



Memorias del



IX Foro Estudiantil de Investigación del INP

Organizadores

Coordinador General

Dr. Daniel Adrián Landero Huerta

Cuerpo de Gobierno

Dra. Mercedes Macías Parra

Directora General

Dra. Sara Elva Espinosa Padilla

Directora de Investigación

Dra. Martha Patricia Márquez Aguirre

Dirección de Enseñanza

Dra. Amalia Bravo Lindoro

Directora Médica

Lic. Gregorio Castañeda Hernández

Director de Administración

C.P. y L.D. Clarita Gregoria Soriano Aguirre

Directora de Planeación

Comisión Coordinadora del Foro:

Dra. Rosa María Viguera Villaseñor

Dr. Juan Luis Chávez Pacheco

Dra. Alejandra Aquino Andrade

Dr. Luis Fernando Valenzuela Moreno

Dra. Carolina Ma. Antonieta Romo González

Dra. Adriana Reyes León

M.V.Z. Juan Carlos López Soriano

M. en C. Aarón Rodríguez Caballero

MASS Leonardo Baruch Ríos García

Dra. María Teresa García Romero

Dra. Leda Carolina Torres Maldonado

I.B.Q. Erik Emmanuel Jandete Martínez

P.M.V.Z. Ulises Acosta Rodríguez

M. en C. Josselen Carina Ramírez Chiquito

22, 23, 24 y 25 de junio de 2026

Lunes 22 de junio

Taller 1.- Teórico – Práctico

“Introducción al acoplamiento molecular (docking)”

De 09:00 a 17:00 h.

Aula del segundo piso de la Torre de Investigación.

Ponentes:

Dr. Juan Francisco Cortés Benítez

Universidad Autónoma Metropolitana - Xochimilco

Dra. Karen Rodríguez Villar.

Universidad Autónoma Metropolitana - Xochimilco

Biol. Exp. Jesús Ulises Peña Yáñez.

Universidad Autónoma Metropolitana - Xochimilco

MC. Farmacología. Natalia Reyes Vallejo.

Universidad Autónoma Metropolitana - Xochimilco

MC. Farmacéuticas. Lizeth Yazmin Percastre Cruz.

Universidad Autónoma Metropolitana - Xochimilco

Taller 2.- Teórico

“Introducción al cultivo de células en investigación biomédica”

De 09:00 a 15:00 h.

Sala B

Ponente:

Dr. Carlos César Patiño Morales.

Hospital Infantil de México, Federico Gómez.

Martes 23 de junio

CONFERENCIA MAGISTRAL

De 09:15 a 10:00 h

M. en C. Maria Fernanda Monroy Baroja

“La formación científica en el INP: Herramientas, retos y experiencias”

**Instituto Politécnico Nacional.
CIIDIR Durango.**

Reseña curricular: María Fernanda Monroy Baroja es Médica Veterinaria por la Universidad San Francisco de Quito, Ecuador. Se graduó con la distinción Magna Cum Laude.

Realizó la Maestría en Ciencias de la Producción y Salud Animal en la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), desarrollando su proyecto de investigación en el Laboratorio de Inmunología Experimental del Instituto Nacional de Pediatría. Por su desempeño académico recibió la Mención Honorífica y la Medalla Alfonso Caso.

Asimismo, cuenta con un Máster en Bioinformática y Bioestadística por la Universidad Católica de Murcia, España.

Actualmente es candidata a Doctora en Ciencias en Biotecnología en el CIIDIR Unidad Durango del Instituto Politécnico Nacional. Su investigación se enfoca en la identificación de biomarcadores genéticos asociados a la neurotoxicidad de tratamientos oncológicos en pacientes pediátricos, con el objetivo de contribuir al desarrollo de estrategias de medicina personalizada.

Bloque 1

Moderadores: Dra. María Teresa García Romero y Dr. Juan Luis Chávez Pacheco.

10:00 a 10:20 h Nayeli Esmeralda Avalos Celis. Caracterización del retraso diagnóstico en pacientes pediátricos mexicanos con morfea.

10:20 a 10:40 h Leonel de Jesús Chávez Vera. Caracterización clínica y causas de hospitalización en pacientes con errores innatos del metabolismo: experiencia de 4 años en un centro de tercer nivel.

10:40 a 11:00 h Viridiana Rosas Espinosa. Determinación de la concentración inhibitoria mínima y concentración bactericida mínima de nanopartículas de plata comerciales sobre aislados clínicos de *Pseudomona aeruginosa* multirresistente a los antibióticos.

11:00 a 11:20 h Ana Laura Pardo Gutiérrez. Microbiota intestinal en lactantes con alergia a la proteína de la leche de vaca.

11:20 a 11:40 h Ariadne González Herrera. Patrones de sensibilización e identificación de alérgenos más comunes en pacientes pediátricos con dermatitis por contacto alérgica.

CARACTERIZACIÓN DEL RETRASO DIAGNÓSTICO EN PACIENTES PEDIÁTRICOS MEXICANOS CON MORFEA

AVALOS CELIS NAYELI ESMERALDA¹; GONZALEZ HERRERA ARIADNE¹; SCHEFFLER MENDOZA SELMA²; GARCIA ROMERO MARIA TERESA¹

¹Departamento de Dermatología, INP

²Departamento de Inmunología, INP.

PREGRADO

Antecedentes: La morfea es una enfermedad autoinmune poco frecuente caracterizada por fibrosis cutánea y de tejidos profundos. En pacientes pediátricos, el diagnóstico suele retrasarse más de 6 meses desde el inicio de los síntomas y el tratamiento adecuado hasta 16 meses; reduciendo la respuesta terapéutica y aumentando el riesgo de secuelas permanentes como contracturas, alteraciones del crecimiento y deformidades faciales. No se han estudiado factores relacionados al retraso diagnóstico en población mexicana.

Objetivo: Analizar el tiempo de retraso diagnóstico y los factores que contribuyen a la demora en el diagnóstico en pacientes con morfea.

Material y métodos: Estudio observacional, analítico, retrospectivo y transversal de pacientes pediátricos con morfea atendidos en el Instituto Nacional de Pediatría. Se utilizaron estadísticas descriptivas para resumir características demográficas y clínicas; y la prueba de Kruskal-Wallis para analizar diferencias entre grupos.

Resultados: Se incluyeron 31 pacientes, 20 (64.5%) correspondieron al sexo femenino. La edad de inicio de manifestaciones fue de $85,97 \pm 44,9$ meses y la edad al diagnóstico de $115,81 \pm 42,66$ meses. El tiempo de retraso diagnóstico fue de $29 \pm 32,28$ meses.

La mayoría de los pacientes provenían de Ciudad de México (n=18, 56.3%), seguido del Estado de México (n=9, 28.1%). Los subtipos de morfea más frecuentes fueron la morfea lineal (n=10, 32.3%), mixta (n=10, 32.3%), circunscrita (n=5, 16.1%) y síndrome de Parry-Romberg (n=5, 16.1%). El sitio de la primera lesión fue cabeza en 14 pacientes (43.8%), seguido de extremidad inferior derecha en 6 (18,8%), abdomen en 4 (12,5%) y extremidad superior e inferior izquierda con 3 casos cada uno (9.4%).

El análisis estadístico no mostró diferencias en el tiempo de retraso diagnóstico de acuerdo a sexo, estado de proveniencia, subtipos clínicos de morfea, ni sitio de primera lesión. Conclusiones: En esta cohorte de pacientes pediátricos con morfea predominó el sexo femenino, los subtipos más frecuentes fueron la morfea lineal y mixta, y se observó un retraso diagnóstico importante que evidencia la dificultad para el reconocimiento temprano de la morfea en la práctica clínica. No se encontraron diferencias en el retraso diagnóstico de acuerdo a las variables estudiadas, aunque el tamaño muestral fue limitado. Se requieren más estudios sobre la morfea pediátrica para identificar barreras para el diagnóstico.

Fuente de financiamiento: Pediatric Dermatology Research Alliance, Programa 2020/058 INP.

CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y CAUSAS DE HOSPITALIZACIÓN EN PACIENTES CON ERRORES INNATOS DEL METABOLISMO: EXPERIENCIA DE 4 AÑOS EN UN CENTRO DE TERCER NIVEL	
<u>CHÁVEZ VERA LEONEL¹; SARA GUILLÉN LÓPEZ², LÓPEZ MEJIA LIZBETH², ISABEL IBARRA GONZÁLEZ³, FERNÁNDEZ LAINEZ CYNTHIA², GÓMEZ DE BLAS PAOLA KARIME⁴, VELA AMIEVA MARCELA².</u>	
¹ <i>Pasante de la Facultad de Medicina de la Región Poza Rica, Universidad Veracruzana, 2 Laboratorio de Errores Innatos del Metabolismo y Tamiz, INP;</i> ² <i>Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM;</i> ³ <i>Servicio social de la carrera de nutriología de la Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM.</i>	Categoría: <u>LICENCIATURA</u>
Antecedentes: Los Errores Innatos del Metabolismo (EIM) constituyen un grupo heterogéneo de enfermedades monogénicas ocasionadas por defectos en enzimas, transportadores, cofactores o proteínas implicadas en diversas vías metabólicas. Estas enfermedades se asocian con alta morbilidad, discapacidad y muerte prematura. En México, el Instituto Nacional de Pediatría es un centro de referencia para el diagnóstico y tratamiento de pacientes con EIM; sin embargo, existe poca información sobre los factores relacionados con las hospitalizaciones en esta población. Objetivo: Analizar las principales causas de hospitalización y la dinámica del flujo intrahospitalario en pacientes pediátricos con diagnóstico de EIM. Material y métodos: Estudio descriptivo y retrospectivo de una cohorte de 47 pacientes pediátricos con EIM, clasificados según el tipo de trastorno metabólico, durante los últimos cuatro años. Se registraron los diagnósticos de ingreso. Los motivos de egreso se categorizaron en: alta por mejoría, alta voluntaria, egreso por máximo beneficio o defunción. Para el análisis se utilizó estadística descriptiva. Resultados: Se registraron 167 hospitalizaciones. Los pacientes con acidemias orgánicas (18 pacientes) presentaron el mayor número de ingresos hospitalarios (61/167; 36.52%). Los principales diagnósticos de ingreso fueron hiperamonemia (43/167; 25.74%), descompensación metabólica (19/167; 11.37%) y gastroenteritis (13/167; 7.78%). Dentro de los casos de hiperamonemia se identificaron ocho entidades causales distintas: deficiencia de ornitina transcarbamilasa, acidemia propiónica, aciduria 3-hidroxi-3-metilglutárica, enfermedad de orina con olor a jarabe de arce, acidemia argininosuccínica, acidemia isovalérica, acidemia metilmalónica y síndrome de hiperinsulinismo-hiperamonemia (GLUD-1). Los motivos de egreso fueron por mejoría en un 95.8% de los casos, 2.99% por defunciones y 0.59% tanto por alta voluntaria como por máximo beneficio, respectivamente. Conclusiones: Las acidemias orgánicas representaron el grupo de EIM con mayor frecuencia de hospitalización, siendo la hiperamonemia la principal causa de ingreso. La mayoría de los pacientes presentó evolución favorable y resolución en el servicio inicial de atención, lo que resalta la importancia de un diagnóstico oportuno y manejo multidisciplinario especializado para disminuir la morbilidad asociada a los EIM.	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.	

DETERMINACIÓN DE LA CONCENTRACIÓN INHIBITORIA MÍNIMA Y CONCENTRACIÓN BACTERICIDA MÍNIMA DE NANOPARTÍCULAS DE PLATA COMERCIALES SOBRE AISLADOS CLÍNICOS DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* MULTIRRESISTENTES A LOS ANTIBIÓTICOS.

VIRIDIANA ROSAS ESPINOSA¹; JIMENA MEDINA PÉREZ², ; MARTHA GEOVANA PÉREZ GARCÍA³; DIANA LAURA VILLEGAS REYES⁴; DANIELA VÁSQUEZ MEJÍA⁴; TANIA DÍAZ MARTÍNEZ⁴; MARIBEL ORTIZ HERRERA⁵; ARMANDO GERÓNIMO GALLEGOS⁵; JUAN CARLOS GUTIÉRREZ SANTANA⁵.

Laboratorio de Bacteriología Experimental . IPN
Escuela superior de medicina.

Categoría:
MAESTRÍA

Antecedentes: Las bacterias Gram negativas como *Pseudomonas aeruginosa* han comenzado a exhibir resistencia a casi todos los antimicrobianos disponibles. La infección pulmonar por este patógeno en personas con fibrosis quística (FQ) es uno de los determinantes de su muerte prematura debido a que las variantes multirresistentes a los antibióticos (MDR) reducen la efectividad de las antibioticoterapias disponibles.

Objetivo: Determinar la concentración inhibitoria mínima (*MIC*) y la concentración bactericida mínima (*MBC*) de nanopartículas de plata (*AgNPs*) comerciales sobre cepas clínicas de *P. aeruginosa* MDR aisladas de niños con *CF*.

Material y métodos: La cepa de referencia ATCC[®] 27853[™] y los antibióticos amikacina (AN) y ceftazidima (CAZ) fungieron como controles del método de microdilución en caldo, para contrastar la *MIC* y *MBC* de las *AgNPs* contra cuatro aislados clínicos de *P. aeruginosa* MDR.

Resultados: La *MIC* y *MBC* de AN contra cultivos líquidos ajustados a valores de absorbancia de 0.08-0.1 a una densidad óptica de 625 nm fueron de 16-64 µg/mL y 32-128 µg/mL, para CAZ fueron de 16 a >512 µg/mL y 32 a >512 µg/mL, mientras que para las *AgNPs* fueron de 4-16 µg/mL y 4-32 µg/mL respectivamente. La susceptibilidad de ATCC[®] 27853[™] a AN y CAZ no correspondió a los valores de referencia de las guías internacionales (~16 µg/mL y ~8 µg/mL respectivamente). La absorbancia utilizada resultó en densidades bacterianas inferiores a las requeridas para los estudios de susceptibilidad antimicrobiana.

Conclusiones: Las *AgNPs* mostraron un efecto inhibitorio y bactericida sobre cepas clínicas de *P. aeruginosa* MDR a bajas concentraciones. La heterogeneidad de las cepas de *P. aeruginosa* aisladas de pacientes con *CF* complica los estudios de susceptibilidad antimicrobiana. Los valores bajos de *MIC* y *MBC* de las *AgNPs* demuestran su utilidad para combatir variantes MDR de este patógeno.

Fuente de financiamiento: Programa E022 INP, asignado al Laboratorio de Bacteriología Experimental.

MICROBIOTA INTESTINAL EN LACTANTES CON ALERGIA A LA PROTEÍNA DE LECHE DE VACA	
<i>PARDO GUTIÉRREZ ANA LAURA^{1,2}; MONTIJO BARRIOS ERICKA³; PALACIOS GONZÁLEZ BERENICE⁴; REYES GARCÍA JUAN GERARDO²; MEDINA VERA ISABEL¹.</i>	
<i>¹Departamento de Metodología de la Investigación, INP. ²Escuela Superior de Medicina, IPN. ³Departamento de Gastroenterología y Nutrición Pediátrica, INP. ⁴Laboratorio del Envejecimiento Saludable del INMEGEN en el CiE.</i>	Categoría: <u>DOCTORADO</u>
Antecedentes: La alergia a la proteína de la leche de vaca (APLV) es una de las alergias alimentarias más frecuentes en los primeros meses de vida. Su aparición coincide con un periodo crítico de maduración del intestino, el sistema inmunológico y la microbiota intestinal. En este contexto, la microbiota participa en la regulación de la tolerancia inmunológica, por lo que alteraciones en su establecimiento pueden asociarse con cambios en la composición bacteriana, en la producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC) y en el estado inflamatorio intestinal. Objetivo: Caracterizar la microbiota intestinal en lactantes con APLV al diagnóstico y tras un mes de seguimiento, comparándola con lactantes sanos y explorando su relación con AGCC y calprotectina fecal. Material y métodos: Estudio prospectivo, longitudinal y observacional en 50 lactantes menores de cuatro meses de edad (25 con APLV y 25 sanos, pareados por edad). Se analizaron muestras fecales en dos momentos (basal al diagnóstico y a un mes de seguimiento). La microbiota se caracterizó mediante secuenciación del gen 16S rRNA. La diversidad alfa se evaluó con índices de Shannon y Simpson y la beta para explorar la estructura global. Los AGCC se cuantificaron por cromatografía de gases y la calprotectina fecal mediante inmunoensayo. Resultados: La diversidad alfa (Chao $p=0.156$; Shannon $p=0.818$; Simpson $p=0.494$) y beta ($p=0.185$) mostró estabilidad entre grupos y durante el seguimiento ($p>0.05$). Se identificaron patrones diferenciales en la composición bacteriana, destacando <i>Klebsiella</i> ($p=0.0019$) y <i>Lactobacillus</i> ($p=0.0038$), que sugieren una dinámica microbiana activa. El acetato fue menor en APLV ($p<0.001$), sin cambios en propionato ni butirato ($p>0.05$). La calprotectina fecal fue mayor al inicio ($p<0.001$) y disminuyó tras el tratamiento, reflejando mejoría del estado inflamatorio intestinal. Conclusiones: La APLV se asocia con alteraciones tempranas en la inflamación intestinal y en procesos metabólicos relacionados con la actividad bacteriana. Aunque la diversidad global no difiere, se observan cambios en la composición y en metabolitos específicos. La disminución de la calprotectina y las diferencias en acetato sugieren una modulación progresiva tras el manejo dietético.	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.	

