

XXXIV Jornadas de Investigación

*Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna
Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil Oriente
Facultad de Medicina, Universidad de Chile*



*Miércoles 25 de Octubre de 2017
Auditorio Aníbal Ariztía*

Índice

Contenido

Índice	1
1. Detección de mutaciones del gen de <i>HNF1B</i> en niños chilenos con malformaciones congénitas renales y del tracto urinario	2
2. Validación de contenido, comprensión y factibilidad de un cuestionario de transición hacia la atención de adultos	4
3. Detección y genotipificación de virus papiloma humano en lesiones genitoanales en niñas, niños y adolescentes	6
4. Relación entre baja de peso y presencia de síntomas de trastornos digestivos funcionales (TDF) en mujeres adolescentes con sobrepeso y obesidad, sometidos a una intervención multidisciplinaria de vida saludable.	8
5. Identificación de especies de la microbiota intestinal asociada a infecciones por <i>Escherichia coli</i> diarreogénicas en niños chilenos	10
6. Medición de carga ambiental de <i>Aspergillus spp</i> en hospitales públicos de Chile que atienden niños con cáncer. Un paso necesario para proponer el uso de aire protegido en los hospitales	12
7. Implementación de una metodología analítica para la medición de la actividad de la enzima Tiopurina s-Metiltransferasa mediante cromatografía líquida de alta resolución....	13
8. Relación entre tiempo de recirculación de los circuitos de hemodiálisis, reutilización y crecimiento microbiológico.....	15

1. Detección de mutaciones del gen de *HNF1B* en niños chilenos con malformaciones congénitas renales y del tracto urinario

Autores:

Bascur María Nicole, Hospital Guillermo Grant Benavente de Concepción

Ceballos María Luisa, Unidad Nefrología Hospital Luis Calvo Mackenna

Farfán Mauricio, Unidad Investigación Hospital Luis Calvo Mackenna

Gajardo Iván, Unidad Investigación Hospital Luis Calvo Mackenna

López Joaquín, Unidad Investigación Hospital Luis Calvo Mackenna

Introducción:

Las anomalías congénitas del riñón y del tracto urinario (CAKUT) se originan de alteraciones genéticas, en algunos casos conocidas. Las mutaciones en el gen *TCF2*, que codifica para el **factor hepatocitario nuclear 1B (*HNF1B*)**, son la causa monogénica más frecuentemente descrita en la literatura. Se desconocen datos en Chile y Latinoamérica.

Nuestro objetivo principal es conocer la frecuencia de las mutaciones del gen *HNF1B* en niños chilenos con CAKUT y sus características clínicas.

Pacientes y Métodos:

Se incluyeron 32 pacientes que consultaron en el Policlínico de Nefrología del Hospital Calvo Mackenna entre abril y diciembre del 2016, entre 10 meses y 17 años de edad, con los diagnósticos de displasia renal quística, aplasia o hipoplasia renal, y riñón en herradura. Se les tomó muestra sanguínea para detección de mutaciones en gen que codifica para *HNF1B* por análisis molecular. Para el análisis molecular se realizó extracción de ADN genómico para amplificación por Reacción de Polimerasa en Cadena (RPC) de exones 1, 2, 3 y 4 del gen *TCF2*. Los fragmentos amplificados se secuenciaron y se determinó la presencia de mutaciones mediante análisis bioinformáticos. Se realizó estudio con enzimas de restricción para determinar si las mutaciones encontradas eran homo o heterocigotas.

A los familiares directos de pacientes en los que se encontraron variantes genéticas se les realizó secuenciación del exón comprometido.

Resultados:

Se estudiaron 32 pacientes, 14 de sexo masculino (43,75%), mediana de edad 11 años. En 2 de ellos (6,25%) se confirmó una misma mutación heterocigota en el exón 4, posición 1027

(C1027T), de tipo missense, que no está previamente descrita en la literatura. La patología de base de los casos índices correspondió a displasia multicística izquierda en un paciente con función renal normal, y displasia renal bilateral en un paciente trasplantado. El análisis de los familiares directos hasta 1ª generación detectó la mutación en 3 de 5 individuos estudiados, todos sin patología renal.

Conclusiones:

Confirmamos la presencia de una mutación heterocigota, de tipo missense, no descrita previamente, en el gen que codifica para *HNF1B*, en pacientes pediátricos chilenos portadores de CAKUT.

