



Reglamento de Presentación de Trabajos Científicos

Fecha Límite de Presentación de Trabajos: 27 junio 2011

1. Envíe el resumen al Comité Científico del Congreso, por correo electrónico: claht2011@personas.com.uy , **antes 28 de Marzo 2011.**
2. No se aceptarán trabajos enviados por fax.
3. El resumen deberá redactarse en español.
4. El resumen deberá estar escrito en computador utilizando un tamaño mínimo de letra de 11 puntos, idealmente Times New Roman.
5. La extensión máxima de este resumen no debe superar el recuadro del formato adjunto (17 x 13.5 cm.) incluyendo figuras, tablas y referencias.
6. El título del resumen debe ser breve, sin abreviaturas, en mayúsculas y negrillas. Si el título incluye un subtítulo, utilice un segundo renglón en minúscula y negrilla.
7. Los autores se escriben iniciando un renglón nuevo, en minúsculas, sin negrilla, así: primer apellido e iniciales del (los) nombre(s). Entre el apellido y las iniciales no se escriben comas. Las comas sólo se utilizan para separar un autor de otro. Se debe subrayar el autor que presentará el trabajo en el Congreso. Se deben omitir los títulos y posiciones académicas o administrativas de los autores.
8. Las instituciones que realizaron y el lugar donde se realizó el trabajo (ciudad - país) se deben anotar en otro renglón nuevo, en minúsculas, sin negrilla. Asimismo, se debe especificar el correo electrónico del autor principal o de la persona que realice la presentación del trabajo
9. El resumen debe incluir como subtítulos (secciones):

Una breve reseña donde se destaque el objetivo del trabajo y la importancia del tema.

- ❖ **METODOLOGÍA:** Describir brevemente los materiales y métodos /técnicas utilizadas (los fundamentos de las técnicas no deben ser descritos si los mismos pueden ser citados de bibliografía fácilmente accesible).
- ❖ **RESULTADOS Y DISCUSIÓN:** Realizar una presentación clara de los resultados experimentales obtenidos, resaltando tendencias o puntos de interés. Incluir gráficas o tablas según corresponda, las cuales deben ser citadas en forma clara dentro del texto.
- ❖ **CONCLUSIONES:** Explicar en forma breve la implicancia de los resultados obtenidos.

Responsabilidad del autor:

El abajo firmante certifica que este resumen es conocido por todos sus autores quienes autorizan su presentación en el evento de referencia.

10. La forma de presentación será **POSTER**. El Comité Científico seleccionara los tres mejores trabajos para presentación oral en el congreso. En caso de corresponder se le comunicará al autor con suficiente antelación.
11. Se ofrecerán becas para los medicos residentes primeros autores de los trabajos seleccionados.

Forma de Presentación: Póster

El Comité Científico seleccionara los tres mejores trabajos para presentación oral al cierre del congreso. En caso de corresponder se le comunicará al autor con suficiente antelación.

DEFINICIÓN DE UN ALGORITMO DE DOSIS GUIADO POR FARMACOGENOMICA APLICADO A LA TERAPIA ANTICOAGULANTE CON ACENOCUMAROL

Guzmán N¹, Henríquez H², Subiabre V¹, González L³, Retamales E⁴, Guzmán D¹

¹Laboratorio de Diagnóstico Molecular, Universidad San Sebastián, Concepción, Chile. ²Facultad de Medicina, Universidad Mayor, Santiago, Chile. ³Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. ⁴Laboratorio de Referencia Nacional en Hematología, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile

Introducción: Los cumarínicos son fármacos ampliamente prescritos en el mundo, mostrando una importante variabilidad en la respuesta terapéutica como consecuencia de factores genéticos y ambientales. Así, el objetivo de este estudio fue definir un algoritmo de dosis guiado por farmacogenómica aplicado a la terapia anticoagulante oral con acenocumarol en población chilena.

Metodología: Un total de 218 pacientes en tratamiento con Acenocumarol fueron incluidos en el estudio. Variantes en los genes CYP2C9 y Vitamina K epóxido reductasa (VKORC1) fueron genotipificadas por métodos moleculares. La evaluación de requerimientos de acenocumarol de acuerdo a genotipo se realizó por ANOVA y la contribución de 22 variables demográficas y clínicas fue analizada por regresión lineal simple y múltiple. Por análisis multivariado se definió un algoritmo de dosis guiado por farmacogenómica, validándolo en una cohorte de pacientes con dosis estable de acenocumarol.

Resultados: Se observó una elevada frecuencia de la variante alélica VKORC1 -1639G>A asociándose a menores requerimientos de acenocumarol, no observándose esta asociación para el genotipo CYP2C9*2. Las variables edad, peso corporal y genotipo VKORC1 definieron el mejor modelo para estimar dosis de acenocumarol, observándose una correlación significativa entre la dosis calculada a partir del algoritmo propuesto y la dosis estable definida por clínica ($R^2=0,478$, $p<0,001$).

Conclusión: Los resultados permiten proponer un algoritmo de dosis guiado por farmacogenómica aplicado a la terapia anticoagulante con Acenocumarol.

Financiamiento: Proyecto DIUSS N° 01-FCS-07-003

Apellido y Nombre del Primer Autor: **NEFTALI GUZMAN OYARZO**

Dirección: **CRUZ #1577**

Ciudad: **CONCEPCION** País: **CHILE**

Teléfono: **+56-041-2400365**

Fax: **+56-041-2400002**

E - mail (requisito indispensable): **neftali.guzman@uss.cl**

Nombre archivo documento del resumen (apellido): **GUZMAN_1**

1. Apellido del primer autor
2. Si el mismo autor presenta más de un trabajo adicionar número correlativo por cada uno.