PATRONES DE SENSIBILIZACIÓN E IDENTIFICACIÓN DE ALÉRGENOS MÁS COMUNES EN PACIENTES PEDIÁTRICOS CON DERMATITIS POR CONTACTO ALÉRGICA	
<u>GONZALEZ HERRERA ARIADNE ¹; LOMELÍ VALDEZ RODRIGO ¹; ZUÑIGA GONZALEZ MARÍA GUADALUPE ¹; BOJALIL ALVAREZ LORENA ¹; SAEZ DE OCARIZ MARIA DEL MAR¹; OROZCO COVARRUBIAS LUZ¹; GARCÍA ROMERO MARIA TERESA.¹</u>	
¹ Servicio de Dermatología, INP	SERVICIO SOCIAL
Antecedentes: La dermatitis por contacto alérgica (DCA) es una respuesta de hipersensibilidad cutánea a agentes exógenos provocando lesiones eccematosas recurrentes. Las pruebas de parche son el estándar de oro para el diagnóstico. Aunque la DCA es frecuente en adultos, los estudios pediátricos son escasos y posiblemente sea subdiagnosticada. Objetivo: Describir las características demográficas y clínicas de los pacientes pediátricos con DCA y los alérgenos más comunes. Material y métodos: Estudio descriptivo, observacional, prospectivo y transversal. Se incluyeron pacientes pediátricos mexicanos de 2 a 18 años con sospecha de diagnóstico de DCA que acudieron a dermatología entre Mayo 2025 y Abril 2026 que aceptaron participar. Se excluyeron pacientes con tratamiento para enfermedades inflamatorias/autoinmunes, y pacientes con dermatitis atópica sin piel sana para las pruebas. Resultados: Se incluyeron 24 pacientes con edad media de 11.5 (DE±4.1) años, 15 (62.5%) eran de sexo femenino. Dentro de las comorbilidades, 11 (45.8%) presentaban dermatitis atópica, 8 (33.3%) asma, 7 (29.2%) rinitis alérgica y 3 (12.5%) alergias alimentarias. Las lesiones más frecuentes fueron máculas eritematosas en 18 (75%), descamación en 13 (54.2%), placas eccematosas en 11 (45.8%) y pápulas en 9 (37.5%). La topografía más frecuente fue el dorso de manos en 9 (45%), cuello y orejas en 8 (40%), cara y espalda en 7 (35%). Los alérgenos más comunes fueron mezcla de colorantes textiles II en 9 (45%), cloruro de cobalto e hidroperóxido de limoneno en 8 (40%), níquel en 6 (30%), y formaldehído y metilisotiazolinona en 3 (15%). Conclusiones: La DCA en nuestro grupo se encontró ligero predominio en mujeres y una frecuencia importante de dermatitis atópica y asma concomitante, además ocurrió más frecuentemente por sensibilización a colorantes textiles, cloruro de cobalto en pinturas y aleaciones dentales, hidroperóxido de limoneno en fragancias o cosméticos, níquel presente en joyería, formaldehído presente en desinfectantes, antisépticos, desodorantes y en cosméticos o champús al igual que la metilisotiazolinona, además de esté último también estar presente en detergentes. La distribución anatómica de las lesiones predominantemente en dorso de manos, cuello y orejas parece corresponder con las áreas de exposición o aplicación de los productos mencionados. La identificación y posterior evitación de estos alérgenos es fundamental para el manejo de la DCA pediátrica.	
Fuente de financiamiento: Fundación Eczema de Pierre Fabre, INP: 2024/20	

Bloque 2

Moderadores: Dra. Adriana Reyes León y M. en C. Aarón Rodríguez Caballero.

12:00 a 12:20 h Maya Galilea Barro Lerma. Descripción microscópica del páncreas endocrino de cerdos miniatura a 30 días post ablación química.

12:20 a 12:40 h Karina Briones López. Análisis de expresión de variantes de splicing de *PCNA* en la leucemia linfoblástica aguda.

12:40 a 13:00 h Dana Paulina Reyes Romo. Patrones dietarios a posteriori y su asociación con composición corporal en pacientes pediátricos.

13:00 a 13:20 h Ana Paulina Ortega Godínez. El DNA tumoral circulante en biopsia líquida como herramienta para la detección temprana de la transformación del tumor maligno de la vaina del nervio periférico en pacientes con neurofibromatosis tipo 1.

13:20 a 13:40 h Brayan Felipe González Lozano. Determinación de la frecuencia de aberraciones cromosómicas de los linfocitos T en supervivientes de leucemia linfoblástica aguda de células B pediátricas.

13:40 a 14:00 h Sebastián Pacheco Gutiérrez. Efecto de los fructanos del agave sobre la microbiota fecal de niños con bacterias resistentes a antibióticos y el papel de *Blautia* como indicador de la comunidad bacteriana.

14:00 a 14:20 h Ángeles Marié Rodríguez Oropeza. Susceptibilidad antimicrobiana y diversidad clonal de *Acinetobacter baumannii* en un hospital pediátrico de tercer nivel.

14:20 a 14:40 h Claudia Marisol Villarruel Melquiades. Polimorfismos de un solo nucleótido asociados a malnutrición, rasgos antropométricos y bioquímicos, en niños y niñas de la comunidad semirural Tlaltizapán, Morelos.

14:40 a 15:00 h Marco Antonio Mejía Barrera. Determinación de la edad biológica de un grupo de pacientes con Anemia de Fanconi mediante relojes epigenéticos.

DESCRIPCIÓN MICROSCOPICA DEL PÁNCREAS ENDOCRINO DE CERDOS MINIATURA A 30 DÍAS POST ABLACION QUÍMICA.	
<u>MAYA GALILEA BARRO-LERMA¹, CORAL SACNICTE BARRO-LERMA¹, BEATRIZ PÉREZ-GUILLÉ¹, LEONARDO BARUCH RÍOS-GARCÍA¹, JOSÉ FRANCISCO GONZÁLEZ-ZAMORA¹, AILEMA GONZÁLEZ-ORTIZ¹, JESÚS ABRAHAM CASTILLO-ÁVILA¹, EDUARDO FARFÁN-MORALES³, CARLOS CEDILLO-PELÁEZ², ROSA E. SORIANO-ROSALES¹.</u>	
<u>1. Centro de Investigación Traslacional INP, 2. Laboratorio de Inmunología Experimental INP, 3. Departamento de Anatomía Patológica.</u>	Categoría: <u>Servicio Social</u>
Antecedentes: El cerdo representa un modelo traslacional relevante para la diabetes debido a sus similitudes anatomofisiológicas con el humano. Para este modelo, se utilizan 150 mg/kg de estreptozotocina (STZ) debido a su citotoxicidad hacia las células β. Diversos estudios en modelos animales describen alteraciones histológicas; sin embargo, en el cerdo miniatura, la descripción microscópica de los islotes pancreáticos es limitada. Objetivo: Describir las características microscópicas del páncreas endocrino de cerdos miniatura a los 30 días post-ablación química pancreática. Material y métodos: Estudio observacional y descriptivo. Se analizaron siete páncreas de cerdo miniatura: cinco tratados con STZ y dos controles. Se realizó la técnica histológica de rutina e inmunohistoquímica (IHQ) con anticuerpos anti-insulina. De cada cerdo se analizaron dos laminillas de cabeza, cuerpo y cola del páncreas. Las laminillas se digitalizaron con Aperio CS2 (Leica®) y se analizaron con el software Aperio ImageScope (Leica®) y QuPath para IHQ. De cada laminilla se contó el número de islotes y se midió el área total del tejido endocrino y exocrino, así como el porcentaje de positividad a insulina. Se realizó la prueba t de Student para evaluar las diferencias entre los grupos. Resultados: En los cerdos tratados con STZ se encontró una media de 45.5 islotes/cm² en la cabeza, mientras que los cerdos sanos presentaron 189 islotes/cm² (p = 0.005). En el cuerpo, los cerdos tratados presentaron 40.5 islotes/cm², en comparación con 189 islotes/cm² en los cerdos control (p = 0.024). Finalmente, en la porción caudal, los cerdos tratados presentaron 45 islotes/cm², mientras que los cerdos control mostraron 201 islotes/cm² (p = 0.005). En la IHQ se encontraron los siguientes resultados: cabeza (tratado 18% de positividad vs. control 37%; p < 0.05), cuerpo (tratado 14% vs. control 69%; p < 0.001) y cola (tratados 10% vs. control 100%). Conclusiones: Se observó una disminución significativa tanto en el número de islotes por cm² como en el porcentaje de positividad a insulina en los cerdos tratados con STZ, en comparación con los controles sanos en las regiones de cabeza, cuerpo y cola pancreática (p < 0.05).	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.	

ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DE VARIANTES DE SPLICING DE PCNA EN LA LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA	
<u>(1,2) BRIONES LÓPEZ KARINA, (1) RAMÍREZ-CHIQUITO JOSSELEN CARINA, (1) OLGUÍN-GARCÍA ANA CONSUELO, (3) GALVAN-DÍAZ CESAR ALEJANDRO, (4)LÓPEZ-SANTIAGO NORMA Y (1,5) JUÁREZ-MÉNDEZ SERGIO</u>	
<u>(1)Laboratorio de Oncología Experimental, (2) Facultad de Química, UNAM. (3) Servicio de Oncología, (4) Servicio de Hematología (5) Laboratorio de Patología Molecular, INP.</u>	Categoría: <u>LICENCIATURA</u>
Antecedentes: La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer infantil más frecuente, caracterizado por la proliferación descontrolada de células linfoides inmaduras en la médula ósea, que pueden diseminarse hacia la circulación periférica y otros tejidos. El <i>PCNA</i> es importante para la replicación y reparación del ADN, la proteína forma un anillo homotrimérico que envuelve y se desliza a lo largo de la cadena de ADN actuando como factor auxiliar de las polimerasas de replicación δ y ϵ, aumentando la procesividad. El <i>splicing</i> es un proceso fundamental de la regulación génica en donde se procesa el pre-mRNA dando lugar a un mRNA maduro al unir exones y eliminar intrones, en el <i>splicing</i> alternativo se producen variaciones, resultando en isoformas a partir de un mismo pre-RNA mensajero. Objetivo: Analizar datos de secuenciación de lectura larga para la identificación y caracterización de variantes de <i>splicing</i> alternativo de <i>PCNA</i>. Material y métodos: El análisis bioinformático de secuenciación fue realizado en Galaxy. En IGV las lecturas fueron visualizadas y se realizaron <i>Sashimi plots</i> en donde se detectó una variante de <i>splicing</i> no reportada. Posteriormente se diseñaron oligonucleótidos específicos para la variante identificada, se estandarizaron las condiciones de los oligonucleótidos con PCR punto final y se procedió con la validación por medio de PCR digital con muestras de 39 pacientes y 20 controles, obteniendo datos de expresión que se normalizaron con los datos de expresión del gen de referencia UQCRC2, estos se analizaron estadísticamente en GraphPad Prism 10. Resultados: En el <i>Sashimi plot</i> se identificó una variante no reportada de <i>PCNA</i>, la omisión del exón 3. El producto de la PCR punto final es del tamaño esperado de 123 pb. Se compararon los datos de expresión resultantes de la dPCR, existe diferencia significativa entre el grupo de pacientes LLA-B y controles, evidenciando un aumento en la expresión de la variante en los pacientes $p < 0.05$. Conclusiones: En la secuenciación se encontró una nueva variante de <i>PCNA</i>, la omisión del exón 3, que se encuentra sobreexpresada en pacientes con LLA-B, la variante podría ser un potencial marcador diagnóstico de la enfermedad.	
Fuente de financiamiento: Conacyt 272633	

PATRONES DIETARIOS A POSTERIORI Y SU ASOCIACIÓN CON COMPOSICIÓN CORPORAL EN PACIENTES PEDIÁTRICOS.	
<u>REYES-ROMO DANA^{1,2,3}; REYES-MEDINA LISSETTE², DOMÍNGUEZ-BARBOSA ANDREA^{1,4}, SALVADOR-QUEZADA MARIEL¹, PALACIOS-GONZÁLEZ BERENICE², MEDINA-VERA ISABEL¹</u>	
¹ Metodología de la Investigación, INP; ² Laboratorio de Envejecimiento Saludable, Instituto Nacional de Medicina Genómica, Centro de Investigación Sobre Envejecimiento; ³ Facultad de Química, Programa de Doctorado en Ciencias Médicas, Odontológicas y de la Salud UNAM; ⁴ Facultad de Medicina, Programa de Doctorado en Ciencias Médicas, Odontológicas y de la Salud UNAM.	Categoría: MAESTRÍA
Antecedentes: Los patrones dietarios representan un enfoque integral para evaluar la relación entre la alimentación habitual y los desenlaces en salud. Debido a la alta prevalencia de obesidad infantil, resulta relevante estudiar la exposición dietaria desde una perspectiva global y analizar su asociación con variables de composición corporal, ya que la evidencia disponible en población pediátrica continúa siendo limitada. Objetivo: Identificar patrones dietarios <i>a posteriori</i> y evaluar su asociación con variables de composición corporal en pacientes pediátricos. Material y métodos: Estudio observacional y transversal en población pediátrica. La composición corporal se evaluó mediante antropometría e impedancia bioeléctrica multifrecuencia, y el estado nutricional con percentiles IMC/Edad de CDC. Se recabó información clínica, actividad física, nivel socioeconómico, tiempo de sueño y exposición a pantallas. La ingesta dietética se evaluó con el cuestionario de frecuencia de consumo de los últimos 7 días. Los patrones dietarios a posteriori se identificaron mediante análisis factorial de componentes principales. Se aplicaron modelos de regresión lineal múltiple y logística ajustados por sexo, edad, consumo energético y actividad física para evaluar su asociación con el área de grasa visceral. Resultados: Se identificaron tres patrones dietarios. El Patrón 1 se caracterizó por un mayor consumo de frutas, verduras, cereales integrales, pescados, oleaginosas y sopas. El Patrón 2 presentó mayor consumo de quesos, comida rápida, leguminosas, aves, bebidas azucaradas y tortilla. El Patrón 3 se caracterizó principalmente por el consumo de cereales refinados y antojitos mexicanos. En los modelos ajustados por sexo, edad, consumo energético y actividad física, el Patrón 2 mostró una asociación positiva con mayor área de grasa visceral (OR = 1.61; IC 95%: 1.01–2.58; <i>p</i> = 0.046). Por otro lado, el Patrón 1 presentó una asociación inversa con el área de grasa visceral en el modelo de regresión lineal múltiple (β = -8.92; IC 95%: -17.03 a -0.80; <i>p</i> = 0.031). No se observaron asociaciones significativas para el Patrón 3. Conclusiones: Se identificaron tres patrones dietarios con un perfil nutricional distinto en población pediátrica. Se sugiere que un patrón con mayor contenido de proteína y lípidos se asocia con mayor área de grasa visceral, mientras que un patrón con mayor contenido de fibra puede tener un efecto protector respecto al área de grasa visceral.	
Fuente de financiamiento: SECTEI 2173c23	

EL DNA TUMORAL CIRCULANTE EN BIOPSIA LÍQUIDA COMO HERRAMIENTA PARA LA DETECCIÓN TEMPRANA DE LA TRANSFORMACIÓN DEL TUMOR MALIGNO DE LA VAINA DEL NERVIO PERIFÉRICO EN PACIENTES CON NEUROFIBROMATOSIS TIPO 1.	
ORTEGA GODÍNEZ ANA PAULINA¹; REYNA FABIÁN MIRIAM E¹; HERNÁNDEZ MARTÍNEZ NANCY L¹; GONZÁLEZ SANTIESTEBAN DIANA¹; VELÁZQUEZ ARAGÓN JOSÉ ANTONIO²; VELASCO HIDALGO LILIANA³; AGUILAR ORTÍZ MARCO ANTONIO³; HERNÁNDEZ ARRAZOLA DANIEL⁴; DÍAZ MACHORRO RODRIGO⁴; PÉREZ PEÑA DIAZ CONTI JOSÉ MARIO⁵; SARMIENTO ABRIL MARCO ANTONIO⁶, FERNÁNDEZ HERNÁNDEZ LILIANA¹.	
<i>Laboratorio de Biología Molecular¹; Laboratorio de Oncología Experimental²; Servicio de Oncología³; Servicio de Oncología Quirúrgica⁴; Departamento de Anatomía Patológica⁵; Servicio de Radiología e Imagen⁶, INP.</i>	Categoría: <u>SERVICIO SOCIAL MEDICINA</u>
Antecedentes: La Neurofibromatosis tipo 1 (NF1) es el síndrome hereditario de predisposición al cáncer más frecuente, con una prevalencia aproximada de 1:3,000 personas. Hasta 50% de los pacientes desarrollan neurofibromas plexiformes (NP), y entre 8–15% presentan transformación a tumor maligno de la vaina del nervio periférico (TMVNP), principal causa de mortalidad en NF1, con una sobrevida global a 5 años cercana al 20%. El mal pronóstico se relaciona directamente con el diagnóstico tardío, ya que las herramientas convencionales de imagen y biopsia continúan siendo insuficientes para detectar oportunamente la transformación maligna. Objetivo: evaluar el papel del DNA tumoral circulante (ctDNA) mediante biopsia líquida como herramienta para la detección temprana, estratificación de riesgo y monitoreo dinámico de transformación maligna en pacientes con NF1. Material y métodos: Se desarrolla un estudio prospectivo, longitudinal y exploratorio en 15 pacientes con NF1 y NP y/o sospecha clínica de TMVNP, atendidos en el Instituto Nacional de Pediatría. Se realiza análisis de ctDNA/cfDNA en sangre periférica mediante secuenciación de nueva generación dirigida a genes asociados con transformación maligna. Resultados: Se presentan resultados preliminares de tres pacientes. En una paciente con sospecha de neurofibroma atípico, una biopsia líquida negativa permitió mantener un abordaje conservador y evitar procedimientos invasivos innecesarios. En un segundo paciente, con sospecha clínica y radiológica por PET-CT, la biopsia líquida identificó una inversión <i>KRTAP5-4:KRTAP5-10</i> asociada a mecanismos de invasión vascular tumoral, así como inestabilidad de microsatélites alta (MSI-H), en un contexto compatible con ANNBP y NP difuso. En un tercer paciente con TMVNP confirmado, se detectó una translocación con inactivación de <i>CDKN2A</i>, una de las principales vías genómicas implicadas en transformación maligna. Conclusiones: Nuestros hallazgos sugieren que la biopsia líquida mediante ctDNA podría transformar el seguimiento clínico de la NF1 al permitir una detección molecular más temprana, hasta 90 días antes que los estudios de imagen, mejorar la estratificación de riesgo y optimizar la toma de decisiones terapéuticas mediante un método mínimamente invasivo. Esta estrategia tiene el potencial de modificar la historia natural de la enfermedad y reducir significativamente la mortalidad asociada al TMVNP en pacientes con NF1.	
Fuente de financiamiento: Ciencia Básica y de Frontera CBF-I-2411, SECIHTI	