La baja frecuencia de mutaciones detectada requiere ampliar el estudio genético utilizado. Este estudio es un primer paso en la búsqueda de este tipo de mutaciones en nuestro medio, que nos permite acercarnos en el conocimiento de causalidad, prevención de compromiso extrarrenal y consejo genético.

2. Validación de contenido, comprensión y factibilidad de un cuestionario de transición hacia la atención de adultos

Autores:

Francisco Funes. Unidad de adolescencia y transición, Hospital Luis Clavo Mackenna.

Francisca León. Unidad de Psicología, Hospital Luis Calvo Mackenna.

Romina Valenzuela. Unidad de investigación, Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil Área Oriente, Universidad De Chile.

Introducción:

Es recomendable que exista un proceso de transición del cuidado de pacientes pediátricos hacia la atención de adultos. Este proceso incluye evaluar el estado de preparación de los pacientes para poder ser trasladados. Si bien a nivel internacional hay instrumentos para medir esto, en nuestro país no existen cuestionarios que hayan sido validados. El objetivo de este trabajo es presentar pruebas de validación de contenido, comprensión y factibilidad de una herramienta que evalúe la preparación de los adolescentes en el proceso de transición desde la atención pediátrica hacia los servicios de atención de adultos.

Pacientes y Métodos:

Construcción de un nuevo instrumento, basándose en cuestionarios existentes, al que se realizaron pruebas psicométricas propias de validación de cuestionarios: Validez de contenido mediante grupo de jueces, y pruebas de comprensión y de factibilidad mediante aplicación del instrumento en 8 adolescentes chilenos con enfermedad crónica. Posteriormente se realiza un análisis factorial en una muestra piloto de 98 sujetos.

Resultados:

Se construyó un cuestionario validándose por 11 expertos y se modificó según las indicaciones de estos, se realizaron cambios en los ítems según la comprensión y sugerencias de 8 adolescentes. Mediante esto se consiguió un cuestionario de 6 dimensiones, con un total de 25 ítems con una escala de respuesta Likert basada en el modelo transteórico del cambio y una pregunta abierta. Este fue posible de responder en un tiempo menor a 10 minutos. Sólo una de las preguntas obtuvo un puntaje deficiente por el grupo de expertos, el que fue eliminado. El análisis factorial arroja la agrupación en 3 dimensiones o factores.

Conclusiones:

Se logró un instrumento de 25 preguntas basado en cuestionarios internacionales, validado por jueces locales, comprensible por adolescentes nacionales y factible de aplicar en un tiempo acotado.

3. Detección y genotipificación de virus papiloma humano en lesiones genitoanales en niñas, niños y adolescentes

Autores:

Dra. Romero P (1); Muñoz M (1); Ramírez E (2) 2; Balanda M (2); Muñoz P(3); AranibarL(3); Kramer D (3); González L. C(4); Orellana C(5); Álvarez MI (6) Ruiz MC(7)

Unidad de Ginecología Pediátrica y Adolescente (1); Instituto de Salud Pública (2); Unidad de Dermatología (3) Ginecología Pediatrica HPH(4); Programa de Formación Ginecología Pediátrica y Adolescente U. de Chile (5); Laboratorio de Microbiología HLCCM (6); Enfermera CAE(7)

Introducción:

Virus Papiloma Humano (VPH) es la Infección de Transmisión Sexual más frecuente. A medida que aumenta la incidencia de ITS por VPH en adultos se observa que ésta también aumenta en niños. Algunos tipos de VPH mucosos se relacionan con el cáncer de cuello del útero, vulva, pene y ano. La prevalencia de la infección anogenital por VPH en niños y adolescentes menores de 15 años en Chile es desconocida. El objetivo del presente estudio fue realizar detección y genotipificación de VPH en niños, niñas y adolescentes

Pacientes y Métodos:

Se ingresó al estudio a niños, niñas y adolescentes que consultaron a ginecología infantil y/o dermatología en los cuales se sospechó infección por VPH en genitales y/ o ano. Las muestras fueron enviadas a la Sección de Virus Oncogénicos del Instituto de Salud Pública (ISP) para estudio molecular con técnica de reacción de Polimerasa en Cadena (RPC) convencional. Se obtuvieron por frotación con tórula, e introducidas dentro de un tubo estéril y sumergidas en medio de transporte. Se tipificaron 32 genotipos de HPV de alto y bajo riesgo más prevalentes.

