos de 2007, Beleme Laboratorio certifica bajo la Norma de Gestión de Calidad ISO 9001, certificación que mantiene hasta la actualidad y refleja su compromiso con la mejora continua y confiabilidad de sus resultados.

Hoy, junto a Mariana Beleme en la Co-dirección Técnica y Martina Beleme como Responsable Administrativa, el Laboratorio está formado por un capital humano comprometido en la capacitación continua y con brindar un servicio incondicional al prójimo, basado en la calidad, la honestidad y el respeto por cada paciente. Esta vocación se refleja en la retroalimentación constante de quienes confían en el laboratorio, constituyendo una fuente permanente de motivación. Con el mismo compromiso del primer día, Beleme Laboratorio continúa incorporando tecnología y conocimiento para brindar el mejor servicio y acompañar a nuestra comunidad.



TRAYECTORIAS

Historias que nos unen

TRAYECTORIAS

Historias que nos unen



45 años: evolución con identidad. De un laboratorio unipersonal a un proyecto integral

Hace 45 años comenzó esta historia. Enero de 1981. Nació como un laboratorio pequeño, prácticamente unipersonal, donde cada determinación implicaba tiempo, dedicación y una profunda responsabilidad profesional. Durante más de tres décadas, el laboratorio se desarrolló bajo una conducción unipersonal, acompañado por un equipo de profesionales altamente calificados, cuyo compromiso y nivel han sido fundamentales para sostener y consolidar este proyecto.

Desde entonces, el recorrido ha sido de crecimiento sostenido y adaptación permanente, y ha estado acompañado por la participación en espacios profesionales que fortalecen el intercambio, la actualización y el crecimiento del laboratorio dentro del sistema de salud. Biomadryn fue incorporado a la red ALAC en marzo de 2003.

En una etapa posterior (2012), la incorporación de Victoria Wargon, mi hija, Dra. en Ciencias Biológicas, representó un verdadero punto de inflexión en la evolución del laboratorio. Su capacidad y visión impulsaron la expansión hacia áreas de mayor complejidad, fortaleciendo el desarrollo de la Biología Molecular desde hace 14 años y dando lugar, más recientemente (2026), a la creación de la División Genómica.

La certificación bajo normas ISO, a través de IRAM (2012), refleja el compromiso sostenido con la calidad, la trazabilidad de los procesos y la mejora continua, pilares que atraviesan toda la actividad.

En 2017 construimos un edificio propio a medida, totalmente funcional. La incorporación de tecnología, la ampliación de áreas y la consolidación de un equipo de trabajo han permitido acompañar la evolución de la bioquímica clínica y dar respuesta a una demanda cada vez más compleja.

Asimismo, el laboratorio ha ampliado su alcance integrando un Centro Médico (2025), consolidando un modelo de atención más integral. Este pro-



ceso de crecimiento continúa en la actualidad con nuevas ampliaciones edilicias, pensadas para acompañar el desarrollo de las distintas áreas y los desafíos futuros. Análisis Clínicos de Alta Complejidad. Biología Molecular. Laboratorio Central. Laboratorio Complementario. Centro Médico. División Genómica. Ampliación hacia un nuevo Centro Médico en curso. A lo largo del tiempo hay aspectos esenciales que permanecen inalterables. Cada jornada inicia con la misma premisa: detrás de cada muestra hay una persona, una expectativa y

una confianza depositada.

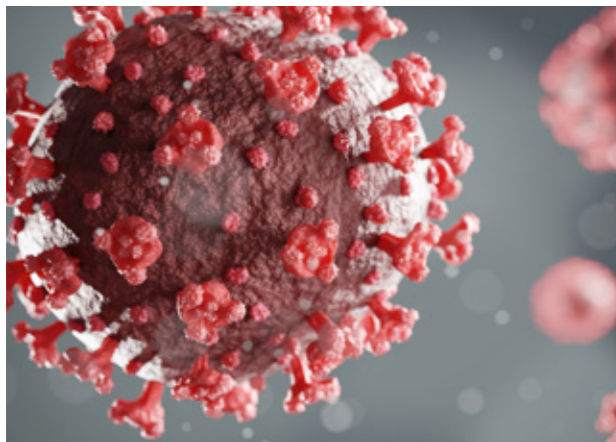
A 45 años de su fundación, más que una trayectoria cerrada, este laboratorio representa un proyecto en permanente construcción. Porque más allá del tiempo transcurrido, lo que lo define es una forma de trabajar que se renueva cada día. Con la convicción de que la calidad no es un objetivo puntual, sino una práctica cotidiana.

Liliana Bearzi - Lic. en Ciencias Bioquímicas (UNLP)



El libro de actas de ALAC en tiempos de Covid-19

Bioq. Esp. Osvaldo Elbarcha - Director General LACE Laboratorios - Lab 72 ALAC



Durante mi primer mandato como presidente de la Asociación de Laboratorios de Alta Complejidad de la República Argentina (ALAC), en plena pandemia de SARS-CoV-2, encaramos con la flamante Comisión Directiva (CD) la regularización de la inscripción de autoridades ante la Inspección General de Justicia (IGJ). Cabe aclarar que, por motivos burocráticos y tiempos de respuesta del organismo, la asociación presentaba un retraso en dicho trámite, por lo que decidimos normalizar la situación.

Por otra parte, si bien la IGJ había dictado una resolución que validaba las asambleas virtuales debido a la cuarentena, sabíamos que dicha medida sería transitoria. Por ello, a sugerencia de la Dra. María Hebe Rinaldi, consideramos conveniente realizar una modificación estatutaria que otorgara validez legal permanente a las asambleas en "modalidad virtual", para lo cual debíamos regularizar primero nuestra situación ante la IGJ.

