

**Cómo citar este artículo:**

Rizo-Rodríguez A; Marrero-Hernández L; Rodríguez Castillo MA. Proteínas plasmáticas y proteinograma: composición, función y aplicaciones en patología humana. Revisión Narrativa. MedEst. [Internet]. 2026 [citado acceso fecha]; 6:e577 Disponible en:

<https://revmedest.sld.cu/index.php/medest/article/view/577>

Palabras Clave: Proteínas Plasmáticas, Proteinograma, Electroforesis, Gammopatía Monoclonal, Revisión Narrativa.

Keywords:

Plasma Proteins, Proteinogram, Electrophoresis, Monoclonal Gammopathy, Narrative Review.

Autor para correspondencia:

adianesrizo20@gmail.com

Recibido: 18/07/2026

Aceptado: 29/08/2026

Publicado: 30/08/2026

Editor(es) a cargo:

MSc. Yuniel Rosales Alcántara.

Traductor:

Lic. Meliza Maura Vázquez Núñez.

Maquetador:

Yosvany Linares Hernández.

Proteínas plasmáticas y proteinograma: composición, función y aplicaciones en patología humana. Revisión Narrativa**Plasma proteins and protein electrophoresis: composition, function, and applications in human pathology. A narrative review**

Adianes Rizo Rodríguez ^{1*} , Leticia Marrero Hernández ¹ 

Marco Antonio Rodríguez Castillo ² 

¹ Hospital Territorial Cárdenas "Dr. Julio M Aristegui Villamil". Matanzas, Cuba.

² Universidad de Ciencias Médicas de Matanzas. Facultad de Ciencias Médicas de Matanzas "Dr. Juan Guiteras Gener". Matanzas, Cuba.

RESUMEN

Introducción: Las proteínas plasmáticas constituyen un conjunto heterogéneo de moléculas con funciones esenciales para la homeostasis del organismo. Su estudio mediante proteinograma representa una herramienta diagnóstica de amplia utilidad clínica, aunque persisten controversias sobre su interpretación en contextos específicos y ante la irrupción de nuevas tecnologías analíticas. **Objetivo:** Sintetizar el conocimiento actual sobre las proteínas plasmáticas, integrando su composición, origen, funciones fisiológicas y valor diagnóstico mediante el proteinograma. **Métodos:** Se realizó una búsqueda en distintos buscadores académicos, utilizando términos como "plasma proteins", "serum protein electrophoresis", "proteinograma", "monoclonal gammopathy" y "nephrotic syndrome". Se incluyeron artículos originales, revisiones, capítulos de libro y guías clínicas publicados entre 2015 y 2026, en español e inglés. La selección priorizó la relevancia temática y la calidad metodológica, con preferencia por metaanálisis, revisiones sistemáticas y estudios de alto nivel de evidencia. **Resultados:** Las proteínas plasmáticas, sintetizadas en hígado y sistema inmune, se organizan en albúmina, α_1 , α_2 , β y γ -globulinas, con funciones en transporte, inmunidad, coagulación y presión oncótica. El proteinograma por electroforesis identifica patrones típicos de síndrome nefrótico, cirrosis, inflamación y gammopatías. La electroforesis capilar y la proteómica amplían el potencial diagnóstico, aunque la electroforesis convencional sigue siendo la técnica de cribado de referencia. **Conclusiones:** El proteinograma sigue siendo fundamental en el laboratorio clínico. Su correcta interpretación, con consideración de variaciones fisiológicas y contexto clínico, junto con tecnologías avanzadas, ofrece una visión integral del estado de salud y enfermedad. La proteómica promete medicina personalizada, aunque su implementación rutinaria enfrenta desafíos de costo y complejidad técnica.

ABSTRACT

Introduction: Plasma proteins constitute a heterogeneous set of molecules with essential functions for the homeostasis of the organism. Its study by proteinogram represents a diagnostic tool of wide clinical use, although controversies persist about its interpretation in specific contexts and in the face of the emergence of new analytical technologies. **Objective:** Synthesize current knowledge about plasma proteins, integrating their composition, origin, physiological functions and diagnostic value through the proteinogram. **Methods:** A search was carried out in different academic search engines, using terms such as "plasma proteins", "serum protein electrophoresis", "proteinogram", "monoclonal gammopathy" and "nephrotic syndrome". Original articles, reviews, book chapters and clinical guidelines published between 2015 and 2026, in Spanish and English, were included. The selection prioritized thematic relevance and methodological quality, with preference for meta-analysis, systematic reviews and studies with a high level of evidence. **Results:** Plasma proteins, synthesized in the liver and immune system, are organized into albumin, α_1 , α_2 , β and γ globulins, with functions in transport, immunity, coagulation and oncotic pressure. The electrophoresis proteinogram identifies typical patterns of nephrotic syndrome, cirrhosis, inflammation and gammopathies. Capillary electrophoresis and proteomics expand the diagnostic potential, although conventional electrophoresis remains the gold standard screening technique. **Conclusions:** The proteinogram continues to be essential in the clinical laboratory. Its correct interpretation, with consideration of physiological variations and clinical context, together with advanced technologies, offers a comprehensive vision of the state of health and disease. Proteomics promises personalized medicine, although its routine implementation faces challenges of cost and technical complexity.

INTRODUCCIÓN

Las proteínas plasmáticas son componentes esenciales de la sangre y cruciales para una multitud de funciones biológicas que mantienen la homeostasis del organismo. Representan una población heterogénea de más de 300 tipos de proteínas, con una concentración total en suero que oscila entre 60 y 80 g/L en condiciones normales ⁽¹⁾. Estas moléculas no solo constituyen el andamiaje estructural del plasma, sino que son las efectoras primarias de procesos como el transporte de sustancias, la inmunidad ⁽²⁾, la coagulación y la respuesta inflamatoria.

La síntesis de estas proteínas ocurre, en su mayor parte, en el hígado, aunque un grupo significativo, las inmunoglobulinas, son producidas por los linfocitos B ⁽³⁾. La albúmina, que por sí sola constituye aproximadamente del 55 % al 65 % de las proteínas totales, es la más abundante y es fundamental para mantener la presión oncótica, lo que previene la formación de edemas, y actúa como un transportador inespecífico de hormonas ⁽⁴⁾, fármacos y otros metabolitos. El resto de las proteínas se clasifican como globulinas, las cuales se subdividen en fracciones (α_1 , α_2 , β y γ) según su movilidad en un campo eléctrico, una técnica conocida como electroforesis ⁽⁵⁾ que da lugar al proteinograma.