Resultados:

Se ingresaron 134 pacientes al estudio, se pudieron genotipificar 122; mujeres 106 (86.9%), hombres 16 (13.1%) edad promedio 9.8 años. Resultaron positivos 35 /122 (28.6%); 20/35 (57.1%) consultaron por lesiones genitoanales; 21/35 (60%) eran prepuberales; 14/35(40%) tenían antecedente de algún familiar portador de condilomas; 8/35 (22.9%) antecedente de actividad sexual y 6 (17%) abuso sexual. Al examen genito anal 16/35 (45.7%) no

presentaban lesiones; en 9/35(25.7%) se observaban lesiones condilomatosas; 5/35 (14.3) tenían micropapulas.

Se genotipificaron 2 a 8 tipos de virus en 7/32 (20%) pacientes. De alto riesgo oncogénico 10/35 (28.6%); de riesgo intermedio 2 /35 (5.7%), de bajo riesgo oncogénico 21/35 (60%) oncogénico. Tipo cutáneo, no tipificable 2 casos (5.7%). Los virus de alto riesgo oncogénicos más frecuentes fueron los genotipos 59 en 7/35(20%); genotipo 58 en 4/35 (11.4%); genotipo 16 en 4/35 (11.4%); genotipo 18/35 en 2 (5.7%). Entre los virus de bajo potencial oncogénico los más frecuentes fueron el genotipo 6 en 12/35 (34.3%); genotipo 11 en 10/35 (28.6%).

Conclusiones:

El presente es el primer estudio realizado en población infanto juvenil en nuestro país que ha permitido detectar y genotipificar la presencia de virus HPV de alto, mediano y bajo riesgo oncogénico. Mayores estudios poblacionales serán necesarios para sustentar políticas de salud en seguimiento y vacunación en población susceptible.

4. Relación entre baja de peso y presencia de síntomas de trastornos digestivos funcionales (TDF) en mujeres adolescentes con sobrepeso y obesidad, sometidos a una intervención multidisciplinaria de vida saludable.

Autores:

Contreras Granifo Matias Alberto. Espínola Fernández Natalia Verónica

Introducción:

La obesidad es un importante problema de salud pública en la mayor parte de los países. A nivel mundial, la prevalencia de sobrepeso y obesidad combinado aumentó un 27,5% para los adultos y 47,1% para niños entre 1980 y 2013.

Se ha observado que los pacientes pediátricos obesos presentan mayor porcentaje de trastornos digestivos funcionales (TDF) tales como: Constipación, dolor abdominal funcional e incontinencia fecal no retentiva.

Un reciente estudio publicado por Phatak y Pashankar informó que de 450 niños con sobrepeso y obesidad, el 47% tenía al menos un TDF en comparación con el 27% de los niños de peso normal.

Los TDF son una consulta frecuente en pediatría, siendo un problema que altera la calidad de vida de los pacientes.

Los criterios de ROMA III son una herramienta útil que permite realizar diagnóstico de los TDF.

No hay información disponible a nivel nacional que relacione baja de peso y disminución de los TDF.

Considerando la asociación entre obesidad y los mencionados TDF, podríamos suponer que la disminución en el peso traería como consecuencia una disminución en esta sintomatología.

Pacientes y Métodos:

Grupo de Estudio: 50 adolescentes (mujeres) con sobrepeso u obesidad y TDF: Sd. intestino irritable, Dolor abdominal funcional, estreñimiento y migraña abdominal.

Las alumnas pertenecen a un colegio municipalizado de la comuna de Providencia que integrará el programa multidisciplinario "Vida sana" desde Marzo 2015 a Diciembre 2016. Al inicio y al término de dicho programa se les realizará el cuestionario ROMA III.

Resultados:

Posterior a la evaluación del programa vida sana, se tomó una muestra de 47 alumnas que presentaban sobrepeso y obesidad. De estas un 42,5% (20) de las estudiantes encuestadas (ROMA III) presentaron TDF.

El promedio de edad fue de 16 años 2 meses. El IMC promedio previo a la intervención fue de 28,8 lo que correspondió a un 86.6% (15) sobrepeso y a un 13.3% (2) de obesidad.

El TDF más frecuente fue el SII con un 45% (9).

Posterior al programa vida sana el promedio de IMC de las alumnas fue de 26,97 lo cual corresponde a un 23,5% (4) normal; 64,7% (11) de sobrepeso y un 11,8% (2) obesidad.

Al reencuestar a estas alumnas se establece que 10 de las 17 adolescentes presentaron TDF. Utilizando el test de proporciones, se evidencia una disminución significativa de estos trastornos posterior a dicho programa ($p=0.0014$).