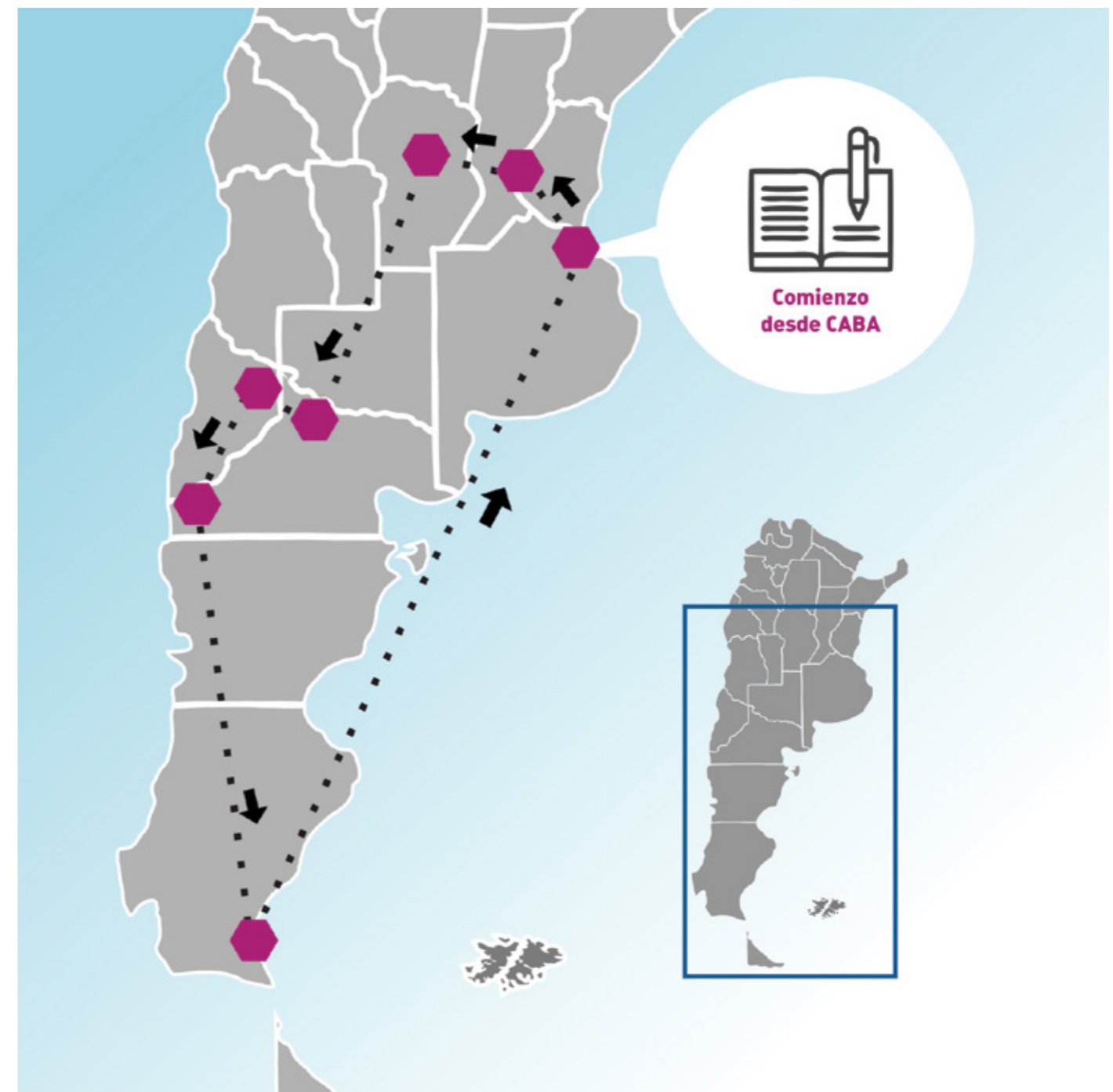
Al plantear esta inquietud a la contadora de ALAC, Mabel Regueira, se sumó

la necesidad de incorporar el cierre del balance anual a la gestión. En síntesis, para cumplir en tiempo y forma con la inscripción de las nuevas autoridades, los miembros de la CD debían rubricar de puño y letra las actas de las asambleas ordinarias donde constaba su designación, junto con las declaraciones juradas de "Personas Políticamente No Expuestas". Es aquí donde comienza el largo trajinar territorial que da título a esta nota.

Solo dos miembros de la Comisión Directiva, Adrián Aymard (TCba Laboratorio) y Matías Viniegra (VZ Laboratorios), secretario y tesorero respectivamente, residían en CABA. El resto de los integrantes vivíamos en el interior del país, por lo cual el libro de actas debía viajar a cada uno de nuestros domicilios.

El trayecto comenzó en la sede de ALAC, en CABA, con destino al Laboratorio IBC en Rosario, para la firma de Marcelo Pugliesi (Vocal 2º). La siguiente etapa fue LACE Laboratorios, en Córdoba Capital, mi lugar de residencia. La próxima parada fue el Laboratorio IDAC en Cipolletti, Río Negro, para la firma de Alejandra Kosmann (Revisora de Cuentas Suplente); hasta este punto, el libro ya había recorrido 1860 km.

El siguiente tramo fue el más corto: solo 10 km cruzando el río Neuquén para llegar al Laboratorio Clínica Raña, donde lo rubricó Néstor Nadal (Vocal 1º). Paradójicamente, el ejemplar debió regresar a la provincia de Río Negro, al Laboratorio LES en Bariloche, para la firma de Norma Bálsamo (Revisora de Cuentas Titu-



lar). El siguiente destino fue IMAG LAB, en Río Gallegos, para que lo autografiara el inefable Héctor "Tito" Irazoqui (Revisor de Cuentas Titular). Finalmente, el volumen inició su último recorrido hacia la Ciudad de Buenos Aires, culminando un itinerario de más de 6600 km a través de nuestra querida Argentina.

Mención aparte merece el trámite similar que realizaron las autoridades de Fundación ALAC, cuyo libro viajó por Galeguaychú, Tucumán, Catamarca, Puerto Madryn, Bahía Blanca, Tandil y

Mar del Plata. Quizás alguno de sus integrantes decida detallar esa experiencia en el futuro, con un circuito de aproximadamente 5000 km.

Como corolario, quisiera destacar que, a pesar de las distancias geográficas y las restricciones de la cuarentena, estas no fueron un escollo, sino un estímulo para concretar acciones que sustentan el crecimiento de ALAC. Este periplo refleja el potencial y la extensión territorial de la red federal que caracteriza e identifica a nuestra asociación.



ORELLANO ELORZA
LABORATORIO



El **Laboratorio Orellano Elorza**, fundado en 1971 en la ciudad de San Luis, constituye una institución de referencia en el ámbito del diagnóstico bioquímico a nivel provincial. Con más de cinco décadas de trayectoria, ha consolidado su posicionamiento mediante la prestación de servicios de alta calidad, sustentados en la incorporación permanente de avances tecnológicos y en la excelencia de su equipo profesional.

matización, realiza más de 1000 determinaciones diferentes y cuenta con un equipo de más de 30 profesionales altamente capacitados. Asimismo, posee cinco sedes distribuidas estratégicamente en la provincia, brindando cobertura tanto a pacientes particulares como a instituciones de salud, incluyendo servicios de extracciones a domicilio y transporte biológico de muestras.