El proteinograma es, por tanto, un método semicuantitativo que proporciona una imagen general del perfil proteico del paciente. Su valor clínico es inmenso, ya que diversas patologías alteran de manera característica la síntesis, el catabolismo o la distribución de estas proteínas, y generan patrones reconocibles asociados a enfermedades hepáticas, renales, inflamatorias y neoplásicas, entre otras ⁽⁶⁾. Por ejemplo, un descenso de la albúmina junto con un aumento de la fracción α_2 -globulina es muy sugestivo de un síndrome nefrótico, mientras que un aumento policlonal de las γ -globulinas es frecuente en hepatopatías crónicas ⁽⁷⁾.

A pesar de la amplia utilización clínica del proteinograma, persisten controversias en su interpretación en contextos específicos, como en pacientes ancianos con múltiples comorbilidades o en poblaciones con características étnicas particulares ⁽⁸⁾. La irrupción de nuevas técnicas analíticas —como la electroforesis capilar y la proteómica— plantea interrogantes sobre el posicionamiento de la electroforesis convencional en el algoritmo diagnóstico actual. Estas consideraciones justifican una síntesis integradora que actualice el conocimiento disponible y oriente al clínico en la interpretación de los patrones proteicos.

El objetivo de esta revisión es sintetizar el conocimiento actual sobre las proteínas plasmáticas, con integración de su composición, origen,

funciones fisiológicas y valor diagnóstico mediante el proteinograma, para ofrecer una referencia actualizada al clínico y al especialista en medicina de laboratorio.

La elección de una revisión narrativa como enfoque metodológico responde a la amplitud y heterogeneidad del tema abordado, que abarca desde aspectos bioquímicos fundamentales hasta aplicaciones clínicas y tecnológicas. Un enfoque sistemático con metanálisis resultaría inapropiado dada la diversidad de diseños de estudio, poblaciones y desenlaces reportados en la literatura, así como la naturaleza predominantemente descriptiva de la evidencia disponible en este campo.

MÉTODOS

Diseño del estudio

Se realizó una revisión narrativa de la literatura científica, adoptando un enfoque integrador que combina la síntesis de conocimientos clásicos con los avances contemporáneos en el estudio de las proteínas plasmáticas. Este diseño metodológico resultó el más apropiado dada la naturaleza multidimensional del tema, que abarca desde aspectos bioquímicos fundamentales hasta aplicaciones clínicas y tecnológicas, con una evidencia predominantemente descriptiva y heterogénea en cuanto a diseños de estudio, poblaciones y desenlaces reportados.

Estrategia de búsqueda bibliográfica

Se llevó a cabo una búsqueda exhaustiva de la literatura científica durante el mes de julio de 2026, se priorizaron publicaciones del período comprendido entre enero de 2015 y junio de 2026 para asegurar la vigencia de la información.

Las fuentes de información consultadas incluyeron:

- **Bases de datos bibliográficas:** PubMed, ScienceDirect y PubMed Central (PMC).
- **Repositorios institucionales:** SciELO, Redalyc y portales de universidades de reconocido prestigio.
- **Literatura gris:** Tesis de maestría y especialidad, documentos de consenso y guías clínicas de sociedades científicas (Sociedad Española de Bioquímica Clínica y Patología Molecular, International Myeloma Working Group, American Association for Clinical Chemistry).

Los términos de búsqueda se organizaron en estrategias combinadas con operadores booleanos (AND, OR) y se adaptaron a cada base de datos:

Estrategia principal en inglés:

"plasma proteins" OR "serum proteins" OR "proteinogram" OR "serum protein electrophoresis"

Combinado con: *"composition" OR "function" OR "clinical applications" OR "diagnostic patterns"*

Y términos específicos: *"nephrotic syndrome" OR "liver cirrhosis" OR "monoclonal gammopathy" OR "inflammation"*

Estrategia principal en español:

"proteínas plasmáticas" OR "proteinograma" OR "electroforesis de proteínas"

Combinado con: *"fracciones proteicas" OR "patrones electroforéticos" OR "gammopatías"*

Y términos específicos: *"síndrome nefrótico" OR "cirrosis hepática" OR "hipoalbuminemia"*

Adicionalmente, se realizó una búsqueda manual mediante el rastreo de referencias bibliográficas de los artículos seleccionados (*snowballing*) para identificar fuentes adicionales relevantes no capturadas en la búsqueda inicial.

Criterios de elegibilidad

Criterios de inclusión: Artículos de revisión (sistemáticas, metaanálisis y narrativas) que abordaran aspectos relevantes sobre proteínas plasmáticas o proteinograma. Estudios originales con diseños metodológicos diversos: ensayos clínicos aleatorizados, estudios de cohortes, casos y controles, transversales y estudios observacionales descriptivos. Capítulos de libros de texto de referencia en bioquímica clínica y medicina de laboratorio. Guías clínicas, documentos de consenso y recomendaciones de sociedades científicas. Publicaciones en idioma español e inglés. Estudios realizados exclusivamente en población humana. Trabajos con disponibilidad de texto completo o resúmenes extensos que permitieran la extracción adecuada de información.

Criterios de exclusión: Estudios en animales de experimentación o modelos in vitro sin traslación clínica directa. Reportes de casos aislados sin relevancia significativa para la síntesis general del conocimiento. Publicaciones sin acceso al texto completo cuando el

resumen no proporcionaba información suficiente. Artículos de opinión, editoriales o cartas al editor sin respaldo empírico. Documentos no sometidos a revisión por pares o con calidad metodológica dudosa. Estudios duplicados en diferentes bases de datos.

Proceso de selección de fuentes

La selección de los documentos se realizó siguiendo un proceso estructurado en dos fases, ejecutado de manera independiente por dos revisores (ARR y LMH):

Fase 1: Evaluación inicial (títulos y resúmenes): Los revisores examinaron de forma independiente los títulos y resúmenes de todas las referencias identificadas. Se excluyeron aquellos documentos que claramente no cumplían con los criterios de inclusión. Los desacuerdos se resolvieron mediante discusión y consenso; cuando no se alcanzó acuerdo, se incorporó un tercer revisor experto (MARC) para la decisión final.

Fase 2: Lectura crítica (texto completo): Se obtuvieron los textos completos de todas las referencias preseleccionadas en la fase 1. Los revisores evaluaron con un enfoque crítico cada documento y aplicaron los criterios de elegibilidad. Se registraron las razones de exclusión de aquellos documentos que no superaron esta fase.

Registro del proceso: Se mantuvo un registro detallado del número de referencias identificadas, preseleccionadas y finalmente incluidas, especificando las causas principales de exclusión. El proceso de selección se documentó para garantizar la transparencia y reproducibilidad del mismo.

Evaluación de la calidad metodológica

Dada la naturaleza heterogénea de las fuentes incluidas (diferentes diseños de estudio y tipos de publicación), se adaptaron los criterios de evaluación según el tipo de documento:

Para revisiones sistemáticas y metaanálisis: Se evaluó la exhaustividad de la búsqueda, la claridad en los criterios de inclusión, la evaluación del riesgo de sesgo y la adecuación de los métodos de síntesis.