De este grupo el TDF más frecuente sigue siendo el SII con un 50% (5).

Al evaluar los TDF en relación a la variación de peso se puede señalar, de forma general, que en el grupo de alumnas que varió su peso de forma significativa no se ve una disminución importante de los TDF.

Conclusiones:

La mal nutrición por exceso sigue siendo un problema que acarrea múltiples consecuencias para el organismo incluyendo los TDF, trastornos que generan no solo pérdidas económicas sino también una mala calidad de vida para los pacientes. Al finalizar este proyecto concluimos que a pesar de que en la mayoría de las alumnas se vió una disminución significativa del peso, no se pudo establecer una relación entre el grupo que disminuyó significativamente de peso y la disminución de los TDF.

Esto podría orientar a lo multifactorial de los TDF e invita a analizar otra serie de factores de riesgo que podrían influir en su desarrollo en la población pediátrica.

Para finalizar, pese a que es un resultado inesperado a lo que planteábamos en un comienzo, este estudio pretende generar nuevas investigaciones que puedan dilucidar dicha relación

5. Identificación de especies de la microbiota intestinal asociada a infecciones por *Escherichia coli* diarreogénicas en niños chilenos

Autores:

Gallardo, Pablo; Izquierdo, Mariana; Vidal, Roberto; Rosselló-Móra, Ramón; O’Ryan, Miguel; Farfán, Mauricio. Laboratorio de Biología Molecular (Sección Investigación).

Introducción:

Las cepas *Escherichia coli* diarreogénicas (DEC) son una de las principales causas de diarrea en niños menores de 5 años de edad en todo el mundo. La patogenicidad de DEC depende de la interacción de bacterias con factores ambientales, incluyendo la microbiota intestinal del hospedero. Informes anteriores han mostrado cambios en la composición de la microbiota intestinal durante episodios de diarrea, lo que puede aumentar la patogenicidad de las cepas de DEC. Por tanto, se necesita una identificación más intensa y detallada de cepas de microbiota intestinal específicamente asociadas con infecciones por DEC para determinar su papel en la patogenicidad de este grupo bacteriano.

Objetivo:

Identificar especies bacterianas de la microbiota intestinal en deposiciones diarreicas de niños chilenos positivas para infecciones por DEC.

Pacientes y Métodos: Se analizaron mediante FilmArray® GI 63 muestras diarreicas de heces de niños de 1-5 años de edad provenientes de Clínica Las Condes, con el fin de identificar un potencial patógeno y agrupar los episodios de diarrea entre aquellos causados por DEC como único patógeno (grupo de DEC, 32 muestras) y los causados por un virus entérico como único patógeno (grupo viral, 31 muestras). Además, se evaluaron 30 muestras de heces de niños sanos, negativas para patógenos entéricos, (grupo sano). Se extrajo el ADN total a partir de las muestras, se amplificó y secuenció el gen 16S rRNA utilizando pirosecuenciación por 454®. Las secuencias se agruparon en unidades taxonómicas operativas (OTU) con un 99% de identidad. A partir de las secuencias obtenidas, se construyó un árbol filogenético para microbiota intestinal y las secuencias representantes de cada OTU se utilizaron para la construcción de unidades filogenéticas operativas (OPU) utilizando un enfoque de inferencia filogenética.

Resultados:

La asignación de taxos utilizando OPU dio lugar a un total de 852 OPU, 340 de ellos asociados a especies específicas. Se encontró una distribución de diversidad propia para cada grupo, con especies indicadoras asociadas para el grupo DEC y diferencias significativas en la composición de la microbiota asociada a cada grupo etiológico. El análisis de los datos indicó un aumento en las secuencias pertenecientes a la phylum Proteobacteria en el grupo DEC en comparación con los grupos virales y sanos. Las muestras mostraron una estructura comunitaria estadísticamente diferente por agrupación de muestras mediante análisis de redundancia y ANOVA. *Escherichia albertii* ($p = 0,001$), *Citrobacter werkmanii* ($p = 0,001$), *Yersinia enterocolitica*, subsp. palearctica ($p = 0,048$), y *Haemophilus sputorum* ($p = 0,028$) se identificaron como especies indicativas para el grupo DEC en comparación con los grupos virales y sanos.