En la actualidad, integra el Grupo LABOR, el cual, desde el año 2023, amplía su alcance en el sistema de salud a través de diversas unidades:

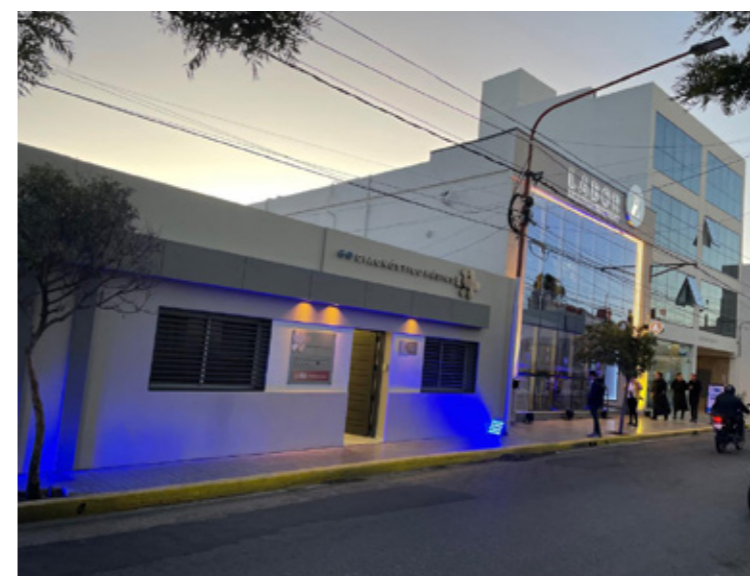
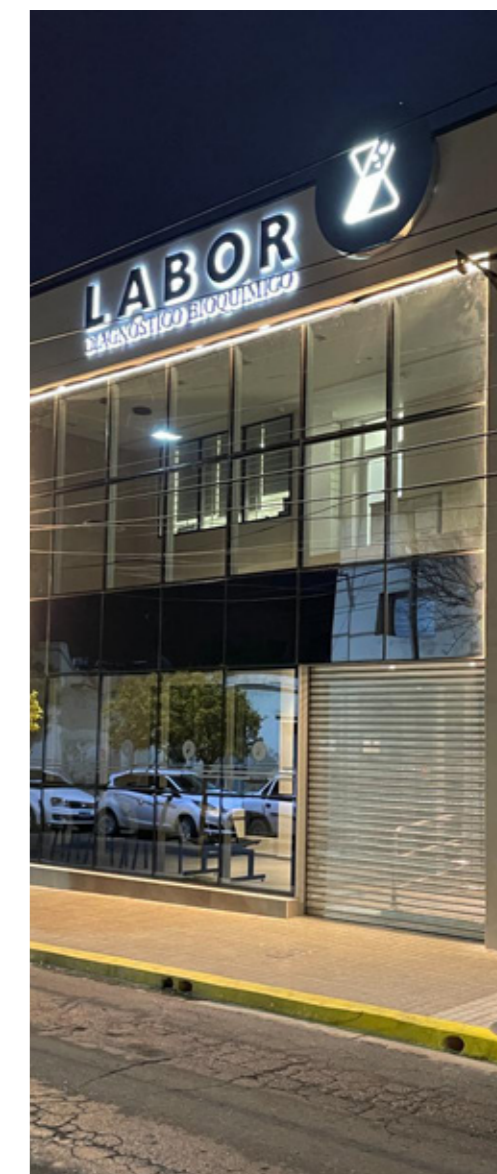
En materia de calidad, la institución adopta una política orientada a la satisfacción del paciente, el respeto, la eficiencia y la mejora continua de sus procesos. Se encuentra certificada bajo normas ISO 9001:2015 y acreditada por la Fundación Bioquímica Argentina, lo cual garantiza el cumplimiento de estándares internacionales. Además, participa en programas de control de calidad externo y forma parte de redes de laboratorios de alta complejidad.

- 1) **Laboratorio Orellano Elorza** – Diagnóstico Bioquímico
- 2) **Go Diagnóstico Médico**. Consultorios Médicos
- 3) **Laboratorio de Genética y Biología Molecular**
- 4) **Sedes y servicios a empresas**

Esta estructura organizacional favorece un abordaje integral e interdisciplinario de las necesidades sanitarias.

En síntesis, el Laboratorio Orellano Elorza se distingue por su compromiso con la calidad, la innovación y la confiabilidad diagnóstica, constituyéndose como un actor clave en el sistema de salud de la provincia de San Luis.

El laboratorio dispone de una planta de procesamiento con un alto grado de auto-





1. Reseña Histórica

El Laboratorio Schmukler fue fundado en el año 2021 en la localidad de Ingeniero Maschwitz, naciendo de una alianza estratégica con el Centro de Diagnóstico por Imágenes ARGUS. Esta unión surgió con la firme decisión de desarrollar un establecimiento capaz de brindar un servicio integral de diagnóstico, cubriendo con excelencia las necesidades en su zona de influencia.

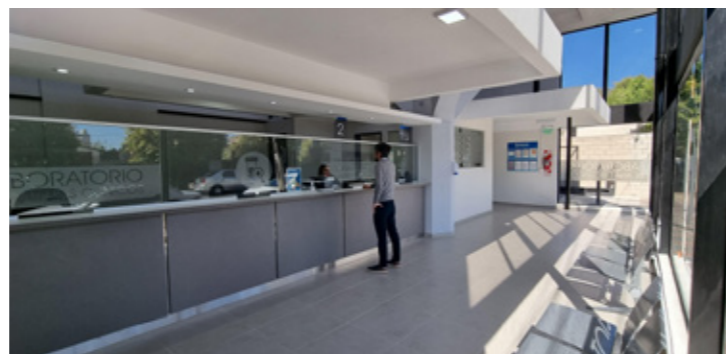
Desde el inicio de nuestras prestaciones en septiembre de 2021, hemos transitado un camino de crecimiento acelerado y expansión regional:

- **2021:** Inauguración de la sede central en **Ing. Maschwitz** (Colectora Panamericana Este 1243).
- **2022:** Apertura de nuestra sede en **Campana**, consolidando nuestra presencia en el corredor norte.
- **2024** Expansión a la localidad de **Escobar**.
- **2026:** Apertura de nuestra nueva sede en **Pilar**.

Bajo la conducción de la Dirección Técnica y Responsable de Calidad del laboratorio, nos encontramos actualmente Certificados bajo la Norma de calidad IRAM - ISO 9001:2015, con el fin de garantizar la máxima seguridad, competitividad y confianza a nuestros pacientes y profesionales médicos.

2. Nuestra Identidad

Misión



Cuidar la salud de nuestros pacientes a través de análisis clínicos de alta calidad. Nos dedicamos a brindar información diagnóstica confiable que cumpla con los requisitos técnicos necesarios para asistir al profesional médico en la toma de decisiones, utilizando tecnologías adecuadas, disponibles y accesibles.