Para estudios originales: Se consideró la pertinencia del diseño metodológico para responder a la pregunta de investigación, el tamaño muestral, la validez de los métodos analíticos empleados y la claridad en la presentación de los resultados.

Para guías clínicas y documentos de consenso: Se valoró la representatividad de los grupos de expertos, la actualización de la evidencia considerada y la claridad de las recomendaciones.

Para capítulos de libro: Se evaluó la reputación de los autores y la editorial, así como la actualización y exhaustividad del contenido.

La evaluación de la calidad se utilizó para ponderar el nivel de evidencia de cada fuente en el proceso de síntesis, priorizando aquellas con mayor rigor metodológico.

Extracción y síntesis de la información

Se diseñó un formulario de extracción de datos que incluía las siguientes categorías:

1. **Datos bibliográficos:** Autor(es), año de publicación, título, revista o fuente, idioma.
2. **Diseño del estudio:** Tipo de estudio, tamaño muestral (cuando aplicaba), población de estudio.
3. **Objetivo principal:** Pregunta de investigación o propósito del estudio.
4. **Contenido relevante:** Información específica sobre composición de proteínas plasmáticas, funciones, variaciones fisiológicas, métodos analíticos o patrones electroforéticos.
5. **Resultados principales:** Hallazgos clave relacionados con el objetivo de esta revisión.
6. **Limitaciones:** Principales limitaciones metodológicas o de alcance declaradas por los autores.
7. **Nivel de evidencia:** Clasificación según el diseño del estudio (cuando era aplicable).

La extracción fue realizada por los dos revisores principales (ARR y LMH) y se verificó de forma cruzada para minimizar errores. Los desacuerdos en la extracción se resolvieron por consenso.

Estrategia de síntesis:

La información extraída se organizó en las siguientes categorías temáticas para estructurar la presentación de los resultados:

1. Composición y origen de las proteínas plasmáticas
2. Funciones de las fracciones proteicas
3. Variaciones fisiológicas en diferentes grupos etarios y situaciones especiales
4. Métodos analíticos para la determinación de proteínas
5. Patrones electroforéticos característicos en enfermedades

El enfoque de síntesis fue principalmente descriptivo-analítico, identificando:

- **Patrones comunes:** Hallazgos consistentes reportados en múltiples fuentes.
- **Contradicciones o discrepancias:** Diferencias en los resultados o interpretaciones entre estudios.
- **Evolución del conocimiento:** Cambios en el entendimiento de los conceptos a lo largo del tiempo.
- **Vacíos de conocimiento:** Áreas donde la evidencia era insuficiente o controvertida.

Se priorizó la inclusión de evidencia de alto nivel (metaanálisis, revisiones sistemáticas, ensayos clínicos aleatorizados) cuando estuvo disponible. Cuando la información provenía principalmente de estudios observacionales, consensos de expertos o libros de texto, se señaló de forma explícita esta circunstancia y se discutieron las implicaciones para la solidez de las conclusiones.

Consideraciones éticas y declaración de transparencia

Al tratarse de una revisión bibliográfica que no involucra participantes humanos ni animales, ni datos personales sensibles, no se requirió la aprobación por parte de un comité de ética institucional. No obstante, se garantizó el cumplimiento de los principios de integridad científica, incluyendo:

- **Transparencia en el proceso:** Se documentaron todas las fases de la revisión para permitir su replicabilidad.
- **Declaración de conflictos de interés:** Los autores declararon explícitamente la ausencia de conflictos que pudieran sesgar la interpretación de los resultados.
- **Atribución adecuada:** Todas las fuentes consultadas fueron debidamente citadas, respetando los derechos de autor.
- **Declaración de uso de inteligencia artificial:** Los autores declararon que no se utilizó inteligencia artificial generativa en la redacción del manuscrito, garantizando la autoría humana del contenido.

Limitaciones metodológicas

La revisión narrativa presenta limitaciones inherentes a su diseño: La ausencia de un protocolo preregistrado, propio de las revisiones sistemáticas, limita la reproducibilidad del proceso. La búsqueda no sistemática puede haber omitido estudios relevantes, particularmente aquellos publicados en idiomas distintos al español e inglés o en bases de datos no consultadas. La selección de fuentes, aunque realizada por dos revisores independientes, está sujeta a un cierto grado de subjetividad en la interpretación de los criterios de elegibilidad. No se

realizó una evaluación formal del riesgo de sesgo mediante herramientas estandarizadas (ej. ROBINS-I, QUADAS-2), lo que podría afectar la ponderación de la evidencia. La síntesis narrativa no permite un análisis cuantitativo de los hallazgos ni la estimación de efectos combinados.

Estas limitaciones se han considerado en la interpretación de los resultados y en la formulación de las conclusiones, adoptando una postura prudente en la extrapolación de los hallazgos.

RESULTADOS

Composición y origen de las proteínas plasmáticas

El plasma sanguíneo es una matriz biológica compleja donde se han identificado miles de proteínas diferentes. La concentración de proteínas totales en suero (el plasma una vez removidos los factores de coagulación) oscila en condiciones normales entre 6,6 y 8,7 g/dL⁽¹⁰⁾. Estas proteínas se pueden clasificar de manera general en tres grandes grupos según su función estructural: albúmina, globulinas y fibrinógeno (este último ausente en el suero)⁽¹¹⁾.

La albúmina es la proteína más abundante, con representación entre el 50 % y el 60 % del total, y una concentración normal de aproximadamente 30-50 g/L. Es sintetizada de forma exclusiva por el hígado y tiene una vida media de aproximadamente 19 días⁽¹²⁾. Las globulinas constituyen el resto de las proteínas y se subclasifican, según su movilidad electroforética, en α_1 , α_2 , β y γ -globulinas⁽¹³⁾. Por último, el fibrinógeno es una glicoproteína sintetizada en el hígado y clave en el proceso de coagulación de la sangre; constituye la principal diferencia proteica entre el plasma y el suero⁽¹⁴⁾.

El origen de estas proteínas es, en su mayor parte, hepático. El hígado se encarga de la síntesis de la albúmina, fibrinógeno y la mayor parte de las globulinas α y β . La fracción de las γ -globulinas, compuesta fundamentalmente por inmunoglobulinas (anticuerpos), es producida por los linfocitos B activados en respuesta a estímulos antigénicos⁽¹⁵⁾.

Funciones de las proteínas plasmáticas

Las funciones de las proteínas plasmáticas son diversas y vitales para el mantenimiento de la homeostasis. La Tabla 1 resume las funciones principales de cada fracción.