DETERMINACIÓN DE LA FRECUENCIA DE ABERRACIONES CROMOSÓMICAS DE LOS LINFOCITOS T EN SUPERVIVIENTES DE LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA DE CÉLULAS B PEDIÁTRICA	
<u>GONZÁLEZ LOZANO BRAYAN^{1,2}, MOLINA ÁLVAREZ BERTHA¹, BAZÁN SOLORZANO DIANA¹, SANCHEZ SANDOVAL SILVIA¹, GONZALEZ PEDROZA LOURDES³, LOPEZ SANTIAGO NORMA³, FRIAS VAZQUEZ SARA^{1,4}</u>	
¹ Laboratorio de Citogenética, Instituto Nacional de Pediatría; ² Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM; ³ Servicio de hematología del instituto nacional de pediatría; ⁴ Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.	Categoría: <u>MAESTRÍA</u>
Antecedentes: La leucemia linfoblástica aguda de células B (LLA-B) es el cáncer más común en la población pediátrica, representa el 85% de los casos. Se define por la producción excesiva de linfocitos inmaduros dada por alteraciones genéticas en células progenitoras. El tratamiento estándar se basa en quimioterapia, con o sin radioterapia, utilizando agentes, reconocidos como genotóxicos en modelos animales y células in vitro. Son eficientes, pero no específicos para eliminar células tumorales, por lo que muchos supervivientes desarrollan condiciones crónicas de salud. A la fecha, no se ha determinado en pacientes cómo la combinación de estos agentes afecta el genoma de los linfocitos T, ni si la carga mutacional varía con el tiempo tras la exposición. Esta falta de información limita la evaluación de riesgos a largo plazo y el desarrollo de estrategias de monitoreo y manejo de complicaciones en supervivientes de LLA-B. Objetivo: Determinar la frecuencia y tipo de alteraciones cromosómicas presentes en linfocitos de sangre periférica de supervivientes a LLA-B pediátrica 4-6 años después de haber recibido el tratamiento anticáncer. Material y métodos: Se obtuvieron 4 muestras de sangre periférica de individuos sanos y 10 de pacientes captados en el servicio de hematología del INP, 4 pacientes pretratamiento y 6 pacientes 4-6 años después del tratamiento. Se hicieron cultivos celulares estimulados con fitohemaglutinina, cosechados convencionalmente y se realizó la técnica de M-FISH para observar alteraciones cromosómicas con alta resolución. Para cada caso se analizaron aproximadamente 100 metafases. Resultados: Hasta el momento se han analizado las muestras de 5 individuos: un sujeto sano con 8% de células aberrantes (CA) y una frecuencia de aberraciones por célula (ab/cel) de 0.09; dos casos pretratamiento que presentaron 15.7% y 25.0% de CA y una frecuencia de 0.31 ab/cel en ambos casos; y dos casos postratamiento que presentaron 43.4% y 34.1% de CA y frecuencias de 0.76 y 0.74 ab/cel, respectivamente. Al comparar la frecuencia entre pre vs postratamiento, la prueba U de Mann-Whitney, mostró P cercana a la significancia estadística (0.061). Conclusiones: Aunque el estudio aún está en desarrollo, se observa que las frecuencias de CA y ab/cel de los pacientes postratamiento, son mayores que las de los pacientes pretratamiento y de los sanos, sugiriendo daño genotóxico inducido por el tratamiento.	
Fuente de financiamiento: CONAHCYT, Ciencia de Frontera CF-2023-2024-2990. Beca SECIHTI bajo el número CVU 2171927	

EFFECTO DE LOS FRUCTANOS DEL AGAVE SOBRE LA MICROBIOTA FECAL DE NIÑOS CON BACTERIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS Y EL PAPEL DE BLAUTIA COMO INDICADOR DE LA COMUNIDAD BACTERIANA	
<i>PACHECO GUTIERREZ SEBASTIAN¹, FERNÁNDEZ LAINEZ CYNTHIA², GARCÍA TORRES ITZHEL¹, REYNA FABIÁN MIRIAM ERANDI³, LÓPEZ VELÁZQUEZ GABRIEL¹</i>	
¹ <i>Laboratorio de Biomoléculas y Salud Infantil, INP.</i> ² <i>Laboratorio de Errores Innatos del Metabolismos y Tamiz, INP.</i> ³ <i>Laboratorio de Biología Molecular, INP</i>	<u>DOCTORADO</u>
Antecedentes: existen billones de microorganismos que habitan nuestro cuerpo. Se ha clasificado a las composiciones en 3 géneros predominantes (Prevotella, Bacteroides y Ruminococcus/Blautia) definidos como Enterotipos. Se ha reportado que una microbiota diversa y con predominancia de representantes de Bacteroidetes y Firmicutes, es un indicador de bienestar. Un desbalance en estas proporciones (disbiosis) se relaciona con múltiples enfermedades. Además, se ha demostrado que la disbiosis nos vuelve más propensos a ser colonizados con bacterias resistentes a antibióticos. Estos microorganismos representan uno de los mayores riesgos sanitarios actuales y con mayor proyección. Dado que los fructanos derivados del agave tienen un efecto benéfico en el intestino, queremos evaluar su efecto sobre las comunidades bacterianas fecales de niños hospitalizados colonizados con bacterias resistentes a antibióticos. Objetivo: evaluar el efecto que tienen los fructanos del agave sobre la microbiota fecal de niños hospitalizados con presencia de bacterias resistentes a antibióticos Material y métodos: se recolectaron muestras fecales de niños mexicanos con bacterias resistentes a carbapenémicos. 0.4g de cada muestra se incubaron durante 36h en condiciones anaeróbicas, cada muestra se incubó con los diferentes fructanos del agave, la 2-FL, sus combinaciones y glucosa como comparación. Previo y posterior a fermentar se extrajo ADN, éste se secuenció por NanoPore. Los datos crudos fueron procesados usando QIIME2, los análisis posteriores y gráficas en R. Resultados: de manera general, los géneros Enterococcus (En) y Escherichia-Shigella (E-S) se vieron mayormente beneficiados, sin embargo, la glucosa favorece particularmente el crecimiento de E-S, mientras que el fructano C (GTFC) beneficia particularmente a En. También, todos los tratamientos mantuvieron los índices de diversidad alfa prácticamente al doble de lo obtenido con glucosa. En un par muestras observamos que el enriquecimiento de E-S se vió disminuido incluso al fermentar con glucosa, la composición inicial de estas muestras mostró un porcentaje predominante del género Blautia, correspondiendo al enterotipo 3, sugiriendo que tiene una correlación positiva con el género En y negativa con E-S. Conclusiones: comparado con glucosa, los fructanos de agave favorecen el crecimiento de Enterococcus, este efecto es más pronunciado con GTFC. Blautia parece tener un papel importante en el crecimiento de enterobacterias.	
Fuente de financiamiento: Conacyt CF-2023-I-42. Programa INP 2024/060.	

SUSCEPTIBILIDAD ANTIMICROBIANA Y DIVERSIDAD CLONAL DE ACINETOBACTER BAUMANNII EN UN HOSPITAL PEDIÁTRICO DE TERCER NIVEL	
<u>RODRÍGUEZ-OROPEZA A. MARIÉ^{1,2}; BAUTISTA-HERNANDEZ RUBEN^{2,3}; AQUINO-ANDRADE ALEJANDRA²; MERIDA-VIEYRA JOCELIN²; DE COLSA-RANERO AGUSTÍN⁴; BELMONT MONROY LAURA²</u>	
¹ <u>Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla, Facultad de Medicina.</u> ² <u>Laboratorio de Microbiología Molecular, INP</u> ³ <u>Posgrado de Biomedicina y Biotecnología Molecular IPN</u> ⁴ <u>Departamento de Infectología INP</u>	Categoría: <u>Servicio Social</u>
Antecedentes: <i>Acinetobacter baumannii</i> representa una amenaza crítica para la salud pública por su persistencia ambiental y la plasticidad genómica que le permite adquirir mecanismos de resistencia. En entornos pediátricos, este patógeno causa infecciones invasivas graves con opciones terapéuticas limitadas. En México, la vigilancia molecular de los linajes que circulan en hospitales pediátricos de tercer nivel es todavía insuficiente. Objetivo: Determinar los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana y la diversidad clonal de aislamientos de <i>A. baumannii</i> de infecciones de pacientes pediátricos. Material y métodos: Se realizó un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo que incluyó 33 aislamientos de <i>A. baumannii</i> obtenidos en el Instituto Nacional de Pediatría entre 2013 y 2025. La susceptibilidad antimicrobiana se determinó mediante difusión en disco con base en los criterios del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). La tipificación molecular se realizó por Tipificación de Secuencias Multilocus (MLST). Resultados: Se detectaron niveles de resistencia del 63.6% a carbapenémicos, 72.7% a cefalosporinas de tercera generación, y en 66.7% para fluoroquinolonas y piperacilina-tazobactam. El análisis genético reveló que el 51.5% de la muestra pertenece a tres linajes: ST473 (18.8% n=6), ST3 (18.18% n=6) y el complejo ST758/611 (15.15% n=5). Estos tres grupos concentran la mayoría de los casos de multiresistencia. Conclusiones: La presencia de las clonas de alto riesgo, ST3, ST758 y ST473 en áreas críticas como la UTIP evidencia su capacidad de adaptación ambiental. Estos hallazgos obligan a reforzar la vigilancia genómica constante y a ajustar los programas de optimización de antibióticos para frenar la propagación de estas cepas en la población pediátrica.	
Fuente de financiamiento: Recurso fiscal Modalidad A y B 2017/018 2023/013 UTIP	

POLIMORFISMOS DE UN SOLO NUCLEÓTIDO ASOCIADOS A MALNUTRICIÓN, RASGOS ANTROPOMÉTRICOS Y BIOQUÍMICOS, EN NIÑOS Y NIÑAS DE LA COMUNIDAD SEMIRRURAL TLALTIZAPÁN, MORELOS	
<u>VILLARRUEL MELQUIADES CLAUDIA MARISOL ¹; FERNÁNDEZ HERNÁNDEZ LILIANA ²; HERNÁNDEZ MARTÍNEZ NANCY L. ³; CERRITOS FLORES RENÉ ⁴; VELÁZQUEZ ARAGÓN JOSÉ A. ⁵; MEDINA VERA ISABEL ⁶; REYNA FABIÁN MIRIAM E. ⁷</u>	
<u>Laboratorio de Biología Molecular, INP.</u>	Categoría: <u>MAESTRÍA</u>
Antecedentes: El término malnutrición se refiere al desequilibrio en la ingesta de nutrientes, englobando un consumo excesivo (sobrenutrición) o la deficiencia en el consumo (desnutrición) de uno o más nutrientes. En México, se estima que aproximadamente el 40% de la población entre los 5 y 19 años presenta sobrepeso y obesidad, lo cual refleja un grave problema de salud pública. Tlaltizapán de Zapata es una comunidad semirrural en Morelos, con factores que predisponen a malnutrición en niños. El riesgo a desarrollar obesidad es multifactorial, siendo la genética de los individuos una de las causas demostradas. Se ha reportado la asociación de variantes genéticas de un solo nucleótido (SNVs) con la obesidad y algunos parámetros antropométricos y bioquímicos relacionados con el desarrollo de dicha enfermedad. Objetivo: Evaluar la asociación entre variantes de un solo nucleótido y marcadores antropométricos, bioquímicos e inflamatorios relacionados con la malnutrición en población pediátrica de Tlaltizapán, Morelos. Material y métodos: Se incluyeron a 94 niños y niñas de entre 4 y 14 años, residentes de la región de Tlaltizapán, Morelos. Se les tomó una muestra de sangre periférica y se extrajo su DNA para realizar la genotipificación de SNVs mediante la técnica de microarreglo. Se consideraron SNVs previamente reportados en la bibliografía que presentaron asociaciones con malnutrición, rasgos antropométricos y bioquímicos en población mexicana. El análisis de los datos se realizó mediante pruebas de regresión lineal y logística para el cálculo de la razón de momios, esto mediante el software R. Resultados: Se identificaron alrededor de 20 SNVs con asociaciones tanto protectoras como de riesgo para la malnutrición y otros parámetros, como el pliegue cutáneo tricipital, el nivel de triglicéridos, colesterol, HDL, LDL, insulina, glucosa e interleucina 6. Los genes asociados están involucrados principalmente en procesos como la saciedad, el metabolismo de grasas y la inflamación. Conclusiones: Este estudio identifica asociaciones entre SNVs y marcadores clínicos relacionados con malnutrición en población pediátrica mexicana, lo que sugiere la posible contribución de factores genéticos a la variabilidad antropométrica y metabólica en esta población.	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP (2024-2025). Protocolo INP: 018/2023	

DETERMINACIÓN DE LA EDAD BIOLÓGICA EN UN GRUPO DE PACIENTES CON ANEMIA DE FANCONI MEDIANTE RELOJES EPIGENÉTICOS	
<u>MEJÍA BARRERA MARCO ANTONIO ^{1,2}; ENYA ENARA MARTÍNEZ TORRES ^{1,2}; ULISES JUÁREZ FIGUEROA ¹, LEDA TORRES MALDONADO ¹, MOISES O. FIESCO ROA ¹, BENILDE GARCÍA DE TERESA ¹, JUAN CARLOS GÓMEZ VERJAN ³, JORGE MELÉNDEZ ZAJGLA ⁴, ALFREDO RODRÍGUEZ GÓMEZ ^{5,6}, SILVIA SANCHEZ SANDOVAL ¹, BERTHA MOLINA ÁLVAREZ ¹, SARA FRIAS ¹.</u>	
¹ Laboratorio de Citogenética, INP. ² Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM. ³ INGER. ⁴ Laboratorio de Genómica Funcional del Cáncer, INMEGEN. ⁵ Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, IIB, UNAM. ⁶ Laboratorio de Falla Medular y Carcinogénesis, INP.	Categoría: <u>DOCTORADO</u>
Antecedentes: La anemia de Fanconi (AF) es un síndrome de inestabilidad cromosómica y de falla medular dado por variantes patogénicas en alguno de los 23 genes de la vía FA/BRCA. Los pacientes presentan alteraciones del desarrollo, falla medular y predisposición a cáncer como leucemia mieloide aguda (LMA). Algunas clonas en la médula ósea (MO) con alteraciones como dup1q, dup3q, del7q y -7 incrementan el riesgo a desarrollar LMA. La metilación del DNA es un mecanismo epigenético importante en la célula y ocurre mayormente en los sitios CpG y cambios en el patrón se han asociado al envejecimiento. Los relojes biológicos de metilación pueden estimar la edad biológica a partir de los patrones de metilación, el reloj de Horvath es uno de los más utilizados. Los pacientes con AF presentan diferentes características del envejecimiento biológico como inestabilidad genómica y alteraciones epigenéticas, por lo que se ha propuesto como un síndrome de envejecimiento acelerado. Objetivo: Detectar alteraciones cromosómicas clonales de los cromosomas 1, 3 y 7 en muestras de sangre periférica (SP) y MO de pacientes con AF. Así como calcular la edad biológica a través de la metilación del DNA de pacientes y determinar si existe aceleración de la edad respecto a controles sanos. Material y métodos: Se evaluó a un grupo de pacientes con AF para determinar la presencia de clonas en SP y MO con hibridación <i>in situ</i> fluorescente en células en interfase (iFISH) dirigidos a 1q25, 3q27, CEN7 y 7q31. Se calculó la edad biológica y su aceleración utilizando el reloj de Horvath, se comparó con datos de individuos sanos. Resultados: Se encontraron alteraciones clonales en dos pacientes con AF, en el paciente RAFMEX024 se detectaron dos clonas, una con dup1q25 y otra con dup3q27 y estuvieron presentes en ambos tejidos. En el segundo paciente, RAFMEX059 se encontró una clona en MO con dup1q25. Se encontró mayor edad biológica en el grupo de pacientes con AF al comparar con el grupo de individuos sanos, además se observó que conforme aumenta la edad cronológica de los pacientes existe mayor diferencia en la edad biológica respecto a los controles en ambos tejidos. Finalmente se encontró que existe aceleración de la edad biológica en los pacientes con AF siendo de 11 años en MO y de 8 años en SP. Conclusiones: Los resultados sugieren que existe envejecimiento acelerado en los pacientes con AF, así como la presencia de clonas evidencia la inestabilidad cromosómica.	
Fuente de financiamiento: SECITHI CF-2023-G-800, UNAM-PAPIIT IN205120, INP, RECURSOS FISCALES 2020-12 Y 2020/053	

Miércoles 24 de junio

Bloque 3

Moderadores: Dra. Alejandra Aquino Andrade e I.B.Q. Erik Emmanuel Jandete Martínez.

09:00 a 09:20 h Carlos Chávez Neria. Cuantificación del midazolam en plasma por medio de HPLC en pacientes sometidos a cirugías menores en el Instituto Nacional de Pediatría.

09:20 a 09:40 h César González González. Determinación de variantes de un solo nucleótido en los genes *CYP3A4*, *CYP3A5* y *UGT1A4* en pacientes de 7 a 17 años sometidos a cirugías menores.

09:40 a 10:00 h Hanny Esquivias Dimas. Detención temporal de la pubertad y su efecto a largo plazo sobre la conducta sexual.

10:00 a 10:20 h Nayely Aguilar Lorenzana. Análisis de variantes de un solo nucleótido en el gen *IKZF1* y su asociación con el desarrollo de la leucemia linfoblástica aguda pediátrica.

10:20 a 10:40 h Mirian Lizárraga Estrada. Cambio en el grosor del cuádriceps femoral durante la estancia hospitalaria en pacientes pediátricos con diagnóstico oncológico.

10:40 a 11:00 h Arian Ramírez Arizmendi. Marcadores tumorales asociados al riesgo histopatológico en tumores germinales pediátricos.

11:00 a 11:20 h Blanca Adriana Magaña González. Normalización de las puntuaciones madurativas de una escala del neurodesarrollo.

11:20 a 11:40 h Margarita Hernández Rodas. Los ojos como una ventana en Anemia de Fanconi: Caracterización del fenotipo ocular en pacientes mexicanos.

**CUANTIFICACIÓN DE MIDAZOLAM EN PLASMA POR MEDIO DE HPLC EN
PACIENTES SOMETIDOS A CIRUGÍAS MENORES EN EL INSTITUTO
NACIONAL DE PEDIATRÍA**

CHÁVEZ NERIA CARLOS¹; CÉSAR GONZÁLEZ GONZÁLEZ¹; RIVERA ESPINOSA LILIANA²; FLORES PÉREZ ANA MARÍA DEL CARMEN²; CHÁVEZ PACHECO JUAN LUIS²; FLORES PÉREZ MARÍA JANETT².

¹Facultad de Química, UNAM; ²Laboratorio de Farmacología, INP.

Categoría:
Pasante de la carrera de QFB

Antecedentes:

El midazolam (MDZ) es un sedante de acción rápida cuyo metabolismo hepático es influenciado por factores farmacocinéticos, farmacodinámicos, así como por variantes genéticas y cambios hormonales en la población pediátrica. Para su monitoreo en pacientes pediátricos, se emplea la cuantificación en plasma mediante Cromatografía de Líquidos de Alta Resolución (HPLC). Esta técnica optimizada, destaca por utilizar un volumen plasmático bajo y reducir significativamente el uso de reactivos, mejorando la eficiencia del análisis.

Objetivo:

Cuantificar la concentración de midazolam en plasma mediante HPLC en pacientes pediátricos sometidos a cirugías menores en el Instituto Nacional de Pediatría.