Conclusiones:

La microbiota intestinal en niños chilenos con diarreas positivas para DEC difiere de la microbiota asociada a infecciones por virus entéricos y a la microbiota de niños sanos. Las especies indicativas encontradas en este estudio pueden resultar relevantes para avanzar en nuestra comprensión de la relación entre la microbiota comensal intestinal y DEC en la aparición y desarrollo de la enfermedad.

6. Medición de carga ambiental de *Aspergillus spp* en hospitales públicos de Chile que atienden niños con cáncer. Un paso necesario para proponer el uso de aire protegido en los hospitales

Autores:

Rabello M, Bastias M , Diaz MC, Godoy P , Cruz R , Zubieta M, Viviani T, Ducasse K, Alvarez AM , Torres JP

Introducción:

La aspergilosis invasora es la primera causa de infección por hongos filamentosos en pacientes oncológicos pediátricos, con alta morbilidad y mortalidad.

Objetivo:

Medir la exposición ambiental a *Aspergillus spp.* en salas oncológicas pediátricas de hospitales públicos de Chile, durante 12 meses.

Material y métodos:

Estudio longitudinal de mediciones de aire repetidas para cultivo de *Aspergillus spp.*, desarrollado entre junio 2016 y mayo 2017, en salas oncológicas pediátricas con ambiente protegido, semi-protegido y sin protección, de seis hospitales públicos. Se contabilizaron las unidades formadoras de colonias (UFC)/m³ de *Aspergillus spp.* en aire muestreado semanalmente en tres salas de cada hospital, mañana y tarde, cultivadas a 37 °C por 5 días. Se realizó un análisis descriptivo y un análisis estadístico exploratorio con una regresión de Poisson cero-inflado con varianza robusta y ajuste de anidamiento en el tiempo.

Resultados:

La tasa de incidencia de *Aspergillus spp.* en ambiente sin protección fue 10,9 veces la de ambiente protegido ($p < 0,0001$; IC95% [3,26 ; 36,73]) y la posibilidad de ausencia de *Aspergillus spp.* fue 2,7 veces menos en ambiente sin protección que en ambiente protegido ($p < 0,0001$; IC95% [-3.74 ; -1.73]).

Discusión:

Existe una diferencia significativa en la exposición hospitalaria a *Aspergillus spp.* en los niños oncológicos que se atienden en la red de salud pública del país.

Palabras clave: *Aspergillus*, intrahospitalario, ambiente

7. Implementación de una metodología analítica para la medición de la actividad de la enzima Tiopurina s-Metiltransferasa mediante cromatografía líquida de alta resolución.

Autores:

De la Rivera Alonso, Laboratorio Bioquímica.

Introducción:

En el sector público se diagnostican alrededor de 150 casos al año de leucemia linfoblástica aguda (LLA) (Ministerio de Salud, Chile, 2010) siendo la neoplasia más común en Chile. El tratamiento para LLA tiene una duración de 2 a 3 años y se divide en tres fases: inducción, consolidación, y mantención. En donde el medicamento 6-Mercaptopurina (6-MP) se considera como la base de la terapia farmacológica antileucémica. El efectos adversos más común al uso de este fármaco es la toxicidad hematológica (Canales, 2012) y el fracaso de la terapia se debe a los efectos tóxicos de la 6-MP, lo que lleva a interrumpir la terapia con el consiguiente alargamiento total del período de tratamiento y recuperación.

La metabolización de 6-MP es principalmente hepática por medio de la enzima tiopurina S-metiltransferasa (TPMT), que origina el metabolito inactivo principal, 6-metilmercaptopurina (6MeMP). Cuando la TPMT posee una actividad alterada se produce un desbalance entre el metabolito inactivo (6-MeMP) y activo 6-tioguanina (6-TGN), por lo que se relaciona directamente con las reacciones adversas al medicamento, asociado principalmente con la presencia de niveles tóxicos de 6-TGN. Individuos con actividad baja al ser tratados con dosis estándares de 6-MP aumentan el riesgo de efectos adversos, para estos pacientes se recomienda una disminución del 90% de la dosis convencional y disminuir la frecuencia de administración a tres veces por semana. (DiPiero et. al. 2015).