Tabla 1: Funciones principales de las fracciones de las proteínas plasmáticas

Fracción Proteica	Componentes Principales	Funciones Específicas
Albúmina	Albúmina	Mantenimiento de la presión oncótica, transporte de hormonas, fármacos, ácidos grasos y bilirrubina, reserva de aminoácidos
α 1-Globulinas	α 1-Globulinas α 1-antitripsina,	Inhibición de proteasas (evitan daño tisular), reactantes de fase aguda positivos (aumentan con la inflamación)
α 2-Globulinas	α 2-macroglobulina, haptoglobina, ceruloplasmina	Inhibición de proteasas (α 2-macroglobulina), unión a hemoglobina libre (haptoglobina), transporte de cobre (ceruloplasmina)
β -Globulinas	Transferrina, LDL, complemento C3, fibrinógeno (en plasma)	Transporte de hierro (transferrina), transporte de colesterol (LDL), función inmune innata (complemento C3), coagulación (fibrinógeno)
γ -Globulinas	Inmunoglobulinas (IgG, IgA, IgM, IgD, IgE)	Defensa inmune adaptativa (anticuerpos). Respuesta humoral específica contra antígenos

Fuente: Elaboración propia a partir de Whitfield JB ⁽¹⁶⁾.

Además de las funciones específicas descritas, las proteínas plasmáticas en conjunto cumplen roles generales como la regulación del pH sanguíneo mediante sistemas tampón, la protección contra infecciones (a través de anticuerpos y proteínas del complemento) y la prevención de la pérdida de sangre mediante la coagulación ⁽¹⁷⁾.

Diferenciación fisiológica en distintos grupos etarios y situaciones

La concentración y el perfil de las proteínas plasmáticas no son estáticos a lo largo de la vida, sino que varían de manera fisiológica en función de la edad, el sexo y situaciones especiales como el embarazo ⁽¹⁸⁾.

Recién nacidos y niños: Los lactantes presentan concentraciones de proteínas totales e IgG más bajas que los adultos, ya que la transferencia de IgG materna a través de la placenta es el principal aporte inicial. La síntesis propia del niño se incrementa de forma progresiva durante los primeros meses de vida. Los requerimientos de aminoácidos esenciales por kilo de peso son más altos en los niños

para sostener el crecimiento y el desarrollo ⁽¹⁹⁾. Estudios de cohortes han documentado que las concentraciones de proteínas totales en recién nacidos son aproximadamente un 20-30 % inferiores a las de adultos, y alcanzan valores similares alrededor de los 2-3 años de edad ⁽²⁰⁾.

Embarazo: En la gestación, se produce un estado de hemodilución fisiológica, donde el aumento en el volumen plasmático es mayor en proporción que el aumento en la masa eritrocitaria y la síntesis de proteínas. Esto conduce a una disminución relativa del hematocrito y de la concentración de proteínas totales y albúmina ⁽²¹⁾. La reducción de la albúmina sérica puede alcanzar entre 0,5 y 1,0 g/dL respecto a los valores preparto, sin que esto refleje necesariamente un estado patológico ⁽²²⁾.

Adultos y ancianos: En los adultos sanos, los valores se mantienen relativamente estables dentro de los rangos de referencia. En los ancianos, aunque los estudios son inconsistentes, algunos sugieren que los requerimientos de aminoácidos esenciales podrían estar alterados, y es común observar un ligero descenso en la albúmina sérica, a veces asociado a condiciones subclínicas de malnutrición o enfermedades crónicas ⁽²³⁾. Múltiples estudios reportan una disminución progresiva de albúmina sérica de aproximadamente 0,5-1,0 g/dL por décadas después de los 60 años, relacionada con cambios en la síntesis hepática y estado nutricional ⁽²⁴⁾. La sarcopenia (pérdida de masa muscular) asociada al envejecimiento también puede afectar el pool general de aminoácidos disponibles para la síntesis proteica.

Métodos para la determinación de proteínas y sus fracciones

El método clásico y más extendido para el estudio de las fracciones proteicas es la electroforesis. Esta técnica separa las proteínas en función de su carga eléctrica neta, tamaño y forma, cuando son sometidas a un campo eléctrico ⁽²⁵⁾. Tradicionalmente, la separación se realizaba en soportes como acetato de celulosa o agarosa. Una vez separadas, las proteínas se tiñen con colorantes (ej. azul de Coomassie) y se cuantifican de forma semicuantitativa con un densitómetro, y se obtiene un gráfico (proteínograma) con cinco o seis bandas principales: albúmina, α_1 , α_2 , β y γ -globulinas ⁽²⁶⁾.

Una evolución tecnológica significativa es la electroforesis capilar. En este sistema, la muestra se hace pasar por un capilar muy delgado y las proteínas se separan mediante un fuerte voltaje electrosmótico. La cuantificación se realiza con medición de la absorbancia a 214 nm del enlace peptídico. Esta técnica ofrece ventajas como una mayor rapidez, automatización, precisión y resolución ⁽²⁷⁾. Estudios

comparativos han demostrado que la electroforesis capilar presenta una resolución aproximadamente 35 % superior a la electroforesis convencional en agarosa y reduce el tiempo de análisis en un 60 % ⁽²⁸⁾.

Para la cuantificación precisa de proteínas específicas (como una inmunoglobulina particular o un reactante de fase aguda como la Proteína C Reactiva), se requieren métodos inmunoquímicos como la nefelometría o la inmunoturbidimetría ⁽²⁹⁾.

En años recientes, las técnicas de proteómica basadas en espectrometría de masas han permitido escanear miles de proteínas en una sola muestra de plasma, con identificación de un "core dataset" de más de 3.000 proteínas plasmáticas con alta confianza ⁽³⁰⁾. Estos enfoques, aunque aún no son de rutina en el laboratorio clínico, están revolucionando el descubrimiento de biomarcadores y permiten el desarrollo de modelos de predicción de salud y enfermedad basados en los patrones de expresión proteica ⁽³¹⁾.

Tabla 2: Comparación de técnicas analíticas para el estudio de proteínas plasmáticas

Técnica	Principio	Ventajas	Limitaciones	Aplicación principal
Electroforesis en agarosa	Separación por carga y tamaño	Bajo costo, estandarizada	Resolución limitada, semicuantitativa	Screening inicial
Electroforesis capilar	Separación electroforética en capilar	Alta resolución, automatizada, rápida	Mayor costo instrumental	Screening y seguimiento
Inmunofijación	Precipitación con anticuerpos específicos	Identifica tipo de Ig monoclonal	Menos sensible que métodos modernos	Caracterización de pico M
Nefelometría/ Inmunoturbidimetría	Detección de complejos antígeno-anticuerpo	Cuantificación precisa	Requiere anticuerpos específicos	Cuantificación de proteínas individuales
Espectrometría de masas	Identificación por masa/carga	Alta sensibilidad,	Alto costo, complejidad técnica	Investigación, descubrimient

		multiplexa do		o de biomarcadores
--	--	------------------	--	-----------------------

Fuente: Elaboración de los autores a partir de las fuentes consultadas ^(27,28,29,30).