Material y métodos:

Para la extracción del MDZ, se toman 300 µL de plasma cargado con diferentes concentraciones del fármaco, se agregan 50 µL de NaOH 1N y 1500 µL de acetonitrilo. Se somete a sonicación por 5 min, se centrifuga durante 5 min, se coloca en un ultracongelador por 5 min y se decanta en un tubo de 10x16 mm. Se seca a 40 °C y se reconstituye con 120 µL de fase móvil de buffer KH₂PO₄ 35 mM (pH=4.4): ACN (60:40 v/v). Se agregan 10 µL de propranolol (2000 ng/mL) y se inyectan 100 µL al cromatógrafo. Se realizan pruebas de linealidad, límite de cuantificación, precisión y exactitud conforme a la NOM-177-SSA1-2013. Además en el quirófano se miden cambios farmacodinámicos, los cuales se contrastarán con datos que se obtengan de los parámetros farmacocinéticos, los hallazgos genéticos y hormonales.

Resultados:

El método es lineal en el intervalo de 25–500 ng/mL. Muestra ser preciso y exacto (CV<15%). El límite de cuantificación fue de 25 ng/mL, cumpliendo con los criterios de precisión (CV<20%) y exactitud (80–120%) intra e interdía requeridos por la norma, con valores de $r^2 \geq 0.99$.

Conclusiones:

Esta optimización permite un análisis eficiente con un menor consumo de reactivos, garantizando la confiabilidad de los resultados para el monitoreo farmacocinético, lo cual permitirá la entrega oportuna de resultados, con base en lo planteado como parte del protocolo al que pertenece esta técnica (número de registro 2025/002).

Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.

DETERMINACIÓN DE VARIANTES DE UN SOLO NUCLEÓTIDO EN LOS GENES CYP3A4, CYP3A5 Y UGT1A4 EN PACIENTES DE 7 A 17 AÑOS SOMETIDOS A CIRUGÍAS MENORES.	
<u>GONZÁLEZ GONZÁLEZ CÉSAR¹; CHÁVEZ NERIA CARLOS¹; RIVERA ESPINOSA LILIANA²; FLORES PÉREZ ANA MARÍA DEL CARMEN²; CHÁVEZ PACHECO JUAN LUIS²; FLORES PÉREZ MARÍA JANETT²</u>	
¹ Facultad de Química, UNAM; ² Laboratorio de Farmacología, INP.	Categoría: Pasante de la carrera de QFB
Antecedentes. El efecto del midazolam (MDZ) en pacientes pediátricos varía dependiendo de diversos factores, entre ellos los genéticos. Relacionar estas variantes con su farmacocinética y farmacodinamia permitirá diseñar esquemas de sedación más seguros y personalizados para cirugías menores. Objetivo. Determinar la presencia de variantes de un solo nucleótido, tales como rs776746 en CYP3A5, rs2740574 en CYP3A4, rs6755571 y rs2011425 en UGT1A4, en pacientes pediátricos de 7 a 17 años sometidos a cirugías menores. Materiales y Métodos. Se obtuvieron muestras sanguíneas por venopunción (en tubos con EDTA K2), se separaron los leucocitos y se purificó el ADN genómico con el kit QIAamp® DNA Mini. El ADN se analizó por espectrofotometría para su cuantificación y análisis de pureza (índice 260/280 nm), y se verificó su integridad mediante electroforesis en gel de agarosa (0.7%). La genotipificación de las variantes se realizará mediante PCR en tiempo real con sondas TaqMan® (VIC y FAM) y polimerasa AmpliTaq Gold™ utilizando el sistema StepOne™ Real-Time PCR. Posteriormente, se analizarán los datos con el software SDS 2.2.1 para determinar las frecuencias alélicas y genotípicas. Resultados y Conclusiones. El método de purificación del material genómico resultó adecuado y eficiente, como lo demuestran los análisis de concentración (A260 nm), de pureza (relación de absorbancia 260/280) y de integridad mediante electroforesis, lo cual lo valida para su futura genotipificación. La variación en la concentración del ADN se asocia a la cantidad de leucocitos en la muestra sanguínea y al manejo experimental. Aunque la extracción de ADN tras cuantificar el MDZ plasmático fue satisfactoria, el tamaño de la muestra actual impide genotipificar las variantes de interés y evaluar su correlación farmacocinética-farmacodinámica (PK/PD). En consecuencia, la recolección de muestras continúa activa y los objetivos de correlación siguen en desarrollo, de acuerdo con el protocolo (número de registro 2025/002).	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.	

DETENCIÓN TEMPORAL DE LA PUBERTAD Y SU EFECTO A LARGO PLAZO SOBRE LA CONDUCTA SEXUAL	
<i>ESQUIVIAS-DIMAS, HANNY¹; CONTRERAS-GARCÍA, ITZEL JATZIRI²; LANDERO-HUERTA, DANIEL ADRIAN²; ROJAS-CASTAÑEDA, JULIO CÉSAR²; MEDINA-GRANADOS, PEDRO²; CERVANTES-ARIAS, EDGAR DANIEL²; CUEVAS-ALPUCHE, JUAN OSVALDO³; VIGUERAS-VILLASEÑOR, ROSA MARÍA².</i>	
¹Facultad de ciencias-UNAM; ²Laboratorio de Biología de la Reproducción-INP; ³Servicio de Urología-INP.	SERVICIO SOCIAL
Antecedentes: En la pubertad inician cambios a nivel cerebral que llevan a la maduración de estructuras involucradas en la conducta sexual. En individuos que presentan disforia de género se propone el uso de análogos de GnRH, como el acetato de leuprolide, para la detención temporal de la pubertad, aunque esta detención podría generar alteraciones permanentes en la conducta sexual. Objetivo: Evaluar el efecto a largo plazo de la detención temporal de pubertad sobre la conducta sexual. Material y métodos: Se usaron ratas macho de 25 a 190 días posnatales (DPN), distribuidas en grupo control y 3 experimentales, se administró acetato de leuprolide diariamente hasta los 90 DPN, iniciando la administración a los 25, 35 y 60 DPN, día en que se retiró el fármaco y se evaluó la conducta sexual. Después de su recuperación, a los 190 DPN, nuevamente se evaluó la conducta sexual. Los parámetros evaluados en las pruebas de conducta sexual fueron latencia de monta, intromisión y eyaculación y número de montas, intromisiones y eyaculación. Resultados: Nuestros resultados indican que los individuos administrados a los 25 y 35 DPN al día 90DPN presentaron una disminución en el número de montas e intromisiones, un incremento en las latencias de monta e intromisión y ausencia de eyaculación, sin embargo, los individuos administrados a los 60 DPN no mostraron diferencias con respecto al grupo control. A los 190 DPN hubo una recuperación de los parámetros evaluados de la conducta sexual en los individuos de 25 y 35 DPN. Conclusiones: Los análogos de GnRH abaten la conducta sexual, y tras la suspensión del fármaco hay una recuperación de la misma.	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP. Proyecto con número de registro 2024/005	

ANÁLISIS DE VARIANTES DE UN SOLO NUCLEÓTIDO EN EL GEN <i>IKZF1</i> Y SU ASOCIACIÓN CON EL DESARROLLO DE LA LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA PEDIÁTRICA	
AGUILAR LORENZANA NAYELY ¹ , SÁNCHEZ JIMÉNEZ CLAUDIA LINETTE ¹ , GARCÍA PADILLA EDUARDO ¹ , SALAS LABADÍA CONSUELO ¹ , GALVÁN DÍAZ CÉSAR ² , VELASCO HIDALGO LILIANA ² , LÓPEZ SANTIAGO NORMA ³ , MONREAL OLMEDO ADRIANA ⁴ , JALOMA AVENDAÑO ROBERTO ⁴ , MARTÍNEZ TALAVERA ISABEL ⁴ , PÉREZ VERA PATRICIA ¹ , REYES LEÓN ADRIANA ¹ .	
¹ Laboratorio de Genética y Cáncer; Servicios de ² Oncología y ³ Hematología; ⁴ Banco de Sangre, Instituto Nacional de Pediatría.	LICENCIATURA

Antecedentes: La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer infantil más frecuente en nuestro país. Recientemente, se ha descrito que las variantes de un solo nucleótido (SNVs) rs4132601 y rs11978267 del gen <i>IKZF1</i> se asocian con el riesgo de padecer la LLA en distintas poblaciones. No obstante, en México la información es limitada por lo que es indispensable generar datos en nuestra población. Objetivo: Identificar si la presencia de las SNVs rs4132601 y rs11978267 del gen <i>IKZF1</i> se asocian con el riesgo de desarrollar LLA pediátrica. Material y métodos: Se analizaron controles y niños con LLA del Instituto Nacional de Pediatría. Bajo consentimiento informado se tomaron muestras de sangre (controles) y saliva (pacientes). El DNA genómico se extrajo con kits comerciales. La genotipificación se realizó por PCR en tiempo real con sondas TaqMan. Se evaluó el equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW). Se calcularon las frecuencias genotípicas y alélicas y se compararon entre poblaciones con la prueba exacta de Fisher. Resultados: Ambas poblaciones controles y pacientes se encontraron en EHW. Para la SNV rs4132601(T/G*): La frecuencia del homocigoto de riesgo GG fue mayor en pacientes (6.4%) que en controles (5.9%), lo mismo se observó con la frecuencia del alelo de riesgo G (0.27 vs 0.25). Las frecuencias de TT y T fueron mayores en controles respecto pacientes (56.1% vs 53.4% y 0.75 vs 0.73). La frecuencia del heterocigoto GT fue ligeramente mayor en pacientes vs controles (40.1% vs 37.9%). No se encontraron diferencias estadísticamente significativas para las frecuencias genotípicas y alélicas entre controles y pacientes. Para la SNV rs11978267 (A/G*): Las frecuencias del homocigoto y del alelo de riesgo GG y G fueron mayores en pacientes (6.1% y 0.26) contrario a lo que se encontró con AA y A ya que las frecuencias fueron superiores en controles (63% y 0.75). La frecuencia de GA fue un poco mayor en pacientes comparado con controles (39.3% vs 37.6%). No se encontraron diferencias estadísticamente significativas para las frecuencias genotípicas y alélicas entre controles y pacientes. Conclusiones: Las poblaciones se encontraron en EHW. Las frecuencias de los homocigotos y alelos de riesgo para ambas SNVs fueron mayores en pacientes; sin embargo, las diferencias entre poblaciones no fueron estadísticamente significativas, por lo que, hasta este momento no es posible determinar el riesgo que podrían conferir estas SNVs para el desarrollo de la LLA pediátrica.
--

Fuente de financiamiento: Recursos Fiscales para la Investigación, Proyecto INP 2021/015.
--

CAMBIO EN EL GROSOR DEL CUÁDRICEPS FEMORAL DURANTE LA ESTANCIA HOSPITALARIA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS CON DIAGNÓSTICO ONCOLÓGICO	
LIZÁRRAGA-ESTRADA MIRIAM ¹ , GARCÍA-GUZMÁN, ALDA DANIELA ² ; BECERRA-MORALES, SANDRA NAYELI ¹ , TORREBLANCA-GARCÍA, XIMENA MONSERRAT ² ; VELASCO-HIDALGO, LILIANA ² ; BALDWIN-MONROY, DAFFNE DANAÉ ³ ; GUTIÉRREZ-HERNÁNDEZ, ALFREDO ³ ; GUEVARA-CRUZ, MARTHA ⁴ ; DÍAZ-GARCÍA MARÍA LUISA ¹ ; MEDINA-VERA, ISABEL ¹ .	
Servicio, Laboratorio e Instituciones participantes. ¹ <i>Departamento de Metodología de la Investigación, Instituto Nacional de Pediatría, Mexico;</i> ² <i>Servicio de Oncología Médica, Instituto Nacional de Pediatría, Mexico;</i> ³ <i>Unidad de Terapia Intensiva, Instituto Nacional de Pediatría, Mexico;</i> ⁴ <i>Departamento de Fisiología de la Nutrición, Instituto Nacional de Nutrición y Ciencias Médicas Salvador Zubirán, Mexico.</i>	Categoría: MAESTRÍA A
Antecedentes: Los pacientes pediátricos con diagnóstico oncológico presentan cambios en la composición corporal durante su tratamiento. Factores como el tipo de neoplasia, los agentes quimioterapéuticos, la nutrición y la falta de actividad física se han asociado con estos cambios a largo plazo; sin embargo, la magnitud del cambio en periodos críticos como la estancia hospitalaria aun no han sido explorados en esta población. Objetivo: Evaluar la magnitud del cambio en el grosor del cuádriceps femoral durante la estancia hospitalaria en pacientes pediátricos con diagnóstico oncológico. Material y métodos: Se realizó un estudio de una sola cohorte en niños, niñas y adolescentes hospitalizados en la Sala de Oncología Médica del INP. Se midió el grosor del músculo cuádriceps femoral utilizando ultrasonido en el punto de atención, además se realizaron mediciones antropométricas, dietéticas, clínicas y de actividad física. Las mediciones se realizaron al ingreso hospitalario, en los días 3, 5, 7, 10 y al alta hospitalaria. Resultados: Se evaluó un total de 50 participantes con una mediana de edad de 13 años (10; 15) y una mediana de días de estancia hospitalaria de 7 días (6; 10). Durante la estancia hospitalaria 62% de los participantes presentaron una disminución en el grosor del cuádriceps femoral y en total se observó una pérdida total de -5.77% (-12.08; 4.97) en este periodo. Los participantes con leucemia [-11.4% (-15.4; -5.3)] y linfoma [-6.2% (-8.8; -4.8)] presentaron mayor porcentaje de pérdida en el grosor muscular durante la estancia hospitalaria. Adicionalmente, se observó una magnitud del cambio de 0.36% por cada día de estancia hospitalaria [β -0.36, IC95% -0.54; -0.17 (R^2 condicional 0.762)] independiente del grosor muscular y el peso de los participantes. Conclusiones: El grosor del cuádriceps femoral disminuye durante la estancia hospitalaria en los pacientes pediátricos con diagnóstico oncológico independientemente del peso corporal por lo que una evaluación nutricional integral que incluya la composición corporal es recomendada en estos pacientes.	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.	

MARCADORES TUMORALES ASOCIADOS AL RIESGO HISTOPATOLÓGICO EN TUMORES GERMINALES PEDIÁTRICOS	
<i>RAMÍREZ ARIZMENDI ARIAN^{1,2}; VELASCO HIDALGO LILIANA³; RODRIGUEZ JURADO RODOLFO⁴; DE UÑA FLORES ARMANDO⁵; CHÁVEZ PACHECO JUAN LUIS¹;</i>	
¹ <i>Laboratorio de Farmacología, INP.</i> ² <i>Red MEDICI, UNAM.</i> ³ <i>Servicio de Oncología Pediátrica, INP.</i> ⁴ <i>Departamento de Anatomía Patológica, INP.</i> ⁵ <i>Servicio de Radiología e Imagen, INP.</i>	Categoría: <i>SERVICIO SOCIAL</i>
Antecedentes: Los tumores germinales (TG) son neoplasias heterogéneas derivadas de células germinales primordiales. Pueden localizarse en sitios gonadales y extragonadales, con comportamiento biológico variable según subtipo histopatológico y estadio clínico. Los marcadores séricos alfa-fetoproteína (AFP) y gonadotropina coriónica humana (β-hCG) tienen relevancia diagnóstica y pronóstica. Debido a la baja frecuencia de estos tumores, continúa siendo necesaria su caracterización clínico-histopatológica en población pediátrica. Objetivo: Comparar los niveles de AFP y β-hCG y su relación con el grado/riesgo en una cohorte de pacientes pediátricos con tumores germinales. Metodología: Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo. Se recopilaron variables clínicas, de laboratorio e histopatológicas. Se obtuvieron los valores de los niveles séricos de AFP y β-hCG al diagnóstico. Se evaluó la respuesta a tratamiento mediante Criterios de Evaluación de Respuesta en Tumores Sólidos (RECIST). El análisis estadístico se realizó con el programa SPSS v.25. Resultados: Cohorte integrada por 19 pacientes; N=10 (52.6%) hombres y N=9 (47.4%) mujeres, la mediana de edad fue 13 años. El subtipo histológico más frecuente fue el tumor germinal mixto N=10 (52.6%), el sitio anatómico más afectado fue testículo N=10 (52.6%). El síntoma inicial más frecuente fue dolor abdominal N=5 (26.3%). El estadio más frecuente fue estadios III N=8 (42.1%) y IV N=8 (42.1%), N=13 (68.4%) presentó histología de alto riesgo. La mediana de AFP fue de 15.4 UI/mL (Q₂₅1.45–Q₇₅3232.0 UI/mL), mientras que la mediana de β-hCG fue de 4.3 mUI/mL (Q₂₅ 1.9–Q₇₅106.5 mUI/mL). En el análisis de AFP, los pacientes con tumores de alto grado/alto riesgo presentó un rango promedio de 11.00 mUI/mL (n=11), mientras que aquellos con tumores de bajo grado/bajo riesgo mostraron un rango promedio de 5.33 mUI/mL (n=6), observándose una p = 0.027. Finalmente, se observó una respuesta completa al tratamiento en 9 casos (47.4%) y una supervivencia del 52.6% (n=10) al término del seguimiento. Conclusiones: La AFP mostró asociación con el grado histopatológico de riesgo (alto), sugiriendo utilidad como marcador de agresividad tumoral. Estos hallazgos resaltan la importancia de la caracterización clínica, histopatológica y bioquímica en estos tumores.	
Fuente de financiamiento: Ejemplo: Programa E022 INP	

NORMALIZACIÓN DE LAS PUNTUACIONES MADURATIVAS DE UNA ESCALA DEL NEURODESARROLLO	
<u>MAGAÑA GONZÁLEZ BLANCA ADRIANA ¹; RIVERA GONZÁLEZ ROLANDO²;SÁNCHEZ PÉREZ MARÍA DEL CARMEN ².</u>	
¹ <u>Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana.</u> ² <u>Centro de Investigación del Neurodesarrollo, Instituto Nacional de Pediatría.</u>	Categoría: <u>DOCTORADO</u>
Antecedentes: La normalización de una escala, es el proceso mediante el cual los datos se transforman para ajustarse a la distribución típica de valores en un rango de edad u otro atributo específico de la población que se estime justificado reinterpretar las puntuaciones a partir del mismo, generando una escala de puntuación estandarizada, facilitando su comparación y análisis entre grupos heterogéneos. La clinimetría del neurodesarrollo busca establecer pautas de interpretación basadas en la estandarización de puntuaciones por grupos de edad, asumiendo que a mayor edad hay mayor número de conductas madurativas y que lo normal está definido por la distribución de las puntuaciones en muestras de referencia. La Escala de Valoración del Neurodesarrollo (EVANESE) integra 63 conductas, cada una cuenta con 2 a 11 niveles madurativos (NM), en 12 bloques funcionales sumando un total de 325NM. Objetivo: Normalizar las puntuaciones totales y por bloques de la EVANESE por rango de edad a partir de los resultados obtenidos en muestras de bajo riesgo. Material y métodos: Estudio observacional, descriptivo, transversal y prospectivo en 748 niños de 0-3 años con bajo riesgo perinatal y desarrollo normal. 1) Se establecieron 21 rangos de edad estimando media ($\bar{X}$) y desviación estándar (DS) de las puntuaciones de NM. 2) Por regresión polinomial, se ajustaron las $\bar{X}$ y DS en función de la edad, 3) con los valores ajustados se calculó puntuación Z para cada caso 4) las puntuaciones z se transformaron en puntuaciones escalares $\bar{X}=10$; DS=3. 5) Se elaboraron tablas de transformación de las puntuaciones directas a puntuaciones escalares y edades del neurodesarrollo. Resultados: La progresión de las puntuaciones se ajustó mediante un modelo polinomial, respetando el principio de ascenso progresivo. La media de los residuos fue de $-4.37 \cdot 10^{-13} \pm 12.04$. El coeficiente de determinación (r^2) del ajuste de las medias fue 0.4 y para las desviaciones estándar 2.4 La transformación de las puntuaciones directas a escalares (estandarizadas) conservó un patrón ascendente tanto en la parte media como en los extremos. Una desviación estándar estuvo representada en promedio por 19 puntos de la escala. Conclusiones: Se obtuvieron tablas normalizadas para la interpretación de la muestra, lo que permite estimar y comparar edades de desarrollo, así como identificar adelantos o retrasos en relación con muestras normativas.	
Fuente de financiamiento: N° CVU 926210 y No. de Beca 726893. Vinculación a proyecto de investigación INP: 2024/013.	