Visión

Ser el laboratorio de la Zona Norte del GBA más comprometido con los pacientes y los médicos, destacándonos por un servicio cordial y resultados de máxima confiabilidad.

3. Nuestros Valores

Nuestra cultura organizacional se apoya en cuatro pilares fundamentales:

- **Integridad y Pertenencia:** Construimos relaciones de confianza y respeto con nuestros clientes, empleados, proveedores y la comunidad médico-científica.
- **Excelencia Profesional y Vocación de Servicio:** Buscamos superarnos día a día, poniendo a disposición los mejores recursos humanos, científicos y tecnológicos.
- **Orientación al Cliente:** Trabajamos con el compromiso de brindar un trato amable, respetuoso y personalizado en cada atención.
- **Trabajo en Equipo y Cooperación:** Compartimos conocimientos y experiencias, aportando lo mejor de cada uno con respeto y empatía para el desarrollo institucional.



Homenajes



Homenaje a Isabel Parra de Gerosa, "Betty"

Hoy no queremos hablar desde la tristeza, aunque esté. Queremos hablar desde la vida. Desde todo lo que Betty Gerosa fue.

Porque hay personas que no se van... se transforman en recuerdos que aparecen sin avisar. En risas que vuelven. En historia que seguimos contando. Y ella... va a estar siempre así, entre nosotros.

Betty nos recibe en ALAC con su total apertura y siembra una amistad que trasciende ALAC. Éramos las tres mosqueteras del sur, pero ella era la capitana de los planes, de incitar a la diversión y a disfrutar de la maravillosa naturaleza de nuestro país.

Juntas... vivimos experiencias hermosas. Recorrimos nuestra Patagonia, camina-

mos El Chaltén y sus senderos en otoño, cruzamos a Chile, kayakeamos desde Cholila hasta el Futalaufquen por Tío Arrayanes.

Estuvimos en su cabaña adorada y nos llevó en lancha por todos los lagos comunicados. Caminamos los bosques de alrededor, siempre disfrutando a fondo el lugar y su belleza.

Y hasta nos fuimos a Roma, al casino de Montecarlo... ¡Qué regalo nos hicimos!

Cuando pensamos en ella... no podemos verla de otra manera que no sea riendo, activa, siempre en movimiento, fuerte.

De esas personas que sostienen, que empujan, que están... Y profundamente solidaria. De las que no dudan en darte una mano.

Gracias, Betty, por tu fuerza, por tu alegría, por tu forma de estar en la vida. Y gracias... por habernos recibido y abra-

zado.

Pero hay algo más... y es difícil de explicar...

Era de esas personas que aportan sentido, que dejan marca...

En su Esquel amado y su lucha por el medio ambiente.

En su profesión y su lucha gremial en el Círculo de Esquel.

Entre nosotras, sus amigas...

Por eso hoy... más que despedirla... queremos agradecerle...

Por cada encuentro. Por cada viaje.

Por cada momento compartido.

Por haber sido parte de nuestras vidas y la de muchos de nosotros aquí presentes.

Nada de lo que ella construyó se detiene hoy.

Sigue.

Sigue en su trabajo.

Sigue en su historia.

Sigue con una fuerza enorme, en sus hijas...

que siguen con el mismo compromiso, con el mismo amor. Su legado continúa.

Esta placa que hoy entregamos no es una despedida.

Es un reconocimiento.

Es decirle: estuviste. Importaste. Dejaste huella.

Y qué huella...

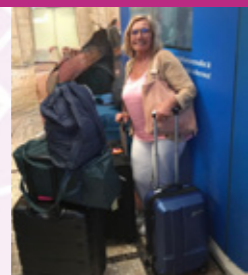
Esa huella sigue viva, permanece entre nosotros...

A sus hijas, todo nuestro cariño y respeto... y tengan la certeza de que están acompañadas.

Desde esta asociación les expresamos nuestro apoyo y nuestro reconocimiento.

Muchas gracias.

Norma Bálsamo y Liliana Bearzi



Homenajes



Homenaje a Jorge Nellem

Hablar de Jorge no es fácil. No porque falten palabras, sino porque sobra emoción. A pesar de los años transcurridos de aquel 2013 que lo despedimos. Jorge fue mi amigo. Y decir "amigo" se queda corto. Nació en Santiago del Estero, y siempre sentí que de allí traía esa manera suya de ser: sencilla, firme, leal. Después la vida lo trajo a Buenos Aires, a estudiar bioquímica en la UBA, a formarse en el Hospital de Clínicas, y a convertirse en un profesional brillante. Pero lo que más admiré de él no fue lo que sabía, sino cómo era. Jorge fue un hombre bueno. Integro. Leal. Familiar, comprometido, presente.

Un padre ejemplar de Valeria, a quien amó profundamente y de quien hablaba siempre con orgullo. Un compañero inseparable de Ana, con quien construyó una vida llena de afecto,

proyectos y silencios compartidos que no necesitaban palabras. En lo profesional fue un impulsor, un referente, un socio impulsor de ALAC, alguien que empujaba, que creía, que se jugaba. Pero incluso allí, entre números, decisiones y responsabilidades, nunca dejó de ser humano. Fue secretario, tesorero y Presidente de nuestra entidad. Para mí, Jorge fue mucho más que un colega. Fue un amigo de esos que están de verdad.

Junto a Ana y Cecilia compartimos momentos que hoy guardo como tesoros: largas charlas, risas simples, ideas disruptivas, proyectos y complicidades que no se explican. Defendía la amistad como un valor. La cuidaba. La honraba. La disfrutaba. Cómo no recordarlo en nuestros viajes

por Italia... caminando, conversando, disfrutando de cada lugar. Y proyectando la visita a otros destinos. Y cómo no sonreír al recordar su pasión por los dátiles, comiéndolos con una complicidad tan suya, Lo llamábamos "el turco", por ese origen oriental que llevaba con orgullo y humor. Había un sueño que nos quedó pendiente. Un viaje a Oriente, a Dubái, y que la vida no nos dejó hacer, cuando ya lo teníamos armado. Su partida fue temprana, injusta, cuando todavía tenía tanto por vivir, por disfrutar, por compartir. Pero Jorge sigue acá. Sigue en Ana.

Sigue en Valeria. Sigue en su nieto que no pudo conocer. Siempre proactivo poniéndose los proyectos al hombro.

Sigue en cada recuerdo que vuelve; sin pedir permiso.

Sigue en cada sonrisa que aparece cuando lo nombramos. Los amigos como Jorge no se van. Se transforman en memoria, en enseñanza, en ejemplo. Gracias, amigo, por lo compartido.

Por tu lealtad.

Por tu afecto.

Por haber sido parte de mi vida. Por la huella que dejaste en ALAC con tu entrega y espíritu sociable. Te extrañamos Jorgito.