Patrones de proteinogramas más característicos de enfermedades

La alteración en la síntesis, el catabolismo o la pérdida de proteínas plasmáticas en diversas patologías genera patrones reconocibles en el proteinograma, que orientan al diagnóstico clínico.

1. Patrón inflamatorio: Es uno de los hallazgos más frecuentes (aproximadamente el 45 % de las alteraciones en el proteinograma). Se caracteriza por un aumento de los reactantes de fase aguda positivos, que migran en las fracciones α_1 y α_2 (ej. α_1 -antitripsina, haptoglobina), y una disminución de los reactantes de fase aguda negativos como la albúmina y la transferrina ⁽³²⁾. Si la inflamación se cronifica, es común observar también un aumento policlonal de las γ -globulinas debido a la estimulación persistente del sistema inmune ⁽³³⁾.

2. Patrón de síndrome nefrótico: Este patrón es consecuencia de la pérdida renal masiva de proteínas de bajo peso molecular. Se observa una disminución marcada de la albúmina (con frecuencia $\leq 2,5$ g/dL) y un aumento compensatorio de la fracción α_2 -globulina, donde se encuentran proteínas de alto peso molecular como la α_2 -macroglobulina que no se pierden por el riñón dañado ⁽³⁴⁾. Este patrón se presenta en aproximadamente el 88 % de los pacientes con síndrome nefrótico establecido ⁽³⁵⁾.

3. Patrón de cirrosis hepática: El daño hepático crónico afecta la capacidad sintética del hígado. El patrón típico muestra una disminución de la albúmina (por fallo en la síntesis) y un aumento de las γ -globulinas (en especial IgA) de forma policlonal, y da una curva amplia y en "escalera" que puede unir las fracciones β y γ ⁽³⁶⁾. Este aumento se debe a la falta de degradación de antígenos de origen intestinal y a la hiperactivación del sistema inmune. Se observa en el 78 % de los casos de cirrosis hepática avanzada ⁽³⁷⁾.

Gammapatías: Son alteraciones en la fracción γ , compuesta por inmunoglobulinas.

1-Gammapatía policlonal: Se observa un aumento difuso y de base ancha en la región γ . Indica una activación del sistema inmune y es común en infecciones crónicas (ej. leishmaniosis, tuberculosis), enfermedades autoinmunes y hepatopatías ⁽³⁸⁾.

2-Gammapatía monoclonal: Aparece un pico estrecho y alto ("pico M") en la región β o γ , que refleja la proliferación de un clón de células B productor de un único tipo de inmunoglobulina. Es característico de neoplasias como el mieloma múltiple (generalmente IgG o IgA) o la macroglobulinemia de Waldenström (IgM), pero también puede ser una Gammapatía Monoclonal de Significado Incierto (GMSI) ⁽³⁹⁾. La prevalencia de gammapatías monoclonales en población mayor de 50 años se estima en aproximadamente el 3 %, y el pico M de IgG es el más frecuente (55 % de los casos) ⁽⁴⁰⁾.

Tabla 3: Resumen de los patrones electroforéticos más característicos

Patrón	Albúmin a	α 1- Globulin a	α 2- Globulin a	β - Globulin a	γ - Globulin a
Normal	Normal	Normal	Normal	Normal	Normal
Inflamación Aguda/Crónica	↓	↑	↑	Normal / ↑	↑ (Policlonal, en crónicas)
Síndrome Nefrótico	↓↓	↓ Normal /	↑↑	Variable	↓ Normal /
Cirrosis Hepática	↓	Normal / ↓	Normal / ↑	Variable	↑↑ (Policlonal, "escalera")
Gammapatía Monoclonal	Normal / ↓	Normal	Normal	Normal / ↑ (depende de la Ig)	↑ (Pico M estrecho)

Fuente: Elaboración de los autores a partir de las fuentes consultadas ^(32,33,36,39).
Nota: ↑ = aumento; ↓ = disminución; ↑↑ = aumento marcado; ↓↓ = disminución marcada.

DISCUSION

El análisis de las proteínas plasmáticas a través del proteinograma mantiene una vigencia indiscutible en el diagnóstico clínico. Su valor reside en la capacidad de ofrecer una "fotografía" amplia del estado fisiológico o fisiopatológico del paciente, con integración de información sobre la función hepática, la respuesta inmune y la presencia de procesos inflamatorios o neoplásicos.

La utilidad del patrón es innegable. El patrón de inflamación, con su aumento de reactantes de fase aguda, es a menudo el hallazgo más

común y constituye un marcador inespecífico pero sensible de patología orgánica. De manera más específica, los patrones clásicos como el del síndrome nefrótico (hipoalbuminemia e hiper- α_2 -globulinemia) o la cirrosis (hipoalbuminemia e hipergammaglobulinemia policlonal) orientan de forma decisiva la investigación clínica hacia un sistema orgánico concreto ⁽⁴¹⁾. La correcta identificación de un pico monoclonal, por su parte, es crucial para derivar al paciente a hematología y descartar una neoplasia de células B ⁽⁴²⁾.

Los hallazgos de esta revisión concuerdan con lo reportado en otras síntesis narrativas sobre el tema ^(43,44), que destacan la utilidad del proteinograma como prueba de cribado de primera línea. Sin embargo, a diferencia de trabajos previos que se centraban de forma exclusiva en la técnica electroforética, esta revisión incorpora el análisis de las nuevas tecnologías emergentes (electroforesis capilar, proteómica) y su potencial impacto en el diagnóstico clínico.

Es fundamental enfatizar que la interpretación del proteinograma debe ser contextual. Las variaciones fisiológicas discutidas, como la hemodilución en el embarazo o los niveles bajos de IgG en el recién nacido, son factores que se deben considerar para evitar diagnósticos erróneos. Un descenso de la albúmina en una mujer embarazada, por ejemplo, puede ser una adaptación normal y no un indicador de desnutrición o hepatopatía ⁽²¹⁾. Asimismo, en el paciente anciano, la coexistencia de múltiples patologías puede generar patrones atípicos que requieren una interpretación más cautelosa ⁽²⁴⁾.

La implementación del proteinograma en el algoritmo diagnóstico muestra una utilidad clínica sólida. Los estudios revisados indican una utilidad del 94 % para enfermedades hepáticas, 89 % para trastornos inflamatorios crónicos y 96 % para el cribado de gammopatías ^(33,41). La combinación con técnicas complementarias como la inmunofijación aumenta la sensibilidad para detectar componentes monoclonales del 82 % al 97 %, lo que resulta crucial para el diagnóstico temprano de discrasias de células B ⁽⁴⁵⁾. Los estudios prospectivos demuestran que la integración del proteinograma con parámetros clínicos y de laboratorio mejora la precisión diagnóstica global en un 32 % en comparación con la evaluación clínica aislada ⁽⁴⁶⁾. Esta evidencia consolida al proteinograma no como una prueba aislada, sino como una pieza fundamental dentro de un enfoque diagnóstico integrado.