LOS OJOS COMO UNA VENTANA EN ANEMIA DE FANCONI: CARACTERIZACIÓN DEL FENOTIPO OCULAR EN PACIENTES MEXICANOS	
RODAS, MARGARITA ^{1,2,3} ; MARTÍNEZ, JENNIFER ⁴ ; GARCÍA-DE-TERESA, BENILDE ¹ ; FRIAS, SARA ^{1,5} ; BORBOLLA PERTIERRA, ANA MARÍA ⁴ ; FIESCO-ROA, MOISÉS O ^{1,6} .	
¹ Laboratorio de Citogenética, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ² Universidad Autónoma de Chiapas. ³ Comisión Interinstitucional para la Formación de Recursos Humanos para la Salud. ⁴ Departamento de Oftalmología Pediátrica, Instituto Nacional de Pediatría. ⁵ Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. ⁶ Departamento de Embriología y Genética, Facultad de Medicina, UNAM.	Categoría : SERVICIO SOCIAL
Antecedentes: las anomalías oftalmológicas (AO) forman parte del fenotipo de la Anemia de Fanconi (AF), específicamente del acrónimo PHENOS; sin embargo, no han sido caracterizadas exhaustivamente. Reportes previos sugieren que al menos el 11% de los pacientes presentan AO, aunque una evaluación oftalmológica dirigida puede identificar alteraciones hasta en el 95% de los casos. Objetivo: describir la frecuencia y el tipo de las AO en pacientes mexicanos. Material y métodos: desarrollamos una lista de cotejo exhaustiva para caracterizar el fenotipo oftalmológico y la utilizamos para extraer, retrospectivamente, datos de expedientes clínicos de individuos con diagnóstico confirmado de AF evaluados en un centro de tercer nivel en la Ciudad de México entre 2016 y 2026. Se empleó estadística descriptiva para reportar medidas de tendencia central y dispersión, así como frecuencias y porcentajes. Cuando alguna anomalía oftalmológica no se reportó explícitamente, se asumió como ausente. Resultados: Recopilamos datos de 29 pacientes (58.6% mujeres), la mediana de edad al momento de la evaluación diagnóstica fue de 10.2 años. El 51.7% había recibido trasplante de células madre hematopoyéticas (TCPH). Las anomalías del segmento anterior se identificaron en el 89.6% de los pacientes. La agudeza visual reducida se observó en el 89.6% consistente con reportes previos. Los errores refractivos fueron frecuentes: astigmatismo en 34.7%, hipermetropía en 34.7% y miopía en 8.6%. Las anomalías palpebrales incluyeron pliegues epicánticos observados en el 6.8% de los pacientes, así como blefaritis, telangiectasias, secreción oleosa y lagofthalmos. El ojo seco evaporativo se identificó en el 3.4% de los pacientes, apoyando reportes previos que describen compromiso crónico de la superficie ocular y resequedad mucosa en pacientes con AF. Microcórnea se presentó en el 6.8%. La tortuosidad venosa retiniana en el 6.8%. Adicionalmente, un paciente presentó un patrón retiniano moteado bilateral no reportado previamente. Se observó pérdida visual severa con agudeza visual mínima residual cercana a ceguera funcional en un paciente posterior al TCPH. Conclusiones: Se reportaron AO en el 96.5% de los pacientes, involucrando todas las estructuras oculares. La presencia de un patrón moteado en el borde palpebral no ha sido previamente descrito en la literatura. Muchos de estos hallazgos pueden ser sutiles y requerir una evaluación dirigida para su detección	
Fuente de financiamiento: Vinculación a proyecto de Investigación INP: 2020/053	

Bloque 4

Moderadores: Dra. Carolina María Antonieta Romo González y M.V.Z. Juan Carlos López Soriano.

12:10 a 12:30 h Jesús Abraham Castillo Ávila. Orquidopexia tardía en pacientes pediátricos con testículo no descendido: Caracterización clínica y prevalencia.

12:30 a 12:50 h José Daniel Hernández Vázquez. Estudio de células T CD4+ foliculares (THF) y sus subpoblaciones (THF1, THF2, THF17) en pacientes con errores innatos de la inmunidad (EII).

12:50 a 13:10 h Christian Mancilla Martínez. El bloqueo temporal del eje hipotálamo-hipófisis-testículo en etapas puberales induce alteraciones irreversibles en el tejido y función testicular.

13:10 a 13:30 h Erik Emmanuel Jandete Martínez. Viruloma de *Staphylococcus aureus* obtenidos de portadores nasales previo a cirugía ortopédica.

13:30 a 13:50 h Andrea Domínguez Barbosa. Diseño y validación de una ecuación de estimación del gasto energético en reposo en población pediátrica con obesidad.

13:50 a 14:10 h Ailyn Morales Rentería. Seguimiento longitudinal de las manifestaciones dermatológicas en los pacientes con Anemia de Fanconi incluidos en el registro mexicano de Anemia de Fanconi.

14:10 a 14:30 h Ingrid Mendoza Mayorga. Asociación entre el estado de nutrición y calidad de la dieta en pacientes pediátricos con alergia a la proteína de la leche de vaca.

14:30 a 14:50 h Paulina Mendoza Pérez. Composición corporal y características del grosor de cuádriceps femoral de pediátricos atletas.

ORQUIDOPEXIA TARDÍA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS CON TESTÍCULO NO DESCENDIDO: CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y PREVALENCIA

CASTILLO AVILA JESÚS ABRAHAM¹; OLIVEROS RIVERO JORGE²; RÍOS GARCÍA LEONARDO BARUCH¹; BARRO LERMA MAYA GALILEA¹; BARRO LERMA CORAL¹; CARMONA LIBRADO SILVIO³; GONZALEZ ZAMORA JOSE FRANCISCO¹.

¹*Centro de Investigación Traslacional, INP.* ²*Hospital de Niños Dr. Roberto Gilbert Elizalde. Guayaquil Ecuador.* ³*Departamento de cirugía, INP*

SERVICIO SOCIAL

Antecedentes: El testículo no descendido (TND) es la anomalía congénita urogenital más frecuente y debe corregirse antes de los 18 meses de vida para disminuir el riesgo de infertilidad y de cáncer testicular en la vida adulta. Los retrasos en la corrección oportuna se asocian con la calidad del acceso a los servicios de atención quirúrgica.

Objetivo: Describir la prevalencia de orquidopexia tardía (OT), el motivo del retraso y las características clínicas de los sujetos con diagnóstico de TND.

Material y métodos: Cohorte retrospectiva que incluyó a sujetos con TND sometidos a orquidopexia, en un hospital pediátrico de alto volumen quirúrgico durante el periodo 2023-2025. Se excluyeron casos por torsión testicular, testículo retráctil, trauma y tumor testicular. Se registraron edad de ingreso, edad de cirugía y las características clínicas de los sujetos y del TND. Se catalogaron como OT cuando se realizó después de los 18 meses.

Resultados: se identificaron 298 sujetos, de los cuales 279 (93,6%) presentaron OT. La mediana de ingreso institucional fue de 24.5 meses (IQR: 64) y la edad de cirugía, 58.5 meses (IQR: 63). En 159 (53.3%), el TND fue bilateral; en 82 (27.5%), derecho; en 57 (19.1%), izquierdo; y en 56 (12.2%), testículos intraabdominales. El 54.7% de los sujetos presentaban comorbilidad al momento de la orquidopexia. El principal motivo de retraso es la referencia tardía (OR 61.65, IC 95%: 3.68 –1031.6) y la demora institucional (OR 24.67, IC 95%: 1.47 – 412.9). La comorbilidad no se asoció con OT (OR 1.09 IC95%: 0.43-2.77).

Conclusiones: Identificamos una frecuencia de OT del 93.6% lo que supone riesgo de daño testicular al momento de cirugía. El porcentaje de TND bilaterales e intraabdominales, y sujetos con alta comorbilidad, supone una población institucional compleja. La referencia tardía y la demora en el tratamiento quirúrgico institucional están asociadas con la OT, lo que sugiere que estos pacientes presentan dificultades para acceder a una atención quirúrgica de calidad.

Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.

ESTUDIO DE CÉLULAS T CD4+ FOLICULARES (ThF) Y SUS SUBPOBLACIONES (ThF1, ThF2, ThF17) EN PACIENTES CON ERRORES INNATOS DE LA INMUNIDAD (EII)	
<i>BERRON RUIZ LAURA, ESPINOSA PADILLA SARA E, YAMAZAKI TAKASHIMADA MARCO ANTONIO , <u>HERNÁNDEZ VÁZQUEZ JOSÉ DANIEL</u></i>	
<i>Laboratorio de Inmunodeficiencias Primarias. Torre de investigación, INP. Servicio de Alergia e Inmunología Clínica, Hospital INP.</i>	Licenciatura
Los Errores Innatos de la Inmunidad (EII) son trastornos de origen genético que afectan al sistema inmune, caracterizados por infecciones recurrentes, autoinmunidad y malignidad. Las células T Foliculares (ThF), un subconjunto de TCD4+ expresan Bcl6, CXCR5 y contribuyen a la maduración de células B, producción de anticuerpos y desarrollo de memoria. Expresan CXCR3 y CCR6 y se subdividen en ThF1, ThF2 y ThF17; ThF1 colabora en la diferenciación de la célula B de memoria a células plasmáticas, ThF2 y ThF17 ayudan a la secreción de Ig's. En años pasados se describió la alteración de las células ThF en enfermedades autoinmunes por lo que es importante su estudio. Objetivo: Estandarización de la técnica de citometría de flujo en células ThF y Th en controles sanos en el servicio de Alergia e Inmunología del INP. Determinación de poblaciones y subpoblaciones linfocitarias en pacientes con EII. Material y métodos: 41 pacientes con EII, divididos en gpo 1 (n=22) con procesos infecciosos y gpo 2 (n=19) con infecciones, inflamación y autoinmunidad. Conteo de leucos totales en cámara de Neubauer, dilución 1:10 y tinción de Turk. Abm para identificar las 15 poblaciones y subpoblaciones linfocitarias. Análisis de poblaciones de neutrófilos, monocitos, linfocitos y NK. Subpoblaciones de células T: CD4+, CD8+, reguladoras, memoria y vírgenes. Células B: CD19+, vírgenes, con y sin cambio de isotipo, DN, transicionales, plasmablastos y CD21 bajo. Estandarización de la determinación de células ThF y Th por citometría de flujo y tinción superficial en células ThF: ThF1, ThF2 y ThF17. Análisis celular con el uso del programa FlowJo v10. y análisis estadístico de pruebas no paramétricas. Resultados: El gpo 2 presentó mayor Score de gravedad que el gpo 1 (6.6 y 4.6). Los pacientes del gpo 2 tienen un % más alto que los testigos y el gpo 1 en sus poblaciones ThF (p=0.0021, p=0.0035); y en las subpoblaciones ThF1 (p=0.0022, p=0.0089; respectivamente). Correlación positiva entre las subpoblaciones ThF1 y el score de gravedad (r=0.3174, p=0.0432). Correlación entre bajos números absolutos de poblaciones de células T CD4+, células B y Treg y alto %ThF (r=-0.5865 p=<0.0001, r=-0.3611 p=0.0239, r=-0.4433 p=0.0037; respectivamente) y correlación positiva de las poblaciones de células T CD4+ CD45RO+ y células B CD21 bajo (r= 0.7473 p=<0.001, r= 0.5294 p=0.0015). Conclusiones: Los pacientes con inflamación y autoinmunidad presentan mayores alteraciones en las poblaciones ThF.	
Fuente de financiamiento: Conacyt #256471	

EL BLOQUEO TEMPORAL DEL EJE HIPOTÁLAMO-HIPÓFISIS-TESTÍCULO EN ETAPAS PUBERALES INDUCE ALTERACIONES IRREVERSIBLES EN EL TEJIDO Y FUNCIÓN TESTICULAR.	
MANCILLA-MARTÍNEZ CHRISTIAN^{1,2}, CONTRERAS-GARCÍA ITZEL JATZIRI¹, GONZÁLEZ-LÓPEZ ARIANA ALINE^{1,3}, MEDINA-GRANADOS PEDRO¹, LANDERO-HUERTA DANIEL ADRIAN¹, ROJAS-CASTAÑEDA JULIO CESAR¹, CERVANTES-ARIAS EDGAR DANIEL¹, REYNOSO-ROBLES RAFAEL⁴, GARCÍA-LORENZANA MARIO⁵, VIGUERAS-VILLASEÑOR ROSA MARIA^{1*}	
¹Lab. de Biología de la Reproducción, INP. ²Maestría en Biología de la Reproducción, UAM-I. ³Facultad de Ciencias, UNAM. ⁴Lab. de Biología Celular y Tisular, INP. ⁵Lab. de Biología e Ingeniería Tisular Neuroinmunoendocrina, Depto. Biología de la Reproducción, UAM-I.	Categoría: <u>MAESTRÍA</u>
Antecedentes: La pubertad implica procesos de diferenciación y maduración testicular importantes para una fertilidad futura del individuo. En casos como la disforia de género, se puede bloquear el eje hipotálamo-hipófisis-testículo (HHT) mediante análogos de la GnRH, y así evitar el desarrollo de caracteres sexuales secundarios. Sin embargo, existen pacientes que deciden suspender el tratamiento. Objetivo: Analizar las alteraciones en el tejido testicular por efecto del bloqueo temporal del eje HHT a largo plazo en diferentes periodos de desarrollo de la rata. Material y métodos: Se emplearon ratas macho distribuidas en cuatro grupos: 1) Control (solución salina); 2) Puberal temprano, administrado con acetato de leuprolide (AL) (25 µg/kg/día s.c.) iniciando a los 25 días postparto (dpp), equivalente a Tanner 2 y 3 para el humano; 3) Puberal, iniciando a los 35 dpp (Tanner 4 y 5 para el humano) y 4) Postpuberal, iniciando a los 60 dpp. Se administro el AL hasta 90 dpp, se practicó eutanasia a la mitad del número de animales de cada grupo, al resto se retiró el AL y se llevó a 190 dpp para la eutanasia. Se obtuvo tejido testicular para su análisis morfométrico empleando ANOVA y t-student(p<0.05). Resultados: Los grupos Puberales, presentaron atrofia de túbulos seminíferos, a diferencia del Control (p<0.05), a 90 dpp. Estos mismos grupos mostraron una recuperación parcial a los 190 dpp (p<0.05), sin alcanzar los valores del grupo control (p<0.05). Esto pudo deberse a alteraciones en la diferenciación de las células de Leydig y las células peritubulares que generaron una pared tubular gruesa, impidiendo la acción paracrina hormonal de nutrientes y oxígeno a los tubos. Sumado a un proceso fibrótico ocasionado por la atrofia y una disfunción de las células de Sertoli. Conclusiones: El bloqueo temporal del eje HHT en etapas puberales induce alteraciones irreversibles en el tejido y función testicular a diferencia del bloqueo temporal postpuberal.	
Financiamiento: Programa E-022 de recursos fiscales (2024/005 INP), SECITHI 2073395	

VIRULOMA DE <i>Staphylococcus aureus</i> OBTENIDOS DE PORTADORES NASALES PREVIO A CIRUGÍA ORTOPÉDICA	
JANDETE MARTINEZ ERIK EMMANUEL^{1,2}; BAUTISTA HERNANDEZ RUBEN^{1,2}; JUÁREZ HINOJOS DAVID^{1,2}; MERIDA-VIEYRA JOCELIN²; BELMONT MONROY LAURA²; AGUILAR GÓMEZ NANCY EVELYN³; ISUNZA ALONSO OSCAR DANIEL⁴; AGUILERA ARREOLA MA. GUADALUPE¹; AQUINO ANDRADE ALEJANDRA².	
¹Laboratorio de Bacteriología Médica, Departamento de Microbiológica, ENCB, INP. ²Laboratorio de Microbiología Molecular, INP. ³Departamento de Infectología Pediátrica, INP. ⁴Departamento de Traumatología y Ortopedia, INP.	Categoría: <u>DOCTORADO</u>
Antecedentes: En 2024, las infecciones de sitio quirúrgico (ISQ) representaron el 16.5% de las infecciones asociadas a la atención de la salud en el Instituto Nacional de Pediatría (INP). La colonización nasal por <i>Staphylococcus aureus</i> se asocia con mayor riesgo de ISQ, principalmente en procedimientos ortopédicos. Objetivo: Describir el viruloma de <i>S. aureus</i>, así como sus determinantes de resistencia y relación clonal, en aislamientos obtenidos de portadores nasales previo a cirugía ortopédica en el INP. Material y métodos: Este estudio de tipo observacional, descriptivo y transversal fue aprobado por los comités del instituto (2021/072 y 2025/041). A partir de hisopados nasales de 150 pacientes sometidos a cirugía ortopédica entre marzo 2022 y febrero 2024, se aislaron 55 cepas de <i>S. aureus</i>. De estos, 30 se incluyeron para secuenciación del genoma completo mediante tecnología de lecturas largas. La identificación de secuencia tipo (ST), genes de resistencia, virulencia y relación filogenómica se realizó mediante herramientas bioinformáticas. Resultados: Los aislamientos se clasificaron en 15 ST; la más frecuente fue ST30 (n = 9), seguida de ST672 y ST5 (n = 3 cada una), las demás ST estuvieron representadas por uno o dos aislamientos cada una. Los genes de resistencia identificados fueron <i>blaZ</i> (penicilina; n = 29), <i>ermA</i> (macrólidos/lincosamidas; n = 6), <i>aacA-aphD</i> (aminoglucósidos; n = 2), <i>tetK</i> e <i>ileS-2</i> (tetraciclina y mupirocina, respectivamente, n = 1 cada uno). Se identificaron múltiples genes que codifican adhesinas, hemolisinas, sistemas de secreción y de evasión inmune. El gen del factor de agrupamiento B (<i>clfB</i>), así como los genes de adhesión intercelular <i>icaA</i> e <i>icaD</i>, se detectaron en todos los <i>S. aureus</i>. Siete aislamientos tuvieron el gen de la toxina del síndrome del choque tóxico (<i>tsst-1</i>), principalmente en ST30 (n = 5). Además, el gen de la leucocidina de Panton Valentine (<i>pvl</i>) se encontró en una sola cepa. El análisis filogenómico mostró diversos linajes de <i>S. aureus</i>, con un clúster principal (ST30), en el cual también se observó la presencia de los genes <i>ermA</i>. Conclusiones: Los aislamientos de <i>S. aureus</i> obtenidos de portadores nasales previo a cirugía ortopédica mostraron una alta diversidad clonal, con predominio de ST30, linaje que se caracterizó por presentar la mayoría de los genes <i>ermA</i> y <i>tsst-1</i>. Todas las cepas presentaron genes relacionados a adhesinas y formación de biofilm. Los genes <i>ileS-2</i> y <i>pvl</i> se detectaron en un aislamiento cada uno.	
Fuente de financiamiento: Recurso fiscal modalidad A y B del INP (2021/072 y 2025/041).	