Y te llevamos con nosotros, siempre.

Jorge, la vida nos dejó cosas sin hacer y viajes sin concretar, pero nos regaló una amistad verdadera.

Y eso, amigo, es para siempre.

Juan Carlos Rapela



Reunión ALAC 144



Reunión ALAC 144 en CABA: una nueva cita para fortalecer la calidad y el trabajo en red

Los días 16 y 17 de abril, la Asociación de Laboratorios de Alta Complejidad (ALAC) llevó adelante su Reunión N.º 144 en la Ciudad Autónoma de Buenos Aires, con Laboratorio Rapela como anfitrión y sede en el Hotel Savoy. Fiel al espíritu de estos encuentros, la actividad combinó actualización científica, intercambio profesional y espacios de vínculo entre colegas, en una agenda pensada para seguir “construyendo futuro en red”.

ALAC sostiene como ejes institucionales la calidad, el trabajo en red y la capacitación continua; en su sitio institucional destaca que la organización trabaja bajo el principio de la mejora continua y que constituye la única red de laboratorios del país certificada bajo norma ISO 9001:2015. También subraya el valor del trabajo articulado entre laboratorios de alta complejidad de distintas regiones, junto con sus contenidos y capacitaciones como parte central de su propuesta de desarrollo profesional.

En ese marco, la Reunión 144 propuso un programa robusto y multidisciplinario. La primera jornada abrió con acreditación, desayuno de networking y palabras de bienvenida, para luego abordar temas de fuerte interés para la práctica diaria: las directrices de la ISO 15189 y el uso de controles de calidad; la Lp(a) desde el desafío analítico hasta la responsa-

bilidad clínica; y la pregunta clave sobre la concordancia entre el cumplimiento normativo y la verdadera conformidad para el paciente. Más tarde, la agenda profundizó en BPO como palanca de expansión, la armonización de la fase preanalítica desde una perspectiva latinoamericana y las claves estratégicas para los laboratorios hacia 2030.

La jornada también incorporó miradas orientadas al futuro inmediato. La inteligencia artificial aplicada al laboratorio de análisis clínicos fue presentada desde un enfoque realista, mientras que el liderazgo intergeneracional abrió un espacio de reflexión sobre la gestión de equipos en contextos cambiantes. En la segunda jornada, el debate se desplazó hacia seguridad, datos e inteligencia artificial en el área IT, para luego poner en primer plano una idea central para el sector: el valor del diagnóstico como motor de la sustentabilidad del sistema de salud.

En este segundo día, además, se vivieron momentos especialmente significativos para la comunidad ALAC con la realización de dos homenajes emotivos a queridos y recordados miembros ya fallecidos: Isabel Parra de Gerosa, “Betty”, y Jorge Nellem, “el Turco”. Durante estos espacios participaron sus familiares, junto con colegas y amigos, quienes



compartieron palabras de recuerdo que destacaron su trayectoria profesional y su calidad humana. Asimismo, se proyectaron imágenes de reuniones y viajes que reflejaron su activa participación en la vida institucional de ALAC, generando un clima de profunda emoción y reconocimiento colectivo.

Como es habitual en las reuniones ALAC, el encuentro no se limitó al intercambio académico. La instancia de asamblea, junto con los espacios de networking y la cena de cierre, funcionaron como ámbitos de diálogo, fortalecimiento de

vínculos y construcción de consensos.

La Reunión 144 volvió a poner de manifiesto el valor de estos encuentros como espacios de crecimiento compartido, donde la actualización científica se integra con la dimensión humana y el sentido de pertenencia. En continuidad con este camino, ya se proyecta la próxima Reunión N.º 145, que tendrá lugar en la ciudad de Rosario con CIBIC Laboratorios como anfitrión, reafirmando el compromiso de ALAC con el desarrollo federal y el fortalecimiento de su red.



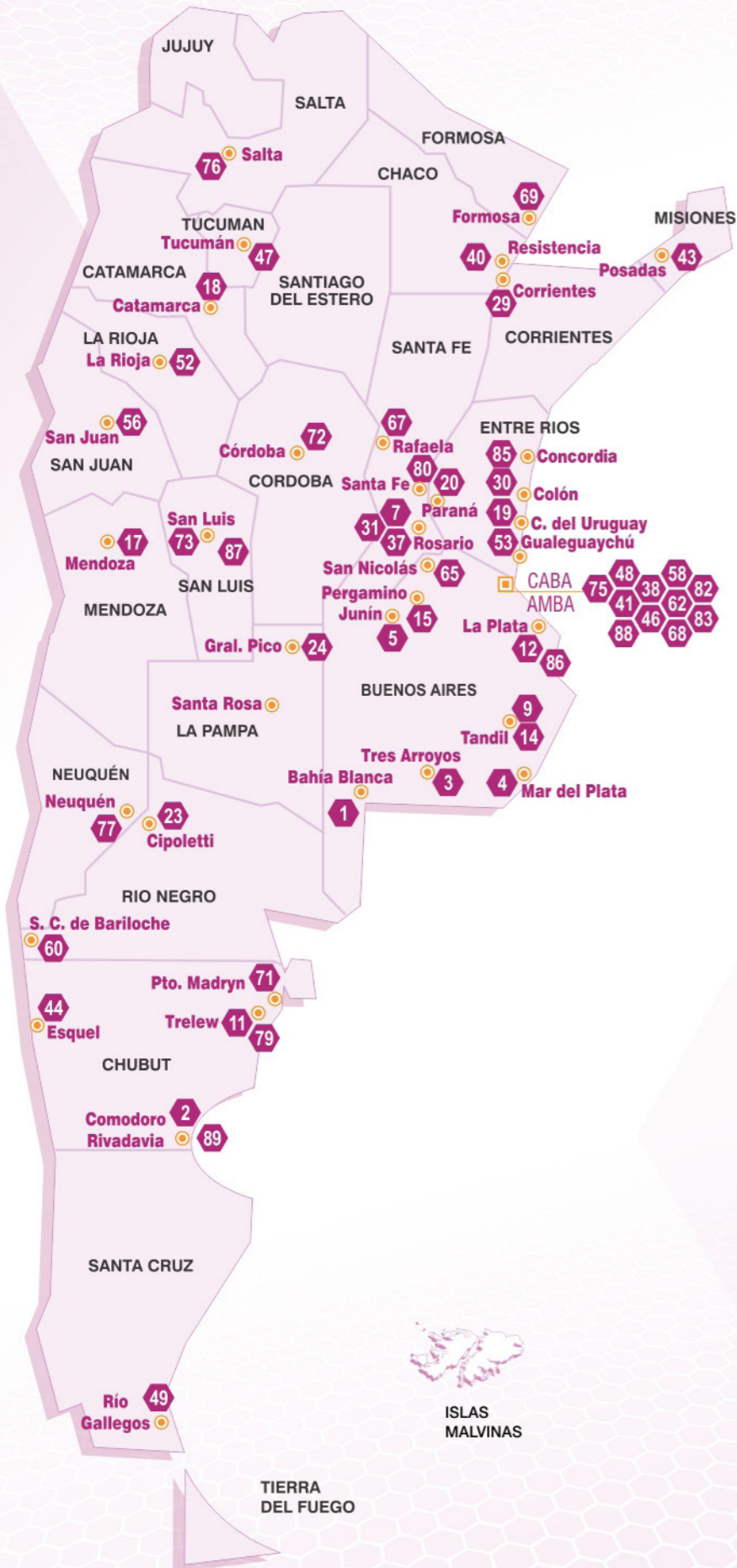
ASOCIACIÓN DE LABORATORIOS DE ALTA COMPLEJIDAD