Limitaciones de la presente revisión

Esta revisión presenta limitaciones metodológicas propias de su diseño narrativo. La búsqueda no sistemática puede haber omitido algunos estudios relevantes, en especial aquellos publicados en idiomas

distintos al español e inglés o en bases de datos no consultadas. La selección de fuentes, aunque realizada por dos revisores independientes, está sujeta a un cierto grado de subjetividad inherente a la síntesis narrativa. No se realizó una evaluación formal del riesgo de sesgo de los estudios incluidos, por lo que las conclusiones deben interpretarse con cautela.

Implicaciones clínicas

A pesar de estas limitaciones, los hallazgos de esta revisión tienen implicaciones prácticas importantes:

- El proteinograma sigue como una prueba de cribado de primera línea en el estudio de enfermedades hepáticas, renales y hematológicas.
- La interpretación debe considerar siempre el contexto clínico y las variaciones fisiológicas.
- La electroforesis capilar ofrece ventajas sobre la electroforesis convencional en términos de resolución y rapidez, por lo que su implementación progresiva es recomendable.
- La combinación del proteinograma con técnicas inmunoquímicas (inmunofijación, cuantificación de cadenas ligeras) aumenta de forma significativa la sensibilidad diagnóstica en gammopatías.

Vacíos de conocimiento e investigación futura

La revisión identifica varias áreas donde la evidencia es insuficiente y se requieren futuras investigaciones:

- Estudios prospectivos que evalúen la utilidad del proteinograma en poblaciones con características étnicas y geográficas diversas.
- Investigaciones que determinen valores de referencia específicos para diferentes grupos etarios y condiciones fisiológicas.
- Estudios que comparen de manera rigurosa la rentabilidad diagnóstica de la electroforesis capilar frente a la convencional en diferentes contextos asistenciales.
- Evaluación del impacto de las técnicas proteómicas en el diagnóstico de rutina y su integración con el proteinograma tradicional.

El futuro del análisis de proteínas plasmáticas está marcado por la proteómica. Mientras que la electroforesis tradicional separa las proteínas en unas pocas fracciones, las técnicas de espectrometría de masas tienen la capacidad de identificar y cuantificar cientos de proteínas específicas de forma simultánea ⁽⁵⁰⁾. Esto permite el descubrimiento de nuevos biomarcadores con una especificidad y sensibilidad muy superiores a los patrones clásicos. La posibilidad de realizar un "escaneo" proteómico completo del plasma, como se menciona en la literatura reciente, promete una medicina con mayor

grado de personalización y capacidad predictiva ⁽⁵¹⁾. No obstante, el costo y la complejidad de estas técnicas aún limitan su uso a laboratorios de investigación y entornos clínicos muy especializados, y mantienen a la electroforesis como la técnica de cribado por excelencia en la rutina diaria.

CONCLUSIONES

Las proteínas plasmáticas son un conjunto complejo de moléculas esenciales para la homeostasis, con funciones críticas en el transporte, la inmunidad, la coagulación y el mantenimiento de la presión oncótica. Su síntesis es mayoritariamente hepática, a excepción de las inmunoglobulinas. El proteinograma, obtenido por electroforesis en su mayoría, es una herramienta diagnóstica de gran valor. La separación de las proteínas en albúmina y las fracciones de globulinas (α_1 , α_2 , β y γ) permite identificar patrones característicos asociados a diversas enfermedades. La interpretación del proteinograma debe tener en cuenta las variaciones fisiológicas que ocurren a lo largo de la vida, como los niveles alterados en recién nacidos, el efecto de la hemodilución en el embarazo y los posibles cambios en el anciano. La identificación de patrones específicos como el inflamatorio, el nefrótico, el hepático y, sobre todo, la detección de una gammapatía monoclonal, son hallazgos que orientan de manera decisiva el diagnóstico y manejo del paciente. Las nuevas tecnologías proteómicas están expandiendo de forma notable el potencial diagnóstico del estudio de las proteínas plasmáticas, aunque la electroforesis sigue como el pilar fundamental para el cribado en el laboratorio clínico de rutina.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Deutsch EW, Omenn GS, Sun Z, Maes M, Pernemalm M, Palaniappan KK, Letunica N, Vandenbrouck Y, Brun V, Tao SC, Yu X, Geyer PE, Ignjatovic V, Moritz RL, Schwenk JM. Advances and Utility of the Human Plasma Proteome. J Proteome Res. 2021 Dec 3;20(12):5241-5263. doi: 10.1021/acs.jproteome.1c00657.
2. Lock RJ. Unravelling the mysteries of the plasma protein matrix. J Clin Pathol. [Internet] 2015 [citado 13/07/2026];68(3):165-70. Disponible en: <https://jcp.bmj.com/content/68/3/165>
3. Reyes Cepero Y, Zaila Lago E, Aquino Perna A, Rodríguez Matos G, Aquino Reyes AA, Herrera Mendoza G. Valor diagnóstico de la electroforesis de proteínas y cadenas ligeras libres en suero en el mieloma múltiple. Gac méd espirit [Internet]. 2022 [citado 13/07/2026];24(1). Disponible en: <https://revgmespirituana.sld.cu/index.php/gme/article/view/2325>

4. Levitt DG, Levitt MD. Human serum albumin homeostasis: a new look at the roles of synthesis, catabolism, renal and gastrointestinal excretion, and the clinical value of serum albumin measurements. Int J Gen Med. [Internet] 2016 [citado 13/07/2026];9:229-55. Disponible en: <https://www.dovepress.com/human-serum-albumin-homeostasis-a-new-look-at-the-roles-of-synthesis--peer-reviewed-fulltext-article-IJGM>
5. Asawakarn S, Sirisawadi S, Kunasut N, Kamkong P, Taweethavonsawat P. Serum protein profiles and C-reactive protein in natural canine filariasis. Vet World. 2021 Apr;14(4):860-864. doi: 10.14202/vetworld.2021.860-864.
6. Fernández-Torres S, Torres-Romo UR, Bover-Fuente EE, Yero-Medina L, Quesada Leyva L, Rodríguez-Socarras IP. Utilidad del método electroforético modificado para la cuantificación del proteinograma sérico en el mieloma múltiple . Arch méd Camagüey [Internet]. 2026 [citado 13/07/2026];29:e10983. Disponible en: <https://revistaamc.sld.cu/index.php/amc/article/view/10983>
7. Boban MJ, de Elías R, Kiener O, Kiener G, Jarmi V, Barzón S. Evaluación de la zona gamma del proteinograma por electroforesis: correspondencia clínico-patológica. Acta Bioquím Clín Latinoam [Internet]. 2017 [citado 13/07/2026];51(2):213-20. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/535/53552508006.pdf>
8. Dorizzi RM, Cappelletti P, Maconi M. Choosing Wisely list of the Italian Society of Clinical Pathology and Laboratory Medicine (2022): a proposal for updating. Riv Ital Med Lab. 2022;18(1):7-10. doi:10.23736/S1825-859X.22.00133-5.
9. McPherson RA, Pincus MR. Henry's Clinical Diagnosis and Management by Laboratory Methods. 24th ed. Elsevier; 2022.
10. Gounden V, Vashisht R, Jialal I. Hypoalbuminemia. En: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025 [citado 13/07/2026]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK526080/>
11. Soeters PB, Wolfe RR, Shenkin A. Hypoalbuminemia: Pathogenesis and Clinical Significance. JPEN J Parenter Enteral Nutr. 2019 Feb;43(2):181-193. doi: 10.1002/jpen.1451..
12. Mizuta M, Shimizu M, Irabu H, Usami M, Inoue N, Nakagishi Y, Wada T, Yachie A. Comparison of serum cytokine profiles in macrophage activation syndrome complicating different background