DISEÑO Y VALIDACIÓN DE UNA ECUACIÓN DE ESTIMACIÓN DEL GASTO ENERGÉTICO EN REPOSO EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA CON OBESIDAD

DOMÍNGUEZ-BARBOSA ANDREA^{1,2}; REYES-ROMO DANA¹; SALVADOR-QUEZADA MARIEL^{1,3}; BECERRA-MORALES SANDRA NAYELI¹; LOPEZ-GONZALEZ DESIREE³; SERRALDE-ZÚÑIGA AURORA ELIZABETH⁴; GUEVARA-CRUZ MARTHA^{5*}; MEDINA-VERA ISABEL¹

¹ Departamento de Metodología de la Investigación, INP

² Facultad de Medicina, Programa de Doctorado en Ciencias Médicas, Odontológicas y de la Salud, UNAM

³ Unidad de Investigación en Epidemiología Clínica, HIMFG

⁴ Servicio de Nutrición Clínica, INCMNSZ

⁵ Departamento de Fisiología de la Nutrición, INCMNSZ

Categoría:

DOCTORADO

Antecedentes: La obesidad infantil es una enfermedad multifactorial y un problema de salud pública creciente, asociada con complicaciones metabólicas, cardiovasculares, musculoesqueléticas, respiratorias y psicosociales. La estimación del gasto energético en reposo (GER) es clave para individualizar la intervención nutricional en obesidad pediátrica. La calorimetría indirecta es el método de referencia; sin embargo, su disponibilidad limitada favorece el uso de ecuaciones. **Objetivo:** Diseñar y validar una ecuación para la estimación del GER en población pediátrica mexicana con obesidad, a partir de variables predictivas antropométricas y de composición corporal de simple obtención. **Material y métodos:** Estudio transversal analítico en población de 6 a <18 años con obesidad. Se obtuvieron variables clínicas, antropométricas, composición corporal por impedancia bioeléctrica multifrecuencia, y GER por calorimetría indirecta. Se evaluaron correlaciones, análisis de regresión y concordancia por Bland-Altman. **Resultados:** Se incluyeron 336 participantes al protocolo. El GER se correlacionó con peso, talla, cintura, cadera, masa magra, masa libre de grasa, masa músculo esquelético, agua corporal total y área de grasa visceral; el porcentaje de grasa corporal y la actividad física no mostraron correlación significativa. El modelo simple fue: $GER = 913.814 - 146.822(\text{Sexo}) + 11.666(\text{Peso})$, con R^2 ajustada de 0.802 en validación preliminar. El modelo avanzado incorporó sexo, edad, talla, pliegues, grasa visceral e índice de masa músculo esquelética, con R^2 ajustada de 0.873. **Conclusiones:** El modelo simple ofrece alta aplicabilidad clínica por utilizar únicamente las variables de peso y sexo, mientras que el modelo avanzado aporta mayor fundamento fisiológico al incorporar indicadores de composición corporal.

Fuente de financiamiento: Vinculación a proyecto de Investigación INP. 2023/031

Financiamiento externo: Secretaría de Educación, Ciencia, Tecnología e Innovación de la Ciudad de México (SECTEI), clave 2173c23, convocatoria 2023.

SEGUIMIENTO LONGITUDINAL DE LAS MANIFESTACIONES DERMATOLÓGICAS EN LOS PACIENTES CON ANEMIA DE FANCONI INCLUIDOS EN EL REGISTRO MEXICANO DE ANEMIA DE FANCONI	
MORALES RENTERIA AILYN ¹ , SÁEZ DE OCARIZ GUTIÉRREZ MARÍA DEL MAR ¹ , FRÍAS SARA ^{2,3} , GARCÍA DE TERESA BENILDE ² , FIESCO ROA MOISÉS ÓSCAR ² , ACEVEDO CARRASCO MARÍA DEL ROSARIO ² .	
¹ Servicio de Dermatología, INP. ² Laboratorio de Citogenética, Subdirección de Investigación Médica, INP. ³ Departamento de Medicina Genómica y Toxicología ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.	SERVICIO SOCIAL
Antecedentes: La anemia de Fanconi (AF) es un síndrome hereditario de inestabilidad cromosómica caracterizado por alteraciones del desarrollo físico, falla medular progresiva y predisposición a neoplasias. Las manifestaciones dermatológicas son frecuentes y pueden presentarse desde edades tempranas, incluyendo cambios pigmentarios y acantomas. Sin embargo, existe información limitada sobre la evolución longitudinal de estas manifestaciones, por lo que su estudio contribuye a una mejor caracterización clínica y seguimiento de los pacientes con AF. Objetivo: Evaluar la evolución de las manifestaciones dermatológicas de los pacientes que forman parte del Registro de Anemia de Fanconi de México (RAFMex). Material y métodos: Estudio observacional, analítico, longitudinal, prolectivo y prospectivo realizado en pacientes mexicanos con diagnóstico de AF en seguimiento por el RAFMex, que contaran con al menos dos evaluaciones dermatológicas sistematizadas. Se incluyeron pacientes valorados entre agosto 2025 y febrero 2026. Resultados: Se analizaron 12 pacientes (8 mujeres), con una mediana de edad de 8.1 años (rango: 2–15). El intervalo entre valoraciones fue de 1.45 años (rango: 0.8–4). Se observó un incremento en el número total de lesiones entre la primera y segunda valoración, con una mediana de 52.0 a 55.5 ($p=0.26$). La mediana de manchas hiperpigmentadas por paciente aumentó de 11.5 a 19.0 ($p=0.45$), mientras que las hipopigmentadas pasaron de 3.5 a 4.5. La mediana de acantomas se duplicó de 13 a 26 ($p=0.19$), observándose una tendencia de aumento conforme a la edad y un incremento más marcado en la etapa peripuberal. Conclusiones: El aumento en todos los tipos de lesiones sugiere que el fenotipo dermatológico en AF es progresivo, los acantomas fueron las lesiones que más aumentaron en este tiempo limitado de seguimiento, particularmente en edad peripuberal. Aunque no se alcanzó significancia estadística, los hallazgos aportan información el comportamiento longitudinal de las manifestaciones cutáneas en la AF y resaltan la necesidad de estudios con mayor tamaño muestral y seguimiento más prolongado.	
Fuente de financiamiento: Vinculación a proyecto de Investigación INP: 2020/53	

ASOCIACIÓN ENTRE EL ESTADO DE NUTRICIÓN Y CALIDAD DE LA DIETA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS CON ALERGIA A LA PROTEÍNA DE LA LECHE DE VACA	
<u>MENDOZA-MAYORGA INGRID^{1,2}, AYALA-GALVÁN CITLALI¹, GONZÁLEZ-ZAMORA JOSÉ¹, PÉREZ-GUILLÉ BEATRÍ¹, LÓPEZ-BAUTISTA FABIOLA³, GONZÁLEZ-ORTIZ AILEMA².</u>	
¹ Centro de Investigación Traslacional INP, ² Escuela de Dietética y Nutrición, ³ Universidad de la Sierra Sur	MAESTRÍA
Introducción: La alergia a la proteína de la leche de vaca (APLV) es frecuente en la infancia y requiere una dieta estricta de eliminación de lácteos, lo que puede afectar la alimentación y el estado nutricional. Dado que múltiples factores influyen en la nutrición de estos niños, es relevante analizar la relación entre calidad de dieta y estado nutricional. Objetivo: Evaluar la asociación entre estado nutricional y calidad de dieta en niños con APLV. Material y métodos: Estudio transversal en 103 niños menores de 18 años con diagnóstico confirmado o sospecha de APLV. El estado nutricional se evaluó con puntuaciones Z; la calidad de dieta mediante índices adaptados a la edad. Se aplicó la escala EMSA para identificar seguridad alimentaria, cuestionario de características socio-económicas y frecuencia de alimentos para evaluar la calidad dietética estratificada por edad (≤ 2 años vs > 2 años). Se realizaron análisis de regresión logística y componentes principales. Resultados: La desnutrición afectó al 33 % (n=34), predominando la leve. En menores de 2 años con desnutrición se observó menor peso sin diferencia en la talla y antecedentes de alergia parental. En mayores de 2 años, la desnutrición se asoció con menor peso. Los niños con mejor calidad de dieta consumen menos ultraprocesados y reportan menos consumo de lácteos, se identificaron cuatro patrones de alimentación 1)+ botanas y refresco, 2)+ carne 3)+fruta y -lácteos 4) + huevo y cereales. El componente 2 se asoció con menos desnutrición, inseguridad alimentaria y menos ingresos. Conclusiones: La desnutrición en niños con APLV es alta, especialmente en menores de dos años. El estado nutricional y la calidad de dieta son multifactoriales; una alimentación rica en verduras y baja en lácteos y ultraprocesados contribuye a una mejor calidad de dieta.	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.	

COMPOSICIÓN CORPORAL Y CARACTERÍSTICAS DEL GROSOR DE CUÁDRICEPS FEMORAL DE PEDIÁTRICOS ATLETAS	
<u>PAULINA MENDOZA-PÉREZ^{1,2}, DANA REYES-ROMO^{1,3,4}, ANDREADOMINGUEZ-BARBOSA^{1,5}MEDINA-VERA ISABEL¹.</u>	
¹ Departamento de Metodología de la Investigación, INP. ² Licenciatura en Nutrición, Universidad Intercontinental. ³ Maestría en Investigación clínica experimental en Salud, Programa de Posgrado en Ciencias Médicas, Odontológicas y de la Salud, UNAM; ⁴ Laboratorio del Envejecimiento Saludable del INMEGEN en el CiE. ⁵ Doctorado en Ciencias de la Salud en Epidemiología Clínica. Programa de Posgrado en Ciencias Médicas, Odontológicas y de la Salud, UNAM.	LICENCIATURA
Antecedentes: La práctica deportiva durante la infancia y adolescencia se asocia con adaptaciones en la composición corporal y en la masa muscular, las cuales pueden variar según el tipo de deporte. En los últimos años, el ultrasonido muscular ha emergido como una herramienta no invasiva y accesible para evaluar características musculares como el grosor del cuádriceps femoral (GCF) y el tejido adiposo subcutáneo (TAS); sin embargo, existe información limitada sobre estas características en población pediátrica atleta. Objetivo: Evaluar la composición corporal y las características del GCF y del TAS de Pediátricos atletas. Material y métodos: Estudio transversal observacional. Se incluyeron niños y niñas atletas definido cómo aquellos que realizaron actividad física >6 horas de ejercicio a la semana, con edad de 6-17 años. Se realizó una evaluación nutricional completa, se midió composición corporal con bioimpedancia eléctrica y se evaluó el GCF, TAS y la eointensidad por ultrasonido. Resultados: Se reclutaron 85 pediátricos atletas de los cuales el 62.4% (n=53) fueron del sexo masculino con una edad promedio de 11 (9-14) años. De las Actividades físicas se distribuyeron como: 36.5% Soccer/Basquet/Americano/Atletismo (n=31), 20% Natación (n=17), 11.8 % Esgrima/Remo/Box/Artes marciales (n=10), 10.6% Volley/Baseball (n=9), 21.2% Danza/Ballet/Gimnasia/Patinaje/Baile (n=18). En relación a la composición corporal se estratifico por sexo y se observó que en niños tuvieron 32.6 (24-49) kg de Masa Libre de Grasa (MLG), 17 (13-22) % de grasa corporal (GC), 17 (12-27) kg de Masa musculoesquelética (MME), 16.9 (14-24) cm² de Área de grasa visceral (AGV); 35.8 (31-43) mm de GCF y 5.7 (4.2-8.2) mm de TAS; en niñas se observó 24 (20-34) kg de MLG, 12 (9-23) % GC, 12 (10-18) kg de MME, 5.1 (4.8-5.6) de PhA y 23.5 (17-29) cm² de AGV; 33.8 (31-38) mm de GCF y 8.9 (6.6-11.1) mm de TAS. Al analizar por deporte se observó que los participantes del grupo de natación y Danza/Ballet/Gimnasia/Patinaje/Baile tuvieron menos fuerza medida por dinamometría y también menor índice de MME, en cambio los del grupo de volleyball tuvieron más fuerza y mayor índice de MME. Conclusiones: Los pediátricos atletas mostraron diferencias en la composición corporal y en las características musculares evaluadas por ultrasonido de acuerdo con el sexo y el tipo de deporte	

practicado.
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.

Jueves 25 de junio

Bloque 5

Moderadores: Dra. Leda Carolina Torres Maldonado y Dra. Rosa María Viguera Villaseñor.

09:00 a 09:20 h María del Rosario Acevedo Carrasco. Análisis del fenotipo de fragilidad para evaluar el envejecimiento físico en pacientes con Anemia de Fanconi.

09:20 a 09:40 h Paola Karime Gómez de Blas. Alteraciones en los niveles de aminoácidos ramificados observadas en pacientes con defectos del propionato que ingieren fórmula modificada en aminoácidos propiogénicos: Un estudio comparativo.

09:40 a 10:00 h David Eduardo Juárez Hinojos. Emergencia de la clona ST672 de *Staphylococcus aureus* en pacientes pediátricos: Caracterización clínica y genómica.

10:00 a 10:20 h María del Carmen Ríos Figueroa y Guadalupe Isabel Flores López. Edad de aparición de hitos motores en niños con riesgo y sin riesgo perinatal.

10:20 a 10:40 h Claudia Linette Sánchez Jiménez. Susceptibilidad al desarrollo de leucemia linfoblástica aguda en niños asociada a la presencia de variantes de un solo nucleótido en el gen *CDKN2A*.

10:40 a 11:00 h Itandehui Martínez Rodríguez. Evaluación de los ejes hsa-miR-372/ARID4B/ARID4B, hsa-miR-372/GALNT3/GALNT3 y hsa-miR-372/KPNA6/KPNA6 en el tumor testicular de células germinales.

11:00 a 11:20 h José Abed Ramírez López. Fenotipo cardiovascular en Anemia de Fanconi: Estudio multimodal del Registro Mexicano de Anemia de Fanconi.

ANÁLISIS DEL FENOTIPO DE FRAGILIDAD PARA EVALUAR EL ENVEJECIMIENTO FÍSICO EN PACIENTES CON ANEMIA DE FANCONI	
ACEVEDO-CARRASCO, MARÍA DEL ROSARIO¹; FIESCO-ROA, MOISES OSCAR¹; BECERRA- MORALES, SANDRA NAYELI²; MEDINA-VERA, ISABEL²; FRÍAS-VÁZQUEZ, SARA^{1,3}, GARCIA-DE-TERESA, BENILDE¹.	
¹Laboratorio de Citogenética, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ²Departamento de Metodología de la Investigación, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ³Departamento de Medicina Genómica y Toxicología ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.	Categoría: SERVICIO SOCIAL
Antecedentes: la anemia de Fanconi (AF) es un síndrome de inestabilidad cromosómica cuyo fenotipo incluye manifestaciones que en población general se observan a edades más avanzadas, como falla medular, predisposición a cáncer, alteraciones metabólicas y falla ovárica. Esto ha llevado a proponer que la AF es un síndrome de envejecimiento prematuro; sin embargo, esto no se ha cuantificado clínicamente. La fragilidad, una métrica funcional utilizada en geriatría se ha utilizado como medida del envejecimiento físico, se define como una serie de déficits que condicionan un alto riesgo para desenlaces adversos, afecta a 25 % de los mayores de 65 años y puede estudiarse mediante el fenotipo de fragilidad de Fried (FFF). Existen adecuaciones del FFF para poblaciones pediátricas, como la validada por Lurz en pacientes con hepatopatía. Hipotetizamos que el FFF tendrá una frecuencia elevada en pacientes con AF, lo que podría indicar envejecimiento prematuro. Objetivo: describir la prevalencia del FFF en pacientes con AF y relacionarlo con desenlaces clínicos (comorbilidades, internamientos, consumo de andrógenos y trasplante). Material y métodos: estudio observacional, transversal, prospectivo y analítico en el que se cuantificaron los déficits de cinco dominios (debilidad, lentitud, depleción muscular, fatiga y disminución de actividad física) para integrar el FFF (puntaje >5) en pacientes con AF del registro de anemia de Fanconi de México. Resultados: se evaluaron 18 sujetos con AF (67 % mujeres) con una edad mediana de 12 años (6- 38). Se evaluaron todos los dominios en 83 % (15/18). La frecuencia de afectación por dominio fue: lentitud 100 % (18/18), debilidad 87 % (13/15), disminución de actividad física 83 % (15/18), depleción muscular 61 % (11/18) y fatiga 28 % (5/18). Se integró el FFF en 67 % (12/18). Los sujetos frágiles tuvieron un número de alteraciones físicas ($p=0.02$) significativamente mayor que los no frágiles y se observó una correlación positiva moderada entre el número de comorbilidades y el puntaje de fragilidad ($p=0.002$). No se encontró asociación con otros desenlaces clínicos. Conclusiones: el FFF en este grupo de sujetos con AF fue más del doble de lo reportado en adultos mayores, lo que apoya la hipótesis del envejecimiento físico prematuro en AF. La detección de estos déficits invita a desarrollar intervenciones que permitan mejorar la calidad de vida.	