Desde 1980 fortaleciendo la bioquímica argentina



Laboratorios postulantes





**Miembros Honorarios
Permanentes**

Dr. Adolfo Petraglia
Dr. Enrique Chernoff
Dr. Ricardo Petrazzini
Dra. Edith Merea
Dra. Marianela Fernandez
Dra. Elisa Agustí de Hidalgo
Dra. Elda Arimany de Turner
Dr. Horacio Denari

1 **IACA Laboratorios**
 Dres. Gentili R. - Gentili A. - Gentili R. (h)
 San Martín 68 Gal. Plaza (8000) Bahía Blanca, Bs. As.
 Tel.: (0291) 459 9999
 agentili@iaca.com.ar / rgentili@iaca.com.ar
 www.iaca.com.ar

2 **Bioquímica Roca S.R.L.**
 Dres. Lebrun J. - Lebrun F. - Reyes S.
 El Patagónico 761 (9000) Comodoro Rivadavia, Chubut
 Tel.: (0297) 4467156 / 4476811 - Fax: (0297) 4476811
 biomedicina@speedy.com.ar
 www.biomedicinaro.com.ar

3 **IBTA - Inst. Bioquímico Tres Arroyos**
 Dres. Cervini M.E. - Cervini J.A. - Bellusc L.R.
 Rivadavia 183 (7500) Tres Arroyos, Bs. As.
 Tel/Fax: (02983) 431347 / 431348
 administracion@ibta.com.ar / laboratorio@ibta.com.ar
 marcelocervini@ibta.com.ar
 www.ibta.com.ar

4 **Laboratorio Bioquímico Mar del Plata S.A.**
 Dres. Fares Taie H. - Fares Taie G. - Sibechi N.
 Rivadavia 3343 (7600) Mar del Plata, Bs. As.
 Tel/Fax: (0223) 4753855 al 58
 laboratorio@fares-taie.com.ar
 acinicos@fares-taie.com.ar
 www.fares-taie.com.ar

5 **Instituto de Análisis Clínicos "Dr. Héctor A. Milani"**
 Dr. Milani H.
 Rivadavia 150 (6000) Junin, Bs. As.
 Tel: (0236)- 4444060 / 4424230 / 4424236 / 4446300
 Fax: 4430594
 hecmilani@gmail.com / info@iacmilani.com.ar
 www.labonet.com.ar

7 **IBC - Instituto de Bioquímica Clínica S.R.L.**
 Dres. Scrigna J. - Solari M. - Pugliesi H.
 San Juan 1768 (2000) Rosario, Santa Fe
 Tel/Fax: (0341) 4219127 / 4260423 / 4405772
 ibclab@ibcrosario.com.ar
 www.ibcrosario.com.ar

9 **Laboratorio de Análisis Pérez Cambet**
 Dra. Azzpiroz MA, Dra. Azzpiroz MB, Dr. Molina MA
 Mitre 785 (7000) Tandil, Bs. As.
 Tel: (0249) 4426028 / 4424342 - Fax: 4424342
 labperezcambet@gmail.com

11 **LAC Trelew SRL**
 Dres. Agüero N. - Bensimon M. - Cuneo S. - Sinigaglia S.
 Moreno 326 (9100) Trelew, Chubut
 Tel.: (0280) 4420814 - Tel./Fax: 4421426
 lactrelew@speedy.com.ar
 www.lactrelew.com

12 **Laboratorio Dres. Pessacq**
 Dr. Pessacq V.
 Calle 7 N° 1557 (1900) La Plata, Bs. As.
 Tel/Fax: (0221) 4214479
 labpessacq@speedy.com.ar

14 **Laboratorio Montani**
 Dr. Montani J.C.
 Rodríguez 922 (7000) Tandil, Bs. As.
 Tel/Fax: (0249) 4443430/31
 director@montanilaboratorios.com.ar
 www.montanilaboratorios.com.ar

15 **Laboratorios Pergamino**
 Dres. Conti O. A. - Furnari C. A. - Furnari H.
 Dr. Alem 374 (2700) Pergamino, Bs. As.
 Tel/Fax: (02477) 425358 / 410461
 labperg@celpinf.com.ar

17 **Laboratorio Dr. Pérez Elizalde**
 Dres. Pérez Elizalde R. - Pérez Elizalde R. (h)
 25 de Mayo 576 (5500) Mendoza, Mendoza
 Tel: (0261) 4233063 - Tel./Fax: 4299350
 info@perezelizalde.com.ar

18 **Laboratorio Dres. Lejtman S.R.L.**
 Dres. Lejtman R. - Lejtman N.
 Tucumán 762 (4700) Catamarca, Catamarca
 Tel: (0383) 4424509 / 4431150 - Fax: 4427007
 laboratorio@laboratoriolejtman.com.ar
 www.laboratoriolejtman.com.ar

19 **Inst. Bioquímico Concepción del Uruguay**
 Dres. Gadea F. - Arca M. - Gabioud J. - Bochatay N. -
 Chappuis L. - Gadea F. (h) - García M. - Arca M. (h) - Arca F.
 Alberdi 871 (3260) C. del Uruguay, Entre Ríos
 (03442) - 427799 - Tel./Fax: 425742
 info@inbicu.com.ar
 www.inbicu.com.ar

20 **Lab. Análisis Clínicos Dr. Domingo Nanni**
 Dres. Nanni M.A. - Sandoz de Nanni S.
 Colón 122/128 (3100) Paraná, Entre Ríos
 Tel/Fax: (0343) 4310783 / 4318506 / 4310564
 laboratorio@labnanni.com.ar
 www.labnanni.com.ar