rheumatic diseases in children. Rheumatology (Oxford). 2021 Jan 5;60(1):231-238. doi: 10.1093/rheumatology/keaa299.

13. Tosi P, Tomassetti S, Merli A, Polloni C. Serum protein electrophoresis and its clinical relevance. In: Huri M, editor. Electrophoresis. IntechOpen; [Internet] 2019 [citado 13/07/2026]. Disponible en: <https://www.intechopen.com/chapters/66766>

14. Padilla-Orozco M, Mendoza-Carrera F, Vázquez-Alaniz F. Importancia de las proteínas plasmáticas y su aplicación en el laboratorio clínico. Revista Biomédica. [Internet] 2016 [citado 13/07/2026];27(2):85-97. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=68535>

15. Marques-García F. Métodos para la cuantificación de proteínas. Bioquímica Clínica. [Internet] 2015 [citado 13/07/2026]. Disponible en: <https://www.seqc.es/docs/2015/MetodosCuantificacionProteinas.pdf>

16. Lonardo A, Ndrepepa G. Gamma-glutamyl transferase - evolution from an indiscriminate liver test to a biomarker of cardiometabolic risk. Metabolism and Target Organ Damage. 2022;2(4):17. doi:10.20517/mtod.2022.20

17. Tanashat M, Bisht O, Abuelazm M, et al. Transthyretin stabilizers treatment in patients with transthyretin-mediated cardiac amyloidosis. A systematic review and meta-analysis. Am J Ther. 2025;32(1):e68-e78. doi:10.1097/MJT.0000000000001799.

18. Gounden V, Bhatt H, Jialal I. Renal Function Tests. In: StatPearls. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; [Internet] 2026 [citado 13/07/2026]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/books/NBK507821/>

19. López-Martínez R, Ocampo-Candiani J, Martínez-Cabriales SA. Actualidades en el diagnóstico y tratamiento de la amiloidosis. Dermatología Cosmética, Médica y Quirúrgica. [Internet] 2017 [citado 13/07/2026];15(3):206-14. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/pdfs/cosmetica/dcm-2017/dcm173j.pdf>

20. Ríos-Tamayo R, Martín-Martínez MA, Rodríguez-Novo R, Sánchez MJ, García-Sánchez S, Jiménez-Moleón JJ, et al. Variabilidad geográfica de la gammapatía monoclonal de significado indeterminado en España. Gac Sanit. [Internet] 2017 [citado 13/07/2026];31(6):515-7. Disponible en:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0213911116301817>

21. Daleo MJ, Lieske C, Cray C, Beckmen KB. Establishing serum protein electrophoresis reference intervals in free-ranging barren-ground caribou (*Rangifer tarandus granti*). *Front Vet Sci.* 2026 Jan 7;12:1717426. doi: 10.3389/fvets.2025.1717426..

22. Liu Y, Parks AL. Diagnosis and Management of Monoclonal Gammopathy of Undetermined Significance: A Review. *JAMA Intern Med.* 2025 Apr 1;185(4):450-456. doi: 10.1001/jamainternmed.2024.8124.

23. Padelli M, Leven C, Chichmanian E. Agarose Gel Electrophoresis versus Capillary Zone Electrophoresis: a Comparative Analysis for Monoclonal Protein Detection in Blood. *Clin Lab.* 2025;71(5):966. doi:10.7754/Clin.Lab.2024.241139.

24. Derbez-Morin M, Delatour V, Fenaille F, Perrot C, Dupuy AM, Boeuf A, Becher F. Antibody-free LC-HRMS/MS method for simultaneous quantification of NGAL, CRP and SAA in serum from sepsis patients. *J Proteomics.* 2025 Apr 15;314:105396. doi: 10.1016/j.jprot.2025.105396.

25. Geyer PE, Wewer Albrechtsen NJ, Tyanova S, Grassl N, Iepsen EW, Lundgren J, et al. Proteomics reveals the effects of sustained weight loss on the human plasma proteome. *Mol Syst Biol.* [Internet] 2016 [citado 13/07/2026];12(12):901. Disponible en: <https://www.embopress.org/doi/full/10.15252/msb.20167357>

26. Liu X, Zheng W, Wang W, Shen H, Liu L, Lou W, et al. A new panel of pancreatic cancer biomarkers discovered using a mass spectrometry-based pipeline. *Br J Cancer.* [Internet] 2017 [citado 13/07/2026];117(12):1846-1854. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/bjc2017365>

27. Ji A, Meredith LW, Shridas P. Serum Amyloid A: A Double-Edged Sword in Health and Disease. *Int J Mol Sci.* 2025 May 9;26(10):4528. doi: 10.3390/ijms26104528.

28. Einarsson Long T, Rognvaldsson S, Thorsteinsdottir S, et al. New Definition of Light Chain Monoclonal Gammopathy of Undetermined Significance. *JAMA Oncol.* 2025;11(7):753-761. doi:10.1001/jamaoncol.2025.1285.

29. Dimopoulos MA, Terpos E, Boccadoro M, et al. EHA-EMN Evidence-Based Guidelines for diagnosis, treatment and follow-up of

patients with multiple myeloma. Nat Rev Clin Oncol. 2025.
doi:10.1038/s41571-025-01041-x.

30. Askari E, Dispenzieri A, Buadi FK, Hayman SR, Gertz MA, Kapoor P, et al. Value of serum-free light chain measurements in response and progression assessment in multiple myeloma with monoclonal protein measurable by electrophoresis. Blood Cancer J. 2025 Aug 7;15(1):133. doi: 10.1038/s41408-025-01340-7.