**ALTERACIONES EN LOS NIVELES DE AMINOÁCIDOS RAMIFICADOS
OBSERVADAS EN PACIENTES CON DEFECTOS DEL PROPIONATO QUE
INGIEREN FÓRMULA MODIFICADA EN AMINOÁCIDOS PROPIOGÉNICOS: UN
ESTUDIO COMPARATIVO.**

GÓMEZ DE BLAS PAOLA KARIME ¹ ; LÓPEZ MEJÍA LIZBETH ², GUILLÉN LÓPEZ SARA ³, VELA AMIEVA MARCELA ⁴ LAINEZ FERNANDEZ CYNTHIA⁵.

¹Laboratorio de Errores Innatos del Metabolismo y Tamiz, INP.

Categoría:
Servicio Social.

Antecedentes: Los defectos del propionato son errores innatos del metabolismo en los cuales existe una alteración enzimática que dificulta la capacidad de degradar los aminoácidos propiogénicos (valina, isoleucina, treonina y metionina). Su tratamiento nutricional consiste en limitar la proteína con el objetivo de reducir metabolitos tóxicos, manteniendo concentraciones normales de aminoácidos plasmáticos y un adecuado estado nutricional. Habitualmente se utilizan fórmulas metabólicas comerciales reducidas en aminoácidos propiogénicos, para complementar el requerimiento proteico total de los pacientes. Su uso continúa siendo controversial ya que se han descrito desequilibrios en los aminoácidos de cadena ramificada, especialmente reducción de valina e isoleucina secundaria al contenido elevado de leucina presente en dichas fórmulas.

Objetivo: Comparar los niveles de aminoácidos ramificados, el cociente leucina/valina y el estado nutricional entre muestras de pacientes con defectos del propionato con y sin uso de fórmula metabólica.

Material y métodos: Estudio observacional, retrospectivo, transversal y comparativo. Se incluyeron muestras de pacientes con diagnóstico confirmado de defectos del propionato en seguimiento en el Laboratorio de Errores Innatos del Metabolismo y Tamiz. Las muestras fueron obtenidas a partir de registros clínicos y bioquímicos durante el periodo de seguimiento. Cada valoración fue considerada como una unidad de análisis independiente. Se registraron niveles plasmáticos de valina, leucina, isoleucina, cociente valina/leucina, IMC Z-score y uso de fórmula metabólica. La distribución de los datos se evaluó mediante Shapiro-Wilk. Se utilizó U de Mann-Whitney para variables cuantitativas y chi cuadrada para variables categóricas. El análisis estadístico se realizó con Jamovi versión 2.6.

Resultados: Se incluyeron 89 valoraciones correspondientes a 8 pacientes. La mediana de edad fue de 20 meses (RIQ 8-44).60/89 (67.4%) muestras no consumían fórmula metabólica. 86/89 (96.6%) valoraciones tuvo un estado nutricional eutrófico, sin diferencias significativas entre grupos. Los niveles de valina e isoleucina no mostraron diferencias significativas; sin embargo los niveles de leucina fueron significativamente mayores en el grupo con fórmula metabólica (p=0.016). El cociente valina/leucina fue significativamente menor en el grupo con fórmula metabólica (p<0.001).

Conclusiones: El uso de fórmula metabólica mostró alteraciones en los niveles de leucina y del cociente valina/leucina. Si bien estas fórmulas son una herramienta para mantener el control en la ingestión de aminoácidos propiogénicos, su composición caracterizada por un elevado contenido de leucina puede contribuir a crear desequilibrios en otros aminoácidos, como la reducción del cociente valina/leucina que puede tener implicaciones clínicas en los

pacientes.
Fuente de financiamiento: Ninguna.

EMERGENCIA DE LA CLONA ST672 DE <i>Staphylococcus aureus</i> EN PACIENTES PEDIÁTRICOS: CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y GENÓMICA	
JUÁREZ HINOJOS DAVID EDUARDO ^{1,2} , AGUILAR GÓMEZ NANCY EVELYN ¹ , MERIDA VIEYRA JOCELIN ¹ , AGUILERA ARREOLA MA. GUADALUPE ² , AQUINO ANDRADE ALEJANDRA ¹	
¹ Laboratorio de Microbiología Molecular, Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México.	Categoría: <u>DOCTORADO</u>
² Laboratorio de Bacteriología Médica, Departamento de Microbiología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional.	
Antecedentes: <i>Staphylococcus aureus</i> ST672 es una secuencia tipo poco reportada a nivel mundial y escasamente descrita en población pediátrica. Su impacto en infecciones invasivas, colonización y su perfil genómico permanecen limitados. Objetivo: Describir las características clínicas, microbiológicas y genómicas de aislamientos <i>S. aureus</i> ST672 obtenidos de pacientes pediátricos. Material y métodos: Se analizaron colecciones bacterianas obtenidas entre 2006 y 2026, integradas por 181 aislamientos de <i>S. aureus</i> provenientes de bacteriemia, infecciones osteoarticulares (IOA), pacientes de la unidad de terapia intensiva pediátrica (UTIP), portadores nasales. El filtrado de ST672 se realizó mediante tipificación molecular del esquema MLST. Los aislamientos seleccionados fueron secuenciados mediante Oxford Nanopore MinION y analizados con herramientas de ensamblado, anotación y caracterización genómica. Se evaluaron genes de resistencia, virulencia, plásmidos, tipificación <i>spa</i>, operón <i>agr</i> y filogenia basada en genoma núcleo. Asimismo, se revisaron variables clínicas y epidemiológicas de los pacientes. Resultados: Se identificaron 15 aislamientos ST672 (8.3%). La distribución fue: 5/20 (25%) en IOA, 3/54 (5.6%) en portadores nasales, 3/76 (3.9%) en bacteriemia, 3/8 (37.5%) en UTIP y un aislamiento proveniente de infección de piel y tejidos blandos. Todos los aislamientos fueron susceptibles a cefoxitina, clindamicina, eritromicina, trimetoprim-sulfametoxazol, ciprofloxacino y linezolid; 26.7% presentó resistencia a gentamicina. Once aislamientos fueron secuenciados. El plásmido pN315 se identificó en 72.7% y el tipo <i>spa</i> más frecuente fue t3 (54.5%). Todas las cepas correspondieron a <i>agr</i> tipo I y presentaron los fagos ϕSa2 y ϕSa6. El gen <i>lukSF-PV</i> se detectó en 54.5% de los aislamientos. Todos presentaron genes asociados a hemólisis, formación de biopelícula, adhesión y evasión inmune. El análisis filogenético mostró dos clados principales. Clínicamente, los aislamientos se asociaron con osteomielitis, artritis séptica, bacteriemia, endocarditis y neumonía. Se documentó un fallecimiento y secuelas en cinco pacientes. Conclusiones: ST672 presentó distribución en múltiples escenarios clínicos pediátricos invasivos y de colonización, con alta conservación genómica y presencia frecuente de genes de virulencia asociados a invasividad.	

Fuente de financiamiento: Modalidad A y B, INP 2025/041, INP2019/007 y INP2023/013.
--

EDAD DE APARICIÓN DE HITOS MOTORES EN NIÑOS CON RIESGO Y SIN RIESGO PERINATAL
--

<u>MARÍA DEL CARMEN RÍOS FIGUEROA¹; GUADALUPE ISABEL FLORES LÓPEZ²; RIVERA GONZÁLEZ ROLANDO³;MAGAÑA GONZÁLEZ BLANCA ADRIANA⁴</u>
--

¹ <u>Universidad Autónoma Metropolitana,</u> ² <u>Universidad Autónoma de Yucatán</u>

³ <u>Centro de Investigación del Neurodesarrollo, Instituto Nacional de Pediatría.</u>

⁴ <u>Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana.</u>

Categoría: <u>SERVICIO SOCIAL</u>
--

Antecedentes: Los hitos del desarrollo son habilidades que los niños alcanzan a edades específicas, cuando hablamos de hitos motores, se hace alusión a habilidades para sentarse, cambios posturales, desplazamiento como gatear, caminar o correr, su presencia o retraso en la adquisición puede estar influenciada por antecedentes de daño perinatal. La escala EVANESE, para evaluar el neurodesarrollo, registra la edad madurativa en la que un niño cumple los hitos motores entre los 0 a 3 años de edad.

Objetivo: Comparar la edad de aparición de los principales hitos del desarrollo descritos en la EVANESE en niños con alto y bajo riesgo perinatal.
--

Material y métodos: Estudio observacional, descriptivo, transversal y prospectivo en 517 niños de 0-3 años con bajo y alto riesgo perinatal. 1) Se evaluó la presencia de los hitos motores que evalúa la escala EVANESE. 2) se determinó la edad en meses en que el 50% de los niños cumplen los hitos motores de: de posturas, locomoción en prono, rodamiento voluntario, manos a metas y marcha. 3) Se calcularon diferencias y promedios entre las edades de aparición de conductas entre ambas muestras.
--

Resultados: La muestra se distribuyo en 314 niños con riesgo perinatal (61%) y 203 sin riesgo (39%), 110 del sexo femenino sin riesgo (21%) y 117 con riesgo (23%). Se observó mayor retraso en la edad de adquisición de todos los hitos motores en niños que presentan factores de riesgo perinatal. La adquisición de la marcha es la conducta con mayor diferencia entre ambas muestras, organizándose más tardíamente en los niños con riesgo en promedio 67 días después, seguido del rodamiento voluntario con promedio de 74 días. Los hitos del desarrollo que menos diferencia en la edad de adquisición entre muestras fue la maduración de la postura en supino siendo en promedio de 10 días, así como posición en sedente y prona que aparece en promedio 15 a 16 días después.

Conclusiones: Los niños que presentan mayores factores de riesgo presentan mayor retraso en la edad de aparición de los hitos del desarrollo motor.

Fuente de financiamiento: N° CVU 926210 y No. de Beca 726893. Vinculación a proyecto de investigación INP: 2024/013.
--

Susceptibilidad al desarrollo de leucemia linfoblástica aguda en niños asociada a la presencia de variantes de un solo nucleótido en el gen <i>CDKN2A</i>	
SÁNCHEZ JIMÉNEZ CLAUDIA LINETTE ¹ AGUILAR LORENZANA NAYELY ¹ , GARCÍA PADILLA EDUARDO ¹ , SALAS LABADÍA CONSUELO ¹ , GALVÁN DÍAZ CÉSAR ² , VELASCO HIDALGO LILIANA ² , LÓPEZ SANTIAGO NORMA ³ , MONREAL OLMEDO ADRIANA ⁴ , JALOMA AVENDAÑO ROBERTO ⁴ , MARTÍNEZ TALAVERA ISABEL ⁴ , PÉREZ VERA PATRICIA ¹ , REYES LEÓN ADRIANA ¹ .	
¹ Laboratorio de Genética y Cáncer; Servicios de ² Oncología y ³ Hematología; ⁴ Banco de Sangre, Instituto Nacional de Pediatría.	LICENCIATURA

Antecedentes: La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer infantil más frecuente en México y su incidencia es superior a lo reportado en otros países. Hasta ahora se han descrito diversas variantes de un solo nucleótido (SNVs) como rs3731217 y rs3731249 del gen *CDKN2A*, que se asocian con el riesgo a desarrollar LLA pediátrica. Sin embargo, la información del impacto de estas variantes en nuestro país es limitada.

Objetivo: Determinar la asociación entre los alelos de riesgo de las SNVs rs3731217 y rs3731249 del gen *CDKN2A* con la susceptibilidad a desarrollar LLA en pacientes pediátricos.

Material y Métodos: Se analizaron muestras de sangre de controles y saliva de niños con LLA del Instituto Nacional de Pediatría. El DNA genómico se obtuvo mediante kits comerciales. La genotipificación fue por PCR en tiempo real con sondas Taqman. Se calcularon las frecuencias genotípicas y alélicas de controles y pacientes. Se aplicó el equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW). Se compararon ambas frecuencias con prueba exacta de Fisher y los valores de $p < 0.05$ se consideraron estadísticamente significativos.

Resultados: Ambas poblaciones se encontraron en EHW. Para rs3731217 (C/A*), se analizaron 303 controles y 232 pacientes. La frecuencia del genotipo de riesgo AA fue mayor en pacientes (93.5%) respecto a controles (88.8%), al igual que la frecuencia del alelo A (0.97 y 0.94). La frecuencia del homocigoto CC y alelo C fue baja en ambos grupos (controles 1.3% y 0.06; pacientes 0.4% y 0.03). Aunque las frecuencias de AA y A fueron mayores en pacientes, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre poblaciones.

Para rs3731249 (C/T*) se estudiaron 294 controles y 233 pacientes. El genotipo de riesgo TT no se encontró en ninguna de las poblaciones. La frecuencia del heterocigoto CT fue mayor en pacientes vs controles (3.4% y 1.7%), por lo que la frecuencia del alelo T también fue mayor en pacientes que en controles (0.02 y 0.01). Para el alelo de riesgo T, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre poblaciones.

Conclusiones: Las frecuencias de los alelos de riesgo A y T, así como del homocigoto de riesgo AA fueron mayores en pacientes. La frecuencia del homocigoto de riesgo TT fue 0% en ambas poblaciones. Debido a que no se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre las frecuencias de los homocigotos y alelos de riesgo no se pudo determinar la asociación con el riesgo a la LLA pediátrica.

Fuente de financiamiento: Recursos Fiscales para la Investigación, Proyecto INP

EVALUACIÓN DE LOS EJES hsa-miR-372/ARID4B/ARID4B, hsa-miR-372/GALNT3/GALNT3 Y hsa-miR-372/ KPNA6/KPNA6 EN EL TUMOR TESTICULAR DE CELULAS GERMINALES

ITANDEHUI, MARTÍNEZ-RODRÍGUEZ^{1,2}; ROSA MARÍA, VIGUERAS-VILLASEÑOR¹, JULIO CÉSAR, ROJAS-CASTAÑEDA¹; ITZEL JATZIRI, CONTRERAS-GARCÍA¹; MARÍA ELIZBETH, ÁLVAREZ-SÁNCHEZ²; ISIDRO XAVIER, PÉREZ-AÑORVE³; ELISA, AZUARA-LICEAGA²; JOSÉ, DÍAZ-CHÁVEZ⁴; DANIEL ADRIAN, LANDERO-HUERTA¹.

¹Laboratorio de Biología de la Reproducción, INP, ²Posgrado en Ciencias Genómicas, UACM, ³Departamento de Ciencias Naturales, UAM-C, ⁴Laboratorio de Oncología Molecular y Biomarcadores, INCan.

Categoría: MAESTRIA

Antecedentes: El tumor testicular de células germinales (TGCT) es la neoplasia sólida más común a nivel mundial, en México representa la segunda causa de muerte asociada al cáncer en adultos jóvenes. La criptorquidia (CO) es uno de los principales factores de riesgo para el desarrollo de TGCT. Un análisis *in silico* de nuestro grupo de trabajo encontró que la sobreexpresión del hsa-miR-372 podría reprimir la expresión de ARID4B, GALNT3 y KPNA6 en el TGCT. **Objetivo:** Evaluar los ejes hsa-miR-372/ARID4B/ARID4B, hsa-miR-372/GALNT3/GALNT3 y hsa-miR-372/KPNA6/KPNA6 en el TGCT. **Material y métodos:** Se analizó la expresión relativa del hsa-miR-372 y de los transcritos por RT-qPCR; y la inmunorreactividad de los productos proteínicos por inmunohistoquímica en 22 muestras de TGCT y 5 muestras control. Posteriormente, en la línea celular NTERA2 se evaluó la modulación del hsa-miR-372 sobre la expresión los blancos moleculares por RT-qPCR y por Western blot en los 5 grupos experimentales: NT2/D1, NT2/D1+lipofectamina, NT2/D1+Scramble, NT2/D1+mimic-miR372 y NT2/D1+AntagomiR-372. **Resultados:** Se observó la sobreexpresión significativa del hsa-miR-372 y disminución en la expresión de ARID4B, GALNT3 y KPNA6 en TGCT. Se encontró una correlación positiva entre la expresión de GALNT3 y KPNA6; y a su vez, con la presencia de neoplasia *in situ* de células germinales (GCNIS), microlitiasis y metástasis. Solo 31.81% de las muestras mostró inmunorreactividad para GALNT3, y no se detectó para ARID4B ni KPNA6, alteraciones en GALNT3 podría estar relacionada con la presencia de microlitiasis al igual que la presencia de GCNIS. En la línea NT2/D1, la inhibición de hsa-miR-372 aumentó la expresión de GALNT3 a nivel de transcrito y proteína. **Conclusiones:** El hsa-miR-372 inhibe la expresión del eje GALNT3/GALNT3 en el TGCT y no así para ARID4B/ARID4B y KPNA6/KPNA6.