23 **IDAC S.A.**
 Dres. Kossman A.J. - Kossman A.
 Mengelle 801/11 (8324) Cipoletti, Rio Negro
 Tel/Fax: (0299) 4774488- 4785834
 idackoss@idac-laboratorios.com.ar
 akossman@idac-laboratorios.com.ar
 www.idac-laboratorios.com.ar

24 **Laboratorio Riesco S.R.L.**
 Dres. Riesco S. - Riesco O.
 Av. San Martín 328 (6360) Gral. Pico, La Pampa
 Tel: (02302) 423333 - Tel./Fax: 430878
 laboratorio@labriescosrl.com.ar

29 **Centro de Análisis Clínicos**
 Dr. Marcomini R.
 San Martín 1764 (3400) Corrientes, Corrientes
 Tel/Fax: (03794) 4463702 / 4431473
 rmarco@marcominilab.com.ar / marcominilab@gmail.com
 consultas@marcominilab.com.ar
 www.marcominilab.com.ar

30 **Centro de Diagnóstico Bioquímico**
 Dres. Hellmers C. - Raspo de Hellmers L.
 San Martín 538 (3280) Colón, Entre Ríos
 Tel/Fax: (03447) 421686
 cdbcolon@cdbcolon.com.ar
 carlos@cdbcolon.com.ar

31 **CIBIC- Centro de Diagnóstico Médico Alta Complejidad S.A.**
 Dr. Fay F.
 Pte. Roca 746 (2000) Rosario, Santa Fe
 Tel: (0341) 4253376 / 4263999 / 4722424 - Fax: 4452223
 ffay@cibic.com.ar
 www.cibic.com.ar

37 **Laboratorios de Análisis Dres. Turner S.R.L.**
 Dres. Arimany de Turner E. - Turner P. - Dip G.
 Balcarce 622 (2000) Rosario, Santa Fe | Tel: (0341) 4868500
 info@laboratorioturner.com.ar
 gdip@laboratorioturner.com.ar
 pturner@laboratorioturner.com.ar
 www.labturner.com.ar

38 **CEMIC Laboratorio Dpto. Análisis Clínicos**
 Dres. Quiroga S. - Martínez A.
 Av. E. Galván 4102 (1431) C.A.B.A
 Tel/Fax: (011) 52992262 / 52990100
 progba@cemtic.edu.ar / squiroga@cemtic.edu.ar
 amartinez@cemtic.edu.ar
 www.cemtic.edu.ar

40 **Laboratorio de Análisis Güemes**
 Dr. Lugo L. R.
 Güemes 680 (3500) Resistencia, Chaco
 Tel/Fax: (0362) 4428751
 info@labgüemes.com.ar
 www.labgüemes.com.ar

41 **Laboratorio Biomédico Dr. Rapela S.A.**
 Dres. Rapela J.C. - Rapela A. - Rapela D. - Winne V.
 Ramón Falcón 2534 (1406) C.A.B.A
 Tel: (011) 46109900/46109912/46109931 - Fax: 46109905
 jrapela@rapela.com.ar / laboratoriodt@rapela.com.ar
 calidad@rapela.com.ar
 www.rapela.com.ar

43 **CEBAC S.R.L.**
 Dr. Insaurralde C.F.
 Córdoba 1393 PB (3300) Posadas, Misiones
 Tel/Fax: (0376) 4422353 / 4436725
 carlosinsaurralde@laboratoriocebac.com.ar
 www.laboratoriocebac.com.ar

44 **Laboratorio de Análisis Clínicos Gerosa**
 Dres. Parra I. - Gerosa P. - Nazar J. - Gerosa L.
 25 de Mayo 498 (9200) Esquel, Chubut
 Tel/Fax: (02945) 452050
 iparralac@ar.inter.net

46 **LADIAC S.A.**
 Dra. Marta Blanc
 Lincoln 3872/6 (1650) San Martín, Bs. As.
 Tel/Fax: (011) 47542808
 dtecnico@ladiac.com.ar
 www.ladiac.com.ar

47 **Centro de Análisis Clínicos y Especializados**
 Dra. Chaila Zulema- Dra. Simensen de Bielke María G.
 Montegudo 368 / San Miguel de Tucumán
 Santiago 971 / San Miguel de Tucumán
 Salas y Valdez 1025 / Yerba Buena
 Tel/Fax: (0381) 4303438
 zchaila@cacetuc.com.ar / www.cacetuc.com.ar

48 **Laboratorio de Alta Complejidad Dres. Castagnino**
 Dres. Castagnino J.M. - Castagnino P. - Castagnino M.
 Sarmiento 65 Piso 1° (1870) Avellaneda, Bs. As.
 Tel/Fax: (011) 4201 7825 / 0206
 jcasta@labcastagnino.com.ar

49 **IMAG Labsur S.A.**
 Dres. Mordacci A. - Grosso O. - Irazoqui H. - Anglesio C. -
 Guillen R. - Mansilla R.
 Salta 246 (9400) Río Gallegos, Santa Cruz
 Tel/Fax: (02968) 421947
 info@imaglab.com.ar
 www.imaglab.com.ar

52 **Instituto Bioquímico Cortés - Viñes**
 Dr. Albrieu H.
 Dalmacio Vélez Sardfield 667 (5300) La Rioja, La Rioja
 Tel/Fax: (0380) 4427300 / 4426134
 ibcvlr@gmail.com

53 **INDABI Instituto de Análisis Bioquímicos**
 Goldaracena C. - Piaggio N. - Taus R. - Piaggio R. - Raffo O. -
 Piaggio O.
 Urquiza 934 (2820) Gualaquaychú, Entre Ríos
 Tel/Fax: (03446) - 424777
 robertopiaggio@indabi.com.ar / ataliapiaggio@indabi.com.ar
 www.indabi.com.ar

56 **Benelbaz y Asociados Laboratorios**
 Dres. Benelbaz G. - Benelbaz D.S. - Benelbaz Barceló E.
 9 de Julio 12 (oeste) (5400) San Juan, San Juan
 Tel/Fax: (0264) 4220143
 laboratorio@benelbaz.com.ar
 www.benelbaz.com.ar

58 **VZ Laboratorios Viniegra - Zanuso**
 Dres. Viniegra G. - Zanuso E.
 Almafuerte 3545 (1754) San Justo, Bs. As.
 Tel/Fax: (011) 4482 1472
 direccion@vzlaboratorios.com.ar
 www.vzlaboratorios.com.ar

60 **les** LABORATORIO ESPECIALIZADO DEL SUR

LES Laboratorio Especializado del Sur
Drs. Balsamo M.
20 de Febrero 612 (8400) Bariloche, Rio Negro
Tel: (0294) 4428834 - Fax: 4428848
nbalsamo@les-lab.com.ar
www.les-lab.com.ar