Para el HLCCM como Centro Nacional de Referencia pediátrica para LLA, se estima que anualmente ingresan 20 nuevos casos de LLA (Escobar et al, 2014), además, alrededor de un 54% de los problema relacionados con medicamentos se asocian al uso de 6-MP (Escobar et al., 2014), conocer la actividad de la enzima permitiría entregar herramientas para ajustar dosis previo al inicio del tratamiento, para ello es necesario implementar una metodología analítica para la medición de la actividad de la TPMT mediante Cromatografía Líquida de Alta Eficiencia (HPLC) con detección UV, estandarizando la etapa pre-analítica, optimizando las

condiciones analíticas para la determinación de la actividad de la enzima TPMT para finalmente validar la técnica a través de los parámetros de calidad: especificidad, límite de detección y cuantificación, linealidad, exactitud, precisión y robustez del método.

Métodos:

La técnica se validó en Laboratorio Clínico del Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna en un equipo HPLC marca Agilent Technologies con detector DAD, utilizando una columna C18 50 x 4,6 mm x 3 um y una fase móvil metanol-buffer fosfato

Resultados:

Se obtuvo una linealidad en un rango de 0,1µmol/L a 4,0µmol/L, la precisión en condiciones de repetibilidad se aprobó con un RSD de 0,2%, en condiciones de precisión intermedia se obtuvo un RSD de 1,6% y 1,7% para ambos analistas, la exactitud medida como porcentaje de recuperación fue de 101%.

Conclusiones:

La validación se realizó con éxito, se optimizaron las condiciones analíticas con parámetros de calidad, esto permitirán entregar un examen de utilidad para individualizar la dosis en pacientes pediátricos tratados en el Hospital Luis Calvo Mackenna.

8. Relación entre tiempo de recirculación de los circuitos de hemodiálisis, reutilización y crecimiento microbiológico

Autores:

Ibacache María José , Unidad de Nefrología Hospital Luis Calvo Mackenna.

Colaboradores: Miranda Daisy QF, Contreras Ruth TP, Tofolletto Cecilia Enf. PhD., Dra. Alvarez Isabel, Dra. Valdivieso Francisca, Equipo Tecnólogos Médicos Laboratorio Microbiología HLCM.

Introducción:

En Chile, la práctica del reprocesamiento de las líneas y filtros dializadores (circuito extracorpóreo) en los diversos servicios de hemodiálisis, sigue las normas del Ministerio de Salud. Sin embargo, existen acciones fundamentales en el proceso que no han sido abordadas de manera científica sino más bien por medio de consensos de especialistas. Una de ellas es la decisión arbitraria de los centros de diálisis de tener un tiempo de espera máximo de dos horas para que el paciente sea conectado a su máquina sin necesidad de realizar un cambio de circuito, tiempo en el cual, las líneas y filtro dializador se quedan en recirculación sin desinfectante, desconociendo las características microbiológicas de ellos.

Objetivo:

Identificar la relación entre el tiempo de recirculación del circuito de hemodiálisis sin desinfectante previo a la conexión de los pacientes, el número de reúsos de los circuitos de hemodiálisis y el crecimiento microbiológico.

Método:

Se trata de un estudio transversal, correlacional, exploratorio, con un diseño observacional. La muestra fue conformada por 22 circuitos, siendo 7 circuitos en primer día, 8 circuitos en su séptimo día y 7 circuitos en decimocuarto día de reutilización. Se realizaron 66 cultivos de líquido de diálisis que fueron organizados en los grupos de los circuitos en día 1, 7 y 14 de reuso, en horas 0, 2 y 4 de recirculación. Las muestras de cultivo fueron analizadas en el laboratorio de Microbiología del hospital. Se realizó análisis descriptivo, tabla de distribución y contingencia de los datos sin prueba de significación.

Resultados:

Del total de 22 circuitos evaluados, es decir, 66 cultivos de líquido de diálisis, todos dieron valor negativo para valor de alerta, es decir no hubo crecimiento microbiológico en los circuitos en estudio.

Conclusiones:

No se observó crecimiento microbiológico en ninguno de los circuitos evaluados, en ninguno de los horarios. Se observaron dos muestras con 1 UFC/ml lejos del valor de alerta, considerándose potencial contaminación en el proceso. No existió relación entre las variables reuso, tiempo de recirculación y crecimiento microbiológico en el lugar de estudio, con las características de trabajo descritas. Se proyecta la aplicabilidad de los resultados a nivel local en una nueva normativa basada en la evidencia que permita utilizar estos circuitos sin riesgo según el tiempo y reuso y, así optimizar la gestión de los recursos y del personal de salud de la unidad con la seguridad necesaria para el paciente ya que se contará con evidencia científica que lo abale.

Descriptor DeCS:

Infección; Contaminación de Equipos; Enfermería; Diálisis; Seguridad del paciente.