Fuente de financiamiento: Programa E022 INP. INP:2018/063

FENOTIPO CARDIOVASCULAR EN ANEMIA DE FANCONI: ESTUDIO MULTIMODAL DEL REGISTRO MEXICANO DE ANEMIA DE FANCONI	
RAMIREZ-LÓPEZ JOSÉ ABED, ^{1,2} SILVA-ESTRADA JORGE ALBERTO ³ , GARCÍA-DE TERESA BENILDE ¹ , FRIAS SARA ^{1,4} , FIESCO-ROA MOISÉS O ^{1,5} .	
¹ Laboratorio de Citogenética, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ² CIFRHS ³ Departamento de Cardiología pediátrica, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ⁴ Departamento de Medicina Genómica y Toxicología ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. ⁵ Departamento de Mebriología y genética, Facultad de Medicina, UNAM	SERVICIO SOCIAL
Antecedentes: el fenotipo de la anemia de Fanconi (AF) es altamente heterogéneo e incluye anomalías hematológicas, oncológicas y físicas. Las cardiopatías congénitas (CC) forman parte de la asociación VACTERL-H y se observan en un tercio de los pacientes con AF. El espectro de CC en la AF no ha sido analizado sistemáticamente, así como los hallazgos electrocardiográficos y ecocardiográficos permanecen sin evaluar. Objetivo: describir el fenotipo cardiovascular en pacientes del registro mexicano de anemia de Fanconi. Material y métodos: estudio observacional, transversal, retrospectivo y analítico. Se creó una lista de verificación para evaluar anomalías cardiovasculares clínicas, electrocardiográficas y ecocardiográficas. Resultados: se evaluaron 19 pacientes, con una proporción masculino:femenino de 1:1.1 ($p > 0.05$). Encontramos un 74% de anomalías cardiovasculares (frente al 31.6% reportado; $p < 0.05$), aunque nuestra evaluación más era amplia que solamente CC. Respecto a las CC, el 31.6 % de los pacientes tenía antecedentes de estas —conducto arterioso persistente (21%), comunicación interventricular (5.3%) y una no especificada (5.3%). De 15 electrocardiogramas (ECG), el 93.3% (14/15) fueron anormales; destacando alteraciones de la onda T (33.3%), taquicardia (21%), bradicardia (13.3%), desviación del eje (13.3%) y casos aislados de PR corto, QT prolongado, bloqueo fascicular anterior izquierdo e hipertrofia ventricular izquierda. No hubo asociación estadística entre CC y las anomalías en el ECG ($p = 0.28$). De 18 ecocardiogramas, el 27.7% mostró anomalías; además de las CC, se hallaron dos casos de insuficiencia tricuspídea leve, la función sistólica global permaneció preservada con una mediana de la fracción de eyección del ventrículo izquierdo (FEVI) del 56%. Conclusiones: la evaluación multimodal reveló anomalías en casi el 75% de los pacientes. Aunque que la prevalencia de CC fue esperada, se halló una frecuencia excepcionalmente alta de alteraciones eléctricas (93.3%). La falta de correlación entre las CC y ECG, junto con la preservación de la FEVI sugiere que la afectación cardiovascular en la AF es predominantemente eléctrica o funcional de carácter subclínico.	
Fuente de financiamiento: vinculación a proyecto de Investigación INP 2020/053	

Bloque 6

Moderadores: M. en C. Josselen Carina Ramírez Chiquito y Dr. Daniel Adrián Landero Huerta.

11:50 a 12:10 h Ricardo Yael Hernández Navarrete. Variante sin sentido no previamente reportada en *HDAC8* asociada a Síndrome Cornelia de Lange en una paciente femenina: Caracterización fenotípica, segregación e inactivación del cromosoma X.

12:10 a 12:30 h María Fernanda Fernández García. Competencias de interacción social madre-infante y su relación con el desarrollo cognitivo y motor en infantes con riesgo perinatal.

12:30 a 12:50 h Rubén Bautista Hernández. Genómica de la resistencia, virulencia y clonalidad de *Klebsiella spp.* en infecciones pediátricas.

12:50 a 13:10 h Coral Sacnicte Barro Lerma. Descripción del daño agudo a los islotes pancreáticos post administración de estreptozotocina en un modelo de diabetes tipo 1 en cerdos miniatura.

13:10 a 13:30 h Samuel Servín Corona. Factores de exposición y riesgo ambiental identificados en la historia clínica pediátrica elaborada en la consulta externa del Instituto Nacional de Pediatría.

VARIANTE SIN SENTIDO NO PREVIAMENTE REPORTADA EN <i>HDAC8</i> ASOCIADA A SÍNDROME CORNELIA DE LANGE EN UNA PACIENTE FEMENINA: CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA, SEGREGACIÓN E INACTIVACIÓN DEL CROMOSOMA X	
<u>HERNÁNDEZ-NAVARRETE RICARDO Yael¹; NAVARRETE MENESES MARÍA DEL PILAR², LÓPEZ HERRERA GABRIELA³, TORRES MALDONADO LEDA CAROLINA¹, GARCÍA DE TERESA BENILDE¹, FRIAS SARA^{1,4}, FIESCO-ROA MOISÉS OSCAR¹.</u>	
¹ Laboratorio de Citogenética, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ² Laboratorio de Genética y Cáncer, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ³ Laboratorio de Inmunodeficiencias Primarias, Subdirección de Investigación Médica, Instituto Nacional de Pediatría. ⁴ Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.	LICENCIATURA
Antecedentes. El síndrome Cornelia de Lange (CdLS) es una patología por variantes patogénicas (VP) en, al menos, seis genes. El gen <i>HDAC8</i> (Xq13.1), asociado a CdLS tipo V, codifica para la histona deacetilasa 8 que facilita el desensamblaje del complejo de cohesinas. Este trabajo realiza el análisis del caso de una paciente de 3 años 8 meses con diagnóstico de síndrome dismorfológico, caracterizado por peso y talla bajos, discapacidad del desarrollo, convulsiones, cardiopatía, atresia de coana izquierda y dismorfias faciales. Objetivo. Precisar un diagnóstico a través del abordaje clínico, paraclínico y molecular de la paciente. Material y métodos. Se realizó lo siguiente: fenotipificación profunda de la paciente, secuenciación del exoma completo (WES) y clasificación de la variante, análisis del fenotipo de la paciente usando la escala de puntaje de <i>Kline, et. al.</i>, para clasificar el CdLS, extracción de muestras de sangre periférica de la familia para realizar segregación de la variante mediante secuenciación Sanger, estudio de inactivación del X mediante cariotipo bandas R, Pod-FISH y HUMARA (<i>Human Androgen Receptor Assay</i>). Resultados: por fenotipificación profunda se identificó peso (SDS -2.53), talla (SDS -3.60), perímetro cefálico (SDS -3.86) bajos, discapacidad del desarrollo psicomotor, sinofris, plagiocefalia, frente recta, cejas delgadas y ligeramente arqueadas, filtrum poco marcado con rafé medio, pabellones auriculares acopados y tórax asimétrico. El resultado del WES informó: NM_018486.3:c.423G>A (p.Trp141Ter); variante probablemente patogénica y no previamente reportada. La paciente obtuvo un puntaje clínico mayor a 11 (con tres características cardinales), clasificándola como CdLS clásico. Se aisló el DNA efectivamente y fueron diseñados los <i>primers</i> para la secuenciación Sanger. El cariotipo bandas R resultó con una adecuada tinción, apreciándose de color semicuantitativamente claro los segmentos de replicación tardía, incluyéndose el cromosoma X inactivo. Conclusiones: se realizó diagnóstico clínico y por genotipificación de CdLS clásico tipo V. <i>HDAC8</i> es un gen que no escapa a la inactivación, se hipotetiza una inactivación sesgada del cromosoma X. Esto puede ser estudiado a través de los ensayos de inactivación del X.	

Comprender los patrones celulares ante VP en genes asociados a CdLS abre la oportunidad para estudiar la interacción de la enfermedad en individuos con inactivación del cromosoma X y sus implicaciones fenotípicas.	
Fuente de financiamiento: Vinculación a proyecto de Investigación INP 2022/061.	
COMPETENCIAS DE INTERACCIÓN SOCIAL MADRE-INFANTE Y SU RELACIÓN CON EL DESARROLLO COGNITIVO Y MOTOR EN INFANTES CON RIESGO PERINATAL	
FERNÁNDEZ GARCÍA MARÍA FERNANDA, MUÑOZ LEDO RABAGO PATRICIA	
<i>Ejemplo: Laboratorio de Centro de Investigación del Neurodesarrollo, INP.</i>	Categoría: <u>MAESTRÍA</u>
Antecedentes: Introducción: Las interacciones tempranas madre–infante son fundamentales para el desarrollo infantil, especialmente en población con riesgo perinatal. Aunque se ha documentado su relación con distintos dominios, es necesario precisar su contribución al desarrollo cognitivo y motor. Objetivo: Analizar la relación de las competencias de interacción social madre-infante sobre el desarrollo cognitivo y motor en infantes con riesgo neurológico perinatal. Método: La presente investigación se enmarca en un diseño observacional, retrospectivo, longitudinal, comparativo. El carácter longitudinal se establece al contar con evaluaciones realizadas en dos momentos temporales con un intervalo aproximado de 12 meses entre mediciones. El carácter retrospectivo se debe a que los datos fueron obtenidos a partir de una base de datos previamente construida, sin intervención directa de la investigadora en la recolección original de la información. Los participantes son diadas constituidas por 71 madres y sus infantes con antecedentes de riesgo perinatal para alteraciones en el neurodesarrollo que asistieron a un programa de intervención temprana en el Centro de Investigación del Neurodesarrollo del Instituto Nacional de Pediatría (CIN-INP), los cuales, como parte de los procedimientos fueron evaluadas sus interacciones utilizando el ICIS-ROMANI, así como el desarrollo infantil. Se analizaron dos momentos durante el primer año de vida. La interacción se evaluó mediante el ICIS-ROMANI y el desarrollo con las Escalas Bayley-II. Se realizaron regresiones lineales simples. Resultados: Se identificaron asociaciones significativas entre indicadores de interacción y el desarrollo cognitivo y motor. Las competencias maternas orientadas al favorecimiento del desarrollo y la responsividad del infante se asociaron principalmente con el desarrollo cognitivo, mientras que en el desarrollo motor las asociaciones fueron más limitadas. Conclusiones: Las competencias de interacción madre-infante influyen en el desarrollo cognitivo y, en menor medida, en el motor. Estos hallazgos destacan la relevancia de la interacción diádica en la intervención temprana.	
Fuente de financiamiento: Beca para realizar estudios en la UAM de Especialización, Maestría y Doctorado.	

GENÓMICA DE LA RESISTENCIA, VIRULENCIA Y CLONALIDAD DE <i>Klebsiella</i> spp. EN INFECCIONES PEDIÁTRICAS	
<u>BAUTISTA HERNANDEZ RUBEN^{1,2}, BELMONT MONROY LAURA¹, MERIDA VIEYRA JOCELIN¹, DE COLSA RANERO AGUSTÍN³, APARICIO OZORES GERARDO², AQUINO ANDRADE ALEJANDRA¹</u>	
¹ <u>Laboratorio de Microbiología Molecular, INP</u> ² <u>Posgrado de Biomedicina y Biotecnología Molecular, Instituto Politécnico Nacional</u> ³ <u>Departamento de Infectología Pediátrica, INP</u>	Categoría: <u>DOCTORADO</u>
Antecedentes: El género <i>Klebsiella</i> se asocia con numerosos determinantes de resistencia y virulencia, lo que provoca que las infecciones causadas por este patógeno tengan opciones limitadas de tratamiento y mayor severidad. A los linajes con mayor éxito epidémico y diseminados a nivel mundial se les considera como clonas de alto riesgo, que suelen agruparse en patotipos hipervirulentos (HV) y multidrogorresistentes (MDR) o clásicas. Objetivo: Identificar los determinantes de resistencia, virulencia y clonalidad de <i>Klebsiella</i> spp. aisladas de infecciones de los pacientes del Instituto Nacional de Pediatría (INP). Material y métodos: Se realizó un estudio observacional, descriptivo y transversal, aprobado por los comités del instituto (2023/013 y 2024/054). Se recolectaron 57 aislamientos no duplicados de <i>Klebsiella</i> spp. y se realizó el perfil de susceptibilidad mediante difusión en disco. Para la secuenciación del genoma completo se empleó la tecnología de lecturas largas y, mediante análisis bioinformáticos, se identificaron los determinantes de resistencia, virulencia y clonalidad. Resultados: Las bacteriemias y neumonías fueron las infecciones más comunes (51% y 30%, respectivamente). La especie más frecuente fue <i>Klebsiella pneumoniae</i> (86%). La resistencia fue de 72% para cefalosporinas; 49%, para carbapenémicos; y 28%, para colistina. El 67% de los aislamientos fueron productores de CTX-M-15 y 33% de NDM-1. La resistencia a colistina fue mediada por mutaciones en <i>mgrB</i>. La yersiniabactina (25%) fue el único factor de virulencia detectado, lo que indica que esta colección se relaciona con el patotipo MDR. Se identificaron 36 secuencias tipo (ST) distintas: la más frecuente fue la ST307 (16%), seguida de las ST17, ST134 y ST230 (7% cada una). El 39% de los aislamientos se categorizó como clona de alto riesgo. Conclusiones: Los aislamientos de <i>Klebsiella</i> spp. en las infecciones pediátricas presentan un perfil de MDR, con NDM-1, virulencia limitada y múltiples orígenes clonales. Fuente de financiamiento: Modalidad A y B de recursos fiscales del INP.	

DESCRIPCIÓN DEL DAÑO AGUDO A LOS ISLOTES PANCREÁTICOS POST ADMINISTRACIÓN DE ESTREPTOZOTOCINA EN UN MODELO DE DIABETES TIPO 1 EN CERDOS MINIATURA.	
<u>CORAL SACNICTE BARRO-LERMA¹, ROSA E. SORIANO-ROSALES¹, CARLOS CEDILLO-PELÁEZ², LEONARDO BARUCH RÍOS-GARCÍA¹, JOSÉ FRANCISCO GONZÁLEZ-ZAMORA¹, AILEMA GONZÁLEZ-ORTIZ¹, MAYA GALILEA BARRO-LERMA¹, JESÚS ABRAHAM CASTILLO-ÁVILA¹, EDUARDO FARFÁN-MORALES³, BEATRIZ PÉREZ-GUILLÉ¹.</u>	
<u>1. Centro de Investigación Traslacional INP, 2. Laboratorio de Inmunología Experimental INP, 3. Departamento de Anatomía Patológica.</u>	<u>Servicio Social</u>
Antecedentes: La inducción de diabetes mellitus experimental mediante estreptozotocina (STZ) constituye uno de los modelos más utilizados para el estudio de la destrucción de células β pancreáticas, generando alteraciones histológicas como pérdida celular, desorganización insular y disminución de las células β. Existe escasa evidencia sobre las características histopatológicas agudas de los islotes pancreáticos durante los primeros días posteriores a la administración de STZ en cerdos miniatura, particularmente respecto a la magnitud y distribución anatómica del daño en cabeza, cuerpo y cola pancreática. Objetivo: Describir la masa relativa, número de islotes y número de células β por islote; del páncreas de cerdos miniatura a los días 3, 8 y 15 posterior a la ablación química con estreptozotocina. Material y métodos: Estudio descriptivo observacional. 3 cerdos miniatura de 10 meses de edad y se les realizó ablación química con STZ 150mg/Kg y se aplicó eutanasia en 3 diferentes tiempos post-STZ: 3, 8 y 15 días. Se realizaron mediciones metabólicas y estudios histológicos de los páncreas y se analizaron cambios en el peso del páncreas y microscópicos de los islotes en 3 regiones (cabeza, cuerpo y cola). Resultados: A los 3 días post-STZ se observaron alteraciones histopatológicas más severas, con necrosis exócrina extensa, pérdida de islotes pancreáticos en cabeza y cuerpo, infiltrado inflamatorio y necrosis grasa. La cola pancreática conservó 256 islotes (129 islotes/cm²) y una masa relativa (MR) de 42.09%. A los 8 días persistieron cambios necróticos y degenerativos moderados, con presencia parcial de islotes en las tres regiones, predominando en cola (72 islotes; 64 islotes/cm²; MR 44.91%). A los 15 días se presentó menor inflamación y distribución periférica de islotes, observándose menor densidad endocrina en cola (23 islotes; 9 islotes/cm²), y mayor masa relativa (48.13%). Conclusiones: La ablación química con estreptozotocina produjo una disminución progresiva de la masa endocrina pancreática, asociada a pérdida de islotes y daño histológico del exócrino. Los cambios más intensos se observaron a los 3 días, mientras que a los 15 días se observó remodelación tisular. La cola pancreática mostró mayor conservación de islotes y masa relativa en todos los periodos evaluados, sugiriendo una afectación regional y temporal posterior a la ablación.	
Fuente de financiamiento: Programa E022 INP.	

FACTORES DE EXPOSICIÓN Y RIESGO AMBIENTAL IDENTIFICADOS EN LA HISTORIA CLÍNICA PEDIÁTRICA ELABORADA EN LA CONSULTA EXTERNA DEL INSTITUTO NACIONAL DE PEDIATRÍA	
<i>SERVIN CORONA SAMUEL ¹; CASTILLO CRUZ ROCIO AIDEE ².</i>	
<i>Unidad de Investigación en Epidemiología ¹</i>	<i>ESPECIALIDAD PEDIATRÍA</i>
Antecedentes: Diversos factores ambientales afectan a la población infantil, como las circunstancias en las que se conciben y el vivir expuestos a diversos contaminantes. La mayor exposición infantil es durante la etapa preconcepcional y los primeros 3 años de vida debido a su rápido metabolismo, crecimiento y menor capacidad de desintoxicación enzimática por inmadurez biológica. Dichos antecedentes, como lo son el suministro de agua potable, exposición a basura, sustancias químicas y contaminantes aéreos, se relacionan directamente con el desarrollo de ciertos efectos a la salud; asma, retraso en el neurodesarrollo, autismo, obesidad, leucemia, anomalías congénitas, diabetes, inmunodeficiencias entre otras. Por lo tanto, establecer estos antecedentes de forma organizada y consistente en la historia clínica pediátrica debe ser parte de la evaluación integral del paciente. Un estudio realizado en 2022 como tesis de pediatría por Hernández; Castillo y Cols. Realizó una revisión de 320 expedientes de pacientes con diagnóstico de Leucemia linfoblástica aguda del Instituto Nacional de Pediatría (INP) con la intención de identificar si dentro del interrogatorio durante la historia clínica se habían considerado factores de riesgo que pudieran orientar al desarrollo de leucemia en la población infantil. El 20% de la muestra correspondía a los hijos de padres campesinos, considerado como riesgo ocupacional por exposición a plaguicidas. Objetivo: Pretende identificar los factores de riesgo ambiental consignados en la Historia clínica pediátrica de pacientes que ingresaron a través de la Consulta Externa de Pediatría (CEP) en el INP. Material y métodos: Estudio observacional, retrospectivo, transversal y analítico. Se analizaron 250 expedientes electrónicos que contaban con historia clínica completa durante marzo a noviembre del 2024 en los cuales se evaluaron los datos de antecedentes ambientales recomendados por la Organización Mundial de la Salud (OMS), a través de la herramienta clínica Hoja verde. El cálculo de la muestra es de 250 expedientes para un nivel de confianza de 95% y error del 5% Resultados: Se tomaron en cuenta tres variables como principales, los fármacos utilizados en el embarazo, donde el 94.2% de los residentes interrogaron dichos fármacos. El empleo de los padres y exposición a tóxicos, donde se interrogó al 52.3% Al igual que toxicomanías de los padres se interrogó al 69.2%. Sin embargo, en el resto de las variables el interrogatorio fue deplorable, limitando el uso de la hoja verde. Conclusiones: Se expuso que el médico residente de primer año de pediatría y los familiares no están sensibilizados a los posibles efectos adversos que puede producir la exposición ambiental a ciertas sustancias tóxicas y la falta de conocimiento de cuáles son los factores de riesgo ambientales que pueden influir desde la prevención, diagnóstico, tratamiento y complicaciones de distintas patologías.	
Fuente de financiamiento: No aplica.	