62 **I.E.R. S.A.**

Laboratorio LER S.A.
Dra. Calamera M. de los M.
Av. Córdoba 2077 1° "E" (1120) C.A.B.A.
Tel: (011) 4961 7848 / 4962 8481 - Fax: 4962 3581
ler@lab-ler.com.ar
www.lab-ler.com.ar

65 **BELEME** LABORATORIO

Beleme Laboratorio S.A.
Drs. Beleme C. - Beleme M.
Bolívar 248 (2900) San Nicolás, Bs. As.
Tel/Fax: (0336) 4420020
direccion@belemelaboratorio.com.ar
www.belemelaboratorio.com.ar

67 **MEGA** LABORATORIO

Mega Laboratorios
Drs. Albrecht A. - Curmona A. - Delponete M. -
Scarafia L. - Soldano V.
Maipú 535 (2300) Rafaela, Santa Fe
Tel/Fax: (03432) 505011 / 505012
mega@laboratoriomega.com.ar /
direccion@laboratoriomega.com.ar
www.laboratoriomega.com.ar

68 **LACba** laboratorio

LACBAsa-TCBA
Salguero Centro de Diagnostico
Drs. Aranda C. - Oneto A.
Salguero 560 (1177) C.A.B.A.
Tel. (001) 4860 1000 (int 179/146) / 4866 0470
www.tcba.com.ar / caranda@lacba.com.ar

69 **LABORATORIO DR. RAYMUNDO MOTTER**

Laboratorio Dr. Raymundo Motter
Dr. Motter R. (h)
Maipú 243 (3600) Formosa, Formosa
Tel/Fax: (0370) 4422822
moterlab@arnetbiz.com.ar
www.raymundomotter.com.ar

71 **BIOMADRYN** LABORATORIOS

Laboratorio Biomadryn
Dra. Bearzi L., Wargon V.
Roque Sáenz Peña 172 - (9120) Pto. Madryn, Chubut
Tel/Fax: (0280) 4454505 / Móvil: 280-4951944
lbearzi@biomadryn.com.ar
www.biomadryn.com.ar

72 **LACE** LABORATORIOS

LACE LABORATORIOS
Drs. Fernández E. - Elbarcha O.
Av Velez Sársfield 528 (5000) Córdoba, Córdoba
Tel: 0810 222 LACE (5223)
osvaldo.elbarcha@laboratoriolace.com.ar
www.laboratoriolace.com.ar

73 **LABORATORIOS LENCINA & ASOCIADOS**

LABORATORIO LENCINA Y ASOC.
Dr. Lencina L. A.
Chacabuco 433 (5700) San Luis, San Luis
Tel/Fax: (0266) 4427793 / 4427102 / 2664921014
contacto@lablencina.com / luislencina@lablencina.com
www.lablencina.com / lablencina
laboratoriolencinayasociados

75 **iacq** laboratorios Instituto de análisis clínicos quílmés

Instituto de Análisis Clínicos Quilmes
Dr. Quevedo L. H.
Gral. Paz 767 (1878) Quilmes, Bs. As.
Tel/Fax: (011) 4254 1093 / 7943
info@iacquilmes.com.ar
www.iacquilmes.com.ar

76 **LABORATORIO DE ENDOCRINOLOGÍA Y ANÁLISIS CLÍNICOS**

Laboratorio de Endocrinología y Análisis Clínicos
Dra. Ibañez G.
Dean Funes 615 (4400) Salta, Salta
Tel/Fax: (0387) 4219595
laboratoriodraibanez@gmail.com
www.endocrinolab.com.ar

77 **CLÍNICA RAÑA**

Clínica Dr. Roberto Raña- Laboratorio de Análisis Clínicos, Hematológicos y Banco de Sangre S.A.
Dr. Nadal N.
Tucumán 71 (8300) Neuquén, Neuquén
Tel: (0299) 4424729 / 4433998
nestor.nadal@lachybs.com.ar
www.clinicaraña.com.ar

79 **DIBAC**

Centro Bioquímico DIBAC S.R.L.
Drs. Carminati S. - Dayer de Riobo M.C.
San Martín 856 (9100) Trelew, Chubut
Tel.: (0280) 4425500 / 4427835 - Fax: 4421396
cebio@speedy.com.ar
www.cebio.com.ar

80 **Alkemy** LABORATORIOS

ALKEMY LABORATORIOS
Dr. Chichizola C.
Gral. López 2882 P.2 (3000) Santa Fe - Santa Fe
Tel. 0342- 4546038 / 4546039
cchichizola@alkemydiagnostico.com
www.alkemydiagnostico.com

82 **Labmedicina** ANÁLISIS CLÍNICOS

LABORATORIO DE MEDICINA S.A.
Drs. Lucas Baskin, Bbeatriz Grunfeld, Ma. Eugenia Almagro
J.M. Trelles 1566 (1416) CABA
Tel./Fax 011 - 5263-9911
lucasbaskin@labmedicina.com
www.labmedicina.com

83 **LABORATORIO GALIZIA**

LABORATORIO GALIZIA
Dra. Teresa Galizia
Cramer 1146 (1876) Don Bosco, Buenos Aires
Tel./Fax: (11) 4251-9476 / 4252-0916
galiziateresa@laboratoriogalizia.com.ar
www.laboratoriogalizia.com.ar

85 **LEBYM**

Laboratorio LEBYM
Dr. Carlos A. Corthey / Dra. María E. Blanc
B. de Irigoyen 466 (E3202FTJ) Concordia, Entre Ríos
Tel: 11 34329736
info@leby.com.ar / ccorthey@leby.com.ar
www.leby.com.ar

86 **D'AGOSTINO | BRUNO** ANÁLISIS CLÍNICOS E INMUNOLÓGICOS

LABORATORIO D'AGOSTINO BRUNO
Dr. Jorge Bruno- Dra. Liliana D'Agostino
Av. 13 Nº215- (1900) La Plata, Buenos Aires
Tel: 0810 345 4343
www.dagostino-bruno.com.ar

87 **ORELLANO ELORZA** LABORATORIOS

LABORATORIO ORELLANO ELORZA
Mitre 727, D5702 San Luis
(266) 4422708
www.laborellano.com.ar

88 **ARGUS** LABORATORIO SCHMUKLER

LABORATORIO SCHMUKLER
Colectora Panamericana Este 1243 km 42.7
Maschwitz Buenos Aires
(011) 4014-8900
www.argus.com.ar

89 **Diagnos**

DIAGNOS CENTRO MÉDICO Y BIOQUÍMICO
España 578, Comodoro Rivadavia, Chubut.
(297) 4645308
www.diagnoslab.com.ar

¡Nos vemos en Rosario!

REUNIÓN 145 ALAC

Anfitrión:

cibic
LABORATORIOS