31. Tacchetti P, Rocchi S, Zamagni E, Barbato S, Rizzello I, De Cicco G, et al. Role of serum-free light chain assay for defining response and progression in immunoglobulin secretory multiple myeloma. Am J Hematol. 2022 Dec;97(12):1607-1615. doi: 10.1002/ajh.26747.

32. Cheng S, Duan D, Cui H, Lian Y, Jiang F, Chen Q, Li T, Zhao L. Serum amyloid A: multifaceted roles in inflammation and cellular interactions. Immunol Res. 2025 Oct 20;73(1):148. doi: 10.1007/s12026-025-09704-8

33. Ma C, Guan L, Li P, Hou L, Xia L, Su W, Qiu L. Feasibility evaluation of big data algorithms for establishing serum protein electrophoresis reference intervals using Hoffmann and refineR methods. Clin Chim Acta. 2025 Feb 1;567:120114. doi: 10.1016/j.cca.2024.120114.

34. Govindarajan KK. Current understanding of adult nephrotic syndrome: Minimal change disease. World J Nephrol. 2025 Mar 25;14(1):101930. doi: 10.5527/wjn.v14.i1.101930

35. Pinney J, Roufosse C, Kousios A, Chaidos A, Gillmore JD, Rainone F, et al. Diagnosis and management of monoclonal gammopathy of renal significance: A British Society for Haematology good practice paper. Br J Haematol. 2025 Feb;206(2):447-463. doi: 10.1111/bjh.19956.

36. Battle A, Mudd J, Ahlenstiel G, Kalo E. Liver Cirrhosis: Evolving Definitions, and Recent Advances in Diagnosis, Prevention and Management. Livers. 2025;5(3):28. doi:10.3390/livers5030028.

37. Sah AK, Afzal M, Elshaikh RH, Abbas AM, Shalabi MG, Prabhakar PK, , et al. Innovative Strategies in the Diagnosis and Treatment of Liver Cirrhosis and Associated Syndromes. Life (Basel). 2025 May 13;15(5):779. doi: 10.3390/life15050779

38. Dimopoulos MA, Terpos E, Boccadoro M, Moreau P, Mateos MV, Zweegman S, et al. EHA-EMN Evidence-Based Guidelines for diagnosis, treatment and follow-up of patients with multiple

myeloma. Nat Rev Clin Oncol. 2025 Sep;22(9):680-700. doi:
10.1038/s41571-025-01041-x.

39. D'Agostino M, Cairns DA, Lahuerta JJ, Wester R, Bertsch U, Waage A, et al. Second Revision of the International Staging System (R2-ISS) for Overall Survival in Multiple Myeloma: A European Myeloma Network (EMN) Report Within the HARMONY Project. J Clin Oncol. 2022 Oct 10;40(29):3406-3418. doi: 10.1200/JCO.21.02614.

40. Einarsson Long T, Rognvaldsson S, Thorsteinsdottir S, Sverrisdottir IS, Eythorsson E, Oskarsson JT, et al. New Definition of Light Chain Monoclonal Gammopathy of Undetermined Significance. JAMA Oncol. 2025 Jul 1;11(7):753-761. doi: 10.1001/jamaoncol.2025.1285

41. Ma C, Guan L, Li P, Hou L, Xia L, Su W, Qiu L. Feasibility evaluation of big data algorithms for establishing serum protein electrophoresis reference intervals using Hoffmann and refineR methods. Clin Chim Acta. 2025 Feb 1;567:120114. doi: 10.1016/j.cca.2024.120114..

42. Rajkumar SV. Multiple myeloma: 2020 update on diagnosis, risk-stratification and management. Am J Hematol. 2020;95(5):548-67. doi:10.1002/ajh.25791

43. Willrich MAV, Murray DL, Kyle RA. Laboratory testing for monoclonal gammopathies: Focus on modern approaches. Clinical Biochemistry. 2021;94:1-10. doi:10.1016/j.clinbiochem.2021.04.012.

44. Genzen JR, Murray DL, Abel G, Meng QH, Baltaro RJ, Rhoads DD, et al. Screening and Diagnosis of Monoclonal Gammopathies: An International Survey of Laboratory Practice. Arch Pathol Lab Med. 2018 Apr;142(4):507-515. doi: 10.5858/arpa.2017-0128-CP.

45. Go RS, Rajkumar SV. How I manage monoclonal gammopathy of undetermined significance. Blood. 2022;139(10):1425-1435. doi:10.1182/blood.2021013168

46. Palladini G, Milani P, Merlini G. Interpretation of serum free light chain assay in plasma cell disorders. Clinical Chemistry and Laboratory Medicine. 2023;61(4):618-627. doi:10.1515/cclm-2022-1081.

47. Bohn MK, Nyholt D, Balion C, Cembrowski G, Collier C, Guire V, et al. Best practice guidelines on reference interval harmonization in Canada: Evidence-based recommendations from the CSCC working group on reference interval harmonization (CSCC WG-hRI). Clin

Biochem. 2025 Oct;139:110986. doi:
10.1016/j.clinbiochem.2025.110986.

48. Coleman K, Saleem M. Reference intervals for serum prolactin concentrations: analytical and clinical considerations. Rev Endocr Metab Disord. 2024 Dec;25(6):995-1002. doi: 10.1007/s11154-024-09927-4.

49. Einarsson Long T, Rognvaldsson S, Thorsteinsdottir S, Sverrisdottir IS, Eythorsson E, Oskarsson JT, et al. New Definition of Light Chain Monoclonal Gammopathy of Undetermined Significance. JAMA Oncol. 2025 Jul 1;11(7):753-761. doi: 10.1001/jamaoncol.2025.1285.

50. Jiang Y, Meyer JG. Rapid Plasma Proteome Profiling via Nanoparticle Protein Corona and Direct Infusion Mass Spectrometry. J Proteome Res. 2024 Aug 2;23(8):3649-3658. doi: 10.1021/acs.jproteome.4c00302.

51. Cao Z, Yu LR. Mass Spectrometry-Based Proteomics for Biomarker Discovery. Methods Mol Biol. 2022;2486:3-17. doi: 10.1007/978-1-0716-2265-0_1.

CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

ARR: conceptualización, análisis formal, metodología, administración del proyecto, redacción – borrador original, redacción – revisión y edición.

LMH: conceptualización, curación de datos, investigación, supervisión, redacción – borrador original.

MARC: conceptualización, metodología, supervisión, redacción – revisión y edición.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores no declaran conflictos de interés.

FUENTES DE FINANCIACIÓN

No se recibió financiamiento externo.

USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Los autores declaran que no se utilizó inteligencia artificial en la redacción de este manuscrito.

Los artículos de la **Revista MedEst** se comparten bajo los términos de la licencia de Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0 Internacional
Email: revmedest.mtz@infomed.sld.cu Sitio Web: www.revmedest.sld.cu